

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

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**SURUÇ YÖRESİ KOYUNLARIN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ANALİZİ**

**İsmail KAYA**

**ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

**ŞANLIURFA  
2016**

Yrd. Doç. Dr. Selahattin KİRAZ danışmanlığında İsmail KAYA'nın hazırladığı “**Suruç Yöresi Koyunların Moleküler Filogenetik Analizi**” konulu bu çalışma 29/06/2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Ana Bilim Dalı'nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

İmza

Danışman : Yrd. Doç. Dr. Selahattin KİRAZ .....

Üye : Yrd. Doç. Dr. Hasan KOYUN .....

Üye : Yrd. Doç. Dr. Ramazan BOZKURT .....

**Bu Tezin Zootekni Ana Bilim Dalı'nda Yapıldığını ve Enstitümüz Kurallarına Göre Düzenlendiğini Onaylıyorum.**

**Prof. Dr. Recep GÜNDOĞAN**  
Enstitü Müdürü

**Bu çalışma HÜBAK Tarafından Desteklenmiştir.**  
**Proje No: 15124**

**Not:** bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri kanunundaki hükümlere tabidir.

# İÇİNDEKİLER

## Sayfa No

ÖZET.....	i
ABSTRACT .....	ii
TEŞEKKÜR .....	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	v
SİMGELER DİZİNİ .....	vi
1. GİRİŞ .....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR .....	4
3. MATERYAL ve YÖNTEM .....	9
3.1. Materyal ve Örnek Toplama .....	9
3.2. Moleküler Çalışmalar .....	9
3.2.1. DNA izolasyonu .....	9
3.2.2. DNA agaroz jel elektroforezi .....	10
3.2.3. Primerlerin tasarlanması .....	11
3.2.4. D-loop gen bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) .....	12
3.2.5. DNA dizileme .....	13
3.3. DNA Polimorfizmi ve Filogenetik Analizler .....	13
3.3.1. DNA polimorfizmi .....	13
3.3.2. Filogenetik analizler .....	15
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA.....	16
4.1. Moleküler Analiz Bulguları .....	16
4.1.1. Genomik DNA izolasyonu .....	16
4.1.2. PCR sonuçları .....	16
4.2. Dizileme Sonuçları .....	17
4.3. Filogenetik Analiz Sonuçları .....	18
4.3.1. Suruç yöresi akkaraman koyunların D-loop gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler .....	18
4.3.1.1. D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler .....	19
4.3.2. Suruç yöresi koyunların haplogrupları ile diğer yerli koyun ırkları haplogrupları arasında filogenetik ilişkiler.....	22
4.3.3. Koyunların haplogrupları ile yabancı koyunlar arasında filogenetik ilişkiler .....	26
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER .....	28
KAYNAKLAR .....	30
ÖZGEÇMİŞ .....	32
EKLER .....	33

## ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

### SURUÇ YÖRESİ KOYUNLARIN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ANALİZİ

İsmail KAYA

Harran Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Zootečni Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Selahattin KİRAZ  
Yıl: 2016, Sayfa: 43

Bu çalışmada, Suruç yöresi koyunların filogenetik yapıları moleküler tekniklerle belirlenmeye çalışılmıştır. Koyunlardan genomik DNA izolasyonu için kan örnekleri toplanmış ve tüm örneklerden genomik DNA izole edilmiştir. Koyun DNA örneklerinde mitokondriyal D-loop bölgesini çoğaltmak için gerekli ileri ve geri primerler tasarlanmıştır. Koyun D-loop gen bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu tekniği (PCR) ile çoğaltılmıştır. PCR ürünlerinin gen dizi bilgileri elde edilmiştir. Populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı ( $H_d$ ) ve nükleotid farklılığı ( $\pi$ ) değerleri hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki, Suruç yöresi koyununa ait diziler ile referans haplogruplarla birlikte oluşturulan filogenetik ağaçta, 12 haplotipten, 3'ü A soyunda, 3'ü B soyunda, 4'ü C soyunda, 2'si E soyunda yer almıştır. Sonuç olarak, Suruç yöresi koyunların D-loop bölgesi gen dizileri belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerine göre koyunlarda mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylar), haplotipler ve yabani koyunlar arasında filogenetik ilişkiler belirlenmiştir.

**ANAHTAR KELİMLER:** Koyun, mtDNA, filogenetik, moleküler teknikler

## **ABSTRACT**

**MSc Thesis**

### **MOLECULAR PHYLOGENETIC ANALYSE OF SHEEP IN SURUÇ REGION**

**İsmail KAYA**

**Harran University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Animal Science**

**Supervisor: Assist. Prof. Dr. Selahattin KİRAZ  
Year: 2016, Page: 43**

In this research, determination of phylogenetic tree of sheep in Suruç province using molecular techniques was the main goal. Blood samples were collected for genomic DNA isolation in sheep, and genomic DNAs were isolated in all the samples. In DNA samples, necessary forward and reverse primers were designed to amplify mitochondrial D-loop gene region. Mitochondrial D-loop gene region were amplified by applying polymerase chain reaction (PCR) technique, and gene sequence information of PCR products were obtained. The rate of G+C, number of polymorphic site (S), number of haplotypes (h), haplotype diversity ( $H_d$ ), nucleotide diversity ( $\pi$ ) and total number of region for all populations were calculated. In this study, Suruç with local arrays of sheep in the phylogenetic tree created with reference haplogrup, 12 haplotype 3 in lineage A, 3 in lineage B, 4 in lineage C, 2 is located in lineage E. In conclusion, in sheep raised in Suruç region; D-loop regions were determined. Based on gene sequences, were determined mtDNA polymorphism, the phylogenetic relationship among mtDNA haplotypes and haplogroups, haplotypes and wild sheep.

**KEY WORDS:** Sheep, mtDNA, Phylogenetics, Molecular techniques

## TEŐEKKÜR

Tez alıőmam sűresince yardımlarını esirgemeyen, bilgi ve tecrűbesi ile bűyűk katkıları olan danıőman hocam Yrd. Do. Dr. Selahattin KİRAZ'a, Harran Ŭniversitesi Ziraat Fakűltesi Zootekni Bűlűmű Hayvansal Biyoteknoloji Laboratuvarında, destekleri dolayısıyla Do. Dr. Seyrani KONCAGŬL, Yrd. Do. Dr. Őahin ADIRCI, Yrd. Do. Dr. Ayfer BOZKURT KİRAZ hocalarıma ve laboratuarda alıőan űğrenci arkadaşlarıma, űzerimde bűyűk emekleri olan Harran Ŭniversitesi Ziraat Fakűltesi Zootekni Bűlűmű űğretim elamanlarına, tez alıőmam sűresince akademik ve manevi destekleri dolayısıyla Prof. Dr. Mehmet Ali ULLU hocama, yűksek lisans tezime maddi destek saėlayan Harran Ŭniversitesi Bilimsel Araőtırmalar Komisyonu Baőkanlıėı'na, her zaman desteklerini ve emeklerini esirgemeyen aileme, sevgilerimi, saygılarımı ve sonsuz teőekkűrlerimi sunarım.



## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<b>Sayfa No</b>
Şekil 4.1. Suruç yöresi koyunlarından izole edilen DNA'lar (M: marker) .....	16
Şekil 4.2. Suruç yöresi koyunlarında PCR ürünü jel görüntüsü .....	17
Şekil 4.3. Suruç yöresi D-loop bölgesi DNA ileri (forward) zincir kromatoğramı .....	17
Şekil 4.4. D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı .....	20
Şekil 4.5. D-loop bölgesine göre N-J ağacı .....	21
Şekil 4.6. Haplogrup C'de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P).....	22
Şekil 4.7. Haplogrup E'de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P) .....	23
Şekil 4.8. Haplogrup A'da bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P) .....	24
Şekil 4.9. Haplogrup B'de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P) .....	25
Şekil 4.10. Koyun haplogrupları ile yabancı koyunlar arasında filogenetik ilişkiler (K2P model) .....	27

## ÇİZELGELER DİZİNİ

	<b>Sayfa No</b>
Çizelge 3.1. PCR bileşenleri .....	12
Çizelge 3.2. PCR amplifikasyon şartları .....	13
Çizelge 4.3. Koyunlarda D-loop gen bölgesine göre DNA polimorfizmi .....	18
Çizelge 4.4. DNA D-loop bölgesine göre haplogruplar arasında genetik uzaklıklar (K2P model) .....	17



## SİMGELER DİZİNİ

A	Adenin
C	Sitozin
G	Guanin
T	Timin
bp	Baz çifti
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dH <sub>2</sub> O	Distile su
dNTP	Deoksi nükleotid trifosfat
EDTA	Etylendinitrilotetraasetat
Et-Br	Etidium Bromür
GC	Guanin-Sitozin
HCl	Hidroklorik asit
kb	Kilobaz
lt	Litre
gr:	Gram
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
U	Ünite
µmol	Mikromol
pmol	Pikomol
M	Molar
mM	Milimolar
mg/ml	Miligram/mililitre
NaCl	Sodyum klorür
NCBI	National Center for Biotechnology Institute
EBI	European Bioinformatics Institute
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
SDS	Sodium Dodesil Sülfat
sp.	Tür
TBE	Tris- Borik asit-EDTA
TE	Tris-EDTA
Tm	Erime sıcaklığı
UPGMA	Unweighed Pair Group Method of Aritmetic Averages
N-J	Neighbor-Joining metot
K2P	Kimura-2-paremetre model
H <sub>d</sub>	Haplotip farklılığı
π	Nükleotid farklılığı
HG	Haplogrup
<i>Cty b</i>	Sitokrom b geni
12S rRNA	12S ribozomal RNA geni
UV	Ultraviyole
V	Volt
w	Ağırlık

## 1. GİRİŞ

İnsan uygarlığının gelişimi ile koyun evcilleştirilerek geliştirilmiş ve bugün Dünya'nın her yerine yayılmıştır. Et, süt, lif ve deri gibi ürünlerinden yararlandığımız önemli çiftlik hayvanlarıdır. Küçükbaş hayvanların bakımı ve beslemelerinin kolay olmaları, zayıf otlak ve meraları iyi değerlendirmeleri, hastalıklara ve soğuklara dayanıklı olmaları, elde ettiğimiz ürünlerin piyasa değerinin iyi olması nedenleriyle yetiştiricilikleri yaygın olarak yapılabilmektedir. Özellikle, tarımsal faaliyette bulunan küçük aile işletmelerinin en güvenilir kaynağı küçükbaş hayvancılıktır.

Dünya'daki var olan koyun sayılarının 1 172 833 190 baş olarak belirtilmektedir (FAO, 2013). Türkiye'de var olan koyun sayımız 31 934 000 baş olarak belirtilmektedir (TUİK, 2015).

Türkiye'de var olan koyun sayısı son yıllarda yarıdan fazla azalmıştır. Bu yüzden gen kaynaklarımızın korunması vurgulanmaktadır. Türkiye'deki yerli hayvanlar gen kaynaklarından dolayı geniş genetik çeşitliklere sahiptir. Türkiye yerli gen kaynağının korumak amacı ile; ırkların genetik yapılarını belirlemek, sürülerin kayıtlarını tutmak, koyun kırklarının envanter çalışmalarını yapmak, yetiştirici birliklerini kurmak, Türkiye yerli koyun ırklarının et ve süt verimleri için uygun seleksiyon kriterlerini belirlemek gerekir (Soysal ve ark., 2003a). Tüm bu aşamaların başarıyla sonuçlanması için önem arz eden ve öncelik gerektiren aşamanın, yerli ırklarımızın genetik yapısının belirlenmesi, ırklar içi ve arası farklılıkların incelemeye alınması gerektiğini bildirmişlerdir (Soysal ve ark., 2003b).

Suruç yöresinde yetiştirilen koyunlar; yağlı kuyruklu, vücut renginin tamamına yakını beyaz ve boynuzsuzdur. Genellikle göz, burun, ağız çevreleri siyah beneklidir. Ancak büyük çoğunluğunda ağız ve burun çevresi siyah renktedir. Suruç yöresinde yetiştirilen koyunların bu özellikleri Akkaraman ırkı koyunların en belirgin morfolojik özelliklerindedir.

Bu çalışmada, Suruç yöresi Akkaraman koyunlarının filogenetik yapıları ile evcil koyun mtDNA soylar arası filogenetik ilişki belirlenmiştir. Ayrıca, bu çalışmada gen dizi bilgisinin Gen Bankasında saklanması, koyun filogenetik çalışmalarında, hayvanların ıslah çalışmasında, biyoçeşitlilik ve Dünya gen koruma çalışmasına katkı sağlayacaktır.

