

YERLİ TAVUK GENOTİPLERİNİN TİCARİ
GENOTİPLER İLE OLAN GENETİK
FARKLILIĞININ SSR (SIMPLE
SEQUENCE REPEATS- BASİT DİZİ
TEKRARLARI) YÖNTEMİ İLE ANALİZİ

LEVENT MERCAN

DOKTORA TEZİ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YERLİ TAVUK GENOTİPLERİNİN TİCARİ GENOTİPLER İLE OLAN GENETİK
FARKLILIĞININ SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS- BASİT DİZİ
TEKRARLARI) YÖNTEMİ İLE ANALİZİ

LEVENT MERCAN

DOKTORA TEZİ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

AKADEMİK DANIŞMAN

Prof. Dr. Ahmet OKUMUŞ

SAMSUN 2010

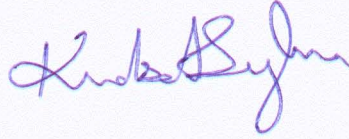
T.C

ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ

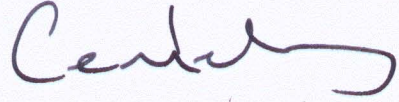
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Bu çalışma jürimiz tarafından 12/02/2010 tarihinde yapılan sınav ile Zootekni Anabilim Dalı'nda Doktora Tezi olarak kabul edilmiştir.

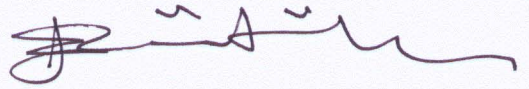
Başkan : Prof. Dr. Kudret SAYLAM



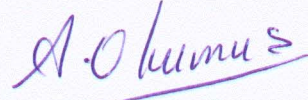
Üye : Prof. Dr. Cengiz ELMACI



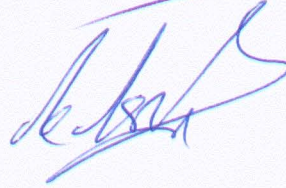
Üye : Prof. Dr. Ergin ÖZTÜRK



Üye : Prof. Dr. Ahmet OKUMUŞ



Üye : Doç. Dr. Kamil IŞIK



ONAY :

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

....../....../2010

Prof. Dr. Hasan GÜMÜŞ

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

YERLİ TAVUK GENOTİPLERİNİN TİCARİ GENOTİPLER İLE OLAN GENETİK FARKLILIĞININ SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS- BASİT DİZİ TEKRARLARI) YÖNTEMİ İLE ANALİZİ

ÖZET

Yerel tavuk gen kaynaklarının mevcut potansiyelini araştırmak amacıyla, Samsun, Sinop, Amasya, Ordu ve Tokat illerinin her birinden seçilen üç ilçe ve üç köyden (toplam 45 noktadan) toplanan köy tavuğu genotiplerinin ticari tavuklar ile olan genetik benzerlik durumları, gen çeşitliliği oranları, allel frekansları popülasyon düzeyinde SSR (Simple Sequence Repeats-Basit Dizi Tekrarları, Mikrosatelitler) markörler ile incelenmiştir. Elde edilen veriler Aritmetik Ortalamaları Kullanan Tartısız Eş-grup Yöntemi (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean – UPGMA) ve Komşu Birleştirme (Neighbor Joining - NJ) kümeleme analizleri ile Temel Koordinatlar Analizi (PCoA) yöntemlerine göre NTSYSpc v2.11 programı yardımıyla yapılmış ve grafiksel olarak gösterilmiştir. Çalışmada 28 mikrosatelit lokusu kullanılmış, bu lokuslara ait ortalama Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) değeri, tüm popülasyonlarda lokus başına ortalama allel sayısı, popülasyon başına her bir lokusta elde edilen ortalama allel sayısı sırasıyla; $0,86 \pm 0,06$, $12,96 \pm 4,97$ ve $2,33 \pm 0,19$ olarak bulunmuştur. Ayrıca popülasyonlara ait ortalama gen çeşitliliği oranı (h) $0,675 \pm 0,040$ olarak hesaplanmıştır. Ki-kare analizi, gen çeşitliliği oranı bakımından popülasyonlar arasında fark bulunmadığını göstermiştir ($P > 0,05$).

Yerli tavuk popülasyonlarının gösterdikleri allel çeşitliliği ile zengin bir genetik kaynak oldukları, Ordu/Kumru'nun Kıran köyü popülasyonunun (ORKK) ticari popülasyonlarla allel paylaşımının olmadığı, çalışmanın hassasiyetinin ve bilgi vericilik düzeyinin artırılması için daha sonraki çalışmalarda bireysel genotiplemenin yapılması gerektiği sonucuna varılmıştır.

Anahtar Sözcükler: Köy tavuğu, ticari tavuk, SSR, gen çeşitliliği

ANALYSIS OF GENETIC DISSIMILARITY BETWEEN NATIVE AND COMMERCIAL CHICKEN GENOTYPES BY SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEATS) METHOD

ABSTRACT

The village chicken genotype samples selected from three towns and three villages from each Samsun, Sinop, Amasya, Ordu and Tokat districts (totally from 45 points) analyzed for genetic similarity, gene diversity ratios, allele frequencies between commercial chickens in population level by SSR (Simple Sequence Repeats-Microsatellites) markers with the aim of evaluating present potential of local chicken genetic resources. Data were analyzed according to Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), Neighbor-Joining (NJ) and Principle Coordinates Analysis (PCoA) with the program NTSYSpc v2.11 and were presented in graphics. Twenty eight microsatellite loci were used in the study and the mean Polymorphism Information Content (PIC) value of these loci, the mean allele number per locus for all populations and the mean allele number per population per locus were found as 0.86 ± 0.06 , 12.96 ± 4.97 and 2.33 ± 0.19 , respectively. In addition, populations' mean gene diversity ratio (h) was calculated as 0.675 ± 0.040 . Chi-square analysis showed that there was no difference between the populations ($P > 0.05$).

It was determined that local chicken genotypes were rich genetic resources with their allelic diversity and the population obtained from the Kiran village of Kumru/Ordu (ORKK) did not share any alleles with commercial populations and also individual genotyping was needed for further studies to improve sensitivity and informativeness.

Keywords: Village chicken, commercial chicken, SSR, gene diversity

TEŞEKKÜR

Akademik çalışmalarımın tümünde olduğu gibi bu tez çalışmasının da yürütülmesi ve sonuçlandırılmasındaki hoşgörülü rehberliği, çalıştığım bu güzel konuda uzmanlaşma gayretine verdiği destek için danışmanım, hocam, Prof. Dr. Ahmet OKUMUŞ'a öncelikle teşekkür etmek isterim.

Tez konusunun belirlenmesi aşamasından sonuçlanmasına kadar attığım her adımda değerli fikirleri ile bana yol gösteren ve şevklendiren, desteklerini her zaman yakinen hissettiğim Tez İzleme Komitesi'nde yer alan hocalarım; Prof. Dr. Kudret SAYLAM ve Doç. Dr. Kamil IŞIK'a yürekten teşekkür ediyorum.

Yardıma ihtiyaç duyduğum zamanlarda sevgili dostlarım ve değerli hocalarım benim için özveride bulunmaktan çekinmemişlerdir. Prof. Dr. Abdülkerim BEDİR, Prof. Dr. Vaclav JAKUBEC, Doç. Dr. Ali Vaiz GARİPOĞLU, Doç. Dr. M. Akif ÇAM, Doç. Dr. Orhan DENGİZ, Yrd. Doç. Dr. Mustafa OLFAZ, Yrd. Doç. Dr. Ünal KILIÇ, Yrd. Doç. Dr. Soner ÇANKAYA, Yrd. Doç. Dr. Hasan ÖNDER, Dr. İsmail DURMUŞ, Dr. Tomas KOTT, Dr. Cock Van OOSTERHOUT, Araş. Gör. Ercan SOYDAN, Y. Zir. Müh. Derya BACAKSIZ, Zir. Müh. Cemal YILMAZ, Zir. Müh. Kaan ALTAŞ ve Zir. Müh. Mehmet GÜREŞ'e teşekkürlerimi sunuyorum.

Örneklerin toplanması aşamasında yardımlarını esirgemeyen; Bafra, Vezirköprü, Asarcık, Gerze, Ayancık, Boyabat, Niksar, Turhal, Erbaa, Suluova, Taşova, Göynücek, Ünye, Kabadüz ve Kumru İlçe Tarım Müdürlüklerine ve çalışanlarına, cömertlikleri ve hoşgörülerini için çiftçilerimize ayrıca teşekkür ediyorum.

Lisans, Yüksek Lisans ve Doktora eğitimimi tamamladığım, üzerimde emekleri büyük olan O.M.Ü Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü'ndeki hocalarıma ve arkadaşlarıma da çok teşekkür ediyorum.

Ve son olarak; sevgili annem ve babam; Emine - Mustafa MERCAN'a, sevgili kardeşlerim; Dilek, Dilber ve Fatih MERCAN'a, hayat arkadaşım, müstakbel kızımın annesi; Sevcan MERCAN'a minnet ve şükranlarımı arz ediyorum.

Ocak, 2010

Samsun

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No:
ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	VI
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	VIII
ÇİZELGELER LİSTESİ.....	IX
1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL BİLGİLER.....	4
2.1. Çiftlik Hayvanları Genetik Çeşitliliği ve Önemi.....	4
2.2. Tavuğun Orijini, Evcilleştirilmesi ve Zoolojik Sınıflandırmadaki Yeri.....	5
2.2.1. Tavuğun Orijini ve Evcilleştirilmesi.....	5
2.2.2. Evcil Tavuğun Zoolojik Sınıflandırmadaki Yeri.....	7
2.3. Tavukçuluğun Ticari Sektörleşmesi.....	7
2.4. Türkiye Tavuk Genetik Kaynakları.....	8
2.5. Kuş Gribi Salgını ve Kanatlı İtlafları.....	11
2.6. Tavuk Genomu ve Organizasyonu.....	13
2.7. Moleküler Markörler.....	14
2.7.1. Moleküler Markörlerin Popülasyonların Genetik Karakterizasyonundaki Rollerini.....	14
2.7.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu.....	16
2.7.3. Mikrosatelit Markörler.....	19
2.7.3.1. Mikrosatelitlerin Diğer Genetik Markörlere Göre Üstünlükleri.....	22
2.7.3.2. Mikrosatelitlerin Kullanımını Sınırlandıran Faktörler.....	22
2.8. Tavuklarda Genetik Çeşitlilik, Genetik Benzerlik ve Farklılığın Belirlenmesinde Mikrosatelit Markörlerin Kullanımı.....	23
2.9. Mikrosatelit Markörlerin Diğer Bazı Kanatlı Hayvanlarda Kullanımıyla İlgili Çalışmalar.....	31
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	33
3.1. Materyal.....	33
3.1.1. Hayvan Materyali.....	33
3.1.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar ve Yardımcı Malzemeler.....	36
3.1.3. Kimyasal Maddeler ve Mikrosatelit Lokuslarına Özgü Primerler.....	36
3.2. Yöntem.....	36
3.2.1. Kan Örneklerinin Alınması.....	36
3.2.2. Genomik DNA'nın Özütlenmesi (Ekstraksiyonu=İzolasyonu) ve Popülasyonlara Ait DNA Havuzlarının Oluşturulması.....	39
3.2.2.1. QIAMP DNA Blood Mini Kit kullanılarak yapılan Genomik DNA Özütleme İşlemi.....	40
3.2.2.2. "BILATEST Genomic DNA Kit (Blood)" Kullanılarak Yapılan Genomik DNA Özütleme İşlemi.....	42

3.2.2.3.	Popülasyonlara Ait DNA Havuzlarının Oluşturulması.....	44
3.2.3.	Mikrosatelit Bölgelerin PZR ile Çoğaltımı.....	45
3.2.4.	Poliakrilamid Jel Elektrophorezi (Polyacrylamide Gel Electrophoresis) Yöntemi ile Ayrımlamanın Gerçekleştirilmesi.....	48
3.2.4.1.	Poliakrilamid Jelin Hazırlanması	49
3.2.4.2.	Jelin Yüklenmesi ve Yürütülmesi.....	50
3.2.4.3.	Jelin Boyanması.....	51
3.2.4.4.	Jellerin Görüntülenmesi ve Skorlanması.....	52
3.2.5.	Verilerin İstatistiki Analizi.....	57
3.2.5.1.	Gen Çeşitliliği (Beklenen heterozigotluk-Expected heterozygosity).....	57
3.2.5.2.	Polimorfizm Bilgi İçeriği.....	58
3.2.5.3.	Genetik Benzerlik ve Mesafe.....	58
3.2.5.4.	Kümeleme (Clustering) ve Filogenetik Ağaç (Phylogenetic Tree).....	59
3.2.5.5.	Temel Koordinatlar Analizi (PCoA).....	60
4.	ARAŞTIRMA BULGULARI.....	61
4.1.	Popülasyonlara Ait Genetik Parametreler.....	61
4.2.	Popülasyonlar Arası Genetik Analizler.....	62
4.2.1.	Gen Çeşitliliği(Beklenen Heterozigotluk-Expected Heterozygosity (<i>h</i>)).....	62
4.2.2.	Genetik Benzerlik.....	64
4.3	Popülasyonlara Ait Allel Frekansları.....	68
4.4.	Filogenetik Analizler	70
4.4.1.	UPGMA Temelli Soyağacı Topolojisi.....	70
4.4.2.	Neighbor-Joining (NJ) Temelli Soyağacı Topolojisi.....	72
4.4.3.	Temel Koordinatlar Analizi.....	74
5.	TARTIŞMA.....	75
6.	SONUÇ VE ÖNERİLER.....	78
7.	KAYNAKLAR.....	80
8.	EK- A. Köy Tavuğu Örneklerinin Alındığı Bölgeye Ait Kod, Şehir, İlçe, Köy, Rakım ve Coğrafi Koordinat Verileri.....	i
	EK- B. Yerli Genotiplere Ait Resimler.....	xiv
	EK- C. Mikrosatelit Lokuslarına Ait Poliakrilamid Jel Resimleri.....	xxxi
	ÖZGEÇMİŞ	

SİMGELER VE KISALTMALAR LİSTESİ

A	:Adenin
AFLP	:Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi)
APS	:Amonyumpersülfat
AVIANDIV	:Avian Diversity (Uluslararası Kanatlı Çeşitliliği Projesi)
bç	:Bazçifti
C	:Sitozin
cM	:Centi Morgan
DAD-IS	:Domestic Animal Diversity Information System (Evcil Hayvan Genetik Çeşitliliği Bilgi Sistemi)
DNA	:Deoksiribonükleik asit
dNTP	:Deoksiribonükleosidtrifosfat
EDTA	:Etilendiamintetraasetik asit
EtBr	:Ethidyum bromür
FAO	:Food and Agriculture Organization in United Nations (Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü)
G	:Guanin
GDO	:Genetiği Değiştirilmiş Organizma
GPS	:Global Positioning System (Küresel konum bildirme sistemi)
IAMM	:IAMM-Infinite Alleles Mutation Model (Sonsuz Alleller Mutasyon Modeli)
M	:Molar
Mb	:Milionbase-Milyonbaz
MDS	:Metric Multidimensional scaling (Metrik çok boyutlu ölçekleme)
MHC	:Major Histocompatibility Complex (Majör doku uyumluluk kompleksi)
ml	:Mililitre
mM	:Milimolar
NJ	:Neighbor-Joining (Komşu birleştirme)
nm	:Nanometre
NCBI	:National Center for Biotechnology Information (ABD).
OMÜ	:Ondokuz Mayıs Üniversitesi
OTU	:Operational Taxonomic Unit (Üzerinde çalışılan taksonomik ünite)

PBS	:Phosphate Buffered Solution (Fosfat Tamponlu Çözelti)
PCA	:Principal Component Analysis (Temel Bileşenler Analizi)
PCoA	:Principle Coordinate Analysis (Temel Koordinatlar Analizi)
PIC	:Polymorphism Information Content (Polimorfizm Bilgi İçeriği)
PZR	:Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction-PCR)
RAPD	:Random Amplified Polymorphic DNA (Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
RFLP	:Restriction Fragment Length Polymorphism (Kesilmiş Parça Uzunluğu Polimorfizmi)
SDS	:Sodyum Dodesil Sülfat (Lauryl Sülfat)
SM	:Standart Markör
SMM	:Stepwise Mutation Model (Adım Adım Mutasyon Modeli)
SNP	:Single Nucleotide Polymorphism (Tek Nükleotid Polimorfizmi)
SSC	:Standart Saline Citrate
SSR	:Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarı)
STR	:Simple Tandem Repeats (Basit Ardışık Tekrarlar)
T	:Timin
TBE	:Tris-Boric acide-EDTA
tDNA	:Template DNA (Kalıp DNA)
TE	:Tris-EDTA Buffer
TEMED	:Tetrametiletilendiamin
T _m	:Bağlanma sıcaklığı
UPGMA	:Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (Aritmetik Ortalamaları Kullanan Tartısız Eş-Grup Yöntemi)
US	:United States
VNTR	:Variable Number of Tandem Repeats (Değişken Sayıda Ardışık Tekrarlar)
WHO	:World Health Organization (Dünya Sağlık Örgütü)
µg	:Mikrogram
µl	:Mikrolitre
µM	:Mikromolar
µm	:Mikrometre
°C	:Santigrat derece

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil No	Şekil Adı	Sayfa No
2.1	Kırmızı orman tavuğu.....	6
2.2	Denizli horozu.....	9
2.3	Gerze horozu.....	10
2.4	Kanatlı itlafından bir görüntü.....	11
2.5	Türkiye’de kuş gribi vakalarının ortaya çıktığı noktalar.....	12
2.6	İllere göre Türkiye’de Kuş gribi risk değerlendirme ve analizi temelinde risk bölgeleri sınıflandırması.....	12
2.7a	Polimeraz Zincir Reaksiyonu aşamaları.....	17
2.7b	Polimeraz Zincir Reaksiyonu döngüleri.....	18
2.8a	Homozigot genotipte mikrosatelit lokusunun şematik görünümü.....	20
2.8b	Heterozigot genotipte mikrosatelit lokusunun şematik görünümü.....	21
3.1	Koordinat verilerinden yararlanılarak köy tavuğu örneklerinin toplandığı iller ve köylerin harita üzerinde görünümü.....	35
3.2	Kanat altı toplardamarının şematik görüntüsü ve örnek alımı sırasında enjektörün yerleşim pozisyonu.....	37
3.3	Kan alma işleminin gerçekleştirilmesi.....	37
3.4a	Genetik-Biyoteknoloji Laboratuvarı.....	38
3.4b	Genetik-Biyoteknoloji Laboratuvarı.....	39
3.5	DNA ekstraksiyonunun yapılması.....	40
3.6	QIAGEN DNeasy DNA özütleme kiti protokolünün özeti.....	42
3.7	BILATEC Manyetik Separatör (M12+M12) ve kit içeriği.....	43
3.8	Termal Döngü Cihazı (PEQLAB Primus 96 Gradient PCR Thermal Cycler).....	47
3.9	Dikey elektroforez sistemi.....	49
3.10	DNA standart markörleri.....	51
3.11	Jelin elektroforetik ayrırılması ile oluşan bantların Syngene-GeneTools programı yardımıyla moleküler büyüklüklerine göre skorlanması.....	53
3.12	Standart markör bant piklerini gösteren grafik ve tanım çizelgesi.....	54
3.13	Homozigot allel yapısına sahip SNBO popülasyonunun MCW 0069 Lokusu allelinin grafik görünümü ve skor çizelgesi.....	55
3.14	Heterozigot allel yapısına sahip AMSA popülasyonunun MCW 0081 Lokusu allellerinin grafik görünümü ve skor çizelgesi.....	56
4.1	İllere göre yerel popülasyonların gen çeşitliliği ortalamaları ile ticari popülasyonların gen çeşitliliği düzeyleri.....	64
4.2	İllere göre yerel popülasyonların allel frekansları ile ticari popülasyonların ait allel frekansı değerleri.....	69
4.3	NTSYSpc v2.11 programında UPGMA yöntemi kullanılarak elde edilen filogenetik dendogram.....	71
4.4	NTSYSpc v2.11 programında Neighbor-Joining yöntemi kullanılarak elde edilen filogenetik dendogram.....	73
4.5	NTSYSpc v2.11 programı yardımıyla yapılan Temel Koordinatlar Analizi’ne göre çalışılan popülasyonların üç boyutlu grafik ile gösterimi	74

ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge No	Çizelge Adı	Sayfa No
2.1	Morfoloji, verim karakterleri ve davranış özelliklerine ait ortalama değerler kullanılarak Kırmızı Orman Tavuğu ile Beyaz Legornun karşılaştırılması.....	6
2.2	Evcil tavuğun taksonomik sınıflandırmadaki yeri.....	7
3.1	Kan örneklerine ait çalışma kodları, örneklerin alındığı bölgeler, örnek kaynağı kodları ve örnek sayıları.....	34
3.2	Araştırmada kullanılan cihazlar ve menşeleri.....	36
3.3	Çalışmada kullanılan mikrosatelit lokusların orijinal isimleri, ileri ve geri primer dizilişleri, çalışma kodları.....	46
3.4	Optimize edilmiş PZR koşulları için gerekli reaktiflerin yoğunluk ve miktarları.....	47
3.5	Optimize edilmiş PZR sıcaklık döngü düzeni.....	47
3.6	Poliakrilamid Jel Elektroforezi için gerekli kimyasal ve çözeltiler.....	50
4.1	Çalışmada kullanılan lokusların; adı, konumu, toplam-özel allel sayıları, bazçifti (bç) cinsinden allel aralığı ve ortalama allel büyüklükleri ile PIC değerleri.....	62
4.2	Popülasyonların kullanılan 28 mikrosatelit markörü bakımından gen çeşitliliği düzeyleri.....	63
4.3	Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi.....	65
4.4	Popülasyonlara ait ağırlıklı allel frekansları.....	69

1. GİRİŞ

Yerel genetik kaynaklar, yüzyıllar boyunca çevrenin olumlu ve olumsuz etkileri altında kalan canlıların, yaşadıkları çevreye en uygun şekilde uyum sağlamış olanlarının meydana getirdiği özgün genetik zenginliklerdir. Bugün, belirli birkaç verim karakteri yönünde yapılan ıslah çalışmaları ile yüksek verim düzeyine sahip canlıların sayısı artarken, şimdilik ekonomik olan bu verim karakterleri bakımından yetersiz yerel genotiplerin varlığı ve varyasyonu azalmaktadır (Anonim, 2000).

İnsan ihtiyaçlarının sürdürülebilir olarak karşılanabilmesi, ırklar arası ve ırk içi genetik çeşitliliğe bağlı olup, ıslahçılar için en temel kaynağı teşkil etmektedir. Son yıllarda üretimin ekonomikliği anlamında verim artmıştır. Ancak, yüzyıllar boyunca çevre ve insan faktörlerinin etkisiyle şekillenmiş olan, gelecekte karşılaşılabilecek sorunlarının aşılması açısından ıslahçılar için paha biçilemez ve yeri doldurulamaz gen havuzları, birçok önemli geni yapılarında bulundurmaktadır. Bu yüzden entansif üretimin artması, yerli gen kaynaklarının korunması zorunluluğunu daha da artırmaktadır.

Evcil Hayvan Çeşitliliği Bilgi Sistemi (Domestic Animal Diversity Information System; DAD-IS) veri tabanında kayıtlı toplam 7616 evcil hayvan ırkı bulunmakta, bunlardan 6536'sını yerel ırklar, 1080'i ise sınır ötesi ırklar oluşturmaktadır. Bu ırklardan 1491'i (yaklaşık %20'si) risk altında olup, 690 adet ırk ise yeryüzünden tamamen yok olmuştur. Kanatlı genetik kaynaklarının en önemlilerinden biri tavuktur. Dünya'da 17,5 milyar tavuk bulunmakta ve evcil kanatlı türleri içinde yer alan ırkların %63'ünü tavuk ırkları oluşturmaktadır. FAO'da kayıtlı olan tavuk ırklarından 1077'si yerel ırk, 101'i sınır ötesi ırklardır. Bugüne kadar toplam 40 tavuk ırkı yok olmuştur. FAO'da kaydı bulunan 419 tavuk ırkı risk altında iken 493 ırkın ise risk durumu bilinmemektedir (Anonim, 2007a).

Türkiye'de Denizli ve Gerze ırkı olmak üzere iki yerli tavuk ırkı bulunmaktadır (Özdoğan ve Gürçan, 2006; Türkoğlu ve Sarıca, 2009). Bugün bu ırklar meraklıları tarafından hobi amaçlı yetiştirilmekte ve Tarım ve Köyişleri Bakanlığı'na bağlı Lalahan Hayvancılık Araştırma Merkezi'nde de koruma altında bulunmaktadır. Araştırma enstitülerimizin özverili gayretine rağmen hem ekonomik, hem de idari zorluklar göz önüne alındığında genetik kaynakların korunması/saklanması işleminin sınırlı bir

koruma yöntemi olduğu ortadadır. Hala koruma/saklama programlarının en geniş çaplı olanı, çiftçi eli altında süren yetiştiriciliktir. Köy tavukçuluğu da bir anlamda tavuk genetik kaynaklarının herhangi bir maliyet gerektirmeden, gönüllü olarak korunması işlemidir.

Gerze ve Denizli ırklarının dışında genetik ya da fenotipik yönden ırk olarak tanımlanmış, bölgelere ya da verim özelliklerine göre tasnif edilmiş olmasalar da görünüş olarak birbirinden oldukça farklı bir çok köy tavuğu genotipinin bulunduğu bilinmektedir (Mercan ve ark., 2004). Köy tavuklarının göstermiş oldukları yüksek fenotipik çeşitliliğin genetik olarak ortaya çıkarılması oldukça önemlidir. Yerli genetik kaynakların kültür ırklarına göre en önemli üstünlükleri yetiştirildikleri bölgenin doğal koşullarına ve yetiştiricilik kültürüne gösterdikleri yüksek uyum yeteneklerinden gelmektedir. Bu durum değişen çevre koşullarına ya da tüketici beklentilerine cevap verebilmek için ıslahçının gereksinim duyduğu gen rezervinin niteliğinin belirlenmesi zorunluluğunu da beraberinde getirmektedir. Eldeki genotiplerin sahip oldukları genetik özellikler bakımından “karakutu” olmaktan çıkarılmaları ve niteliklerinin güvenilir yöntemlerle ortaya konulması gerekmektedir. Türkiye sadece geniş bir coğrafi alanı kapsayan bir toprak parçası değil aynı zamanda tarih boyunca yakın ve uzak coğrafyaları, beşeri, kültürel ve tarımsal olarak da etkilemiş bir ülkedir. Bu açıdan bakıldığında da bu coğrafyadaki genetik kaynaklar değerlendirilmeden bu konularda yapılan tüm genellemelerin önemli bir parçadan yoksun olacağı açıktır.

Ne yazık ki bugün ülkemizde ticari tavukçuluk sektörünün üretim materyalini oluşturan tavuklar, yumurtacı ve etlik hibrid ebeveynleri (grandparent) olarak genellikle yurtdışından ithal edilen tavukların ülkemizde melezlenmesi sonucu elde edilmektedir. Son yıllarda özellikle yumurtacı tavuk ebeveynlerinin Türkiye’de üretilerek dışa bağımlılığın azaltılması konusunda Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü öncülüğünde çalışmalar devam etmekteyken, etlik piliç ebeveynlerinin ıslahı konusunda yapılan ıslah çalışmalarına ise tamamen son verilmiş durumdadır. Hâlihazırda bilgi ve girdi yoğun bir sektör olan ticari tavukçuluğumuz genetik materyal olarak dışa bağımlı bir yapı arz etmektedir (Türkoğlu ve Sarıca, 2009).

Ülkemizde köy tavukçuluğu şeklinde genellikle ekstansif ve yarı doğaya bağımlı olarak yetiştiriciliği yapılan fenotipik olarak birbirinden oldukça farklı görünüşte tavukların bulunduğu bilinmektedir. Ancak dikkat çekici bu farklılığa sahip köy tavuklarının içerdikleri genetik çeşitlilik düzeyi moleküler olarak belirlenmiş değildir.

Ayrıca Tarım ve Köyişleri Bakanlığı'nca yasaklanmasına rağmen (Anonim, 2009c) özellikle yumurtacı tavuk hatlarına ait civcivlerin ve ticari işletmelerden satın alınan çıkma tavukların köy tavukçuluğunda kullanıldığı ve bunların da genetik kirlenmeye neden oldukları düşünülmektedir.

