

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DEKİ SULTAN IRKI TAVUK POPÜLASYONLARININ mtDNA
DİZİ ANALİZİNE DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU**

Kemal ESKİOĞLU

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ŞUBAT 2021

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DEKİ SULTAN IRKI TAVUK POPÜLASYONLARININ mtDNA
DİZİ ANALİZİNE DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU**

Kemal ESKİOĞLU

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ŞUBAT 2021

ANTALYA

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

**TÜRKİYE’DEKİ SULTAN IRKI TAVUK POPÜLASYONLARININ mtDNA
DİZİ ANALİZİNE DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU**

**Kemal ESKİOĞLU
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez, T.C. Akdeniz Üniversitesi
Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından FYL-2020-5434
nolu proje ile desteklenmiştir.**

ŞUBAT 2021

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE’DEKİ SULTAN IRKI TAVUK POPÜLASYONLARININ mtDNA
DİZİ ANALİZİNE DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU

Kemal ESKİOĞLU

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 10/02/2021 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Dr. Öğr. Üyesi Demir ÖZDEMİR

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Prof. Dr. Ahmet ŞEKEROĞLU

ÖZET

TÜRKİYE'DEKİ SULTAN IRKI TAVUK POPÜLASYONLARININ mtDNA DİZİ ANALİZİNE DAYALI GENETİK KARAKTERİZASYONU

Kemal ESKİOĞLU

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Demir ÖZDEMİR

Şubat 2021; 99 sayfa

Gelişmekte olan ülkelerde olduğu gibi ülkemizde de çiftlik hayvanlarına ait yerli gen kaynakları yerlerini yabancı orijinli, yüksek verimli ticari hibrit genotiplere bırakmıştır. Çiftlik hayvanlarında yaşanan bu genetik erozyondan ise en fazla kanatlı hayvan türleri etkilenmiştir. Türkiye genetik çeşitlilik bakımından oldukça zengin bir yapıya sahip olmasına rağmen bugün yerli tavuk ırkı olarak sadece Denizli ve Gerze ırklarının tescil edilmiş olması yerli tavuk ırklarında yaşanan genetik erozyonun boyutlarını açıkça ifade etmektedir. Türkiye'nin birçok bölgesine başarı ile uyum sağlamış yerel tavuk ırkları bulunmasına rağmen, bu ırkların tanımlanması, morfolojik ve genetik özelliklerin belirlenmesi üzerine şimdiye kadar oldukça az sayıda araştırma yapılmıştır. Ülkemizdeki kanatlı biyo-çeşitliliğinin tanımlanması ve korunmasına destek verilmesi amacıyla bu yüksek lisans tez çalışmasında Türkiye'de uzun yıllardır süs tavuğu olarak yetiştirilen farklı lokasyonlardaki Sultan tavuk ırkı popülasyonlarının mtDNA düzeyinde genetik karakterizasyonu hedeflenmiştir. Bu tez kapsamında 5 farklı lokasyondaki Türkiye Süs Tavukları ve Bahçe Hayvanları Federasyonu (TSHF) üyesi yetiştirici kümeslerinde bulunan Sultan tavuk ırkı popülasyonlarına ait toplam 30 bireyden tüy örnekleri toplanmıştır. Tüy örneklerinden izole edilen mtDNA örneklerinde mitokondriyal D-Loop bölgesine ait dizi analizi Yeni Nesil Dizileme yöntemiyle yapılmıştır. Yapılan D-Loop dizi analizinde Sultan tavuk ırkından 29 bireyde 5 polimorfik bölgeyi temsil eden 3 haplotip tespit edilmiştir. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla 0,557 ve 0,001 olarak bulunmuştur. Sultan tavuk ırkının farklılığını ortaya koymak üzere Sultan ırkına morfolojik olarak benzerlik gösteren toplam 8 tavuk ırkı ve filocoğrafik ilişkisinin de belirlemek için 2 adet yerli ırkın dahil olduğu analizde 141 bireyde 46 polimorfik bölgeyi temsil eden 32 haplotip tespit edilmiştir. Yapılan haplotip ilişki analizi sonucunda Sultan tavuk ırkı diğer yerli tavuk ırklarımız olan Denizli ve Gerze ırkları ile E haplogrubunda yer almıştır. Yapılan filogenetik analizler Sultan ırkının ülkemizdeki geçmişini kanıtlar nitelik bilgi vermektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Sultan tavuğu, mtDNA, D-Loop, Genetik karakterizasyon, Biyo-çeşitlilik

JÜRİ: Dr. Öğr. Üyesi Demir ÖZDEMİR

Prof. Dr. Ahmet ŞEKEROĞLU

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

ABSTRACT

GENETIC CHARACTERIZATION OF SULTAN CHICKEN POPULATIONS IN TURKEY BASED ON mtDNA SEQUENCE ANALYSIS

Kemal ESKİOĞLU

MSc Thesis in Agricultural Biotechnology

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Demir OZDEMİR

February 2021, 99 Page

As in developing countries, domestic gene resources belonging to farm animals in our country have been replaced by commercial hybrid genotypes of foreign origin with high efficiency. Poultry species were most affected by this genetic erosion in farm animals. Although Turkey has a very rich structure in terms of genetic diversity, the fact that only Denizli and Gerze breeds have been registered as domestic chicken breeds today clearly expresses the extent of genetic erosion experienced in domestic chicken breeds. Although there are local chicken breeds that have successfully adapted to many regions of Turkey, quite a few studies have been conducted so far on the descriptions, morphological and genetic characteristics of these breeds. In order to identify and support the protection of poultry biodiversity in our country, genetic characterization of Sultan chicken breed populations in different locations that have been raised as ornamental chicken in Turkey for many years has been made at the mtDNA level. A total of 30 feather samples were collected for mtDNA isolation from populations in breeder coops in 5 different locations affiliated with the Turkish ornamental chickens and garden animals Federation (TSHF). Mitochondrial D-Loop region and complete mitogenome sequence analyses were performed in isolated mtDNA samples. In D-Loop sequence analysis, 3 haplotypes, haplotype diversity and nucleotide diversity representing 5 polymorphic regions were found to be 0.557 and 0.00113 in 30 individuals of the Sultan chicken breed. In the analysis, 32 haplotypes were identified, representing 46 polymorphic regions in 141 individuals, which included chicken breeds morphologically like the Sultan breed and native breeds. In the network analysis, the Sultan chicken race took part in the Denizli and Gerze breeds, which are our other local chicken breeds, and the E haplogroup. The phylogenetic analysis carried out prove the history of the Sultan breed in our country, and the project results are expected to contribute to the breed registration process of the Sultan chicken.

KEYWORDS: Sultan chicken, mtDNA, D-Loop, Genetic characterization, Biodiversity

COMMITTEE: Asst. Prof. Dr. Demir ÖZDEMİR

Prof. Dr. Ahmet ŞEKEROĞLU

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

ÖNSÖZ

Bu tez çalışmasında, yüzyıllar boyu ülkemiz coğrafyasında yayılış göstermiş ve Osmanlı döneminde saray bahçelerindeki özel kümeslerde sergi amaçlı yetiştirilmiş olan Sultan ırkı tavuklarının mtDNA'ya dayalı genetik karakterizasyonu yapılmıştır. Mitokondriyal DNA'ya tasarlanan spesifik primerler sayesinde istenilen bölgeler PCR ile çoğaltılmış ve sekanslatılmaya uygunluğun test edilmesi için jel elektroforezi yapılmıştır. Hizmet alımı sayesinde Sultan ırkı tavuk ve horozlarında mtDNA D-Loop bölgesi ve mtDNA'nın tamamı sekanslatılmış ve sekans verileri biyoinformatik yazılımlar sayesinde analiz edilmiştir. Tez çalışması sayesinde ilk kez Sultan tavuk ırkı ile alakalı genetik veri elde edilmiş ve filogenetik analizi yapılmıştır.

Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Yüksek Lisans eğitim sürem boyunca bilgi, fikir ve tecrübelerinden faydalandığım, bana her türlü imkânı sunarak manevi desteğini esirgemeyen, tezimin yazım aşamasında ve tezimin son halini almasında yardımcı olan, değerli danışman hocam Dr. Öğretim Üyesi Demir ÖZDEMİR'e, çalışmalarımda desteklerini esirgemeyen ve yanımda olan başta Berkant İsmail YILDIZ, Emine TOPARSLAN, Leyla BENER'e ve tüm çalışma arkadaşlarıma, tezimin gerçekleşmesi için materyal sağlayan başta Türkiye Süs Tavukları ve Bahçe Hayvanları Federasyonu'na ve Federasona bağlı Sultan Klüb başkanı Öner GÜLEN ve tüm yetiştiricilere, Denizli ırkı fotoğraflarını sağlayan İlhan KARAKAYA'ya, Gerze ırkı fotoğrafları için Melih ÇINAR'a, İspenç ırkı fotoğrafları için Aleksandra RYWACKA'ya, maddi ve manevi olarak her zaman destek olan, bana inanan ve güvenen aileme ve bana her zaman umut veren ve yanımda olan sevgili can yoldaşım Kübra ÖKTÜREN'e sonsuz teşekkür ederim.

Ayrıca tez projemin gerçekleşmesi sürecini destekleyen Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
AKADEMİK BEYAN	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	12
2. KAYNAK TARAMASI	14
2.1. Tavuğun evcilleştirilmesi	14
2.2. Yerli tavuk ırklarımız.....	16
2.2.1. Denizli ırkı	16
2.2.2. Gerze ırkı.....	17
2.2.3. İспенç ırkı.....	18
2.2.4. Sultan rkı	20
2.3. Mitokondri ve Mitokondriyal DNA (mtDNA)	24
2.4. Tavuklarda mtDNA Dizi Analizine Dayalı Filogenetik Çalışmalar	29
3. MATERYAL VE METOT	34
3.1. Materyal.....	34
3.1.2. Sultan ırkı tavuk ve horozlarından tüy örneklerinin toplanması	34
3.1.3. Araç ve gereçler	35
3.2. Metot	37
3.2.1. Tampon ve solüsyonların hazırlanması	37
3.2.2. Toplanan tüy örneklerinin parçalanması	37
3.2.3. Tüyden mtDNA izolasyonu	38
3.2.4. Primerlerin tasarlanması ve hazırlanması	39
3.2.5. D-Loop bölgesinin in-vitro çoğaltılması	40
3.2.6. Jelden DNA pürifikasyonu	45
3.2.7. Yeni nesil sekanslama (NGS).....	46
3.2.8. Moleküler veri analizi.....	46
4. BULGULAR	48

4.2. PCR Amplifikasyonların UV Işık Altında Görüntülenmesi.....	48
4.3. Sultan Irkına Ait Bireylerin mtDNA Dizi Analizi	48
4.7. Sultan Tavuk Irkında Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)	51
4.8. Sultan Tavuk Irkı ile Polidaktilite Özelliği Bakımından Benzerlik Gösteren Tavuk Irklarının mtDNA Dizi Analizi	51
4.12. İbik Özelliği Yönünden Benzerlik Gösteren Irkların mtDNA Dizi Analizi	55
4.16. Tepe Tüyü Yönünden Benzerlik Gösteren Tavuk Irklarında Yapılan mtDNA'nın Dizi Analizi	60
4.20. Sultan Irkı ile Paça Tüyü Özelliği Gösteren Tavuk Irklarında Yapılan mtDNA'nın Dizi Analizi	65
4.21. Paça Tüyü Özelliği Yönünden Benzer Tavuk Irklarında yapılan Haplotip Analizi	67
4.22. Paçalı Tavuk Irklarında Haplotip Mesafe Haritai ve Isı Haritası	69
4.23. Paçalı Tavuk Popülasyonlarında Haplotip Ağ Analizi.....	69
4.25. Sultan Tavuk Irkının mtDNA D-Loop Bölgesine Dayalı Maternal Köken Analizi	70
4.26. Tavuk Irklarında yapılan Haplotip Analizi	73
4.27. Haplotip Mesafe Haritai ve Isı Haritası.....	75
4.28. Tavuk Popülasyonlarında Haplotip Ağ Analizi	76
5. TARTIŞMA	78
6. SONUÇLAR	82
7. KAYNAKLAR	83
8. EKLER.....	92
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Türkiye’deki Sultan Irkı Tavuk Popülasyonlarının mtDNA Dizi Analizine Dayalı Genetik Karakterizasyon” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

10/02/2021

Kemal ESKİOĞLU



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

cm	: Santimetre
dak	: Dakika
ddH ₂ O	: Çift distile su
G	: Göreceli santrifüj kuvveti
M	: Molar
mm	: Milimetre
ml	: Mililitre
nM	: Nanomolar
sn	: Saniye
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar
°C	: Santigrat derece
%	: Yüzde

Kısaltmalar

AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
mRNA	: Mesajcı RNA
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
QTL	: Kantitatif Karakter Lokus
RNA	: Ribonükleik Asit
Rpm	: Dakikadaki devir sayısı

TAE : Tris Asetat Edta
Taq : Thermus Aquaticus
vb : ve benzeri
vd : ve diğlereri
bç: : baz çifti

Tezde kullanılan ondalık sayılar “,” ayracı ile belirtilmiştir.



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Yabani tavuk türleri. a) Kırmızı Orman Tavuğu (<i>Gallus gallus</i>); b) Gri Orman Tavuğu (<i>Gallus sonneratii</i>); c) Seylan Orman Tavuğu (<i>Gallus lafayettei</i>); d) Yeşil Orman Tavuğu (<i>Gallus varius</i>) (Anonymous 1)	15
Şekil 2.2. Denizli horozlarında bulunan renk varyeteleri. a) Arap/Siyah; b) Pamukkır; c) Demirkır; d) Pekmezkefi; e) Al	17
Şekil 2.3. Gerze (Hacıkadı) Tavuk Irkı.....	18
Şekil 2.4. İспенç tavuk ırkı (Özdemir 2019).....	19
Şekil 2.5. Sultan ırkı tavuk ve horozun genel vücut yapısı.....	20
Şekil 2.6. 1867 yılında yayınlanan “Poultry Book” kitabında Sultan ırkı ile alakalı bir bölüm (Tegetmeir 1867)	21
Şekil 2.7. Sultan tavuğunun orijininin Türkiye olduğunu destekleyen bir belge (Amerikan Kanatlı Dergisi, 1906).....	21
Şekil 2.8. Kümes Hayvanlarıyla Natürmort. (Anonymous 2)	22
Şekil 2.9. Tavuk kafatası yapıları. a) Tepeli tavuk fizyolojisine sahip kafatası şekli; b) Normal tavuk fizyolojisine sahip kafatası şekli. (Anonymous 3)	23
Şekil 2.10. Mitokondri organelinin genel yapısı (Anonymous 4)	25
Şekil 2.11. Mitokondrinin sperm hücresindeki konumu (Vertika vd. 2020)	26
Şekil 2.12. Tavuk (<i>Gallus gallus</i>) mtDNA’sı	28
Şekil 3.1. Tüý örneklerinin laboratuvar şartlarında parçalanması	38
Şekil 3.2. Primer çiftinin D-Loop sekansı üzerindeki bağlantı açıları.....	41
Şekil 3.3. D-Loop için PCR bileşenleri ve yoğunlukları	42
Şekil 3.4. D-Loop bölgesinin çoğaltılması için kullanılan PCR döngüsü	42
Şekil 3.5. Analizlerde kullanılan PCR (Polymerase Chain Reaction) cihazı	43
Şekil 3.6. Analizde Kullanılan Jel Elektroforezi	44
Şekil 3.7. Jel pürifikasyon işlemi.....	46
Şekil 4.1. %0,7’lik agaroz jelde Sultan tavuk ırklarına ait D-Loop bölgesi amplikon görüntüsü.....	48
Şekil 4.2. Sultan ırkında filogenetik bir ağaç ile görselleştirilmiş çoklu mtDNA dizi analizine dayalı dendogram.....	49
Şekil 4.3. Sultan tavuk popülasyonlarında oluşturulan ısı haritası	50
Şekil 4.4. Sultan ırkının popülasyon bazında oluşturulan haplotip ağı.....	51
Şekil 4.5. Polidaktilite özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendogram.....	52
Şekil 4.6. Polidaktilite özelliği gösteren tavuk ırklarında oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası	54
Şekil 4.7. Polidaktilite sergileyen tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı....	55
Şekil 4.8. İbik özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendogram.....	56
Şekil 4.9. V ibik özelliği sergileyen ırklarda oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası..	59
Şekil 4.10. V ibik yapısı sergileyen tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı.	60

Şekil 4.11. Tepelilik özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendogram.....	61
Şekil 4.12. Tepe tüyü özelliği gösteren tavuk ırklarının haplotipler arasındaki ısı haritası	64
Şekil 4.13. Tepe tüyü özelliği gösteren tavuk ırklarında oluşturulan haplotip ağı	65
Şekil 4.14. Paça tüyü özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizisine ait dendogram.....	66
Şekil 4.15. Paçalı ırklarda oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası	69
Şekil 4.16. Paçalı tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı	70
Şekil 4.17. Filogenetik bir ağaç ile görselleştirilmiş mtDNA analizine ait dendogram ..	72
Şekil 4.18. Haplotipler arasındaki nükleotid farklılıklarının sayısına göre görselleştirilen ısı haritası	75
Şekil 4.19. Tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı	77



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Yabani tavuk türleri (Crawford 1990)	14
Çizelge 2.2. Denizli ırkının ortalama verim özellikleri (TAGEM 2009)	17
Çizelge 2.3. Gerze ırkının ortalama verim özellikleri (TAGEM 2009).....	18
Çizelge 2.4. İspenç genotipine ait bazı vücut ölçümleri (Özdemir 2019)	19
Çizelge 3.1. DNA dizilemesi yapılacak örneklerin lokasyonları ve örnekleme sayıları	34
Çizelge 3.2. Araştırmada kullanılan ekipmanlar.....	35
Çizelge 3.3. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesi için kullanılan primerlere ait bilgiler	40
Çizelge 4.1. Sultan tavuk ırkı Haplotiplerinin sekansları ve frekansları	49
Çizelge 4.2. Sultan tavuk ırkının moleküler varyans analizi	51
Çizelge 4.3. Polidaktilite özelliği gösteren tavukların haplotiplerin sekansları ve frekansları.....	53
Çizelge 4.4. İbik yönünden benzer tavuklard ait haplotiplerin sekansları ve frekansları	58
Çizelge 4.5. Tepeli tavuklara ait Haplotiplerin sekansları ve frekansları	63
Çizelge 4.6. Paçalı tavuklara ait Haplotiplerin sekansları ve frekansları	68
Çizelge 4.7. Haplotiplerin sekansları ve frekansları (H: Haplotipler, B: Birey sayısı) ..	74

1. GİRİŞ

Günümüz tarımına ve gıda üretimine katkıda bulunan hayvan türleri, uzun bir evcilleştirme ve adaptasyon geçmişine sahiptir. Arkeolojik kazılar ve moleküler genetik araştırmalara dayalı olarak yaklaşık 12 büyük evcilleştirme merkezi belirlenmiştir (FAO 2007). İnsanoğlunun binlerce yıllık göçü, ticari hareketleri ve savaşları, çiftlik hayvanlarının orijin aldıkları bölgelerden diğer bölgelere yayılmasına neden olmuştur. Bunun yanında seleksiyonlar, kontrollü üreme ve diğer evcilleştirme merkezlerinden gelen popülasyonlarla yapılan melezlemeler, büyük genetik çeşitliliğin ortaya çıkmasında etkili olmuştur. Yirminci yüzyılın sonlarında giderek artan insan nüfusunun ihtiyaçlarını karşılamak üzere hayvansal üretim sınırlı sayıdaki yüksek verimli hayvan türleri üzerinde yoğunlaşmıştır (FAO 2007). Bununla birlikte tarımsal alanda kullanılan hayvan popülasyonları her geçen gün hibrit ırkların daha fazla tercih edildiği bir alan olmaya başlamıştır. Hayvansal üretimin tüm dallarında hibrit ırkların tercih edilmesi yetiştirildikleri coğrafyaya uyum sağlamış birçok yerel hayvan ırkı popülasyonlarının üretim sürecinden çıkarılmasına neden olmuş ve bu durum yerel ırkların yetiştirme alanlarının giderek daralmasına sebep olmuştur. Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Organizasyonu'nun (FAO) 2020 yılında yayınladığı hayvan genetik kaynakları risk raporuna göre 524 yerel hayvan ırkının yok olduğu ve 4271 yerel hayvan ırkının risk durumunun ise bilinmediği bildirmiştir (FAO 2020). Aynı raporda 900 yerel tavuk ırkının risk durumunun ise halen bilinmediği ve şimdiye kadar en fazla genetik kaybın kanatlı tür ve ırklarında olduğu bildirilmiştir (FAO 2020).

Yerel hayvan genetik kaynaklarında yaşanan kayıplar gelişmiş ülkelerde hayvan gen kaynaklarının tespit edilmesini ve korunmasını amaçlayan araştırma ve desteklerin sayısını artırmıştır. Ülkemizde de Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu (TÜBİTAK) tarafından vizyon 2023 planları arasında gen kaynaklarının karakterizasyonu, muhafazası ve biyolojik çeşitliliğin korunmasına yönelik teknolojilerin geliştirilmesi öncelikli alanlar listesinde önemli bir yer teşkil etmektedir. Türkiye'deki mevcut tavuk ırkları, ırk tanımlamaları, envanteri ve risk durumları hakkındaki bilgiler oldukça sınırlı kalmıştır. Mevcut tavuk ırklarının atası olarak kabul edilen Kırmızı Orman Tavuğu'nun (Red Jungle Fowl) M.Ö. 6000'li yıllarda Çin ve Hindistan bölgesinde ilk evcilleştirilmelerinden bu yana Asya ve Avrupa arasında bir köprü görevi gören, birçok medeniyete ev sahipliği yapmış ve birçok ticaret yolunun uğrak yeri olmuş Anadolu'da çeşitli yerel tavuk ırklarının varlığına rağmen, bugün sadece Denizli ve Gerze tavuk ırklarının resmi olarak tanınıyor olması bu konuda yapılan çalışmaların yetersizliğini göz önüne sermektedir (Özdemir 2019).

Gelişmekte olan ülkeler çiftlik hayvanları biyo-çeşitliliğinde yaşanan kayıplardan, gelişmiş ülkelere göre daha fazla etkilenecek sahip oldukları birçok hayvan gen kaynağına ait genetik varyasyon ciddi anlamda zarar görmüştür (FAO 2015). Son yıllarda yerel hayvan gen kaynaklarının mevcut durumunun tespit edilmesi ve korunmasına yönelik ekonomik, yasal ve sosyal araştırmalar hızlı bir şekilde artmaktadır (Özdemir 2019). Günümüzde gelişmiş ülkelerin uyguladığı sürdürülebilir koruma programlarında popülasyonun sahip olduğu genetik varyasyon moleküler genetik yöntemler kullanılarak izlenmektedir. Biyoteknolojik araçlar çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğin DNA düzeyinde birtakım moleküler işaretçiler kullanarak incelenebilmesine olanak sağlamaktadır. Tarımsal üretimde önemli bir yere sahip olan tavukların kökeni, genetik

yapısı, evrimsel gelişimi ve çeşitliliğini araştırmak için bu belirteçlerden yararlanılmaktadır (Hillel vd. 2003; Mercan ve Okumuş 2004; Arif ve Khan 2009).

Kanatlı popülasyonlarında filogenetik tabanlı köken araştırmalarında en çok tercih edilen moleküler işaretçilerinden birisi hücrenin mitokondri organeline özgü mitokondriyal DNA (mtDNA)'dır. Nükleer DNA nDNA'ya göre 5-10 kat daha hızlı bir mutasyon hızına sahip olması, aynı nesilde meydana gelen mutasyonların takip edilebilmesine olanak tanımaktadır (Babayev ve Seli 2015). Mitokondriyal DNA'nın anne soydan (maternal) aktarılması, nükleer genoma kıyasla evrimsel gelişim hakkında daha doğru bilgi vermesine imkân sağlamaktadır. Nükleer DNA'dan farklı olarak rekombinasyon göstermemesi, hücre içerisinde çok sayıda kopyaya sahip olması ve haploid özellik göstermesi gibi özellikler, mtDNA'yı ırkların kimliklendirilmesinde mükemmel bir moleküler araç haline getirmektedir (Godinez vd. 2019). Mitokondriyal DNA'nın bu avantajlarından yararlanarak tavuk ırkları üzerinde yapılmış çalışmalarda, mtDNA dizi varyasyonuna dayalı popülasyon geçmişi, gen akış şekilleri, genetik yapıları mtDNA dizi analizine göre tanımlanmıştır (Flink vd. 2014; Jia vd. 2018; Dyomin vd. 2017).

Biyoçeşitliliğin korunması ve sürdürülmesi dünya çapında önemli konuların başında gelmektedir. Bu amaçla yerli hayvan genetik kaynakların korunması ve karakterizasyonu kapsamında yapılan bu yüksek lisans tez projesi, uzun yıllardır ülkemizin çeşitli bölgelerinde yetiştirildiği bilinen ancak henüz yerli ırk olarak tescil edilmemiş Sultan tavuk ırkının mtDNA dizi analizine dayalı filogenetik yapısının tanımlanmasını hedefleyen ilk bilimsel çalışma olma niteliği taşımaktadır. Proje sonuçlarından elde edilen veriler doğrultusunda Sultan tavuk ırkı için Tarım ve Orman Bakanlığı'na ilk defa yerli ırk tescil başvurusunda bulunulması planlanmaktadır. Aynı zamanda elde edilen genetik karakterizasyon verilerinin FAO tarafından oluşturulan "Evcil Hayvan Çeşitliliği Bilgi Sisteminde" (DAD-IS) paylaşılmasıyla Sultan tavuk ırkına ait tanımlayıcı bilgilerin evrensel düzeyde ilk defa tanınırlığı sağlanacaktır. Yüksek bir yumurta veya et verimine sahip olmayan Sultan tavuğu bugüne kadar gösterişli dekoratif tüy yapısı sebebiyle hobi ve süs amacıyla yetiştirilmiştir. Son yıllarda yetiştiricilere sağladığı yüksek ekonomik getiri sebebiyle oldukça popüler bir üretim yöntemi haline gelen hobi ve süs tavuğu yetiştiriciliğinde Sultan ırkı, ulusal ve uluslararası platformlarda yüksek fiyatlardan alıcı bulabilmektedir. Yapılan tez çalışmasından elde edilecek sonuçların Sultan ırkının tarihsel, kültürel ve ekonomik özelliklerine bir katma değer sağlayacağı ön görülmektedir. Ayrıca bu çalışmadan elde edilen tüm moleküler genetik veriler ulusal ve uluslararası veri tabanlarına (NCBI, GenBank, DDBJ, ENA gibi) sunularak ileride yapılacak çalışmalar için bir referans oluşturacaktır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Tavuğun evcilleştirilmesi

Günümüzde insan beslenmesinde eti ve yumurtası ile önemli bir protein kaynağı olan tavukların evcilleştirilmesi ile ilgili ilk bulgular Pakistan'ın sınırları içerisinde yer alan Mohenjo-Daro'da yapılan arkeolojik kazılardan (MÖ 2000) elde edilmiştir. Bu bulgulara dayanarak tavukların ilk olarak İndus Vadisi'nde evcilleştirildiği ileri sürülmüştür (Sewell ve Guha 1931; Zeuner 1963; Meadow 1986). Evcilleştirilmelerinden sonra tavukların bu bölgeden dünyaya yayılışı ile ilgili bugüne kadar iki farklı görüş bildirilmiştir. Buna göre arkeolojik kazılar sonucunda tavukların İndus Vadisi'nden başlayarak Mezopotamya üzerinden Yunanistan'a yayıldığı ve buradan da Keltler aracılığı ile Avrupa'ya ve sonrasında Demir Çağı'nın sonlarında İngiltere'ye götürüldüğü ön görülmüştür (West ve Zhou 1988). Darwin (1875)'in önerdiği diğer görüşe göre tavukların ilk olarak Güneydoğu Asya'da ve Çin'de evcilleştirildiği ve bu bölgeden Mezopotamya üzerinden Güney Avrupa'ya oradan da Rus bozkırlarına götürülerek kabileler aracılığıyla Avrupa Keltlerine yayıldığı yönündedir (Darwin 1868; West ve Zhou 1988). Tavukların Hindistan'da evcilleştirilmesinden çok daha sonra, bağımsız olarak Güneydoğu Asya'dan bir yayılma ile gerçekleştirildiği belirtilmektedir. Hindistan'dan Çin'e (MÖ 1400), oradan Rusya'ya (MS 13. yüzyıl) ve Avrupa'ya uzanan kuzey rotası, Brown (1929) tarafından önerilen ve orijinal üs olarak Hindistan'ı kullanan çok sayıda rotadan biri olarak belirtilmektedir (Brown 1929; West ve Zhou 1988). Tavuğun orjin aldığı İndus Vadisi'nden dünyaya yayılımını savunan her iki görüşte de Anadolu, evcil tavuğun dünyaya yayılma aşamasında çok önemli roller üstlenmiş ve bu durum ülkemiz tavuk ırklarının genetik çeşitliliği ve kökeni bakımından önem arz etmektedir.

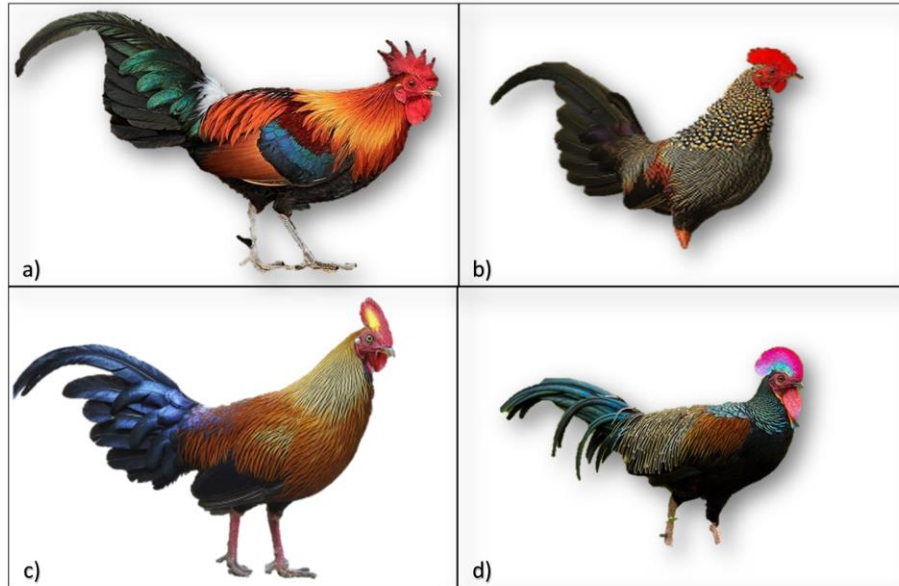
Günümüzdeki tavuk ırklarının Hint ve Güneydoğu Asya orman kuşlarının evcilleştirilmesiyle orman tavuğu (*Gallus gallus*) veya kırmızı orman tavuğu (Red jungle fowl) türlerinin bir kombinasyonundan (evcil form *Gallus gallus domesticus*) türediği ileri sürülmektedir (West ve Zhou 1988). Günümüzde *Gallus gallus domesticus*'a oldukça benzerlik gösteren ve Güney Asya orijinli 4 farklı yabancı tavuk türü bulunmaktadır (Şekil 2.1), (Çizelge 2.1) (Crawford 1990).

Çizelge 2.1. Yabancı tavuk türleri (Crawford 1990)

Ad	Bölge
<i>Kırmızı Orman Tavuğu (Gallus gallus domesticus)</i>	
a. <i>Hindistan Kırmızısı (Indian red)</i>	Doğu Hindistan-Batı Çin
b. <i>Burma kırmızısı ((Burmese red)</i>	Orta Çin
c. <i>Tonkinez kırmızısı (Tonkinese red)</i>	Çin'in Kuzey-Batısı
	Sumatra adası

Çizelge 2.1.'in Devamı

d. Bankiva veya Java kırmızısı	
e. Koşin (Cochin)	
	Batı Çin
Gri Orman Tavuğu (<i>Gallus sonneratii</i>)	Hindistan yarımadası
Seylan (Ceylon) (<i>Gallus lafayettii</i>)	Seylan adası
Yeşil Orman Tavuğu (<i>Gallus varius</i>)	



Şekil 2.1. Yabani tavuk türleri. **a)** Kırmızı Orman Tavuğu (*Gallus gallus*); **b)** Gri Orman Tavuğu (*Gallus sonneratii*); **c)** Seylan Orman Tavuğu (*Gallus lafayettei*); **d)** Yeşil Orman Tavuğu (*Gallus varius*) (Anonymous 1)

Darwin (1868), evcil tavukların tek bir kökenden orjin aldığını ve kırmızı orman tavuğunun (RJF, Red Jungle Fowl) evcil tavukların en yakın ataları olduğunu belirtmiştir (Darwin 1868). Darwin'in bu hipotezine göre;

- Evcil tavuğun kırmızı orman tavuğu ile serbestçe çiftleşebilmesine
- Elde edilen yavruların döl verme kabiliyetlerinin yüksek olmasına
- Ötüşlerinin benzemesine
- Akrabalı yetiştirmenin fazla olduğu kümeslerde tüy rengi bakımından yüksek oranda RJF'ye benzeyen kırmızı-siyah tüylü tavukların

meydana geliyor olması Darwin'in bu hipotezi oluşturmada büyük katkı sağlamıştır (Stevens 1991).

Weigend ve Groeneveld (2008)'e göre moleküler genetik belirteçler kullanılarak yapılan çalışmalarda evcil tavuğun Darwin'in belirttiği gibi tek bir canlıdan köken almadığı, farklı canlılarla melezlendiği yönündedir. Bu hipotez, mtDNA analizleri (Fumihito vd. 1994) ve Güney Asya'daki evcil tavukların farklı kökenlere sahip olduğu teorisiyle de desteklenmektedir (Oka vd. 2007).