Suruç yöresi Akkaraman koyunlarda Mitokondriyal D-loop gen dizi bilgilerinin belirlenmesi ile mtDNA polimorfizmini, mtDNA haplotipleri ve soylarını tespit etmektir. Bu koyunların diğer koyun ırkları ile aralarındaki genetik uzaklık tespit etmeye çalışılmıştır.

Bu çalışma ile suruç yöresi Akkaraman koyunları filogenetik yapılar ile yabancı türler ve mtDNA soylar arasında filogenetik ilişkileri belirlenmiş olacaktır. Ayrıca, bu çalışma Suruç yöresi Akkaraman koyunların gen dizisi bilgileri Gen Bankasında kayıtlı tutulması, koyun üzerinde yapılacak filogenetik çalışmalara, Hayvan ıslaha, biyoçeşitlilik ve dünya gen koruma çalışmasına katkı sağlanması hedeflenmektedir.

Çalışmanın amacı; Suruç yöresi Akkaraman koyunların D-loop gen dizisinin belirlenmesiyle mtDNA polimorfizmini. mtDNA haplotipleri ve soylarını tespit etmektir.

Günümüzden yaklaşık 12000 yıl öncesine ait arkeolojik yapıların tespit edildiği Göbeklitepe'nin birçok evcil ve yabancı hayvan tasvirlerine sahip en eski kalıntılar ile evcilleştirme bölgesi içinde bulunması evcilleştirme tarihinin bu bölgeden başladığını destekler niteliktedir. Göbeklitepe'de ortaya çıkarılan ilginç buluntular arasında çöl varanı, sürüngen kabartmaları, yaban domuzları, turna, leylek, tilki, yılan, akrep, koyun ortaya çıkan bulgular yerleşik hayata geçen bu dönem insanının inançlarını yansıtan önemli bulguları oluşturmaktadır. hayvanların evcilleştirileceği ve böylelikle "neolitik" olarak adlandırılacak tarihsel evreye doğru yol almaktadır.

Göçebe halinde ve avcılıkla yaşayan insanlar da ilk kez burada av silahlarını bırakıp toprağı işlemeye ve yerleşik olmaya başladı. Hayvanları evcilleştirip onlardan yararlanmaya başlayan insanlar kendisine ev ve yatak yapmayı, topraktan çömlek yapmayı ve kendi yetiştirdiğı bitkilerden beslenmeyi öğrendi. Dolayısıyla evcilleştirme senaryosuna yönelik açıklamaları destekler niteliktedir.



## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Cinkulov ve ark. (2008), yaptıkları çalışmada, 7 Balkan Pramenka koyun ırklarında mikrosatelit belirteçler ve mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi (her ırktan 8-10 adet) ile genetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada, toplam 60 haplotipte, haplotip farklılığı 0.857-1.000 arasında, nükleotid farklılığı 0.0043-0.0220 arasında hesaplamışlar. Filogenetik analiz sonucu 60 haplotipi içeren NJ ağaçta, koyunların A (%6.3) ve B (%93.7) olmak üzere iki haplogrupa ayrıldıkları gösterilmiştir.

Hiendleder ve ark. (1998a), yaptıkları çalışmada, evcil koyunlar (*O.aries*) ile yabani koyunları arasındaki filogenetik ilişkiyi mtDNA D-loop bölgesinde PCR-RFLP yöntemini kullanarak araştırmışlardır. Araştırmacılar, 13 kesme enzimi ile 61 farklı fragment paterni değerlendirerek 254 yabani ve evcil koyunda 20 mtDNA haplotip tespit etmişlerdir. Bunlardan 14'ü evcil koyun, 3 muflon (*O.musimon*), 2 argali (*O.ammon nigrimontana*, *O.ammon collium*) ve 1 urial (*O.vignei bochariensis*) yabani koyundur. RFLP verilerine göre evcil koyun haplotiplerinde ortalama gen dizi farklılığı %0.492, muflon haplotiplerinde %0.091, iki argali alttürleri arasında %0.865, urial, argali ve muflon koyunları ile evcil koyunlar arasında ise sırasıyla %2.724, 2.115 ve 0.465 olarak hesaplamışlardır. Burada, genetik farklılık ve parsinomi analizlerinin evcil koyunların iki farklı soydan geldiklerini destekler nitelikte olduğu bildirilmiştir ve bunlar çoğunlukla Avrupa evcil koyunlarının yer aldığı Avrupa soyu ve diğeri ise Asya soyudur. Asya soyu bazı Avrupa ve merkez Asya evcil koyun ırklarını içermektedir. İki soy arasında ortalama gen dizi farklılığı %0.716 olarak verilmiştir. Filogenetik ağaçta, haplotipleri urial/argali, muflon/Avrupa evcil koyunları ve Asya evcil koyunları şeklinde üç ana branşta kümelendiği gösterilmiştir. Hiendleder ve ark. (1998b), iki major haplotiptin (A ve B) komple mtDNA dizisini çıkarmışlardır (AF010406 ve AF010407).

Hiendleder ve ark. (2002), evcil koyunların orjinini ve yabancı koyunların taksonomisini araştırmak için komple mtDNA kontrol bölgesininin (D-loop) dizi analizlerini yapmışlardır. Filogenetik analiz, Kanada (*O.canadensis canadensis*) Almanya (*O.musimon*), Türkmenistan (*O.vignei bochariensis*), Kazakistan (*O.vignei arkal*), Mongolya/Altay (*O.ammon ammon*), Mongolya/Gobi-Altay (*O.ammon darwini*), Kazakistan/Kara-Tau (*O.ammon nigrimontana*), Kazakısyan/Karaganda (*O.ammon collium*) yabancı koyunları ile, Kazakistan/Alma-Ata (Edilbey), Kazakistan/Taşkent (Astrachan), Tacikistan (Gizarr), Suriye (İvesi), Türkiye/Batı Türkiye (Dağlıç), Türkiye/Ege (Kıvırcık), Türkiye/merkez Anadolu (Akkaraman) evcil koyunlarını (*O. aries*) kapsamıştır. Filogenetik ağacı, mtDNA CR dizisinden maksimum benzerlik (maximum likelihood) algoritmasına göre kurmuşlardır. Araştırmacılar, evcil koyunlar ile bighorn koyun arasındaki ayrılma zamanı 5.63 milyon yıl, A kümesi ile B kümesi arasındaki zamanı ise 1.54 milyon yıl önce olarak hesaplamışlardır. Burada, muflon koyununun, küme B (Türkiye koyunları ağırlık B kümededir, %64)'nin yabancı ataları olduğu gösterilmiştir.

Kiraz (2009), Akkaraman ve İvesi koyunlarında, 12S rRNA, *Sitokrom b*, D-loop bölgesi gen dizi bilgilerine göre mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylarını), haplotipler ve yabancı türler arasında filogenetik ilişkileri belirlemiştir. 12S rRNA gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla,  $0.724 \pm 0.023$  ve  $0.00209 \pm 0.00008$  olarak bulmuştur. *Sitokrom b* gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla,  $0.857 \pm 0.0127$  ve  $0.00764 \pm 0.00026$  olarak bulmuştur. Referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan NJ filogenetik ağaçta, 16 haplotipten, 6'sı B soyunda, 1'i A soyunda, 1'i E soyunda 5'i C soyunda yer almış, AK06 ve IV13 örnekler farklı kümelenmiştir. D-loop gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı ise sırasıyla,  $0.990 \pm 0.002$  ve  $0.03051 \pm 0.0021$  olarak bulmuştur. Referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan NJ filogenetik ağaçta, 27 haplotipten, 9'u B soyunda, 9'u A soyunda, 7'si C soyunda yer almıştır. AK03 ve AK09 örnekleri ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır ve sadece E grubu ile yakınlaşmıştır.

Luo ve ark. (2005), dokuz Çin koyun popülasyonu ve 11 Mongolyan koyun popülasyonundan oluşan hayvanların, mtDNA D-loop bölgesinin bir kısım fragmentinin sekans analiziyle genetik çeşitlilik ve orjinini belirlemeye çalışmışlardır. Çin ve Mongolyan koyunlarının mtDNA D-loop sekansları arasında nükleotid kompozisyonu bakımından farklılık bulunmadığını, Mongolyan koyunlarında genetik çeşitliliğin Çin yerli koyunlarından daha zengin olduğu bildirmişlerdir. Tespit edilen 217 haplotipin filogenetik analizi ile, Mongolyan ve Çin koyunların, evcileştirilmelerinin benzer orjinli oldukları 3 farklı maternal soyla desteklenmiştir. Maternal soylar A, B, C şeklinde üç büyük haplotip olarak tanımlanmış ve haplotip frekansları sırasıyla %58.73, %24.68, %16.59 olarak verilmiştir. Ayrıca buradaki 217 haplotiple, Gen Bankasından alınan 91 sekans verisinden tanımlanan 87 haplotipin filogenetik ilişkisinin network analizi sonucunda, soyalardan birisi içerisinde (haplotip B) yer alan Avrupa muflonu (*Ovis musimon*) ile 4 farklı soy belirlemiştir. Burada Mongolyan ve Çin evcil koyunlarının maternal orjinlerine, Argali koyunu (*Ovis ammon*), *Ovis vignei bochariensis*, *Ovis ammon nigrimontana* katkısının görülmediği de belirtilmiştir.

Meadows ve ark. (2005), Asya ve Avrupa koyun ırkları arasında genetik farklılığı araştırmak için toplam 121 hayvanda mitokondriyal genoma ait 2027 bç'lik dizi bilgilerini kullanmışlardır. Popülasyonda, Cyt b geni (967 bç), D-loop bölgesi (525 bç) ve tRNA-Phe ve 12S rRNA bölgesini (535 bç) karşılaştırılarak toplam 57 haplotip tespit etmişlerdir. Haplotiplerde nükleotid farklılığı ( $\pi$ ), Cyt b, D-loop ve 12s rRNA gen bölgelerinde sırasıyla  $2.05 \pm 0.12 \times 10^{-3}$ ,  $7.02 \pm 0.50 \times 10^{-3}$  ve  $0.90 \pm 0.11 \times 10^{-3}$  olarak tespit etmişlerdir. A haplotipleri, Asya (Hindistan, Endonezya, Mongolya ve Tibet) orjinli, B haplotipleri Avrupa orjinli (Avusturya, Aland adaları, Finlandiya, İspanya ve Kuzetbatı Rusya) ırklar olarak görülmüştür. Koyunlarda gözlenen haplotip dağılımının koyunlarda zayıf popülasyon yapısının varlığını gösterdiği ve kıtalar arasında nükleotid dizi varyasyonunun %2.7 düzeyinde bulunduğu bildirilmiştir.

Paiva ve ark. (2005), mtDNA kontrol bölgesinin (D-loop) bir kısmının (588 bp) analiziyle, Brezilya koyun ırkları (Santa Inês, Bergamácia, Rabo Largo, Morada Nova, Somalis and Crioula Lanada) arasında filogenetik ilişkiyi araştırmışlardır. Araştırmacılar, 34 örnekte 18 haplotip tespit etmişleridir ve tüm ırkların ilgili dizilerinde nükleotid farklılığını  $0.011 \pm 0.003$  olarak hesaplamışlardır. Burada, Brezilya koyun ırkları arasında açık bir filogenetik ilişkinin bulunmadığı belirtilmiştir.

Pardeshi ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada, Hindistan koyun ırklarını (Bannur, Garole, Deccani) içeren 73 koyunda mtDNA D-loop + 12s RNA + tRNA-Phe (1246 bç) 'lık gen bölgesinin dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmıştır. Toplam 73 dizide 52 haplotip ve 48 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Koyun popülasyonunda haplotip farklılığı 0.882-0.981 arasında, nükleotid farklılığı 0.00167-0.00355 arasında hesaplamışlardır. NJ filogenetik ağaçta, Hindistan keçilerinin iki farklı grupta (A ve B) kümelendiği gösterilmiştir.

Pedrosa ve ark. (2007), 19 İberyaya koyun ırkı ile 6 yabancı ırkta mtDNA çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada, 501 koyunda 340 haplotip ve 120 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Koyunlarda nükleotid farklılığını 0.0039-0.0243 arasında hesaplamışlardır. Koyun ırkları B soyu ağırlıklı olmak üzere A ve C içeren üç soya dağılmıştır.