Bu çalışmanın amacı Samsun, Sinop, Ordu, Amasya ve Tokat illerinden seçilen köy tavuğu popülasyonları ile ticari tavuk genotiplerinin sahip oldukları genetik çeşitlilik ve benzerlik durumlarının tavuklarda genetik polimorfizmin belirlenmesi konusunda sıklıkla kullanılan mikrosatelit markörleri yardımıyla moleküler düzeyde ortaya konulmasıdır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1. Çiftlik Hayvanları Genetik Çeşitliliği ve Önemi

Günümüzde insanların beslenmesi ve tarımsal üretim için gerekli olan hayvan türleri yaklaşık 12 000 yıldır süren evcilleştirme süreci sonucunda elde edilmiştir. Hayvan türlerinin evcilleştirilmesi bu hayvanların insan eli altında kontrollü olarak çiftleştirilmesi ve yetiştirilmesi işlemleri ile gerçekleşmiştir. İnsan toplulukları varlıklarını sürdürebilmek için yaşadıkları çevreyi kontrol altına almışlar, ihtiyaçlarını karşılamak için hayvanları evcilleştirmiş ve yaşadıkları çevre koşullarına uygun yeni ırklar üretmişlerdir. Genetik olarak farklı ırkların ortaya çıkma süreci karşılıklı etkileşim halindeki iki etkenden kaynaklanmaktadır. Bu etkenlerden birincisi insanlar tarafından yapılan seleksiyon baskısıdır. Bu baskı istenilen bir verim özelliği bakımından durumu iyi olan hayvanların bir sonraki generasyonun ebeveyni (damızlık) olarak kullanılmasıdır. İkinci etken ise hayvanın yaşadığı bölgede hâkim olan çevresel stres faktörleridir. Hayvanlar arasında yetiştirildikleri bölgenin çevre koşullarında üreme, ebeveyn ve yavruların yaşama gücü ile adaptasyon yetenekleri bakımından farklılıklar vardır. Bu farklılıklar o çevreye en uygun genotiplere üremede avantaj sağlamakta ve bu da genetik olarak farklı ırkların şekillenmesinde önemli rol oynamaktadır. Çevre ve insan kaynaklı faktörler tarafından binlerce yılda oluşan ve zengin genetik çeşitlilikler gösteren yerel genotipler artan insan ihtiyaçlarını karşılamada, eldeki hayvanların çevresel değişikliklere adapte olabilmeleri, hastalıklar, tüketici isteklerindeki değişiklikler gibi olası sorunlara çözüm üretmek için gerekli kaynaklardır. Genetik çeşitliliğin korunması ve artırılması ile ilgili teknolojilerin geliştirilmesi tarımın verimliliği ve sürdürülebilirliği açısından da önemlidir. Çiftlik hayvanlarındaki genetik çeşitlilik, insan nüfusunun artması, geleneksel tarımın hızlı bir şekilde terk edilmesi ve bunun getirdiği baskılar nedeniyle sürekli olarak azalmaktadır. Gelişmekte olan ülkelerde üretimin yaklaşık %75'i geleneksel tarıma dayanmaktadır. Hayvan gen kaynakları bakımından en yüksek kayıp gelişmiş ülkelerde yer almakta ve yüksek verimli birkaç ırk çok yoğun düzeyde bulunmaktadır (Anonim, 2000).

2.2. Tavuğun Orijini, Evcilleştirilmesi ve Zoolojik Sınıflandırmadaki Yeri

2.2.1. Tavuğun Orijini ve Evcilleştirilmesi

Jensen'in (2006), Price (1997)'den bildirdiğine göre üç temel süreç evcilleştirmenin merkezini oluşturmaktadır. Bunlardan birincisi yok edici düşmanlarından kaçma zorunluluğu ve aç kalma tehlikesi gibi doğal seleksiyon faktörleri bakımından rahatlamadır. İkincisi insanlar tarafından istenilen özellikler yönünde yapılan yoğun seleksiyondur. Üçüncü temel süreç ise çevre koşullarına uyum sağlama yeteneğinin (adaptasyon yeteneğinin) doğal seleksiyon mekanizması ile birlikte baskılanmasıdır.

Komiyama ve ark. (2004)'nın, Zeuner (1963), West ve Zhou (1988), Crawford (1990), Dundes (1994) ile Akishononomiya ve ark. (1996)'dan bildirdiğine göre önceleri tavuğun M.Ö 2000 yılları civarında, bugün Afganistan, Pakistan ve Kuzeybatı Hindistan'ın bir parçası olan İndus Vadisi bölgesinde evcilleştirildiği düşünülmektedir. Daha sonra elde edilen arkeolojik bulgular evcilleştirmenin bundan çok daha önce (M.Ö 6000 yıllarında) Çin topraklarında gerçekleştirildiğini ortaya koymuştur. Erken dönem medeniyetleşme ile tavuğun evcilleştirilmesi arasındaki ilişki tam olarak belirlenemese de evcil tavuğun (muhtemelen erken medeniyetleşme döneminde) Güneydoğu Asya'daki Kırmızı orman tavuğundan (Red jungle fowl-*Gallus gallus*) köken aldığı bilinmektedir (Komiyama ve ark., 2004). Kırmızı orman tavuğu resimde gösterilmiştir (Şekil 2.1)



Şekil 2.1. Kırmızı orman tavuğu (Red jungle fowl-*Gallus gallus*, Amerikan Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI-<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)’nden alınmıştır. Erişim tarihi: 09.08.2009)

Evcil tavuğun atası olan Kırmızı orman tavuğu hali hazırda doğada ve bazı hayvanat bahçelerinde bulunmakta, bu sayede mevcut tavuk genotipleri ile yabani formları karşılaştırılarak bunlar arasındaki genetik ve morfolojik veriler, verim değerleri ile davranış özellikleri bakımından farklılıklar ortaya konulabilmekte ve evcilleştirmenin etkisi daha iyi anlaşılabilmektedir. Jensen (2006), bazı verim özellikleri, morfolojik veriler ve davranış özellikleri bakımından Kırmızı orman tavuğu ile ticari bir yumurtacı hibrit olan Beyaz legornu karşılaştırmıştır (Çizelge 2.1).

Çizelge 2.1. Morfoloji, verim karakterleri ve davranış özelliklerine ait ortalama değerler kullanılarak Kırmızı orman tavuğu ile Beyaz legornun karşılaştırılması

Fenotipik özellik	Kırmızı orman tavuğu	Beyaz legorn
Ergin canlı ağırlık (g)	Erkek: 1100, Dişi:800	Erkek:2100, Dişi:600
Yumurtlama yaşı (hafta)	25	20
Yumurta ağırlığı (g)	23	57
Haftalık yumurta üretimi (g)	97	367
Tüy rengi	Karışık (yabanıl tip)	Beyaz
Beslenme davranışı	Yaygın, geniş alanda	Yoğun, yerel
Keşif davranışı	Sık, geniş alanda	Seyrek, dar alanda
Yırtıcı karşıtı davranış	Uyanık, hızlı tepkili	Daha az uyanık, düşük yoğunlukta tepki
Genel korkma davranışı	Alışılmadık uyarıcı ve insanlara karşı endişeli	Alışılmadık uyarıcı ve insanlara karşı daha az endişeli
Sosyal davranış	Baskınlık ilişkisi hızlı şekillenmekte, sabit gruplarda sık etkileşimler	Baskınlık ilişkisi yavaş şekillenmekte, sabit gruplarda seyrek etkileşimler

Evcilleştirme, çok sayıda fenotipik özelliğin hızlı ve karmaşık bir şekilde değişimini içerir. Bu mekanizma farklı türlerde benzer tarzda etki yapan bir süreçtir. Buna rağmen yapılan çalışmalar sonucunda tavuklarda evcilleştirme sürecinde kazanılan değişimler dizisinin az sayıda lokus tarafından ortaya çıkarıldığı, düzenleyici fonksiyonları olan birkaç genin bu değişimi gerçekleştirdiği düşünülmektedir (Jensen, 2006).

2.2.2. Evcil Tavuğun Zoolojik Sınıflandırmadaki Yeri

Canlılar, moleküler ve geleneksel yöntemler kullanılarak taksonomik olarak sınıflandırılırlar. Integrated Taxonomic Information System (Birleştirilmiş Taksonomik Bilgi Sistemi-www.itis.gov), internet veri tabanı şeklinde kullanıcılarına güncel taksonomik bilgi sağlamaktadır. Bu siteden sağlanan evcil tavuğun taksonomik sınıflandırmadaki yeri aşağıda verilmiştir (Çizelge 2.2).

Çizelge 2.2. Evcil tavuğun taksonomik sınıflandırmadaki yeri (<http://www.itis.gov>, Erişim tarihi: 10.08.2009)

Taksonomik grup	Bilimsel adı	Türkçe
Âlem	<i>Animalia</i>	Hayvanlar
Şube	<i>Chordata</i>	Sırt iplikliler
Alt-şube	<i>Vertebrata</i>	Omurgalılar
Sınıf	<i>Aves</i>	Kuşlar
Takım	<i>Galliformes</i>	Tavuksular
Familya	<i>Phasianidae</i>	Sülüngiller
Cins	<i>Gallus</i>	Tavuk
Tür	<i>Gallus gallus</i>	Kırmızı orman tavuğu
Alt-tür	<i>Gallus gallus gallus</i> (ya da <i>Gallus domesticus</i>)	Evcil tavuk

2.3. Tavukçuluğun Ticari Sektörleşmesi

Tavuk eti ve yumurtası yüzyıllar boyunca ticari bir materyal olarak alınıp satılmıştır. Ancak tavukçuluğun sektör olarak, avluda üretimden uzmanlığa dayalı şirket modeline geçmesi yüzyıldan daha az bir zaman önce gerçekleşmiştir. Bugün tavukçuluk, ticari bir üretim dalı olarak hayvansal üretim faaliyetleri içerisinde entansif yetiştiriciliğin en yoğun yapıldığı, moleküler genetik tekniklerini de içine alan modern biyoteknolojilerin ve güncel ıslah stratejilerinin uygulandığı önde gelen sektörlerden

biridir. Bugünkü durum; ıslah, genetik, besleme, yetiştirme, sürü yönetimi ve hastalık kontrolü konularındaki bilimsel başarıların bir sonucudur. Saf ırkların üretimde kullanılması şeklinde yapılan yetiştiriciliği takiben 1930-1950 yılları arasında yapılan melezlemelerden başarılı sonuçlar alınmasıyla birlikte kullanılan ırk, varyete ve hat sayısı ile ıslah şirketi sayısı da azalmıştır. Bugün de birkaç uluslararası şirket tüm dünya pazarlarına üretim materyali sağlamaktadır (Al-Nasser ve ark., 2007). Günümüzde uygulanan modern ıslah yöntemleri ile kullanılan biyoteknolojilerin de yardımıyla yumurta ve et gibi ekonomik verim karakterleri bakımından yüksek verimli tavuklar elde edilebilmektedir. Evcil tavuğun atası olan Kırmızı Orman Tavuğu'nda (Red Jungle Fowl- *Gallus gallus*) yıllık yumurta verimi 10-15 iken bugünün ticari yumurtacılarında 300'ün üzerindedir. Aynı şekilde etlik piliçlerde de 6 haftalık yaşta 2,5 kg canlı ağırlığa ulaşılabilir (Romanov ve Weigend, 2001; Türkoğlu ve Sarıca, 2009). Bunun yanında, yaklaşık 80 yıldır uygulanan ıslah yöntemleri ile yumurta ve et verimi konusunda çok yüksek değerlere ulaşılmasına rağmen, istenmeyen birçok özelliğin de gün yüzüne çıktığı bildirilmiştir (Burt, 2005). Et verimi yüksek tavuklarda ascites, sakatlık, üreme yeteneğinde düşme ve bulaşıcı hastalıklara karşı daha az dayanıklılık gibi doğuştan gelen bozukluklar sıklaşmıştır. Yumurtacı tavuklarda ise yumurta veriminin artmasına bağlı olarak osteoporoz görülme oranı artmıştır. Çok yakın bir gelecekte et ve yumurta verimi bakımından genetik sınıra ulaşılacağı öngörülmektedir (Burt, 2005; Burt (2002)'den). Bu verim karakterlerinin yerini, gıda güvenliği ve kalitesi konularındaki beklentilerin de artmasıyla birlikte, çeşitli kimyasalların ve antibiyotiklerin kullanımının azaltılabilmesi için patojenlere karşı genetik mukavemet yeteneği ve yumurta kabuğunun dayanıklılığı gibi daha farklı verim karakterleri almaya başlamıştır. Bu özelliklerin geleneksel seleksiyon yöntemleri ile ölçülmesi hem zor, hem de oldukça masraflı olduğundan moleküler ıslahın ticari tavukçulukta her geçen gün daha fazla önem kazanacağı düşünülmektedir.

2.4. Türkiye Tavuk Genetik Kaynakları

Türkiye'de Denizli ve Gerze ırkı olmak üzere iki yerli tavuk ırkı bulunmaktadır (Özdoğan ve Gürçan, 2006; Türkoğlu ve Sarıca, 2009). Denizli ırkı, Denizli ve yöresinde yetiştirilen yerel bir ırktır (Şekil 2.2). Balta veya gül ibikli olup, hafif tüylü, uzun bir yüz yapısına sahiptir. Erkek bireylerin gözleri belirgin olarak sürmeli

görünümlüdür. Burun delikleri küçük, gaga koyu gri renkte ve uzun, kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulak lopları belirgin, kırmızı renkte ya da kırmızı üzerinde hafif beyazlık bulunabilmektedir. Denizli ırkında sakal, geniş ve orta uzunluktadır. Boyun, erkeklerde uzun, dişilerde orta uzunlukta ve tüylüdür. Kuyruk, sağlam yapılı, erkeklerde gösterişlidir. Kanat büyük ve tüylüdür. Göğüs derinliği orta derinliktedir. Tüy ve telekler siyahtır. Erkeklerde boyun, sırt ve kanatta renkli telekler bulunabilmekte, bu renklerin varlığına göre; demir kır, pamuk kır, kefi sarı, al ve siyah olarak adlandırılmaktadır. Bazı dişilerin boynunda görülebilen eser miktardaki renk dışında tamamen siyahtırlar. Deri rengi beyaz, incik, ayak derisi ve pulları açık ya da koyu gri renkte, tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzludur. Bacaklar erkeklerde sağlam yapılı, yüksek ve sağlam duruşlu, dişilerde erkeklere göre daha kısadır. Yumurta kabuk rengi beyazdır. Denizli horozları sesleri ve çok uzun ötüşleri ile ünlüdürler (Özdoğan ve Gürçan, 2006).



Şekil 2.2. Denizli horozu (<http://dad.fao.org>'dan alınmıştır. Erişim tarihi: 09.08.2009)

Gerze tavuk ırkı, Sinop'un Gerze ilçesinin yerel bir ırkıdır. "Hacı Kadın" Gerze tavuğunun kaynaklarda geçen diğer ismidir. Ancak, yerel genotiplere ait örneklerin toplanması aşamasında Sinop'un Gerze ilçesinde, Gerze tavuğu yetiştiriciliği yapan yaşlılar ile yapılan sohbette uzun yıllar önce Gerze'de "Hacı Kadın" lakaplı bir Kadın bulunduğu, Gerze tavuğu gibi fiyakalı yürüdüğü için O'nun ilçeden ayrılmasından sonra bu tavuğa "Hacı Kadın" dendiği ifade edilmiştir. Gerze tavuğu, çatal ibikli, yüz yapısı

orta uzunlukta ve hafif tüylüdür (Şekil 2.3). Gözler orta büyüklükte yuvarlak ve kahverengidir. Burun delikleri büyük ve gaga üzerinde çıkıntılı, gaga gri renk tonlarında ve orta uzunlukta. Kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulak lopları erkeklerde çok belirgin her iki tarafta beyazdır. Sakal geniş ya da orta genişlikte, erkeklerde ise uzundur. Boyun yapısı erkeklerde uzun ve tüylü, dişilerde orta uzunlukta ve tüylüdür. Kuyruk yapısı sağlam, erkeklerde gösterişlidir. Kanat büyük ve geniştir. Göğüs orta derinliktedir. Vücudu siyah tüylerle kaplıdır. Erkeklerde kuyruk tüyleri ışık altında yeşil-siyah bir görünüm verir. Deri rengi beyazdır. İncik, ayak derisi ve pulları gri renk tonlarında, tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzludur. Bacaklar erkeklerde sağlam yapılı, yüksek ve sağlam duruşlu, dişilerde daha kısadır. Yumurta kabuk rengi beyazdır (Özdoğan ve Gürçan, 2006). Denizli ve Gerze ırkları meraklıları tarafından daha çok hobi amaçlı olarak yetiştirilen ırklardır. Bugün bu ırklar yok olma riski ile karşı karşıya olduklarından Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü'nde koruma altına alınmışlardır (Anonim, 2004).



Şekil 2.3. Gerze horozu

2.5. Kuş Gribi Salgını ve Kanatlı İtlafları

Kuş gribi (*Avian influenza*) salgını nedeniyle yapılan itlaf çalışması, kanatlı genetik kaynaklarımızda meydana gelen beklenmedik ve çok hızlı gerçekleşen bir genetik erozyon örneğidir. Dünya Sağlık Örgütü (WHO-World Health Organization), kuş gribi virüsünün yüksek düzeyde ölümcül ve pandemik bir formu olan H5N1'in 2003 yılı ortalarında Güneydoğu Asya'da ortaya çıktığını bildirmektedir (Anonim, 2009d). Kuş gribi köy tavukları başta olmak üzere tüm kanatlı genetik kaynakları üzerindeki olumsuz baskıyı arttırmıştır. Ülkemizde ilk vakaya 2005 yılı Ekim ayında Balıkesir ili Manyas ilçesinde, açıkta yetiştiricilik yapılan bir hindi çiftliğinde rastlanmıştır. Bu tarihten itibaren 53 ilimizdeki özellikle köy tavukçuluğu yapılan yerleşim yerlerinde 2,5 milyonun üzerinde kanatlı hayvan itlaf edilmiştir (Anonim, 2009e). Şekil 2.4'de kanatlı itlafından bir görüntü, Şekil 2.5'de de Türkiye'de kuş gribi vakalarının ortaya çıktığı noktalar gösterilmiştir.



Şekil 2.4. Kanatlı itlafından bir görüntü (Anonim, 2008a)



Şekil 2.5. Türkiye’de kuş gribi vakalarının ortaya çıktığı noktalar (Anonim,2009e)

Şekil 2.5’de görüldüğü gibi Samsun, Sinop, Ordu, Tokat ve Amasya illeri, kuş gribi vakalarının yoğun olduğu bölgelerdir. Hastalığın görülme riski bakımından yapılan değerlendirmeye göre (Anonim, 2008b) çalışmanın yürütüldüğü illerden Samsun, Sinop ve Ordu; 1. derece risk bölgesinde iken, Amasya ve Tokat illeri 2. derece risk bölgesinde yer almaktadır (Şekil 2.6). Dolayısıyla bu iller itlaf çalışmalarının en yoğun yapıldığı bölgelerin başında gelmektedir.



Şekil 2.6. İllere göre Türkiye’de Kuş gribi risk değerlendirme ve analizi temelinde risk bölgeleri sınıflandırması (Bölge-1; Kıyılardaki alçak araziler, ırmak deltaları ve önemli sulak alanların çevresindeki bölgeler su kuşlarının başlıca göç yollarının yakınındaki bölgeler ve daha önce yaban kuşlarında H5N1 mihrakı saptanan bölgeler. Bölge-2; Birinci bölgeye dâhil olan yerlerin sınırındaki komşu bölgeler. Bölge-3; Önemli gölleri bulunmayan dağlık alanlar, merkezi dağlık yerler ve Güneydoğu illeri), (Anonim, 2009e)

İtlaf çalışmalarının yanında çeşitli medya organları yoluyla yapılan yayınlar da köy tavukçuluğunu olumsuz yönde etkilemiş, itlaf bölgesi dışında kalan yerlerde bile köylülerin kuş gribine yakalanma korkusuyla ellerindeki tavuklarını keserek tükettikleri kendileri tarafından ifade edilmiştir. Bu durum yerli genotipleri temsil eden örneklerin bölgeden toplanması sırasında açıkça gözlenmiş, köylülerin ifadesine göre evinde 20-30'dan aşağı tavuğu olmayan bir tek ailenin bile bulunmadığı yörelerde şimdi yalnızca birkaç ailenin sınırlı sayıda tavuk beslediği özellikle dikkati çekmiştir. Bu durum adı geçen bölgelerdeki genotipik çeşitliliğin ne kadar büyük bir darbe aldığına bir göstergesi olarak değerlendirilmiştir.

2.6. Tavuk Genomu ve Organizasyonu

İnsan genom haritasının çıkarılması ile birlikte, memeliler, balıklar, omurgasızlar, böcekler, tek hücreli organizmalar ve yeni türler üzerinde dizileme çalışmaları başlamıştır. Dünyadaki en yaygın evcilleştirilmiş ve en önemli hayvansal üretim türlerinden olan tavuk da çiftlik hayvanları içerisinde DNA dizisi ilk çıkarılanlardan biri olmuştur (Jensen, 2005).

Haploid tavuk genomu 1,14 Milyar bp (=Giga bazçifti, Gbç) uzunluğunda olup, 38 çift otozomal kromozom ile bir çift cinsiyet kromozomu (Z ve W) şeklinde organize olmuştur (Ren ve ark., 2003). Kanatlılarda cinsiyet kromozomları memelilerden farklı olarak dişilerde heterogametik (ZW), erkeklerde ise homogametik (ZZ) şekilde bulunmaktadır. Ortalama bir Z kromozomu orta boylu bir makro-kromozom olup tüm genomun %7-10'unu temsil eder. Diğer cinsiyet kromozomu olan W kromozomu ise kanatlıların çoğunda Z kromozomundan daha küçük bir kromozom olup çoğunlukla heterokromatik yapıda olup, büyük bir kısmı tekrarlamalı (repetitive) ve durgun (inactive) DNA bölgelerinden oluşmaktadır (Schmit ve ark., 2000).

Kanatlı genomlarına özgü bir özellik olarak kromozom büyüklükleri arasında geniş bir çeşitlilik vardır (Burt, 2005). Kromozom 1-5 ve Z kromozomu "makro-kromozomlar" ve kromozom 6-38 ve W kromozomu da "mikro-kromozomlar" olarak değerlendirilmektedir. Mikrokromozomlar, tavuk genomunun, içerdikleri gen sayısı bakımından yoğun bir fraksiyonu olarak kabul edilmektedirler. Schmid ve ark. (2000)'nın, McQueen ve ark. (1998)'dan bildirdiğine göre mikrokromozomlar makrokromozomlara göre iki kat daha yoğun gen bölgesi içermekte ve yüksek bir gen

aktivitesine sahiptirler. Aynı zamanda mikrokromozomlar yüksek oranda rekombinasyon geçiren kromozomlardır. Bu onları makrokromozomlardan ayıran en temel özelliklerden biridir. Parça değiş-tokuşu (crossover) oranının makrokromozomlarda 2,8 cM/Mb, mikrokromozomlarda ise 6,4 cM/Mb iken çoğu insan kromozomunda bu oranın 1-2 cM/Mb civarında olduğu bildirilmiştir (Burt, 2005). Tavuk, kanatlı kromozomlarına has bu özellikten dolayı genetik bağlantı analizleri için de çok iyi bir model organizma niteliğindedir (Schmit ve ark., 2000; Ren ve ark., 2003; Burt, 2005).

2.7. Moleküler Markörler

Moleküler markörler, farklı tanımlanabilir varyantları ortaya çıkaran DNA lokasyonlarıdır. Çiftlik hayvanlarında kullanılan ilk markörler, belirli bir lokusun kodladığı farklı proteinlerin varlığına dayalı olan alloenzimlerdir. Ancak bunlar, sayıca az olmaları ve polimorfizm düzeylerinin düşük olması nedeniyle kullanımları sınırlı olan markörlerdir. Bu yüzden DNA teknolojilerinin gelişmesi ile birlikte DNA zinciri düzeyindeki markörler genetik araştırmalarda hızlı bir şekilde alloenzimlerin yerini almışlardır (Toro ve ark., 2009).

DNA markörleri, hem temel, hem de uygulamaya dönük araştırmalarda kullanılmaktadır. Temel araştırmalara örnek olarak; filogenetik analizler ve faydalı genlerin araştırılması verilebilir. Uygulamalı çalışmalara ise markör destekli seleksiyon, ebeveyn testleri, popülasyonlardaki homozigotluğun belirlenmesi çalışmaları örnek gösterilebilir. Organizmalar arasındaki farklılıklar DNA dizilişindeki farklılığın yanı sıra çevresel etkilerin de çeşitliliğinden kaynaklanmaktadır (Anonim, 2007a).

2.7.1 Moleküler Markörlerin Popülasyonların Genetik Karakterizasyonundaki Roller

Genetik çeşitlik bilgisi, genetik kaynakların korunması ve bunlardan yararlanılması stratejilerinin optimize edilmesinde gereklidir. Koruma sınırlı bir işlemdir. Bu yüzden hangi genotiplerin korunacağı konusunda önceliğin belirlenmesi gerekmektedir. Moleküler teknolojiler çok sayıda özelliği belirleyen genin tanımlanması ve fonksiyonel genetik varyasyonun belirlenmesi konusunda yeni olanaklar

sunmaktadır. Ancak bugünden gelecekte ne gibi ihtiyaçlarla hayvan yetiştiriciliğinin yapılacağı, üzerinde durulacak özelliklerin ne olduğu konusunda bir bilgiye sahip olamadığımızdan şimdilik fonksiyonel genlere ait genetik farklılık ölçümleri bizim için yeterli bir kaynak değildir. Fenotipik veriler genlerin fonksiyonel varyantları konusunda bilgi vermekle birlikte çiftlik hayvanı türlerine ait fenotiplerin çoğunda düzenli ve güvenilir kayıt bulunmamaktadır (Anonim, 2007a).

Güvenilir bir fenotipik verinin ve kantitatif karakter lokuslarına ait genetik bilginin yokluğunda ya da var olan verinin tamamlanmasında en hızlı ve ucuz yöntem, genetik çeşitliliğin yaygın moleküler markörlerden yararlanılarak ölçülmesidir. Bu, moleküler teknolojilerin genetik karakterizasyondaki ilk rolüdür. Birçok ırk kendine özgü gelişimsel süreci içerisinde diğer ırklardan izole olmuş topluluklar durumundadır. Bu ırkların, birbirlerinden bağımsız olarak yaşadıkları evcilleştirme aşamaları yüzünden, bugün sahip oldukları fonksiyonel varyasyonların benzersiz varyantlarını içerdikleri kabul edilmektedir. Bu varsayımından hareketle, moleküler markörlerin bu ırkların içerdikleri eşsiz fonksiyonel genler ve önemli özellikler hakkında dolaylı bilgi verdikleri kabul edilmektedir (Anonim, 2007a; Toro ve ark., 2009).

Moleküler uygulamaların karakterizasyondaki ikinci rolleri etkili popülasyon büyüklüğünün (N_e) belirlenmesi konusunda alternatif olmalarından kaynaklanmaktadır. Etkili popülasyon büyüklüğü bir popülasyonun üremesini ve sahip olunan genlerin gelecek generasyona taşınmasını sağlayan verimli (tesirli) hayvan sayısının tahmininde kullanılan bir göstergedir. N_e , bir popülasyondaki akrabalı yetiştiricilik ve genetik sürüklenme ile yakın ilişkilidir. Bu yüzden popülasyonların tehlike altında olup olmadığının belirlenmesi için önemli bir belirteçtir. N_e 'nin güvenilir bir şekilde tahmin edilebilmesi geleneksel olarak pedigrî kayıtları ya da hayvan sayımlarına dayanmaktadır. Özellikle gelişmekte olan ülkelerde bulunan popülasyonlarda, üreme etkinliği, generasyonlar arası süre gibi değişkenler bakımından güvenilir veriye ulaşmak oldukça zordur (Anonim, 2007a).

Hayvan gen kaynaklarının korunma gerekçelerinin başında bu genotiplerin sahip oldukları benzersiz özellikler gelmektedir. Özellikle gelişmekte olan ülkeler için yaşama gücü, çetin çevre şartlarında verim verebilme ve bulaşıcı hastalıklara karşı mukavemet yeteneği çok önemlidir. Adaptasyon ve hastalıklara direnç gibi kompleks özellikleri gözlemek ve kayıt altına almak çok zordur. Hayvanlar ancak araştırma istasyonlarında özel çevresel şartlar altında tutulduğunda veya ilgili etmenle enfekte

edilerek bu ölçümlere ulaşılabilir. Bu çalışmalar uzun süre gerektiren, pahalı ve zor araştırmalardır. Ayrıca, son yıllarda hayvanlara yapılacak deneysel uygulamalar konusunda etik kaygılar ve bunlara bağlı sınırlandırmalar gündeme gelmektedir. Moleküler uygulamaların üçüncü rolü kompleks özellikleri ortaya çıkaran genler üzerinde çalışmanın, yukarıdaki örneklerdeki gibi fenotipik gözlemlerin elde edilmesinden daha güvenilir ve zahmetsiz olmasıdır (Burt, 2005; Anonim, 2007a).