2.2. Yerli tavuk ırklarımız

2.2.1. Denizli ırkı

Denizli ili ve çevresinde yayılım göstermiş olan ve uzun ömürleriyle yetiştiricilerin dikkatini çeken Denizli tavuk ırkı, uzun yıllardır halk elinde muhafaza edilen yerel gen kaynaklarımızdan birisidir. Zaman içerisinde Denizli yöresinin simgesi haline gelen bu tavuk ırkı, uzun ömür özelliği sayesinde yerli ırklarımız arasında en iyi korunmuş ırkıdır. Genel morfolojik yapısı itibarıyla yumurtacı ırklara benzerlik gösteren Denizli ırkına ait ilk genetik çalışmalar Leghorn tavuğu ile yapılan karşılaştırmalı analizlerdir (Zeki 1931).

Denizli tavuklarında eşeyssel olgunluk yaşı yaklaşık olarak 8 ay civarı olduğu, horozlarının ilk ötüşe 6-7 aylıkken geldiği ve ergin horozların ötüş süresinin 15-25 saniye sürdüğü bildirilmiştir (Şekeroğlu 1994; Scrivener 2006). Denizli tavuk ırkının genel vücut yapısı; gözleri orta büyüklükte ve yuvarlak yapıya sahip, burun delikleri küçük, gaga koyu gri ve uzun, kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulak lopları belirgin kırmızı ya da kırmızı-beyaz lekeli renkte gözlenmektedir. Geniş ve orta uzunlukta sakal yapısına sahip olan Denizli ırkının boyun yapısı, horozlarda uzun ve tüylü, dişilerde ise orta uzunlukta ve tüylüdür. Kuyruk, sağlam ve horozlarda gösterişli yapıdadır. Göğüs dik ve orta derinliktedir. Vücudu kaplayan tüy ve telekler siyahtır. Horozlarda boyun, sırt ve kanattaki farklı renkteki tüylerin dağılımına göre horozlar, Demirkır, Pamukkır, Pekmezkefi, Al ve Arap/Siyah olarak adlandırılmaktadır (Şekil 2.2). Irkın dişilerinde ise, bazılarının boynunda görülen az miktardaki sarı-kahverengi tüyler dışında tamamen siyahtır. Irkın deri rengi beyaz, incik, ayak derisi ve pulları koyu gri renkte olup tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzlu bir ayak yapısına sahiptir. Denizli tavuk ırkı bugün yetiştirici elindeki sürüler dışında Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı (GTHB) bünyesindeki Uluslararası Hayvancılık Araştırma ve Eğitim Merkezi tarafından kapalı sürü halinde koruma altında tutulmaktadır (TAGEM 2009; Özdemir vd. 2013). Ayrıca 2001 yılından bu yana Denizli Tarım İl Müdürlüğü bünyesinde ve ülke genelindeki damızlık talebini karşılayabilmek üzere bir saf sürü oluşturulmuştur. Irka ait ortalama verim özellikleri Çizelge 2.2'de verilmiştir.

Çizelge 2.2. Denizli ırkının ortalama verim özellikleri (TAGEM 2009)

Cinsiyet	Ortalama Canlı Ağırlığı (g)	Yıllık Yumurta Verimi (Adet)	Ortalama Yumurta Ağırlığı (g)	Çıkım Ağırlığı (g)
Ergin Horoz	2050			
Ergin Tavuk	1100	114	54	
Civciv				40

**Şekil 2.2.** Denizli horozlarında bulunan renk varyeteleri. **a)** Arap/Siyah; **b)** Pamukkır; **c)** Demirkır; **d)** Pekmezkefi; **e)** Al

2.2.2. Gerze ırkı

Gerze tavuk ırkı, Orta Karadeniz bölgesine yayılış göstermekte ve en fazla Sinop ilinin Gerze ilçesinde yetiştirilen lokal bir tavuk ırkıdır. “Hacıkadı” olarak isimlendirilen Gerze tavuğu, Fransız tavuk ırkı La Fleche ile morfolojik olarak benzerlik göstermektedir. Gerze tavuğunun en önemli özelliklerinden birisi gaga üzerindeki geniş burun deliklerine sahip olmasıdır (Ekimci 1931; Karaesmer 1944). 1960’lı yıllarda Sinop Küçük Evcil Hayvanlar İstasyonu’nda kurulan kümeste Gerze ırkının verim açısından beklentiye karşılamamasından dolayı popülasyonunun azaltıldığı hatta yetiştirilmesinin durdurulduğu bildirilmiştir. Bu istasyondaki Gerze tavuk ırkı üzerinde yapılan araştırmada ırkın parlak siyah tüylere, uzun beyaz kulak loblarına ve çatal ibik şekline sahip olduğu bildirilmiştir. Beyaz ve iri yumurtalara sahip olan ırkın yıllık yumurta verimlerinin ortalama 60-70 adet olduğu, ergin tavukların 2,7-3,2 kg horozların ise 3,4-4,0 kg ağırlıklarına sahip olduğu bildirilmiştir (Düzgüneş 1990). Şekeroğlu (1994) tarafından Sinop Tavukçuluk Üretme İstasyonu’nda yapılan başka bir çalışmada yumurta

verimleri 93.95 adet, yumurta ağırlıkları 47,60 g olarak belirtilmiş, ırka ait ortalama canlı ağırlıklar ergin horozlarda 2317,86 g, tavuklarda 1706,32 g olarak tespit edilmiştir.

TAGEM tarafından yapılan ırk tescil çalışması sonuçlarına göre ırkın tanımlayıcı özellikleri şu şekildedir; baş, orta uzunlukta, ibik şekli çatal (V-dubleks), burun delikleri gaga üzerine çıkıntılı ve büyük, gaga rengi gri tonlarında ve orta uzunluktadır. Kulak bölgesinde bulunan kısa tüyler kulağı dış etmenlerden koruyucu bir yapı sergilemekte ve kulak lobu rengi horozlarda bariz belirgin olarak beyaz renktedir. Boyun yapısı horozlarda uzun, dişilerde orta uzunlukta ve tüylü bir yapıya sahiptir. Kuyruk sağlam yapılı ve gösterişlidir. Kanat büyük ve geniştir. Göğüs ise orta derinliktedir. Vücut parlak siyah tüylerle kaplı, horozlarda kuyruk tüyleri ışık altında yeşil-siyah rengi ile dikkat çekici bir görüntü sergilemektedir. Deri rengi beyazdır. İncik, ayak derisi ve pulları gri tonlarında, tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzludur. Bacaklar horozlarda sağlam yapılı, yüksek, dişilerde ise daha kısadır. Yumurta kabuk rengi ise beyazdır (TAGEM 2009). Irka ait verim özellikleri Çizelge 2.3'te verilmiştir.

Çizelge 2.3. Gerze ırkının ortalama verim özellikleri (TAGEM 2009)

Cinsiyet	Ortalama Canlı Ağırlığı (g)	Yıllık Yumurta Verimi (Adet)	Ortalama Yumurta Ağırlığı (g)	Çıkım Ağırlığı (g)
Ergin Horoz	1850			
Ergin Tavuk	1100	88	49	
Civciv				37



Şekil 2.3. Gerze (Hacıkadı) Tavuk Irkı

2.2.3. İспенç ırkı

Halk arasında hareketli, agresif tavırları sebebiyle “cin” ve incik kemiğini tamamen örten tüyler nedeniyle “paçalı” gibi isimlerle de tarif edilen İспенç tavuk genotipi Türkiye’de uzun yıllar hobi ve süs tavuğu yetiştiricileri tarafından özel ilgiyle yetiştiriciliği yapılan kayıt dışı tavuk ırklarımızdandır. Irkın, Osmanlı İmparatorluğu döneminde çoğunlukla gayri müslümler tarafından yetiştiriciliğinin yapıldığı bildirilmiştir (Özdemir 2019). Ayrıca “İспенç” isminin Osmanlı İmparatorluğu

döneminde gayri müslümlerden alınan bir tarım vergisi anlamına geldiği ve isminin de buradan geldiği varsayılmaktadır (İnalcık 1959; Özdemir 2019). Irkın ülkemizdeki geçmişine ait somut bir bilgi bulunmamasına rağmen Mersin'in Mut ilçesi yakınlarında yer alan ve M.S. 5. yüzyıla ait Dağ Pazarı Kilisesi'nin taban mozaiklerinde İспенç tavuğu figürlerine rastlanıldığı bildirilmiştir (Yılmaz 2012). Irkın sahip olduğu spesifik özellikler sayesinde uzun yıllar ülkemizin çeşitli coğrafyalarında yetiştiriciliği yapılan İспенç genotipi, küçük vücut yapısı sayesinde birim alanda daha fazla hayvan yetiştirme, düşük yem tüketimi (60-65 gr/gün), yumurta verimi (160-180 adet/yıl) gibi avantajları sayesinde hobi tavukçuluğu yapan yetiştiriciler tarafından tercih edilmektedir (Özdemir 2019). Avrupa Kanatlı Güvercin-Kafes Kuşu-Tavşan ve Kobay Yetiştiricileri Birliği (EE) tarafından 2016 yılında yayınlanan minyatür tavuk ırkı standartları raporunda dünya genelinde 151 adet minyatür tavuk ırkı tanımlanmış ve bu ırklar arasında yer almayan İспенç genotipi, Hollanda ve Belçika'da yetiştirilen minyatür tavuk ırklarıyla fenotipik olarak benzerlik gösterse de sahip olduğu ibik yapısı, parmak sayısı, vücut duruşu, kılıç ve paça tüyleri gibi spesifik karakterler bakımından Avrupa'daki benzerlerinden farklılık göstermektedir (Özdemir 2019). 2019 yılında Özdemir tarafından yapılan "İспенç Tavuğu ve Horozlarında Bazı Morfolojik Özellikler" isimli çalışma ile İспенç genotipine ait ilk bilimsel veriler sunulmuştur. Bu çalışma sonucunda bulunan ortalama değerler Çizelge 2.4'te verilmiştir.

Çizelge 2.4. İспенç genotipine ait bazı vücut ölçümleri (Özdemir 2019)

Cinsiyet	Ortalama Ağırlık	Ortalama Vücut Uzunluğu	Ortalama Sırt Uzunluğu	Ortalama Göğüs Genişliği	Ortalama İncik Uzunluğu
Horoz	733 g	41,85 cm	11,58 cm	61,42 mm	60,09 mm
Tavuk	582 g	35,59 cm	10,98 cm	55,32 mm	56,60 mm



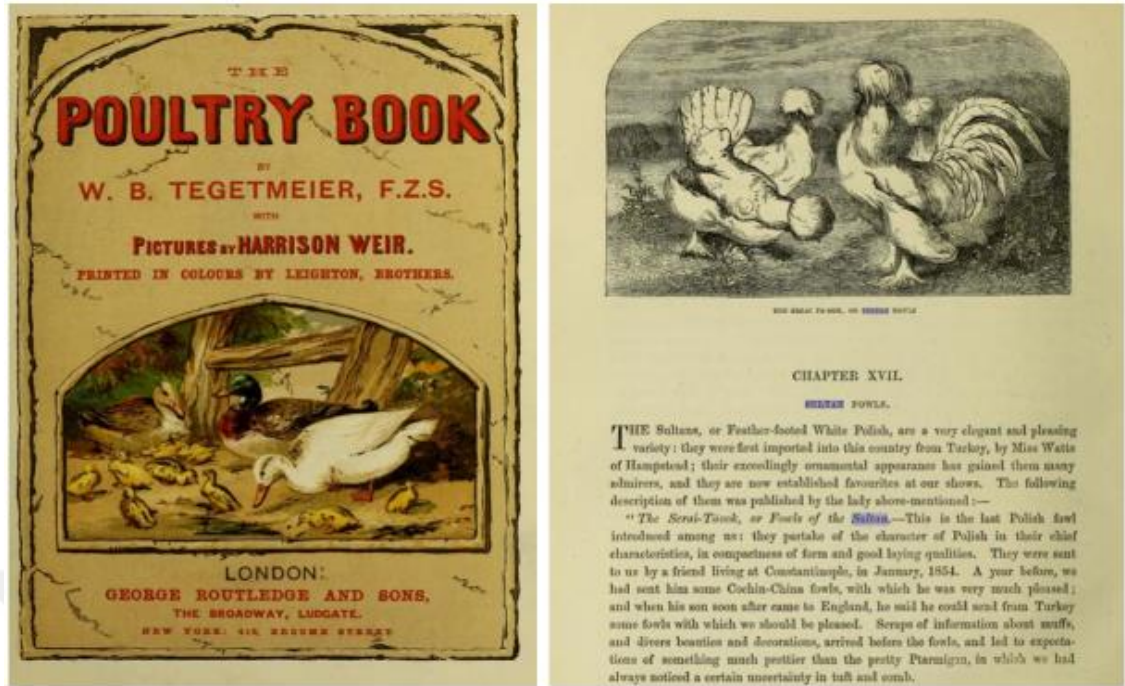
Şekil 2.4. İспенç tavuk ırkı (Özdemir 2019)

2.2.4. Sultan ırkı

Ülkemizde uzun yıllardır varlığı bilinen ancak henüz tescil edilmemiş tavuk ırklarından birisi olan “Sultan” tavuğunun Osmanlı İmparatorluğu zamanında özellikle saray bahçelerinde bulunan ‘kuşluk’ adı verilen özel kümeslerde sergi amaçlı yetiştiriciliği yapıldığı bilinmektedir. Sultan ırkının kökeni ile ilgili bilimsel bir çalışma bulunmazken, yerli ve yabancı literatürlerde kökeninin Türkiye olduğu belirtilmektedir. Sultan tavuğunun İstanbul’da yetiştiriciliğinin yapıldığı 1931’de Salih Zeki tarafından yazılmış olan Asri Tavukçuluk kitabında “*Vaktile İstanbul da pek meşhur olan ve fakat bugün misli bulunmayan süslü ‘Sultan ve Timürlenk’ tavukları ‘Padu’ ırkının yakışıklı bir nev’i olarak İstanbul’da yetiştirilmiştir*” cümlesiyle bildirilmektedir (Zeki 1931). Yabancı literatürlerden 1867 yılında yazılan ‘Poultry Book’ kitabında bahsedildiği üzere Sultan tavuğu Londra’nın Hampstead bölgesine ilk olarak İstanbul’dan getirildiği belirtilmiştir (Tegetmeier, 1867). Amerika kanatlı dergisinin 1906 yılının Eylül ayında çıkan sayısında ise Sultan tavuğunun anavatanının Türkiye olduğu belirtilerek Amerika’nın Maryland eyaletine Geo. O. Brown tarafından 1877 yılında getirildiği bildirilmiştir (Şekil 2.5; Şekil 2.6). FAO (2012) tarafından yayınlanan bildiriye göre, Sultan tavuk ırkının anavatanının Türkiye olduğunu ve risk durumunun bilinmediğini belirtmektedir (FAO/DAD-IS). Sultan tavuk ırkı, 1874’te Amerikan Kümes Hayvanları Birliği (APA) tarafından yayınlanan ve daha sonra Mükemmellik Standardı olarak adlandırılan ilk standarda dahil edilmiştir (APA 1874).



Şekil 2.5. Sultan ırkı tavuk ve horozun genel vücut yapısı



Şekil 2.6. 1867 yılında yayınlanan “Poultry Book” kitabında Sultan ırkı ile alakalı bir bölüm (Tegetmeir 1867)



Şekil 2.7. Sultan tavuğunun orijininin Türkiye olduğunu destekleyen bir belge. (Amerikan Kanatlı Dergisi, 1906)

Bu bilgilere ek olarak Sultan tavuk ırkının Hollandalı ressam Willem van Aelst tarafından 1658’de resmedilen “Kümes Hayvanlarıyla Natürmort” adlı esere konu olduğu bilinmektedir (Şekil 2.7). Ressam Willem van Aelst tablosu Sultan ırkının sahip olduğu morfolojik özelliklerinin günümüze kadar değişmeden taşındığının bir göstergesidir.

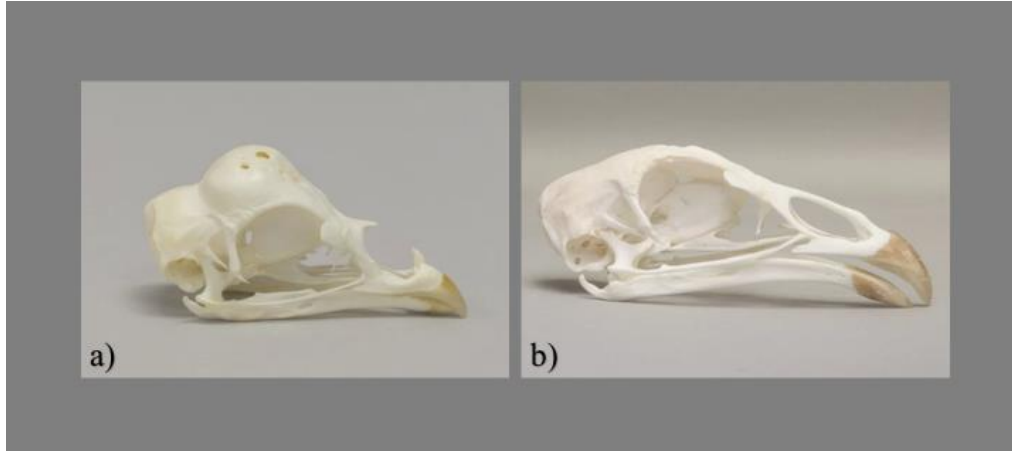


Şekil 2.8. Kümes Hayvanlarıyla Natürmort. (Anonymous 2)

Osmanlı döneminde oldukça popüler bir tavuk ırkı olan Sultan tavuğu Osmanlı İmparatorluğu’nun son bulması ve saray bahçelerindeki Kuşluklar’ın dağıtılması ile ülkemizdeki popülasyon mevcudiyetini neredeyse kaybetmiştir (Çakılcı 2018). Ancak son 20 yılda Türkiye Süs Tavukları ve Bahçe Hayvanları Federasyonu (TSHF)’na kayıtlı yetiştiricilerin çabaları sayesinde ülkemizdeki Sultan tavuğu popülasyonları yeniden canlandırılmıştır.

Sultan tavuk ırkını özellikle süs tavukçuluğunda popüler kılan birtakım morfolojik farklılıklar bulunmaktadır. Bu özelliklerden en dikkat çekici olanı ırkın kafatası üzerinde yoğunlaşan yuvarlak tepe tüyleridir. Bu morfolojik farklılık sebebiyle Sultan ırkı, Padovana, Breda, Appenzeller, Brabanter, Polish, Pavlovskaya ve Silkie gibi tepeli tavuk ırkları sınıfında yer almaktadır. Tepeli tüy yapısına sahip olan tavuklar çok eski zamanlardan beri insanların ilgisini çekmiştir. Tepeli tavuk ırklarına ait ilk tanımlamalar M.S. 3. yüzyıl başlarında Romalı yazar Claudius Aelianus tarafından yapılmıştır. İngiltere’de M.S. 4. yüzyılda Antik Roma dönemine ait bir bölgede saptanan arkeolojik kalıntılar, tepeli tavukların daha önce sınıflandırılmış evcil tavuk ırkları arasında yer alabileceği bildirilmektedir (Brothwell 1979). Tepeli tavuklarda tepe tüylerindeki farklılığın eşeysel dimorfizm göstermesi ve erkek bireylerin tepe tüylerinin dişilerinkine oranla daha yoğun bir görüntüye sahip olduğu bildirilmiştir (Wang vd. 2012). Tepeli tavuk ırklarında kafatasında yoğunlaşan tepe tüyü oluşumunun sadece tepe kısmındaki tüylenme farklılığından kaynaklanmadığı, bu morfolojik özelliğe sahip olan tavuk

ırklarının kafataslarındaki frontal kemiklerin yukarı doğru uzama eğiliminde olduğu ve anatomik olarak da farklılaştığı tespit edilmiştir (Şekil 2.7) (Bartels 2003).



Şekil 2.9. Tavuk kafatası yapıları. a) Tepeli tavuk fizyolojisine sahip kafatası şekli; b) Normal tavuk fizyolojisine sahip kafatası şekli. (Anonymous 3)

Serebrovsky ve Petrov (1928) tavuklardaki sekiz bağlantı grubunun da dahil edildiği birçok evcil hayvan türünde yapmış oldukları çalışmada ilk genetik bağlantı haritasını yayınlamışlar ve bu genetik haritanın içerisinde tepeli fenotipe neden olan gen bölgesini de bildirilmiştir (Serebrovsky ve Petrov 1928). Tavuklarda otozomal eksik dominans kalıtım gösteren mutant Crested geninin (Cr) etkisiyle şekillenen tepeli fenotipinin tavuk genetiği çalışmalarında ilk çalışılan Mendel karakteristiklerinden birisi olduğu bildirilmiştir (Joller ve ark., 2018).

Tepe tüyü özelliği dışında Sultan ırkının dikkat çeken bir diğer karakteristik özelliği ise sahip olduğu V şeklindeki ibik yapısıdır. V ibik yapısı, yabani formda resesif iki allel tarafından kontrol edilen balta ibik formundan farklı olarak üç allel gen tarafından kontrol edilmekte ve tavuklarda koyu tüylenmeyle alakalı olan *CMC1* geninin içerisinde oluşan bir mutasyondan kaynaklandığı bildirilmiştir. Oluşan mutasyon *CMC1* geninin yakınında bulunan embriyonik ibik oluşturma ile alakalı olan *EOSMES* bölgesinin ektodermide ektopik ekspresyona sebep olduğu için ibik yapısında farklılaşma gözlemlendiği bildirilmiştir (Dorshorst vd. 2015). Sultan ırkının karakteristik ibik yapısı “Çatal” veya “V dublex” ibik olarak adlandırılmaktadır. Çatal ibik özelliği diğer tavuk ırklarında da farklı varyasyonlarda gözlenmekte olup bu varyasyonla ilgili gen bölgesinde oluşan ikinci bir mutasyonun bu ibik formuna sebep olduğu bildirilmiştir (Dodgson 2003; Dorshorst vd. 2015). Sultan ırkındaki V ibik şekli tescil edilmiş yerli tavuk ırkımız Gerze (Hacıkadı) tavuğunda da gözlenmektedir (TAGEM 2009).

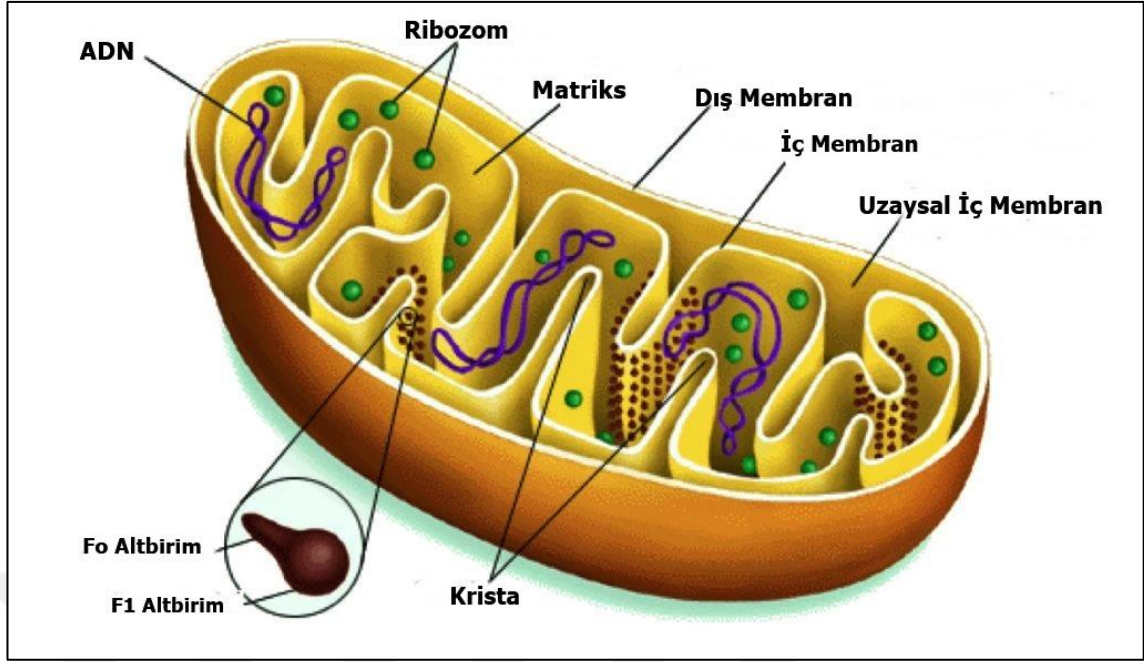
Sultan ırkını diğer tavuk ırklarından ayıran diğer bir özelliği ise ayak parmak yapısıdır. Yabani formda, tavuklar her bir ayakta 4 adet parmağa sahipken Sultan ırkında her ayakta 5 adet parmak oluşumu gözlenmektedir. Birçok memelide olduğu gibi bazı tavuk ırklarında da çoklu parmak oluşumuna mutant bir gen olan Polydaktyl (Po) geni sebep olduğu bildirilmektedir (Huang vd. 2006; Sun vd. 2014). Omurgalı uzuvlarında sık görülen bir iskelet bozukluğu olan polidaktilite genine etki eden transkripsiyon faktörlerinin ekspresyonu ve genin dozaj etkisi bazı durumlarda tavukların ayaklarında farklı sayıda parmak oluşumuna neden olabilmektedir. Benzer bir şekilde Türkiye’deki

bazı Sultan ırkı popülasyonlarında da akrabalı yetiştirme düzeyine bağlı olarak tavuk ve horozların sağ ve sol ayaklarındaki parmak sayılarının birbirine eşit olmadığı gözlenmiştir. Ayrıca Sultan ırkı tavukların ayak deri renklerinde farklılık göstermektedir. Gri tonlarında ayak deri rengine sahip olan ırkın ayak bilekleri ve ayaklarının üzeri paça diye tabir edilen tüylerle örtülüdür. Paça tüylerinin yanı sıra ırka özgü karakteristik olarak incik kemiklerinin üzerinden arkaya doğru uzanan ve yetiştiriciler tarafından “kılıç” olarak adlandırılan tüyler bulunmaktadır.

Bu tez çalışması öncesinde Sultan ırkı tavuk ve horozlarında yapılan bir ön çalışmada farklı yaş dönemlerine ve farklı lokasyonlara ait 152 horoz ve 226 tavukta 30 parametre incelenmiştir. Araştırma bulgularına göre Sultan genotipine ait tavuk ve horozlarda vücut deri rengi ve vücut tüy rengi beyaz olarak saptanmıştır. Bütün hayvanlarda yanak ve sakal tüyleri gözlenmiştir. Sultan genotiplerine ait her iki cinsiyette de ayak bileklerinde paça tüyleri ile kılıç olarak tabir edilen tüyler ve her ayakta beş parmak gözlenmiştir. Sultan genotiplerine ait tavuk ve horozlarda ortalama canlı ağırlıkları sırasıyla 1.080 ve 1.324 kg, vücut uzunluğu 50,30 ve 60,80 cm, açık kanat uzunluğu 70,74 ve 78,51 cm, sırt uzunluğu 13,79 ve 14,45 cm, sternum uzunluğu 109.83 ve 119,39 mm, göğüs genişliği 49,05 ve 53,60 mm, boyun uzunluğu 111,90 ve 122,60 mm olarak saptanmıştır.

2.3. Mitokondri ve Mitokondriyal DNA (mtDNA)

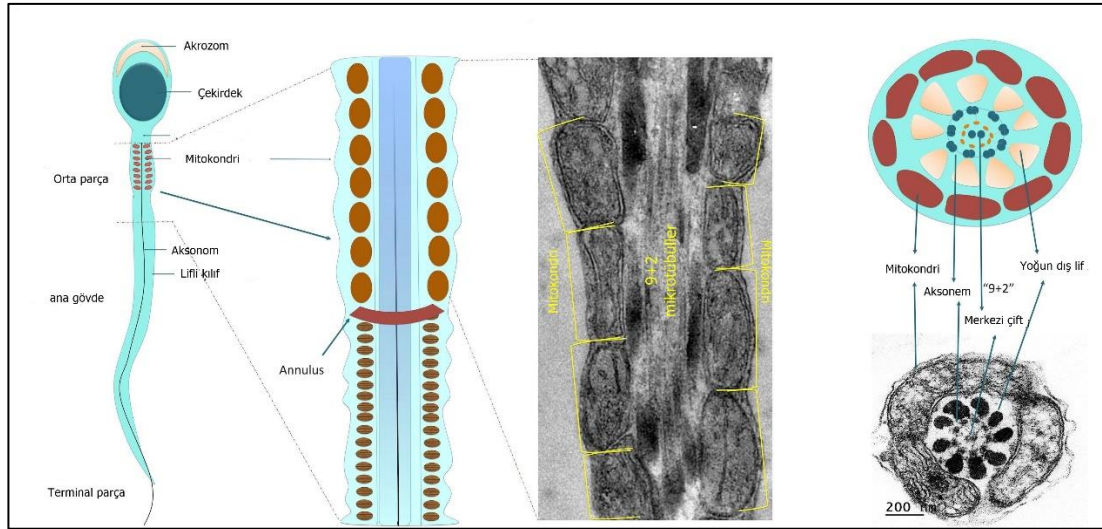
Mitokondri, genel olarak ökaryotik hücrelerin homeostazını ve hücrede meydana gelen reaksiyonlar için gerekli olan ATP'nin büyük bir kısmının üretildiği organel olduğundan hücrenin “güç merkezi” ya da “enerji santrali” olarak adlandırılmaktadır (Pagliarini ve Rutter 2013). Hücrede bulunma sıklığı ise hücrenin enerji ihtiyacına göre değişim göstermekle beraber şekilleri ve büyüklükleri de değişmektedir. Mitokondrinin, iki katlı iç ve dış membran arasında boşluk bulunmaktadır. İç membran oldukça kıvrımlı bir yapıya (krista) sahip olmakla birlikte membran içerisinde organelin kendine ait kalıtsal metaryali ve ribozomu bulunmaktadır. Mitokondri zarında periferik ve integral olarak rol alan F1 ve F0 ATP sentazın bileşenidir (Hall ve Hall 2020) (Şekil 2.9) Ayrıca mitokondri, lipidler ve demir-kükürt kümeleri gibi makromoleküllerin biyosentezinde de önemli bir rol oynamaktadır. Mitokondri, enerji üretimi ve biyosentez desteği ile proliferasyon, farklılaşma ve strese adaptasyon gibi biyolojik süreçlerin merkezi olma özelliğindedir (Chandel 2015).



Şekil 2.10. Mitokondri organelinin genel yapısı (Anonymous 4)

Ökaryotiklerde, hücre çekirdeği içerisinde yer alan DNA dışında mitokondri organelinde de DNA bulunması evrimsel süreçteki birtakım olaylara dayandırılmaktadır. Yaklaşık olarak 1,5 milyar yıl önce, modern a-proteobakteriler ile ilişkili bir bakteri hücresinin, ökaryotik bir hücrenin mitokondriyle simbiyotik bir ilişki gerçekleştirdiği ve evrimsel süreç boyunca bakteriyel genom ile mitokondri organeli tamamen bütünleşerek hücresel aktivitede önemli bir rol oynamaya başlamış olduğu düşünülmektedir (Hori ve Osawa 1987). Bu sebeple evrimsel süreçte sadece bir kez gerçekleşmiş olduğu düşünülen bu olayın mitokondriyal kökenin monofiletik karaktere sahip olmasına neden olduğu düşünülmektedir (Gray vd. 1999; Degli 2014). Bu evrimsel süreçte a-protobakterium'un genomunda meydana gelen gen kaybı ya da a-protobakterium'dan nükleer genoma gen transferi olduğu ve bunun sonucunda organelin genomunda sistemli bir azalma gerçekleştiği düşünülmektedir (Martin ve Müller 1998).

Mitokondri sayısı hücre başına değişkenlik göstermekle birlikte genellikle bir hücrenin enerji talebi ile doğru orantılıdır. Bazı hücrelerde birkaç mtDNA kopyası bulunurken bazılarında hiç bulunmamaktadır (Cavalier-Smith 2000). Memelilerin çoğunun somatik hücreleri, yaklaşık 102 ila 104 mtDNA kopyası içerirken olgun bir memeli spermatozoasının orta bölgesinde yaklaşık 72-80 mitokondri hücresi bulunduğu bilinmektedir (Şekil 2.11) (Freitas vd. 2017; Vertika 2020). Spermatozoada mitokondri, en çok enerji gerektiren kısım olan kuyruk mikrotübüllerinin çevresinde bulunmakta ve bu, mitokondrinin sperm hareketliliği için gerekli enerjinin sağlanmasında doğrudan bir rol oynamaktadır (St John vd. 2000).



Şekil 2.11. Mitokondrinin sperm hücresindeki konumu (Vertika vd. 2020)

Bununla birlikte, mitokondriyal işlevler spermde enerji üretimi ile sınırlı değildir, aynı zamanda tüm gamet üretimi ve üreme sürecinde çeşitli roller üstlenirler. Üreme ile ilgili olarak, mitokondri, steroid hormon üretimi için merkezi bölge olarak bildirilmekte ve üremenin diğer birçok düzenleyici olayına dolaylı katıldığı vurgulanmaktadır (Ramalho-Santos vd. 2009). Erkek germ hücrelerinde bulunan mtDNA'ların çoğu, yuvarlak spermatidlerin uzatılmış spermatidlere dönüşmesi sırasında ortadan kaldırılır ve sitoplazmanın çoğunu geride kalan cisimler olarak geride bırakmaktadır. Geride kalan germ hücre sitoplazmasının büyük bir kısmını içeren kalıntılar daha sonra Sertoli hücreleri tarafından fagositozlanmaktadır (Vertika vd. 2020). Spermatogenez esnasında, mtDNA miktarında başlangıçtan yaklaşık olarak %50 azalma olurken, oogeneizde mtDNA kopya sayısında yüksek amplifikasyon gözlemlendiği bildirilmiştir (Hecht ve Liem 1984). Oositlerde meydana gelen mtDNA artışı çeşitli döllenme olayları ile önemini göstermektedir. Döllenme başarısızlığından muzdarip hastalarda oositler incelendiğinde, normal döllenme oranına sahip olanlara kıyasla önemli ölçüde daha düşük mtDNA kopya sayısına sahip oldukları bulunmuştur (Reynier vd. 2001). Sperm hücresinde bulunan mitokondri miktarındaki azalmanın biyolojik önemi ilginç bir soru olmaya devam etmektedir. Sperm hücresindeki düşük mitokondriyal sayıyı açıklamak için bir dizi hipotez ortaya atılmıştır; spermde mtDNA kopya sayısındaki azalmanın, mtDNA'ya ROS aracılığıyla hasar sıklığını azalttığını ve oldukça zararlı mutasyonların seçici olarak ortadan kaldırılmasının, düşük seviyede mitokondriyal içerikte en etkili olduğu da öne sürülmüştür (Wai vd. 2010; Cecchino vd. 2018). Son zamanlarda, mtDNA'sı mutasyona uğratılmış farelerle yapılan bir çalışmada, mtDNA kopya sayısını azaltmanın testislerde spermatosit ve spermatid anormalliklerini artırdığını bu karşın mtDNA kopya sayısındaki artışın doğurganlığı ve normal testis morfolojisini düzelttiği bildirilmiştir (Jiang vd. 2017).