Oner ve ark. (2013), Türkiye yerli koyun ırklarında (Dağlıç, Kıvırcık, İmroz, Sakız, Morkaraman, İvesi, Hemşin, Karayaka ve Akkaraman), mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada 63 haplotipte, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla;  $0.9496 \pm 0.011$  ve  $0.01407 \pm 0.00060$  olarak hesaplamışlardır. Filogenetik ağaç, 63 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir.

Zhao ve ark. (2011), yağlı kuyruklu 3 Çin koyun ırkında (Lanzhou, Tong ve Han), mtDNA D-loop bölgesine göre 39 farklı haplotipte, ortalama haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla  $0.987 \pm 0.006$  ve  $0.03956 \pm 0.00206$  olarak hesaplamışlardır. Filogenetik analiz, 39 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir.

Zhao ve ark. (2013), onaltı farklı Çin yerli koyun ırkında, mtDNA D-loop bölgesi dizi analizine göre 3 maternal haplogrup (A, B ve C) tespit etmişlerdir. A, B ve C haplogruplarında, haplotip sayıları sırasıyla 99 (%58.93), 93 (55.36) ve 43 (25.60) olarak, tüm haplogruplarda haplotip çeşitliliği  $0.961 \pm 0.006$  ve nükleotid çeşitliliği ise  $0.03165 \pm 0.00073$  olarak bulmuşlardır.

### **3. MATERYAL ve YÖNTEM**

#### **3.1. Materyal ve Örnek Toplama**

Araştırmada hayvan materyali Suruç yöresi Akkaraman koyunları oluşturmuştur. Suruç yöresi köylerinde farklı güzergahlarda tesadüfi olarak kaşılaşılan koyun sürülerinden DNA izolasyonları için koyunlardan kan örnekleri alınmıştır. Seçtiğimiz hayvanlar birbirine akraba olmamaları için her koyun sürülerinden bir örnek alınmıştır. Kan örneklerini, elle temas ve kontaminasyonu önlemeyebilmek amacıyla eldivenler kullanılarak hayvanların boyun kısımdan vacutainer ile damara girilerek edtalı tüplerde toplanmıştır. Her hayvan için toplanılan kan örneklerini etiketleyip laboratuara ulaştırılıncaya dek muhafaza edilmiştir. Örneklerin etiketleri üzerlerine, kanların toplandığı yer ve hayvanlara ait bilgileri (alındığı tarih, hayvanın ırkı, cinsiyeti ve bazı morfolojik özellikler vs) yazılmıştır.

#### **3.2. Moleküler Çalışmalar**

Moleküler çalışmalar, Harran üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Hayvansal Biyoteknoloji laboratuvarında yapılmıştır.

##### **3.2.1. DNA izolasyonu**

Kan örnekleri genomik DNA izolasyon için kullanılan kit (GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit #K0781, Thermo) 24 kan örneği ile genomik DNA izolasyonu yapılmıştır. İzole edilen DNA örneklerini görüntülemek için %1 konsantreli agaroz jeli kullanılmıştır.

**Kan örneklerinden DNA izolasyon Protokolü:**

Edtalı tüplerde bulunan kan örnekleri eldiven takılarak ve kontaminasyonu önlemek amacıyla her örnekte eldiven değiştirilmiştir. 2 ml kolon içeren tüpler içerisine Column preparation Solution'dan 500 µl eklenip 12000 g'de 60 saniye santrifüj edilip altta kalan kısmı atılır. Yeni tüpler içerisine 20 µl proteinase K, 200 µl örnekler ve 20 µl RNase eklenip 120 saniye bekletilip içine 200 µl Lysis Solution eklenip 15 saniye vorteks yapıp 55 °C'de 10 dk inkübe edilmektedir. Daha sonra tüplerin içine 200 µl ethanol (%99) ekleyip 5 ile 10 saniye vorteks edilerek içerik kolonlu tüp içerisine aktararak 6500 g'de 60 saniye santrifüj edilerek altta kalan kısmı atılır. Bir sonraki aşamada tüp içine 500 µl prewash solution ekleyerek 6500 g'de 60 saniye santrifüj edilip altta kalan kısmı atılır. Sonrasında tüplerin içine 500 µl wash solution ekleyerek 12000 g'de 180 saniye boyunca santrifüj edilmektedir. bundan sonra yeni kolon tüpler içine alınıp 200 µl elution solution ekleyip 5 dk bekletilip ve 6500 g'de 60 saniye santrifüj edilmektedir. Tüpler içindeki kolonlar atılıp alt kısmında var olan sıvılarda DNA'ların varlığını agaroz jel elektroforezde görüntülenmektedir.

**3.2.2. DNA agaroz jel elektroforezi**

Kandan izole edilmiş DNA örnekleri görüntülenmesine %1'lik (1 g agaroz/100 ml 1XTBE: Tris-Borik asit-EDTA), agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz jel elektroforez işlemi aşağıda verilmiştir.

Agaroz jel elektroforez işlemi (Sambrook ve ark., 1989);

Erlenmayerin içine (250 ml'lik) 100 ml 1XTBE çözelti ve 1 g agaroz (Sigma) hassas terazide tartılıp konularak mikro dalga fırını içinde agaroz eritilmiştir. Daha sonra agaroz jeli ılık olunca küvet içerisine dökülerek taraklar yerleştirilip jelin kalıplaşması beklenmektedir. Sonrasında ise, 1XTBE içerikli elektroforez tankının içine küvet yerleştirilip, tarak hafif bir şekilde çıkarılmıştır. Jel kuyularının ilk sıralarına molekül ağırlık markerleri yüklenmektedir. Markerlar DNA'lar için 1 kb ladder, PCR için 100 bp ladder kullanılmıştır (Favorgen, Tayvan). Diğer kuyulara ise 5 µl DNA örnekleri 1 µl yükleme tamponu (%0.25 bromofenol mavisi, %40 sükröz, 100 mM ETDA, pH:8.0) ile birlikte yüklenmiştir (PCR ürünleri 5 µl + 1 µl yükleme tamponu). Yüklemeden hemen sonra güç kaynağında (Biolab), jelin bulunduğu tanka 90 V akım verilip jeller 35-40 dk yürütülmüştür (- → +). Sonrasında jeli, et-br (0.5 µg/ml) bulunan ortam içine konulup 10 dk bekletip DNA'lar boyanmaya bırakılmıştır. Boyanan jel, ultraviyole ışın ile DNA'ların varlıkları görüntülenebilmiş olup fotoğraf çekilip değerlendirilmiştir.

### 3.2.3. Primerlerin tasarlanması

Koyunların DNA örnekleri mitokondriyal DNA D-loop bölgelerini çoğaltabilmek için gereken ileri ve geri primerleri tasarlama maksadıyla, Genbank interneti portalı (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), evcil koyun (*Ovis aries*) komple mitokondriyal genom *nucleotide* arama modu ile sorgulanarak referans dizi bilgileri (RefSeq) temin edilmiştir. *Ovis aries* mtDNA için referans dizi erişim kodu: NC\_001941'dir. Referans dizi D-loop gen bölgesi içermiş olan dizilerin bilgisi kullanılıp, yapılmış çalışmada (Meadows ve ark., 2007) haplogrupları belirlenmede kullanılmış D-loop gen bölgelerine ait 525 bp'lık kısım olacak biçimde primer tasarlanmıştır.

İleri (forward) Primer: 5 'CACTGAAGCATGTAGGGTATT' 3

T<sub>m</sub>= 53.4°C, CG%= 42.9, MW=6485, 21 bp

Geri (reverse) Primer: 5 'GCTTGATACCTGCTCCTTTTA' 3

T<sub>m</sub>= 53.6°C, CG%= 42.9, MW= 6512, 21 bp

### 3.2.4. D-loop gen bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonun (PCR)

Koyun D-loop gen bölgelerinin PCR teknikleriyle çoğaltılması için yapılan bileşenler gösterilmektedir (Çizelge 3.1.). Bileşenler belirlenen miktarda soğuk kütle üstündeki 0.2 ml'lik PCR ependorf tüplerinin içine konularak hazırladıktan sonra, PCR şartlarını önceden programlanmış PCR cihazına (Boeco) konulmuştur. PCR için regular *Taq* polimeraz ile dNTP mix sigma firmasından temin edilmiştir. PCR amplifikasyon şartları verilmiştir (Çizelge 3.2.). Belirtilen PCR bileşen ve PCR amplifikasyon şartları genel olup, koyun ve D-loop gen bölgelerine göre modifiye edilmiştir.

Çizelge 3.1. PCR bileşenleri

Bileşenler	Konsantrasyon	Miktar
Kalıp DNA	20-30 ng/μl	1.0 μl
PCR Buffer	10X	4.0 μl
İleri Primer	20 pmol/μl	1.0 μl
Geri Primer	20 pmol/μl	1.0 μl
dNTP mix	1.0 nM	1.0 μl
<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/μl	0.5 μl
dH <sub>2</sub> O		32.0 μl
Toplam		40.0 μl

Çizelge 3.2. PCR amplifikasyon şartları

Döngü işlemi	Sıcaklık (°C)	Döngü sayısı	Süre
Ön denaturasyon	95	1	4 dakika
Denatürasyon	94	} 30	30 saniye
Yapışma (T <sub>m</sub> )	51		30 saniye
Sentez	72		1 dakika
Son uzama	72	} 1	10 dakika
Bekleme	4	∞	∞

Çoğaltılan PCR ürünleri görüntülemeye %1'lik agaroz jeli yapılmıştır (1 g agarose/100 ml 1XTBE). PCR jelin yürütülmesinde marker olarak 100 bç'lik ladder (favorgen) kullanılmıştır.

### 3.2.5. DNA dizileme

Suruç yöresinde farklı Akkaraman koyun sürülerinden toplanan kan örnekleri D-loop gen bölgeleri PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiş olup toplam 24 adet örnekte dizileme işlemi İontek (İstanbul) firmasına yaptırılmıştır. Gen dizileme için örnekler 50 µl olarak (25 µl PCR ürünü + 25 µl water, sigma) hazırlanmıştır.

## 3.3. DNA Polimorfizmi ve Filogenetik Analizler

### 3.3.1. DNA polimorfizmi

Populasyonlar için toplam bölge sayıları, polimorfik bölgesi sayıları (S), haplotiplerin sayıları (h), haplotiplerin farklılıkları (H<sub>d</sub>: haplotype diversity), nükleotidlerin farklılıkları (π: nucleotide diversity), ortalama nükleotid farklılık sayıları (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değeri DnaSP 5.0 (Librado ve Rozas, 2009) programı kullanılarak belirlenmiştir.

Haplotip çeşitliliği ( $h_d$ ):

Haplotip çeşitliliği, bir populasyonda paylaşılan haplotiplerin oranını yada frekansını gösterir (Nei, 1987).

$$h_d = \frac{(1 - \sum \chi^2)n}{n-1} \quad (3.1)$$

formülündeki eşitlik 3.1 ile hesaplanır.

n: haplotip sayısı

$x_i$ : haplotiplerin frekansı

Nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ):

Nükleotid çeşitliliği populasyon içinde diziler arasındaki nükleotid farklılıklarının ortalamasıdır (Nei, 1987).

$$\pi = \frac{\sum_{i=1}^{h_1} \sum_{j=1}^{h_2} \chi_i \chi_j d_{ij}}{L} \quad (3.2)$$

formülündeki eşitlik 3.2 ile hesaplanır.

$x_i$  ve  $x_j$ : i. ve j. haplotiplerin frekansları

$d_{ij}$ : i. ve j. haplotipler arasında gözlenen farklılıkların sayısı

$h_1$  ve  $h_2$ : haplotip sayıları

L: dizi uzunluğu

### 3.3.2. Filogenetik analizler

Koyun filogenetik yapılarının araştırılmasında D-loop gen bölgelerinde DNA polimorfizmine göre ilk önce temel sonrasında ise ileri Filogenetik analiz yapılmış bulunmaktadır. Daha sonra; koyunlarda her bir gen bölgesi bakımından ileri filogenetik analizler için tekrar haplotipler belirlenmiştir. Bu çalışmada koyun D-loop gen bölgeleri bakımından belirlenmiş olan haplotip ile daha önceki çalışmalarda koyunlar için A, B, C, D, E (Meadows ve ark., 2007: DQ852083-DQ852279, DQ851886-DQ852080) olarak belirlenen referans haplogruplar (=soylar) beraber değerlendirilip örneklere haplogrup tespitleri, ileri filogenetik analiz, Neighbour-Joining (NJ) (Saitou ve Nei, 1987) metodlarına göre Kimura-2-parametre model kullanılıp MEGA 4.0.1 programında (Tamura ve ark., 2007) yapılmıştır. Nodların (ağaç kolları) güvenilirliği testi yapılmasında Bootstrap testi (1000 tekrarlı) kullanılmış (Nei ve Kumar, 2000).