2.7.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu

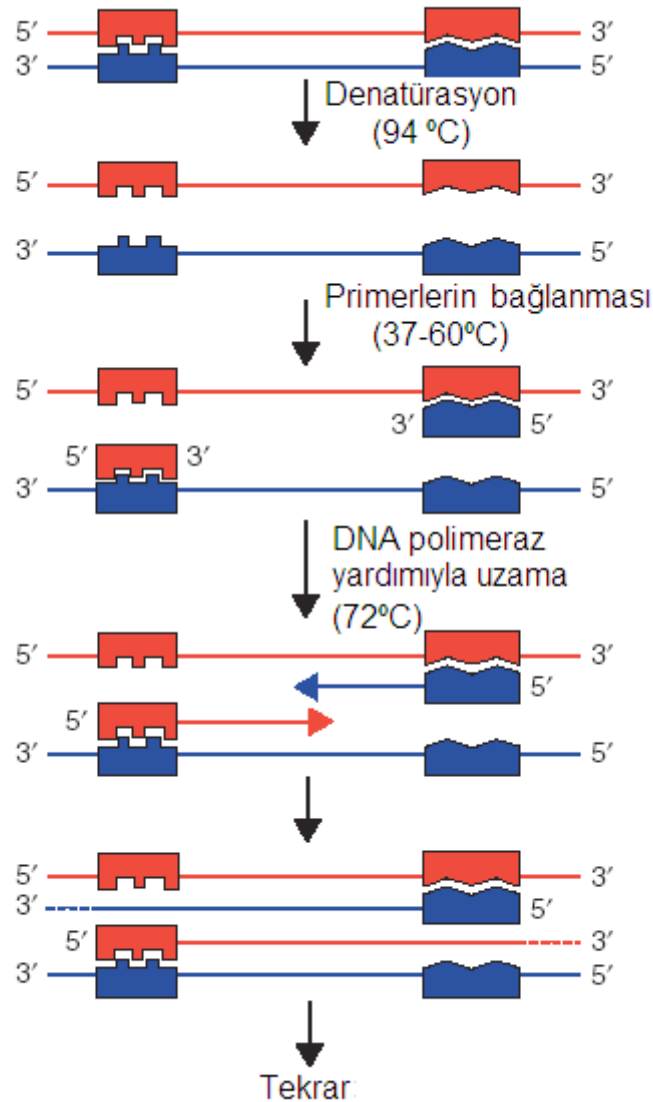
Polimeraz Zincir Reaksiyonu ya da “PZR” (Polymerase Chain Reaction - PCR) metodu kısaca; döngüler boyunca uygulanan sıcaklık değişimleriyle, kalıp DNA’nın (tDNA), ısıya dayanıklı DNA polimeraz enziminin (Taq polimeraz), eşit konsantrasyonda A, T, G, ve C nükleotidlerinin (dNTP’ler-Deoksiribonükleosid trifosfatlar), katalizör amaçlı uygun bivalent (iki değerli) katyonlar (Mg^{+2}) ve tamponlar (Tris-Cl) ile başlatıcılık ve/veya lokusa özgülük fonksiyonu için gerekli tek zincirli oligonükleotidlerin (primer) varlığında istenilen DNA bölgesinin yapay sentezi/çoğaltımı işlemidir. Genetik materyale ait özel bir bölgenin birçok kopyası oluşturulduğu için bu yöntemle çok düşük miktardaki (örneğin bir tek yapağı örneği ya da bir damla kandan elde edilen) DNA yeterli olur (Sambrook ve Russel, 2001; Passarge, 2001; Reece, 2004).

PZR için gerekli sıcaklık koşullarının sağlandığı cihaza “Termal döngü cihazı (Thermal cycler)” adı verilir. PZR, uygulanan sıcaklıklar ve gerçekleşen işlemler bakımından üç aşamalı bir süreçtir. Öncelikle 94°C sıcaklıkta DNA denatüre edilir ve tek zincirli hale dönüştürülür. İkinci aşamada reaksiyon sıcaklığı primerlerin kalıp DNA’ya bağlanabileceği en uygun sıcaklığa getirilir. Bu sıcaklık T_m (annealing temperature-bağlanma sıcaklığı) olarak adlandırılır ve kullanılan primere göre aşağıdaki formül yardımıyla hesaplanır:

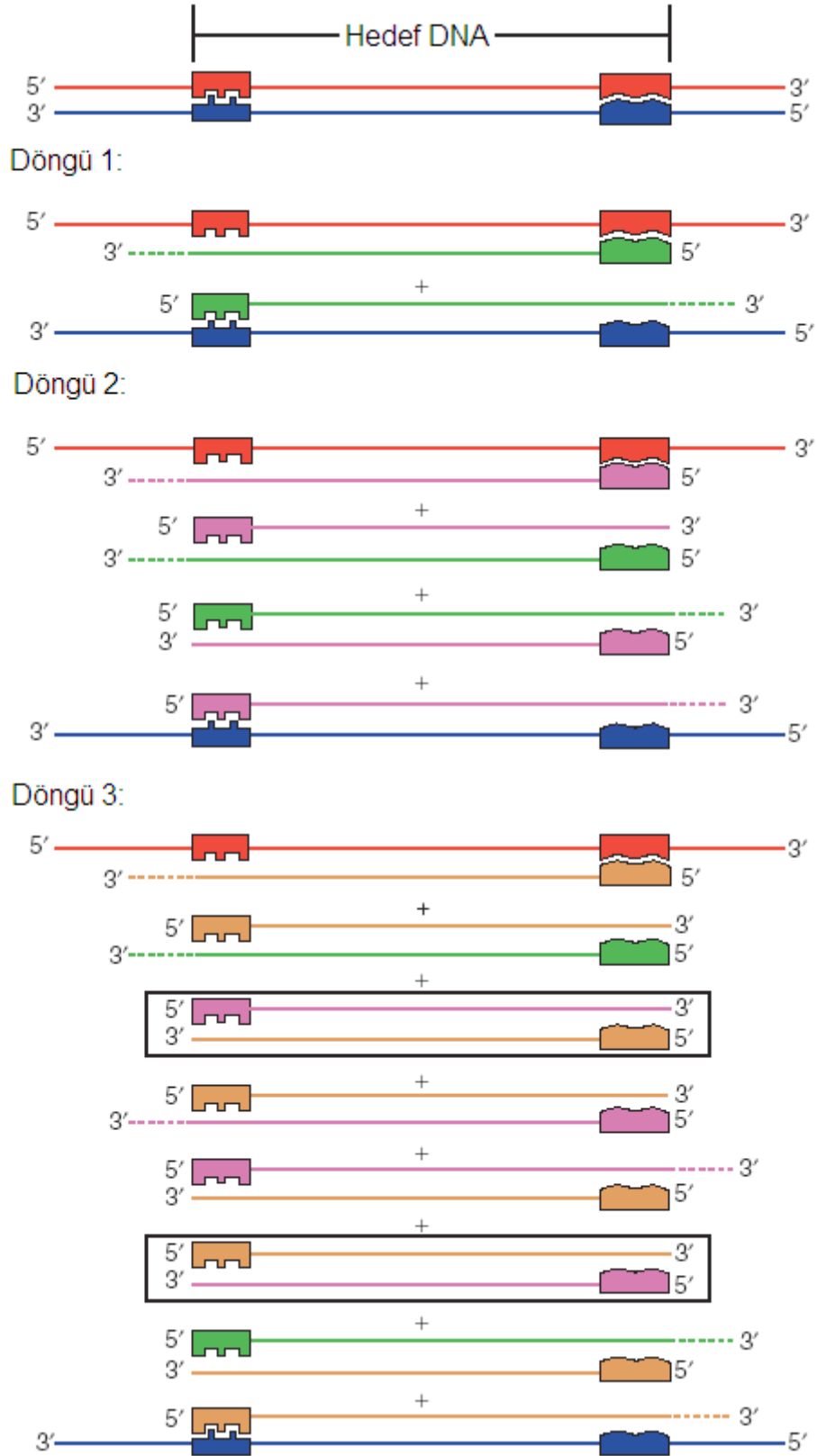
$$T_m (^{\circ}C) = 2(A+T) + 4(G+C) \quad (2.1)$$

Termal döngü cihazı reaksiyon tüpünü 94°C’den bu sıcaklığa düşürdüğünde tek zincirli oligonükleotidler (primerler) kalıp DNA üzerindeki komplementleri olan sekansa sahip bölgelere (kalıp DNA’nın 3’ ucu yönünden) yapışırlar. Üçüncü aşamada

sıcaklık, kullanılan DNA polimeraz enziminin en aktif olduğu seviyeye çıkarılır. Bu sıcaklık Taq polimeraz için 72°C'dir. Primerler kalıp DNA sekansı boyunca (kalıp DNA'nın 3'→5' yönünde) reaksiyon ortamında mevcut nükleotidleri ve DNA polimeraz enzimini kullanarak uzamayı gerçekleştirirler. Bu üç aşama yaklaşık olarak 20 – 40 döngü şeklinde tekrarlanır. Böylece hedef bölgenin milyonlarca kez çoğaltımı gerçekleştirilmiş olur (Sambrook ve Russel, 2001; Passarge, 2001; Reece, 2004). Polimeraz Zincir Reaksiyonunun aşamaları ve döngüleri Şekil 2.7a ve Şekil 2.7b'de gösterilmiştir.



Şekil 2.7a. Polimeraz Zincir Reaksiyonu aşamaları (Reece, (2004)'den değiştirilmiştir)



Şekil 2.7b. Polimeraz Zincir Reaksiyonu döngüleri (Reece, (2004)'den değiştirilmiştir)

Moleküler temelli yöntemlerin çoğu (AFLP, RAPD, SSR, SNP) PZR temelli markörlerdir. Günümüzde farklı kullanım amaçlarına yönelik olarak optimize ve modifiye edilen birçok PZR yöntemi vardır. PZR yönteminin keşfi ile DNA seviyesinde polimorfizmin tespiti konusunda da bir çok teknolojinin gelişmesi sağlanmıştır (Provan ve ark., 1999).

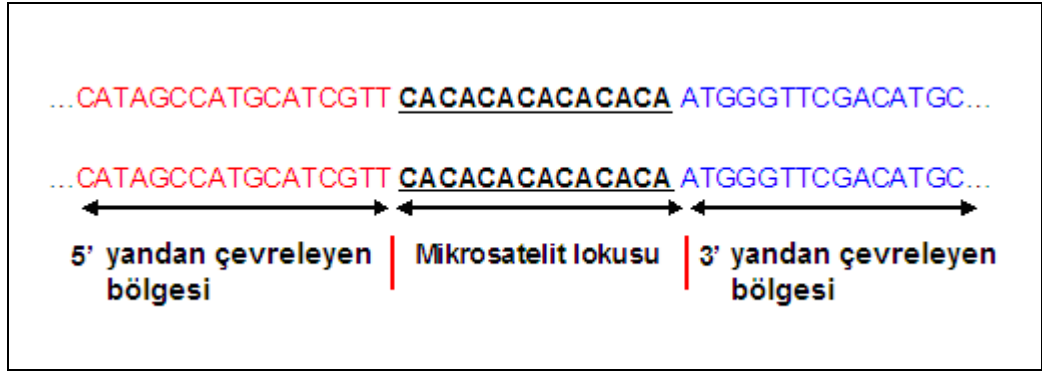
2.7.3. Mikrosatelit Markörler

Genellikle bir genin çok sayıda allelik formu bulunmaz. Bir popülasyon içinde tek bir gen için bir ya da iki form bulunabilir. Bu yüzden popülasyonu oluşturan bireyler arasında DNA dizilişindeki farklılıklar çoğunlukla genlerden değil, genlerin arasında bulunan ve kodlanamayan DNA dizilişlerindeki farklılıklardan kaynaklanır. Bu bölgeler daha çok ökaryotik organizmaların genomlarında, “mikrosatelit bölge” denilen mono-(tekli)”, “di- (ikili)”, “tri-(üçlü)”, “tetra-(dörtlü)”, “penta-(beşli)”, ya da “hexa-(altılı)” nükleotid tekrarlarının ardışık olarak sıralandığı lokusları içerirler. Ökaryotik genomlarda yaygın olarak bulunan bu bölgelerdeki dizi tekrarı sayılarının farklılığı genotipler arasındaki varyasyonun da ortaya konulmasını sağlar. Mikrosatelitlerin göstermiş oldukları yüksek düzeydeki polimorfizmin nedeni, çoğu mikrosatelit lokusunun; her bir lokus başına, her bir gamet için, bir generasyonda görülen 10^{-2} 'den 10^{-6} 'ya kadar (ortalama 5×10^{-4}) değişen oranlardaki mutasyon sıklığıdır. Mikrosatelit lokuslarındaki mutasyonun DNA replikasyonu sürecinde meydana gelen tekrar ünitelerinin eklenip çıkarılmasıyla “iplik kayması hatalı eşlenmesi (slip-strand mispairing)” şeklinde gerçekleştiği düşünülmektedir. “Basit dizi tekrarları (SSR- Simple Sequence Repeats)”, “Mikrosatelitler”, “Basit ardışık tekrarlar (STR-Simple Tandem Repeats)” ya da “Değişken sayıda ardışık tekrarlar (VNTR-Variable Number of Tandem Repeats)” şeklinde ifade edilebilmektedirler. Mikrosatelitler, polimorfik DNA yapısının en önemli belirteçlerinden biridir (Tautz, 1989; Goldstein ve ark., 1995; Jin ve ark., 1996; Toth ve ark., 2000; Robinson, 2003; DeYoung ve Honeycutt, 2005; Selkoe ve Toonen, 2006).

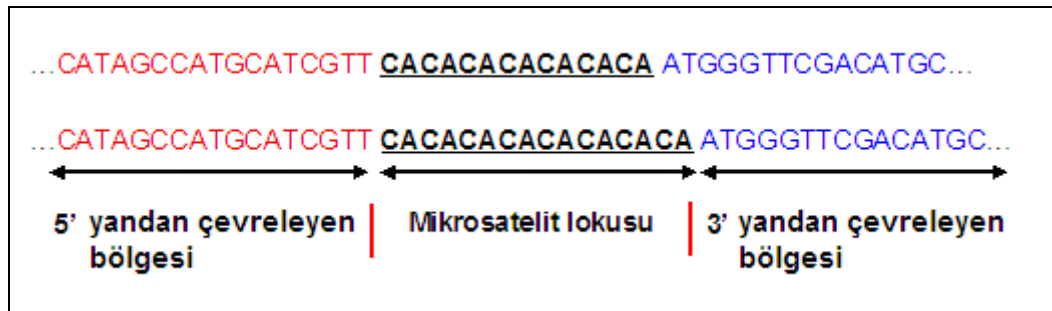
Herhangi bir di-nükleotid tekrarı genomun binlerce bölgesinde bulunabilmektedir. Bu da genotipik karşılaştırmayı zorlaştırmaktadır. Mikrosatelit markörlerin lokusa özgülük karakterleri, mikrosatelit lokuslarını iki yandan çevreleyen bölgelerin (flanking regions) primer tasarımında kullanılmasından kaynaklanır. Bu

bölgeler ırk, tür, cins ve hatta familya düzeyinde korunmuş olabilirler. Yandan çevreleyen bölgeler, tekrar dizilerinden farklı olarak normal yani düzensiz nükleotid dizileri içerirler. Otuz-elli bç uzunluğundaki bu bölgelerin genomun farklı bölgelerinde tekrarlanma riski çok düşüktür. Örneğin 50 baz çifti uzunluğunda bir dizilişin aynı sırayla genomun farklı bir bölgesinde bulunma ihtimali (4 farklı nükleotidin 50 farklı kombinasyonu olabileceğinden) $(1/4)^{50}$ ’dır. Bu da dikkate alınmayacak kadar küçük bir ihtimaldir (Zardoya ve ark., 1996; Meglecz ve ark., 2004; Selkoe ve Toonen, 2006).

Popülasyon içinde tek bir lokus için bile farklı uzunlukta mikrosatelit bölgeye sahip çok sayıda allel bulunabilir. Belli bir lokus için homolog olan kromozomların her ikisinde de aynı sayıda dizi tekrarı vardır. Oysa heterozigot kromozomların her biri üzerinde farklı sayıda dizi tekrarı mevcuttur. Şekil 2.8a ve Şekil 2.8b’de homozigot ve heterozigot genotiplere ait mikrosatelit bölgenin farklılığına örnek gösterilmiştir.



Şekil 2.8a. Homozigot genotipte mikrosatelit lokusunun şematik görünümü (Üst sıra bir kromozom üzerindeki mikrosatelit bölgesinin, alt sıra ise aynı bölgenin homolog kromozom üzerindeki dizilişinin tek zincirli tasviridir. Görüldüğü gibi her iki lokusta "CA" di-nükleotidinin 7 adet tekrarı vardır)



Şekil 2.8b. Heterozigot genotipte mikrosatelit lokusunun şematik görünümü (Birbirinin homologue olan lokuslardan biri “CA” di-nükleotidinin 7 tekrarını diğeri ise 8 tekrarını içermektedir)

Farklı allellerin oluşum mekanizması daha önce de değinildiği gibi mutasyona dayanır. Burada ilginç olan tek nükleotid yer değişimi mutasyonlarına göre 100 ila 10.000 kat daha fazla mikrosatelit mutasyonu gerçekleşir. Karşılaştırmalı genomik çalışmalar göstermektedir ki, mikrosatelit primer çiftlerine ait dizilişler, ilgili türler arasında korunmaktadır bu yüzden birbirleriyle ilişkili türler ve ırklar arasında yapılan değerlendirmeler için uygundur (Navani ve ark., 2002).

Mikrosatelitlerin ökaryotik genomlarda geniş bir dağılım bulması, çok yüksek bir çeşitlilik göstermesi ve PZR temelli bir uygulama olması, çok farklı araştırmalarda ve alanlarda ökaryotik genom analizleri için yaygın araçlar olarak başarı ile kullanılmalarını sağlamıştır. Mikrosatelitlerin en önemli ve yaygın kullanım alanı popülasyon çalışmalarında kullanımlarıdır. Popülasyonların genetik analizlerinde değişik moleküler markörler kullanılabilir. Tek nükleotid polimorfizmi (SNP-Single Nucleotide Polymorphism), Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD-Randomly Amplified Polymorphic DNA), Kesilmiş parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP-Restriction Fragment Length Polymorphism), Çoğaltılmış Parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP-Amplified Fragment Length Polymorphism) gibi yöntemler bunlardan bazılarıdır. Popülasyon içi ve popülasyonlar arasında genetik çeşitliliğin, allelik polimorfizmin belirlenmesi ve izlenmesi, pedigrî kayıtlarının genomik düzeyde karşılaştırmalara olanak sağlayacak şekilde tutulması-saklanması, çok yönlü ve ayrıntılı bilgi vermesi gibi özellikleri nedeniyle mikrosatelitlerin kullanımının önemli üstünlükleri vardır (Takezaki ve Nei, 1996; Pariset ve ark., 2003).

2.7.3.1. Mikrosatelitlerin Diğer Genetik Markörlere Göre Üstünlükleri

Mikrosatelit markörlerin diğer genetik markörlere kıyasla bazı üstünlükleri vardır. Bunlar şu şekilde sıralanabilir (Powell ve ark., 1996; Mignouna ve ark., 1996; Weigend ve Romanov, 2001; Korzun, 2003; Anonim, 2007b).

- Minisatellitler ve RAPD markörleri gibi multi-lokus markörlerden farklı olarak lokusa özgüdürler.
- Tüm genom boyunca dağılmışlardır.
- RAPD ve AFLP markörleri yalnızca dominantları bir birinden ayırabilirken, mikrosatelitler kodominanttır; heterozigotları homozigotlardan ayırabilirler. Ayrıca heterozigotluk düzeyleri de yüksektir.
- PZR temelli olduklarından, çok düşük miktardaki ya da oldukça eski DNA'lar kullanılabilir.
- Mutasyon oranları çok yüksektir. Her bir generasyonda, gamet başına 10^{-3} - 10^{-4} oranında mutasyon gösterirler.
- Yüksek mutasyon oranından dolayı polimorfizm düzeyleri de yüksektir. Fazla sayıda allel içerirler bu yüzden genetik çeşitliliği tam ve doğru olarak ölçebilirler.
- Bireysel genetik tanımlamadan geniş çaplı filogenilere kadar farklı ölçeklerde kullanılmaya uygundur.
- Tekrarlanabilirlikleri ve karşılaştırılmaları mümkündür.
- Çoklu yükleme (multiloading) ve katmanlı (multiplex) değerlendirmeye uygundur.
- Otomasyona uygun bir yöntemdir.

2.7.3.2. Mikrosatelitlerin Kullanımını Sınırlandıran Faktörler

Mikrosatelit markörlerin kullanımını sınırlandıran bir takım faktörler vardır. Bunlar şu şekilde özetlenebilir (Powell ve ark., 1996; Mignouna ve ark., 1996; Korzun, 2003; Anonim, 2007b);

- Mikrosatelitlerde mutasyon oranı çok yüksek olduğundan üst düzeydeki sistematik çalışmalar için uygun değildir.

- Mikrosatelit primerleri türler arasında korunmamış olabilir. Yani, bir tür için kullanılan primer bir diğerinde çoğaltım gerçekleştirmeyebilir.
- Yüksek mutasyon oranı yüzünden allelik polimorfizmden yararlanarak ortak ataya ulaşabilmek ya da atasal akrabalık düzeyini tespit edebilmek güçleşebilmektedir.
- Primerlerin geliştirilmesi sürecinde genom dizilişinin belirlenmesine ihtiyaç duyulmaktadır bu da zaman ve maliyeti artırmaktadır.
- Çok yakın akrabalar arasındaki farklılıkların belirlemede yetersiz kalabilmektedir.

2.8. Tavuklarda Genetik Çeşitlilik, Genetik Benzerlik ve Farklılığın Belirlenmesinde Mikrosatelit Markörlerin Kullanımı

Mikrosatelit markörler son yıllarda tavuk genotip ve popülasyonlarının moleküler olarak incelenmesi ile ilgili genom araştırmalarında en çok kullanılan yöntemlerin başında gelmektedirler. Daha önce de değinildiği gibi mikrosatelit markörlerin genetik benzerlik ve farklılığın belirlenmesi konusunda diğer yöntemlere kıyasla önemli üstünlükleri vardır. Mikrosatelit markörler özellikle yerel kaynakların genetik profillerinin ortaya konulmasında, popülasyonların genetik yapıları konusunda güvenilir bilgi sağlamada ve bu kaynakların ileri ıslah projelerinde kullanılabilirlik düzeylerinin belirlenebilmesinde sıkça kullanılmaktadırlar. Tavuklarda genetik çeşitlilik, genetik benzerlik ve farklılığın belirlenmesi konusunda mikrosatelit markörlerin kullanımı ile ilgili yapılan çalışmalar aşağıda özetlenmiştir.

Vanhala ve ark., (1998), 9 mikrosatelit markörü kullanarak 8 tavuk hattına ait genetik çeşitlilik ve farklılığı araştırmış; sonuçlarını filogenetik ağaç şeklinde ortaya koymuşlardır. Çalışmada kullanılan tavuk hatları; farklı orijinli Beyaz Legorn hibritlerinden ve Finlandiya yerli hatlarından üçer hat, bir adet Rhode Island Red ile bir adet Broiler genotipidir. Görülen allel sayısı lokus başına 4-13, hat başına ise 1-10 arasında değişmiş, gözlenen heterozigotluk değeri 0,00-0,91 arasında, hat başına ortalama heterozigotluk en düşük değer olarak 0,29 ile Makela Beyaz Legornunda, en yüksek ise 0,67 ile Broiler hattında gözlenmiştir. Mikrosatelit lokuslardan üçü bazı popülasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma göstermiştir. Elde edilen *F* istatistiği değerleri tüm popülasyonun altbölümler şeklinde farklı hatlara ayrıldığını

ortaya koymuştur. Komşu birleştirme (NJ/Neighbor-Joining) yöntemi ile elde edilen filogenetik ağaçta hatlar 3 temel kümeye ayrılmış, Beyaz Legornlar bir grupta toplanmış, iki yerli hat ikinci grupta yer almış, bir yerli hat, Rhode Island Red ve Broiler hatlar da üçüncü grubu oluşturmuştur. Lokuslardaki allel dağılımları “Adım Adım Mutasyon Modeli (SMM-Stepwise Mutation Model)” ya da “Sonsuz Alleller Mutasyon Modelini (IAMM-Infinite Alleles Mutation Model)” desteklememekle birlikte allel dağılım deseninin farklı lokuslarda oldukça düzensiz olduğu sonucuna varılmıştır.

Zhou ve Lamont (1999), yoğun düzeyde akrabalı yetiştirmeler sonucu Legorn, orman tavuğu, Fayoumi ve İspanyol ırklarından elde edilmiş yirmi üç tavuk hattını genetik olarak karakterize etmişlerdir. Bu hatların on dokuzu Legorn, ikisi Fayoumi, biri İspanyol, biri de orman tavuğundan elde edilmiştir. Bu hatlardan on üçünün akrabalık katsayısı %99, dört hattın %60 olarak bulunmuş ve dört hat 15 yılda geriye melezlemeler sonucu elde edilen Majör doku uyumluluk kompleksi (MHC-Major Histocompatibility Complex) geni bakımından “Kongenik” hatlardır. Kongenik hatlar, aynı atadan geldikleri hattın genetik özgeçmişine sahip olan ancak belirli bir gen bakımından bu hattan farklı olan hatlardır. Çalışmada 42 mikrosatelit lokusu kullanarak 23 hattın genetik profilinin çıkarılması, hatlar içi ve hatlar arası genetik çeşitliliğin karşılaştırılması, hata ve ırka özgün primerlerin belirlenmesi ve hatlar arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Sonuçta, ırka ve hata özgün alleller tespit edilmiş, band paylaşım değerleri ve paylaşılan allel uzaklıklarının oranları hesaplanmıştır. MHC-kongenik hatları takımı band paylaşım değerleri 0,74-0,96; paylaşılan allel uzaklıkları oranları ise 0,05-0,35 arasında değiştiği, kongenik olmayan Legorn hattı çiftlerinin band paylaşım oranları 0,32-0,97 iken Legorn ve egzotik ırklar arasında 0,03-0,55 arasında değiştiği görülmüştür. Ortak karar filogenetik ağacı (Phylogenetic consensus tree) yöntemiyle elde edilen topolojide 23 hattın 4 temel kümeye gruplandığı elde edilen sonucun kullanılan hatların orijinleri ve ıslah geçmişleriyle uyumlu olduğu bildirilmiştir.

Wimmers ve ark., (2000), yaptıkları çalışmada Bolivya, Hindistan, Nijerya ve Tanzanya’da elde edilen farklı yerel popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Projede farklı tropikal ve subtropikal ülkelerden örneklenen tavuk popülasyonlarının genetik olarak değerlendirilmesi ve genetik olarak farklı olanların tespit edilmesini amaçlamışlardır. Çalışmada 12 mikrosatelit lokus kullanılmış, lokus

başına 2-11 allel tespit edilmiştir. Tüm popülasyonlar yüksek düzeyde heterozigotluk göstermişlerdir. En düşük heterozigotluk oranı %45 ile Hindistan orijinli Aseel isimli popülasyonda, en yüksek ise %67 ile Tanzania orijinli Arusha popülasyonunda gözlenmiştir. UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yöntemine göre elde edilen dendogramda popülasyonların coğrafik orijinlerine göre sınıflandıkları görülmüştür.

Kaiser ve ark., (2000), Broilerlerde popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik polimorfizmi belirlemek için birbirinden bağımsız iki Broiler popülasyonu mikrosatelit markörler yardımıyla genotiplemişlerdir. “Popülasyon L” ve “Popülasyon C” olarak kodlanan bu popülasyonlardan L popülasyonu ticari Broiler ıslahçılarının kullandığı bir erkek hattın; C popülasyonu *Escherichia coli* aşısına antikor yanıtı veren birbirinden uzak iki ticari Broiler ana hattının F1 melezlerinden elde edilen popülasyonlardır. Araştırmacılara göre çalışmanın esas amacı Kırmızı orman tavuğu ve Beyaz Legornların DNA dizilişlerinden geliştirilen mikrosatelit primerlerin Broilerlerde hat içi ve hatlar arasındaki genetik bilginin elde edilmesi konusundaki faydalanabilirlik ve bilgi vericilik düzeylerinin belirlenmesi olarak ifade edilmiştir. Amerikan Kanatlı Genomu Haritalama Kitleri 1 ve 2 (US Poultry Genome Mapping Kits; 1-2) ‘den seçilen 59 primer seti kullanılan çalışmada L popülasyonuna ait örneklerde tüm primer setleri PZR ürünü üretmiş, C popülasyonuna ait örneklerde ise 57 primer seti çalışmıştır. Hat başına, her bir mikrosatelit için ortalama allel sayısı L ve C popülasyonlarında sırasıyla 2,8 ve 2,9 olarak bulunmuştur. Her iki popülasyonda sonuç veren 57 primer setinden elde edilen allellerin % 72,3’ünün popülasyonların biri ya da diğeri için özgün alleller olduğu ortaya konulmuş ve Kırmızı orman tavuğu ile Beyaz Legornlardan geliştirilen mikrosatelitlerin Broilerlerde yüksek düzeyde polimorfizm gösterdiği sonucuna varılmıştır.

Romanov ve Weigend (2001), Ukrayna ve Almanya’daki çeşitli evcil tavuk ve yabani orman tavuğu popülasyonlarını genetik olarak karakterize etmek ve kıyaslamak amacıyla yaptıkları çalışmada 20 popülasyonu 14 mikrosatelit lokusu yardımıyla analiz etmişlerdir. Locus başına elde edilen allel sayısı 2-21 arasında değişim göstermiştir. Ortalama allel sayısı locus başına 11,2 olarak hesaplanmıştır. Nei’nin standart uzaklık ve NJ (Komşu katılımı-Neighbor-Joining) metodu kullanılarak elde edilen filogenetik ağaca göre Kırmızı orman tavuğu popülasyonları ayrı bir grup olarak dallanmış ve diğer evcil popülasyonlarla kıyaslandığında özgün bir allel dağılımı göstermiştir. İkinci grup

ticari yumurtacı hatlar ile geçmişlerinde yoğun seleksiyona maruz kalan ya da ticari hatlar ile ortak atadan köken alan popülasyonlardan oluşmuş, üçüncü grup ise Alman yerli ırklarını içeren popülasyonları ihtiva etmiştir. Bu çalışmada mikrosatelit markörlerin ıslah özgeçmişleri yeteri kadar açık olmayan farklı tavuk popülasyonlarının, nispeten az sayıda lokusta ve az sayıda örnek üzerinde yapılan değerlendirmesinde bile güvenilir ve yararlı bilgi verdiği sonucuna varıldığı bildirilmiştir.