Olgun dişi gametlerindeki mitokondriyal sayı, erkek gamet hücrelerinden birkaç kat daha fazladır (Wai vd. 2010). Olgun oositler 150.000'den fazla mtDNA kopyası içerirken, insan spermatozoası yalnızca yaklaşık 700 kopya içermektedir (Díez-Sánchez vd. 2003). Bu farklılık, mitokondriyal DNA'nın (mtDNA) maternal kalıtımının, mitokondriyal içerikteki cinsiyete özgü bir tutarsızlığa dayandığını göstermektedir (Wai

vd. 2010). Mitokondriyal DNA'nın maternal kalıtımda etkili olduğu bilinsede bazı türlerde paternal (baba) kalıtımda gösterdiği bildirilmiştir (Wai vd. 2010). İnsanlarda paternal kalıtımla ilgili şimdiye kadar iki vaka bildirilmiştir (Schwartz ve Vissing 2002; Luo vd. 2018; Vertika vd. 2020). Mitokondriyal kalıtımda paternal kalıtım eksikliği i) spermin mtDNA sayısının yumurta hücresine oranla oldukça düşük olması; ii) paternal mtDNA'nın ubiquitinasyon yoluyla elemine olması; iii) düşük frekanstaki babaya ait mtDNA allellerinin “darboğaz” etkisi gibi sebeplerden kaynaklandığı bildirilmiştir (Chinnery ve Hudson 2013).

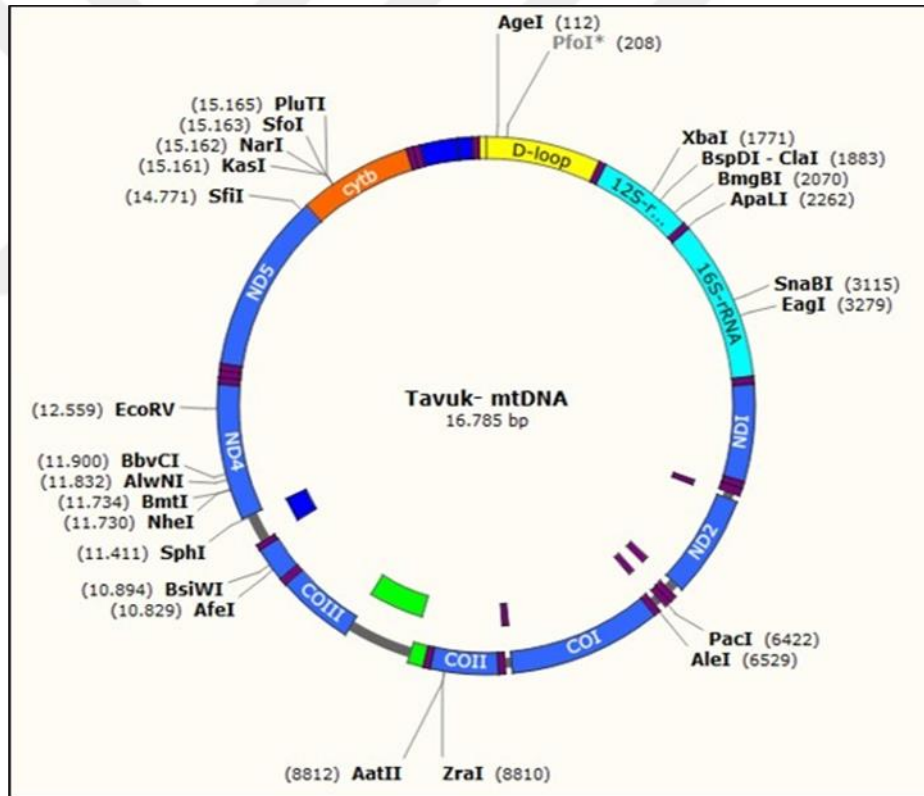
Farklı türlerde paternal mtDNA'nın kalıtımını önlemek için çeşitli mekanizmalar çalıştığı bildirilmiştir. *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*), embriyo hücrelerindeki paternal mtDNA'nın bozulmasının, lizozom kaynaklı otofajik yol ile meydana geldiği bildirilmiştir (El Rawi vd. 2011; Sato ve Şato 2011; Song vd. 2016). *C. elegans*'ta yapılan moleküler çalışmalar, döllenmeden iki saat sonra paternal mtDNA'nın hücreden çıkarıldığını ortaya koymuştur (Song vd. 2016). Bununla birlikte, lizozomal bozukluklara sahip hayvanlarda, paternal mitokondrinin geç embriyonik aşamalara kadar embriyonik hücrelerde görüldüğü gözlemlenmiştir. *C. elegans* sperminin mitokondrileri, otofagozomlar tarafından alınır ve ardından 16 hücreli embriyonik aşamada bozunur. Bu nedenle, *C. elegans*'ta lizozomal yolak, döllenme sırasında oositteki baba mitokondrinin yok edilmesinde önemli bir rol oynamaktadır (Song vd. 2016). Benzer şekilde yapılan bir çalışmada *Drosophila*'da döllenmeden sonra sperm mitokondriyal türevinin yok edilmesinin otofajik bir yol kullandığını göstermiştir (Politi vd. 2014).

Tavuklar yaklaşık 16.5 kb uzunluğunda, çift sarmal yapıda ve dairesel mitokondriyal genomu sahiptir (Breton vd. 2007). Mitokondriyal genom GC oranınca zengin olan ağır zincir (HS: Heavy strand) ve hafif zincir (LS: Light strand) olarak adlandırılan iki zincirden oluşmaktadır. Ayrıca tavukların mitokondriyal genomu, iki ribozomal RNA (rRNA) geni, 22 transfer RNA (tRNA) geni ve adenosin trifosfat (ATP) sentezi için elektron taşınmasında rol alan enzimlerin alt ünitelerini kodlayan 13 protein geninden oluşmaktadır (Şekil 2.10) (Sato ve Sato 2017). Mitokondriyal DNA histon proteinlerinden yoksun olması sebebiyle bir paketleme sistemine sahip olmadığından DNA'yı koruyucu bir mekanizma bulunmamaktadır. Bu durum ROS hasarına daha duyarlı olan mtDNA'nın nükleer genomu göre 15 kat daha fazla mutasyona uğrama potansiyelini ortaya koymaktadır (Babayev ve Seli 2015). Mitokondriyal DNA'da bulunan genler arasındaki diziler genellikle oldukça kısadır. Mitokondriyal DNA'da yapısal genlerden yoksun ancak replikasyon ve transkripsiyonu başlatan dizileri içeren ve zincir replikasyonun başlangıç bölgesi ile ilişkili herhangi bir enzim karşılığı olmayan bir kontrol bölgesi bulunmaktadır. Bu bölgeye mtDNA'nın D-Loop (Displacement Loop) (1500-1612 bp) bölgesi adı verilmektedir. Promotorlar ve ağır zincirin başlangıç orijini, D-Loop bölgesinin 5' ucuna yakın bulundukları için bu lokusun tamamına genel olarak D-Loop düzenleme bölgesi ya da kontrol bölgesi (control region) olarak adlandırılmaktadır (Shadel and Clayton 1997).

Tavuklarda D-Loop bölgesi; üç kısma ayrılmaktadır. Kontrol bölgesinin 5' ucundaki ilk bölge, sitozin amino asitince zengin bir bölge olan “C-stretch” ve “TAS” (Termination Associated Sequence) bölgelerini içermektedir. C-stretch bölgesi (5'ucu) kanatlılarda karakteristik bir bölge olarak tanımlanmıştır. Orta bölge, çeşitli yapısal bileşenlerin bulunduğu ve farklı kuş familyalarında bile karakterize edilebilen en konservatif bölge olarak bilinmektedir (Desjardins ve Morais 1993; Quinn ve Wilson

1993). Tavuklarda D-Loop bölgesinin “CSB1” (Conserved Sequence Block 1) ile başlayan 3’ ucundaki bölge genellikle en değişken bölgedir. Kanatlı türlerindeki mtDNA D-Loop dizi varyasyonlarının esas olarak bu bölgede gerçekleştiği ve bu bölgede duplikasyonlar bulunduğu bildirilmiştir (Desjardins ve Morais 1990). Mitokondriyal Transkripsiyon Faktörünün (mtTFA) CSB1 bölgesi ile ilişkili olduğu, transkripsiyon ve replikasyon gibi çeşitli süreçlerden sorumlu olduğu saptanmıştır. Üçüncü bölgenin geri kalan kısmının fonksiyonel işlemlere sahip olmadığı ve türler arası geniş insersiyon ve delesyonlar ile tür içi ardışık tekrarlar içerdiği bildirilmiştir (Kvist 2000).

Mitokondriyal DNA’nın kontrol bölgesi oldukça değişken bir yapıya sahip olup bireyler arasında bile varyasyon gösterebilmektedir. Bu bölge birçok durumda ardışık tekrarlar içermektedir. Bu özelliğinden dolayı türler, alt türler ve populasyonlar arasındaki filogenetik çalışmalarda kullanılmaktadır (Zhang ve Hewitt, 1997). Mitokondriyal DNA, nDNA’dan daha hızlı evrimleşmesine rağmen 12S rDNA (ribozomal DNA) oldukça korunmuştur ve şube ya da alt şube gibi yüksek taksonomik basamakların filogenilerinin oluşturulmasında etkin bir belirteç olarak kullanılmaktadır (Ballard 1992).



Şekil 2.12. Tavuk (*Gallus gallus*) mtDNA’sı

Mitokondriyal DNA üzerinde bulunan genlerin isimleri: cyt b – sitokrom b; COI, COII ve COIII – sitokrom oksidazın I, II ve III numaralı alt birimleri; ND1, ND2, ND3, ND4, ND5 – NADH redüktazın alt birimleri; ribozomal gen alt birimleri 12S ve 16S olarak gösterilmiştir.

Mitokondrinin oksidatif fosforilasyon sistemindeki beş protein kompleksinden biri olan kompleks III'ün oluşumunda rol alan dokuz proteinden en popüler olanı Sitokrom b (cytb)'dir. Mitokondri dış ya da iç membran bölgelerince bağlanan 8 transmembran bölge içermektedir. COI ve cytb gen bölgeleri solunum esnasındaki elektron iletimini sağlayan 16S rRNA ribozomun büyük alt birimi ve 12S rRNA, ribozomun küçük alt biriminin sentezinden sorumludur (Desjardins ve Morais 1990). Nikotinamit dinükleotid (ND) gen ailesi de NADH (Nicotinamide Adenine Dinucleotide Hydrogen) dehidrogenaz proteinlerinin üretilmesi için gerekli bilginin iletimini sağlamaktadır. Bu protein ailesi, oksidatif fosforilasyon için gerekli çeşitli enzim komplekslerinden birisi olan Kompleks I olarak da adlandırılan büyük bir enzimin bir parçasıdır. Bu enzim kompleksleri mitokondrinin zar kısmına konumlanmış ve burada oksijen ve basit şekerleri parçalayarak adenosin trifosfat (ATP) üretilmesini sağlarlar. Mitokondriyal enzim kompleksleri ATP üretimini sağlayan kimyasal reaksiyonları katalizlerler (Desjardins ve Morais 1990).

Tavuklarda mtDNA'nın kalıtımı insanlara benzer olarak maternal ve dolayısıyla klonal yolla gerçekleşmektedir (Birky 2001). Baba tarafından aktarılan spermatozoal mtDNA fertilizasyondan önce veya sonra yok olmaktadır (Xu 2005; White vd. 2008). Ayrıca dişi germ hattından iletilen mtDNA, bireysel çeşitliliği azaltan güçlü bir darboğaz etkisi yaratmaktadır (Shoubridge ve Wai 2007). Mitokondriyal DNA'nın anne soylardan aktarım mekanizması tavuk ırk ve hatlarının pedigree kaydı olmaksızın kökenlerinin araştırılmasına olanak sağlamaktadır (Avise vd. 1987).

2.4. Tavuklarda mtDNA Dizi Analizine Dayalı Filogenetik Çalışmalar

Macar yerli tavukların maternal kökenini araştırmak için mtDNA D-Loop dizi analizine dayalı yapılan bir çalışmada 9 ırk'a ait 74 yerli tavuk kullanılmıştır. 9 ırka ait 74 Macar yerli tavuğunun ve Genbanktan elde edilen sekans verileri kullanılarak yapılan analiz sonucunda 530 bp'lik D-Loop bölgesinde toplam 11 haplotip (HIC_1-HIC11) ve bu haplotipleri belirleyen 17 polimorfik bölge tespit edilmiştir. Popülasyonların nükleotid çeşitliliği (π) ve haplotip çeşitliliği (H_d) ise sırasıyla 0,626, 0,0049 olarak belirlenmiştir. NCBI GenBank veri tabanına göre yapılan araştırmada Macar yerli tavukların üç haplotipi (HIC3, HIC8 ve HIC9) ırk'a özgü bulunmuştur. Sonuç olarak Macar yerli tavuklarına ait olan haplotiplerin %86'sının muhtemelen Hint bölgesinden kaynaklanan referans sekansla ilişkili olduğunu, sekansların küçük kısmının ise muhtemelen Güney Doğu Asya, Çin ve Japonya'dan geldiğinin muhtemel olduğu bildirilmiştir (Revay vd. 2010).

Hindistan'a ait 4 farklı yerel tavuk popülasyonunun Kırmızı orman tavuğu ile genetik ilişkisinin saptanmasını amaçlayan çalışmada mtDNA D-Loop bölgesi filogenetik belirteç olarak kullanılmıştır (Bhuiyan vd. 2013). D-Loop'un 648 bp uzunluğundaki bölgesinde toplam 25 haplotip ve bu haplotipleri tanımlayan 39 polimorfik bölge tespit edilmiştir. Haplotip çeşitliliği ve nükleotid çeşitliliği ise sırasıyla $0,745 \pm 0,901$ ve $0,011 \pm 0,016$ bulunmuştur. AMOVA analizi sonucunda ise, toplam genetik çeşitliliğin %89,16'ının popülasyon içi varyasyondan kaynaklandığı ve çalışılan popülasyonlar arasında çok az genetik varyasyon olduğunu göstermiştir. Bangladeş yerli

tavuklarında yapılan network analizi sonucunda beş farklı haplogrup (A, D, E, F ve I) oluşmuştur. Tüm Bangladeş yerel tavuk popülasyonlarında bireyleri temsil eden haplogruplar D ve E olarak belirlenmiştir. Bu yerel ırkların maternal köken olarak Hint Yarımadası ve Güneydoğu Asya ülkelerinden, özellikle Güney Çin, Vietnam, Myanmar ve Tayland'dan geldiği kanısına varılmasını sağlamıştır. Ayrıca, Hindistan yerel tavuk popülasyonlarıyla Kırmızı orman tavuğunun alt türleri arasındaki filogenetik analiz sonucuna göre *Gallus gallus* ve *Gallus spadiceus* tüm haplogruplarda ortak olarak paylaştı ve *Gallus gallus*'dan daha büyük bir etkiye sahip olduğu bildirilmiştir. Bu sonuçlar doğrultusunda, Hindistan yerel tavukların genetik varyasyonunun hala yeterince büyük olduğu ve bu çeşitliliğin birden fazla maternal soydan kaynaklandığı bildirilmiştir (Bhuiyan vd. 2013).

Avrupa bölgesinde örneklenen tavuk ırklarında maternal kalıtımın modellenmesi için yapılan bir çalışmada; Asya, Orta Asya, Kırmızı Orman Tavuğu, Akdeniz, Kuzeybatı Avrupa, Doğu Avrupa bölgelerine ait 55 ırkta toplam 1256 bireyin mtDNA D-Loop bölgesinin 455 bp'lik bir parçası analiz edilmiştir. Asya, Orta Asya, Kırmızı Orman Tavuğu, Akdeniz, Kuzeybatı Avrupa ve Doğu Avrupa bölgelerine ait tavuklardan elde edilen Haplotip ve Nükleotid çeşitliliği sırasıyla, 0.761 ± 0.076 , 0.0104 ± 0.0040 ; 0.670 ± 0.067 , 0.0062 ± 0.0032 ; 0.578 ± 0.107 , 0.0051 ± 0.0033 ; 0.561 ± 0.091 , 0.0030 ± 0.0017 ; 0.472 ± 0.058 , 0.0041 ± 0.0019 ; 0.442 ± 0.120 , 0.0030 ± 0.0009 olarak tespit edilmiştir. Yapılan haplotip ağ analizi sonucunda elde edilen haplotipler 5 haplogrup'a ayrılmıştır (Hap A-Hap E). Bunların içerisinde Haplogrup E, incelenen tüm tavuk popülasyonları içerisinde en yaygın haplogrup olarak bulunmuştur. Bu çalışmanın sonuçlarını göre, Avrupa'daki evcil tavukların haplogrup dağılımı ile ilgili önceki yapılan mtDNA çalışmalarından elde edilen bulgular doğrulanmıştır. Haplogrup E'yi Hint, Orta Doğu ve Avrupalı tavuklar arasında baskın ırklar olarak bildirilmiştir (Lyimo vd. 2015).

Türkiye ve İran kökenli yerli tavuk ırklarının genetik çeşitliliğini ve maternal kökenini değerlendirmek için yapılan çalışmada Türk ve İran yerli tavuk popülasyonlarında toplam 24 polimorfik bölgeyi temsil eden 19 haplotip gözlenmiş ve yerli tavuklardaki haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla; 0.36 ± 0.02 , 0.0007 ; 0.36 ± 0.02 , 0.0021 olarak bulunmuştur. Türkiye ve İran tavuklarında iki farklı haplogrup (A ve E) bulunmuştur. Oldukça yaygın olan haplogrup E'ye ait olan haplotip 1 (TRIRE1) olmak üzere 18 farklı haplotipli Türkiye ve İran tavuk popülasyonlarında majör haplotip olarak gözlenmiştir. Sonuç olarak, Türkiye ve İran tavuk popülasyonları mtDNA D-Loop bölgesinde düşük derecede polimorfizm göstermiştir. Kırmızı orman tavuğu ile karşılaştırıldığında, Türk ve İran tavuk ırkları birbirleriyle yakından ilişkili bulunmuş ve genetik benzerliğin tarihsel kayıtlarla açıklanabileceği bildirilmiştir (Crawford 1990; 1995). Araştırma sonucuna göre, Türk ve İran tavuk popülasyonlarının büyük bir kısmının Hindistan'ın alt kıtasından gelmiş olabileceği bildirilmiştir (Meydan 2016).

Rusya yerli tavuk ırklarında maternal kalıtımı araştırmak için mtDNA D-Loop dizisine dayalı yapılan bir çalışmada altı farklı tavuk ırkına ait 86 bireyde genetik karakterizasyon yapılmıştır (Dyomin vd. 2017). Yapılan çalışmada D-Loop (1231-132 bp) bölgesinde ırkları tanımlayan 22 haplotip belirlenmiş ve bu haplotipleri temsil eden 35 polimorfik bölge tespit edilmiştir. En yüksek haplotip çeşitliliği 0.833 ± 0.098 ve en düşük 0.561 ± 0.154 tespit edilmiştir. Analize diğer Avrupa, Asya ve Rusyanın çeşitli bölgelerinden elde edilen tavuk fosil örneklerinde elde edilemeyen mtDNA örneklerinin de dahil edildiği analiz sonucu çeşitli haplogruplar oluşturulmuştur. Bu haplogrupların

içerisinde en geniş haplotip çeşitliliğini yansıtan ve fosil örneklerinin de kapsayan grup E1 olarak tespit edilmiştir. E1 dışında kalan tüm haplotiplerin Doğu Avrupa tavuk gen havuzuna yakın zamanda dahil olduğunu ispatlamaktadır (Dyomin vd. 2017).

Pavlov ırkında yapılan bir çalışmada ise Rusya'nın üç bölgesine ait olan toplam 37 tavukta mtDNA D-Loop dizi analizi yapılmıştır. 1231/1232 bp uzunluğuna sahip mtDNA D-Loop bölgesinde 22 polimorfik bölge bulunmuştur. Pavlov popülasyonlarında haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla; 0,8, 0,005; 0,399, 0,00077; 0,72, 0,0009 bulunmuştur. Pavlov ırkının diğer ırklarla karşılaştırılması için toplam 117 D-Loop sekansı kullanılmış ve bunlardan 80 haplotip 11 haplogrup oluşturmuştur. Pavlov tavuk ırkı bu haplogruplardan, yaygın olarak E1 ve A haplogruplarına tanımlanmıştır. İki yaygın haplogrup oluşturan haplotip varyantları E1 ve A olarak bildirilmiştir. Aynı zamanda, E1 haplogrubunun haplotipleri, Pavlov ırkının temsilcileri için yaygındır. Son verilere göre E1 haplogrup'u içerisinde yer alan tavuklar Avrupa'ya ilk giren tavukların soyundan geldiği bildirilmiştir (Storey vd. 2012; Girdland vd. 2014). Bu, Pavlov ırkının dayandığı ata popülasyonlarının Avrupa kökenli olabileceğini göstermektedir (Demin vd. 2017).

Lueyang black-bone tavuk ırkında mtDNA D-Loop bölgesine dayalı yapılan analizde 10 haplotip (LY1-LY10) tespit edilmiştir. Bu haplotiplere göre, Lueyang black-bone tavukları için NJ yöntemleri kullanılarak filogenetik bir ağaç oluşturuldu ve bundan, Lueyang black-bone tavuğunun 10 haplotipi üç büyük farklı dalda kümelendiği tespit edilmiştir. Filogenetik analiz sonucunda ise, *Gallus gallus domestica*'nın gri orman tavuğu (*Gallus sonneratii*) veya yeşil orman tavuğu (*Gallus varius*) ile genetik bir ilişkisi olmadığını gösterilmiştir. Hint tavuk ırklarının Seylan orman tavuğu (*Gallus lafayetii*) ile yakın bir ilişkisi olduğu belirtilmektedir. Lueyang black-bone tavuk, sırasıyla Dongan black tavuğu, Taoyuan tavuğu ve Silky tavuğunu temsil eden HU1, HU4, JA3 haplogrupları ile kümelenebilir. Sonuçlar, Lueyang black-bone tavuğun, diğer siyah kemikli tavuklarla yakın genetik ilişkisi olan siyah tavuk ailesinin önemli bir üyesi olduğunu göstermiştir (Zhang vd. 2018).

Çin'e ait 5 yerli tavuk ırkında maternal kökenini ve filogenetik ilişkisini tespit etmek için 149 tavukta mtDNA D-Loop dizi analizi kullanılarak analiz yapılmıştır. Analiz sonucunda 1231 ± 1232 bp uzunluğuna sahip D-Loop sekansında (859 bp) 9 haplotip ve bu haplotipleri tanımlayan toplam 33 polimorfik bölge tanımlanmıştır. Ortalama haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla 0,862 ± 0,017 ve 0,00591 ± 0,00135 olarak bulunmuştur. Filogenetik analiz, Jiangsu tavuklarının mtDNA haplotiplerinin genetik yapısının 5 haplogrup'a (Hap A, Hap B, Hap C, Hap D, Hap E) dağıldığını göstermiştir. Bununla birlikte, bu çalışmada karakterize edilen bireylerin çoğu haplogrup A'ya ait olduğu tespit edilmiştir. Popülasyonlar arası genetik uzaklık değerleri 0,0045 ile 0,0083 arasında değişkenlik göstermiştir. Araştırma sonucunda ise Çin yerel tavuk popülasyonlarının düşük nükleotid ve haplotip çeşitliliğine sahip olduğunu ve muhtemelen ortak olarak farklı 5 ırkta maternal kalıtım paylaştığını göstermiştir (Jia vd. 2018).

Islam vd. (2019)'un yapmış olduğu bir çalışmada Hindistan yerli 5 tavuk ırkına ait toplam 60 bireyde mtDNA D-Loop dizi analizine dayalı genetik çeşitlilik ve maternal köken araştırılmıştır. Hindistan yerli tavuk ırklarında elde edilen 1232 bp uzunluğundaki D-Loop sekansı ile Çin, Hindistan, Laos, Endonezya, Myanmar ve diğer Avrasya bölgelerindeki farklı evcil tavuk ırklarını temsil eden 61 referans dizi dahil edilerek analiz

yapılmıştır. Hindistan yerli tavuklarına ait 60 mtDNA D-Loop sekansında toplam 21 haplotip ve bu haplotipleri temsil eden 35 polimorfik bölge tespit edilmiştir. Hindistan yerli tavuklarına ait beş popülasyonda haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla $0,921 \pm 0,018$ ve $0,0061 \pm 0,0019$ olarak tespit edilmiştir. Hem mtDNA haplotip ağ hem de filogenetik analiz sonucunda, 61 referans haplotip ile birlikte Hindistan popülasyonlarına ait 21 haplotipte dört haplogrup (Haplo C, Haplo D, Haplo E, Haplo F) elde edilmiştir. Bu haplogruplar içerisinde, Hindistan tavuk ırklarında en çok birey haplogrupE’de gözlemlenmiştir. Araştırma sonucunda Çin’e ait referans sekanslar ile Hindistan yerel tavuklarında yüksek sayıda benzersiz haplotip tespit edilmiştir. Hindistan yerel tavuklarının Çin, Myanmar ve Laos bölgelerine ait referans diziler ile yakın bir ilişkisinin olduğunu ve Hindistan yerel tavuklarının bu coğrafyadan yayıldığını bildirmişlerdir. Farklı haplogruplardan alınan haplotipler, filogenetik ağaç yapıları ve filogenetik bilgiler doğrultusunda Hindistan yerel tavuk ırklarının yüksek genetik çeşitliliğini ortaya koymuş ve maternal olarak Hindistan, Çin, Myanmar ve Laos’tan köken aldığı tespit edilmiştir (Islam vd. 2019).

Hata vd. (2020)’nin yapmış olduğu çalışmada, 38 adet Japon yerli tavuk ırkında mtDNA D-Loop bölgesine dayalı analiz yapılmıştır. Yapılan analizde farklı coğrafyalardan yedi tavuk ırkı da dahil edilmiş ve tavuk ırklarında toplam 37 haplotip tanımlanmış olup ortalama haplotip ve ortalama nükleotid çeşitliliği sırasıyla $2,992-0,007$ olarak tespit edilmiştir. Daha önce yapılan çalışmalarda Japon yerli ırklarında A, B, C, D ve E olmak üzere toplam beş haplogrup belirlenmiştir (Liu vd. 2006; Miao vd. 2013). En sık gözlenen haplotipler ise, A01 ve A05 olarak tespit edilmiş ve sırasıyla 16 ırkta 100 bireyde; 12 ırkta 107 bireyde gözlenmiştir. Analizde kullanılan bireyler 3 coğrafi konumdan 7527 sekans, dokuz haplogruba (A, B, C, D, E, F, G, H / I / K ve WZ) ve dokuz haplogrubun frekanslarına sınıflandırılmıştır. Sınıflandırılan küresel bölgeler ise: Japonya, Doğu Asya, Çin ve Güney Kore, Güneydoğu Asya, Güney Asya, Batı ve Orta Asya, Avrupa, Afrika, Kuzey Amerika ve Güney Amerika. Doğu Asya, dokuz haplogrubun tümünü sergilemiş ve A, B ve E haplogrupları en büyük haplogrup olarak belirlenmiştir ancak B ve D haplogrupları en sık görülen birinci ve ikinci haplogrup olarak bildirilmiştir (Hata vd. 2020).

Batı Cezayir’in beş agro-ekolojik bölgesinden evcil tavuğun genetik çeşitliliğini ve maternal kökenini değerlendirmek için mtDNA D-Loop dizi analizi yapılmıştır. 397 bç Dloop dizisinden, Cezayir evcil tavuklarında 13 haplotipi tanımlayan 20 polimorfik bölge belirlenmiştir. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla 0.597 ve 0.003 olarak tespit edilmiştir. Filogenetik ve haplotip ağ analizleri, iki haplogrubun (A ve E) varlığını göstermiştir. Yalnızca bir haplotip haplogrupA gözlemlenirken, haplogrupunE’ye dahil on iki farklı haplotip neredeyse tüm Cezayir yerli tavuklarında bulunmuştur. Bu bulgular, Cezayir yerli tavuklarının köken olarak Hindistan alt kıtasında bulunan en yaygın haplogruptan türediğini ortaya koymuştur. Sonuç olarak, Kuzey-Batı Afrika tavuğunun kökeni ve ilk tavuk popülasyonlarının Afrika kıtasından köken aldığına dair kanıtlar sunduğu bildirilmiştir (Boudali vd. 2020).

Jia vd. (2020)’nin yapmış olduğu çalışmada, mitokondriyal genomu karakterize etmek ve Tibet tavuğunun filogenetik evrimini araştırmayı amaçlanmıştır. Çalışmada 40 adet Tibet tavuğunda mtDNA dizi analizi yapılmıştır. Elde edilen D-Loop sekans uzunluğu 1231 ± 1232 bç olarak tespit edilmiş ve 859 bç’de sadece 2 adet sekansta sitozin nükleotinde mutasyon gözlenmiştir. Mitogenom ise uzunluğu 16.785 bç olarak tespit

edilmiş ve 22 transfer RNA (tRNA) geni, iki ribozomal RNA (rRNA) geni, 13 protein kodlayan gen ve bir kodlamayan kontrol bölgesi (CR) içermektedir. Elde edilen D-Loop sekansı GenBank'ta mevcut olan Kırmızı Orman tavuğu mtDNA'sı ile analiz edilmiştir. Analiz sonucunda, 17 polimorfik bölge ve 4 haplotip (Hap1-Hap4) tespit edilmiş olup dört haplotip, daha önce yayınlanan üç sınıfa, yani HaplogrupA, HaplogrupB ve Haplogrup E'ye ait olduğu tespit edilmiştir. Tibet tavuğu popülasyonunun yarısında fazlası Haplogrup B'nin içerisinde bulunmuştur. D-Loop sekans verilerine göre, ortalama haplotip çeşitliliği ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla $0,658 \pm 0,065$ ve $0,00442 \pm 0,00094$ olarak bulunmuştur. Tibet tavuk popülasyonlarında tespit edilen nükleotid ve haplotip çeşitliliği düşük mitokondriyal genetik çeşitliliğin bir göstergesi olduğunu ifade etmektedir. Bu sonuçlar, Tibet tavuğu germplazmasının ex situ korunmasını ve daha fazla birey toplanarak, birden çok bölgeden uygun bir örnekleme yöntemi ile gerçekleştirilmesi gerektiğini göstermektedir (Jia vd. 2020).



3. MATERİYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.2. Sultan ırkı tavuk ve horozlarından tüy örneklerinin toplanması

Projenin hayvan materyali Türkiye'nin farklı lokasyonlarındaki Türkiye Sür Tavukları ve Bahçe Hayvanları Federasyonu'na (TSHF) kayıtlı yetiştirici sürülerinden sağlanmıştır. Örnekleme yapılan lokasyonlar Çizelge 3.1'de verilmiştir. Sultan tavuğuna ait mtDNA izolasyonu için gerekli olan tüy örnekleri, Amerikan Kanatlı Derneği (APA) ve Avrupa Sür Tavukları ve Bahçe Hayvanları Konfederasyonu (EE) tarafından belirlenen Sultan ırk standartlarına uygun özellikteki, minimum 1000-1500 gr canlı ağırlığa sahip tavuk ve horozlardan alınmıştır. Toplam 30 bireyden (12 erkek, 18 dişi) alınan tüy örnekleri 50 ml'lik steril falkon tüplerine tüylerin kalamus kısmı aşağı bakacak şekilde yerleştirilerek mtDNA izolasyonu aşamasına kadar -20°C' de muhafaza edilmiştir.