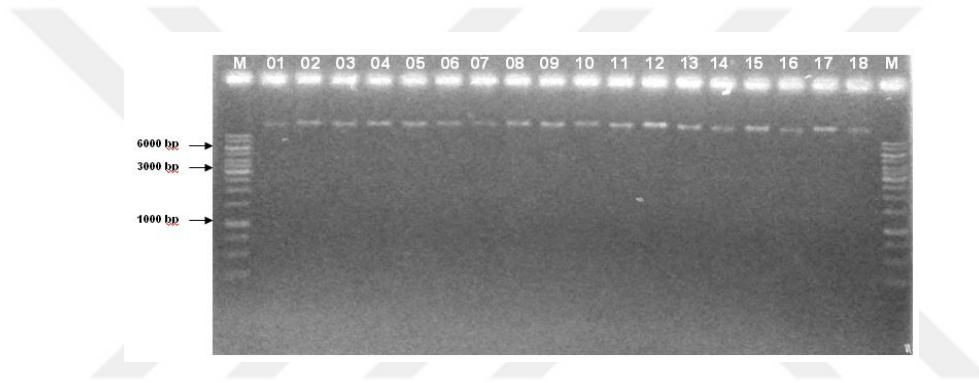
Ayrıca ileri filogenetik analizlerde, haplogrupların belirlenmesinin yanında, Türkiye yerli koyun ırkları ile yabancı koyun ırkları ile yapılan önceki çalışmasına ait dizi bilgisi Genbank'tan (NCBI) temin edilip beraber farklı filogenetik ağaçları oluşturulmuştur.

## 4. ARASTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

### 4.1. Moleküler Analiz Bulguları

#### 4.1.1. Genomik DNA izolasyonu

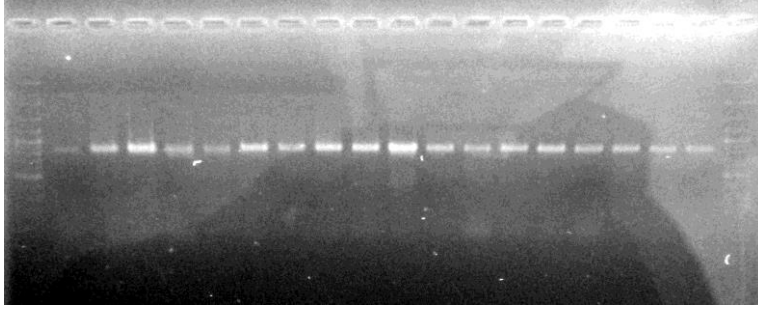
Suruç yöresi Akkaraman koyunlarından alınan tüm kan örnekleri ile genamil DNA izole işlemi yapılmıştır. Suruç yöresi koyunlarından izole ettiğimiz DNA örnekleri agaroz jelin görüntü resimleri gösterilmiştir (Şekil 4.1.).



Şekil 4.1. Suruç yöresi koyunlarından izole edilen DNA'lar (M: marker)

#### 4.1.2. PCR sonuçları

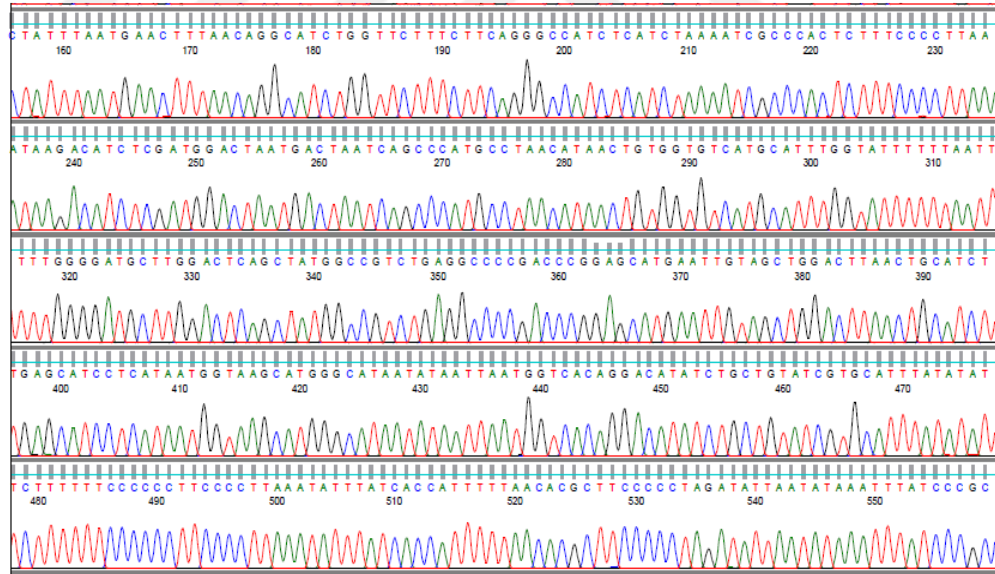
İzole ettiğimiz DNA örneklerinin, D-loop gen bölgelerine tasarlanmış olan primer kullanılıp PCR amplifikasyonu çalışması yürütülmüş. Tüm örneklerden PCR ürünleri alınmıştır. Evcil koyun D-loop bölgeleri 1 180 bp uzunluğunda verilmiştir. Tasarlanmış olan OVS DLOOP (F) ve OVS DLOOP (R) primerlerle gende 842 bç'lik kısım kadar Suruç yöresi koyunlarında PCR ile çoğaltılmış bulunmaktadır (Şekil 4.2.). PCR çalışması sonucunda elde edilmiş tüm PCR ürünlerini, PCR kaplarının içinde -20 °C'de muhafazaya alınmıştır



Şekil 4.2. Suruç yöresi koyunlarında PCR ürünü jel görüntüsü (842 bp)

#### 4.2. Dizileme Sonuçları

Suruç yöresi Akkaraman koyunların D-loop gen bölgeleri PCR ürünlerin gen dizisi analizi sonuçlar bulunmuştur. D-loop gen bölgesi için bulduğumuz sırayla 842 bp, PCR ürününden, diziler düzenlenme ve değerlendirilme sonucu, sırayla 567 bp, gen dizi bilgileri bulunmuştur. Elde edilmiş ola gen dizisine ait kromatoğramlardan su2\_F örneği verilmektedir (Şekil 4.3.).



Şekil 4.3. Suruç yöresi D-loop bölgesi DNA ileri (foward) zincir kromatoğramı

### 4.3. Filogenetik Analiz Sonuçları

#### 4.3.1. Suruç yöresi Akkaraman koyunların D-loop gen dizilerine göre DNA polimorfizm ve filogenetik analizler

Suruç yöresi koyunlarda, D-loop geni dizilerine göre; populasyon için toplam dizi sayıları, polimorfik bölgelerin sayıları (S), haplotiplerin sayıları (h), haplotiplerin farklılıkları ( $H_d$ ), nükleotidlerin farklılıkları ( $\pi$ ), ortalama nükleotidlerin farklılık sayıları (k) hesaplanıp DNA polimorfizmleri belirlemeye çalışılmıştır. DNA polimorfizmler özelliği kullanılıp temel ve ileri filogenetik analiz yapılmış bulunmaktadır.

Suruç yöresi koyunlarda D-loop bölgelerinin dizi bilgisi bulunmuştur. D-loop genlerinin, D-loop bölgesi primerler ile 842 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizisi analizi ve düzenleme sonucu örneklerin tümü için 567 bp dizi bilgileri bulunmuştur. Suruç yöresi koyunlarında D-loop gen dizisi bilgisi analizi yapılarak, DNA polimorfizmin özelliği belirlenmiş bulunmaktadır (Çizelge 4.3.). Suruç yöresi koyunlarında 44 polimorfik bölge tespit edilmiş olup koyunların haplotipler ve nükleotidler farklılıkları sırayla;  $0.939 \pm 0.016$  ve  $0.00117 \pm 0.0001$  bulunmaktadır. Suruç yöresi koyunların UPGMA genetik ağaçta 8 haplotip ayrılmaktadır (Şekil 4).

Çizelge 4.3. Koyunlarda D-loop gen bölgesine göre DNA polimorfizmi

Özellikler	
Toplam bölge sayısı	567
Polimorfik bölge sayısı (S)	44
Haplotip sayısı (h)	8
Haplotip farklılığı $H_d$ :	$0.939 \pm 0.016$
Nükleotid farklılığı ( $\pi$ )	$0.00117 \pm 0.0001$
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	17.95
G/C oranı	0.368

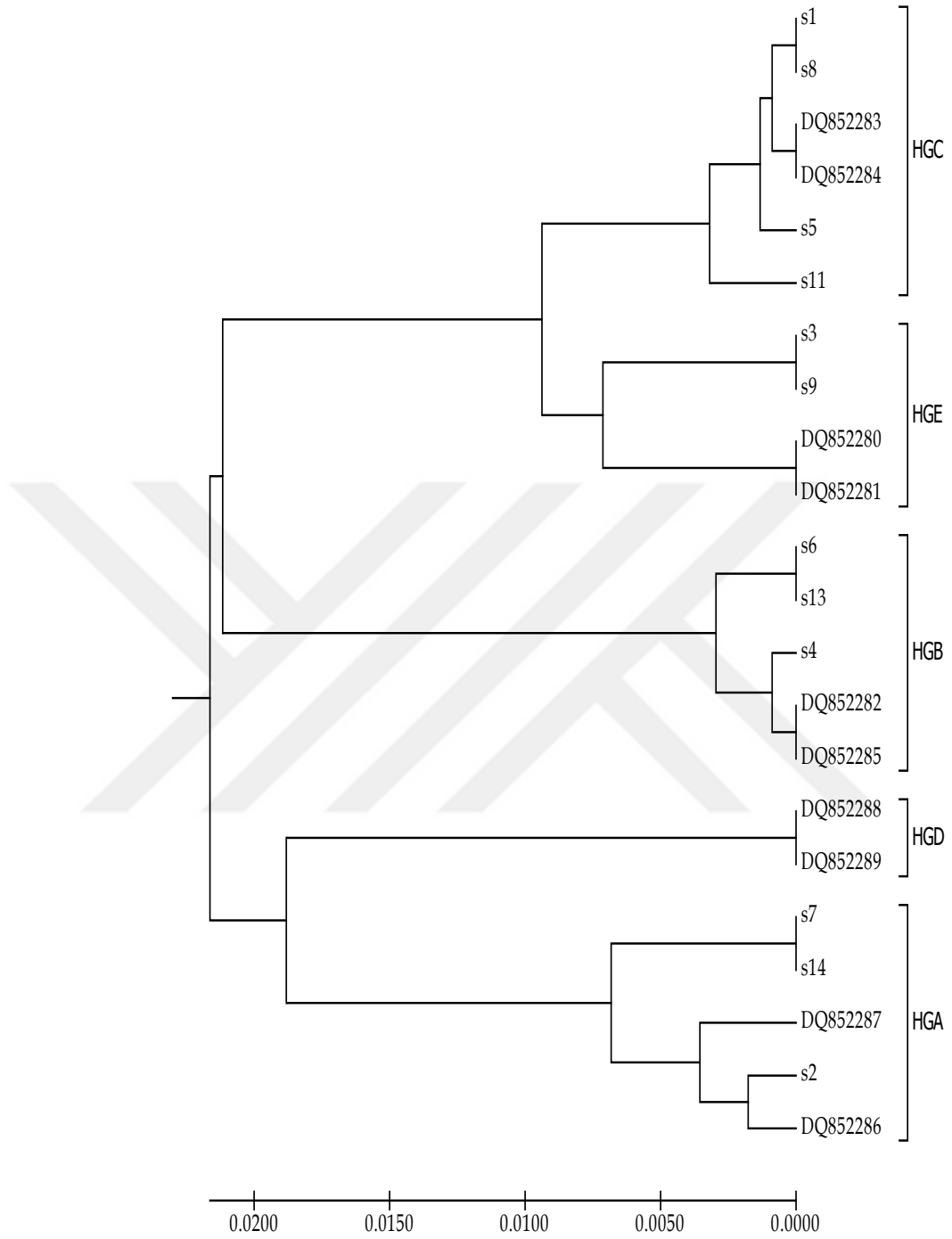
#### 4.3.1.1. D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Meadows ve ark. (2007) tarafından A, B, C, D, ve E soylarına belirlemiş referanslar D-loop geni dizisi, bu çalışma için belirlenmiş olan haplotipin D-loop dizileriyle değerlendirilip, Suruç yöresi koyunları haplotiplerin, haplogruba ya da soylara dağılımları belirlenmiştir.