Rosenberg ve ark., (2001), yaptıkları çalışmada 20 farklı tavuk ırkına ait 600 örneği 27 mikrosatelit lokusu yardımıyla genotiplemişlerdir. Popülasyon yapıları önceden bilinen hatların, büyük bir veri takımının genetik kümeleme analizinden faydalanarak elde edilen sonuçlarla ortaya konulan yeni popülasyon yapılarıyla benzerlik gösterip göstermediğinin test edilmesi amaçlanmıştır. Her bir ırktan gelen bireyler çoğunlukla aynı kümede yer almış, bireylerin ait oldukları ırka yakın olarak yerleştikleri görülmüş, kümeleme başarı oranı %98 olarak bulunmuştur. Beklenen heterozigotluk değerleri ve değişkenlikleri en yüksek olan 8-10 markör kullanımı durumunda da %95'den fazla kümeleme başarı oranına ulaşıldığı bildirilmiştir. Değerlendirmede 12-15 yüksek değişkenliğe sahip markör ve ırk başına 30 yerine 15-20 örnek kullanıldığında kümeleme başarısının en az %90 olduğu belirlenmiştir. Özellikle yakın akraba popülasyonların genetik analizinde kullanılacak markörlerin beklenen heterozigotluğunun yüksek, allel sayısının fazla olması gerektiği, popülasyonların F_{ST} değerinin hesaplanmasının da genotipleme masraflarını azaltacağı bildirilmiştir. Ayrıca kümeleme analizinin popülasyonların tanımlanması, genetik yakınlıklarının belirlenmesi, ıslah geçmişinin ortaya çıkarılması ve tür içi genetik ünitelerin korunmasında ek bir araç olarak kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Zhang ve ark., (2002), yaptıkları çalışmada, Çin yerli tavuk ırkları, hızlı gelişen Broilerler ve yumurtacıların ıslah açısından kalitelerini, aralarındaki farklılıkları ve genetik çeşitliliklerini belirlemek amacıyla alloenzim, RAPD ve mikrosatelit polimorfizminden yararlanmışlardır. Toplam 13 ırk üzerinde yapılan çalışmada alloenzim polimorfizmi için 9 protein lokusu, RAPD-PZR için 20 primer, SSR analizi için de 9 mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. Protein polimorfizmi analizi Çin yerli ırkları ve ithal Broilerler arasında belirgin bir farklılık ortaya koyamamıştır. RAPD analizi popülasyon içi gen çeşitliliğinin yerli tavuklarda yüksek, Broilerlerde orta düzeyde, yumurtacılarda ise düşük olduğunu göstermiştir. Ayrıca yerli tavuklar ile Broiler ve

yumurtacı ırklar arasındaki farklılığın da az olduğu sonucunu vermiştir. Yine RAPD analizi sonuçlarına göre Broiler ve yumurtacı ırklar büyük farklılık göstermişlerdir. Mikrosatelit polimorfizmi verilerine göre yerli tavuk ırklarındaki genetik çeşitlilik düzeyi yüksek, yumurtacılar da düşük bulunmuş, yerli ırklar ile Broiler ırkları yakın ilişkili, yerli ırklar ile yumurtacı ırklar ise birbirinden uzak bulunmuştur.

Hillel ve ark., (2003), tarafından yapılan çalışmada 8 ayrı laboratuvarın işbirliği ile 52 tavuk hattının popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik varyasyonu araştırılmıştır. Çalışmanın amacının çok farklı orijinlerden köken alan bu tavuk popülasyonlarına ait gen havuzlarının araştırılarak gelecekte yapılacak tavuk genetik kaynaklarının korunması çalışmaları bakımından sahip oldukları değerin ortaya konulması olarak ifade edilmiştir. Genotipleme kolaylığı açısından 52 tavuk popülasyonunun her biri için birer DNA havuzu oluşturulmuş ve 22 di-nükleotid mikrosatelit lokusu bakımından değerlendirme yapılmıştır. Polimorfizm ölçütleri bakımından ortalama, en düşük ve en yüksek değer gösterenler için sırasıyla; her bir popülasyon için lokus başına allel sayıları: 3,5, 1,3 ve 5,2; tüm markörlerde ortalama gen çeşitlilikleri: 0,47, 0,05 ve 0,64; ve polimorfik markör oranları: 0,95, 0,25 ve 1,0 olarak bulunmuş, bu değerlerin popülasyonların ıslah geçmişleri ile iyi bir uyum gösterdiği bildirilmiştir. Ayrıca DNA havuzlarının, popülasyonların genetik çeşitliliğin korunması amacıyla ön tanımlamada yararlı bir ölçüt olduğu sonucuna varılmıştır. Popülasyona özgü allellerin dağılımının benzerliği, popülasyonlar boyunca paylaşılan genetik varyasyon miktarı kırmızı orman tavuğunun evcil tavuğun atası olduğu hipotezini desteklediği de vurgulanmıştır.

Olowofeso ve ark., (2005), Haimen tavukları üzerinde yaptıkları çalışma da dört Haimen popülasyonunun, popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik parametrelerinin mikrosatelit markörler yardımıyla hesaplanması amaçlanmıştır. Çalışmada 15 mikrosatelit markör kullanılmış, tüm lokuslar için ortalama allel sayılarının 5,73 ile 6,0 arasında değişmiş, yüzde heterozigotluk değerlerinin %65 ile %70 arasında bulunmuştur. Ayrıca ortalama etkili allel sayısının 4,05; polimorfik bilgi içeriği ortalamasının tüm popülasyonlarda 0,64 olduğu sonucuna vardıklarını bildirmişlerdir.

Nakamura ve ark., (2006), yaptıkları çalışmada et ve yumurta yönlü yerel bir Japon ırkı olan Nagoya tavuklarının diğer tavuklardan ayrımlanması amacıyla mikrosatelit markörlerden yararlanarak bir metot geliştirmeyi hedeflediklerini ifade

etmişlerdir. Nagoya ırkından elde edilen tavuk etinin Japon tüketiciler tarafından diğer Broilerlere göre daha çok tercih edilmekte ve daha yüksek fiyattan satıldığı bildirilmektedir. Çalışmada 25 mikrosatelit lokusu kullanılmış bunlardan 5 'i Nagoya ırkı tavuk hatlarında tek bir sabit allel verirken diğer tavuklarda farklı allel kombinasyonları üretmişlerdir. ABR0015, ABR0257, ABR0417, ABR495, ve ADL0262 mikrosatelit markörlerinin Nagoya yerli ırkına ait örnekleri diğer hatlardan %100 ayırmadığı sonucuna varılmıştır.

Dai ve ark., (2006), Çin yerli tavuklarına ait 5 popülasyon üzerinde yapmış oldukları çalışmada popülasyonlar arası genetik farklılaşma derecesini, popülasyonların genetik kökenleri ile birbirlerinden açılma gösterdikleri kesin zamanı mikrosatelit markörler yardımıyla belirlemeyi amaçladıklarını bildirmişlerdir. Çalışmada 5 mikrosatelit lokusu kullanılmış, yerli tavuk popülasyonların birbirinden ayrılma zamanının 167-1954 yıl arasında değiştiği sonucuna varılmıştır.

Tadano ve ark., (2007a), yaptıkları çalışmada 9 yerel Japon uzun kuyruklu tavuk ırkı ile iki ticari ırk (Beyaz Legorn ve Beyaz Plymouth Rock ırkları) arasındaki genetik çeşitlilik ve genetik ilişkiyi araştırmışlardır. Çalışmada 40 polimorfik mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. Irkların tümünde bulunan allel sayısı 3-14 arasında değişmiş, lokus başına ortalama allel sayıları, ortalama beklenen heterozigotluk ve ortalama polimorfizm bilgi içerikleri sırasıyla; 2,60-4,07, 0,293-0,545 ve 0,250-0,478 arasında bulunmuştur. Yerel tavuk ırklarına ait 9 popülasyon içinde alt popülasyonların ortalama sabitleşme katsayıları göstermiştir ki toplam genetik varyasyonun %38'i ırkların farklılığından, %62'si ise bireyler arasındaki farklılıklardan meydana gelmiştir. Toplam 11 ırkın NJ yöntemiyle elde edilen topolojisinde Beyaz Legorn ve Beyaz Plymouth Rock ırklarının diğer yerel popülasyonlardan ayrı bir grupta kümelendikleri belirlenmiştir. Çalışmanın mikrosatelitlerin tavuk ırkları arasındaki genetik farklılık ve ilişkinin belirlenmesinde çok faydalı bir yöntem olduğu hipotezini doğruladığı da vurgulanmıştır.

Muchadeyi ve ark., (2007), yaptıkları çalışmada farklı ekolojik alanlardan örneklenen yerli Zimbabwe tavuk ırklarında popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik farklılaşma düzeylerinin karakterize edilmesini, diğer Afrika ve saf ırk popülasyonlarından farklarının ortaya konulmasının amaçlandığı ifade edilmiştir. Çalışmada 29 mikrosatelit lokusu kullanılmıştır. On üç popülasyonda toplam 280 allel gözlenmiş, bulardan 48'inin Zimbabwe popülasyonlarına özgü olduğu bildirilmiştir.

Standart genetik uzaklık deęerleri Zimbabwe ekotipleri iinde 0,02-0,05 arasında deęiřmiř, saf hatlarda ile Zimbabwe ekotipleri arasında ise bu deęerin ortalama 0,06 olduęu bildirilmiřtir. Structure bilgisayar programı ile bireylerin sınıflandırılması yapılmıř ve en muhtemel sınıflandırmanın $K=6$ 'da bulunduęu belirlenmiřtir. Bu alıřmada ky tavuklarının tarımsal ekolojik alt yapılar olduęu hipotezi reddedilmiř ancak Zimbabwe tavuk poplasyonlarının yksek genetik eřitlilięe sahip olduęu tespiti vurgulanmıřtır.

Tadano ve ark., (2007b), yaptıkları alıřmada 40 mikrosatelit lokusu yardımıyla 12 ticari tavuk hattının; sahip oldukları genetik eřitlilik miktarını hesaplamayı, her bir hattın genetik karakterizasyonunun belirlenmesini ve bireysel tahsis testinin (individual assignment test) kullanıřlılıęını arařtırmayı amaladıklarını bildirmiřlerdir. Toplam 268 farklı allel gzlenmiř, bunlardan 42'sinin sadece 1 hat iin zgn olduęu belirlenmiřtir. Hatların ortalama heterozigotluk dzeyleri 0,295 ile 0,664 arasında deęiřmiřtir. Farklı ıřlah gemiřine raęmen genetik benzerlik dzeyi en yksek olan hatlar Beyaz Legorn hatları olarak tespit edilmiřtir. Tahsis testi %96,6 'lık bir bařarı ile bireyleri hat dzeyinde tasnif etmiřtir. Birey temelli genetik karakterizasyonun tavuk genetik kaynaklarının korunması bakımından yeni ve kullanıřlı bir adım olacaęı grř bildirilmiřtir.

Hillel ve ark., (2007), tavuk biyoeřitlilięiyle ilgili  temel ynden deęerlendirme yapmak amacıyla otozomal mikrosatelitlere dayalı kmeleme analizi, cinsiyet kromozomları zerindeki mikrosatelitler ve SNP (Tek Nkleotid Polimorfizmi-Single Nucleotide Polymorphism) temelli biyoeřitlilięi arařtırmıřtır. Otozomal mikrosatelitlere dayalı sınıflandırmada eřitli tavuk tiplerinden ve deęiřik coęrafik blgeleri temsil eden 65 farklı poplasyon kullanılmıřtır. Structure bilgisayar programı ile yapılan kmeleme analizinde 65 poplasyonun coęrafik orijin ve ıřlah gemiřiyle uyumlu bir řekilde ayrımlandıęı grlmřtr. W Cinsiyet kromozomu zerindeki 173 mikrosatelit lokusundan yksek sekans kalitesine sahip 25 lokus cinsiyete baęlılık bakımından incelendięinde PCR rnlerinin beklenmedik bir řekilde her iki cinsiyette de oluřtuęu grlmřtr. Bunun da W kromozomu zerinde daha nce aıklanan haritalama iřlemlerinin yeterli olmadıęı řeklinde deęerlendirilmiřtir. SNP metoduna dayalı yapılan genetik eřitlilik analizinde bootstrap deęerleri incelendięinde poplasyon bařına kullanılan rnek sayısından ok SNP sayısının arttırılmasının gvenilirlięin daha yksek olmasına neden olduęu bildirilmiřtir.

Takahashi ve Nakamura (2007), Japon yerli tavuklarından Nagoya ırkının etkin bir şekilde ıslahı ve korunması amacıyla yaptıkları araştırmada mikrosatelit markörlerden yararlanarak bu ırkın genetik yapısını çalışmışlardır. Bu ırka ait 2 yumurtacı ve 2 etlik hattın incelendiği çalışmada 24 mikrosatelit lokus kullanılmıştır. Polimorfik lokusların oranı 0,83, lokus başına ortalama allel sayıları 2,583-3,125 arasında değiştiği bildirilmiştir. Popülasyon başına Rastgele çiftleşme indeksi (F_{is}) 0,054-0,158 arasında değiştiği, tüm hatlar arasında önemli derecede popülasyon farklılaşmasının tespit edildiği ve Nagoya ırkının genetik çeşitlilik düzeyinin düşük olduğu sonucuna varılmıştır.

Pirany ve ark., (2007), yaptıkları çalışmada Hindistan'daki mevcut kanatlı biyoçeşitliliğinin doğasını daha iyi anlamak amacıyla yerel ırklar ve popülasyonların mikrosatelit varyasyonlarını araştırmışlar. Yerel ırkları, ticari yumurtacı ve broilerleri içeren farklı Hindistan tavuk popülasyonlarındaki popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik farklılığın belirlenmesi ve çalışılan popülasyonlarda mikrosatelit markörlerin allelik desenlerinin çıkarılmasının hedeflendiği bildirilmiştir. Genotiplemede 9 mikrosatelit lokus kullanılmış, 7 lokusun tüm popülasyonlarda polimorfizm gösterdiği, lokus başına allel sayılarının 3-27, popülasyona başına 4,1-8,6 arasında değiştiği, hesaplanan F istatistiği değerlerine göre toplam genetik varyasyonun yaklaşık %85'inin popülasyonlar içi genetik farklılaşmadan kaynakladığı bildirilmiştir. Ayrıca elde edilen sonuçlara göre ticari genotiplerin gelecek ıslah süreçleri için yeterli genetik varyasyona sahip oldukları, broiler ve yumurtacı hatlar için biyolojik sınırlara henüz ulaşılmadığı değerlendirilmiştir.

Shahbazi ve ark., (2007), 5 İran yerli tavuk varyetesinin moleküler karakterizasyon ve genetik çeşitlilik bakımından değerlendirilmesi amacıyla mikrosatelit markörlerden yararlanmışlardır. Çalışmada değerlendirmeye alınan popülasyonların İran'ın kuzeybatı, kuzey, merkez ve güney bölgelerinden toplanan ve fenotipik olarak farklılıklar gösteren tavuklardan oluşturulduğu bildirilmiştir. Genetik karakterizasyonda 5 mikrosatelit lokusundan faydalanılmıştır. Lokus başına allel sayısı 3-6, en düşük heterozigotluk oranı Isfahan popülasyonunda (0,62), en yüksek Batı Azerbaycan ve Mazandaran popülasyonlarında (0,79) bulunmuş, en yüksek genetik mesafe Isfahan ve Fars popülasyonları arasında (0,696), en düşük Mazandaran ve Yazd popülasyonları arasında (0,097) bulunmuştur. Popülasyon içindeki genetik varyasyonun popülasyonlar arasındaki genetik varyasyondan daha yüksek olduğu, toplam genetik

varyasyonun %92'si popülasyonlar içindeki bireyler arası varyasyondan kaynaklandığı bildirilmiştir.

Kaya ve Yıldız (2008), Denizli ve Gerze ırkı tavuklarının ırklar içi genetik varyasyon düzeylerinin belirlenmesi ve birbirleriyle kıyaslanması amacıyla yaptıkları çalışmada 5 alt popülasyon 10 mikrosatelit lokus yardımıyla analiz edilmiştir. Tüm lokuslarda ortalama allel sayısı 7,5; beklenen heterozigotluk 0,665, PIC değeri 0,610 ve Wright bağımlılık katsayısı 0,301 olarak hesaplandığı bildirilmektedir. NJ yöntemine göre elde edilen dendogramda Gerze ve Denizli ırklarının ayrımlandığı vurgulanmıştır.

2.9. Mikrosatelit Markörlerin Diğer Bazı Kanatlı Hayvanlarda Kullanımıyla İlgili Çalışmalar

Aşağıda mikrosatelit markörlerin diğer bazı kanatlı hayvanlarda kullanımıyla ilgili yapılan çalışmalardan örnekler sunulmuştur.

Li ve ark., (2006), tarafından yapılan çalışmada Çin'in bir çok bölgesinde yetiştirilen ördek sayısının ve dolayısıyla genetik çeşitliliğinin hızla azaldığı, bu yüzden Çin yerli ördeklerinin genetik çeşitlilik düzeylerinin ve farklı popülasyonlar arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesinin amaçlandığı bildirilmiştir. Çalışmada 28 mikrosatelit markör kullanılmış, toplam allel sayısı 236, ortalama allel sayısı 8,429, ortalama PIC değeri 0,725 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada incelenen 24 popülasyonun yapılan kümeleme analizinde filogenetik ilişki, coğrafik yerleşim ve tarihi alaka bakımından uyumlu bir sınıflanma gösterdiği sonucuna ulaşılmıştır.

Kamara ve ark., (2007) tarafından yapılan çalışmada mikrosatelit markörlerden yararlanılarak atasal hindi varyetelerinin ticari hindiler ile olan genetik ilişkilerinin araştırılması ve bunlardan ıslah programlarında yararlanılabilmesi olanaklarının belirlenmesi amaçlandığı bildirilmiştir. Çalışmada 5 atasal hindi varyetesi ile 1 ticari hindi hattı 10 mikrosatelit lokusu bakımından değerlendirilmiştir. Blue Slate, Bourbon Red, Narragansett atasal hindi varyetelerinin ticari hindi hattı ile yakın akraba oldukları (Nei'ye göre Genetik mesafe: 0,30); Royal Palm ve İspanyol Black varyetelerinin ticari hat ile en uzak iki varyete olduğu (Nei'ye göre Genetik mesafe sırasıyla; 0,41 ve 0,40) bildirilmiştir. Ayrıca, atasal varyetelerin ticari hatların genetik ıslahında başarıyla kullanılabilecekleri sonucuna varılmıştır.

Kim ve ark., (2007), rastgele çiftleştirilmiş bildirgin hattı ile bu hattan üretilmiş ancak akrabalı yetiştirilmiş hattın genetik çeşitlilik bakımından karşılaştırılması ve mikrosatelit markör analizi ile pedigrî kayıtlarından hesaplanan akrabalık değerlerinin kıyaslanması amacıyla yaptıkları çalışmada 24 lokus kullanılmış, değerlendirmeye 14 lokus alınmıştır. Mikrosatelit analizine göre gözlenen heterozigotluk değeri rastgele çiftleştirilmiş hatta 0,43 ve akrabalı yetiştirme yapılan hatta 0,21 olarak bulunmuş, bunun da akrabalı yetiştirilmiş hatta genetik çeşitliliğin azaldığını gösterdiği bildirilmiştir. Bir bireyin toplam popülasyona kıyasla akrabalı yetiştirme katsayısının (F_{IT}) pedigrî kayıtlarına göre $0,69 \pm 0,07$ ve mikrosatelit analizine göre $0,57 \pm 0,33$ olarak bulunduğu, bu verilere göre pedigrî kayıtlarına göre yapılan analizin mikrosatelit analizine göre daha güvenilir olduğu değerlendirilmiştir.

Qing-Ping ve ark., (2009), Çin’de Taihu kazlarında ırk içi genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısını araştırmak amacıyla yaptıkları çalışmada 26 mikrosatelit markör kullanıldığı bildirilmiştir. Toplam 83 allel elde edilmiş, ortama allel sayısı lokus başına 3,107 olarak bulunmuştur. Ortalama PIC değeri 0,464, ortalama gözlenen heterozigotluk 0,829, beklenen ortalama heterozigotluk oranı 0,545 olarak bildirilmiştir. F_{IS} değeri ortalama -0,531 olarak bulunmuş bu da Taihu kazlarının yetiştirme bölgeleri azalmasına rağmen önemli derecede genetik çeşitliliğe ve düşük seviyede akrabalık düzeyine sahip oldukları ifade edilmiştir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Hayvan Materyali

Çalışmanın hayvan materyalini Samsun, Sinop, Amasya, Tokat ve Ordu illerinden toplanan 364 adet köy tavuğu ile 75 adet ticari tavuk oluşturmuştur.

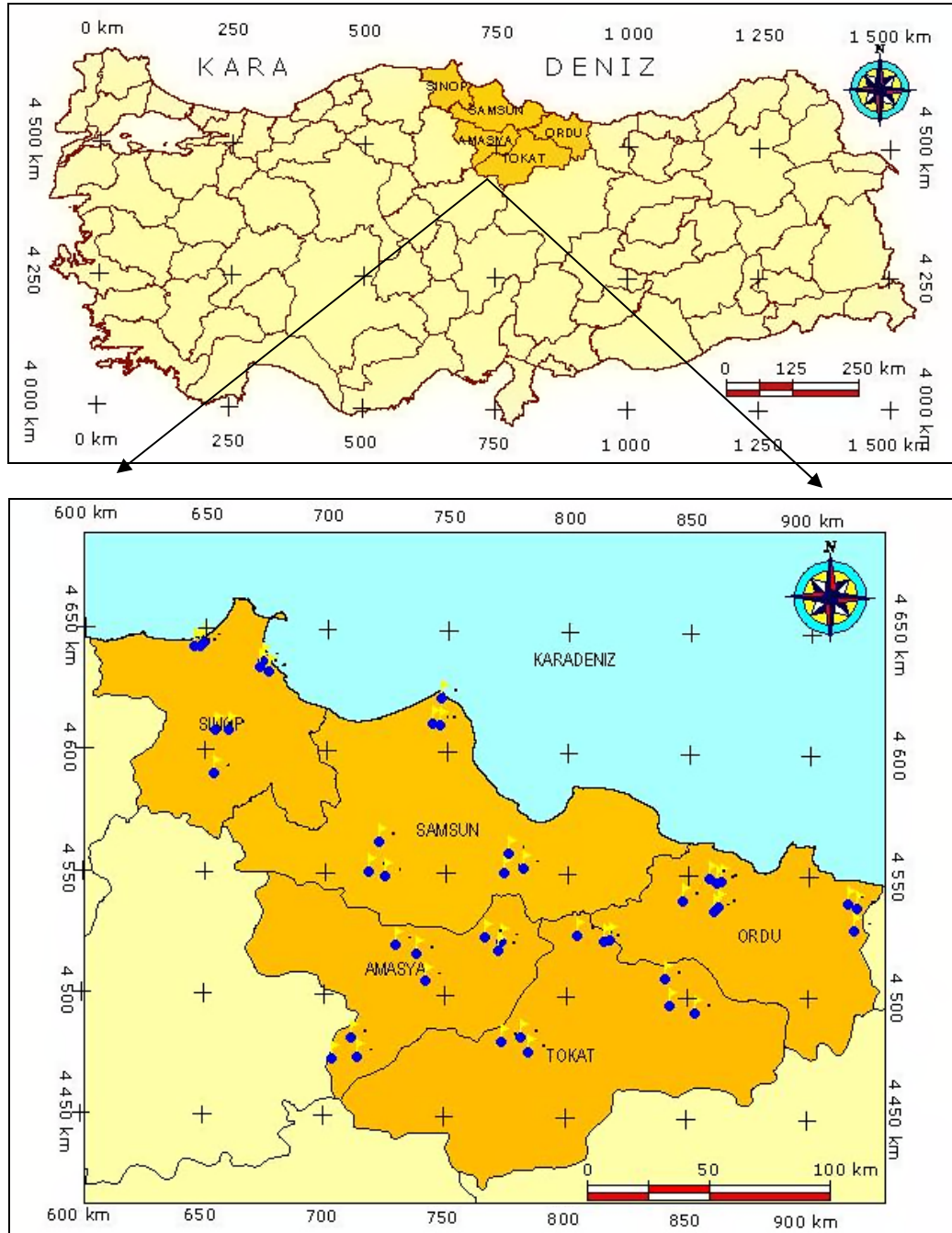
Ticari genotiplerden etlik piliç genotiplerini temsil eden 25 örnek bölgedeki ticari etlik piliç işletmelerinden, yumurtacı genotipleri temsil eden 50 örnek Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nden ve bölgedeki ticari yumurtacı işletmelerinden sağlanmıştır. Örneklerden yerli genotipleri temsil edenler; Ordu ilinde; Ünye, Kumru ve Kabadüz, Tokat ilinde; Erbaa, Niksar ve Turhal, Amasya ilinde; Göynücek, Suluova ve Taşova, Sinop ilinde; Gerze, Ayancık ve Boyabat, Samsun ilinde ise Asarcık, Vezirköprü ve Bafra ilçelerindeki üçer köyden alınmıştır. Örnek toplama işleminde her köyden en az 3, en fazla 5 işletme seçilmiş, her işletmeden 1 erkek ve 1 dişi bireyden örnek alınmasına özen gösterilmiştir.

Örneklerin alındığı bölge, örnek çalışma kodu ve alınan örnek sayısı Çizelge 3.1'de verilmiştir. Çizelgede “Çalışma kodu” olarak laboratuvar analizleri sırasında geliştirilen DNA havuzu kodu kullanılmıştır. “Örnek kaynağı kodu” ise her bir popülasyon için hazırlanan DNA havuzunun menşeyini ifade etmektedir. Köylere ait popülasyonları gösteren 1-45 arası DNA havuzları için kodda bulunan ilk iki harf; örneğin alındığı ili (Ordu için: OR; Tokat için: TK; Amasya için: AM; Samsun için: SM; Sinop için: SN), daha sonrakiler ise ilçeyi ve köyü tanımlamaktadır. Ticari etliklere ait DNA havuzu “EP”, Ticari yumurtacılara ait DNA havuzu “YP” olarak kodlanmıştır.

Çizelge 3.1. Kan örneklerine ait çalışma kodları, örneklerin alındığı bölgeler, örnek kaynağı kodları ve örnek sayıları

Çalışma kodu	İl	Örneğin Alındığı İlçe	Belde-Köy	Örnek Kaynağı Kodu	Örnek sayısı
01	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	ORUY	9
02	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	ORUB	7
03	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	ORUF	8
04	ORDU	KUMRU	KIRAN	ORKK	6
05	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞİRMEN	ORKO	6
06	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	ORKY	5
07	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	ORKBY	6
08	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	ORKBK	5
09	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	ORKBH	5
10	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	TKEYK	7
11	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	TKEKK	8
12	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	TKES	7
13	TOKAT	NİKSAR	SULUGÖL	TKNS	7
14	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	TKNI	14
15	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	TKNH	7
16	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	TKTA	6
17	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	TKTO	8
18	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	TKTU	6
19	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	AMGK	12
20	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	AMGP	10
21	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	AMGD	8
22	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	AMSA	10
23	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	AMSS	10
24	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	AMSY	6
25	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	AMTI	7
26	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	AMTA	8
27	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	AMTY	6
28	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	SMAA	11
29	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	SMAU	10
30	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	SMAG	11
31	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	SMVBA	10
32	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	SMVG	7
33	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	SMVBO	8
34	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	SMBB	9
35	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	SMBK	10
36	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	SMBT	10
37	SİNOP	GERZE	MERKEZ	SNGM	5
38	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	SNGYM	8
39	SİNOP	GERZE	YAYKIL	SNGYK	8
40	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	SNAA	8
41	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	SNAY	8
42	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	SNAB	6
43	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	SNBS	9
44	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	SNBB	11
45	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	SNBO	11
46	Ticari Etlik			EP	25
47	Ticari Yumurtacı			YP	50
				Toplam	439

Köy tavuğu örneklerinin alındığı noktalara ait coğrafi koordinat ve rakım verileri GPS (Global Positioning System-Küresel konum bildirme sistemi) cihazı (Garmin International, Inc., Kansas, ABD) yardımıyla elde edilmiş ve kayıt altına alınmıştır (Ek-A). Şekil 3.1’de tespit edilen koordinat verilerinden yararlanılarak köy tavuğu örneklerinin toplandığı iller ve köyler harita üzerinde gösterilmiştir.