Çizelge 3.1. DNA dizilemesi yapılacak örneklerin lokasyonları ve örnekleme sayıları

Lokasyon	Örnekleme Yapılacak Kümeslerin Kayıtlı Olduğu Dernek/Club	Örnekleme Yapılacak Hayvan Sayısı	Koordinat
Bilecik/Gölpazarı	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	3 (2♀- 1♂)	40°16'45.6"N 30°19'47.9"E
Bursa/Yıldırım	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	4 (2♀- 2♂)	40°11'59.0"N 29°06'47.0"E
Adapazarı/Hendek/ Uzunca Orman Köyü	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	5 (3♀- 2♂)	40°46'10.8"N 30°39'55.2"E
Manisa/Şehzadeler	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	5 (3♀- 2♂)	38°37'08.1"N 27°24'36.5"E
Düzce/Çilimli/Esenli Köyü	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	3 (2♀- 1♂)	40°52'30.0"N 31°06'10.2"E
Antalya/Kepez	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	4 (2♀- 2♂)	36°54'24.5"N 30°45'10.5"E
Bolu/Merkez	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	3 (2♀- 1♂)	40°43'45.8"N 31°36'06.4"E

Çizelge 3.1.'in Devamı

İzmir/Menemen	TSHF üyesi olan Sultan Tavukları Kulübü (STKD)'ne kayıtlı yetiştirici kümeslerinden	3 (2♀- 1♂)	38°33'58.5"N 27°04'33.5"E
---------------	---	------------	------------------------------

3.1.3. Araç ve gereçler

Bu tez çalışması Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Hayvansal Biyoteknoloji Bilim Dalı'na ait Hayvansal Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir. Mitokondriyal DNA, Sultan tavuğundan toplanan tüyler kullanılarak izole edilmiştir. Araştırmada Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), Agaroz jel elektroforezi, UV görüntüleme, Jel pürifikasyonu ve ihtiyaç duyulan tampon ve bileşiklerin tamamı hayvansal biyoteknoloji laboratuvarında yapılmıştır. Elde edilen saflaştırılmış PCR ürünleri NGS (Next Generation Sequencing) dizileme işlemleri için hizmet alımı (Sentebiolab, Türkiye) şeklinde gerçekleştirilmiştir. Sekanslama sonuçları ise Mega X, DNAsp ve R programlarıyla incelenerek analize hazır hale getirilmiştir. Araştırmada kullanılan laboratuvar ekipmanları ise Çizelge 3.2' de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Araştırmada kullanılan ekipmanlar

Mevcut Altyapı/Ekipman Türü, Modeli	Mevcut Olduğu Kurum/Kuruluş	Kullanım Amacı
Soğutmalı Santrifüj (Hettich 320E)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	DNA izolasyonu ve PCR aşamalarında örneklerin ısıcağa hassas örneklerin bozulmadan santrifüj edilerek çöktürülmesi
Mini Santrifüj (Hettich-Micro 120)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	DNA izolasyonu ve PCR aşamalarında örneklerin kısa süreli santrifüj edilerek çöktürülmesi
Tissue Lyser (Qiagen)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Dokuların parçalanması ve DNA – RNA ekstraksiyonu
-20 °C derin dondurucu	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Örnek ve çeşitli sarf malzemelerin saklanması
Prima-TRIO™	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	PCR ile lokusların çoğaltılması

Çizelge 3.2.'in Devamı

Jel görüntüleme (GEN-BOX)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	DNA izolasyonu, PCR ürünleri ile lokusların jelde görüntülenmesi ve bilgisayar ortamına aktarılması
Otoklav (50 L, TOMY-SX500E)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Kullanılan malzemelerin sterilizasyonu
Hassas terazi (DESI-TM600)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Tampon çözeltilerin hazırlanmasında sarf malzemelerin tartılması
Yatay elektroforez sistemi (BioRad)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin tespit edilmesi, restriksiyon sonucu elde edilen bant modellerinin jelde belirlenmesi
Elektroforez güç kaynağı	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Elektroforez işlemi için gerekli kesintisiz düzenli elektrik akımının sağlanması
Manyetik karıştırıcı (MTOPS-M300)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Tampon çözeltilerin hazırlanması
Vorteks	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonu
Otomatik pipet seti (Eppendorf)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Mikro seviyede sıvı karışımların hazırlanması
Mikro dalga fırın (ARÇELİK)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Çözeltilerin hazırlanması ve jel hazırlama

Çizelge 3.2.'in Devamı

pH metre (HANNA-PH211)	Akdeniz Ün. Ziraat Fak. Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Laboratuvarları	Tampon çözeltilerin hazırlanması için gerekli pH 'nın belirlenmesi
------------------------	---	--

3.2. Metot

Tez kapsamında hazırlanan çözeltiler ve uygulanan metotlar alt başlıklar halinde aşağıda sıralanmıştır.

3.2.1. Tampon ve solüsyonların hazırlanması

Analize başlamadan önce laboratuvar şartlarında gerekli olan tampon ve kimyasallar steril bir şekilde hazırlanmıştır. Çalışma süresince kontaminasyon ve her türlü kirliliği önlemek için bütün aşamalar eldiven giyilerek yapılmıştır.

TAE (Tris Asetat EDTA) Tamponun 1X Olarak Hazırlanması: Moleküler biyolojide, genel olarak büyük fragmentlerde DNA ve RNA gibi nükleik asitlerin ayrılması için agaroz jel elektroforezinde tampon olarak TAE kullanılmaktadır. Analize başlamadan 50X stok solüsyonu 1X'e seyreltilmiştir. Bu işlem için 500 ml olarak hazırlanan tamponun 1X konsantrasyonda olacak şekilde; 50X'lik konsantre stoktan 10 ml alınarak üzeri 500 ml ddH₂O ile tamamlanmıştır.

%1'lik Agaroz Jel Hazırlanması: Elektroforez jel kaseti, her test uygulamasından önce ddH₂O ile yıkanarak iyice temizlenmiştir. Moleküler biyoloji çalışmalarında büyük moleküllerin ayrıştırılması için kullanılan agarozun miktarı yapılan çalışmada elde edilen fragmentin büyüklüğü ve jel elektroforezinde uygun zaman ve voltaj büyüklüğü kadar çeşitli parametrelerce kontrol edilmektedir. Yaptığımız araştırmada kullandığımız agaroz yoğunluğu %1 olarak ayarlanmıştır; 100 ml 1X TAE tamponu içerisine hassas terazide 1 gr agaroz tartılarak TAE tamponu içerisinde homojen oluncaya kadar karıştırıldıktan sonra mikrodalga fırınında kaynatıncaya kadar ısıtılır daha sonra soğuması için bekletilmiştir. Yeterince soğuduktan (50°C) sonra içerisine 10 µl SYBR Safe-Green eklenerek ve iyice karıştırılmıştır. SYBR Safe-Green homojen bir şekilde agaroz jele karıştırıldıktan sonra elektroforezin jel kasetine dökülerek donması beklenmiştir.

3.2.2. Toplanan tüy örneklerinin parçalanması

Farklı lokasyonlardan Bilecik/Gölpazarı, Bursa/Yıldırım, Adapazarı/Hendek/Uzunca Orman Köyü, Manisa/Şehzadeler, Düzce/Çilimli/Esenli Köyü, Antalya/Kepez, Bolu/Merkez ve İzmir/Menemen illerinde toplanan ve laboratuvara getirilen tüy örnekleri %70'lik etanol ile birkaç defa yıkanarak sterilize edildikten sonra DNA izolasyon kitinde belirtilen şekilde tüyler 1 mm büyüklüğünde olacak şekilde bistüri yardımı ile parçalanmıştır (Şekil 3.2).



Şekil 3.1. Tüy örneklerinin laboratuvar şartlarında parçalanması

Tüy örnekleri parçalama işlemi yapılmadan önce uygulama yapılacak alan ve kullanılan bistüri, cımbız ve cam kesme tahtasının her iki tarafı %70'lik etanol ile sterilizasyon işlemine tabi tutulmuştur. Farklı bireylere ait örnekler arası geçişlerde sterilizasyon aşaması tekrarlanmıştır. Tüy örnekleri steril cam kesme standı üzerine alınarak kalamus kısımları kılcal tüylerden ayrılmıştır. Daha sonra bistüri yardımıyla tüyün shaft kısmından yukarıdan aşağı doğru doğrusal bir kesik atılarak tüyün eşit iki parçaya ayrılması sağlanmıştır. Eşit bir biçimde ayrılan tüy 0,1-1 mm olacak şekilde kesilip mikrosantrifüj tüplerine alınarak madde miktarı 50 ± 5 mg olacak şekilde hassas terazide tartılarak hazırlanmıştır.

3.2.3. Tüyden mtDNA izolasyonu

Mitokondriyal DNA izolasyonu için hazırlanan tüy örnekleri, QIAamp DNA Investigator Kit (50) (katolog no: 56504 ve LOT no: 166034458) protokolüne göre yapılmıştır. Mitokondriyal DNA izolasyonuna başlamadan önce, tüm santrifüj basamaklarının oda sıcaklığında ($14-25^{\circ}\text{C}$) gerçekleştirilmesine dikkat edilmiştir. Tampon ATE' yi veya ddH₂O 'yu elüsyon için oda sıcaklığına ($15-25^{\circ}\text{C}$) dengelenmiştir. Termomikser veya ısıtılmış orbital inkübatörü 56°C 'ye ve ileride kullanmak için ikinci bir termomikser veya ısıtılmış orbital inkübatörü 70°C 'ye ayarlanmıştır. AL Tamponu veya ATL Tamponu çökeltiler içeriyorsa, hafifçe çalkalayarak 70°C 'ye ısıtarak çözünmüştür. Sulu bir 1M DTT (ditiyotreititol) stok solüsyonu hazırlanmıştır. 19 ml AW1 konsantresini içeren şişeye 25 ml etanol (%96–100) eklenmiştir. Etanolün eklendiğini belirtmek için şişe etiketindeki onay kutusu işaretlenmiştir.

50 mg'lık parçalanmış tüy örnekleri 1,5 ml'lik bir mikrosantrifüj tüpüne aktararak üzerine 300 µl Tampon ATL, 20 µl proteinaz K ve 20 µl 1 M DTT eklenmiş ve 10 saniye boyunca vorteksleyerek karıştırılmıştır. Karıştırma işleminden sonra örnekleri içeren tüp bir termomiksere yerleştirilmiş ve tüy örneklerinin liziz durumu kontrol edilerek en az 1 saat 900 rpm'de çalkalayarak 56°C'de inkübe edilmiştir. Çalkalama sırasında 1.5 ml' lik santrifüj tüpünün kapağına bulaşan damlaları gidermek için kısa süreli bir santrifüj yapılmıştır. Santrifüj işleminden sonra tüpün içerisine 300 µl AL Tamponu eklenmiş ve AL tamponunun madde ile iyice karıştırılması için 10 saniye kuvvetli vorteks işlemi yapılmıştır. İyice karışan örnekleri içeren 1.5 ml' lik tüp termomikser'e yerleştirilmiş ve 10 dakika 900 rpm'de çalkalayarak 70°C'de inkübe edilmiştir. Kapaktaki damlaları gidermek için 1,5 ml'lik tüp kısa süre santrifüjlenmiştir. Daha sonra örnek içerisine 150 µl etanol (%96–100) eklenerek 15 saniye boyunca vortekslenmiştir. Kapaktaki damlaları gidermek için 1,5 ml'lik tüp kısa süre santrifüjlenmiştir. Santrifüj işleminden sonra oluşan süpernatant'ı QIAamp MinElute kolonunun Jantını ıslatmadan dikkatlice aktarılmıştır. QIAamp MinElute kolonu 6000 xg'de (8000 rpm) 1 dakika santrifüjlenmiştir. QIAamp MinElute kolonu temiz bir 2 ml toplama tüpüne yerleştirilmiş ve akışı içeren toplama tüpünü atılmıştır. QIAamp MinElute kolonunun üzerine dikkatli bir şekilde 500 µl AW1 tamponu eklenerek 6000 xg'de (8000 rpm) 1 dakika santrifüjlenmiştir. QIAamp MinElute kolonunu temiz 2 ml'lik bir toplama tüpüne yerleştirilmiş ve akışı içeren toplama tüpünü atılmıştır. QIAamp MinElute kolonunun üzerine dikkatli bir şekilde 700 µl AW2 tamponu eklenerek 6000 xg'de (8000 rpm) 1 dakika santrifüjlenmiştir. Santrifüj işleminden hemen sonra QIAamp MinElute kolonu temiz bir 2 ml toplama tüpüne yerleştirilmiş ve akışı içeren toplama tüpü atılmıştır. QIAamp MinElute kolonunun üzerine dikkatli bir şekilde 700 µl etanol (%96–100) eklenerek 6000 xg'de (8000 rpm) 1 dakika santrifüjlenmiştir. QIAamp MinElute kolonu temiz bir 2 ml toplama tüpüne yerleştirilmiş ve akışı içeren toplama tüpü atılmıştır. QIAamp MinElute kolonunun membranını tamamen kurutmak için 3 dakika boyunca tam hızda (20.000 xg; 14.000 rpm) santrifüj işlemi yapılmıştır. QIAamp MinElute kolonunu temiz bir 1,5 ml mikrosantrifüj tüpüne yerleştirilmiş ve akışı içeren toplama tüpü atılmıştır. QIAamp MinElute kolonunun kapağı dikkatlice açılmış ve oda sıcaklığında (15–25°C) 10 dakika inkübe edilmiştir. QIAamp MinElute kolonunun membran merkezine dikkatli bir biçimde 20–50 µl ATE tamponu uygulanmıştır. 1.5 ml'lik santrifüj tüp oda sıcaklığında 1 dakika inkübe edilmiş ve 1 dakika boyunca tam hızda (20.000 x g; 14.000 rpm) santrifüjlenmiştir. Elde edilen DNA kullanılmak üzere +4°C'ye kaldırılmıştır.

3.2.4. Primerlerin tasarlanması ve hazırlanması

1. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesine spesifik primerler çiftlerinin tasarımı ve oluşabilecek olası dimer, saç tokası, bağlanma sıcaklıklarının uyumları gibi önemli hususlar NB Calculator, Primer3Plus, Oligo Evaluator, Amplify4 gibi yazılımlar kullanılarak kontrol edilmiştir.
2. Tasarlanan primer çiftleri 50 nmol OPC saflıkta hizmet alımı (Sentebiolab) şeklinde sentezletilmiştir.
3. PCR'da kullanılacak primerlerin seyreltilmesi gerekmektedir. Bu amaçla öncelikle, kullanılacak primerler +4°C den çıkarılarak 10 saniye santrifüj edilmiştir.

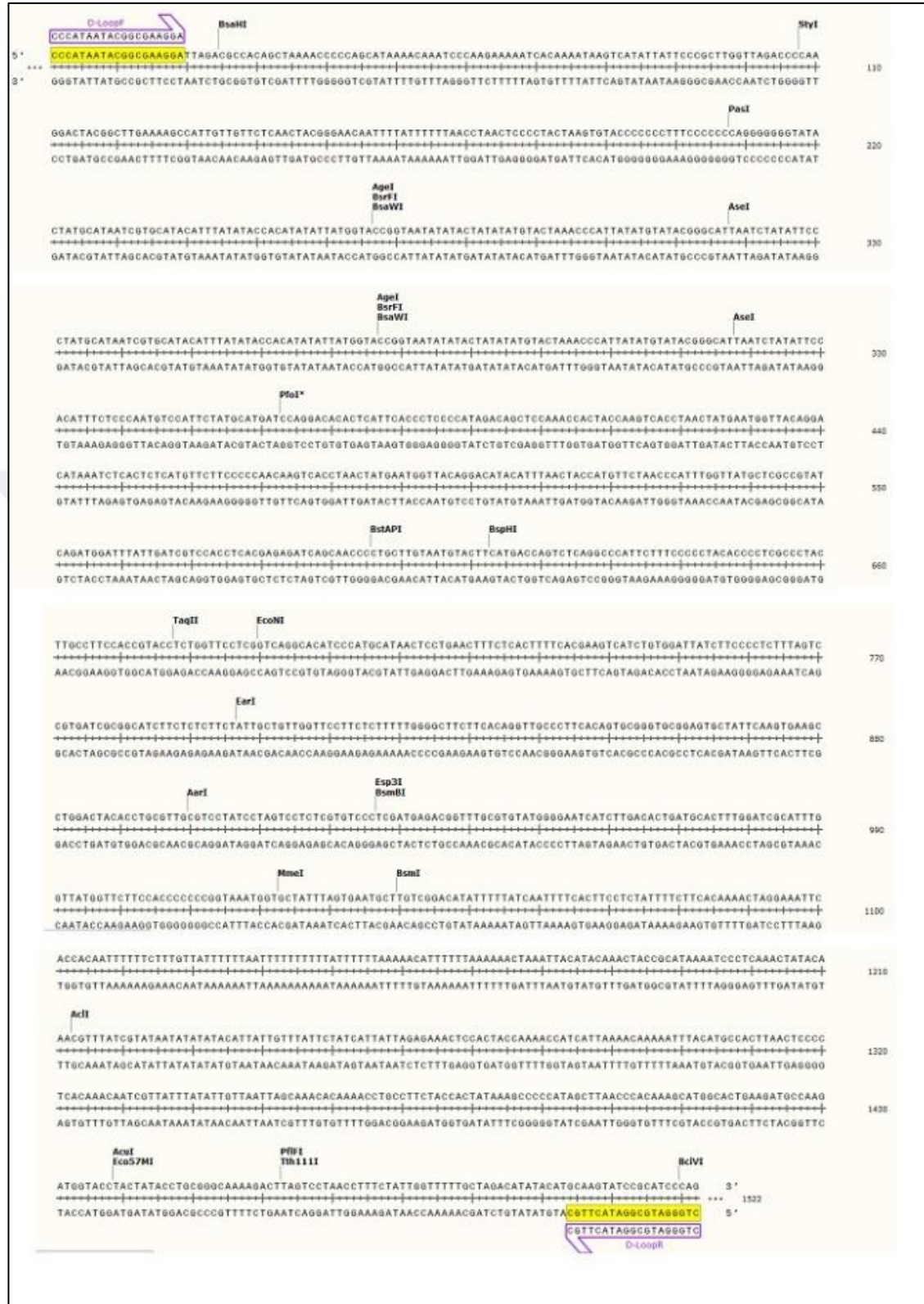
4. İleri ve geri olmak üzere sentezlenen primerler kullanım talimatında belirtilen miktarlara göre saf su eklenerek seyreltilmiştir.
5. Seyreltilen primerler vortekslenip ardından santrifüj edilmiştir.
6. 10 µM derişim için ana stoktan 10 µl alınarak 90 µl saf su eklenmiştir. Ardından vortekslenip santrifüj edildikten sonra -20°C’de muhafaza edilmiştir.

3.2.5. D-Loop bölgesinin in-vitro çoğaltılması

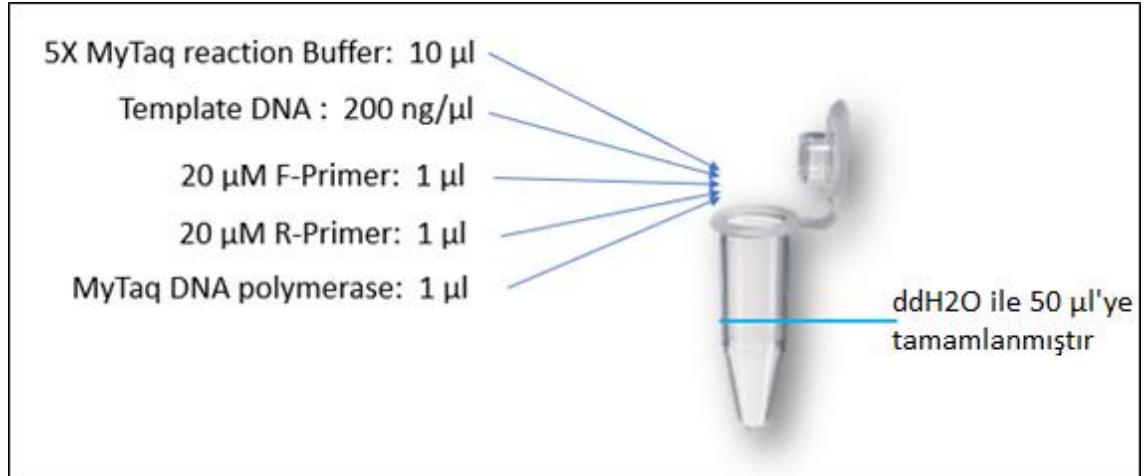
Sultan tavuk ve horozlarının mtDNA D-Loop bölgesinin çoğaltılabilmesi için tavuk mtDNA D-Loop bölgesine spesifik primerler çeşitli programlar aracılığı ile tasarlanmıştır. (Çizelge 3.3). PCR bileşenleri ve yoğunlukları kullanılan MyTaq™ (Katalog No: BIO-21105) DNA Polimeraz enziminin kullanım talimatına göre belirlenmiştir (Şekil 3.3). Primerin D-Loop üzerinde bağlanma bölgeleri Şekil 3.2’ de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesi için kullanılan primerlere ait bilgiler

Primerler	Primer Dizileri (5’- 3’)	Baz	Lokasyonu	Uzunluğu
D-LoopF	5’- CCCATAATACGGCGAAGGA-3’	19 bç	16632-1368	1522 bç
D-LoopR	5’- CTGGGATGCGGATACTTGC-3’	19 bç		

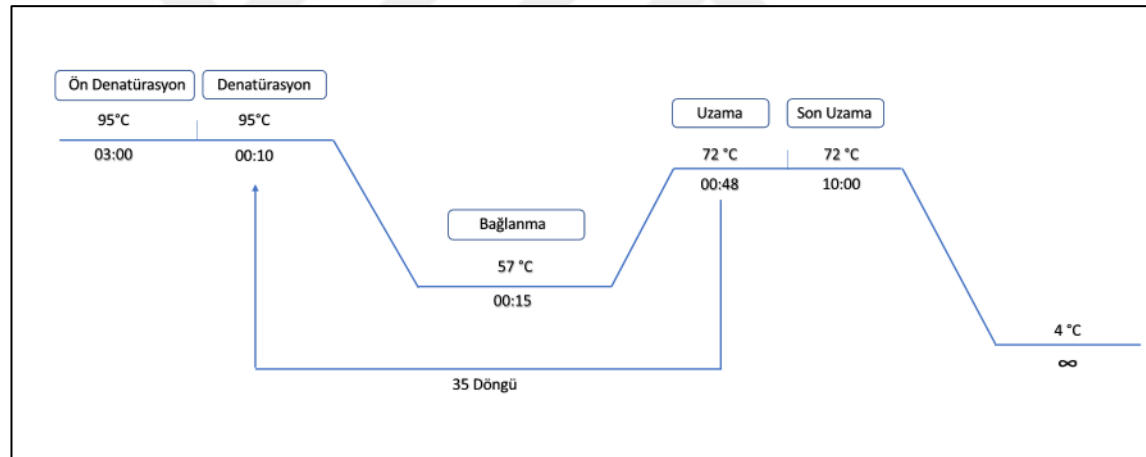


Şekil 3.2. İleri ve geri primer çiftinin mtDNA D-Loop sekansı üzerinde gösterimi



Şekil 3.3. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan PCR bileşenleri ve yoğunlukları

Mitokondriyal DNA D-Loop için PCR işleminde kullanılan MyTaq polimeraza göre optimize edilerek tüm PCR işlemleri (Prima-TRIO™) gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.4.).

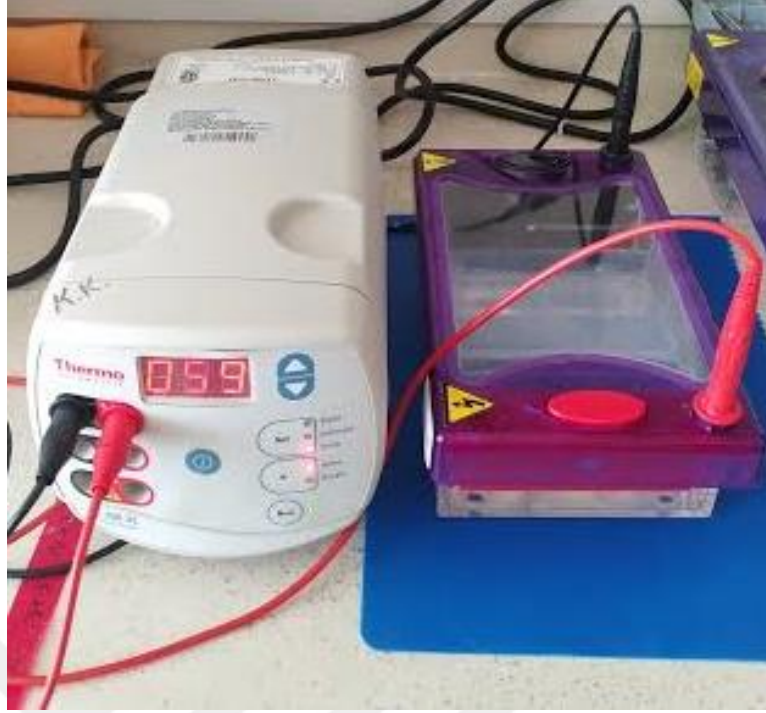


Şekil 3.4. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesinin çoğaltılması için kullanılan PCR döngüsü



Şekil 3.5. Analizlerde kullanılan PCR cihazı

Elde edilen PCR ürünleri %0,7'lik agaroz jel hazırlanarak 1X TAE tamponunda 90 dakika 45 V uygulanarak jel elektroforezinde koşturulmuştur (Şekil 3.6). Jel görüntülemesi UV Transilluminatör cihazında gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.7)



Şekil 3. 6. Jel Elektroforezinde jele 45 V elektrik akımını uygulanması



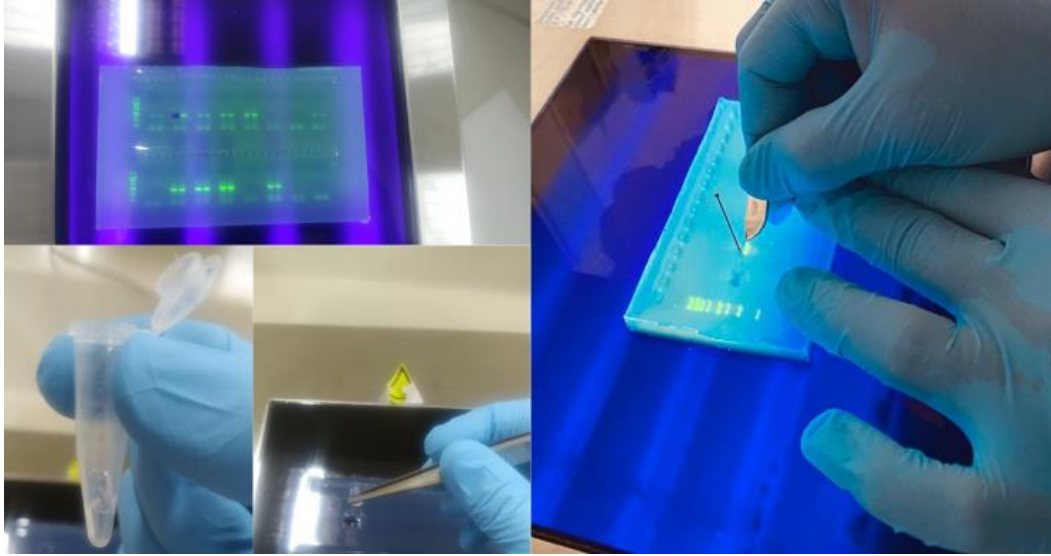
Şekil 3.7. UV görüntüleme cihazı (Gen-Box)

3.2.6. Jelden DNA pürifikasyonu

Polimeraz zincir reaksiyonundan sonra UV Transilluminatör ile elde edildiği belirlenen fragmentlerin saflaştırılma işleminde jel pürifikasyon kiti (EcoTech, EcoGP-50x Katalog No'lu EcoSpin) kullanılarak yapılmıştır.

Aşağıdaki jel pürifikasyon protokolünde, DNA ürünleri içeren 100 mg jel baz alınarak içerisine eklenecek tamponlar hesaplanmıştır. Eğer kesilen jel diliminin ağırlığı 100 mg' dan büyükse, Binding Buffer ve İzopropanol miktarı orantılı bir şekilde hesaplanmalıdır.

PCR ürünü %0,8-2' lik agaroz jele yüklenir ve jel elektroforezinde hazırlanan agaroz tamponu ile aynı (1X TAE veya 1X TBE) tampon kullanılarak moleküllerin birbirinden ayrılması sağlanmıştır. Elektroforez işleminden sonra bir UV Transilluminatör yardımıyla bantların görülmesi sağlanmıştır. Daha sonra %70' lik Ethanol ile steril edilen büstri yardımıyla agaroz jelinden istenilen DNA fragmenti dikkatli bir şekilde kesilmiştir (Şekil 2.7). Kesilen DNA fragmenti 1.5 ml' lik steril bir ependorf tüpüne aktarıldı ve jel diliminin kütlesi belirlendi. Kütlesi öğrenilen jel dilimi 100 mg agaroz jel dilimine 300 µl EcoSpin Binding Buffer eklenmiştir. Jel diliminin içerisinde bulunan DNA örneğinin serbest bırakılması için 55°C'de 10 dk çalkalayıcı su banyosunda inkübe edilmesi sağlanmıştır. DNA'nın jelden ayrılmasını sağlamak için her 2-3 dak da bir kısa süre vortekslenmiştir. Agaroz jel dilimi tamamen çözöldükten sonra ilk baştaki tartılan jel diliminin kütlesini 100 mg' a 150 µl İzopropanol olacak şekilde hesaplanarak eklenir ve iyice karıştırılır. Homojen şekilde karışan jel dilimi kit' in içerisinden çıkan 1.5 ml' lik toplama tüpüne EcoSpin kolonu eklenerek örnek içerisine aktarılmıştır. Oda sıcaklığında mikrosantrifüj cihazında 30 saniye boyunca maksimum hızda (13.3 rpm) santrifüjlenmiştir. Santrifüjden sonra toplama tüpünde toplanan süzöntü atılarak EcoSpin kolonuna yeni toplama tüpü yerleştirilir ve kolonun merkezine gelecek şekilde 700 µl Wash Buffer eklenmiş ve oda sıcaklığında 30 saniye boyunca maksimum hızda santrifüj edilmiştir. Santrifüjden sonra toplama tüpünde toplanan süzöntü atılarak EcoSpin kolonuna yeni toplama tüpü yerleştirilir ve yıkama tamponundan tamamen uzaklaştırmak için tam hızda 1 dk daha santrifüj yapılmıştır. Santrifüj işleminde kolondan aşağı akan akışı içeren toplama tüpü atılarak EcoSpin kolona 1.5 ml steril santrifüj tüpü takılmıştır. EcoSpin kolon membranının merkezine 30-50 µl EcoSpin Elution Buffer eklenerek 1 dk boyunca oda sıcaklığında inkübe edilmiştir (İnkübasyon süresi DNA'nın Elution Buffer'a bağlanması için önemli bir adımdır). İnkübasyon işleminden sonra EcoSpin kolonu 30 sn boyunca tam hızda santrifüjlenmiştir. Santrifüj işleminden sonra kolon atılarak 1.5 ml ependorf içerisindeki saflaştırılmış PCR örneği kullanılmak üzere -20°C'ye kaldırılmıştır.



Şekil 3.8. Jel pürifikasyon işlemi

Yapılan jel pürifikasyon işleminde kullanılan kitin protokolünde belirtilen basamaklar uygulanmıştır. Jelden istenilen bölgenin elde edilmesini sağlamak için UV transimilatör cihazının üzerinde uygulanan UV dalga boyuna maruz kalma süresinin çok kısa tutulmasına özen gösterilmiştir.

3.2.7. Yeni nesil sekanslama (NGS)

Mitokondriyal DNA'nın D-Loop bölgesine spesifik primerler kullanılarak elde edilen 1522 bp uzunluğundaki fragmentin sekanslatılması için hizmet alımı (Sentebiolab) yapılmıştır. Hizmet alımında bulunan yeni nesil dizileme hizmetleri için Ion Torrent Personal Genome Machine (PGM) cihazı kullanılmaktadır. PGM dizileme sistemi, yarı iletken teknolojisini kullanan tezgâh üstü bir sistemdir. Ion Torrent teknolojisi, DNA replikasyonu sırasında açığa çıkan hidrojen iyonlarını gerçek zamanlı olarak kantifiye etmek için çok sayıda paralel dizilmiş yarı iletken sensör kullanılmaktadır. Kompakt olarak düzenlenmiş kuyu dizileri, milyonlarca paralel reaksiyon için reaktör görevi görmektedir. Bütünleşmiş akışkanlar bu kuyucuklardan gelen reaktiflerin akışını sensör dizisine bağlar ve mikromakina ve yarı iletken teknolojisinin yardımıyla, genetik diziyi dijital verilere çevirir ve 2000 Mb'e (318 çip) kadar dizileme yapabilmektedir.

3.2.8. Moleküler veri analizi

Sultan ırkına ait olan mtDNA D-Loop dizisi verileri Sultan ırkına morfolojik olarak benzerlik gösteren yabancı orijinli tavuk ırkları ve yerli tavuk ırklarımız Denizli ve Gerze ırkına ait mtDNA dizi verileri ile karşılaştırılarak analiz edilmiştir. Karşılaştırmada kullanılan diğer tavuk ırklarına ait mtDNA dizi verileri veri bankalarından (NCBI, GenBank) elde edilmiştir. Analizde kullanılan tüm tavuk ırklarının mtDNA D-loop dizilerinin hizalanarak analize hazır hale getirilmesi, polimorfik alanların pozisyonu ve sayısına karşılık gelen haplotipler MEGA v.6.0 (Tamaro vd. 2013) ve RStudio (v.4.0.3) yazılımları ile hesaplanmıştır. Haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid çeşitliliği (pi) gibi parametrik ölçümler DnaSP (v.3.5) yazılımı ile hesaplanmıştır (Excoffier ve Lischer 2010). Oluşan haplotiplerin evrimsel ilişkileri Hamming-distance

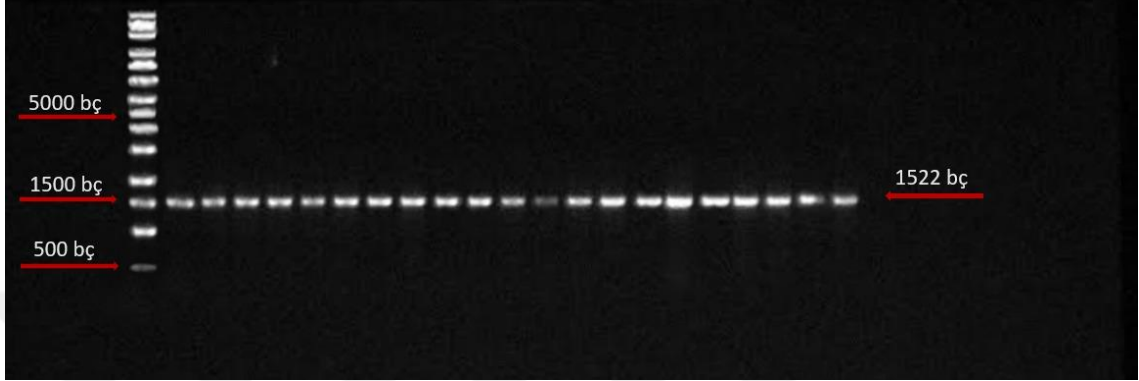
hesaplama yöntemi baz alınarak RStudio (v.4.0.3) programı ile yapılmıştır. Popülasyon içi ve arası dizi analizine dayalı moleküler varyans (AMOVA) ARLEQUINSuite v.3.5 (Excoffier ve Lischer 2010) yazılımı kullanılarak hesaplanmıştır. F_{ST} analizlerine dayalı popülasyonlar arası genetik mesafe ARLEQUINSuite (v.3.5) yazılımı kullanılarak tahminlenmiştir. Sultan ırkının farklı popülasyonlar arasındaki filogenetik ağaçlar, Neighbor-Joining yöntemine (Saitou ve Nei 1987) göre RStudio (v.4.0.3) yazılımı ile gerçekleştirilmiştir.