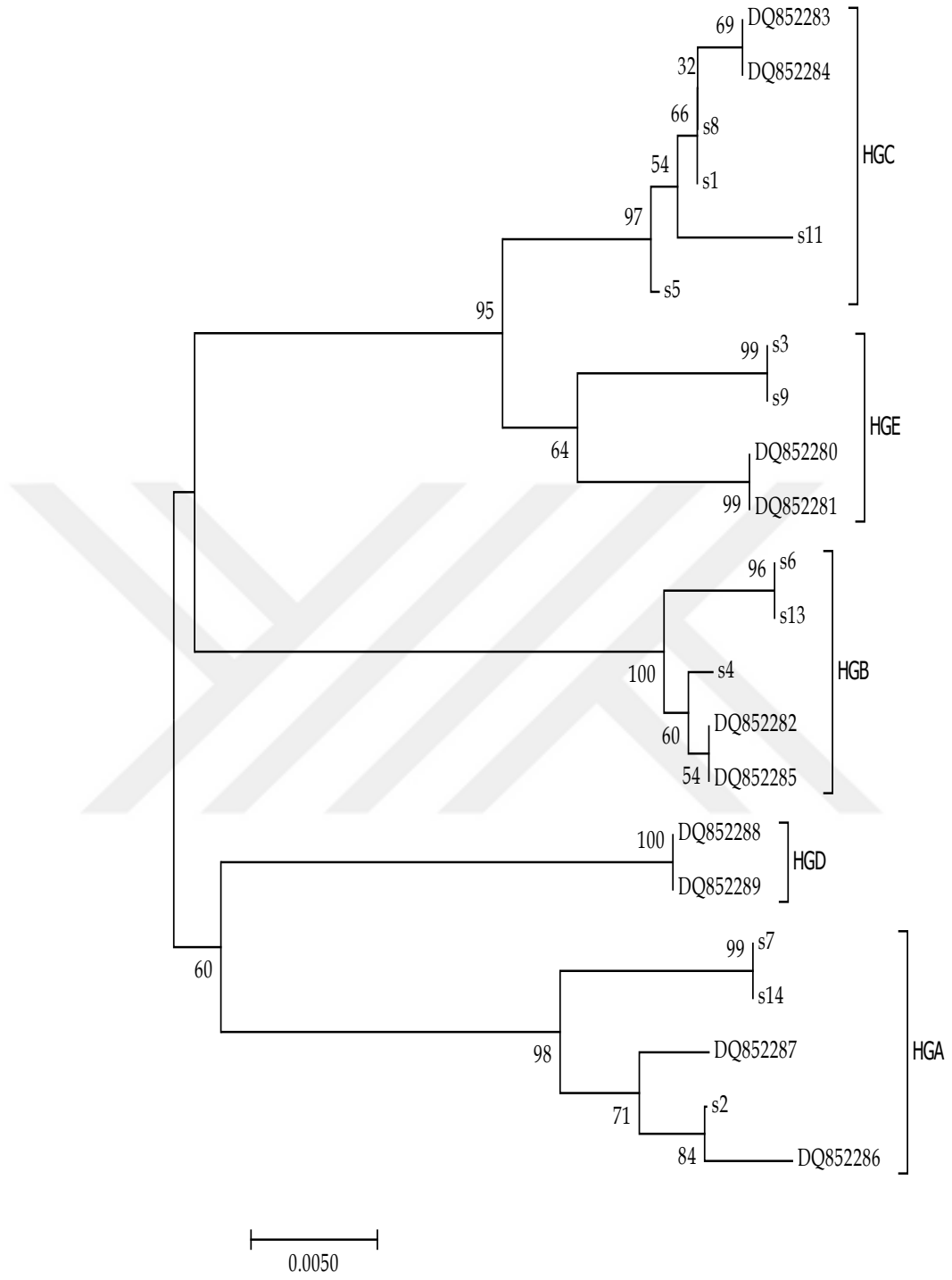
Suruç yöresi koyunlarında ise belirlenmiş olan 12 haplotiplerin 3'ü A, 3'ü B, 4'ü C, 2'si E soyda yer almışlardır. mtDNA D-loop bölgelerine göre Suruç yöresi koyunların haplogrupları arasındaki genetik uzaklık verilmiştir (Çizelge 4.4.).

Çizelge 4.4. DNA D-loop bölgesine göre haplogruplar arasında genetik uzaklıklar (K2P model)

Haplogruplar	HGE	HGC	HGB	HGD
HGE	*			
HGC	0.019	*		
HGB	0.046	0.041	*	
HGD	0.040	0.043	0.043	*
HGA	0.043	0.047	0.043	0.038



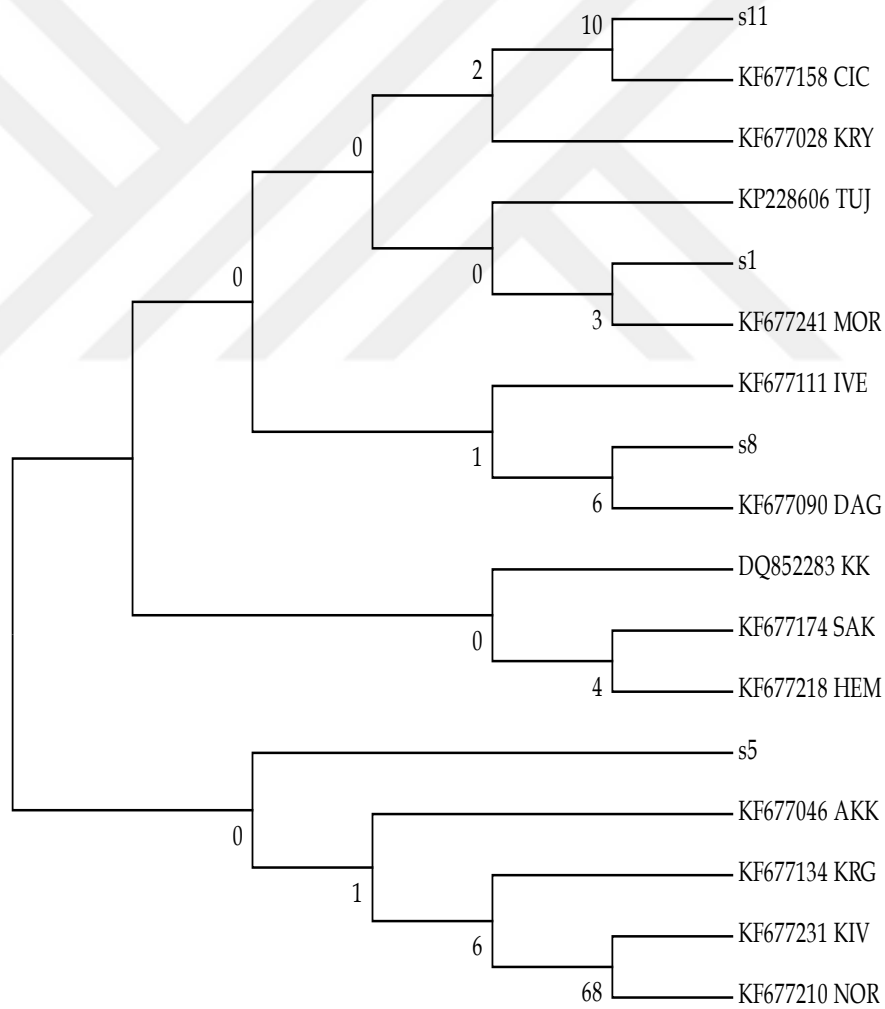
Şekil 4.4. D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı



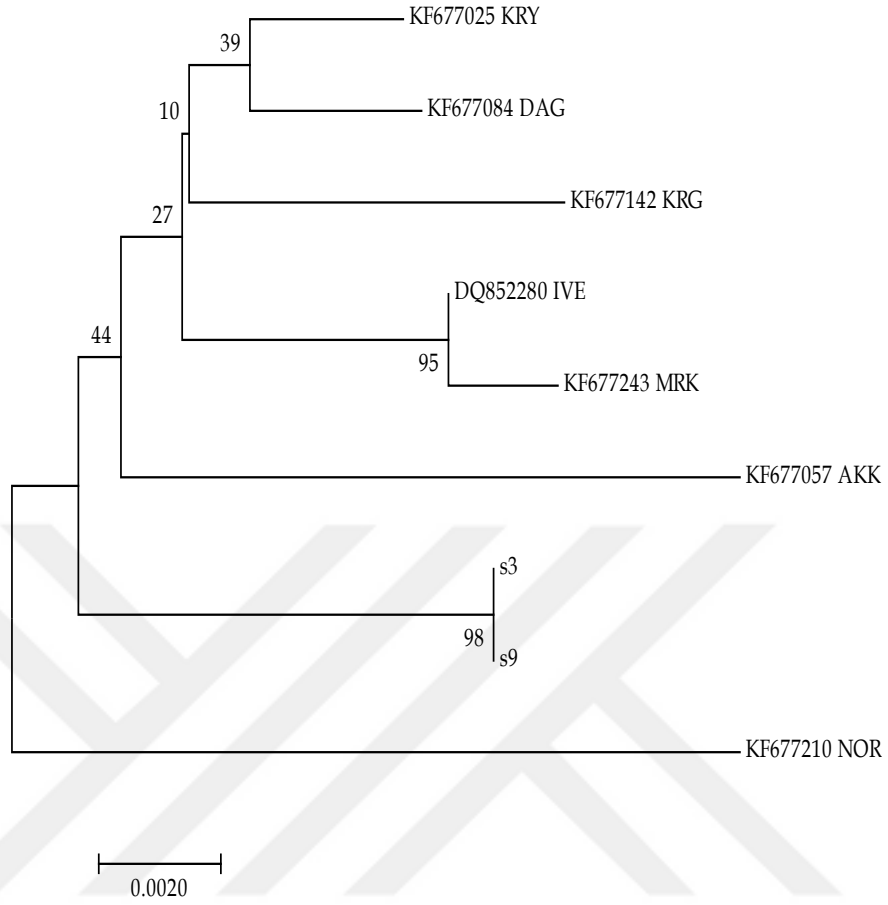
Şekil 4.5. D-loop bölgesine göre N-J ağacı

#### 4.3.2. Suruç yöresi koyunların haplogrupları ile diğer yerli koyun ırkları haplogrupları arasında filogenetik ilişkiler