Şekil 3.1. Koordinat verilerinden yararlanılarak köy tavuğu örneklerinin toplandığı iller ve köylerin harita üzerinde görünümü

3.1.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar ve Yardımcı Malzemeler

Araştırmada kullanılan cihazların adı, markası ve menşei Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Araştırmada kullanılan cihazlar ve menşeleri

Cihazın Adı	Markası	Menşei
Soğutmalı mikrosantrifüj	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Biophotometer	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Elektronik mikropipet	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Hassas terazi	KERN	Balingen, Almanya
Ultrasafsu cihazı	SG Water	Barsbüttel, Almanya
Gradient PCR Cihazı	PEQLAB	Erlangen, Almanya
pH metre	Eutech	Singapur
Isıtıcı-soğutucu blok	Echotherm	Kaliforniya, ABD
Jel dokümantasyon sistemi	Syngene	Cambridge, İngiltere
Dikey elektroforez sistemi ve güç kaynağı	Scie-Plas	Cambridge, İngiltere
Mikrodalga fırın	BEKO	Türkiye
Derin dondurucu ve soğutucular	Bosch	Almanya

3.1.3. Kimyasal Maddeler ve Mikrosatelit Lokuslarına Özgü Primerler

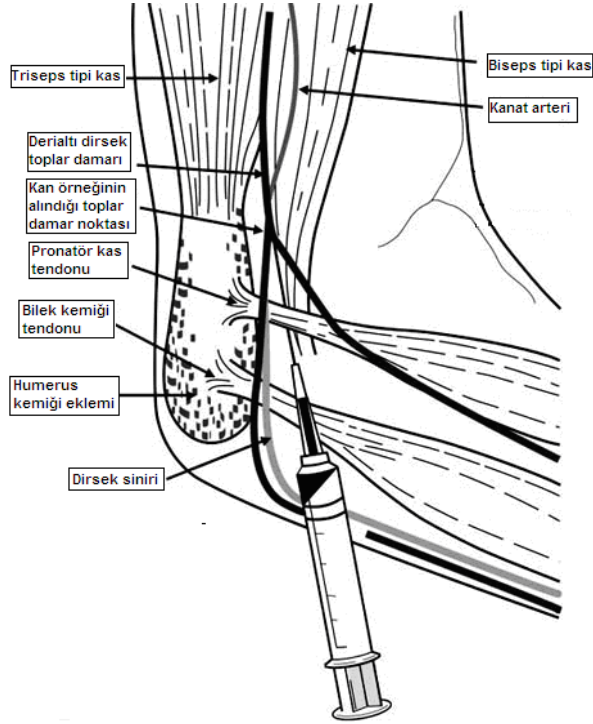
Çalışmada kullanılan akrilamid-bisakrilamid; AMRESCO, (Ohio, ABD), DNA mastır miksler; TURGEN (Samsun, Türkiye) ve Promega (Wisconsin, ABD), mikrosatelit primer setleri; İONTEK (İstanbul, Türkiye), Genomik DNA izolasyon kitleri; BILATEC (Mannheim, Almanya) ve QIAGEN (Duesseldorf, Almanya), standart markörler; BBI (Kanada) ve Promega (Wisconsin, ABD), yükleme tamponu (Loading buffer); Promega (Wisconsin, ABD)’dan diğer tüm çözeltiler için gerekli kimyasallar; MERCK (New Jersey, ABD), Sigma-Aldrich (Taufkirchen, Almanya) ve AMRESCO (Ohio, ABD)’dan sağlanmıştır.

3.2. Yöntem

3.2.1. Kan Örneklerinin Alınması

Örneklerin toplanması esnasında kan ile doğrudan teması engellemek amacıyla lateks eldiven kullanılmıştır. Kan örnekleri tavukların kanat altı toplardamarından

(brachial vein) enjektör yardımıyla alınmıştır. Kanat altı toplardamarının ve enjektörün yerleşim pozisyonunun şematik görünümü Şekil 3.2’de verilmiştir. Kan örneğinin alınması işlemi de Şekil 3.3’de görülmektedir.



Şekil 3.2. Kanat altı toplardamarının şematik görüntüsü (koyu renkli olan) ve örnek alımı sırasında enjektörün yerleşim pozisyonu (<http://www.fao.org/docrep/>'den değiştirilmiştir, Erişim tarihi: 12.08.2009)



Şekil 3.3. Kan alma işleminin gerçekleştirilmesi

İçerisinde antikoagölant (pıhtılaşmayı önleyici) madde (EDTA: Etilendiamintetraasetikasit veya Lityum-Heparin) bulunan, 3 ml’lik steril tüplere alınan kan örnekleri yavaşça birkaç kez tersyüz edilerek antikoagölant madde ile kanın karışması sağlanmıştır. Kan tüpünün üstüne örneğin alındığı bölge, işletme sahibi ve örneğin cinsiyeti kodlanarak plastik buz aküleri içeren strafor kutularda O.M.Ü Ziraat Fakültesi Genetik-Biyoteknoloji Laboratuvarı’na ulaştırılmıştır (Şekil 3.4a ve 3.4b).



Şekil 3.4a. Genetik-Biyoteknoloji Laboratuvarı



Şekil 3.4b. Genetik-Biyoteknoloji Laboratuvarı

Çalışma için kan örneği alınan bütün köy tavukları fotoğraflanmıştır. Böylece örneğin alındığı hayvana ait fenotipik görünüş de kayıt altına alınmıştır (Ek-B).

3.2.2. Genomik DNA'nın Özütlenmesi (Ekstraksiyonu=İzolasyonu) ve Popülasyonlara Ait DNA Havuzlarının Oluşturulması

DNA verimi ve kalitesinin yüksek olması için genomik DNA'nın özütlenmesinde ticari kitlerle çalışılmıştır. DNA özütleme işlemi DNeasy, (QIAGEN, Duesseldorf, Almanya) ve BILATEST, (BILATEC, Mannheim, Almanya) DNA özütleme kitleri kullanılarak yapılmıştır (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. DNA ekstraksiyonunun yapılması

Kanatlılarda kırmızı kan hücreleri (eritrositler ya da alyuvarlar) memelilerden farklı olarak çekirdek içerirler. Dolayısıyla birim kan hacmi başına DNA verimleri yüksektir. Bu yüzden kit prosedüründe özel olarak tavuk için hacim belirtilmiyorsa memeliler için önerilen miktarın 1/10'unun uygun olduğu tecrübe edilmiştir. Örneğin kit kılavuzunda 100 μ l memeli tam kanı kullanılması isteniyorsa, aynı prosedürde kullanılacak tavuk tam kan miktarının en fazla 10 μ l olması gerektiği tespit edilmiştir.

DNA özütleme için gerekli olan çeşitli hacimlerde (0,5-10 μ l, 10-100 μ l, 20-200 μ l ve 100-1000 μ l'lik) mikropipetler ve steril uçları, 1,5 ve 2 ml'lik mikrosantrifüj tüpleri, santrifüj ve diğer gerekli malzemeler hazırlandıktan sonra kan örnekleri derin dondurucudan çıkarılmış ve oda sıcaklığına gelmesi beklendikten sonra özütleme işlemlerine geçilmiştir.

3.2.2.1. QIAMP DNA Blood Mini Kit kullanılarak yapılan Genomik DNA Özütleme İşlemi

DNA özütleme işlemlerine başlamadan önce kit içeriğinde yer almayan ancak prosedürde bulunan PBS çözeltisi (Fosfat Tamponlu Çözelti-Phosphate Buffered Solution) aşağıdaki şekilde hazırlanmıştır (Sambrook ve Russel, 2001).

500 ml PBS çözeltisinin hazırlanması

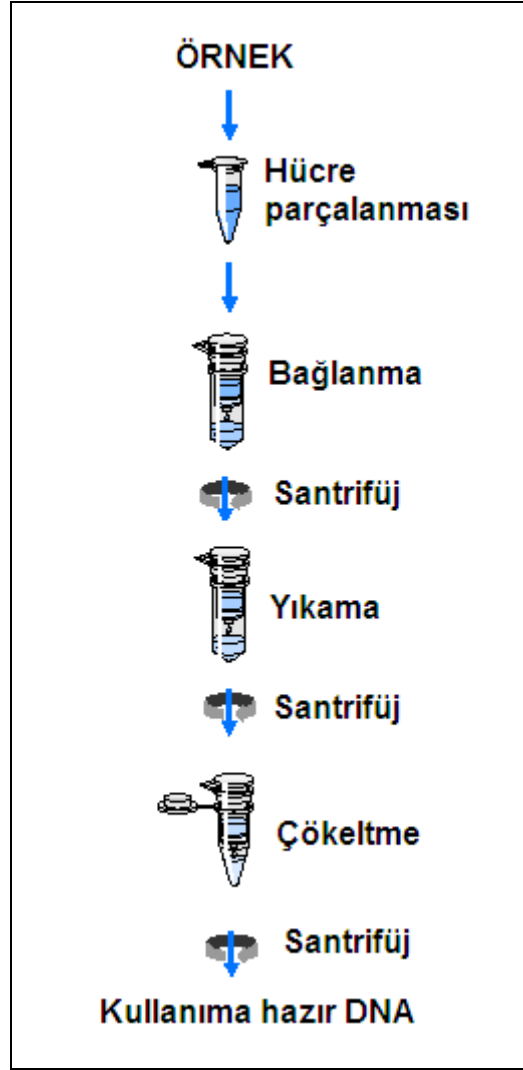
1,08 g Çift bazlı sodyum fosfat (Na_2HPO_4),

4 g Sodyum klorür (NaCl),

0,1 g Tek bazlı potasyum fosfat (KH_2PO_4),

0,1 g Potassium chloride (KCl) alındı ve çift distile su ile toplam hacim 500 ml'ye tamamlanmıştır.

Her bir örnek için 2 ml'lik mikrosantrifüj tüplerinin üzeri tanımlayıcı bir şekilde kodlanmış ve içine 10'ar μl kan konulmuştur. Üzerine önce 200 μl PBS, sonra da 20 μl Proteinaz K (2 mg/ml) eklenmiş ve 5-10 saniye dikkatlice vortekslenmiştir. Bunun üzerine 200 μl AL kodlu tampon eklenmiş, homojen bir çözelti oluncaya kadar vortekslenmiş ve 10 dakikalığına 56°C 'deki ısıtıcı blokta tutulmuştur. Üzerine 200 μl saf etanol eklenmiş ve iyice vortekslenmiştir. Çözeltinin tamamı 1000 μl 'lik pipet yardımıyla 2 ml toplama tüpü içine yerleştirilmiş olan özel membranlı kolona aktarılmış ve mikrosantrifüjde 8000 devir/dakika hızda 1 dakika santrifüj edilerek sıvı kısmın toplama tüpüne akışı sağlanmıştır. Akış gerçekleşmediği durumda yeniden 10 000 devir/dakika hızda 2 dakika fazladan santrifüj ile sıvının tamamının alta geçmesi sağlanmıştır. Membranlı kolon temiz bir toplama tüpüne yerleştirilmiş ve 500 μl AW1 tamponu eklenerek yeniden 8000 devir/dakika hızda 1 dakika santrifüj edilmiştir. Toplama tüpünden yeniden alınan ve yeni bir toplama tüpüne yerleştirilen membranlı kolona 500 μl AW2 tamponu eklenmiş ve 14 000 devir/dakika hızda 3 dakika santrifüj edilerek kolonun membran kısmının tamamen kuruması sağlanmıştır. Membranlı kolonun altında kalan toplama tüpü dikkatlice uzaklaştırıldıktan sonra kolon steril bir 2 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirilmiştir. Tam membranın üzerine gelecek şekilde 200 μl AE tamponu eklenmiş ve oda sıcaklığında 1 dakika beklendikten sonra 8000 devir/dakika hızda 1 dakika santrifüj edilmiş ve bu işlem sonucunda tavuk örneğine ait saflığı ve kalitesi yüksek genomik DNA elde edilmiştir. Şekil 3.6'da yukarıdaki işlemlerin kısa bir özeti görülmektedir (Anonim, 2006'dan değiştirilmiştir).



Şekil 3.6. QIAGEN DNeasy DNA özütlemeye kiti protokolünün özeti

3.2.2.2. “BILATEST Genomic DNA Kit (Blood)” Kullanılarak Yapılan Genomik DNA Özütlemeye İşlemi

BILATEST genomik DNA özütlemeye kitinin diğer bir çok yöntemle göre temel farkı DNA özütlemeye işlemi sırasında santrifüj kullanımına gereksinim duyulmamasıdır. Yalnız bu yöntem için üzerinde 2 ml’lik ependorf tüplerin yerleşimine ve kitin protokolüne uygun kuyucuklar bulunan bir manyetik separatöre ihtiyaç vardır. Şekil 3.7’de BILATEC Magnetic Separator (M12+M12) ile kit içeriği görülmektedir.



Şekil 3.7. BILATEC Manyetik Separatör (M12+M12) ve kit içeriği

DNA özütleme işlemine oda sıcaklığındaki 10 µl kan örneğinin 2 ml'lik bir mikrosantrifüj tüpü içine konulması ile başlanmıştır. Bu tüpe 1 numaralı lisis tamponundan 125 µl eklenmiş, 8-10 pipetleme ile iyice karıştırılmış ve oda sıcaklığında 5 dakika inkübe edilmiştir. İçerisinde boncuklar bulunan 2 numaralı çözelti iyice çalkalanmış ve bundan karışıma 14 µl ilave edilmiştir. Daha sonra üzerine 3 numaralı DNA bağlanma tamponundan da 360 µl eklenmiş ve pipetleme ile karışımın iyice homojenleşmesi sağlandıktan sonra yeniden 5 dakika oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. Tüp, boncuk- DNA kompleksini kenara çekmek için separatöre yerleştirilmiştir. Bu şekilde 2 dakika beklenmiş ve süpernatant kısmı atıldıktan sonra tüp mıknatıs pozisyonundan uzaklaştırılmıştır. Boncuklar bu adımda görünemediğinden süpernatantın uzaklaştırılması işlemi boncukların atılmasına mani olmak için mıknatısın bulunmadığı taraftan uzaklaştırılmıştır. Üzerine 600 µl temizlik tamponu A eklenmiş ve boncuk peleti 15 defa iyice çalkalanmıştır. Yeniden boncuk/DNA kompleksi separatörde ayrılmış, süpernatant atılmış ve tüp mıknatıs pozisyonundan uzaklaştırılmıştır. 600 µl temizlik tamponu B eklenmiş ve bir önceki işlem tekrarlanmıştır. Temizlik tamponu B'nin son kalıntıları da tamamen uzaklaştırıldıktan sonra tüpler separatörde bırakılmıştır. Peletin dağılmamasına özen gösterilerek

separatördeki tüpe (boncuklar tüpün kenarına çekilmiş durumda iken) yavaşça 1 ml temizlik tamponu C eklenmiştir. Pelet çalkalanmadan 90 saniye beklenmiş ve süpernatant yavaşça uzaklaştırılmıştır. Temizlik tamponu C içinde daha uzun inkübasyon zamanı ya da boncuk peletinin çalkalanarak dağılması final DNA verimini düşüreceğinden sürenin aşılmasına azami özen gösterilmiştir. Çökeltici tampondan 100 µl eklenmiş ve 10-15 defa pipetleme yapılarak pelet karıştırılmıştır. Oluşan süspansiyon 5-10 dakika 55°C’de inkübe edilmiştir. DNA’nın çökmesini takiben mikrosantrifüj tüpü separatörde 2 dakika kadar bırakılmış ve kalıntı olabilecek boncuklar da uzaklaştırıldıktan sonra saf DNA’yı içeren çözelti temiz bir tüpe aktarılarak DNA özütleme işlemi tamamlanmıştır.

3.2.2.3. Popülasyonlara Ait DNA Havuzlarının Oluşturulması

Genetik analizlerde popülasyondaki her bireyin ayrı ayrı genotiplenmesi çalışmanın maliyetini ve süresini artırmakta, çalışmayı nispeten zorlaştırmaktadır. DNA havuzu oluşturma (DNA pooling) işlemi bu zorlukların, maliyetin ve sürenin azaltılması amacıyla uygulanan bir tekniktir (Pacek ve ark., 1993; Khatib ve ark., 1994; Ruyter-Spira ve ark., 1997; Bren ve ark., 1999; Hillel ve ark., 2003; Smith ve ark., 2005).

Popülasyonlara ait DNA havuzları oluşturulurken dikkat edilmesi gereken nokta her bir bireyin DNA’sının oluşturulan havuz içinde eşit miktarda bulunmasıdır. Bunun sağlanması için en iyi yol ekstraksiyon sonucu elde edilen DNA yoğunluğunun belirlenmesi ve bütün örnekler için eşit derişime sahip sıvı bölüntülerinin (aliquot) hazırlanarak bunların eşit miktarlarda bir araya getirilmesidir (Ruyter-Spira ve ark., 1997; Bren ve ark., 1999). Bu amaçla bireylere ait kan örneklerinden özütlenen toplam genomik DNA miktarları Biophotometer (Eppendorf, Hamburg, Almanya) yardımıyla ölçülmüş ve derişimi 10 ng/µl olacak şekilde seyreltilmiştir. Daha sonra bunlardan 50’şer µl alınarak PZR işlemleri için yeterli DNA havuzları elde edilmiştir. Çizelge 3.1’de verilen çalışma kodları (1’den 47’ye kadar sırasıyla) örnek kaynaklarına göre oluşturulan genotip havuzlarını göstermektedir.

3.2.3. Mikrosatelit Bölgelerin PZR ile oğaltımı

Çalışmada kullanılan mikrosatelit lokuslar tavuklarda genetik çeşitliliğın belirlenmesi arařtırmalarında ve uluslararası AVIANDIV (Kanatlı Çeşitliliğı) Projesi (<http://aviandiv.tzv.fal.de>) kapsamında yer alan markörlerdir. Bu lokuslar otozomal kromozomlar üzerinde bulunmakta, yüksek düzeyde polimorfizm göstermekte ve bağılı olmayan lokuslardır (Romanov ve Weigend, 2001; Rosenberg ve ark., 2001; Hillel ve ark., 2003). Çizelge 3.3’de bu lokusların orijinal isimleri, ileri (forward) ve geri (reverse) primer dizilişleri ile çalışma kodları verilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan mikrosatelit lokusların orijinal isimleri, ileri ve geri primer dizilişleri, çalışma kodları

Kodu	Orijinal adı	Primer Dizilişi	
		İleri (Forward)	Geri (Reverse)
P-01	ADL0112	GGCTTAAGCTGACCCATTAT	ATCTCAAATGTAATGCGTGC
P-02	ADL0268	CTCCACCCCTCTCAGAACTA	CAACTTCCCATCTACCTACT
P-03	ADL0278	CCAGCAGTCTACCTTCCTAT	TGTCATCCAAGAACAGTGTG
P-04	LEI0094	GATCTCACCAGTATGAGCTGC	TCTCACACTGTAACACAGTGC
P-05	LEI0166	CTCCTGCCCTTAGCTACGCA	TATCCCCTGGCTGGGAGTTT
P-06	LEI0192	TGCCAGAGCTTCAGTCTGT	GTCTGGAATCATCCCTTCATC
P-07	LEI0234	ATGCATCAGATTGGTATTCAA	CGTGGCTGTGAACAAATATG
P-08	MCW0014	(AAAA)TATTGGCTCTAGGAACTGTC	(ACCG)GAAATGAAGGTAAGACTAGC
P-09	MCW0016	ATGGCGCAGAAGGCCAAAGCGATAT	TGGCTTCTGAAGCAGTTGCTATGG
P-10	MCW0034	TGCACGCACTTACATACTTAGAGA	TGTCCTTCCAATTACATTCATGGG
P-11	MCW0037	ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA	GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA
P-12	MCW0067	GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT	GAGATGTAGTTGCCACATTCCGAC
P-13	MCW0069	GCACTCGAGAAAACCTTCCTGCG	ATTGCTTCAGCAAGCATGGGAGGA
P-14	MCW0078	CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT	TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC
P-15	MCW0080	GAAATGGTACAGTGCAGTTGG	CCGTGCATTCTTAATTGACAG
P-16	MCW0081	GTTGCTGAGAGCCTGGTGCAG	CCTGTATGTGGAATTACTTCTC
P-17	MCW0098	GGCTGCTTTGTGCTCTTCTCG	CGATGGTCGTAATTCTCACGT
P-18	MCW0103	AACTGCGTTGAGAGTGAATGC	TTTCCTAACTGGATGCTTCTG
P-19	MCW0104	TAGCACAACCAAGCTGTGAG	AGACTTGCACAGCTGTGTACC
P-20	MCW0111	GCTCCATGTGAAGTGGTTTA	ATGTCCACTTGTCAATGATG
P-21	MCW0123	CCACTAGAAAAGAACATCCTC	GGCTGATGTAAGAAGGGATGA
P-22	MCW0183	ATCCCAGTGTGAGTATCCGA	TGAGATTTACTGGAGCCTGCC
P-23	MCW0206	ACATCTAGAATTGACTGTTCAC	CTTGACAGTGATGCATTAAATG
P-24	MCW0216	GGGTTTTACAGGATGGGACG	AGTTTCACTCCCAGGGCTCG
P-25	MCW0222	GCAGTTACATTGAAATGATTCC	TTCTCAAAACACCTAGAAGAC
P-26	MCW0248	GTTGTTCAAAAGAAGATGCATG	TTGCATTAACTGGGCACTTTC
P-27	MCW0295	ATCACTACAGAACACCCTCTC	TATGTATGCACGCAGATATCC
P-28	MCW0330	TGGACCTCATCAGTCTGACAG	AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC

PZR işlemleri Gradient PCR Thermal Cycler (PEQLAB, Erlangen, Almanya) cihazı yardımıyla (Şekil 3.8) TURGEN 5X PCR Master Mix (Samsun, Türkiye) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Çalışmada optimize edilmiş Polimeraz Zincir Reaksiyonu koşulları için gerekli reaktiflerin yoğunluk ve miktarları Çizelge 3.4’de, PZR sıcaklık döngü düzeni Çizelge 3.5’de verilmiştir.



Şekil 3.8. Termal Döngü Cihazı (PEQLAB Primus 96 Gradient PCR Thermal Cycler)

Çizelge 3.4. Optimize edilmiş PZR koşulları için gerekli reaktiflerin yoğunluk ve miktarları

Reaktif	Yoğunluk	Miktar
tDNAs (kalıp DNA'lar)	10 ng/μl	5 μl
İleri (forward) primer	2,5 μM	0,5 μl
Geri (reverse) primer	2,5 μM	0,5 μl
H ₂ O _{dd}		10 μl
PZR Master Mix (TURGEN)	5X	4 μl
Toplam		20 μl

Çizelge 3.5. Optimize edilmiş PZR sıcaklık döngü düzeni

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Öncül Denatürasyon	94	5 dakika	-
Denatürasyon	94	30 saniye	
Bağlanma (Annealing)	58	30 saniye	30
Uzama (Extension)	72	30 saniye	
Son uzama (Final extension)	72	5 dakika	-
Reaksiyon sonrası saklama	4		

3.2.4. Poliakrilamid Jel Elektroforezi (Polyacrylamide Gel Electrophoresis) Yöntemi ile Ayrımlamanın Gerçekleştirilmesi

Poliakrilamid jeller, akrilamid monomerlerinin uzun zincirler şeklinde polimerleşmesi ve daha sonra çapraz bağlayıcı bir ajan olan *N,N'* metilenbisakrilamid ile kovalent bağlar oluşturması sonucu oluşan yapılardır. Polimerizasyon için gerekli olan serbest radikaller APS (Amonyumpersülfat) ve TEMED (*N,N,N',N'*-Tetrametiletildiamin)'den sağlanır. Poliakrilamid jel elektroforezi düşük moleküler ağırlığa sahip nükleik asitlerin yüksek hassasiyette ayrırılmasını sağlar. Özellikle küçük DNA fragmentleri (<500 bp) arasındaki farklılıklar sıradan agaroz jeller yardımıyla ayrırıl原因amayabilirler. Bu yüzden poliakrilamid jeller, jel yoğunluğuna bağlı olarak, küçük DNA fragmentlerinin ayrırılmasında etkin materyallerdir (Chory ve Pollard, 1999).

Yapılan ön çalışmada PZR sonucu elde edilen fragmentlerin büyüklükleri birbirine oldukça yakın olduğundan agaroz jelin ayrırıl原因amada yetersiz kaldığı görülmüştür. Bu yüzden poliakrilamid jellerin ayrırıl原因a yeteneğinin agaroz jelle kıyasla daha yüksek olması nedeniyle PZR işlemi sonucu oluşan fragmentlerin moleküler büyüklüklerine göre ayrırıl原因ması işlemi dikey elektroforez cihazında poliakrilamid jel yardımıyla gerçekleştirilmiştir. Şekil 3.9'da çalışmada kullanılan dikey elektroforez sistemi görülmektedir.



Şekil 3.9. Dikey elektroforez sistemi

3.2.4.1. Poliakrilamid Jelin Hazırlanması

Çalışmada Scie-Plas (Cambridge, İngiltere), marka dikey jel elektroforez cihazı kullanılmış ve 1 mm kalınlığında %10'luk poliakrilamid jel hazırlanmıştır. Akrilamid ve bisakrilamid nörotoksik ajanlardır ve özellikle polimerizasyon sırasında çok dikkat edilmelidir.

Elektroforetik ayırlama için gerekli kimyasal ve çözeltiler Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3.6. Poliakrilamid Jel Elektroforezi için gerekli kimyasal ve çözeltiler

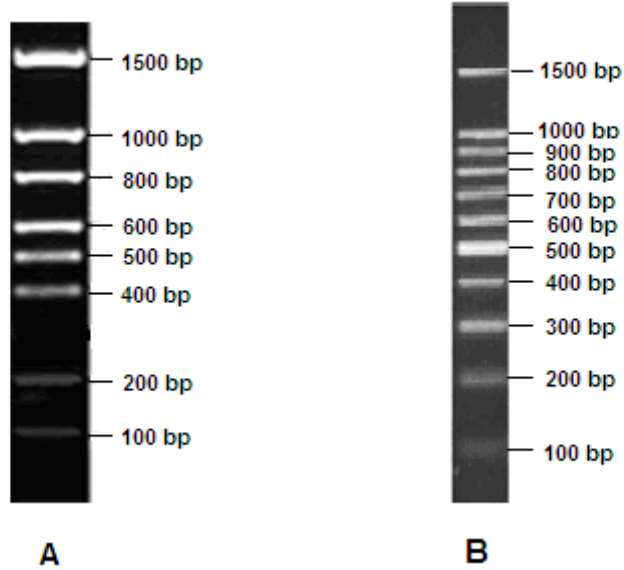
Çözelti	Kimyasallar	Miktar	Açıklama
(I) 5X TBE stok	Tris base Borik asit 0,5 M EDTA	108 g 55 g 40 ml	Saf su ile 2 litreye tamamlanmıştır.
(II) %25 APS	Amonyumpersülfat		Taze hazırlanmalıdır.
(III) Poliakrilamid jel tamponu (%10)	Akrilamid/bisakrilamid (29:1), % 40 Çözelti I (5X TBE) Çözelti II (%25 APS) TEMED	25 ml 20 ml 750 µl 30 µl	Saf su ile 100 ml'ye tamamlanmıştır. Polimerizasyon hızlıdır.
(IV) EtBr	Ethidium bromür	10 mg/l	Jeli boyamak için (Yüksek düzeyde mutajendir)

Poliakrilamid jelin döküleceği sabit aralıklı cam plakalar altından ve yanlarından sızdırma olmayacak şekilde jel dökme standına yerleştirilmiş ve aparatın vidaları sıkılmıştır. Aparat yaklaşık %10'luk bir eğim verilerek yatırılmış ve 50 ml'lik bir şırınga yardımıyla Çözelti III'deki jel tamponu camlar arasına yavaşça enjekte edilmiştir. Elektroforez sistemi iki jelin aynı anda yürütülebilmesine imkan verir nitelikte olduğundan çoğunlukla iki jel aynı anda yüklenmiştir. Tek bir jelin yürütülmesinin gerektiği durumda jel camlarının yerine sistem ile birlikte verilen orijinal plastik plaka yerleştirilmiştir. Stand dik konuma getirilmiş ve jel tarağı yerleştirilmiştir. Polimerizasyonun tam olarak gerçekleşmesi için 1 saat beklenmiştir. Jelin polimerizasyonu beklenirken -20 °C'deki derin dondurucuda saklanmakta olan PZR ürünleri çıkarılmış ve ürün başına 5 µl yükleme tamponu (Promega, Ohio, ABD) eklenmiş ve santrifüj yardımıyla karışması sağlanmıştır. Polimerizasyon tam olarak gerçekleştikten sonra tarak yerinden çıkarılmış ve kuyucuklar (slotlar) 0,5 X TBE tamponu ile temizlenmiştir.

3.2.4.2. Jelin Yüklenmesi ve Yürütülmesi

Cam plakalar arasında standdan ayrılan jel, üzerindeki uyarı çizgileri aşılmayacak şekilde 0,5 X TBE çözeltisi ile doldurulmuş olan jel tankına dikkatlice yerleştirilmiştir. Jelin kuyucuklarından ilki ve sonuncusu standart markör için boş bırakılmıştır. Öncelikle ikinci kuyucuktan itibaren soldan sağa sırasıyla PZR ürünleri yüklenmiştir. Daha sonra birinci ve sonuncu kuyucuğa da standart markörler yüklenmiştir. Örneklerin jelde yürütülmesi işlemi 2saat 30 dakika olarak standardize

edilmiş, uygulanan voltaj 250 volt olarak ayarlanmıştır. PZR ürünlerine ait fragmentlerin moleküler büyüklüklerinin belirlenebilmesi için “BBI 100 bp” ve “Promega 100 bp” DNA standart markörleri kullanılmıştır (Şekil 3.10).