4. BULGULAR

4.2. PCR Amplifikasyonların UV Işık Altında Görüntülenmesi

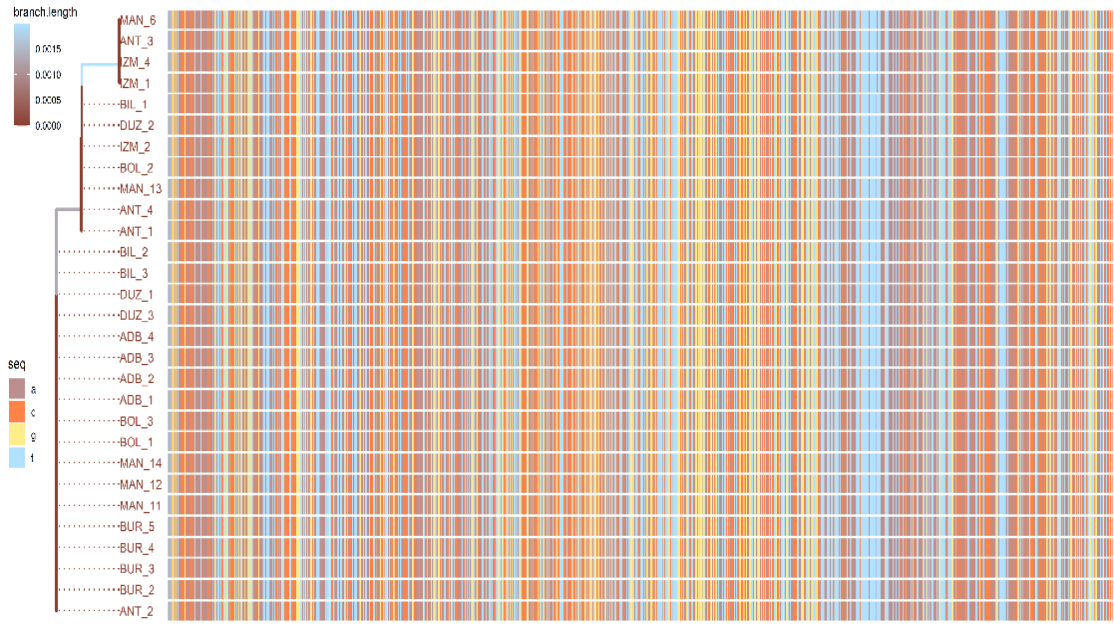
Farklı lokasyonlardaki 30 bireyden toplanan örneklerde mtDNA D-Loop bölgesine ait fragmentlerin (1522 bç) amplifikasyonu agaroz jel görüntüsünde doğrulanmıştır (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. %0,7'lik agaroz jelde Sultan tavuk ırklarına ait D-Loop bölgesi amplikon görüntüsü

4.3. Sultan Irkına Ait Bireylerin mtDNA Dizi Analizi

Türkiye'nin farklı lokasyonlarından elde edilen toplam 30 mtDNA örneği NGS hizmet alımı ile sekanslanmış ancak 1 örnek analiz için yeterli kalitede olmadığı için analiz dışı bırakılmıştır. Şekil 4.2.'de, Sultan tavuk ırkına ait 29 bireyin birbiriyle genetik ilişkisini gösteren filogenetik ağaç ve bireylerin isimlerine karşılık gelen hizalanmış mtDNA D-Loop dizileri (1514 bç) verilmiştir. Filogenetik ağaçtan elde edilen sonuçlara göre; İzmir, Manisa ve Antalya'ya ait 4 birey birbirine en yakın genetik mesafeye sahiptir ve oluşan bu dal diğer bireylerden en uzak mesafeyi temsil etmektedir.



Şekil 4.2. Sultan ırkında filogenetik bir ağaç ile görselleştirilmiş çoklu mtDNA dizi analizine dayalı dendrogram

Filogenetik ağacın dalları genetik ilişkiyi temsil edecek şekilde belirtilmiştir. Genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,003 olarak saptanmıştır. Bireylere ait hızlanmış mtDNA D-Loop dizilerindeki nükleotidlerin her biri farklı bir renkle temsil edilmiştir.

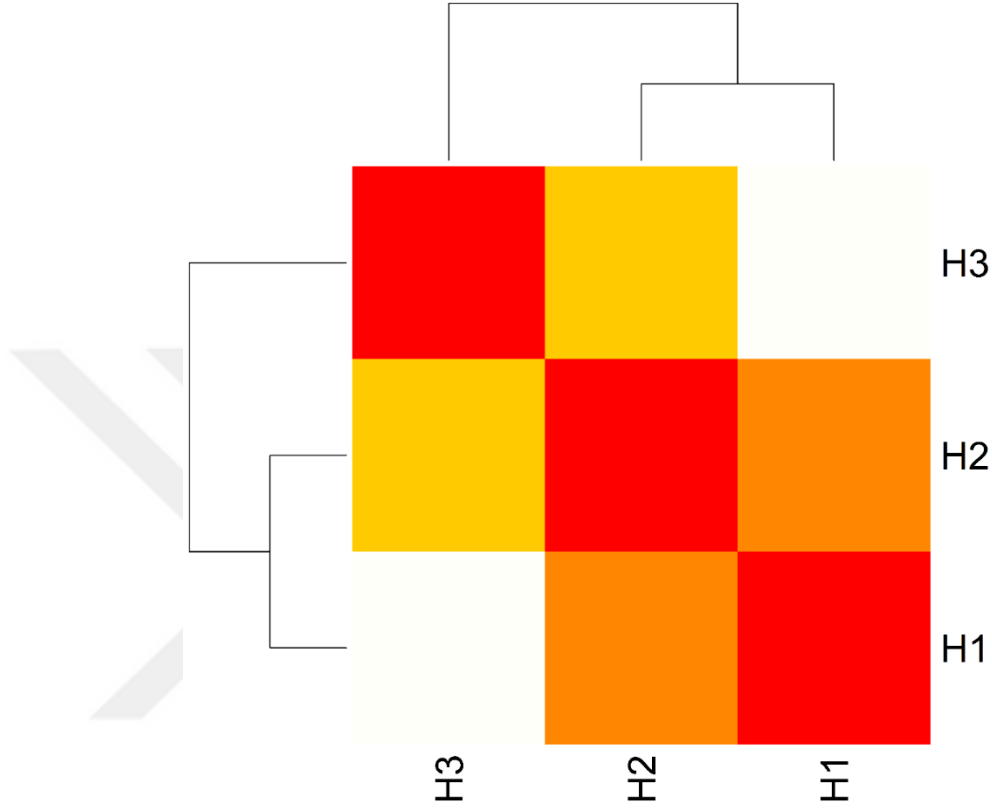
Sultan tavuk ırkına ait bireylerin mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 3 adet haplotip (H1, H2, H3) tespit edilmiştir. Örneklem yapılan bireylerin büyük bir çoğunluğu H1 haplotipi içerisinde (18 birey) yer almıştır (Çizelge 4.1). Haplotipler arasında 5 polimorfik bölge tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.1’de verilmiştir. 1137. Nükleotid pozisyonunda 3 nükleotidde varyasyon gözlemlenirken diğerlerinde iki nükleotid varyasyonu gözlenmiştir. Sultan ırkında haplotip çeşitliliği; 0.557 ve nükleotid çeşitliliği; 0.001 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.1. Sultan tavuk ırkı Haplotiplerinin sekansları ve frekansları

Haplotipler	Birey Sayısı	Nükleotid Pozisyonu				
		3	4	1	1	1
		8	8	1	1	4
		3	0	3	3	4
				6	7	6
H1	18	C	T	A	T	C
H2	7	.	C	.	.	T
H3	4	T	C	T	A	T

Aynı nükleotidler (.) ile gösterilmiştir

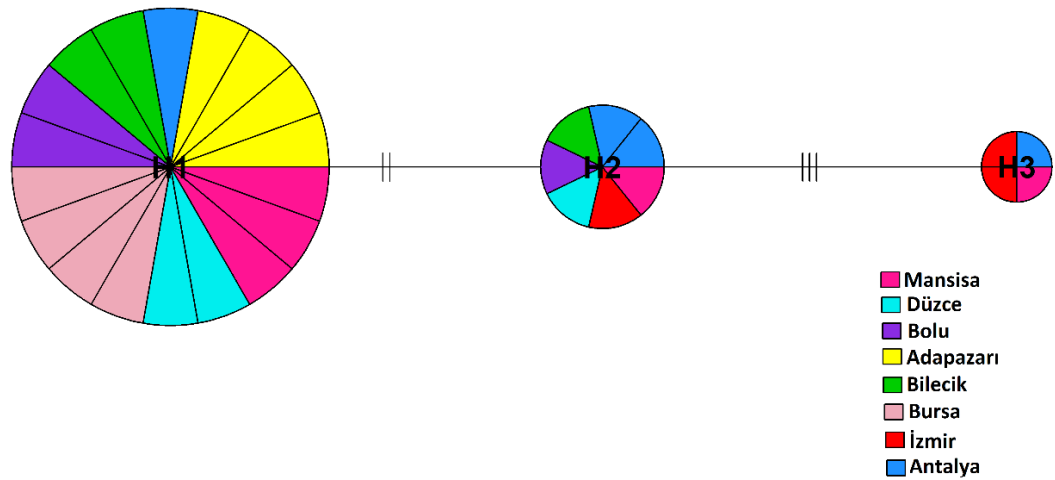
Şekil 4.3'te haplotipler arası genetik uzaklık, filogenetik ağaç ve ısı haritası ile gösterilmiştir. Isı haritası sonucuna göre; H1 ve H2 haplotipleri birbirine en yakın, H1 ve H3 haplotipleri ise birbirine en uzak genetik mesafede tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.1'deki sonuçlarla uyumludur.



Şekil 4.3. Sultan tavuk popülasyonlarında oluşturulan ısı haritası

Filogenetik ağacın her bir dalı, haritada karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir

Haplotipler arasındaki genetik ilişki ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Şekil 4.4'te haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Sultan tavuk ırkına ait bireyler toplandıkları illere göre renklendirilerek şematize edilmiştir. H1 ve H2 haplotipleri arasında iki, H2 ve H3 haplotipleri arasında üç nükleotid pozisyonunda farklılık gözlenmiştir. H1 ve H3 haplotipleri arasında toplam 5 nükleotid fark tespit edilmiştir. Elde edilen haplotip ilişki ağı sonuçları, Şekil 4.2'deki filogenetik ağaç ve Şekil 4.3'teki ısı haritası ile uyumlu bulunmuştur.



Şekil 4.4. Sultan ırkının popülasyon bazında oluşturulan haplotip ağı

Haplotip daireleri içerisindeki her dilim bir bireyi temsil etmektedir. Haplotipler arasındaki bağlantılar üzerinde bulunan her çizgi bir nükleotidi temsil etmektedir.

4.7. Sultan Tavuk Irkında Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

Sultan tavuk popülasyonundaki genetik varyasyonun tespit edilmesi için yapılan analiz sonucu Şekil 4.9.'da verilmiştir.

Çizelge 4.2. Sultan tavuk ırkının moleküler varyans analizi

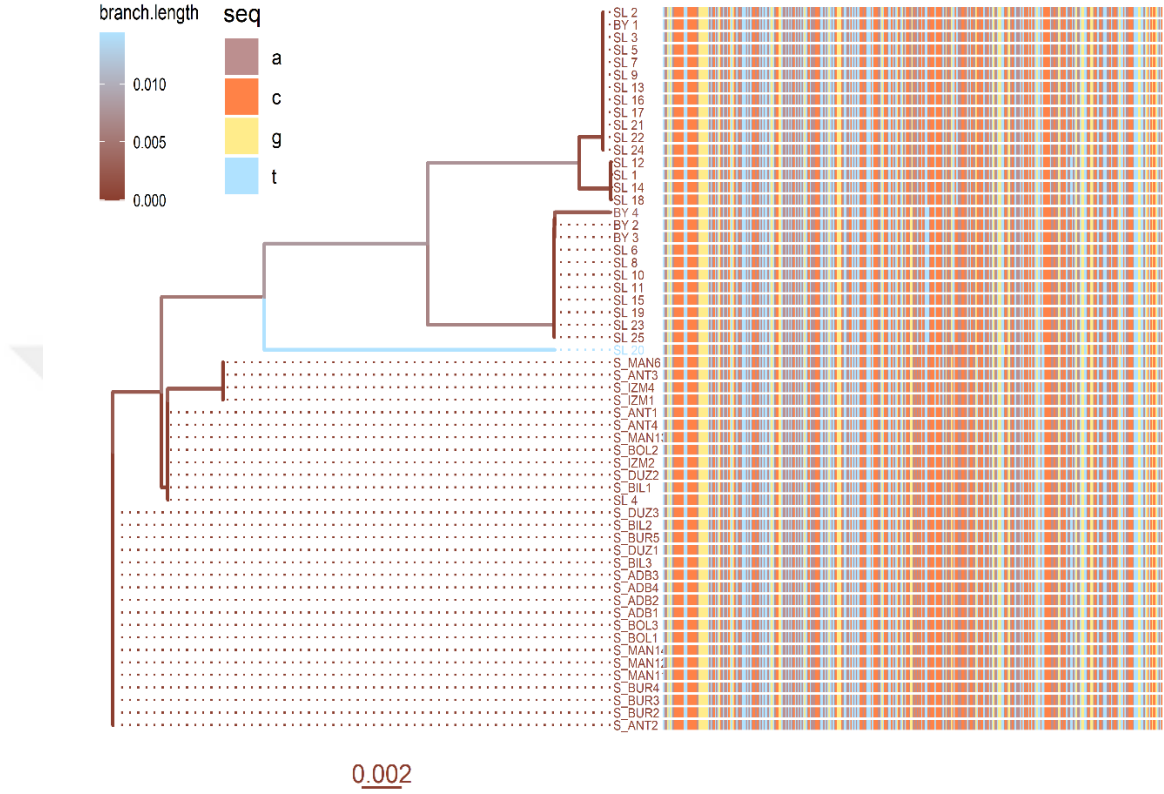
Varyasyon Kaynağı	d.f.	Karelerin Toplamı	Varyans Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi
Popülasyonlar arası	7	9,450	0.18224	20,83
Popülasyon içi	21	14,550	0,69286	79,17
Total	28	24,000	0,87510	
Fixation index F_{ST}			0,20825	

Sultan tavuk ırkında yapılan AMOVA analizi sonucunda genetik varyasyonun %21'i popülasyon içi bireyler arası varyasyondan %79'u ise popülasyonlar arası varyasyon farkından kaynaklanmaktadır. F_{ST} değeri 0,20825 olarak tespit edilmiştir.

4.8. Sultan Tavuk Irkı ile Polidaktilite Özelliği Bakımından Benzerlik Gösteren Tavuk Irklarının mtDNA Dizi Analizi

Sultan tavuk ırkında yabani formun aksine her ayakta beş adet parmak bulunmaktadır. Sultan tavuk ırkı bu özelliği sayesinde birçok tavuk ırkından farklılık gösterirken Silkie ve Beijing Youkei gibi beş parmaklı tavuk ırklarına da benzerlik göstermektedir. Bu özellik bakımından ırkların mtDNA D-Loop'a dayalı yapılan analizinde, Sultan (S: 29 birey), Silkie (SL: 25 birey) ve Beijing Youkei (BY: 4 birey) tavuk ırkları moleküler olarak karşılaştırılmıştır. Toplam 58 bireyin birbiriyle genetik ilişkisini gösteren filogenetik ağaç ve bireylerin isimlerine karşılık gelen hizalanmış

mtDNA D-Loop dizileri (468 bç) Şekil 4.6’da verilmiştir. Filogenetik ağacın dalları genetik ilişkiyi temsil edecek şekilde belirtilmiştir ve genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır (Şekil 4.6). Sultan ırkı Silkie ve Beijing Youkei ırkları ile beş parmaklılık özelliği bakımından birbirlerine benzemelerine rağmen mtDNA dizi analizine dayalı filogenetik dendogramda ayrı kümelerde yer almıştır.



Şekil 4.5. Polidaktilite özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendogram

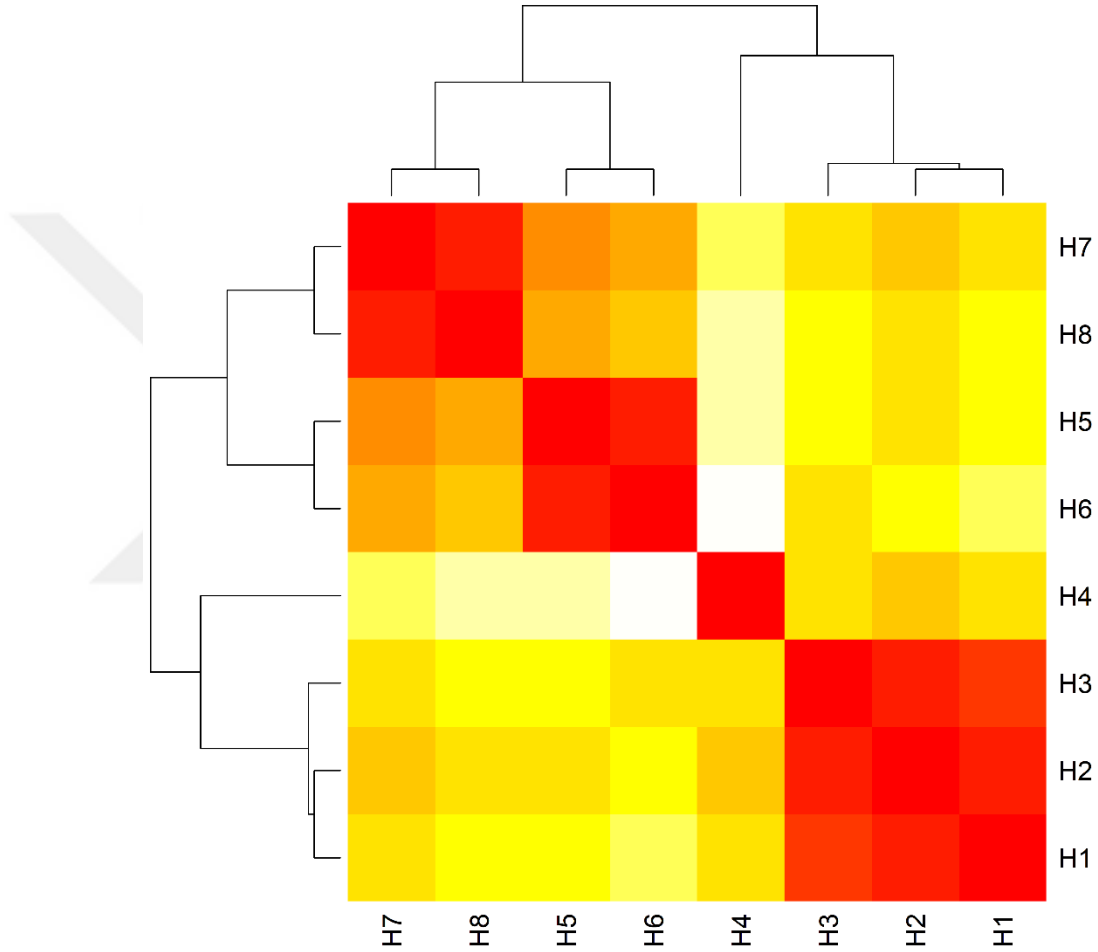
SL: Silkie, BY: Beijing Youkei. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,2 olarak saptanmıştır.

Polidaktilite özelliği gösteren tavuk ırklarına ait bireylerin mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 8 adet haplotip (H1, H2, H3, H4, H5, H6, H7 ve H8) tespit edilmiştir. Haplotipler arasında 18 polimorfik bölge tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.2’de verilmiştir. Tavuk popülasyonları içerisinde frekansı en yüksek olan haplotip H3 haplotipi olarak tespit edilmiştir. Analiz yapılan tavuk popülasyonlarında haplotip çeşitliliği 0,816 ve nükleotid çeşitliliği; 0,014 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.3. Polidaktilite özelliği gösteren tavukların haplotiplerin sekansları ve frekansları

Haplotipler	Birey Sayısı	Nükleotid Pozisyonu																	
		1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3
		3	8	8	9	0	1	1	1	2	3	5	8	8	0	1	3	3	3
		8	3	8	6	4	3	4	7	7	2	2	1	6	1	3	2	4	8
H1	4	T	G	C	C	T	G	C	C	C	T	A	T	C	C	A	A	C	T
H2	8	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H3	18	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.
H4	1	.	.	T	.	C	A	.	.	.	C	G	.	.	.	G	.	T	C
H5	12	.	A	T	.	C	.	T	T	T	C	.	C	T	.	.	.	.	.
H6	4	.	A	T	.	C	.	T	T	T	C	.	C	T	T	.	.	.	.
H7	10	C	.	T	T	C	.	T	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	.
H8	1	C	.	T	T	C	.	T	.	T	C	.	C	.	.	.	T	.	.

Polidaktilite özelliği gösteren tavuklara ait haplotipler arası genetik uzaklık haritası, iki haplotip arasındaki nükleotid sayısındaki farklılığa göre hesaplanmıştır. Şekil 4.7’de haplotipler arası genetik uzaklık filogenetik ağaç ve ısı haritası ile gösterilmiştir. Isı haritası sonucuna göre; H1-H2, H2-H3, H5-H6, H7-H8 haplotipleri birbirine en yakın, H4-H6 haplotipleri ise birbirine en uzak genetik mesafede tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.2’deki sonuçlarla uyumludur.

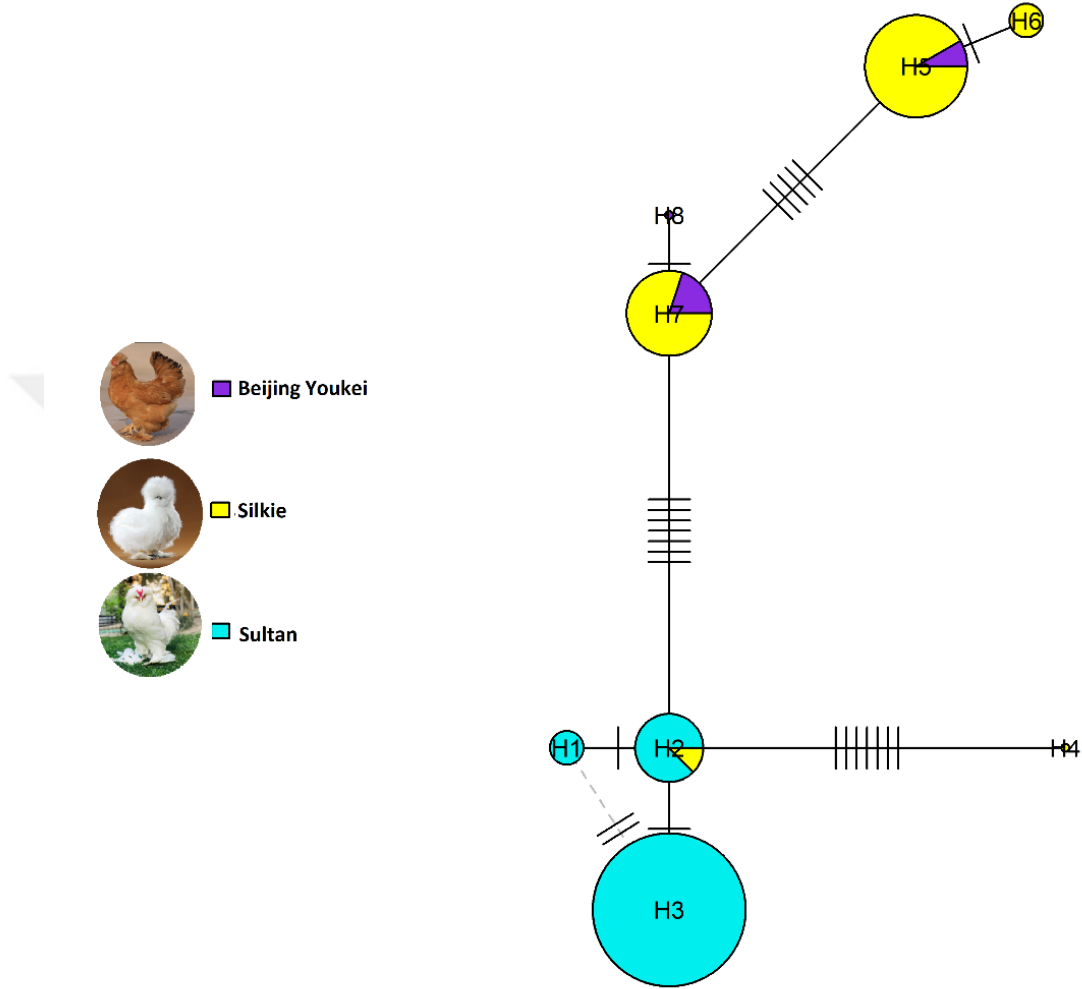


Şekil 4.6. Polidaktilite özelliği gösteren tavuk ırklarında oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası

Filogenetik ağacın her bir dalı, haritada karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir

Şekil 4.8’de haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Sultan tavuk ırkı bireylerini bulunduran H3-H2 ve H1-H2 haplotipleri arasında bir nükleotid, H1 ve H3 haplotipleri arasında üç nükleotid fark bulunmuştur. H1 ve H3 haplotipleri arasında toplam 5 nükleotid fark tespit edilmiştir. Polidaktilite özelliği baz

alınarak mtDNA D-Loop dizisinde yapılan haplotip ağ analizi sonucunda Sultan (S) tavuk ırkı, Silkie (SL) ve Beijing Youkei (BY) ırklarından ayrılarak tamamen ayrı haplotiplere mensup bulunmuştur.



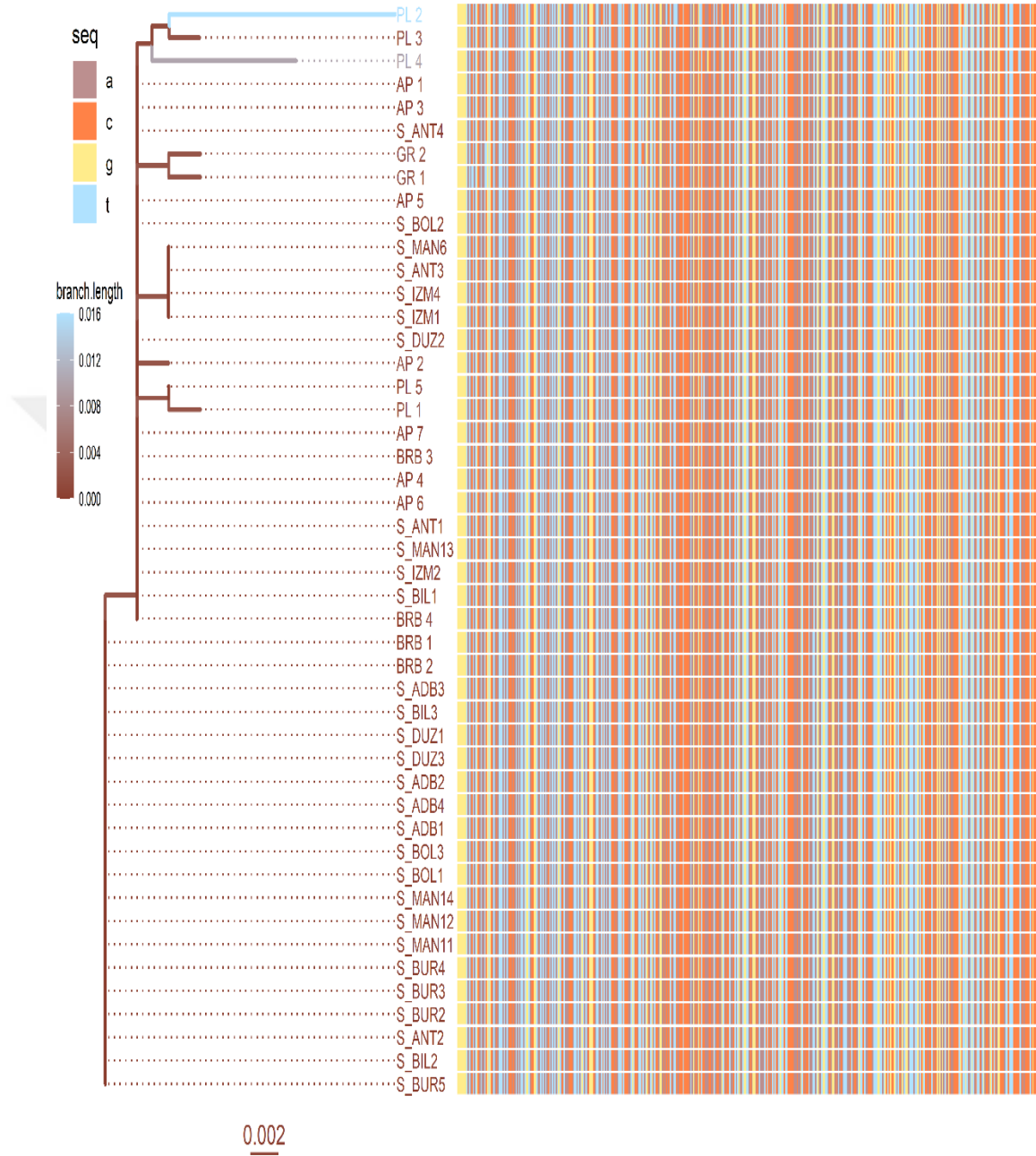
Şekil 4.7. Polidaktilite sergileyen tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı

Haplotipler arasındaki genetik ilişki ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Haplotipler arasındaki bağlantılar üzerinde bulunan her çizgi her bir nükleotid farklılığını temsil etmektedir.

4.12. İbik Özelliği Yönünden Benzerlik Gösteren Irkların mtDNA Dizi Analizi

Sultan tavuk ırkının ibik yapısı “V” dubleks ya da “çatal” olarak adlandırılmaktadır. Sultan tavuk popülasyonlarında gözlenen bu ibik yapısı tavuk ırklarında nadir gözlemlenen bir özelliktir. Bu ibik yapısı baz alınarak mtDNA D-Loop’a dayalı yapılan analizde [Sultan (S: 29 birey), Appenzeller (AP: 7 birey), Brabanter (BRB: 4 birey), Gerze (GR: 2 birey), Polish (PL: 5 birey)] toplam 47 bireyin birbiriyle genetik ilişkisini gösteren filogenetik ağaç ve bireylerin isimlerine karşılık gelen hizalanmış mtDNA D-Loop dizileri (448 bp) Şekil 4.9’da verilmiştir. Filogenetik ağaçtan elde edilen

sonuçlara göre; Sultan tavuk ırkı ibik yönünden benzerlik gösteren diğer ırklar ile genetik olarak yakın ilişkide bulunmuştur.



Şekil 4.8. İbik özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendrogram

Filogenetik ağacın dalları genetik ilişkiyi temsil edecek şekilde belirtilmiştir. Genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,2 olarak saptanmıştır

İbik özelliği gösteren tavuk ırkına ait bireylerin mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 11 adet haplotip bulunmuştur. Haplotipler arasında 21 polimorfik bölge tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.3'te verilmiştir. Tavuk popülasyonları

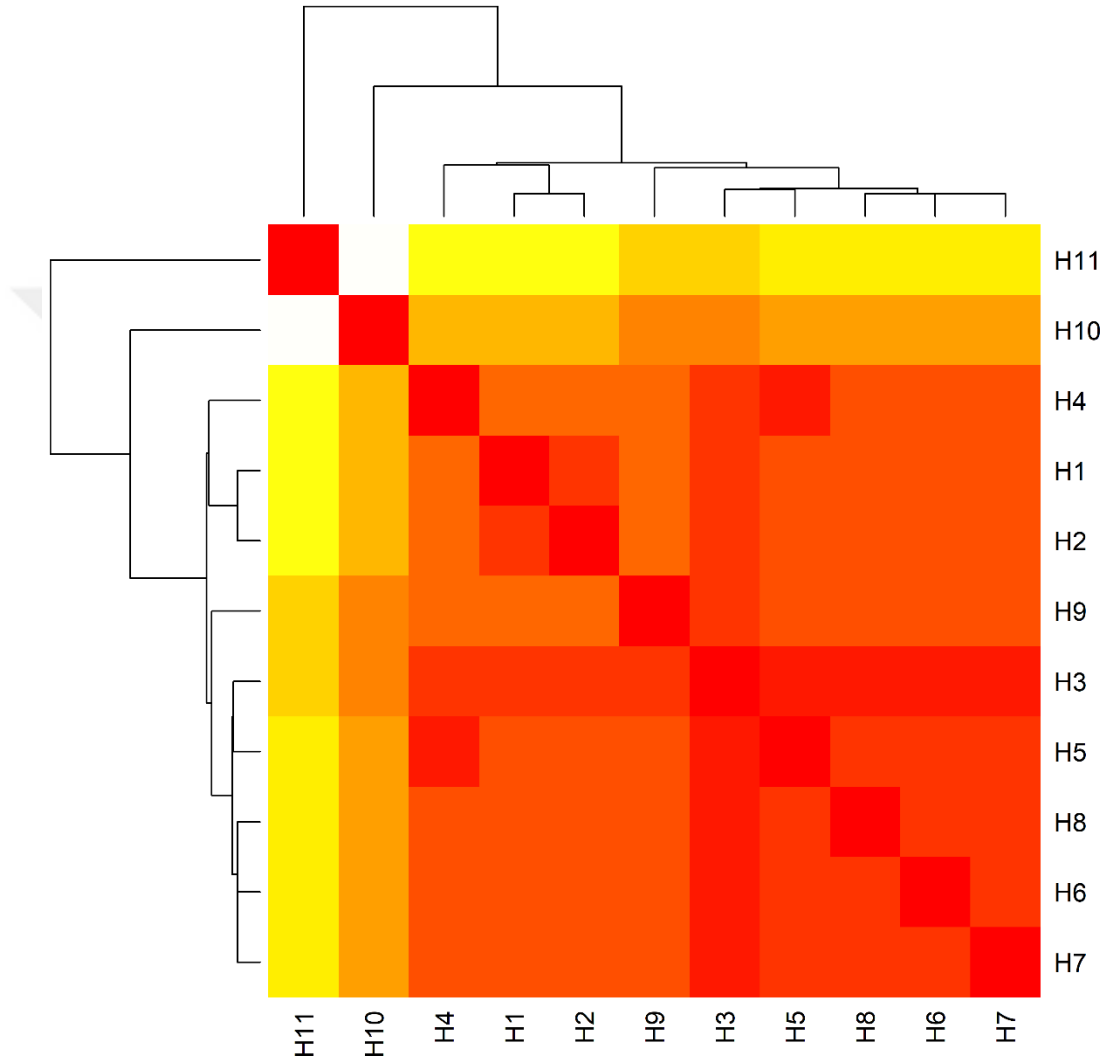
içerisinde frekansı en yüksek olan haplotip H3 haplotipi olarak tespit edilmiştir. Analiz yapılan tavuk popülasyonlarında haplotip çeşitliliği 0,722 ve nükleotid çeşitliliği; 0,004 olarak hesaplanmıştır.