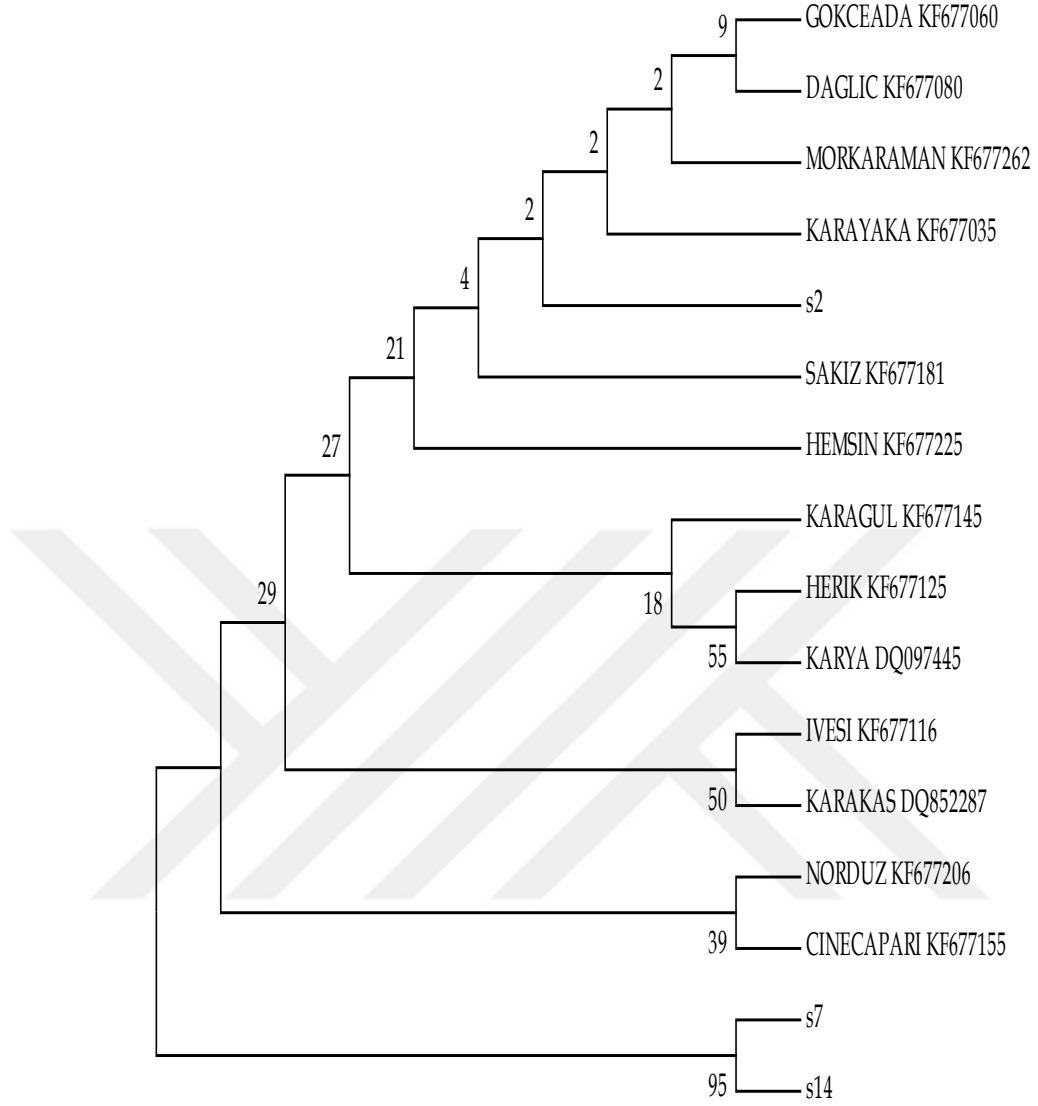
Suruç yöresi koyunlarda tespiti yapılan 12 haplotiplerin 3 tanesisi A, 3 tanesi B, 4 tanesi C, 2 tanesi E soylarında yer almıştır. Burda, diğer koyunların ırkını içeren çalışmalar sonucuna ait haplogruplarla filogenetik ilişki incelenmiş bulunmaktadır. Beraberinde, Suruç yöresi koyunlarda A, B, C, E haplogrupları olan ırklardan oluşan filogenetik ağaçlar verilmektedir (Şekil 4.6., Şekil 4.7., Şekil 4.8., Şekil 4.9.).



Şekil 4.6. Haplogrup C’de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P)



Şekil 4.7. Haplogrup E’de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P)



Şekil 4.8. Haplogrup A'da bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları ile oluşturulan filogenetik ağaç (K2P)



### 4.3.3. Koyunların haplogrupları ile yabancı koyunlar arasında filogenetik ilişkiler

Suruç yöresi koyunlarında haplogrubu belirlenenmiş olan koyunları ile yabancı koyunlarında yapılmış olan çalışmaya ait dizi bilgisi (AF242347: *Ovis ammon ammon*, JX673912: *Ovis ammon hodgsoni*, AY091492: *Ovis ammon collium*, KF677288: *Ovis orientalis anatolica*, AY091489: *Ovis vignei arkal*, AY091493: *Ovis ammon nigrimontana*, AF242348: *Ovis ammon darwini*, AF039580: *Ovis vignei bochariensis*) beraber değerlendirilip filogenetik analiz yapılmıştır.

Suruç yöresi koyunları haplogruplarla yabancı koyunları arasındaki filogenetik ilişki farklı ağaç modeli verilmiştir (Şekil 4.10.).



## 5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

Bu çalışmada, Suruç yöresi Akkaraman koyunların filogenetik yapılarının moleküler teknikler ile belirlenmiştir. Çalışmanın hayvan materyalini, Suruç yöresi Akkaraman koyunları oluşturmuştur.

Meadows ve ark. (2007), Türkiyedeki yerli koyunlarımızın ırklarını ele alan evcil koyunlar A, B, C, D, E haplogruplara ait dizi bilgileri referans alınıp, çalışmadaki belirlenmiş haplotip D-loop bölgeleri dizi bilgisiyle beraber değerlendirilip, Suruç yöresi koyun haplotiplerin haplogrup veya soylara dağılımı belirlenmiştir. Bu çalışmada haplotipe ait dizi bilgileriyle A, B, C, ve E soylara ait diziler ile beraber oluşturulmuş olsan filogenetik Şekil 8 verilmiştir. Verilen şekil incelendiğinde, Suruç yöresi koyunlarda ise tespit ettiğimiz 12 haplotiplerin 3'ü A, 3'ü B 4'ü C ve 2'si E soylarında yer almaktadır. Suruç yöresi Akkaraman koyunu haplogruplar arasındaki genetik uzaklık 0.019-0.047 arasında hesaplanmıştır. Suruç yöresi koyunlarda tespit edilen haplogruplarda genetik uzaklıklar A ile B aralarında 0.043 aralığında hesaplanılmıştır. Burada haplogruplar arasındaki tespit edilen genetik uzaklık, Meadows ve ark. (2007) yapılmış olan çalışmalardaki haplogruplar arasında, tespit edilen düzeyden (%0.49-1.37) yüksektir.

Sonuç olarak, Suruç yöresi Akkaraman koyunlarının D-loop bölgesleri gen dizisi belirlenmiş bulunmaktadır. Gen dizisi bilgisine göre; mtDNA polimorfizm, mtDNA haplotip ve haplogruplar (soylarını), haplotip ve yaban türler arasındaki filogenetik ilişkiler belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerinin Gen Bankasında (NCBI) depolanması ile koyunlar üzerinde yapılan filogenetik çalışmalara katkı sağlaması beklenmektedir. Ayrıca, çalışma sonuçlarının genetik polimorfizm, biyoçeşitlilik ve hayvan ıslahı çalışmaları ile ulusal gen koruma stratejilerine katkı sağlaması düşünülmektedir.

Türkiye zengin biyoçeşitliliğe sahip nadir ülkelerden biridir ve ayrıca arkeolojik ve moleküler genetik çalışmalar ile sığır, koyun ve keçi gibi önemli çiftlik hayvanlarının evcilleştirilme merkezi olarak gösterilmektedir. Bununla beraber yerli çiftlik hayvanlarımızda moleküler tekniklerle genetik karakterizasyon çalışmalarına yönelik araştırmalar yoğunlaştırılmalıdır. Hayvan populasyonlarında moleküler tekniklerle genetik polimorfizm ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesi, verim-belirteç gen ilişkilerinin belirlenmesi ve bu ilişkilerin uygulamaya aktarılması ile hayvancılığın geliştirilmesi mümkün olabilecektir.



## KAYNAKLAR

- CINKULOV, M. and POPOVSKI, Z., PORCU, K., TANASKOVSKA, B., HODZIĆ, A., BYTYQI, H., MEHMETI, H., MARGETA, V., DJEDOVIĆ, R., HODA, A., TRAILOVIĆ, R., BRKA, M., MARKOVIĆ, B., VAZIĆ, B., VEGARA, M., OLSAKER, I., KANTANEN, J. 2008. Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125(6):417-426.
- FAO, 2013. FaoStat: Statistics Database, [www.fao.org](http://www.fao.org)
- HIENDLEDER, S. and LEWALSKI, H., WASSMUTH, R., KE, A. 1998a. The Complete Mitochondrial DNA Sequence of The Domestic Sheep (*Ovis Aries*) and Comparison With The Other Major Ovine Haplotype. *J. Mol. Evol. A*, 47(4):441-448.
- HIENDLEDER, S. and MAINZ, K., PLANTE, Y., LEWALSKI, H. 1998b. Analysis of Mitochondrial DNA indicates That Domestic Sheep Are Derived from Two Different Ancestral Maternal Sources: No Evidence for Contributions from Urial and Argali Sheep. *J Hered. b Mar*-,89(2):113-120.
- HIENDLEDER, S. and KAUPÉ, B., WASSMUT, R., AND JANKE, A. 2002. Molecular Analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. Lond.* 269:893-904.
- KİRAZ, S. 2009. Şanlıurfa Yöresindeki Küçükbaş Hayvanların Filogenetik Yapılarının Moleküler Tekniklerle Belirlenmesi Çalışmaları. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Şanlıurfa. (*Doktora Tezi*, 181s)
- LIBRADO, P. and ROZAS, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452.
- LUO, YZ. and CHENG, SR., BATSUURI, L., BADAMDORJ, D., OLIVIER, H., HAN, JL. 2005. Origin and Genetic Diversity of Mongolian and Chinese Sheep using Mitochondrial DNA D-Loop Sequences. *Yi Chuan Xue Bao.*,32(12):1256-1265.
- MEADOWS, J.R. and LI, K., KANTANEN, J., TAPIO, M., SIPOS, W., PARDESHI, V., GUPTA, V., CALVO, JH., WHAN, V., NORRIS, B., KIJAS, JW. 2005. Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *J Hered.*,96(5):494-501.
- MEADOWS, J.R. and CEMAL, I., KARACA, O., GOOTWINE, E., KIJAS, J.W. 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175(3):1371-1379.
- NEI, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York, 3: 679-696.
- NEI, M. and KUMAR, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford, 6: 290-300.
- ONER, Y. and CALVO, J.H., ELMACI, C., 2013. Investigation of the genetic diversity among native Turkish sheep breeds using mtDNA polymorphisms. *Tropical Animal Health and Production*, 45:947-951.

- PAIVA, S.R. and FARIÑA, D.A., SILVÉRIO, V.C., MCMANUS, C., EGITO, A.A., DERGAM, J.A., GUIMARÃES, S.E.F., CASTRO, S.R., ALBUQUERQUE, M.S.M., MARIANTE, A.S. 2005. Phylogenetic Relationships among Brazilian Sheep Breeds. The Role of Biotechnology. Villa Gualino, Turin, Italy, 5-7 March, 2005.
- PARDESHI, V.C. and KADDOO, N.Y., SAINANI, M.N., MEADOWS, J.R., KIJAS, J.W., GUPTA, V.S. 2007. Mitochondrial haplotypes reveal a strong genetic structure for three Indian sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38(5):460-466.
- SAITOU, N. and NEI, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
- SAMBROOK, J. and FRITSCH, E. F., MANIATIS, T. 1989. *Molecular cloning: A laboratory manual* (2nd ed.), 3 vol., Cold-Spring Harbor, New York.
- SOYSAL, M.İ. ve GÜRCAN E.K., ÖZKAN, E. 2003a. Dünya’da ve Türkiye’de Çiftlik Hayvanları Genetik Çeşitliliğinin Korunması Sorunu GAP III. Tarım Kongresi, 2-3 Ekim 2003, Urfa, pp:615-623
- SOYSAL, M.İ. ve ÖZKAN, E., GÜRCAN, E.K. 2003b. The Status of Native Farm Animal Genetic Diversity in Türkiye and in The World. *Trakia Journal of Sciences*, Vol. 1, No:3, pp1-12, 2003
- TAMURA, K. and DUDLEY, J., NEI, M., KUMAR, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
- TUİK., 2015. <https://biruni.tuik.gov.tr/hayvancilikapp/hayvancilik.zul>.
- ZHAO, Y. and ZHAO, E., ZHANG, N., DUAN, C. 2011. Mitochondrial DNA diversity, origin, and phylogenetic relationships of three Chinese large-fat-tailed sheep breeds. *Tropical Animal Health and Production*, 43:1405-1410.
- ZHAO E. and YU, Q., ZHANG, N., KONG, D., ZHAO, Y. 2013. Mitochondrial DNA diversity and the origin of Chinese indigenous sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 45:1715–1722.