Şekil 3.10. DNA standart markörleri (100-1500 bp): A-BBI, Kanada; B- Promega, Wisconsin, ABD

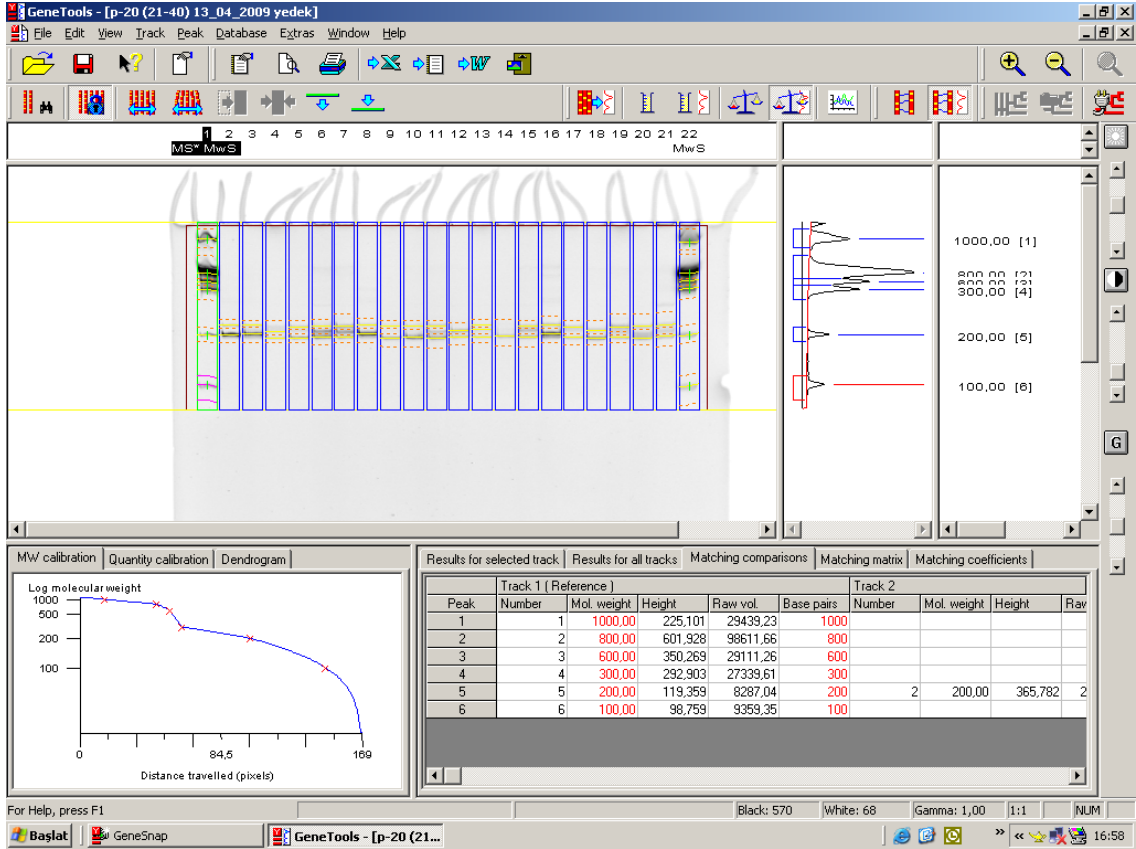
3.2.4.3. Jelin Boyanması

Jelin boyanması işlemi Etidyumbromür kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Jelin cam plakalar ile birlikte rahatça sığabileceği 10 cm derinliğinde, 25 cm eninde ve 30 cm boyunda, alüminyum folyo ile güneş ışığı alması engellenmiş bir kaba 10 mg/l'lik EtBr çözeltisinden 1,5 litre konulmuştur. Jelin arasında bulunduğu cam plakalardan biri uzaklaştırıldıktan sonra üzerine yapışmış olduğu cam plaka ile birlikte kaba yerleştirilmiştir. Kabin kapağı kapatılmış ve 1'er dakika ara ile yavaşça çalkalanmıştır. Jelin cam plaka üzerinden yavaşça ayrılması sağlanmış ancak yırtılmamasına özen gösterilmiştir. Yaklaşık 10 dakika süren boyama işleminden sonra plakadan ayrılan jel, jel küreği üzerine dikkatlice alınarak içince saf su bulunan sığ bir kaba konulmuştur. Yaklaşık 5 dakika sonra yine jel küreği yardımıyla kaptan alınmış ve jel görüntüleme sisteminin UV transilluminatörü üzerine yerleştirilmiştir.

Kuvvetli bir mutajen olan EtBr ile çalışırken azami özen gösterilmiştir, varsa özel neopren eldiven yoksa iki kat eldiven takılmıştır. Maske ve gözlük kullanımına da dikkat edilmelidir. EtBr ile bulaşan tüm araç gerecin yıkanmadan önce bol su ile durulanması gerekmektedir.

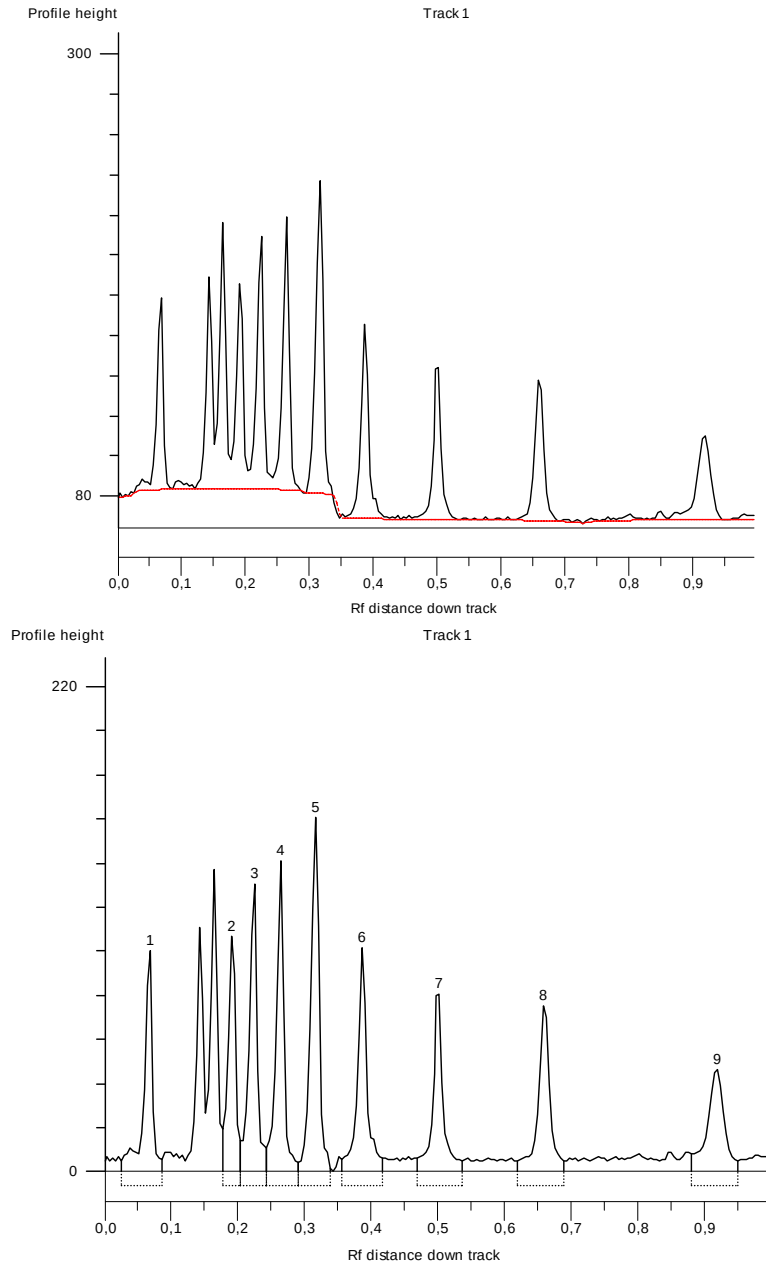
3.2.4.4. Jellerin Görüntülenmesi ve Skorlanması

Jellerin görüntülenmesi işlemi Syngene (Cambridge, İngiltere), jel dokümantasyon cihazında yapılmıştır. Boyama işleminin EtBr ile yapılması nedeniyle cihaz ile çalışma esnasında sağlık açısından kimyasallara dayanıklı eldivenlerin kullanılmasına özen gösterilmiştir. Jelin fotoğrafının çekilmesini takiben skorlanması işlemine geçilmiştir. Bunun için cihaz ile birlikte verilen Syngene-GeneTools programı kullanılmıştır. Bu program yardımıyla elde edilen PZR ürünlerinin bç cinsinden moleküler büyüklükleri çıkarılmıştır. Çalışılan tüm mikrosatelit lokuslarına ait jel resimleri Ek-C’de verilmiştir. Şekil 3.11’de Jelin yürütülmesi sonucu elektroforetik olarak ayrımlanan bantların, moleküler büyüklüklerine göre skorlanması işlemi gösterilmiştir.



Şekil 3.11. Jelin elektroforetik ayrılmanması ile oluşan bantların Syngene-GeneTools programı yardımıyla moleküler büyüklüklerine göre skorlanması

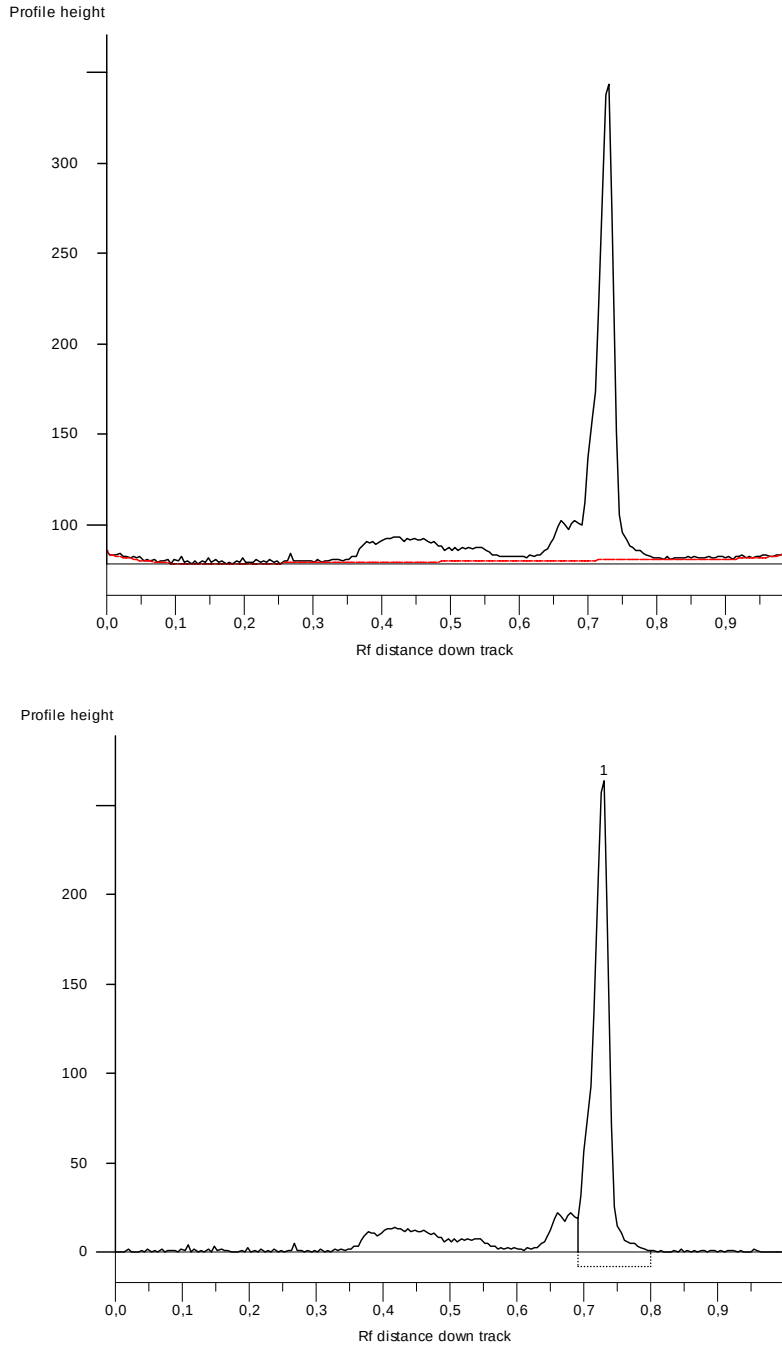
Programın skortlama işlemini yapabilmesi için öncelikle standart markörlere ait bantların büyüklükleri tanımlanmıştır. Yürütme sonucu elde edilen bantların büyüklükleri program tarafından standart markör piklerine göre hesaplanmıştır. Şekil 3.12’de standart markör bant piklerini gösteren grafik ve tanım çizelgesi verilmiştir.



Track 1				
Number	Mol. weight	Height	Raw vol.	Base pairs
1	1500,00	100,503	6794,31	1500
2	1000,00	106,690	6484,09	1000
3	800,00	130,538	8356,54	800
4	600,00	140,804	8710,11	600
5	500,00	160,566	11019,86	500
6	400,00	101,894	7801,79	400
7	300,00	80,731	7272,57	300
8	200,00	75,014	7170,18	200
9	100,00	46,560	6387,19	100

Şekil 3.12. Standart markör bant piklerini gösteren grafik ve tanım çizelgesi

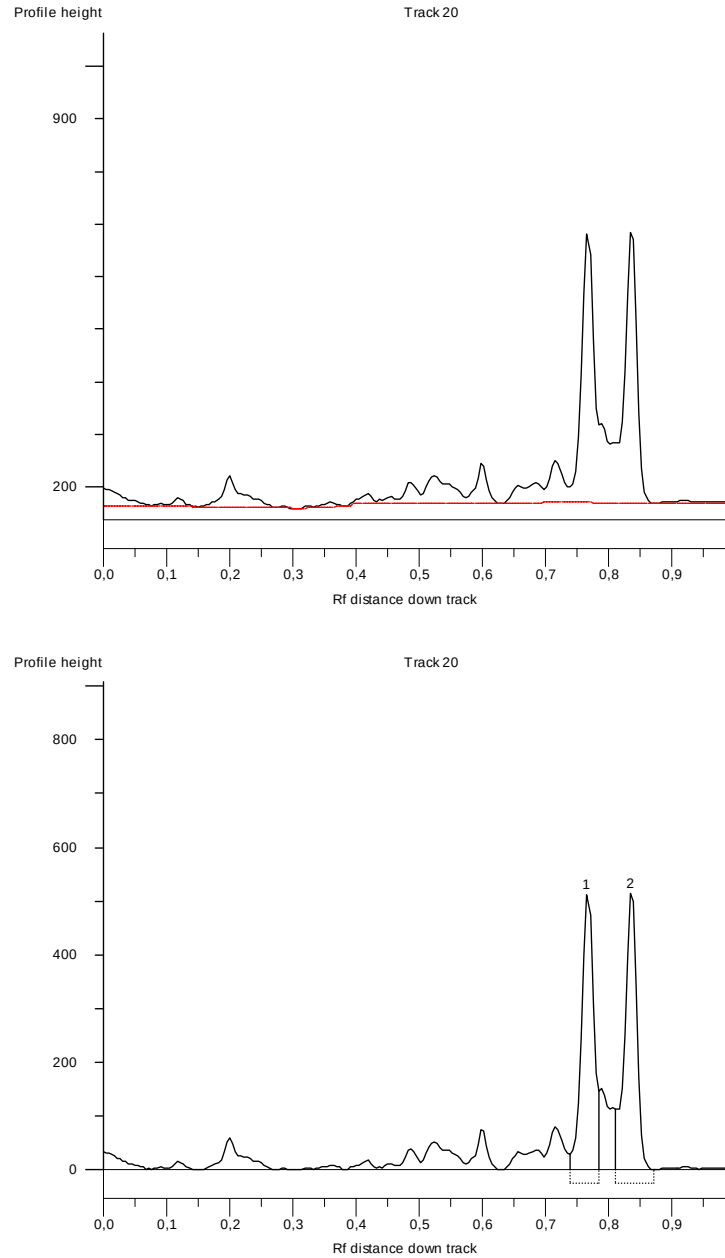
Syngene-GeneTools programı kullanılarak herhangi bir allel bakımından homozigot olan bir örnek popülasyondan elde edilen bantın pik yoğunluğu, moleküler büyüklüğüne ait grafik görünümü ve rapor çizelgesi Şekil 3.13’de verilmiştir.



Track 7				
Number	Mol. weight	Height	Raw vol.	Base pairs
1	153,77	263,404	31174,36	154

Şekil 3.13. Homozigot allel yapısına sahip SNBO popülasyonunun MCW 0069 Lokusu allelinin grafik görünümü ve skor çizelgesi

Aynı şekilde Syngene-GeneTools programı kullanılarak herhangi bir allel bakımından heterozigot olan bir örnek popülasyondan elde edilen bantların pik yoğunlukları, moleküler büyüklüklerine ait grafik raporu ve skor çizelgesi Şekil 3.14’de verilmiştir.



Track 20				
Number	Mol. weight	Height	Raw vol.	Base pairs
1	133,93	512,961	55809,77	134
2	113,84	513,539	59836,70	114

Şekil 3.14. Heterozigot allel yapısına sahip AMSA popülasyonunun MCW 0081 Lokusu allellerinin grafik görünümü ve skor çizelgesi

3.2.5. Verilerin İstatistikî Analizi

Jellerin skollama işleminde sonra veri analizi aşamasına geçilmiştir. Veriler kullanılan program ve yöntemle göre de yeniden düzenlenmiş, markörlere ait skorlar allelleri belirten bantların varlık ve yokluk durumuna göre ikili (binary) sistemde kodlanmıştır. Allellerin varlığı durumunda “1” yokluğu durumunda “0” şeklinde kodlanmasıyla veri matrisi oluşturulmuştur. Çalışılan popülasyonlar arasındaki genetik benzerlik, genetik mesafe ve gen çeşitliliği değerleri ile popülasyonların filogenetik dendogramları çıkarılmış ve Temel koordinatlar analizi yapılmıştır. Ayrıca kullanılan mikrosatelit markörlere ait polimorfizm bilgi içerikleri (Polymorphism Information Content- PIC) de hesaplanmıştır. Mikrosatelit markörlerden elde edilen verilerin değerlendirilmesinde kullanılan istatistikî yöntemler ve formüller aşağıda özetlenmiştir.

3.2.5.1. Gen Çeşitliliği (Beklenen heterozigotluk-Expected heterozygosity)

Hoelzel ve Dover, (1991)’in bildirdiğine göre Hardy-Weinberg kuralı gen ve genotip frekanslarının ideal popülasyonlarda nesiller boyunca sabit kaldığını varsaymaktadır. İdeal popülasyonlardan kasıt rastgele çiftleşen, Mendel kurallarına uygun bir şekilde açılım gösteren, seleksiyon, göç ve mutasyonun olmadığı popülasyonlardır. Nei (1975)’e göre genel olarak bir popülasyonun genetik çeşitliliği lokus başına ortalama heterozigotluğun ve polimorfik lokusların oranı hesaplanarak ölçülebilir. Çoklu allel gösteren sistemlerde gen çeşitliliği ya da diğer adıyla “beklenen heterozigotluk (expected heterozygosity)” aşağıdaki formül yardımıyla hesaplanmaktadır;

$$h = 1 - \sum x_i^2 \quad (3.1)$$

Formüldeki “ x_i ” bir lokustaki (markördeki) i’nci allelin frekansıdır.

Çalışmada üzerinde çalışılan 47 popülasyonun ortalama heterozigotluk değerleri çoklu allel gösteren sistemlerde kullanılan yukarıdaki formüle göre hesaplanmıştır.

3.2.5.2. Polimorfizm Bilgi İçeriği

Bir lokusun polimorfik olarak değerlendirilebilmesi için en az iki alleli bulunmalı ve en çok bulunan allelinin frekansı 0,99 veya altında olmalıdır (Nei, 1975). Polimorfizm düzeyi iki farklı ölçüm yardımıyla belirlenmektedir. Bunlardan birincisi yukarıda değinilen heterozigotluk, diğeri ise polimorfik bilgi içeriğidir. Polimorfizm Bilgi İçeriği (Polymorphism Information Content-PIC) bir markörün kullanışlılığını ve bilgi vericilik düzeyini ölçen bir değer olup belirlenen allel sayısına ve bu allellerin frekans dağılımına bağlı bir yapı göstermektedir (Botstein ve ark., 1980). Tez çalışmasında kullanılan her bir marköre (lokusa) ait PIC değeri aşağıdaki formül yardımıyla MS Excel® programı kullanılarak hesaplanmıştır;

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2 \quad (3.2)$$

Bu formülde;

PIC_i: i'nci markörün polimorfik bilgi içeriği değerini,

P_{ij}: i'nci markör için j'inci allele ait frekansı göstermektedir.

3.2.5.3. Genetik Benzerlik ve Mesafe

Genetik mesafe, genotip frekansının bir fonksiyonu olarak, popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin bir ölçütü olarak tanımlanmaktadır (Hoelzel ve Dover, 1991; Nei (1972)'den). Ayrıca genetik mesafe, genetik farklılıkların incelenmesinde standardize edilmiş bir değerlendirme skalası sağlayan istatistikî bir ölçüdür. İki genotip arasındaki genetik benzerlik (*I*);

$$I = \frac{2N_{xy}}{N_x + N_y} \quad (3.3)$$

formülü ile hesaplanır (Nei ve Li, 1979). Burada N_{xy} ; iki genotipin (x ve y) paylaştığı bantları; N_x ve N_y ise x ve y'nin bireysel bant sayılarını göstermektedir.

Nei ve Li (1979), genetik uzaklığın, genetik benzerlik ölçüsünün eksi doğal logaritması olduğunu bildirmiştir.

$$D = -\ln(I) \quad (3.4)$$

D; Genetik uzaklık (Genetic distance) anlamındadır.

Çalışılan 47 popülasyonun kullanılan 28 mikrosatelit markörü bakımından birbirleri ile olan genetik benzerlik ve mesafe durumları yukarıdaki formülleri esas alan modüller kullanılarak NTSYSp v2.11 (Rhoif, 2000) programı yardımıyla hesaplanmıştır.

3.2.5.4. Kümeleme (Clustering) ve Filogenetik Ağaç (Phylogenetic Tree)

Backeljau ve ark. (1996)'na göre genetik benzerlik ve mesafe matrisleri için kümelemede (clustering) ve buna dayalı filogenetik ağaç (phylogenetic tree) oluşturmada UPGMA (Unweighted pair-group method using arithmetic averages-Aritmetik ortalamaları kullanan tartısız eş-grup yöntemi) ve NJ (Neighbor-joining-Komşu katılımı) en yaygın kullanılan yöntemlerdir.

UPGMA yöntemi OTU'lar (operational taxonomic units-üzerinde çalışılan taksonomik üniteler) arasındaki benzerlik algoritmasına dayanan bir gruplama yöntemidir. Genetik benzerliği en yakın olan iki OTU'dan başlayıp adım adım en uzak genetik benzerlik gösterene kadar tüm üniteleri bu birleşik topolojiye dahil etmektedir. Yöntem, filogenetik ağacın dalları boyunca mutasyon hızının sabit olduğunu kabul eder ve dalların köklerini esas alarak kümeleme yapmaktadır.

NJ yöntemi genetik mesafe matrisinden faydalanarak kümelemeyi gerçekleştiren bir yöntemdir. Filogenetik ağacın dalları boyunca mutasyon hızının farklı olabileceğini kabul eder. Bu yüzden UPGMA'dan farklı olarak yalnız gruplar arasında değil her bir taksonomik ünite arasındaki mesafe de hesaplanabilmektedir.

NTSYSp v2.11 programı yardımıyla çalışılan 47 popülasyonun UPGMA ve Neighbor-Joining yöntemlerine göre kümeleme analizleri yapılmış ve dendogramları çıkarılmıştır.

3.2.5.5. Temel Koordinatlar Analizi (PCoA)

Metrik çok boyutlu ölçekleme (Metric Multidimensional scaling-MDS), Klasik ölçekleme (Classic scaling) ya da Torgerson ölçeklemesi olarak da ifade edilebilen Temel Koordinatlar Analizi (Principle Coordinate Analysis-PCoA), verilerin benzerlik ve farklılıklarının araştırılması ve görselleştirilmesi amacıyla kullanılan bir yöntemdir (Anonim, 2009a; Anderson ve Willis, 2003). Temel Bileşenler Analizi (Principal Component Analysis-PCA) ile karşılaştırılabilmektedir. Temel Bileşenler Analizinde üniteler ve değişkenlerin her ikisi hakkında da bilgi sahibi olunabilmektedir. Ancak Temel Koordinatlar Analizinde bunlardan yalnız biri değerlendirilebilmekte olup, bir dizi gözlem arasındaki farklılık matrisindeki verinin boyutu indirgenmiş olarak grafik görünümünü ortaya çıkarılmaktadır (Elmaci ve Berry, 1999). Yani matrisi oluşturan bileşenler düşük boyutlu uzayda (örneğin üç boyutlu grafikler üzerinde) yerleştirilmektedir. Temel Koordinatlar Analizi, tüm matris boyunca ana eksenini bulmayı amaçlar. Ordinasyon eksenlerinin çizilmesinde temel kriter Öklit geometrisi temelinde hesaplanan uzaklıkların tam boyutlu uzayda orijinal uzaklığa eşit olduğudur (Anderson ve Willis, 2003). Bu bir çeşit karakteristik kök (ya da özdeğer, eigen value) analizidir. Özdeğerler, “saklı kökler- latent roots ” olarak da isimlendirilirler (Gower, 1966). Her özdeğerin örnek uzayda vektör olarak ifadesi vardır öncelikle bütün özdeğerler (eigen values) için özdeğer vektörü (eigen vector) serileri hesaplanır. Dolayısıyla ilk matristeki satırlar kadar özdeğer ve özdeğer vektörü oluşturulmaktadır. Bu vektörler yardımıyla ilk uzaklık matrisindeki ana eksenler görünür hale getirilebilir. Sonuçta elde edilen veri matrisinin transformasyonudur. Bu çevrim noktaların yerleşimlerini, bir birlerine göre durumlarını değiştirmez sadece koordinat sistemine uygun hale dönüştürür. Temel Koordinatlar Analizi yönteminden yararlanılarak bireyler ya da gruplar arasındaki farklılıklar görselleştirilmiş olur.

Popülasyonlara ait genetik benzerlik matrisi kullanılarak NTSYSpc programının ilgili modülü yardımıyla Temel Koordinatlar Analizi yapılmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Popülasyonlara Ait Genetik Parametreler

Yerel tavuk genotiplerini temsilen 45 köyden elde edilen yerel genotip havuzları ile 1 adet ticari yumurtacı ve 1 adet etlik piliç popülasyonundan oluşturulan toplam 47 genotip havuzunun 28 mikrosatelit markör kullanılarak genetik profili çıkarılmıştır. Tüm popülasyonlarda en çok allel gösteren mikrosatelit lokusu 28 allel ile LEI0234, en az allel gösteren lokus ise 6 allel ile LEI0192 bulunmuştur. Bu lokusların aynı zamanda en yüksek ve en düşük polimorfizm bilgi içeriği değerine sahip olan markör lokusları olduğu tespit edilmiştir. LEI0234 markörü için PIC değeri 0,94; LEI0192 markörü için PIC değeri 0,72 olarak hesaplanmıştır. Kullanılan lokusların ortalama PIC değeri $0,86 \pm 0,06$ olarak bulunmuştur. Çalışılan 28 mikrosatelit lokusundan popülasyonların tümünde toplam 363 allel belirlenmiş, bunların da 60'ından yalnız bir tane bulunduğu, yani yer aldığı popülasyona özgün olduğu (private allel) tespit edilmiştir. Tüm popülasyonlarda lokus başına ortalama allel sayısı $12,96 \pm 4,97$ ve popülasyon başına, her bir lokusta elde edilen ortalama allel sayısı da $2,91 \pm 0,19$ olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.1'de çalışmada kullanılan mikrosatelit lokusların adı, konumu, baz çifti olarak ortalama allel büyüklükleri, toplam ve özel allel sayıları ile markörlere ait PIC değerleri verilmiştir.

Yapılan Ki-kare analizine göre markörlere ait PIC değerleri arasında beklenen ve gözlenen değerler açısından farklılık önemli bulunmamıştır ($P > 0,05$).

Çizelge 4.1. Çalışmada kullanılan lokusların; adı, konumu, toplam-özel allel sayıları, bazçifti (bç) cinsinden allel aralığı ve ortalama allel büyüklükleri ile PIC değerleri

Lokus adı	Konum*		Allel sayısı		Allel büyüklükleri (bç)		PIC değeri
	Kr.**	Harita Bölgesi	Toplam	Özel	Allel aralığı	Ortalama	
ADL0112	10	19	13	3	120-144	130	0,89
ADL0268	1	288	9	1	98-116	104	0,87
ADL0278	8	94	15	2	102-130	116	0,92
LEI0094	4	153	15	4	235-269	255	0,90
LEI0166	3	300	16	3	360-394	378	0,90
LEI0192	6	114	6	1	342-362	352	0,72
LEI0234	2	50	28	2	244-380	320	0,94
MCW0014	6	50	9	2	178-200	192	0,81
MCW0016	3	247	18	1	134-178	156	0,92
MCW0034	2	233	16	2	212-242	228	0,92
MCW0037	3	317	16	7	144-178	156	0,90
MCW0067	10	59	10	1	172-190	181	0,85
MCW0069	26	47	16	3	144-182	159	0,91
MCW0078	5	93	9	3	133-149	142	0,73
MCW0080	15	49	16	3	280-320	298	0,92
MCW0081	5	151	17	-	110-143	127	0,93
MCW0098	4	217	10	1	285-303	293	0,87
MCW0103	3	201	9	2	268-286	278	0,84
MCW0104	6	50	20	5	186-232	204	0,92
MCW0111	1	118	10	-	96-114	104	0,80
MCW0123	14	45	9	2	76-94	88	0,81
MCW0183	7	86	10	2	290-320	298	0,78
MCW0206	2	104	11	1	225-245	235	0,88
MCW0216	13	47	7	1	143-157	147	0,80
MCW0222	3	85	8	1	218-234	226	0,81
MCW0248	1	19	9	2	201-221	209	0,84
MCW0295	4	75	11	1	86-108	94	0,87
MCW0330	17	41	20	4	260-302	278	0,93
Ortalama			12,96±4,97	2,31±1,46	76-394	205±83	0,86±0,06

* Anonim 2009b ve Hillel ve ark., 2007'den alınmıştır.