Çizelge 4.4. İbik yönünden benzer tavuklard ait haplotiplerin sekansları ve frekansları

Haplotipler	Birey Sayısı	Nükleotid Pozisyonu																				
		1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	3	3	3	3	4
		2	3	1	3	4	4	6	7	7	8	9	9	0	0	5	7	3	4	4	9	3
				2	3	0	4	2	0	8	8	1	4	1	6	5	5	7	4	6	1	4
H1	1	T	T	T	A	A	T	C	C	C	C	C	A	C	T	T	C	C	G	T	T	C
H2	1	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H3	15	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H4	1	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.
H5	20	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H6	4	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.
H7	1	C	C	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H8	1	C	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H9	1	C	C	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H10	1	C	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	G	.	G	.	T
H11	1	C	C	C	.	.	.	T	T	.	T	.	.	T	C	C	.	.	.	.	C	.

Şekil 4.10'da haplotipler arası genetik uzaklık filogenetik ağaç ve ısı haritası ile gösterilmiştir. Isı haritası sonucuna göre; birbirine 1 nükleotid farkla en yakın haplotipler; H3-H5, H3-H6, H3-H7, H3-H8 ve H4-H5 haplotipleridir. En büyük fark ise 13 nükleotidle H10-H11 haplotipleri arasında tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.3'teki sonuçlarla uyumludur.

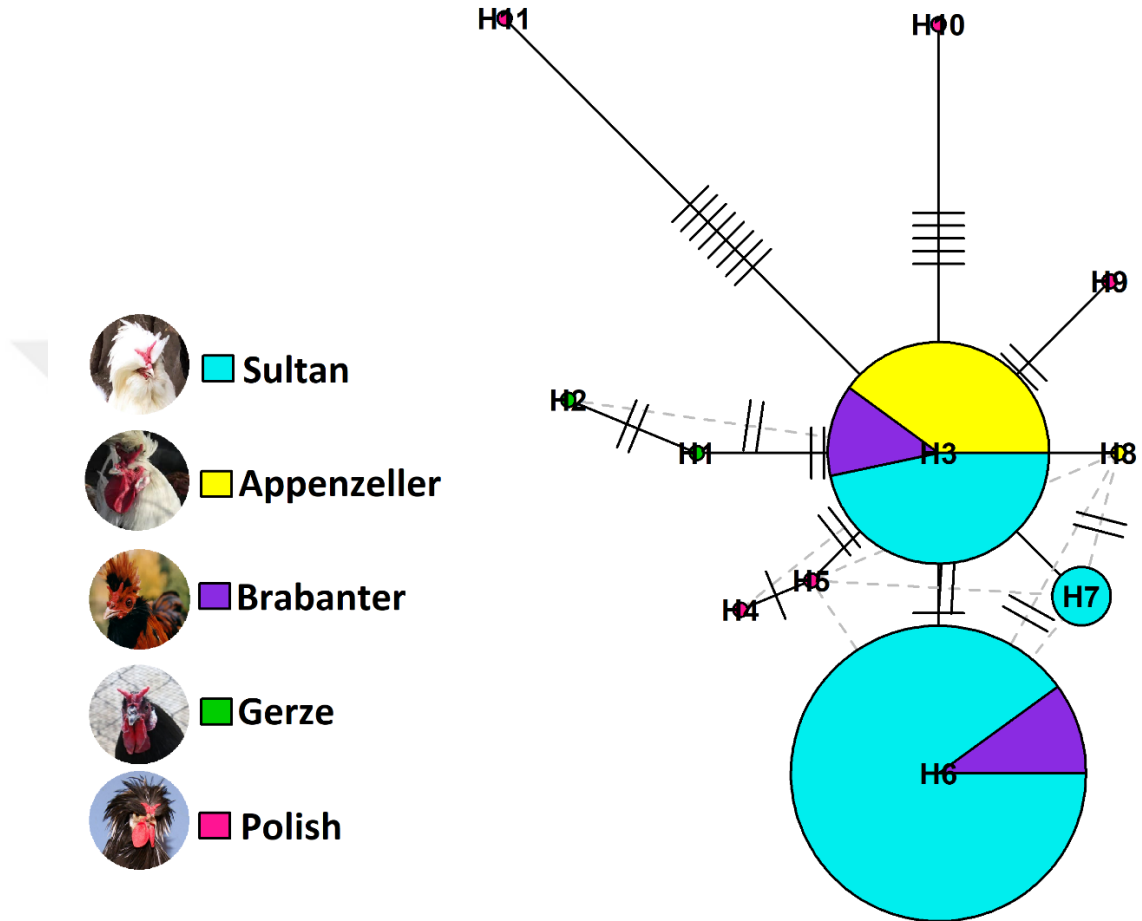


Şekil 4.9. V ibik özelliği sergileyen ırklarda oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası

Genetik uzaklık haritası, iki haplotip arasındaki nükleotid sayısındaki farklılığa göre hesaplanmıştır. Filogenetik ağacın her bir dalı, haritate karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir.

Haplotip ağ analizinde Sultan tavuk ırkına ait 18 birey ve Brabanter tavuk ırkına ait iki birey H6 haplotipinde gözlenmiştir. Sultan ırkına ait 4 birey sadece H7'yi oluşturmuştur. Sultan ırkına ait geri kalan 7 birey Appenzeller ve Brabanter tavuk

ırklarıyla aynı haplotipte (H3) gözlemlenmiştir. Sultan tavuk ırkı ile Polish, Brabanter, Appenzeller ve Gerze yerel ırkının karşılaştırmalı analizi sonucunda genetik olarak birbirlerine yakın bulunmuş fakat Sultan ırkına ait bireyler kendi içerisinde ayrı haplotipler oluşturmuştur.



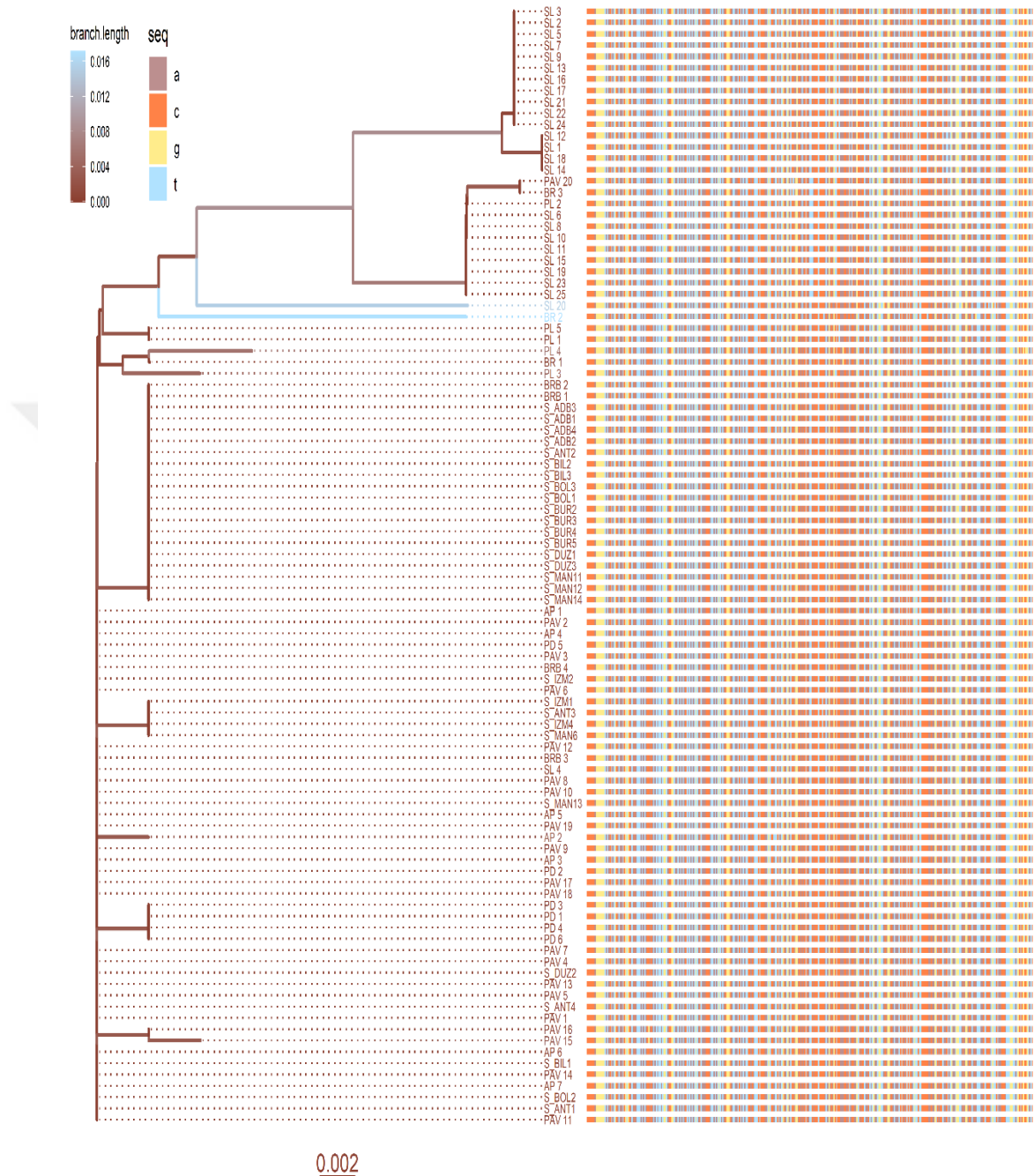
Şekil 4.10. V ibik yapısı sergileyen tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı

Haplotipler arasındaki genetik ilişkisi ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Haplotipler arasındaki bağlantılar üzerinde bulunan her çizgi bir nükleotid temsil etmektedir. Sultan ırkıyla ibik yönünden benzer tavuk ırkları renklendirilip şematize edilmiştir.

4.16. Tepe Tüyü Yönünden Benzerlik Gösteren Tavuk Irklarında Yapılan mtDNA'nın Dizi Analizi

Yabani formdaki tavuk morfolojisinden çok farklı bir görüntü sergileyen tepeli tavuk ırkları arasında yapılan mtDNA D-Loop dizi analizinde tepe tüyü bakımından benzer bireyler [Sultan (S: 29), Appenzeller (AP: 7), Breda (BR: 3), Brabanter (BRB: 4), Pavlovskaya (PAV: 20), Padova (PD: 6), Polish (PL: 5), Silkie (SL:25)] arasındaki genetik ilişkileri gösteren filogenetik ağaç Şekil 4.8'de verilmiştir ve bireylerin isimlerine karşılık gelen hizalanmış mtDNA D-Loop dizileri (349 bp) verilmiştir.

Filogenetik ağaçtan elde edilen sonuçlara göre; Sultan ırkı diğer tepeli ırklarıyla yakın genetik ilişki oluşturmuş ve filogenetik ağaçta yakın dallara ait olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.11. Tepelilik özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizi analizine ait dendrogram

Genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,2 olarak saptanmıştır.

Tepeli Tavuk Irklarında yapılan Haplotip Analizi sonucunda mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 17 adet haplotip tespit edilmiştir. Haplotipler arasında 30 polimorfik bölge

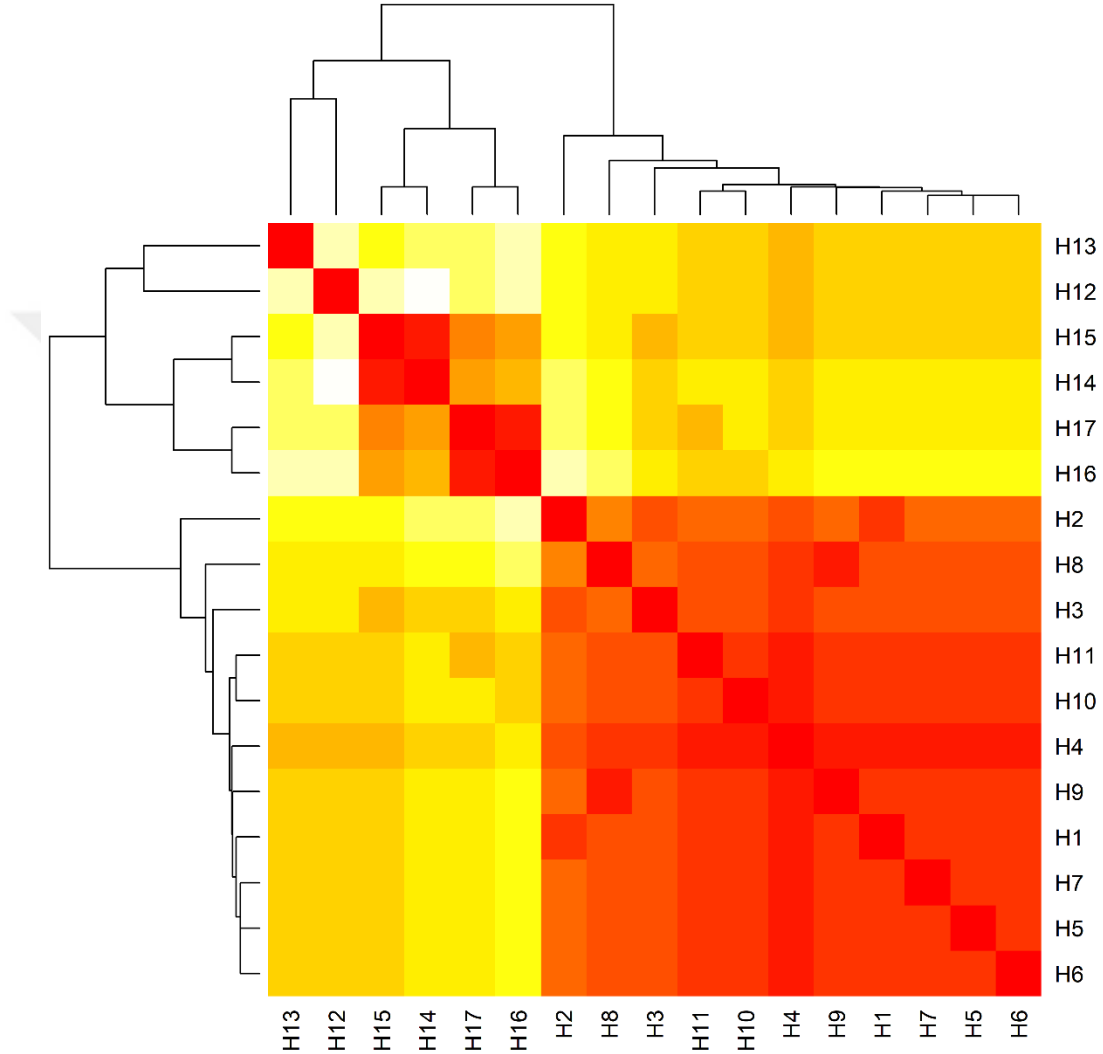
tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.4'te verilmiştir. Tavuk popülasyonları içerisinde frekansı en yüksek olan haplotip H4 haplotipi olarak tespit edilmiştir. Analiz yapılan tavuk popülasyonlarında haplotip çeşitliliği; 0,815 ve nükleotid çeşitliliği; 0,011 olarak hesaplanmıştır.



Çizelge 4.5. Tepeli tavuklara ait Haplotiplerin sekansları ve frekansları

Haplotipler	Birey Sayısı	Nükleotid Pozisyonu																													
		2	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3
		5	9	1	4	4	6	6	6	7	8	8	8	9	9	9	0	0	0	1	3	6	6	6	8	9	0	1	1	4	4
				9	0	7	2	4	9	7	5	6	8	4	5	8	1	6	8	3	3	2	7	9	2	4	5	5	9	3	4
H1	1	A	C	T	A	A	C	G	C	C	C	C	T	G	C	C	G	T	C	T	A	T	C	A	C	A	A	C	T	C	C
H2	1	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G
H3	1	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H4	35	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H5	1	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H6	4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H7	4	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.
H8	1	C	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H9	1	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H10	20	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.
H11	2	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H12	1	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	T	C	.	.	.	A	C	.	.	.	.	T	C	.	.	G	.	.	.	.
H13	1	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	A	.	.	A	.	.	C	G	.	.	.	.	G	.	T	C	.	.
H14	2	.	.	C	.	.	T	.	T	T	.	.	.	.	T	.	A	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H15	9	.	.	C	.	.	.	.	T	T	.	.	.	.	T	.	A	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.
H16	4	.	.	.	.	.	.	A	T	.	.	.	.	.	T	T	A	.	T	C	.	C	T	.	T	.	.	.	.	.	.
H17	11	.	.	.	.	.	.	A	T	.	.	.	.	.	T	T	A	.	T	C	.	C	T	.	.	.	.	.	.	.	.

Isı haritası sonucuna göre; Birbirine bir nükleotid farkla en yakın haplotipler; H1-H4, H4-H5, H4-H6, H4-H7, H4-H9, H4-H10, H4-H11, H14-H15 ve H16-H17 haplotipleridir. En büyük fark ise onüç nükleotidle H12-H14 haplotipleri arasında tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.4'teki sonuçlarla tamamen uyumludur.

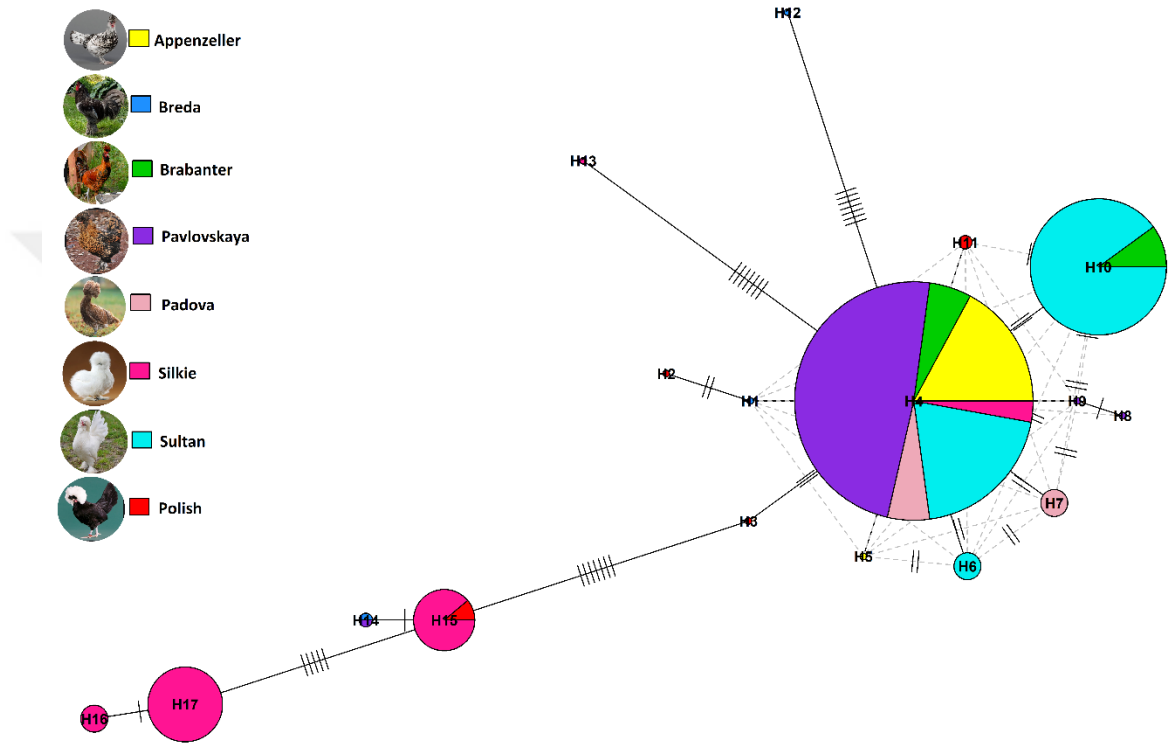


Şekil 4.12. Tepe tüyü özelliği gösteren tavuk ırklarının haplotipler arasındaki ısı haritası

Genetik uzaklık haritası, iki haplotip arasındaki nükleotid sayısındaki farklılığa göre hesaplanmıştır. Haplotipler arası genetik uzaklık filogenetik ağaç ve ısı haritası ile gösterilmiştir. Filogenetik ağacın her bir dalı, haritada karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir

Sultan ırkıyla tepe tüyü yönünden benzer tavuk ırkları renklendirilip şematize edilmiştir. Tepe tüyü özelliği baz alınarak mtDNA D-Loop dizisinde yapılan haplotip ağ

analizi sonucunda Sultan tavuk ırkına ait 18 birey ve Brabanter tavuk ırkına ait iki birey H10'da gözlenmiştir. Sultan ırkına ait 4 birey sadece H6'yı oluşturmuştur. Sultan ırkına ait geri kalan 7 birey popülasyon içerisinde en fazla haplotip frekansına sahip olan ve Appenzeller, Brabanter, Padova, Silkie, Pavlovskaya ve Brabanter tavuk ırklarında dahil olduğu H4'te gözlemlenmiştir. Sultan ırkı tavuk popülasyonlarının büyük bir kısmını kapsayan H10 ile onu takiben gelen H3 haplotipleri arasında ise bir nükleotid farklılık bulunmuştur. Sadece 4 adet Sultan ırkını kapsayan H7 haplotipi ise H6 haplotipinden sadece iki nükleotid farklılık göstermektedir.



Şekil 4.13. Tepe tüyü özelliği gösteren tavuk ırklarında oluşturulan haplotip ağı

Haplotipler arasındaki genetik ilişkisi ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Şekil 4.14'te haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Bu nedenle haplotip daireleri içerisindeki her dilim bir bireyi temsil etmektedir. Haplotipler arasındaki bağlantılar üzerinde bulunan her çizgi bir nükleotid temsil etmektedir.

4.20. Sultan ırkı ile Paça Tüyü Özelliği Gösteren Tavuk ırklarında Yapılan mtDNA'nın Dizi Analizi

Sultan ırkının paça tüyü özelliği bakımından diğer paçalı tavuk ırkları ile mtDNA D-Loop dizi analizi (368 bp) bakımından karşılaştırılmıştır. Analizde [Sultan (S: 29), Breda (BR: 3), Breda (BR: 3), Pavlovskaya (PAV: 20), Silkie (SL:25), Beijing Youkei (BY: 4)] toplam 81 bireyin birbiriyle genetik ilişkisini gösteren dendrogram Şekil 4.15'te verilmiştir. Filogenetik ağaçtan elde edilen sonuçlara göre; Sultan ırkı ile sadece Pavlovskaya ırkı incelenen yakından ilişkili olarak tespit edilmiştir.



Şekil 4.14. Paça tüyü özelliği bakımından benzer ırklarda mtDNA dizisine ait dendrogram

Genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,2 olarak saptanmıştır.

4.21. Paça Tüyü Özelliği Yönünden Benzer Tavuk Irklarında yapılan Haplotip Analizi

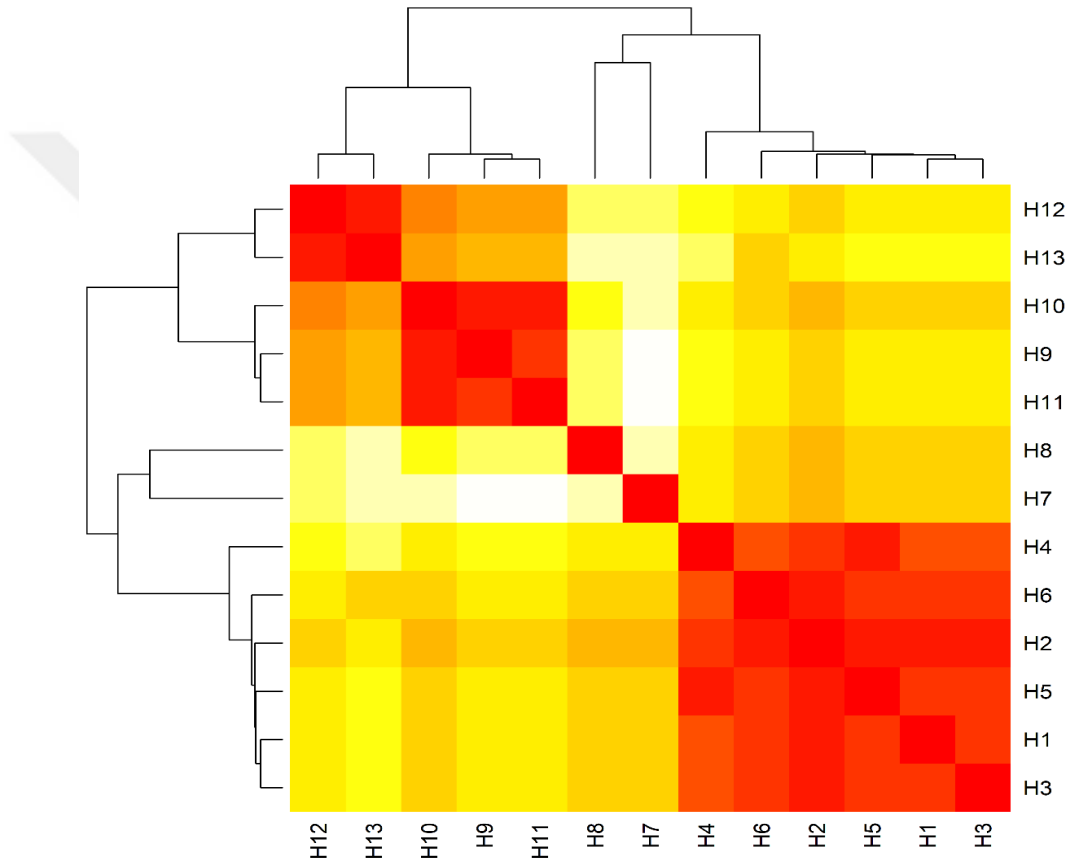
Paça tüyü özelliği bakımından benzerlik gösteren tavuk ırklarına ait bireylerin mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 13 adet haplotip tespit edilmiştir. Haplotipler arasında 27 polimorfik bölge tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.5'te verilmiştir. Tavuk popülasyonları içerisinde frekansı en yüksek olan haplotip H2 haplotipi olarak tespit edilmiştir. Analiz yapılan tavuk popülasyonlarında haplotip çeşitliliği 0,829 ve nükleotid çeşitliliği; 0,013 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.6. Paçalı tavuklara ait Haplotiplerin sekansları ve frekansları

Haplotip ler	Birey Sayısı	Nükleotid Pozisyonu																											
		4	6	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	3	3
		4	8	3	8	8	8	9	0	0	0	1	1	1	2	2	2	3	5	8	8	8	0	1	2	3	3	3	3
		8		1	3	8	6	4	5	7	3	4	7	0	5	7	2	2	1	6	8	1	3	4	2	4	8		
H1	1	A	C	T	C	G	C	C	C	C	T	G	C	C	G	T	C	T	A	T	C	A	C	A	A	A	C	T	
H2	24	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H3	4	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H4	1	C	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H5	1	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H6	18	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	
H7	1	.	.	.	.	T	.	.	T	C	.	.	.	A	C	.	.	.	.	T	C	.	.	G	.	.	.	.	
H8	1	.	.	.	.	T	.	.	.	.	A	.	.	A	.	.	C	G	.	.	.	.	G	.	.	T	C	.	
H9	3	.	.	C	T	.	T	T	.	.	.	.	T	A	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H10	10	.	.	C	.	.	T	T	.	.	.	.	T	A	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
H11	1	.	.	C	.	.	T	T	.	.	.	.	T	A	.	T	C	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	
H12	12	.	.	.	.	A	T	.	.	.	.	T	T	A	.	T	C	.	C	T	.	.	.	.	.	.	.	.	
H13	4	.	.	.	.	A	T	.	.	.	.	T	T	A	.	T	C	.	C	T	.	T	.	.	.	.	.	.	

4.22. Paçalı Tavuk Irklarında Haplotip Mesafe Haritai ve Isı Haritası

Genetik uzaklık haritai, iki haplotip arasındaki nükleotid sayısındaki farklılığa göre hesaplanmıştır. Şekil 4.16'da haplotipler arası genetik uzaklık filogenetik ağaç ve ısı haritai ile gösterilmiştir. Filogenetik ağacın her bir dalı, haritate karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir. Isı haritai sonucuna göre; Birbirine bir nükleotid farkla en yakın haplotipler; H1-H2, H2-H3, H2-H5, H2-H6, H4-H5, H9-H10, H10-H11 haplotipleridir. En büyük fark ise onüç nükleotidle H7-H9 ve H7-H11 haplotipleri arasında tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.5'teki sonuçlarla uyum içerisinde.

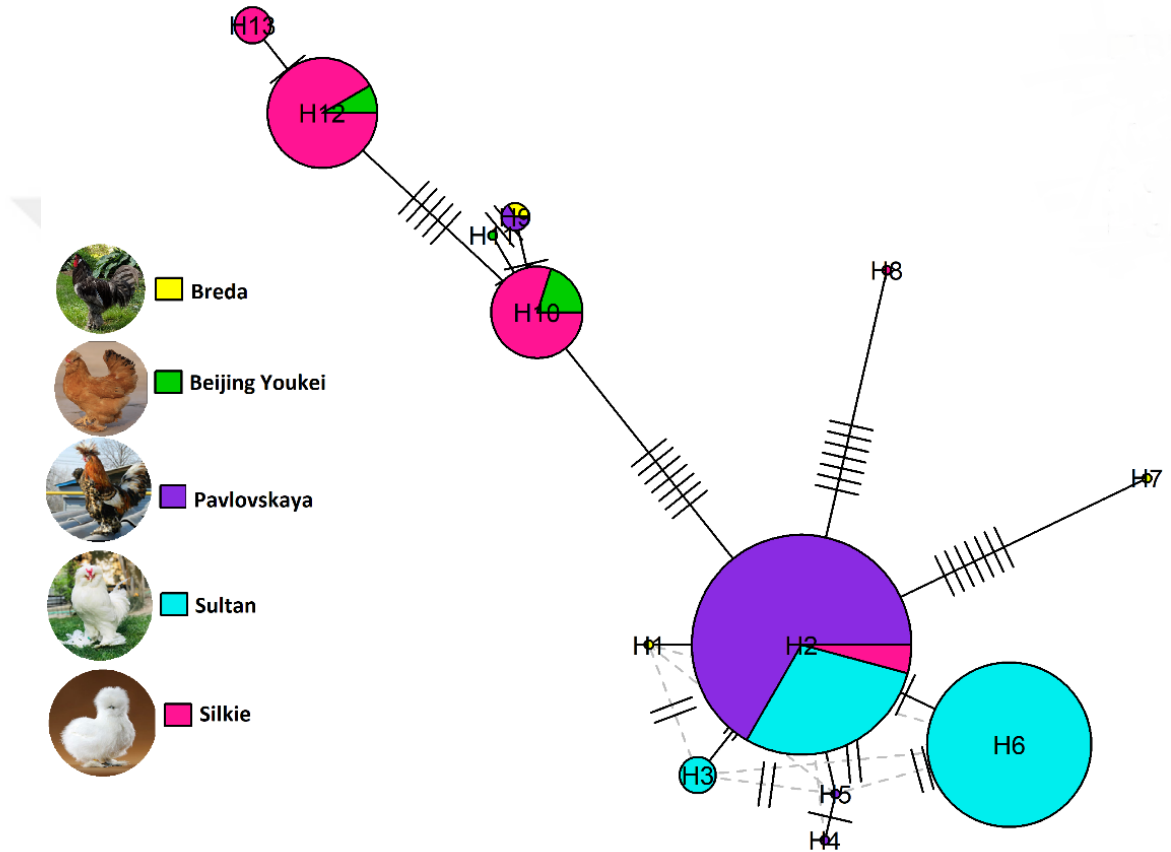


Şekil 4.15. Paçalı ırklarda oluşan haplotipler arasındaki ısı haritası

4.23. Paçalı Tavuk Popülasyonlarında Haplotip Ağ Analizi

Haplotipler arasındaki genetik ilişki ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Şekil 4.17'de haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Bu nedenle haplotip daireleri içerisindeki her dilim bir bireyi temsil etmektedir. Haplotipler arasındaki bağlantılar üzerinde bulunan her çizgi bir nükleotid temsil etmektedir. Sultan ırkıyla paça yönünden benzer tavuk ırkları renklendirilip şematize edilmiştir. Paça tüyü özelliği bakımından benzerlik gösteren tavuk ırkları arasında mtDNA D-Loop dizisine dayalı haplotip ağ analizi sonucunda; 18 birey sadece

H6 haplotipinde tanımlanırken, 7 birey ise Pavlovskaya ve Silkie ırkları ile aynı haplotipte (H2) yer almıştır. Sultan ırkı popülasyonundan 4 birey H3 haplotipinde yer alarak ayrı bir küme oluşturmuştur. Sultan ırkı tavuk popülasyonlarının büyük bir kısmını kapsayan H6 ile onu takiben gelen H2 haplotipleri arasında ise sadece bir nükleotid farklılık bulunmuştur. Sadece 4 adet Sultan ırkını kapsayan H3 haplotipi ise H6 haplotipinden sadece iki nükleotid farklılık göstermektedir.