## ÖZGEÇMİŞ

### KİŞİSEL BİLGİLER

**Adı Soyadı** : İsmail KAYA  
**Uyruğu** : T.C.  
**Doğum Yeri ve Tarihi** : Bozova/Şanlıurfa 21.04.1986  
**Telefon** : 0(542)6966096  
**e-mail** : ismailky.1986@gmail.com

### EĞİTİM

<b>Derece</b>	<b>Adı, İlçe, İl</b>	<b>Bitirme Yılı</b>
Lise	: Davut Zeki Akpılar Lisesi Merkez/Şanlıurfa	2004
Üniversite	: Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Merkez/Şanlıurfa	2014
Yüksek Lisans	: Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı Merkez/Şanlıurfa	2016

### UZMANLIK ALANI

Zootečni, Genetik

### YABANCI DİLLER

İngilizce

## EKLER

EK 1. Haplogrup C’de bulunan koyunlar ve diğer yerli koyun ırkları arasında genetik uzaklıklar

Species 1	Species 2	Dist	s5	KF677090 DAG	0,004
s11	KF677231 KIV	0,011	KP228606 TUJ	KF677090 DAG	0,004
s11	s5	0,007	KF677111 IVE	KF677090 DAG	0,004
s11	KP228606 TUJ	0,007	DQ852283 KK	KF677090 DAG	0,004
s11	KF677111 IVE	0,007	KF677241 MOR	KF677090 DAG	0,004
s5	KF677231 KIV	0,007	KF677210 NOR	KF677090 DAG	0,004
KP228606 TUJ	KF677231 KIV	0,007	s5	KF677218 HEM	0,004
KF677111 IVE	KF677231 KIV	0,007	KP228606 TUJ	KF677218 HEM	0,004
s11	DQ852283 KK	0,007	KF677111 IVE	KF677218 HEM	0,004
KF677231 KIV	DQ852283 KK	0,007	DQ852283 KK	KF677218 HEM	0,004
s11	KF677241 MOR	0,007	KF677241 MOR	KF677218 HEM	0,004
KF677231 KIV	KF677241 MOR	0,007	KF677210 NOR	KF677218 HEM	0,004
s11	KF677210 NOR	0,007	KF677090 DAG	KF677218 HEM	0,004
s11	KF677090 DAG	0,007	s1	s5	0,002
KF677231 KIV	KF677090 DAG	0,007	s8	s5	0,002
s11	KF677218 HEM	0,007	s1	KP228606 TUJ	0,002
KF677231 KIV	KF677218 HEM	0,007	s8	KP228606 TUJ	0,002
s11	s1	0,005	s1	KF677111 IVE	0,002
s11	s8	0,005	s8	KF677111 IVE	0,002
s1	KF677231 KIV	0,005	s1	DQ852283 KK	0,002
s8	KF677231 KIV	0,005	s8	DQ852283 KK	0,002
s11	KF677174 SAK	0,005	s5	KF677174 SAK	0,002
KF677231 KIV	KF677174 SAK	0,005	KP228606 TUJ	KF677174 SAK	0,002
s11	KF677046 AKK	0,005	KF677111 IVE	KF677174 SAK	0,002
KF677231 KIV	KF677046 AKK	0,005	DQ852283 KK	KF677174 SAK	0,002
s11	KF677028 KRY	0,005	s1	KF677241 MOR	0,002
KF677231 KIV	KF677028 KRY	0,005	s8	KF677241 MOR	0,002
s11	KF677134 KRG	0,005	KF677174 SAK	KF677241 MOR	0,002
KF677231 KIV	KF677134 KRG	0,005	s5	KF677046 AKK	0,002
s11	KF677158 CIC	0,005	KP228606 TUJ	KF677046 AKK	0,002
KF677231 KIV	KF677158 CIC	0,005	KF677111 IVE	KF677046 AKK	0,002
s5	KP228606 TUJ	0,004	DQ852283 KK	KF677046 AKK	0,002
s5	KF677111 IVE	0,004	KF677241 MOR	KF677046 AKK	0,002
KP228606 TUJ	KF677111 IVE	0,004	s1	KF677210 NOR	0,002
s5	DQ852283 KK	0,004	s8	KF677210 NOR	0,002
KP228606 TUJ	DQ852283 KK	0,004	KF677174 SAK	KF677210 NOR	0,002
KF677111 IVE	DQ852283 KK	0,004	KF677046 AKK	KF677210 NOR	0,002
s5	KF677241 MOR	0,004	s5	KF677028 KRY	0,002
KP228606 TUJ	KF677241 MOR	0,004	KP228606 TUJ	KF677028 KRY	0,002
KF677111 IVE	KF677241 MOR	0,004	KF677111 IVE	KF677028 KRY	0,002
DQ852283 KK	KF677241 MOR	0,004	DQ852283 KK	KF677028 KRY	0,002
s5	KF677210 NOR	0,004	KF677241 MOR	KF677028 KRY	0,002
KP228606 TUJ	KF677210 NOR	0,004	KF677210 NOR	KF677028 KRY	0,002
KF677111 IVE	KF677210 NOR	0,004	s1	KF677090 DAG	0,002
KF677231 KIV	KF677210 NOR	0,004	s8	KF677090 DAG	0,002
DQ852283 KK	KF677210 NOR	0,004	KF677174 SAK	KF677090 DAG	0,002
KF677241 MOR	KF677210 NOR	0,004	KF677046 AKK	KF677090 DAG	0,002

KF677028 KRY	KF677090 DAG	0,002	KF677241 MOR	KF677158 CIC	0,002
s5	KF677134 KRG	0,002	KF677210 NOR	KF677158 CIC	0,002
KP228606 TUJ	KF677134 KRG	0,002	KF677090 DAG	KF677158 CIC	0,002
KF677111 IVE	KF677134 KRG	0,002	s1	KF677218 HEM	0,002
DQ852283 KK	KF677134 KRG	0,002	s8	KF677218 HEM	0,002
KF677241 MOR	KF677134 KRG	0,002	KF677174 SAK	KF677218 HEM	0,002
KF677210 NOR	KF677134 KRG	0,002	KF677046 AKK	KF677218 HEM	0,002
KF677090 DAG	KF677134 KRG	0,002	KF677028 KRY	KF677218 HEM	0,002
s5	KF677158 CIC	0,002	KF677134 KRG	KF677218 HEM	0,002
KP228606 TUJ	KF677158 CIC	0,002	<u>KF677158 CIC</u>	<u>KF677218 HEM</u>	<u>0,002</u>
KF677111 IVE	KF677158 CIC	0,002			
DQ852283 KK	KF677158 CIC	0,002			



EK 2. Haplogrup E’de bulunan koyunlar ve diğ er yerli koyun ırkları arasında genetik uzaklıklar

Species 1	Species 2	Dist
KF677210 NOR	KF677057 AKK	0,023
KF677210 NOR	KF677243 MRK	0,022
s3	KF677210 NOR	0,020
s9	KF677210 NOR	0,020
KF677210 NOR	DQ852280 IVE	0,020
KF677210 NOR	KF677025 KRY	0,020
KF677210 NOR	KF677142 KRG	0,020
s3	KF677057 AKK	0,018
s9	KF677057 AKK	0,018
KF677210 NOR	KF677084 DAG	0,018
KF677057 AKK	KF677142 KRG	0,018
s3	KF677243 MRK	0,016
s9	KF677243 MRK	0,016
KF677057 AKK	KF677243 MRK	0,016
KF677057 AKK	KF677084 DAG	0,016
s3	DQ852280 IVE	0,014
s9	DQ852280 IVE	0,014
KF677057 AKK	DQ852280 IVE	0,014
KF677057 AKK	KF677025 KRY	0,014
s3	KF677142 KRG	0,014
s9	KF677142 KRG	0,014
s3	KF677084 DAG	0,013
s9	KF677084 DAG	0,013
KF677243 MRK	KF677142 KRG	0,013
s3	KF677025 KRY	0,011
s9	KF677025 KRY	0,011
KF677243 MRK	KF677084 DAG	0,011
DQ852280 IVE	KF677142 KRG	0,011
KF677025 KRY	KF677142 KRG	0,011
KF677243 MRK	KF677025 KRY	0,009
DQ852280 IVE	KF677084 DAG	0,009
KF677084 DAG	KF677142 KRG	0,009
DQ852280 IVE	KF677025 KRY	0,007
KF677025 KRY	KF677084 DAG	0,005
DQ852280 IVE	KF677243 MRK	0,002

### EK 3. Haplogrup A'da bulunan

Species 1	Species 2	Dist
s7	HERIK KF677125	0,014
s14	HERIK KF677125	0,014
s7	KARAKAS DQ852287	0,014
s14	KARAKAS DQ852287	0,014
s7	GOKCEADA KF677060	0,014
s14	GOKCEADA KF677060	0,014
s7	KARAGUL KF677145	0,014
s14	KARAGUL KF677145	0,014
s7	IVESI KF677116	0,011
s14	IVESI KF677116	0,011
s7	SAKIZ KF677181	0,011
s14	SAKIZ KF677181	0,011
s7	HEMSIN KF677225	0,011
s14	HEMSIN KF677225	0,011
s7	s2	0,011
s14	s2	0,011
s7	KARYA DQ097445	0,011
s14	KARYA DQ097445	0,011
IVESI KF677116	KARYA DQ097445	0,011
s7	KARAYAKA KF677035	0,011
s14	KARAYAKA KF677035	0,011
s7	CINECAPARI KF677155	0,011
s14	CINECAPARI KF677155	0,011
KARYA DQ097445	CINECAPARI KF677155	0,011
s7	MORKARAMAN KF677262	0,011
s14	MORKARAMAN KF677262	0,011
s7	DAGLIC KF677080	0,011
s14	DAGLIC KF677080	0,011
IVESI KF677116	KARAGUL KF677145	0,011
KARAGUL KF677145	CINECAPARI KF677155	0,011
s7	NORDUZ KF677206	0,008
s14	NORDUZ KF677206	0,008
IVESI KF677116	HERIK KF677125	0,008
NORDUZ KF677206	KARYA DQ097445	0,008
HERIK KF677125	CINECAPARI KF677155	0,008
KARYA DQ097445	KARAKAS DQ852287	0,008
CINECAPARI KF677155	KARAKAS DQ852287	0,008
IVESI KF677116	GOKCEADA KF677060	0,008
KARYA DQ097445	GOKCEADA KF677060	0,008
CINECAPARI KF677155	GOKCEADA KF677060	0,008
KARAGUL KF677145	NORDUZ KF677206	0,008
KARAGUL KF677145	HERIK KF677125	0,008
KARAGUL KF677145	KARYA DQ097445	0,008
KARAGUL KF677145	KARAKAS DQ852287	0,008
KARAGUL KF677145	GOKCEADA KF677060	0,008
IVESI KF677116	SAKIZ KF677181	0,006
IVESI KF677116	HEMSIN KF677225	0,006
IVESI KF677116	s2	0,006
NORDUZ KF677206	HERIK KF677125	0,006

SAKIZ KF677181	KARYA DQ097445	0,006
HEMSIN KF677225	KARYA DQ097445	0,006
s2	KARYA DQ097445	0,006
IVESI KF677116	KARAYAKA KF677035	0,006
KARYA DQ097445	KARAYAKA KF677035	0,006
IVESI KF677116	CINECAPARI KF677155	0,006
SAKIZ KF677181	CINECAPARI KF677155	0,006
HEMSIN KF677225	CINECAPARI KF677155	0,006
s2	CINECAPARI KF677155	0,006
KARAYAKA KF677035	CINECAPARI KF677155	0,006
NORDUZ KF677206	KARAKAS DQ852287	0,006
HERIK KF677125	KARAKAS DQ852287	0,006
NORDUZ KF677206	GOKCEADA KF677060	0,006
HERIK KF677125	GOKCEADA KF677060	0,006
KARAKAS DQ852287	GOKCEADA KF677060	0,006
IVESI KF677116	MORKARAMAN KF677262	0,006
KARYA DQ097445	MORKARAMAN KF677262	0,006
CINECAPARI KF677155	MORKARAMAN KF677262	0,006
IVESI KF677116	DAGLIC KF677080	0,006
KARYA DQ097445	DAGLIC KF677080	0,006
CINECAPARI KF677155	DAGLIC KF677080	0,006
SAKIZ KF677181	KARAGUL KF677145	0,006
HEMSIN KF677225	KARAGUL KF677145	0,006
s2	KARAGUL KF677145	0,006
KARAGUL KF677145	KARAYAKA KF677035	0,006
KARAGUL KF677145	MORKARAMAN KF677262	0,006
KARAGUL KF677145	DAGLIC KF677080	0,006
IVESI KF677116	NORDUZ KF677206	0,003
SAKIZ KF677181	NORDUZ KF677206	0,003
HEMSIN KF677225	NORDUZ KF677206	0,003
s2	NORDUZ KF677206	0,003
SAKIZ KF677181	HERIK KF677125	0,003
HEMSIN KF677225	HERIK KF677125	0,003
s2	HERIK KF677125	0,003
HERIK KF677125	KARYA DQ097445	0,003
NORDUZ KF677206	KARAYAKA KF677035	0,003
HERIK KF677125	KARAYAKA KF677035	0,003
NORDUZ KF677206	CINECAPARI KF677155	0,003
IVESI KF677116	KARAKAS DQ852287	0,003
SAKIZ KF677181	KARAKAS DQ852287	0,003
HEMSIN KF677225	KARAKAS DQ852287	0,003
s2	KARAKAS DQ852287	0,003
KARAYAKA KF677035	KARAKAS DQ852287	0,003
SAKIZ KF677181	GOKCEADA KF677060	0,003
HEMSIN KF677225	GOKCEADA KF677060	0,003
s2	GOKCEADA KF677060	0,003
KARAYAKA KF677035	GOKCEADA KF677060	0,003
NORDUZ KF677206	MORKARAMAN KF677262	0,003
HERIK KF677125	MORKARAMAN KF677262	0,003
KARAKAS DQ852287	MORKARAMAN KF677262	0,003
GOKCEADA KF677060	MORKARAMAN KF677262	0,003
NORDUZ KF677206	DAGLIC KF677080	0,003