** Kromozom

4.2. Popülasyonlar Arası Genetik Analizler

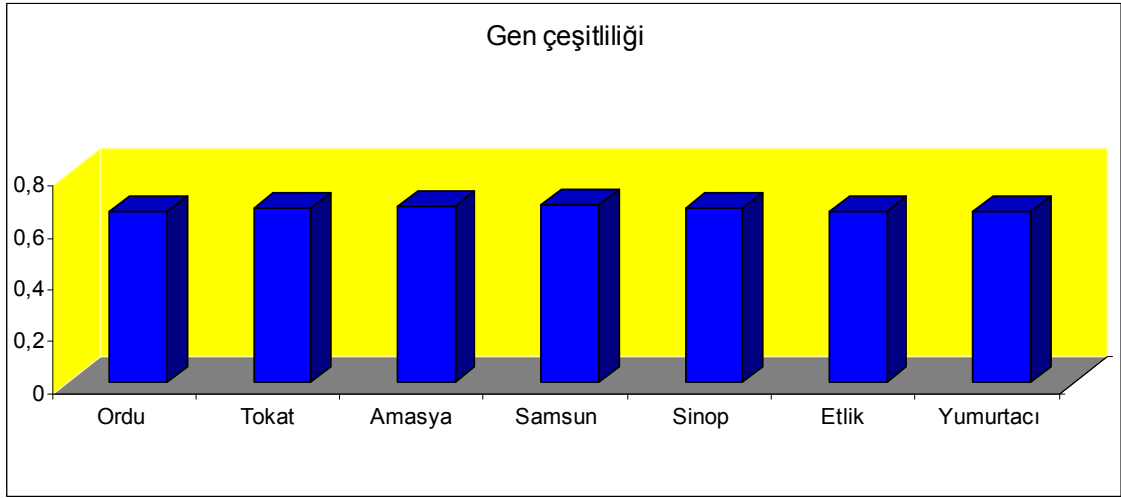
4.2.1. Gen Çeşitliliği (Beklenen Heterozigotluk-Expected Heterozygosity (h))

Tüm popülasyonların çalışmada kullanılan mikrosatelit markörler bakımından gen çeşitliliği (h) düzeyleri, Formül 3.1'deki eşitliğe göre hesaplanmıştır. Elde edilen değerler Çizelge 4.2' de verilmiştir.

Çizelge 4.2. Popülasyonların kullanılan 28 mikrosatelit markörü bakımından gen çeşitliliği düzeyleri

Popülasyon	Gen çeşitliliği (h)	Popülasyon	Gen çeşitliliği (h)
ORUY	0,703	SMAA	0,687
ORUB	0,663	SMAU	0,638
ORUF	0,670	SMAG	0,715
ORKK	0,706	SMVBA	0,687
ORKO	0,626	SMVG	0,648
ORKY	0,544	SMVBO	0,756
ORKBY	0,685	SMBB	0,762
ORKBK	0,654	SMBK	0,636
ORKBH	0,702	SMBT	0,675
Ordu ili ortalama	0,661±0,051	Samsun ili ortalama	0,689±0,047
TKEYY	0,699	SNGM	0,711
TKEKK	0,693	SNGYM	0,648
TKES	0,675	SNGYK	0,666
TKNS	0,664	SNAA	0,691
TKNI	0,617	SNAY	0,770
TKNH	0,628	SNAB	0,626
TKTA	0,696	SNBS	0,701
TKTO	0,695	SNBB	0,662
TKTU	0,688	SNBO	0,594
Tokat ili ortalama	0,673±0,031	Sinop ili ortalama	0,674±0,051
AMGK	0,655	Etlik	0,658
AMGP	0,698	Yumurtacı	0,661
AMGD	0,676	Tüm pop. ortalaması	0,675±0,040
AMSA	0,686		
AMSS	0,701		
AMSY	0,653		
AMTI	0,681		
AMTA	0,652		
AMTY	0,701		
Amasya ili ortalama	0,678±0,021		

En yüksek genetik çeşitlilik oranına sahip olan popülasyonun SNAY (0,770), en düşük gen çeşitliliği gösteren popülasyonun ise ORKY popülasyonu olduğu belirlenmiştir (0,544). Etlik tavuk popülasyonunun (EP) gen çeşitliliği oranının 0,651 ve Yumurtacı tavuk popülasyonunun (YP) ise 0,661 olduğu bulunmuştur. Yapılan Ki-kare analizine göre gen çeşitliliği oranları bakımından tüm popülasyonlar arasında fark önemli bulunmamıştır ($P>0,05$). İllere göre popülasyonların gen çeşitliliği ortalaması ile Etlik ve Yumurtacı popülasyonlara ait gen çeşitliliği düzeylerinin grafiği Şekil 4.1’de verilmiştir.



Şekil 4.1. İllere göre yerel popülasyonların gen çeşitliliği ortalamaları ile ticari popülasyonların gen çeşitliliği düzeyleri

4.2.2. Genetik Benzerlik

Popülasyonların kullanılan markörlere göre birbirleri ile olan genetik benzerlik durumları Formül 3.3'deki eşitliğe göre hesaplanmıştır. Elde edilen benzerlik matrisi Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi

Genotipler	ORUY	ORUB	ORUF	ORKK	ORKO	ORKY	ORKBY	ORKBK	ORKBH
ORUY	1								
ORUB	0,438	1							
ORUF	0,338	0,447	1						
ORKK	0,314	0,373	0,411	1					
ORKO	0,274	0,308	0,316	0,480	1				
ORKY	0,260	0,220	0,250	0,329	0,415	1			
ORKBY	0,139	0,132	0,135	0,247	0,316	0,250	1		
ORKBK	0,141	0,083	0,171	0,145	0,139	0,079	0,225	1	
ORKBH	0,147	0,219	0,366	0,286	0,247	0,260	0,310	0,358	1
TKEYY	0,111	0,184	0,162	0,192	0,342	0,250	0,297	0,282	0,254
TKEKK	0,119	0,082	0,057	0,145	0,192	0,160	0,257	0,156	0,182
TKES	0,113	0,184	0,081	0,192	0,237	0,275	0,243	0,143	0,225
TKNS	0,087	0,054	0,083	0,113	0,189	0,179	0,167	0,147	0,145
TKNI	0,108	0,127	0,104	0,079	0,203	0,096	0,234	0,110	0,162
TKNH	0,113	0,184	0,189	0,164	0,237	0,200	0,189	0,086	0,169
TKTA	0,145	0,027	0,139	0,113	0,189	0,077	0,139	0,324	0,174
TKTO	0,174	0,054	0,167	0,113	0,162	0,103	0,167	0,147	0,116
TKTU	0,229	0,187	0,137	0,167	0,240	0,127	0,110	0,203	0,200
AMGK	0,141	0,158	0,135	0,164	0,105	0,175	0,081	0,057	0,085
AMGP	0,121	0,113	0,058	0,059	0,056	0,080	0,087	0,123	0,091
AMGD	0,057	0,133	0,082	0,054	0,107	0,076	0,082	0,145	0,086
AMSA	0,145	0,108	0,083	0,028	0,081	0,103	0,028	0,147	0,058
AMSS	0,114	0,080	0,055	0,028	0,160	0,177	0,055	0,116	0,086
AMSY	0,111	0,026	0,053	-	0,026	0,099	0,027	0,114	0,083
AMTI	-	0,027	0,027	-	0,053	0,101	0,082	0,118	0,114
AMTA	0,057	-	0,027	0,028	0,080	0,152	0,137	0,087	0,571
AMTY	0,087	0,054	0,083	0,056	0,081	0,103	0,056	0,118	0,290
SMAA	0,029	0,053	-	0,028	0,027	0,101	0,055	0,029	-
SMAU	0,139	0,130	0,533	0,135	0,156	0,074	0,053	0,056	0,083
SMAG	0,119	0,139	0,087	0,113	0,056	0,132	0,029	0,030	0,119
SMVBA	0,086	0,053	-	0,083	0,107	0,127	0,137	0,087	0,086
SMVG	0,057	-	0,055	-	0,027	0,051	0,055	0,088	0,063
SMVBO	0,063	-	0,090	0,029	0,058	0,055	0,060	0,095	0,097
SMBB	0,095	0,060	0,062	0,061	0,060	0,085	0,031	0,129	0,171
SMBK	0,057	0,107	0,082	0,056	0,080	0,177	0,082	0,145	0,059
SMBT	0,060	0,083	0,057	0,056	0,137	0,078	0,113	0,061	0,121
SNGM	0,215	0,113	0,087	0,058	0,225	0,133	0,174	0,156	0,141
SNGYM	0,225	0,079	0,054	0,137	0,158	0,150	0,108	0,200	0,200
SNGYK	0,143	0,133	0,164	0,135	0,213	0,177	0,137	0,290	0,058
SNAA	0,116	0,054	0,083	0,056	0,081	0,077	0,056	0,090	-
SNAY	0,357	-	-	0,069	0,167	0,127	0,102	0,036	0,086
SNAB	0,086	0,053	0,110	0,056	0,106	0,076	0,055	0,058	0,058
SNBS	0,115	0,081	0,083	0,056	-	0,051	0,056	0,029	0,137
SNBB	0,110	0,103	0,026	0,080	0,051	0,098	0,132	0,111	0,135
SNBO	0,135	0,152	0,078	0,026	0,101	0,217	0,103	0,055	0,028
EP	0,167	0,078	0,053	-	0,026	0,123	-	0,028	0,086
YP	0,143	0,053	0,082	-	0,027	0,051	0,027	0,087	

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi (Devamı)

Genotipler	TKEYY	TKEKK	TKES	TKNS	TKNI	TKNH	TKTA	TKTO	TKTU
TKEYY	1								
TKEKK	0,319	1							
TKES	0,324	0,343	1						
TKNS	0,167	0,353	0,306	1					
TKNI	0,286	0,361	0,260	0,347	1				
TKNH	0,216	0,169	0,189	0,194	0,338	1			
TKTA	0,194	0,116	0,167	0,171	0,213	0,194	1		
TKTO	0,139	0,118	0,083	0,257	0,240	0,278	0,371	1	
TKTU	0,274	0,232	0,164	0,254	0,289	0,192	0,310	0,254	1
AMGK	0,135	0,257	0,243	0,167	0,156	0,081	0,222	0,167	0,356
AMGP	0,087	0,212	0,116	0,087	0,083	0,087	0,119	0,119	0,176
AMGD	0,137	0,143	0,110	0,197	0,184	0,137	0,113	0,113	0,222
AMSA	0,083	0,116	0,111	0,086	0,160	0,222	0,143	0,200	0,085
AMSS	0,137	0,145	0,192	0,056	0,105	0,082	0,085	0,056	-
AMSY	0,053	0,111	0,133	0,082	0,103	0,027	0,082	0,082	0,054
AMTI	0,082	0,116	0,082	0,082	0,079	0,027	0,056	0,056	0,111
AMTA	0,055	0,088	0,082	0,085	0,132	0,027	0,085	0,085	0,056
AMTY	0,028	0,087	0,083	0,086	0,053	0,111	0,114	0,057	0,085
SMAA	0,055	0,114	0,110	0,225	0,132	0,055	0,085	0,113	0,167
SMAU	0,080	0,194	0,133	0,082	0,205	0,160	-	0,082	0,108
SMAG	-	0,031	0,057	-	0,082	0,174	0,059	0,029	0,087
SMVBA	0,110	0,174	0,137	0,141	0,158	0,110	0,028	0,113	0,083
SMVG	0,082	0,058	0,082	0,085	0,158	0,137	0,085	0,056	0,083
SMVBO	0,060	0,188	0,119	0,119	0,114	0,030	0,062	0,031	0,151
SMBB	0,185	0,167	0,123	0,127	0,029	0,062	0,063	0,032	0,031
SMBK	0,192	0,114	0,055	0,085	0,053	0,110	0,169	0,141	0,167
SMBT	0,143	0,149	0,057	0,176	0,192	0,086	0,144	0,176	0,229
SNGM	0,203	0,246	0,203	0,121	0,167	0,116	0,090	0,060	0,147
SNGYM	0,216	0,200	0,135	0,056	0,130	0,108	0,111	0,139	0,164
SNGYK	0,110	0,116	0,110	0,028	0,079	0,137	0,113	0,141	0,194
SNAA	0,056	0,059	0,083	0,086	0,133	0,167	0,114	0,114	0,113
SNAY	0,172	0,214	0,103	0,103	0,131	0,105	0,105	0,105	0,140
SNAB	0,082	0,290	0,055	0,056	0,105	0,164	0,085	0,113	0,111
SNBS	0,028	0,087	0,056	0,029	0,107	0,083	0,057	0,171	0,113
SNBB	0,053	0,113	0,105	0,027	0,152	0,105	0,054	0,108	0,053
SNBO	0,078	0,111	0,156	0,107	0,125	0,078	0,053	0,080	0,053
EP	0,080	0,085	0,133	0,082	0,077	0,107	0,137	0,164	0,054
YP	0,027	0,059	0,082	-	0,079	0,055	0,113	0,113	0,056

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi (Devamı)

Genotipler	AMGK	AMGP	AMGD	AMSA	AMSS	AMSY	AMTI	AMTA	AMTY
AMGK	1								
AMGP	0,261	1							
AMGD	0,137	0,235	1						
AMSA	0,056	0,179	0,423	1					
AMSS	0,137	0,118	0,222	0,310	1				
AMSY	0,133	0,286	0,270	0,274	0,460	1			
AMTI	0,137	0,229	0,167	0,225	0,250	0,324	1		
AMTA	0,192	0,176	0,222	0,169	0,278	0,351	0,417	1	
AMTY	0,139	0,090	0,310	0,200	0,225	0,329	0,338	0,423	1
SMAA	0,219	0,147	0,250	0,169	0,278	0,270	0,222	0,389	0,366
SMAU	0,080	0,200	0,243	0,137	0,297	0,289	0,189	0,189	0,247
SMAG	0,114	0,188	0,171	0,176	0,203	0,171	0,203	0,174	0,235
SMVBA	0,055	0,235	0,194	0,197	0,222	0,189	0,305	0,333	0,254
SMVG	0,164	0,235	0,135	0,141	0,111	0,189	0,277	0,222	0,197
SMVBO	0,179	0,125	0,176	0,123	0,152	0,235	0,265	0,212	0,277
SMBB	-	0,167	0,091	0,159	0,313	0,152	0,219	0,188	0,190
SMBK	0,055	0,090	0,083	0,282	0,139	0,135	0,139	0,111	0,141
SMBT	0,254	0,242	0,282	0,261	0,200	0,282	0,174	0,203	0,147
SNGM	0,203	0,219	0,200	0,239	0,294	0,171	0,147	0,118	0,060
SNGYM	0,189	0,261	0,137	0,167	0,247	0,213	0,274	0,164	0,139
SNGYK	0,082	0,088	0,108	0,225	0,250	0,216	0,194	0,194	0,141
SNAA	0,056	0,119	0,225	0,200	0,197	0,164	0,113	0,056	0,171
SNAY	0,136	0,036	0,110	0,071	0,024	0,138	0,102	0,241	0,107
SNAB	0,055	0,029	0,139	0,113	0,139	0,135	0,139	0,139	0,056
SNBS	0,056	0,179	0,141	0,171	0,085	0,137	0,085	0,141	0,114
SNBB	0,789	0,141	0,107	0,108	0,213	0,208	0,187	0,133	0,162
SNBO	0,104	0,111	0,105	0,133	0,263	0,154	0,079	0,105	0,053
EP	0,160	0,086	0,132	0,164	0,189	0,132	0,135	0,135	0,274
YP	0,055	0,171	0,111	0,141	0,306	0,243	0,216	0,167	0,169

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi (Devamı)

Genotipler	SMAA	SMAU	SMAG	SMVBA	SMVG	SMVBO	SMBB	SMBK	SMBT
SMAA	1								
SMAU	0,378	1							
SMAG	0,319	0,310	1						
SMVBA	0,222	0,324	0,174	1					
SMVG	0,194	0,189	0,286	0,306	1				
SMVBO	0,212	0,206	0,154	0,333	0,412	1			
SMBB	0,188	0,182	0,254	0,188	0,152	0,200	1		
SMBK	0,194	0,162	0,261	0,111	0,167	0,152	0,250	1	
SMBT	0,171	0,167	0,147	0,203	0,278	0,182	0,094	0,257	1
SNGM	0,176	0,143	0,149	0,235	0,114	0,125	0,129	0,179	0,265
SNGYM	0,164	0,453	0,143	0,219	0,219	0,269	0,154	0,192	0,254
SNGYK	0,111	0,324	0,197	0,333	0,135	0,206	0,212	0,282	0,282
SNAA	0,113	0,219	0,324	0,141	0,169	0,123	0,064	0,254	0,232
SNAY	0,105	0,169	0,070	0,175	-	0,111	0,039	0,069	0,070
SNAB	0,083	0,108	0,145	0,111	0,194	0,091	0,121	0,111	0,143
SNBS	0,085	0,164	0,029	0,197	0,085	0,062	0,032	0,141	0,087
SNBB	0,160	0,234	0,139	0,187	0,027	0,290	0,119	0,267	0,083
SNBO	0,105	0,231	0,110	0,132	0,105	0,086	0,147	0,105	0,027
EP	0,135	0,158	0,055	0,135	0,105	0,086	0,118	0,108	0,054
YP	0,111	0,189	0,087	0,222	0,111	0,147	0,188	0,056	0,057

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi (Devamı)

Genotipler	SNGM	SNGYM	SNGYK	SNAA	SNAY	SNAB	SNBS	SNBB	SNBO
SNGM	1								
SNGYM	0,319	1							
SNGYK	0,229	0,356	1						
SNAA	0,269	0,222	0,281	1					
SNAY	0,145	0,102	0,105	0,069	1				
SNAB	0,059	0,082	0,167	0,085	0,203	1			
SNBS	0,061	0,167	0,169	0,143	0,211	0,141	1		
SNBB	0,113	0,158	0,160	0,162	0,237	0,240	0,324	1	
SNBO	0,167	0,156	0,132	0,133	0,267	0,184	0,240	0,329	1
EP	0,028	0,133	0,105	0,137	0,237	0,108	0,247	0,234	0,333
YP	0,059	0,110	0,083	0,056	0,300	0,222	0,197	0,293	0,395

Çizelge 4.3. Popülasyonlar arası genetik benzerlik matrisi (Devamı)

Genotipler	EP	YP
EP	1	
YP	0,459	1

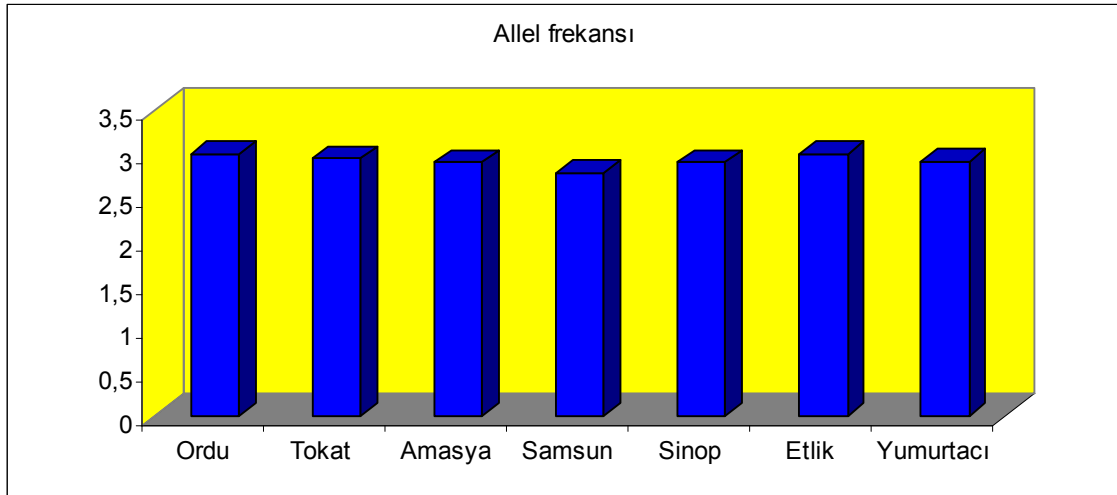
NTSYSpc v2.11 programıyla elde edilen Çizelge 4.2'deki matrise göre genetik benzerlik bakımından birbirine en yakın iki popülasyon; ORKK (Ordu ili Kumru ilçesi Kıran köyü) ve ORKO (Ordu ili Kumru ilçesi Ortaçokdeğirmen köyü) popülasyonlarıdır ($I=0,480$). Ayrıca, ORKK popülasyonu ile ticari popülasyonlar (EP ve EY) arasında, çalışılan lokuslar bakımından genetik benzerlik bulunmadığı belirlenmiştir ($I=0$).

4.3. Popülasyonlara Ait Allel Frekansları

Tüm popülasyonların kullanılan mikrosatelit markörler bakımından allel frekansları Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Yapılan Ki-kare analizine göre popülasyonlar arasında beklenen ve gözlenen allel frekansları bakımından farklılık önemli bulunmamıştır ($P>0,05$).

İllere göre popülasyonların çalışılan 28 lokus bakımından allel frekansları ile ticari popülasyonların allel frekanslarının grafik görünümü Şekil 4.2'de sunulmuştur.



Şekil 4.2. İllere göre yerel popülasyonların allel frekansları ile ticari popülasyonlara ait allel frekansı değerleri

Çizelge 4.4. Popülasyonlara ait ağırlıklı allel frekansları

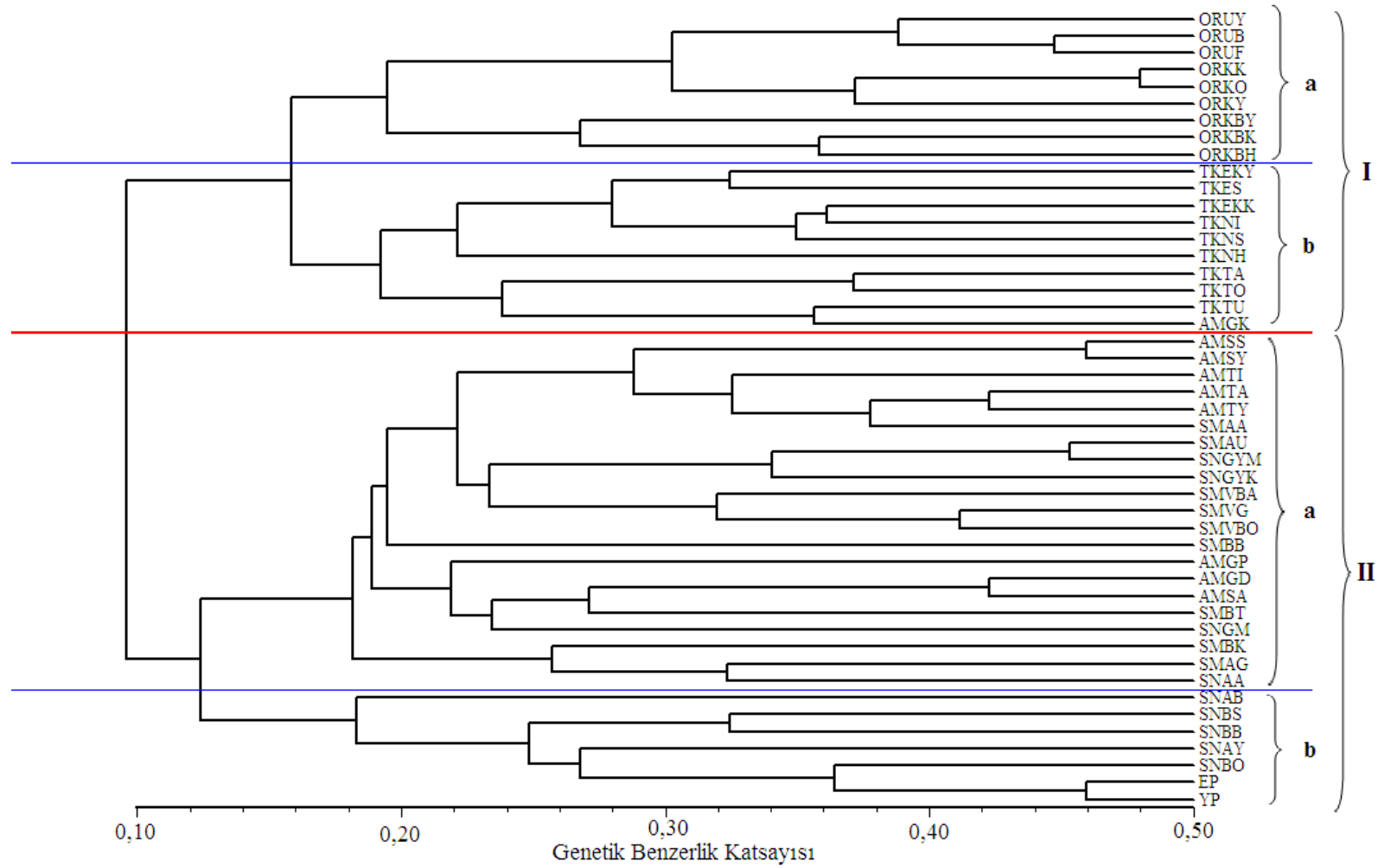
Popülasyon	Allel Frekansı	Popülasyon	Allel frekansı
ORUY	2,89	SMAA	2,86
ORUB	3,07	SMAU	3,01
ORUF	3,03	SMAG	2,65
ORKK	2,86	SMVBA	2,89
ORKO	3,07	SMVG	2,90
ORKY	3,43	SMVBO	2,46
ORKBY	3,00	SMBB	2,43
ORKBK	2,88	SMBK	3,00
ORKBH	2,79	SMBT	2,80
Ordu ili ortalaması	3,00±0,19	Samsun ili ortalaması	2,78±0,22
TKEY	2,95	SNGM	2,66
TKEKK	2,88	SNGYM	2,99
TKES	2,95	SNGYK	2,90
TKNS	2,89	SNAA	2,83
TKNI	3,15	SNAY	2,33
TKNH	3,07	SNAB	3,10
TKTA	2,84	SNBS	2,90
TKTO	2,84	SNBB	3,09
TKTU	2,87	SNBO	3,28
Tokat ili ortalaması	2,94±0,11	Sinop ili	2,90±0,28
AMGK	2,97	Etlik tavuk	2,99
AMGP	2,73	Yumurtacı	2,91
AMGD	2,85	Tüm popülasyonlar ortalaması	2,91±0,19
AMSA	2,84		
AMSS	2,92		
AMSY	3,09		
AMTI	2,84		
AMTA	2,97		
AMTY	2,90		
Amasya ili ortalaması	2,90±0,10		

4.4. Filogenetik Analizler

Popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkilerin saptanması ve sonuçların görsel olarak ifade edilmesi amacıyla UPGMA ve N-J temelli kümeleme analizleri yapılmış, soyağacı topolojileri çıkarılarak dendogramlar oluşturulmuştur.