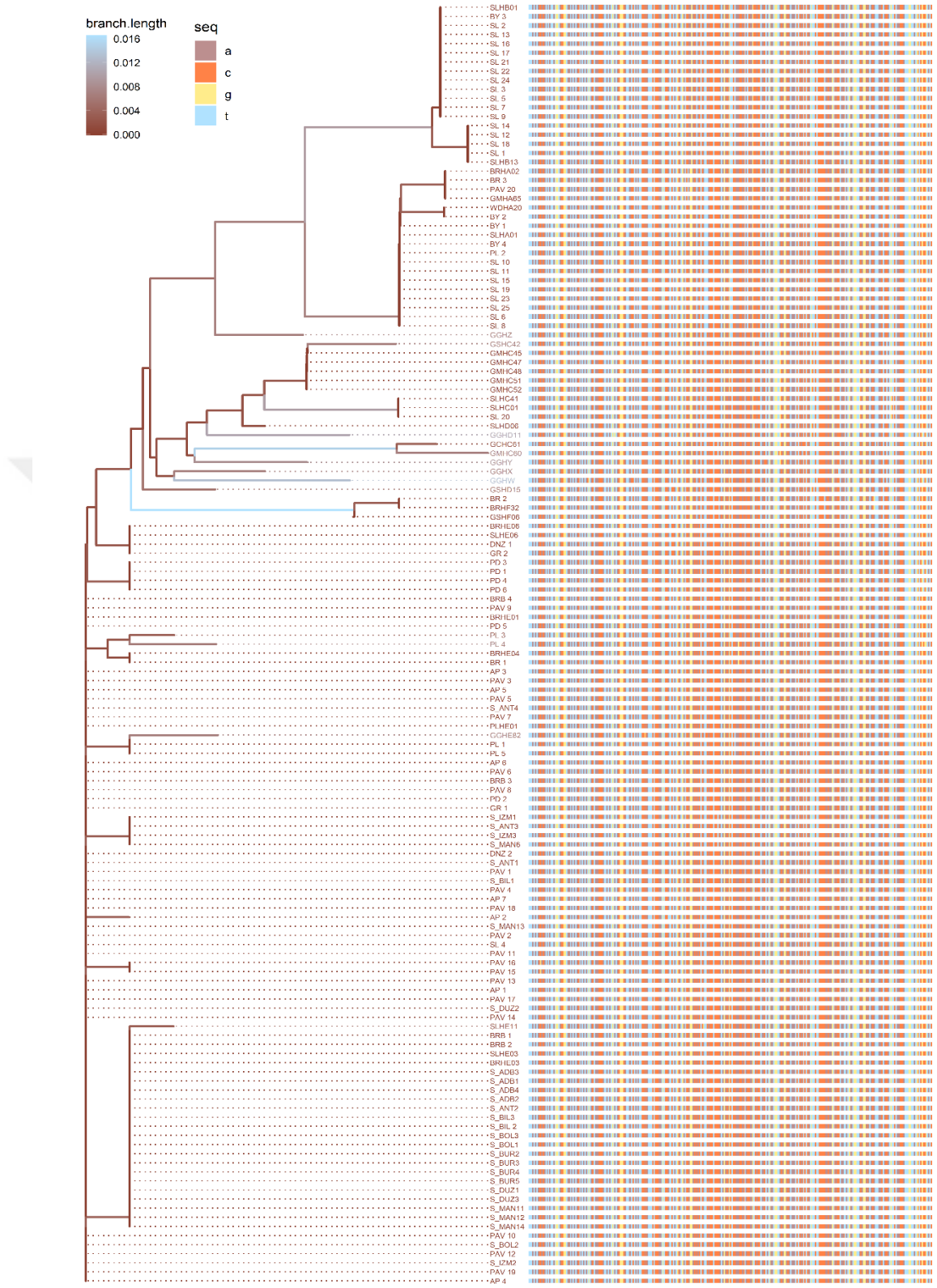
Şekil 4.16. Paçalı tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı

4.25. Sultan Tavuk Irkının mtDNA D-Loop Bölgesine Dayalı Maternal Köken Analizi

Sultan tavuk ırkına diğer tavuk ırklarıyla mtDNA D-Loop bölgesi bakımından maternal köken analizi yapılmıştır. Analizde referans tavuk ırklarına ait mtDNA D-Loop bölgesi dizisi (310 bp) NCBI alınarak toplam 141 birey kullanılmıştır [Sultan (S), Appenzeller (AP), Breda (BR), Brabanter (BRB), Pavlovskaya (PAV), Padova (PD), Polish (PL), Silkie (SL), Beijing Youkei (BY), Denizli (DN), Gerze (GR), Gallus gallus murghi (GMHX, GMHY, GMHZ, GMHW), Gallus gallus spadiceus (GSHB), Red Jungle folw (GGHE, GGHF)]. Filogenetik ağaçtan elde edilen sonuçlara göre; Sultan ırkının evcil tavuğun atası olarak kabul edilen kırmızı orman tavuğu ve diğer tavuk ırkları ile karşılaştırmalı analizi sonucunda Sultan ırkının bütün bireyleri aynı ağacın dallarında

ya da genetik varyasyon anlamında birbiriyle çok küçük farklılık gösteren dallar arasında çıkmıştır. Morfolojik olarak benzer ve yerli tavuk ırklarıyla çok yakın genetik ilişkide olduğu tespit edilmiş ancak Beijing youkei ırkına uzak bulunmuştur.





Şekil 4.17. Filogenetik bir ağaç ile görselleştirilmiş mtDNA analizine ait dendrogram

Genetik mesafe koyu renkten açık renge doğru artmaktadır. Bireyler arasındaki dizi varyasyonu, nükleotid başına %0,2 olarak saptanmıştır.

4.26. Tavuk Irklarında yapılan Haplotip Analizi

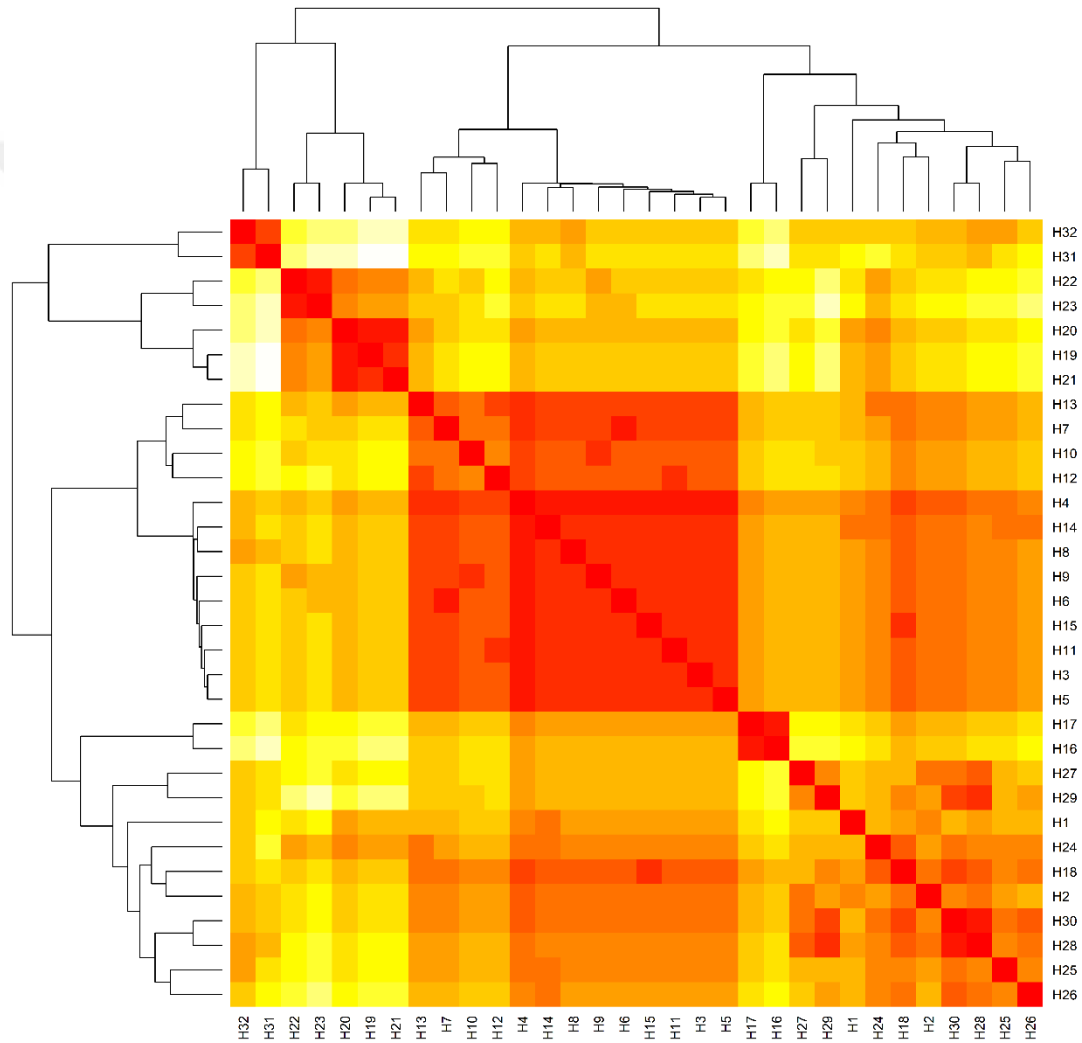
Paça tüyü özelliği gösteren tavuk ırkına ait bireylerin mtDNA D-Loop dizi analizi sonrası 32 adet haplotip (H1-H32) tespit edilmiştir. Haplotipler arasında 46 polimorfik bölge tespit edilmiş olup nükleotid pozisyonları Çizelge 4.6'da verilmiştir. Tavuk popülasyonları içerisinde frekansı en yüksek olan hapotip H4 haplotipi olarak tespit edilmiş ve bu haplotip haplogrup E'yi temsil etmektedir. Analiz yapılan tavuk popülasyonlarında haplotip çeşitliliği 0,882 ve Nükleotid çeşitliliği; 0,016 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.7. Haplotiplerin sekansları ve frekansları (H: Haplotipler, B: Birey sayısı)

H	B	Nükleotid Pozisyonu																																																			
		1 0	4 6	6 7	8 0	9 0	1 0 1	1 0 8	1 1 0	1 1 2	1 2 3	1 2 5	1 3 0	1 3 5	1 3 7	1 3 8	1 4 6	1 4 7	1 4 9	1 5 5	1 5 6	1 5 9	1 6 2	1 6 7	1 6 9	1 7 4	1 7 8	1 8 3	1 9 3	1 9 4	2 1 1	2 1 2	2 1 9	2 2 3	2 2 8	2 3 0	2 3 9	2 4 0	2 4 3	2 4 5	2 6 6	2 6 8	2 7 4	2 7 6	2 8 0	3 0 4	3 0 5						
H1	1	C	C	A	C	A	A	A	T	T	C	G	T	A	T	C	C	C	T	G	A	C	C	A	T	C	T	C	T	T	A	C	T	T	C	C	A	C	T	C	A	A	T	A	T	T	T	C	C				
H2	1	.	T	.	T	.	.	T	.	.	.	.	C	.	.	C	C	.	.	A	.	.	.	T	C	T	C	T	T	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C		
H3	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H4	39	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H5	2	G	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H6	22	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H7	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H8	4	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H9	2	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H10	1	.	T	.	T	.	G	.	.	.	.	.	C	C	.	C	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H11	2	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H12	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H13	1	.	T	.	T	.	C	C	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H14	4	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H15	4	.	T	.	T	.	.	.	.	C	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H16	2	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C
H17	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	C	.	.	G	.	.	.	.	C	C	.	C	C			
H18	1	.	T	.	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	T	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	C	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C			
H19	4	.	T	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C		
H20	12	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H21	2	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	T	.	.	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H22	13	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C		
H23	5	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C		
H24	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C			
H25	1	.	T	.	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	T	T	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C			
H26	1	.	T	G	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H27	3	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H28	5	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H29	1	.	T	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H30	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C	
H31	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	C	C		
H32	1	.	T	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	T	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.	A	C		

4.27. Haplotip Mesafe Haritai ve Isı Haritası

Genetik uzaklık haritai, iki haplotip arasındaki nükleotid sayısındaki farklılığa göre hesaplanmıştır. Şekil 4.18'de haplotipler arası genetik uzaklık filogenetik ağaç ve ısı haritası ile gösterilmiştir. Isı haritası sonucuna göre; Birbirine bir nükleotid farkla en yakın haplotipler; H3-H4, H4-H5, H4-H6, H4-H8, H4-H9, H4-H11, H4-H14, H4-H15, H6-H7, H16-H17, H19-H20, H20-H21, H22-H23 ve H28-H30 haplotipleridir. En büyük fark ise onbeş nükleotidle H19-H31 ve H21-H31 haplotipleri arasında tespit edilmiştir. Isı haritainden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.6'daki sonuçlarla uyumludur.

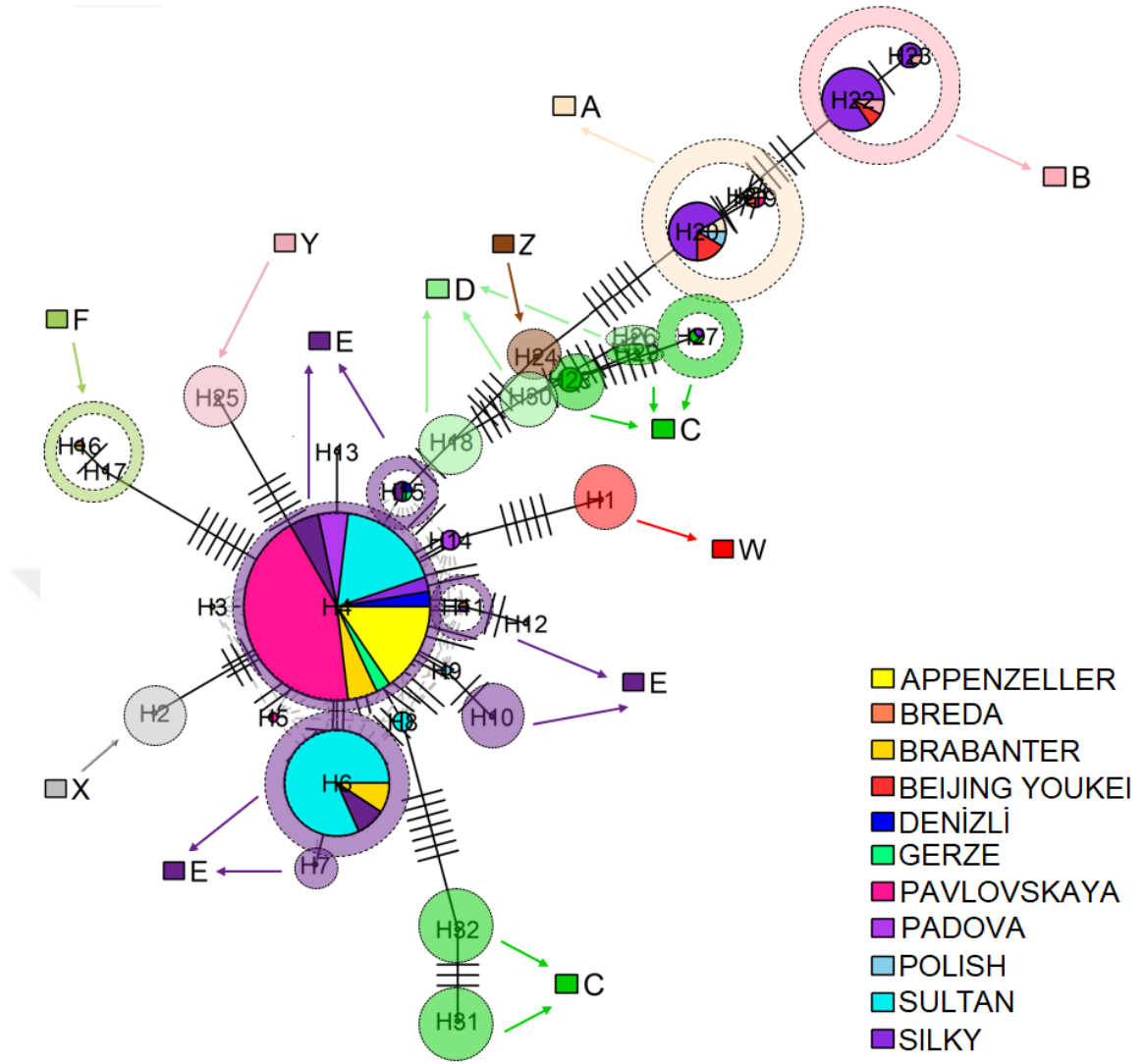


Şekil 4.18. Haplotipler arasındaki nükleotid farklılıklarının sayısına göre görselleştirilen ısı haritası

Filogenetik ağacın her bir dalı, haritate karşılık gelen haplotipi temsil etmektedir. Haplotipler arası yakın genetik ilişkiler koyu kırmızı renkle, uzak genetik ilişkiler beyaz renkle belirtilmiştir.

4.28. Tavuk Popülasyonlarında Haplotip Ağ Analizi

Haplotipler arasındaki genetik ilişki ağı RStudio yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Şekil 4.19’da haplotiplerin çapı sahip olduğu birey sayısına göre şematize edilmiştir. Bu nedenle haplotip daireleri içerisindeki her dilim bir bireyi temsil etmektedir. Haplotipler arasındaki bağlantıların üzerinde bulunan her çizgi her bir nükleotidi temsil etmektedir. Sultan ırkıyla morfolojik olarak benzer ırklar, yerel ırklar ve haplogrupları temsil eden bireyler renklendirilip şematize edilmiştir. Genetik kökenin ortaya koyulması için yapılan haplotip ağ analizinde literatürde önceden belirlenen A, B, C, D, E, F, W, X, Y, Z haplogruplarına mensup bireyler kullanılmıştır (Miao vd. 2013). Haplotip ağ analizi sonucunda tavuk popülasyonları içerisinde frekansı en yüksek haplotip H4 (39 birey) ve onu takiben 22 bireyi kapsayan H6 haplotipi bulunmuştur. Yapılan analizde 29 adet Sultan tavuğu kullanılmış ve bu bireylerden 18 tanesi H6 haplotipinde tanımlanmış olup Silkie ve Appenzeller ırklarından bireylerle aynı haplotipte yer almıştır. Sultan tavuk ırkına ait 7 birey ise popülasyonda frekansı en yüksek (39 birey) olan H4 haplotipinde Appenzeller, Padova, Brabanter, Gerze, Denizli, Pavlovskaya, Polish, Silkie ve literatürde belirtilen ve HaplogrupE’ ye dahil olan tavuk ırklarıyla birlikte tespit edilmiştir (Şekil 4.20). Sultan ırkına ait geri kalan 4 birey ise H8 haplotipini oluşturmaktadır. Şekil 4.20’de görüldüğü üzere Sultan tavuk ırklarının dahil olduğu Haplotipler arasında; H4-H6 arasında bir nükleotid, H4-H8 arasında bir nükleotid ve H6-H8 arasında ise iki nükleotid farklılık gözlenmiştir. Yapılan analiz sonucunda Sultan popülasyonlarını oluşturan bireyler çok yakın bulunmuş ve fizyolojik olarak benzer ırklar ve Türkiye’nin tescilli yerli tavuk genotipini oluşturan Denizli ve Gerze tavuk ırklarıyla mtDNA D-Loop dizi analizine dayanarak yakından ilişkili bulunmuştur.



Şekil 4.19. Tavuk popülasyonlarında oluşturulan haplotip ağı

5. TARTIŞMA

Türkiye'nin farklı lokasyonlarındaki Sultan ırkı tavuk popülasyonlarından (Adapazarı, Antalya, Bolu, Bilecik, Düzce, Bursa, Manisa, İzmir) elde edilen 29 adet mtDNA Dloop (1514 bp) dizisinde yapılan analiz sonucunda 5 polimorfik bölgeyi temsil eden 3 haplotip tespit edilmiştir. Oluşan haplotipler arasında nükleotid çeşitliliği oldukça düşük bulunmuş olup genetik açıdan birbirine çok yakın olduğu açık bir şekilde gözlenmiştir. Saptanan haplotiplerden popülasyonda frekansı en yüksek olan ise 18 birey ile H1 haplotipi olmuştur. Lokasyonlara göre yapılan bu analiz sonucunda aynı illerden alınan örneklerin büyük bir kısmı aynı haplotipi paylaştığı görülmüş bu sonuç lokal olarak yetiştirilen bireylerdeki genetik varyasyonun korunmuş olduğunu ortaya koymuştur. Analiz sonucunda Sultan ırkı tavuk popülasyonundaki haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla 0.557, 0.001 olarak bulunmuştur. Bu bulgular doğrultusunda bireyler arasındaki genetik varyasyonun çok düşük olduğu fakat bu oluşan varyasyonların korunmuş olduğu yapılan analizle ifade edilse de geniş kapsamda bu kanıyı artırmak için birey sayısının artırılması daha doğru bir yaklaşım olacaktır.

Sultan ırkı ayakta 5 parmak sayısı, V ibik şekli, baş üzerindeki tepe tüyleri ve ayak bileklerini örten paça tüyleri gibi morfolojik özellikler bakımından birçok tavuk ırkından farklılık göstermektedir. Bu özellikler tek tek veya aynı andan birkaç tavuk ırkında da yer alabilmektedir. Bu yüksekisans tez çalışmasında Sultan tavuk ırkının mtDNA D-Loop bölgesinin dizi analizinin yanı sıra Sultan tavuk ırkının benzer morfolojik özelliklere sahip diğer tavuk ırklarıyla mtDNA D-Loop dizi analizine dayalı genetik karşılaştırması ortak morfolojik özellikler baz alınarak yapılmıştır.

Genel olarak, tavukların her ayağında dört ayak parmağı bulunmaktadır. Polidaktil özellik gösteren kanatlı tür ve ırklarında ise ekstra ayak parmakları bulunmaktadır. Bu ekstra çıkan ayak parmakları, gelişmiş omurgalılardaki parmak oluşum mekanizmasından farklılık göstermektedir (Warren 1944). Yaygın olarak diğer türlerde preaksiyal polidaktilite veya PPD olarak adlandırılan tavuklarda ise otozomal dominant bir gen olan polidaktilite (Po) geninin kalıtımıyla aktarılan bir özellik olan polidaktilite bir iskelet kusurudur (Somes 1990). Bu iskelet kusuru Sultan, Silkie (Zhang vd. 2016), Beijing You (He vd. 2017) ve diğer birkaç tavuk ırkında tanımlanmıştır. Sultan ırkı ile Silkie ırkının yüksek derecede fenotipik benzerlik göstermesinden kaynaklı bu iki ırkının yakından ilişkili olduğu bildirilmiştir (Dorshorst 2010). Bu tez çalışmasında ise Sultan ırkına hem polidaktilite özelliği gösteren hem de dış görünüş itibarıyla benzer Silkie ve Beijing Youkei tavuk ırklarının mtDNA D-Loop bölgesinin 468 bp'lik kısmı karşılaştırılmıştır. Yapılan karşılaştırma analizi sonucunda 8 haplotip belirlenmiştir. Silkie ve Beijing Youkei tavuk ırkları Sultan tavuk ırklarından ayrı bir küme oluştururken, Sultan tavuk ırkı ise kendi içerisinde 3 haplotip oluşturmuş ve Sultan tavuk ırklarının oluşturduğu bu kümelerle sadece Silkie ırkından iki birey dahil olmuştur. Her ne kadar Sultan ırkına ait üç haplotip belirlenmiş olsa da haplotipler arasında en fazla 2 nükleotid farklılık tespit edilmiştir. Bu sonuç Sultan ırkı haplotipleri arasındaki genetik varyasyonun nükleotid bazında oldukça düşük olduğunu göstermiştir. Ayrıca yapılan karşılaştırma analizi NCBI'da Silkie ve Beijing Youkei ırklarına ait sekanslara uyumlu olarak 468 bp'lik bir bölgede analiz yapılmıştır. Sınırlı bir bölgeyi kapsayan bu analizde birbirine fenotipik olarak son derece benzer Sultan, Silkie ve Beijing Youkei tavuk ırkları birbiriyle ilişkili olarak düşünülse de Sultan ırkı incelenen mtDNA D-Loop bölgesi bakımından ayrı bir küme oluşturmuştur. Sultan ırkının dahil olduğu H2 haplotipi diğer ırkların bulunduğu

haplotiplere 7 ve 8 nükleotid farklılığı göstererek Silkie ve Beijing Youkei ırklarından 468 bç'lik bölgede ayrıldığını açıkça ortaya koymuştur.

Tavuklar ibik şekli bakımında; gül ibik, balta ibik, bezelye ibik, yastık ibik, düğün çiçeği ibiği, çilek ibik, çatal ibik olmak üzere 7 gruba ayrılmaktadır. Bu ibik şekillerinden en yaygın olanı ise balta ibiktir. V-dubleks veya çatal olarak adlandırılan ibik yapısına sahip olan Sultan ırkı ibik şekli bakımından da birçok tavuk ırkından farklılık göstermektedir. V ibik yapısının, yabani formda resesif iki allel tarafından kontrol edilen balta ibik formundan farklı olarak üç allel gen tarafından kontrol edildiği ve tavuklarda koyu tüylenmeyle alakalı olan *CMC1* geninin içerisinde oluşan bir mutasyondan kaynaklandığı bildirilmiştir (Dorsthorst 2015). Sultan ırkına benzer bir biçimde V ibik yapısına sahip olan Appenzeller, Polish, Gerze, Brabanter tavuk ırklarının mtDNA D-Loop bölgesinin 448 bç'lik dizisine dayalı karşılaştırma analizi yapılmıştır. Yapılan bu analizde 11 adet haplotip bulunmuş ve bu haplotiplerde H3, H6 ve H7 haplotipleri Sultan tavuk ırkında tanımlanmıştır. Saptanan Haplotipler arasında nükleotid farklılığı oldukça düşük bulunurken H3 haplotipi bakımından Appenzeller ve Brabanter ırkları ibik yapısı özelliği bakımından benzerlik göstermiştir. Sultan ırkının oluşturduğu diğer bir haplotip olan H6 haplotipi Brabanter ırkında da tanımlanmıştır. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesinin 448 bç'lik bölgesinde yapılan analiz sonucu Sultan ırkı kendi içerisinde konservatif bir yapı göstererek varyasyon sergilememiş ve Brabanter ırkı ile ibik özelliği bakımından yakın bulunmuştur.

Sultan tavuk ırkını süs tavukçuluğunda en çok ön plana çıkaran özelliği kafa üzerindeki gösterişli tüy yapısıdır. Osmanlı döneminde padişahların kullandığı kavukları andıran bu morfolojik yapı sebebiyle ırkın “sultan” olarak adlandırıldığı düşünülmektedir. Kafatası üzerindeki kraniyal deride uzun tüylerin gelişimini destekleyen bir otozomal mutasyon (Cr) etkisindeki tepe tüyü özelliği, Sultan tavuğunda olduğu gibi Appenzeller, Crèvecœur, İzlanda, Jinhwu, Polonya, Silkie ve Sulmtaler tavuk ırklarında da görülmektedir (Wang vd. 2012). Sultan ırkı gibi birçok tavuk ırkında bulunan bu özelliğin ortak bir atadan kalıtıldığı düşünülmektedir (Wang vd. 2012). Sultan ırkına tepe tüyü özelliği bakımından benzerlik gösteren Appenzeller, Breda, Brabanter, Polish, Padova, Silkie ve Pavlovskaya ırklarının mtDNA D-Loop dizisine ait 349 bç'lik bölgenin karşılaştırmalı analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda 17 haplotip elde edilmiş ve bu haplotiplerden H4, H6 ve H10 haplotipleri Sultan ırkında tanımlanmıştır. İncelenen diğer özelliklerde olduğu gibi tepe tüyü özelliği bakımından yapılan genetik karşılaştırma analizinde de Sultan ırkı haplotipleri arasındaki nükleotid varyasyonu oldukça düşük bulunmuştur. Sultan ırkı bireyleri H10 haplotipi yönünden Brabanter ırkı ile aynı yerde kümelenirken ve H4 haplotipi yönünden Padova, Pavlovskaya, Silkie, Brabanter ve Appenzeller ırkları birbiriyle ilişkili bulunmuştur. Bu sonuç tepe tüyü özelliğini determine eden mutasyonun (Cr) ortak bir atadan aktarıldığı düşüncesini kanıtlar niteliktedir. Morfolojik olarak Polish tavuk ırkı Sultan ırkıyla son derece benzerlik gösterse de maternal kalıtımı temsil eden mtDNA D-Loop bölgesinin 349 bç'lik bölgesine dayalı yapılan karşılaştırma analizi sonucunda tamamen ayrı bir yerde kümelendiği ve buna karşın Polish ırkının Silkie ile yakından ilişkili olduğu bulunmuştur.

Sultan ırkını yabani formdaki tavuk ırklarından ayıran bir diğer özellik de paça tüyüdür. Bu özellik bakımından benzerlik gösteren Breda, Beijing Youkei, Silkie ve Pavlovskaya ırklarının mtDNA D-Loop dizisine ait 368 bç'lik bölgenin karşılaştırmalı

analizi yapılmıştır. Yapılan bu analiz sonucunda 13 adet haplotip tespit edilmiş olup bu haplotiplerden H2, H3 ve H6 haplotipleri Sultan tavuklarında tanımlanmış ve bu haplotipler arasında nükleotid varyasyonu çok düşük bulunmuştur. H2 ve H6 haplotipleri sadece Sultan ırkında tanımlanmıştır. H3 haplotipi bakımından Pavlovskaya ve Silkie ırkları Sultan ırkına benzerlik göstermiştir. Sultan ırkında bulunan spesifik özellikler bakımından yapılan mtDNA D-Loop dizi analizleri sonucunda Sultan ırkına maternal olarak en benzer tavuk ırkının Pavlovskaya ırkı olduğu tespit edilmiştir. Pavlovskaya ırkı Rusya'nın yerel bir ırkı olup tepe tüyü ve çatal ibik bakımından Sultan ırkına benzerlik göstermektedir.

Mitokondriyal DNA, yıllar içerisinde hayvan tür ve ırklarının genetik kökenlerinin tespit edilip yayılış bölgelerinin belirlenmesindeki en önemli dayanak olarak kabul görmüş ve tavuklarda yapılan çalışmalarda en önemli genetik belirteç olarak kullanılmaktadır. Tavukların atası olarak kabul edilen Kırmızı orman tavuğundan günümüze kadar varyasyon gösteren tavuk ırklarında yapılan mtDNA D-Loop dizilerine dayalı filogenetik çalışmalarda nükleotid sekansına göre oluşturulan haplotipler farklı coğrafyalar ve farklı ırklarda temsil edilmektedir. Tespit edilen bu haplotipler kendi içlerinde nükleotid bazındaki genetik ilişkiye göre haplogrupları ve alt haplogrupları oluşturmaktadır. Sultan tavuk ırkının mtDNA D-Loop bölgesine dayalı yapılan dizi analizinde Sultan ırkının maternal kalıtım gösterdiği coğrafyayı ve diğer tavuk ırklarıyla olan genetik ilişkisini tespit edebilmek için yaygın olarak gözlenen ve literatürde belirtilen A, B, C, D, E, F, H, X, Y, Z, W haplogruplarına ait bireyler analize dahil edilmiştir (Miao vd. 2013). Toplam 141 birey ve bu bireyleri temsil eden 310 bç'lik D-Loop bölgesinde yapılan analiz sonucunda popülasyon içerisinde 46 polimorfik bölgeyi temsil eden 32 haplotip belirlenmiş ve bu haplotiplerden en yüksek haplotip frekansına sahip olan H4 haplotipinin içerisinde Sultan ırkına ait 7 birey ile Brabanter, Appenzeller, Polish, Silkie, Padova, Pavlokskaya, tavuk ırklarından bireyler de yer almıştır. Yerli tavuk ırklarımız Denizli ve Gerze ırkları da aynı haplotipin içerisinde yer almış ve Sultan tavuğunun, yerli tavuk ırklarıyla benzer genetik kökene dayandığı tespit edilmiştir. H4 haplotipi ise E haplogrubuna tanımlanmış ve bu haplogrup'a giren Denizli ve Gerze yerel tavuk ırkları önceki yapılan çalışmalarla örtüşmektedir (Meydan vd. 2016). E haplogrubu içerisinde yer alan diğer tavuk ırkları da önceki çalışma sonuçları ile uyum içerisinde (Li vd. 2020; Miao vd. 2013; Gao vd. 2017). Sultan ırkına ait bireylerin dahil olduğu E haplogrubu, Hint, Orta Doğu ve Avrupa tavuk ırkları arasında en konservatif Haplogrup olduğu ve bu haplogrubun Hindistan alt kıtasından köken aldığı bildirilmiştir (Lyimo vd. 2015). Tarihi kayıtlar ve arkeolojik bulgular, Avrupa'da başlayan Demir Çağı'nın erken dönemlerinden bu yana evcil tavukların varlığını ortaya çıkartarak yayılış rotalarının iki ticaret yolu üzerinde gerçekleştiğini bildirmiştir. Bunların en önemlilerinden birisi Çinden Rusya'ya uzanan Kuzey yolu diğeri ise İran ve Akdeniz üzerinden İndus vadisine uzanan Güney yoludur (West ve Zhou 1988; Crawford 1995; Tixier-Boichard vd. 2011; Storey vd. 2012). Bu yüksekisans tez çalışmasında elde edilen sonuçlar E Haplogrubunda yer alan Sultan ırkının genetik köken bakımından orijine yakın olduğunu desteklemektedir. Tavuğun ilk olarak Çin-Hindistan bölgesinde evcilleştirilmesi sonrasında Anadolu üzerinden diğer kıtalara yayıldığı bildirilirken (Storey vd. 2012) birçok kaynakta orijini Türkiye olarak gösterilen Sultan ırkının diğer yerli ırklarımızla aynı haplogrupta yer alması ırkın coğrafik kökeninin Anadolu olarak gösterilmesini destekler niteliktedir. Tez çalışması örnekleminde birbiriyle akrabalık geçmiş bulunmayan farklı lokasyonlardaki sürülerden örneklemeler yapılmasına rağmen Sultan

ırkı mtDNA D-Loop bölgesi dizi varyasyonu bakımından oldukça konservatif bir genetik yapı sergilemiştir.



6. SONUÇLAR

Anadolu yüzyıllardan beri birçok medeniyete ev sahipliği yapmış ve çeşitli ticaret yolları ile birçok kültürün kaynaşmasına olanak sağlamıştır. Sahip olduğu coğrafi konumu sebebiyle birçok hayvan tür ve ırkına ev sahipliği yapmıştır. Sahip olduğu zengin biyo-çeşitliliğe rağmen bugün ülkemizde sadece Denizli ve Gerze (Hacıkadın) yerel tavuk ırkları resmi olarak tescil edilmiş durumdadır. Uzun yıllardır ülkemiz şartlarına uyum sağlamış birçok yerel tavuk ırkı mevcut olmasına karşın bu kanatlı tür ve ırklarının morfolojik ve genetik özellikleri hakkında ne yazık ki yeterli sayıda çalışma bulunmamaktadır. Bu durum mevcut kanatlı biyoçeşitlilik kaynaklarının bilinmemesine ve risk durumunun tespit edilememesine neden olmaktadır. Bu bağlamda yapılan tez çalışmasında uzun yıllardır Türkiye’de yetiştirilen ancak henüz tescil edilmemiş tavuk ırklarından birisi olan Sultan tavuğunun mtDNA dizi analizine dayalı genetik karakterizasyonunu hedeflenmiştir. Tez kapsamında Türkiye’nin 8 farklı lokasyonundan Sultan tavuk ırkına ait örnekler toplanmış ve mtDNA dizi analizi yapılmıştır. Analiz sonucunda Sultan tavuk ırkına ait bireyler yakından ilişkili bulunarak konservatif bir popülasyon yapısı saptanmıştır.