HERIK KF677125	DAGLIC KF677080	0,003
KARAKAS DQ852287	DAGLIC KF677080	0,003
GOKCEADA KF677060	DAGLIC KF677080	0,003

---



EK 4. Haplogrup B’de bulunan Suruç yöresi koyunlar ve diğer yerli ırklardan oluşan genetik çeşitlilikler

Species 1	Species 2	Dist
GKAR KJ026478	s4	0,010
GKAR KJ026478	s13	0,007
GKAR KJ026478	s6	0,007
GKAR KJ026478	DAGLIC KF677079	0,007
GKAR KJ026478	SAKIZ KF677185	0,007
GKAR KJ026478	HERIK KF677122	0,007
GKAR KJ026478	HEMSIN KF677217	0,007
GKAR KJ026478	KARAKAS DQ852285	0,007
GKAR KJ026478	KARAYAKA KF677038	0,007
GKAR KJ026478	AKKARAMAN KF677039	0,007
GKAR KJ026478	GOKCEADA KF677061	0,007
GKAR KJ026478	IVESI KF677104	0,007
GKAR KJ026478	KARAGUL KF677149	0,007
GKAR KJ026478	NORDUZ KF677193	0,007
GKAR KJ026478	KIVIRCIK KF677232	0,007
GKAR KJ026478	ZOM KJ026458	0,007
SAKIZ KF677185	s4	0,003
s6	s4	0,003
s4	HERIK KF677122	0,003
s4	HEMSIN KF677217	0,003
s4	KARAKAS DQ852285	0,003
s4	KARAYAKA KF677038	0,003
s4	AKKARAMAN KF677039	0,003
s4	GOKCEADA KF677061	0,003
s4	IVESI KF677104	0,003
s4	KARAGUL KF677149	0,003
s4	NORDUZ KF677193	0,003
s4	KIVIRCIK KF677232	0,003
s4	ZOM KJ026458	0,003
s13	s4	0,003
DAGLIC KF677079	s4	0,003

EK 5. Koyun haplogruplar ile yabani koyunlar arasındaki genetik uzaklıklar

Species 1	Species 2	Dist			
			AY091489	s5	0,062
JX673912	DQ852289	0,079	AY091493	s5	0,062
JX673912	KF677288	0,076	AY091493	KF677288	0,062
AY091489	JX673912	0,074	AY091489	DQ852289	0,062
AY091493	JX673912	0,074	AY091493	DQ852289	0,062
JX673912	DQ852284	0,074	AY091492	s3	0,062
AY091493	s6	0,072	AY091492	s9	0,062
AY091493	s13	0,072	AF039580	DQ852284	0,062
JX673912	s3	0,072	AF039580	DQ852289	0,062
JX673912	s9	0,072	KF677288	s6	0,060
JX673912	s1	0,072	KF677288	s13	0,060
JX673912	s8	0,072	AY091489	s3	0,060
AY091492	JX673912	0,069	AY091489	s9	0,060
AF242348	s11	0,069	AF242348	s5	0,060
AY091489	s4	0,069	AF242347	KF677288	0,060
AY091493	s4	0,069	AF242348	KF677288	0,060
JX673912	s5	0,069	AF242347	s6	0,060
AY091489	s11	0,067	AF242347	s13	0,060
AY091493	s11	0,067	AF242348	DQ852285	0,060
AY091489	DQ852284	0,067	AY091493	s7	0,060
AY091493	DQ852284	0,067	AY091493	s14	0,060
AY091489	s6	0,067	AY091493	DQ852287	0,060
AY091489	s13	0,067	AF039580	s3	0,060
AY091489	DQ852285	0,067	AF039580	s9	0,060
AY091493	DQ852285	0,067	AF039580	s1	0,060
AF039580	KF677288	0,067	AF039580	s8	0,060
JX673912	s7	0,067	JX673912	DQ852285	0,060
JX673912	s14	0,067	AY091492	AF242347	0,058
JX673912	s2	0,067	AF242347	s3	0,058
AY091493	s3	0,065	AF242347	s9	0,058
AY091493	s9	0,065	AY091489	KF677288	0,058
AY091489	s1	0,065	AY091493	DQ852281	0,058
AY091493	s1	0,065	AF242348	s4	0,058
AY091489	s8	0,065	AY091493	s2	0,058
AY091493	s8	0,065	AF039580	s11	0,058
AF242348	DQ852284	0,065	AY091492	s5	0,058
AF242348	s6	0,065	AF039580	s5	0,058
AF242348	s13	0,065	AY091492	DQ852284	0,058
AF242347	DQ852289	0,065	AY091492	s6	0,058
AF242348	DQ852289	0,065	AF039580	s6	0,058
JX673912	s11	0,065	AY091492	s13	0,058
JX673912	DQ852281	0,065	AF039580	s13	0,058
JX673912	s6	0,065	JX673912	s4	0,058
JX673912	s13	0,065	AY091492	DQ852289	0,058
JX673912	DQ852287	0,065	AF039580	s2	0,058
AY091492	AF242348	0,063	KF677288	DQ852285	0,056
AF242348	s3	0,062	AY091489	AF039580	0,056
AF242348	s9	0,062	AY091493	AF039580	0,056
AF242348	s1	0,062	AY091492	AF039580	0,056
AF242348	s8	0,062	AF242347	DQ852281	0,056

AF242348	DQ852281	0,056	s13	s7	0,049
AF242347	DQ852285	0,056	s6	s14	0,049
AY091489	s7	0,056	s13	s14	0,049
AY091489	s14	0,056	s11	DQ852287	0,049
AY091489	DQ852287	0,056	DQ852284	DQ852287	0,049
AY091492	s1	0,056	AY091492	AY091493	0,049
AY091492	s8	0,056	AF242347	s1	0,049
AY091492	DQ852281	0,056	AF242347	s8	0,049
AY091492	s4	0,056	AF242348	DQ852287	0,049
AF039580	DQ852287	0,056	AF039580	DQ852281	0,049
AY091489	AF242347	0,054	AY091492	DQ852287	0,049
AY091493	AF242347	0,054	s1	s6	0,047
AY091489	AF242348	0,054	s8	s6	0,047
AY091493	AF242348	0,054	s1	s13	0,047
DQ852281	s6	0,054	s8	s13	0,047
DQ852281	s13	0,054	s3	DQ852285	0,047
KF677288	s4	0,054	s9	DQ852285	0,047
KF677288	s7	0,054	s11	DQ852289	0,047
KF677288	s14	0,054	DQ852284	DQ852289	0,047
AY091489	DQ852281	0,053	DQ852284	s7	0,047
AF242347	s4	0,053	s4	s7	0,047
AF242347	DQ852287	0,053	DQ852284	s14	0,047
AY091489	s2	0,053	s4	s14	0,047
AY091492	s11	0,053	s3	DQ852287	0,047
AY091492	KF677288	0,053	s9	DQ852287	0,047
AY091492	DQ852285	0,053	s1	DQ852287	0,047
AF039580	DQ852285	0,053	s8	DQ852287	0,047
AY091492	s7	0,053	KF677288	DQ852287	0,047
AY091492	s14	0,053	DQ852284	s2	0,047
s3	s6	0,051	AY091492	AY091489	0,047
s9	s6	0,051	AF242347	JX673912	0,047
s3	s13	0,051	AF242348	s2	0,047
s9	s13	0,051	s11	s6	0,045
DQ852281	s4	0,051	s5	s6	0,045
s11	s7	0,051	s11	s13	0,045
s11	s14	0,051	s5	s13	0,045
s11	s2	0,051	DQ852284	DQ852285	0,045
AF242347	s11	0,051	s3	DQ852289	0,045
AF242347	s5	0,051	s9	DQ852289	0,045
AF242347	DQ852284	0,051	s1	DQ852289	0,045
AF242347	s2	0,051	s8	DQ852289	0,045
AF039580	s4	0,051	s6	DQ852289	0,045
AF039580	s7	0,051	s13	DQ852289	0,045
AF039580	s14	0,051	s3	s7	0,045
AY091492	s2	0,051	s9	s7	0,045
DQ852284	s6	0,049	s1	s7	0,045
DQ852284	s13	0,049	s8	s7	0,045
DQ852281	DQ852285	0,049	DQ852285	s7	0,045
s3	s4	0,049	s3	s14	0,045
s9	s4	0,049	s9	s14	0,045
KF677288	DQ852289	0,049	s1	s14	0,045
s6	s7	0,049	s8	s14	0,045

DQ852285	s14	0,045	DQ852289	s2	0,034
s5	DQ852287	0,045	KF677288	DQ852281	0,031
s3	s2	0,045	DQ852289	DQ852287	0,031
s9	s2	0,045	AF039580	AF242347	0,031
s1	s2	0,045	s3	s11	0,027
s8	s2	0,045	s9	s11	0,027
KF677288	s2	0,045	s11	KF677288	0,027
s6	s2	0,045	s5	KF677288	0,023
s13	s2	0,045	s3	DQ852284	0,023
AF242348	JX673912	0,045	s9	DQ852284	0,023
AF242347	s7	0,044	KF677288	DQ852284	0,023
AF242348	s7	0,044	s3	s1	0,021
AF242347	s14	0,044	s9	s1	0,021
AF242348	s14	0,044	s3	s8	0,021
s3	KF677288	0,042	s9	s8	0,021
s9	KF677288	0,042	s1	KF677288	0,021
s1	DQ852285	0,042	s8	KF677288	0,021
s8	DQ852285	0,042	s11	DQ852281	0,021
DQ852284	s4	0,042	DQ852281	DQ852284	0,021
s5	DQ852289	0,042	s3	s5	0,019
s4	DQ852289	0,042	s9	s5	0,019
s5	s7	0,042	s1	DQ852281	0,019
DQ852289	s7	0,042	s8	DQ852281	0,019
s5	s14	0,042	s7	DQ852287	0,019
DQ852289	s14	0,042	s14	DQ852287	0,019
s6	DQ852287	0,042	AY091489	AY091493	0,017
s13	DQ852287	0,042	s5	DQ852281	0,017
s5	s2	0,042	s3	DQ852281	0,014
s4	s2	0,042	s9	DQ852281	0,014
s11	DQ852285	0,040	s7	s2	0,012
s5	DQ852285	0,040	s14	s2	0,012
s1	s4	0,040	s11	s5	0,008
s8	s4	0,040	s11	DQ852284	0,008
DQ852285	DQ852289	0,040	s11	s1	0,006
s4	DQ852287	0,040	s11	s8	0,006
DQ852285	s2	0,040	s6	s4	0,006
AF039580	JX673912	0,040	s13	s4	0,006
s11	s4	0,038	DQ852287	s2	0,006
s5	s4	0,038	s5	DQ852284	0,004
DQ852281	DQ852289	0,038	s6	DQ852285	0,004
DQ852281	s7	0,038	s13	DQ852285	0,004
DQ852281	s14	0,038	s1	s5	0,002
DQ852285	DQ852287	0,038	s8	s5	0,002
DQ852281	s2	0,038	s1	DQ852284	0,002
DQ852281	DQ852287	0,036	s8	DQ852284	0,002
AF039580	AF242348	0,036	DQ852285	s4	0,002
AF242347	AF242348	0,034			