Sultan ırkını yabani tavuk formundan ayıran birçok özelliği bulunmaktadır. Bunlardan ibik şeklinin çatral ibik olması, her ayağında 5 adet parmak bulunması, tepe tüyü özelliği göstermesi, paça yapısına sahip olması gibi morfolojik farklılıklar bulunmaktadır. Sultan tavuk ırkı bulundurduğu bu özellikler sayesinde yetiştiriciler tarafından özel ilgiyle yetiştirilmektedir. Morfolojik olarak bu özellikleri bulunduran tavuklar yakından ilişkili olarak düşünülmekte ve akrabalık derecelerinin yakın olduğu ön görülmektedir. Bu bağlamda Sultan tavuk ırkına morfolojik olarak benzerlik gösteren ve GenBank’ta sekansları bulunan diğer tavuk ırklarıyla da mtDNA dizi analizi yapılmıştır. Yapılan karşılaştırma analizi sonucu Sultan tavuk ırkı diğerlerinden ayrı bir küme oluşturmuştur. GenBank’tan elde edilen verilerle yapılan bu analizde Sultan tavuk ırkı analiz edilen bu bölge bakımından konservatif bir yapı sergilemiştir.

Literatürde önceden bildirilen ve filocoğrafik konumu belli olan tavuk ırkları, tescilli yerli ırklarımız (Denizli ve Gerze) ve morfolojik olarak benzerlik gösteren tavuk ırklarıyla yapılan mtDNA dizi analizinde Sultan tavuk ırkı morfolojik olarak benzerlik gösteren ırklar ile yapılan mtDNA dizi analizinde Sultan tavuk ırkı yerli ırklar ve morfolojik olarak benzerlik gösteren tavuk ırkları ile E Haplogrubunda yer almıştır. Bu analiz sonucunda Sultan tavuk ırkı ve yerli ırkların aynı haplogrupta yer alması Sultan tavuğunun orjininin Türkiye toprakları olduğu kanısını arttırmaktadır. Yapılan tez çalışmasında elde edilen veriler doğrultusunda Sultan tavuk ırkı için ırk tescil başvurusunda bulunulacak ve bu sayede sınırlı sayıda tescil edilmiş yerli tavuk ırklarımıza bir yenisi eklenmiş olacaktır.

7. KAYNAKLAR

- Aksoy, T., 1994. Tavuk Yetiştiriciliği, ikinci basım, *Şahin matbaası*, Ankara s.28.
- Aktas, C., 2020. Haplotypes: Manipulating DNA Sequences and Estimating Unambiguous Haplotype Network with Statistical Parsimony. [Internet]. Available from: <https://cran.r-project.org/web/packages/haplotypes/index.html>
- Al Rawi, S., Louvet-Vallée, S., Djeddi, A., Sachse, M., Culetto, E., Hajjar, C., ... & Galy, V., 2011. Postfertilization autophagy of sperm organelles prevents paternal mitochondrial DNA transmission. *Science*, 334(6059), 1144-1147.
- Anonymous 1: <https://tr.pinterest.com/search/pins/?q=gallus> [Son erişim tarihi: 20.12.2020]
- Anonymous 2: <https://www.rijksmuseum.nl/nl/zoeken/objecten?q=Van+Aelst&p> [Son erişim tarihi: 01.01.2021]
- Anonymous 3: <https://www.skullsunlimited.com/products/copy-of-real-domestic-chicken-skeleton> [Son erişim tarihi: 03.01.2021]
- Anonymous 4: <https://pacotraver.wordpress.com/2015/10/07/mitochondria-mon-amour> [Son erişim tarihi: 10.12.2020].
- Avise, J., C., Arnold, J., Ball, R., M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J., E., & Saunders, N., C., 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual review of ecology and systematics*, 18(1), 489-522.
- Babayev, E., and Seli, E., 2015. Oocyte mitochondrial function and reproduction. *Current opinion in obstetrics & gynecology*, 27(3), 175.
- Ballard, J., W., O., 1992. Evidence from 12S ribosomal RNA sequences that onychophorans are modified arthropods. *Science*, 258: 1345-1348.
- Bartels, T., 2003. Variations in the morphology, distribution, and arrangement of feathers in domesticated birds. *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution*, 298(1), 91-108.
- Batu, S., 1959. Tavuk Yetiştirme. *Ankara Üni. Vet. Fak. Yayınları*, 100, Ankara.
- Bhuiyan, M., S., A., Chen, S., Faruque, S., Bhuiyan, A., K., F., H., & Beja-Pereira, A., 2013. Genetic diversity and maternal origin of Bangladeshi chicken. *Molecular biology reports*, 40(6), 4123-4128.
- Bilgemre, K., 1950. Tavuk Yetiştirmek. Ankara Üniversitesi Yayınları 27. Ders Kitabı:12. Ankara Üniversitesi Basımevi, 395, Ankara
- Birky Jr, C., W., 2001. The inheritance of genes in mitochondria and chloroplasts: laws, mechanisms, and models. *Annual review of genetics*, 35(1), 125-148.
- Bodenhofer, U., Bonatesta, E., Horejs-Kainrath, C., Hochreiter, S., 2015. Msa: an R package for multiple sequence alignment. *Bioinformatics*. 31(24): 3997-3999.
- Boudali, S., F., Al-Jumaili, A., S., Bouandas, A., Mahammi, F., Z., Tabet Aoul, N., Hanotte, O., & Gaouar, S., B., S., 2020. Maternal origin and genetic diversity of

- Algerian domestic chicken (*Gallus gallus domesticus*) from North-Western Africa based on mitochondrial DNA analysis. *Animal Biotechnology*, 1-11.
- Brandt, A., E., 1936. A note on Dominant White and Crest in poultry. *Journal of Heredity*, 27(2), 79-82.
- Breton, S., Beaupre, H., D., Stewart, D., T., Hoeh, W., R., and Blier, P., U., 2007. The unusual system of doubly uniparental inheritance of mtDNA: isn't one enough? *Trends in genetics*, 23(9), 465-474.
- Brothwell, D., 1979. Roman evidence of a crested form of domestic fowl, as indicated by a skull showing associated cerebral hernia. *Journal of Archaeological Science*, 6(3), 291-293.
- Brothwell, D., 1979. Roman evidence of a crested form of domestic fowl, as indicated by a skull showing associated cerebral hernia. *Journal of Archaeological Science*, 6(3), 291-293.
- Brown, A., H., D., 1989. Plant population genetics, breeding, and genetic resources. In International Symposium on Population Genetics and Germplasm Resources in Crop Improvement, University of California, Davis (USA), 1988. Sinauer Associates.
- Brown, E., 1929. Poultry Breeding and Production, Vol. 1. Ernest Benn, London.
- Chandel, N., S., 2015. Evolution of mitochondria as signaling organelles. *Cell metabolism*, 22(2), 204-206.
- Chinnery, P., F., & Hudson, G., 2013. Mitochondrial genetics. *British medical bulletin*, 106(1), 135-159.
- Crawford, R., D., 1990. Origin and history of poultry species. In: Poultry Breeding and Genetics (Ed. R. D. Crawford). *Elsevier*, Amsterdam, The Netherlands. pp. 1-41.
- Crawford, R., D., 1995. Origin, history, and distribution of commercial poultry. In: Poultry Production (Ed. P. Hunton). *Elsevier*, Amsterdam, The Netherlands. pp. 1-21.
- Crawfords, R., D., 1990. Poultry Breeding and Genetics. *Elsevier Science Publishers B. V.*, 1123, USA.
- Darwin, C., R., 1868. Variation of plants and animals under domestication.
- D'Autréaux, B., and Toledano, M., B., 2007. ROS as signalling molecules: mechanisms that generate specificity in ROS homeostasis. *Nature reviews Molecular cell biology*, 8(10), 813-824.
- Degli Esposti, M., 2014. Bioenergetic evolution in proteobacteria and mitochondria. *Genome biology and evolution*, 6(12), 3238-3251.
- Demin, A., G., Danilova, M., I., & Galkina, S., A., 2017. The analysis of the mtDNA D-Loop polymorphism for assessing the population diversity of the Pavlov chicken breed. *Russian Journal of Genetics: Applied Research*, 7(6), 585-591.
- Desjardins, P., Morais, R., 1990. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome. *Journal of Molecular Biology*, 212: 599-634.

- Díez-Sánchez, C., Ruiz-Pesini, E., Lapeña, A. C., Montoya, J., Pérez-Martos, A., Enríquez, J. A., & López-Pérez, M. J. 2003. Mitochondrial DNA content of human spermatozoa. *Biology of reproduction*, 68(1), 180-185.
- Dolezal, P., Likic, V., Tachezy, J., & Lithgow, T., 2006. Evolution of the molecular machines for protein import into mitochondria. *Science*, 313(5785), 314-318.
- Dorshorst, B., Harun-Or-Rashid, M., Bagherpoor, A., J., Rubin, C., J., Ashwell, C., Gourichon, D., ... & Andersson, L., 2015. A genomic duplication is associated with ectopic eomesodermin expression in the embryonic chicken comb and two duplex-comb phenotypes. *PLoS Genet*, 11(3), e1004947.
- Dorshorst, B., Okimoto, R., & Ashwell, C., 2010. Genomic regions associated with dermal hyperpigmentation, polydactyly and other morphological traits in the Silkie chicken. *Journal of Heredity*, 101(3), 339-350.
- Düzgüneş, O., 1990. Hayvancılıkta Genetik Kaynaklar, Türkiye'nin Biyolojik Zenginlikleri. Ed. Aykut Kence. Türkiye Çevre Sorunları Vakfı Yayınları.
- Dyomin, A., G., Danilova, M., I., Mwacharo, J., M., Masharsky, A., E., Panteleev, A., V., Druzhkova, A., S., ... & Galkina, S., A., 2017. Mitochondrial DNA D-loop haplogroup contributions to the genetic diversity of East European domestic chickens from Russia. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 134(2), 98-108.
- FAO, 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, FAO Rome. <http://www.fao.org/dad-is/risk-status-of-animal-genetic-resources/en/> son erişim tarihi: 25.08.2020
- FAO, 2015. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome <http://www.fao.org/3/a-i4787e.pdf> (Erişim Tarihi: 31 Temmuz 2018).
- Fisher, R., A., 1934. Crest and hernia in fowls due to a single gene without dominance. *Science*, 80(2074), 288-289.
- Flink, L., G., Allen, R., Barnett, R., Malmström, H., Peters, J., Eriksson, J., ... & Larson, G., 2014. Establishing the validity of domestication genes using DNA from ancient chickens. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(17), 6184-6189.
- Frahm, H., D., & Rehkämper, G., 1998. Allometric comparison of the brain and brain structures in the white crested polish chicken with uncrested domestic chicken breeds. *Brain, Behavior and Evolution*, 52(6), 292-307.
- Frahm, H., D., Rehkämper, G., & Werner, C., W., 2001. Brain alterations in crested versus non-crested breeds of domestic ducks (*Anas platyrhynchos* fd). *Poultry science*, 80(9), 1249-1257.
- Freitas, M., J., Vijayaraghavan, S., & Fardilha, M., 2017. Signaling mechanisms in mammalian sperm motility. *Biology of Reproduction*, 96(1), 2-12.
- Gray M., W., Burger G., Lang, B., F., 1999. Mitochondrial evolution. *Science*; 283:1476–81.

- Hall, J., E., and Hall, M., E., 2020. Guyton and Hall textbook of medical physiology. Elsevier Health Sciences. *e-Book*
- Hartl, D., L., 1987. A primer of population genetics 2nd Edition Sinauer. Associates Inc Publishers Sunderland, Massachusetts <http://cmpgunibech/software/arlequin3>.
- Hata, A., Takenouchi, A., Kinoshita, K., Hirokawa, M., Igawa, T., Nunome, M., ... & Tsudzuki, M., 2020. Geographic Origin and Genetic Characteristics of Japanese Indigenous Chickens Inferred from Mitochondrial D-Loop Region and Microsatellite DNA Markers. *Animals*, 10(11), 2074.
- Haynes, C., M., Fiorese, C., J., & Lin, Y., F., 2013. Evaluating and responding to mitochondrial dysfunction: the mitochondrial unfolded-protein response and beyond. *Trends in cell biology*, 23(7), 311-318.
- He, C., Chen, Y., Yang, K., Zhai, Z., Zhao, W., Liu, S., ... & Meng, H., 2017. Genetic pattern and gene localization of polydactyly in Beijing fatty chicken. *PLoS One*, 12(5), e0176113.
- Heinrichs, E., A., Medrano, F., G., Rapusas, H., R., 1985. Genetic evaluation for insect resistance in rice. International Rice Research Institute, Manila, Philippines.
- Henry, M., F., & Vignais, P., M., 1980. Production of superoxide anions in *Paracoccus denitrificans*. *Archives of biochemistry and biophysics*, 203(1), 365-371.
- Hori, H., Osawa, S., 1987. Origin and evolution of organisms as deduced from 5S ribosomal RNA sequences. *Mol Biol Evol*; 4:445-72.
- Huang Y., Q., Deng, X., M., Du, Z., Q., Qiu, X., Du, X., Chen, W., ... & Li, N., 2006. Single nucleotide polymorphisms in the chicken *Lmbr1* gene are associated with chicken polydactyly. *Gene*, 374, 10-18.
- Islam, M., A., Osman, S., A., M., & Nishibori, M., 2019. Genetic diversity of Bangladeshi native chickens based on complete sequence of mitochondrial DNA D-Loop region. *British Poultry Science*, 60(6), 628-637.
- İnalçık, H., 1959. Osmanlılarda Raiyyet Rüşumu, *Belleten*, 23(92): 575- 610.
- Jia, X., Lu, J., Tang, X., Fan, Y., Ge, Q., & Gao, Y. (2020). Characterization and phylogenetic evolution of mitochondrial genome in Tibetan chicken. *Animal Biotechnology*, 1-7.
- Jia, X., X., Lu, J., X., Tang, X., J., Fan, Y., F., Huang, S., H., Ge, Q., L., & Gao, Y., S., 2018. Genetic diversity of Jiangsu native chicken breeds assessed with the mitochondrial DNA D-Loop region. *British poultry science*, 59(1), 34-39.
- Joller, S., Ammann, P., Flury, C., & Drögemüller, C., 2018. Evaluation of HOXC 8 in crested Swiss chicken. *Animal genetics*, 49(4), 334-336.
- Karaesmen, F., 1944. Tavukçuluk. Yüksek Ziraat Enstitüsü Basımevi, 222, Ankara
- Kress, W., J., Prince, L., M., Williams, K., J., 2002. The phylogeny and a new classification of the gingers (Zingiberaceae): evidence from molecular data. *Am J Bot.*;89(10): 1682-1696.

- Li, Q., Zhang, P., Li, M., Li, L., Hu, Y., Mishra, S., K., ... & Duan, Y., 2020. Genetic diversity and relationship of Dulong chickens using mitochondrial DNA control region. *Mitochondrial DNA Part B*, 5(1), 275-280.
- Liu, Y., P., Wu, G., S., Yao, Y., G., Miao, Y., W., Luikart, G., Baig, M., ... & Zhang, Y., P., 2006. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Molecular phylogenetics and evolution*, 38(1), 12-19.
- Liu, Z., G., Lei, C., Z., Luo, J., Ding, C., Chen, G. H., Chang, H., ... & Wu, S., L., 2004. Genetic variability of mtDNA sequences in Chinese native chicken breeds. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 17(7), 903-909.
- Luo, S., Valencia, C., A., Zhang, J., Lee, N., C., Slone, J., Gui, B., ... & Huang, T., 2018. Biparental inheritance of mitochondrial DNA in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(51), 13039-13044.
- Lyimo, C., M., Weigend, A., Msoffe, P., L., Hocking, P., M., Simianer, H., & Weigend, S., 2015. Maternal genealogical patterns of chicken breeds sampled in Europe. *Animal genetics*, 46(4), 447-451.
- Martin, W., & Müller, M., 1998. The hydrogen hypothesis for the first eukaryote. *Nature*, 392(6671), 37-41.
- Meadow, R., W., 1986. The geographical and palaeoenvironmental setting of Tepe Yahya. In: Tepe Yahya: The Early Period. (Ed. Beak, T.W.) *Harvard University Press*, Cambridge, Massachusetts.
- Meydan, H., Jang, C., P., Yıldız, M., A., & Weigend, S., 2016. Maternal origin of Turkish and Iranian native chickens inferred from mitochondrial DNA D-Loop sequences. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 29(11), 1547.
- Miao, Y., W., Peng, M., S., Wu, G., S., Ouyang, Y., N., Yang, Z., Y., Yu, N., ... & Palanichamy, M., G., 2013. Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes. *Heredity*, 110(3), 277-282.
- Özdemir, D., 2019. İспенç Tavuğu ve Horozlarında Bazı Morfolojik Özellikler. *Journal of Natural & Applied Sciences*, 23.
- Özdemir, D., Özdemir, A.E. De Marchi, M. Cassandro, M. 2013. Türk ve İtalyan yerel tavuk ırklarının korunması: Bir durum analizi. *Italian Journal of Animal Science*, 12(2): 313-319. ISSN 1828-051X.
- Özdoğan, N., Gürcan, İ., S., ve Bilgen, A., 2007. Denizli ve Gerze Yerli Tavuklarında Yumurta Ağırlığı ve Yumurta Ağırlığının Tekrarlanma Derecesi. *Lalahan Hay. Araşt. Enst. Derg.*, 47(1);21-28.
- Özdoğan, N., ve Gürcan, İ., S., 2006. Denizli ve Gerze yerli tavuk ırklarında yumurta veriminine ait bazı özellikler. *Lalahan Hay. Araşt. Enst. Derg.*, 46(2);13-21.
- Pagliarini, D., J., & Rutter, J., 2013. Hallmarks of a new era in mitochondrial biochemistry. *Genes & development*, 27(24), 2615-2627.
- Paradis, E., 2010. Pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach. *Bioinformatics*;26(3): 419-420.
- Patron, M., Raffaello, A., Granatiero, V., Tosatto, A., Merli, G., De Stefani, D., ... & Rizzuto, R., 2013. The mitochondrial calcium uniporter (MCU): molecular

- identity and physiological roles. *Journal of Biological Chemistry*, 288(15), 10750-10758.
- Pinheiro, H., P., de Souza, Pinheiro, A., Sen, P., K., 2005. Comparison of genomic sequences using the Hamming distance. *J Stat Plan Infer*;130(1-2): 325-339.
- Pitel, F., Bergé, R., Coquerelle, G., Crooijmans, R. P., Groenen, M. A., Vignal, A., & Tixier-Boichard, M. 2000. Mapping the naked neck (NA) and polydactyly (PO) mutants of the chicken with microsatellite molecular markers. *Genetics Selection Evolution*, 32(1), 1-14.
- Politi, Y., Gal, L., Kalifa, Y., Ravid, L., Elazar, Z., & Arama, E., 2014. Paternal mitochondrial destruction after fertilization is mediated by a common endocytic and autophagic pathway in *Drosophila*. *Developmental cell*, 29(3), 305-320.
- Presa, P., Pardo, B., G., Marinez, P., Bernatchez, L., 2002. Phylogeographic congruence between mtDNA and rDNA ITS markers in brown trout. *Molecular Biology and Evolution*, 12: 2161-2175
- R Core Team, 2019. R: A language and environment for statistical computing [Internet]. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2019. Available from:
- Ramalho-Santos, J., Varum, S., Amaral, S., Mota, P., C., Sousa, A., P., & Amaral, A., 2009. Mitochondrial functionality in reproduction: from gonads and gametes to embryos and embryonic stem cells. *Human reproduction update*, 15(5), 553-572.
- Revay, T., Bodzsar, N., Mobegi, V., E., Hanotte, O., & Hidas, A., 2010. Origin of Hungarian indigenous chicken breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences. *Animal genetics*, 41(5), 548-550.
- Reynier, P., May-Panloup, P., Chretien, M. F., Morgan, C. J., Jean, M., Savagner, F., ... & Malthiery, Y. (2001). Mitochondrial DNA content affects the fertilizability of human oocytes. *Molecular human reproduction*, 7(5), 425-429.
- Ross, L., Telfer, T., Falconer, L., Soto, D., & Aguilar-Manjarrez, J., 2012. Food and Agriculture Organization of The United Nations Rome.
- Saitou, N., Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol*;4(4): 406-425.
- Sato, K., and Sato, M., 2017. Multiple ways to prevent transmission of paternal mitochondrial DNA for maternal inheritance in animals. *The Journal of Biochemistry*, 162(4), 247-253.
- Sato, M., & Sato, K., 2011. Degradation of paternal mitochondria by fertilization-triggered autophagy in *C. elegans* embryos. *Science*, 334(6059), 1141-1144.
- Schwartz, M., & Vissing, J., 2002. Paternal inheritance of mitochondrial DNA. *New England Journal of Medicine*, 347(8), 576-580.
- Scrivener, D., 2006. Rare poultry breeds. *Crowood Press*.
- Sena, L., A., & Chandel, N., S., 2012. Physiological roles of mitochondrial reactive oxygen species. *Molecular cell*, 48(2), 158-167.
- Serebrovsky, A., S., & Petrov, S., G., 1928. A case of close autosomal linkage in the fowl. *Journal of Heredity*, 19(7), 305-306. e1004947.

- Sewell, R., B., S., and GUHA, B., S., 1931. Zoological remains. In: Mohenjo-Daro and the' Zndus Civilization 11. (Ed. Marshall, J.) Arthur Probsthain, London, pp. 649-73.
- Shi, L., & Tu, B., P., 2015. Acetyl-CoA and the regulation of metabolism: mechanisms and consequences. *Current opinion in cell biology*, 33, 125-131.
- Shoubridge, E., A., & Wai, T., 2007. Mitochondrial DNA and the mammalian oocyte. *Current topics in developmental biology*, 77, 87-111.
- Somes, Jr, R., G., 1990. Mutations and major variants of muscles and skeleton in chickens. *Poultry breeding and genetics*.
- Song, W., H., Yi, Y., J., Sutovsky, M., Meyers, S., & Sutovsky, P., 2016. Autophagy and ubiquitin-proteasome system contribute to sperm mitophagy after mammalian fertilization. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(36), E5261-E5270.
- St John, J., C., Sakkas, D., & Barratt, C., L., 2000. A role for mitochondrial DNA and sperm survival. *Journal of andrology*, 21(2), 189-99.
- Stevens, L., & Lewis, S., 1991. Genetics and evolution of the domestic fowl. *Cambridge University Press*.
- Storey, A., A., Athens, J., S., Bryant, D., Carson, M., Emery, K., DeFrance, S., ... & Matisoo-Smith, E., 2012. Investigating the global dispersal of chickens in prehistory using ancient mitochondrial DNA signatures. *PloS one*, 7(7), e39171.
- Sun, Y., Liu, R., Zhao, G., Zheng, M., Sun, Y., Yu, X., ... & Wen, J., 2014. Genome-wide linkage analysis and association study identifies loci for polydactyly in chickens. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 4(6), 1167-1172.
- Svingen, T., & Tonissen, K., F., 2006. Hox transcription factors and their elusive mammalian gene targets. *Heredity*, 97(2), 88-96.
- Şekeroğlu, A., 1994. Gerze (Hacıkadı) ve Denizli Tavuk Irklarının Yumurta Verimi ve Kalite Özellikleri. Yüksek Lisans Tezi, OMU, Samsun.
- Şekeroğlu, A., Özen, N., 1997. Gerze ve Denizli Tavuk Irklarının Bazı Verim Özellikleri Bakımından Karşılaştırılması. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 10:41-57.
- Tagem, 2009. Türkiye Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Tanıtım Kataloğu. Ankara. <https://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/Katalog%20Türkçe.pdf>
- Tegetmeier, W., B., F., Z., S., 1867. The Poultry Book. London: Routledge and sons, the broadway, Ludgate, New York: 416 Broome Street.
- Tixier-Boichard, M., Bed'hom, B., & Rognon, X., 2011. Chicken domestication: from archeology to genomics. *Comptes rendus biologiques*, 334(3), 197-204.
- Vertika, S., Singh, K., K., & Rajender, S., 2020. Mitochondria, spermatogenesis, and male infertility-an update. *Mitochondrion*.
- Wai, T., Ao, A., Zhang, X., Cyr, D., Dufort, D., & Shoubridge, E., A., 2010. The role of mitochondrial DNA copy number in mammalian fertility. *Biology of reproduction*, 83(1), 52-62.

- Wang, Y., Gao, Y., Imsland, F., Gu, X., Feng, C., Liu, R., ... & Li, N., 2012. The crest phenotype in chicken is associated with ectopic expression of HOXC8 in cranial skin. *PloS one*, 7(4), e34012.
- Wang, Y., Gao, Y., Imsland, F., Gu, X., Feng, C., Liu, R., ... & Chen, K., 2012. The crest phenotype in chicken is associated with ectopic expression of HOXC8 in cranial skin. *PloS one*, 7(4).
- Warren, D., C., 1944. Inheritance of polydactylism in the fowl. *Genetics*, 29(3), 217.
- Weigend, S., & Groeneveld, L., F., 2008. Molecular characterization of genetic diversity in chickens. *Globaldiv Newsletter*, 5, 5, 9.
- Wellen, K., E., & Thompson, C., B., 2012. A two-way street: reciprocal regulation of metabolism and signalling. *Nature reviews Molecular cell biology*, 13(4), 270-276.
- West, A., P., Khoury-Hanold, W., Staron, M., Tal, M., C., Pineda, C., M., Lang, S., M., ... & Kaech, S., M., 2015. Mitochondrial DNA stress primes the antiviral innate immune response. *Nature*, 520(7548), 553-557.
- West, B., & Zhou, B., X., 1988. Did chickens go north? New evidence for domestication. *Journal of archaeological science*, 15(5), 515-533.
- White, D., J., Wolff, J., N., Pierson, M., & Gemmell, N., J., 2008. Revealing the hidden complexities of mtDNA inheritance. *Molecular Ecology*, 17(23), 4925-4942.
- Wright, S., 1978. The Theory Of Gene Frequencies. Evolution And The Genetics Of Populations. *University Of Chicago Press*. Vol. 4
- Xu, J., 2005. The inheritance of organelle genes and genomes: patterns and mechanisms. *Genome*, 48(6), 951-958.
- Yılmaz, O., 2012. Güvercin (Columba Livia) yetiştiriciliği. *Veni Vidi Vici Yayınları*, Ankara, 218 s.,
- Yu, G., Smith, D., K., Zhu, H., Guan, Y., Lam, T., T., Y., 2020. Ggtree: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data. *Methods Ecol Evol*. 2017;8(1): 28-36.
- Yu, G., Using ggtree to Visualize Data on Tree-Like Structures. *Curr Protoc Bioinformatics*;69(1): e96.
- Zeki, S., 1931. Asri tavukçuluk. Hüsniyat Matbaası.
- Zeuner, F., E., 1963. A history of domesticated animals. *A history of domesticated animals*.
- Zhang, D., X., Hewitt, G., M., 1997. Insect mitochondrial control region: a review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25: 99-120.
- Zhang, J., Wang, Q., Wang, M., Jiang, M., Wang, Y., Sun, Y., ... & Wang, Y., 2016. GASZ and mitofusin-mediated mitochondrial functions are crucial for spermatogenesis. *EMBO reports*, 17(2), 220-234.

- Zhang, T., Liu, H., Yang, L., K., Yin, Y., J., Lu, H., Z., & Wang, L., 2018. The complete mitochondrial genome and molecular phylogeny of Lueyang black-bone chicken. *British poultry science*, 59(6), 618-623.
- Zhang, Z., Nie, C., Jia, Y., Jiang, R., Xia, H., Lv, X., ... & Qu, L., 2016. Parallel evolution of polydactyly traits in Chinese and European chickens. *PLoS One*, 11(2), e0149010.



8. EKLER

EK-1. Veri analizinde kullanılan tavuk ırklarının GenBank ID'leri

Organizma	İrk	GenBank ID
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141230.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141231.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141232.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141233.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141234.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141235.1
<i>Gallus gallus</i>	Appenzeller	KP141236.1
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227993.1
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227994.1
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227995.1
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227996.1
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227997.1
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	KP141245.1
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	KP141246.1
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	KP141247.1
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	KP141248.1
<i>Gallus gallus</i>	Polish	KP141334.1
<i>Gallus gallus</i>	Polish	KP141335.1
<i>Gallus gallus</i>	Polish	KP141336.1
<i>Gallus gallus</i>	Polish	KP141337.1
<i>Gallus gallus</i>	Polish	KP141338.1

EK-1.'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307097.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307096.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307095.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307094.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307093.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307092.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307091.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307090.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307089.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307088.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307087.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307086.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307085.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307084.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307083.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307082.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307081.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307080.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307079.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307078.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307077.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307076.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307075.1

EK-1'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307074.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307073.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307072.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307071.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307070.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307069.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307068.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307067.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307066.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307065.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307064.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307063.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307062.1
<i>Gallus gallus</i>	Pavlovskaya	KP307061.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	AB007746.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	AB007747.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	AB007740.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	AB007735.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	AB007733.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308085.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308084.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308083.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308082.1

EK-1'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308081.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308080.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308079.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308078.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308077.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308076.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308075.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308074.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308073.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308072.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308071.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308070.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308069.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308068.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308067.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308066.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308065.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308064.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308063.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308062.1
<i>Gallus gallus</i>	Silky	KY308061.1
<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141412.1
<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141411.1

EK-1'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141410.1
<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141409.1
<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141408.1
<i>Gallus gallus</i>	Padovana	KP141407.1
<i>Gallus gallus</i>	Breda	HM015603
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ228000
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227995
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	AF512158
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	EU847789
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus spadiceus</i>	HM462202
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus gallus</i>	AB009441
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus gallus</i>	D82901
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	EU847756
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus bankiva</i>	D82898
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	HM015610
<i>Gallus gallus</i>	Polish	HM015610
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	GU447581
<i>Gallus gallus</i>	Red Jungle fowl	GU448666
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU448923
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU447617
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU448603
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU447597
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU447596

EK-1'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU447643
<i>Gallus gallus</i>	Breda fowl	HM015609
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU448498
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU447613
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus spadiceus</i>	D82907
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	AF512153
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	AF512157
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	GU447585
<i>Gallus gallus</i>	Silkie	GU448560
<i>Gallus gallus</i>	Silkie	AB263948
<i>Gallus gallus</i>	Breda fowl	HM015613
<i>Gallus gallus</i>	Jiangsu Silkies	GU448532
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	GU447581
<i>Gallus gallus</i>	Silkie	AB263966
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	HM015614
<i>Gallus gallus</i>	Bairiong Silkie	GQ227998
<i>Gallus gallus</i>	Brabanter	HM015612
<i>Gallus gallus</i>	Silkie	AB263953
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	GU448928
<i>Gallus gallus</i>	Red Junglefowl	AF512156
<i>Gallus gallus</i>	Silkie	AB009432
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus gallus</i>	AB009437
<i>Gallus gallus</i>	<i>Gallus gallus murghi</i>	EU847749

EK-1'in Devamı

<i>Gallus gallus</i>	Gallus gallus murghi	EU847795
----------------------	----------------------	----------

EK-2. İzole edilen DNA örneklerinin Biodrop ölçümü

İzole Edilen Birey Kodu	BioDrop Ölçümü
BOLG-1	49 ng/μl
BOL-2	1760 ng/μl
BOL2-1	91 ng/μl
ANT-1	85 ng/μl
ANT-2	585 ng/μl
ANT-3	48 ng/μl
ANT-4	46 ng/μl
BUR-2	89 ng/μl
BUR-3S	62 ng/μl
BUR-4S	53 ng/μl
BUR-5S	12 ng/μl
IZM-1	49 ng/μl
IZM-2	21 ng/μl
IZM-4	66 ng/μl
ADP-3	50 ng/μl
ADP-1	519 ng/μl
ADHA-1	109 ng/μl
ADNN-3	26 ng/μl
ADN-4	11 ng/μl
DUZ-1	74 ng/μl

EK-2 'in Devamı

DUZ-2Y	2027 ng/μl
DUZ-3Y	935 ng/μl
MAN-6	20 ng/μl
MAN-11	81 ng/μl
MAN-12	61 ng/μl
MAN-13	262 ng/μl
MAN-14	47 ng/μl
BİL-2	101 ng/μl
BİL-7A	3054 ng/μl
BİL-10	79 ng/μl

ÖZGEÇMİŞ

Kemal ESKİOĞLU



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2019-2021	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji ABD, Haysansal Biyoteknoloji BD, Antalya.
Lisans	Süleyman Demirel Üniversitesi
2014-2018	Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Isparta.

ESERLER

Uluslararası bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

1. **ESKİOĞLU K, ÖZDEMİR D, 2019.** Kanatlı Biyoçeşitliliğinin Tanımlanması ve Korunmasında Kullanılan Moleküler Yöntemler. “4th International Anatolian Agriculture, Food, Environment and Biology Congress”, 20-22 April, Afyon/TURKEY.
2. **ESKİOĞLU K, ÖZDEMİR D, 2019.** Sultan Tavuk Irkının Tarihçesi ve Karakteristik Özellikleri. “1st International Congress of Alternative Poultry and Ornamental Birds”, 08-10 November, Antalya/TURKEY.
3. **ESKİOĞLU K, ÖZDEMİR D, 2020.** Nutrigenomic Approaches in Poultry “IV. International Congress on Domestic Animal Breeding, Genetics and Husbandry”, 12–14 August, Online.

PROJELER

1. Türkiye'deki Sultan Irkı Tavuk Popülasyonlarının mtDNA Dizi Analizine Dayalı Genetik Karakterizasyonu. Akdeniz Üniversitesi BAPKB, Proje No: FYL-2020-5434. (19.994,26 TL).