4.4.1. UPGMA Temelli Soyağacı Topolojisi

Popülasyonların UPGMA yöntemine göre kümeleme analizi yapılmış popülasyonlar arası filogenetik ilişki dendogram şeklinde görsel olarak ifade edilmiştir (Şekil 4.3)



Şekil 4.3. NTSYSpc v2.11 programında UPGMA yöntemi kullanılarak elde edilen filogenetik dendrogram (I ve II; birinci dereceden alt grupları, a ve b; ikinci dereceden alt grupları göstermektedir)

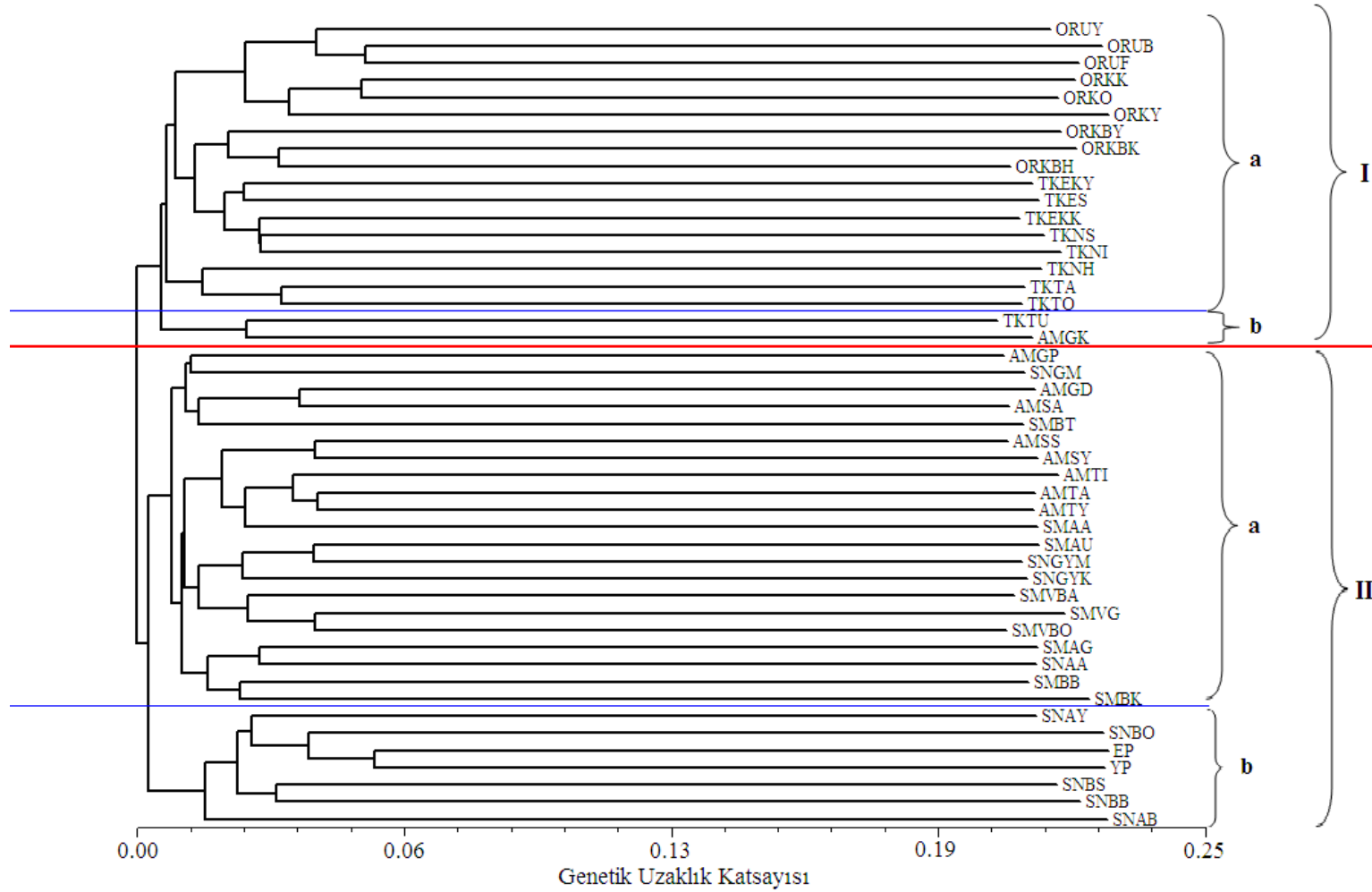
Dendogramda yerel popülasyonların genel olarak coğrafik kökenlerine uygun şekilde gruplandıkları görülmüştür. “I” ile gösterilen birinci dereceden alt grupta Ordu ve Tokat popülasyonlarının tümü ile AMGK popülasyonu yer almış, ticari popülasyonlar, Sinop ve Samsun popülasyonları ile AMGK hariç, diğer Amasya popülasyonlarının bulunduğu “II” ile gösterilen birinci dereceden alt grupta yer almıştır. Ticari genotiplerin oluşturduğu Etlik (EP) ve Yumurtacı (YP) popülasyonlar ikinci dereceden alt grup düzeyinde değerlendirildiğinde yalnızca 5 adet Sinop popülasyonu ile aynı grupta yer almışlardır (II-a). İkinci dereceden alt gruplar bakımından diğer grupta ise AMGK hariç Amasya popülasyonları ve Samsun popülasyonlarının tümü ile 4 adet Sinop popülasyonu bulunmuştur (II-b). Sinop-Gerze popülasyonlarının tümünün ikinci dereceden alt gruplar bakımından ticari popülasyonlardan ayrıldıkları görülmüştür.

“I” ile gösterilen birinci dereceden alt grupta ise Ordu ve Tokat popülasyonları ikinci dereceden iki alt gruba ayrılmışlardır. Ordu popülasyonlarının tümü ikinci derece alt gruplar bakımından aynı grupta (I-a), Tokat popülasyonları ise diğer grupta (I-b) yer almışlardır.

4.4.2. Neighbor-Joining (NJ) Temelli Soyağacı Topolojisi

Popülasyonların kümeleme analizleri Neighbor-joining yöntemine göre yapılmış, popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkiler dendogram şeklinde görsel olarak ortaya konulmuştur (Şekil 4.4).

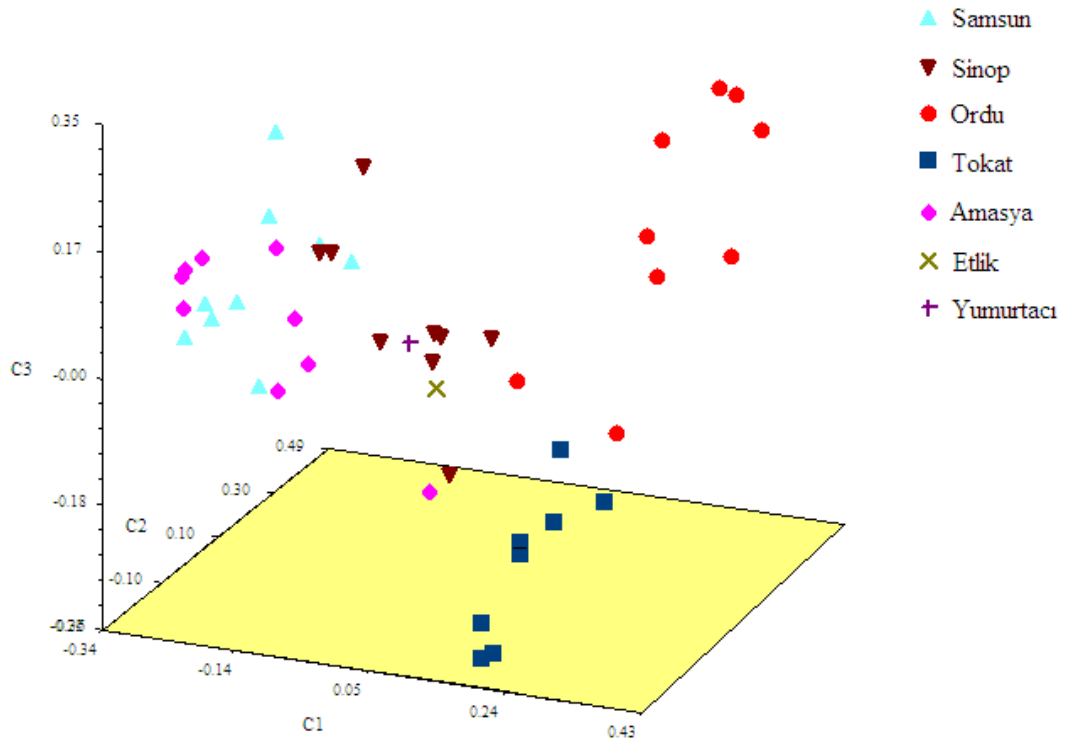
Dendogram incelendiğinde temel olarak UPGMA yöntemiyle elde edilen dağılıma benzer bir topolojinin olduğu görülmüştür. Ticari popülasyonlar birinci dereceden alt gruplar bakımından Samsun, Sinop ve AMGK hariç Amasya popülasyonları ile aynı kümede yer almışlardır. İkinci dereceden alt gruplar bakımından da UPGMA temelli dendogram ile topolojinin benzer olduğu görülmektedir. Ancak diğer birinci derece alt gruptaki (I) kümelenmeler daha farklıdır. Bu grupta Ordu popülasyonlarının tümü ile TKTU hariç Tokat popülasyonlarının tümü aynı ikinci dereceden alt grupta yer almışlardır (I-a). Diğer ikinci dereceden alt grubu (I-b) ise AMGK ve TKTU oluşturmaktadır. Dendogram incelendiğinde bu grupta ikinci dereceden alt kümeler arasındaki farkın oldukça az olduğu görülmektedir.



Şekil 4.4. NTSYSpc v2.11 programında Neighbor-Joining yöntemi kullanılarak elde edilen filogenetik dendrogram (I ve II; birinci dereceden alt grupları, a ve b; ikinci dereceden alt grupları göstermektedir)

4.4.3. Temel Koordinatlar Analizi

Çalışılan popülasyonların birbirleri ile olan genetik mesafelerinin görsel olarak ortaya konulması amacıyla Temel Koordinatlar Analizi yapıldı. Elde edilen grafiğin daha anlaşılır olabilmesi için renklerin ve şekillerin seçiminde popülasyonların orijini göz önüne alınmıştır. Yerel popülasyonların renk ve şekilleri ait oldukları ile göre gruplanmış, Etlik ve Yumurtacı genotip popülasyonları da iki ayrı şekil ve renkte gösterilmiştir (Şekil 4.5).



Şekil 4.5. NTSYSpc v2.11 programı yardımıyla yapılan Temel Koordinatlar Analizi'ne göre çalışılan popülasyonların üç boyutlu grafik ile gösterimi

Elde edilen grafikte ticari popülasyonların özellikle bazı Sinop popülasyonlarıyla nispeten daha yakın kümelandikleri görülmüştür. Yine bu grafikte Ordu ve Tokat genotiplerinin çoğunun ticari popülasyonlardan uzak oldukları da dikkati çekmektedir.

5. TARTIŞMA

Kanatlılarda genetik çeşitlilik çalışmaları özellikle son 10 yılda yoğunluk kazanmıştır. Bu çalışmalarda, özgün bir takım özelliklere sahip yeni tavuk genotiplerinin belirlenmesi ve ortaya çıkarılmasında moleküler markörlerin kullanımı büyük kolaylıklar sağlamıştır. Moleküler yöntemlerin en çok tercih edilenlerinden biri olan mikrosatelit markörler, popülasyon içi ve popülasyonlar arası ilişkiyi en doğru ifade eden moleküler metotların başında gelmektedirler. Avrupa Birliği Altıncı Çerçeve Programı (EU-FP6) kapsamında gerçekleştirilen AVIANDIV projesi ile tavuk genomu için mikrosatelit seti geliştirilmiştir (Anonim 2009b). Genotipler ve popülasyonlar arasındaki moleküler farklılıkları güvenilir bir şekilde değerlendirme imkanı veren bu markör seti sayesinde Asya ve Avrupa Tavuk genotipleri incelenebilmiştir. Ülkemizde ise genel tarama olarak çiftçi elindeki tavuklarımızın genetik çeşitlilikleri konusunda sınırlı sayıda çalışmaya rastlanmış, yapılan çalışmalarda ise kullanılan markör setlerinin aynı olmamasından dolayı karşılaştırma imkanı bulunamamıştır.

Bu çalışmada, AVIANDIV projesinden seçilen 28 mikrosatelitten lokus başına allel sayısı 6 ile 28 arasında değişmiştir. Vanhala ve ark. (1998)'nin yaptıkları çalışmada lokus başına 4-13 allel elde edilmiş, yumurtacı ve etlik hat başına tüm lokuslardan elde edilen ortalama allel sayıları 2,4-5,7 arasında değişirken çalışmamızda tüm popülasyonlarda 2,33-3,43 arasında bulunmuştur. Vanhala ve ark. (1998) beklenen heterozigotluğun (=gen çeşitliliği (h)) 0,378-0,671 arasında değiştiğini bildirmişler, çalışmamızda elde edilen beklenen heterozigotluk ise 0,544-0,770 arasında değişmiştir. Kaiser ve ark. (2000), Amerikan kanatlı genomu kitlerini kullanarak oluşturdukları mikrosatelit setleri ile yaptıkları popülasyon karşılaştırmalarında ortalama allel sayısını 2,8 ve 2,9 olarak bulmuşlardır. Romanov ve Weigend (2001), yaptıkları çalışmada lokus başına allel sayısının 2-21 arasında değiştiğini ortalamanın 11,2 olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmamızda bu oran 12,96 olarak daha yüksek bulunmuştur. Hillel ve ark. (2003) 52 tavuk popülasyonunda yaptıkları çalışmada lokus başına allel sayısının ortalama 3,5 ve beklenen heterozigotluğu ortalama 0,47 bulmuştur. Çalışmamızda tüm popülasyonlarda ortalama beklenen heterozigotluğun 0,67 olduğu bulunmuştur. Bu bakımdan incelenen popülasyonların genetik çeşitlilik yönünden zengin olduğu görülmüştür. Çalışmada etlik ve yumurtacılar gen çeşitliliğinin 0,658 ve 0,661 olduğu

bulunmuş bu değerlerin, Olowofeso ve ark. (2005)'in Haimen tavukları ile yaptığı çalışmaya yakın olduğu görülmüştür (0,64). Yine, Kaya ve Yıldız (2008)'in Gerze ve Denizli ırklarında buldukları beklenen heterozigotluk değerlerinin (0,656 ve 0,475) yerel popülasyonların beklenen heterozigotluk değerlerine yakın olduğu bulunmuştur.

Kullanılan mikrosatelit markörlere ait PIC değerleri 0,72 ile 0,94 arasında değişmiş, ortalama 0,86 olarak bulunmuştur. Botstein ve ark. (1980), PIC değerinin 0,50'nin üzerinde olması durumunda bu markörün bilgi vericilik düzeyinin yüksek olduğunu bildirmiş, bu rakamın 1'e yaklaştıkça bilgi vericilik düzeyinin arttığını ifade etmiştir. Dolayısıyla çalışmada kullanılan markörlerin yüksek düzeyde bilgi verici olduğu değerlendirilmiştir.

Groen ve ark. (1994), 8 mikrosatelit lokusunda ticari broylerlerde ortalama 3,6 allel ve yumurtacılar ortalama 2 allel; Crooijmans ve ark. (1996), 17 lokusta broylerlerde ortalama 4 allel ve yumurtacılar ortalama 2,1 allel; Vanhala ve ark. (1998), 9 mikrosatelit lokusunda hat başına bir markörde ortalama allel sayılarını; Beyaz legornlarda 2,4 ve 3,4, Fin yerli tavuklarında 2,7-4,6, Rhode Island Red'lerde 4,6, broyler hatlarında 5,7; Romanov ve Weigend (2001), 14 mikrosatelit markör kullanarak ortalama $11,2 \pm 2,3$; Zhang ve ark. (2002), 9 mikrosatelit lokusunda ortalama 9,32 allel; Shahbazi ve ark. (2007), 5 mikrosatelit lokusundan ortalama 5,4 allel; Muchadeyi ve ark. (2007), 29 mikrosatelit lokusunda ortalama $9,7 \pm 5,1$ allel elde etmişlerdir. Çalışmamızda lokus başına elde edilen ortalama allel sayısının yüksek olması eldeki genetik materyalin içerdiği çeşitlilik düzeyinin yüksekliğinin bir göstergesi olarak değerlendirilirken, popülasyon başına allel sayısının nispeten düşük olması çalışmada popülasyon olarak tanımlanan ünitelerde (köylerde) akrabalı yetiştiriciliğin yüksek etkisinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Bir çok çalışmada popülasyon olarak tanımlanan üniteler ırklar, varyeteler ya da hatlardan oluşmakta, coğrafik ekotipler ise daha izole bölgeleri temsil etmektedir.

Yapılan tüm çalışmalarda kullanılan markör setlerinin farklı olması, elde edilen allel sayılarının da farklı olmasına neden olmuştur. Ancak, popülasyonları tanımlamada kullanılan lokuslardan elde edilen allel sayısı bulguları, genotipler ve popülasyonların benzerlik/farklılık durumları ile genetik çeşitlilik düzeyleri hakkında benzer düzeyde bilgi vermektedir. Kümeleme ve PCoA analizinden, yerli tavuk popülasyonlarındaki gen çeşitliliği (h), ticari tavuk popülasyonları ile karşılaştırıldığında ORKY popülasyonunda olduğu gibi yıllardır dışarıdan etkilenmemiş akrabalı yetiştirilmiş bir

popülasyon ve SNAY popülasyonundaki gibi çok yüksek düzeyde ticari genotiplerle karıştığı düşünülen popülasyon da allel benzerliklerine göre benzerlik matrisinden ortaya çıkmıştır. Hibrit heterozigot kabul edilen ticari genotipler olan EP ve YP popülasyonları ise bu değerler arasında kalmışlardır. Temel Koordinatlar Analizine (PCoA) göre yapılan değerlendirmede ticari hatlar ve diğer genotipler arası ilişki 3 boyutlu olarak verilmiştir. Ticari hatlara en yakın genotipler de bu bölgede görülmüştür. Bu grafikler kümeleme analizini destekler şekildedir.

Çalışmada kullanılan mikrosatelitler popülasyonları ayırmada (toplanan bölgelere göre gruplaşma oranı) %92'nin üstünde olsa da bazı genotiplerin farklı gruplarda yer aldığı görülmüştür. Bunun sebebinin genotiplerin yer aldığı grupta muhtemelen komşuluk çerçevesinde veya pazar alışverişi içinde genotipik yer değiştirmeden kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu gruplandırmada seçici alleller yardımıyla ticari tipler diğer popülasyonlardan açık olarak ayrılmıştır. Özellikle Ordu ve Tokat popülasyonlarının ticari popülasyonlar ile ilgisi diğerlerine göre düşük görülmüştür. İkinci grupta ise Sinop ilinin Gerze kısmı hariç diğer ilçelerde ticari hatlara genetik olarak benzer genotipler yer almıştır. En yüksek gen çeşitliliği Ayancık popülasyonunda 0,770 olarak tespit edilmiştir.

SONUÇ VE ÖNERİLER

Ülkemiz insanları için çok önemli bir uğraşı biçimi olan köy tavukçuluğu sayesinde özellikle kırsal kesimde yaşayan insanların tavuk eti ve yumurta gibi kaliteli protein kaynakları ile sağlıklı beslenebilmesi mümkün olmaktadır. Ayrıca ailedeki çocukların ve ağır işlerin üstesinden gelemeyecek durumdaki yetişkinlerin sınırlı iş güçlerinden yararlanılması bu sayede mümkün olabilmektedir. Arazi çalışması sırasında köy tavukçuluğunun özellikle ileri yaşlardaki büyüklerimiz için rekreasyon uğraşı niteliğinde olduğu gözlenmiş, örneğin Gerze tavuğu yetiştiren az sayıdaki meraklının da 70’li yaşlar civarında oldukları görülmüştür.

Bizim için köy tavukçuluğunun asıl önemi genetik zenginliğimizin her hangi bir ücret talep edilmeden, masrafsız ve gönüllü olarak korunmasından kaynaklanmaktadır. Kuş gribi örneğinde olduğu gibi, yapılan itlaf çalışmalarının köy tavukçuluğunu ortadan kaldırmaktan çok, eldeki özgün genotiplerin kaybedilmesine yol açtığı düşünülmektedir. Köyde, müstakil bahçeli evlerde yaşayan insanlarımız tavuk etine, yumurtaya para vermekten rahatsızlık duyduklarını sıklıkla ifade etmişlerdir. Zaten kıt kaynaklarla geçinmeye çalışan insanların yumurta ve beyaz et gibi daha önceleri bolca ulaşabildikleri besin maddelerine ayrıca harcama yapmalarının uzun sürecek bir durum olmadığı aşikârdır. Dolayısıyla itlaf ya da benzeri herhangi bir zorlamanın köy tavukçuluğunu tamamen bitirmesinin mümkün olmadığı, ancak mevcut çeşitliliğe zarar verdiği düşünülmektedir. Özellikle yüksek verimli ticari yumurtacıların pazarlardan satın alınarak bunların üretimde kullanılması sürecinin hızlanarak devam ettiği bizzat yetiştiriciler tarafından dile getirilmektedir.

Bu çalışma, ülkemiz büyüklüğü göz önüne alındığında sınırlı bir alanı kapsasa da, bölgede gözlenen fenotipik farklılıklar muhtemel genetik çeşitliliğin potansiyel işaretleri sayılmış ve mevcut genetik çeşitlilik bu konuda en güvenilir moleküler yöntemlerden olan mikrosatelitler ile ortaya konulmaya çalışılmıştır. Bölgedeki yerli tavuklarımızın fenotipik çeşitliliği Ek-B’de verilen resimlerde açıkça görülmektedir.

Çalışma, ülkemizdeki yerel popülasyonların içerdikleri genetik çeşitlilik durumları ile genetik ilişkilerini ifade eden ilk çalışmalardandır. Ancak, çalışmada bireysel verilere dayanan allel izlemesiyle ilgili olarak popülasyonlar arasındaki ilişki araştırılmamıştır. Kapsamlı bir çalışmada her bir örneğin teker teker inceleneceği

ayrıntılı SSR analizlerinin yapılmasına ihtiyaç bulunmaktadır. Bu uygulama, lokal popülasyonları ifade eden DNA havuzlarına giren ticari tiplerin daha hassas değerlendirmesine yardımcı olacaktır. Ek-B’de resimleri gösterilen genotipler içerisinde ticari popülasyonlar ile allel paylaşımı olmayan tavuk popülasyonunun var olduğu tespit edilmiştir. ORKK popülasyonu ticari popülasyonlar ile allel paylaşımı olmayan tek popülasyondur.

Bölgede itlaf çalışmalarının etkisinin karşılaştırılması daha önceki veriler olmadığı için yapılamamıştır. Ancak bölgede hala pratik değeri olabilecek gen kaynaklarının var olduğu görülmüştür. Eldeki mevcut genotiplerin bölgesel olarak genetik profillerinin çıkarılması, ticari genotipler ile olan genetik farklılık/benzerlik durumlarının bilinmesi, bu genotiplerin özgün değerlerinin ortaya konulmasında koruma gerekçelerinin güvenilir moleküler markörler kullanılarak belirlenmesi ileri hedefler için yeni yaklaşım ve fikirlerin oluşmasına imkân sağlayacaktır. Hali hazırda yerli tavuk genotiplerimizin böylesine sınırlı bir alanda bile genetik kaynak olarak oldukça yüksek bir allel çeşitliliği içerdiği bu çalışma ile ortaya konulmuştur. Bu kaynağın daha etkin bir şekilde kullanılabilmesi için konuyla ilgili yeni ve derinlemesine araştırmalara gereksinim vardır.

Yaptığımız çalışmada elde edilen verilerin ve bu süreçte kazanılan deneyimin, tasarlanan yeni projeler için temel teşkil edeceği umulmaktadır.

7. KAYNAKLAR

- Akishononomiya, F., Miyake, T., Takada, M., Shingu, R., Endo, T., Gojobori, T., Kondo, N., Ohno, S., 1996. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 93, 6792–6795.
- Al-Nasser, A., Al-Khalaifa, H., Al-Saffar, A., Khalil, F., Albahouh, M., Ragheb, G., Al-Haddad, A., Mashaly, M., 2007. Overview of chicken taxonomy and domestication. *World's Poultry Science Journal*, Vol. 63, 285-300.
- Anderson, M.J., Willis, T.J., 2003. Canonical Analysis of Principal Coordinates: A Useful Method of Constreined Ordination for Ecology. *Ecology*, 84(2), pp. 511-525.
- Anonim, 2000. World watch list for domestic animal diversity; 3'rd edition. Food and Agriculture Organization of United Nations. October, 2000. ISBN 92-5-104511-9.
- Anonim, 2004. Turkey Country Report on Farm Animal Genetic Resources. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1250e/annexes/CountryReports/Turkey.pdf>, Eriřim tarihi: 10.08.2009.
- Anonim, 2006. QIAGEN, DNeasy® Blood & Tissue Handbook. <http://www1.qiagen.com/literature/render.aspx?id=381&r=6315>, Eriřim Tarihi:10.08.2009.
- Anonim, 2007a. The State of World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, Edited by Barbara Rischkowsky and Dafydd Pilling. Rome.
- Anonim, 2007b. Marker-Assisted Selection: Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish. Edited by Elcio P. Guimarães, John Ruane, Beate D. Scherf, Andrea Sonnino, James D. Dargie, Rome.
- Anonim, 2008a. Sakarya'da Kanatlı Hayvan İtlafi Bařladı. <http://www.cnnturk.com/2008/turkiye/02/05/sakaryada.kanatli.hayvan.itlafi.baslati/425852.0/index.html> Eriřim Tarihi: 10.08.2008.
- Anonim, 2008b. Türkiye'de Kuř Gribine Karřı Hazırlık ve Müdahale için Teknik Yardım Projesi, TR06.AI/SV Kuř Gribi Survey El Kitabı, 2008. <http://www.kusgribi.gov.tr>, Eriřim tarihi: 07.12.2008.
- Anonim, 2009a. Glossary of statistical terms. ISI-International Statistical Institute. <http://isi.cbs.nl/glossary/> Eriřim Tarihi: 20.10.2009.

- Anonim, 2009b. Development of Strategy and Application of Molecular Tools to Assess Biodiversity in Chicken Genetic Resources. The AVIANDIV homepage. <http://aviandiv.tzv.fal.de/> Eriřim tarihi 05.02.2009.
- Anonim, 2009c. Tarım ve Kyışleri Bakanlığı Koruma ve Kontrol Genel Mdrlğ Mevzuatı, <http://www.kkgm.gov.tr/mev/kanun.html>, Eriřim tarihi:16.10.2009.
- Anonim, 2009d. World Health Organization. Avian Influenza. http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/, Eriřim tarihi 20.07.2009.
- Anonim, 2009e. Tarım ve Kyışleri Bakanlığı Koruma ve Kontrol Genel Mdrlğ Kuř gribi bilgilendirme sitesi, <http://www.kusgribi.gov.tr>. Eriřim tarihi: 20.08.2009.
- Backeljau, T., Bruyn, L.D., Wolf, H.D., Jordaens, K., Dongen, S.V., Winnepennick, B., 1996. Multiple UPGMA and Neighbor-joining Trees and the Performance of Some Computer Packages. *Mol. Biol. Evol.* 13(2): 309-313.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W., 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphism. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Breen, G., Sham, P., Li, T., Shaw, D., Collier, D.A., Clair, D.S., 1999. Accuracy and sensitivity of DNA pooling with microsatellite repeats using capillary electrophoresis. *Molecular and Cellular Probes* 13, 359-365.
- Burt, D.W., 2002. Applications of biotechnology in the poultry industry. *Worlds Poult. Sci. J.* 58: 5–13.
- Burt, D., 2005. Chicken genome: Current status and future opportunities. *Genome Res.* 5: 1692-1698
- Chory, J., Pollard, J.D., 1999. Resolution and Recovery of Small DNA Fragments. *Current Protocols in Molecular Biology.* 2.7.1-2.7.8. John Wiley & Sons, Inc., NJ 07030, USA.
- Crawford, R.D., 1990. *Poultry Breeding and Genetics.* Elsevier, Amsterdam, The Netherlands, pp. 1 – 18.
- Crooijmans, R.P., Groen, AF, Van Kampen, A.J., Van der Beek, S., Van der Poel, J.J., Groenen, M.A., 1996. Microsatellite polymorphism in commercial broiler and layer lines estimated using pooled blood samples. *Poultry Science*, Jul;75(7):904-9.

- Dai, G.J., Olowofeso, O., Wang, J.Y., 2006. Genetic Differentiation and Time of Divergence Between Chinese Chicken Populations Inferred from Microsatellite Data. *International Journal of Poultry Science* 5(4):365-369.
- DeYoung, R. W., Honeycutt, R.L., 2005. The molecular toolbox: genetic techniques in wildlife ecology and management. *Journal of Wildlife Management*, 69(4):1362–1384.
- Dundes, A., 1994. *The Cockfight*. The University of Wisconsin Press, Wisconsin, pp. vi – ix, 3– 16.
- Elmaci, N., Berry, R.S., 1999. Principal coordinate analysis on protein model. *Journal of Chemical Physics*, Volume 110, Number 21, pp. 10606-10622.
- Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L., Fedman, M.W., 1995. An Evaluation of Genetic Distances for Use With Microsatellite Loci. *Genetics*, 139: 463-471.
- Gower, J.C., 1966. Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. *Biometrika*, 53, 3 and 4, pp. 325-338.
- Groen, A. F., Crooijmans, R.P.M.A., van Kampen, A.J.A., Van der Beek, S., van der Poel, J. J., Groenen, M.A.M., 1994. Microsatellite polymorphism in commercial broiler and layer lines. *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Vol. 21. Pg: 94–97. University of Guelph, Guelph, ON, Canada.
- Hillel, J., Granevitze, Z., Twito, T., Ben-Avraham, D., Blum, S., Lavi, U., David, L., Feldman, M.W., Cheng, H., Weigend, S., 2007. Molecular markers for assessment of chicken biodiversity. *World's Poultry Science Journal*, Vol. 63, 33-45.
- Hillel, J., Groenen, M.A.M., Tixier-Boichard, M., Korol, A.B., David, L., Kirzhner, V.M., Burke, T., Barre-Dirie, A., Crooijmans, R.P.M.A., Elo, K., Feldman, M.W., Freidlin, P.J., Maki-Tanila, A., Oortwijn, M., Thomson, P., Vignal, A., Wimmers, K., Weigend, S., 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genet. Sel. Evol.* 35 (2003) 533-557.
- Hoelzel, A.R., Dover, G.A., 1991. *Molecular Genetic Ecology*. Oxford University Press, New York, USA.
- Jensen, P., 2005. The chicken genome sequence. *Heredity*, 94, 567–568.

- Jensen, P., 2006. Domestication—From behaviour to genes and back again. *Applied Animal Behaviour Science*. 97, 3–15.
- Jin, L., Macaubas, C., Hallmayer, J., Kimura, A., Mignot, E., 1996. Mutation rate varies among alleles at a microsatellite locus: Phylogenetic evidence. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. Vol. 93, pp. 15285–15288.
- Kaiser, M.G., Yonash, N., Cahaner, A., Lamont, S.J., 2000. Microsatellite Polymorphism Between and Within Broiler Populations. *Poultry Science*, 79: 626-628.
- Kamara, D., Gyenai, K.B., Geng, T., Hammade, H., Smith, E.J., 2007. Microsatellite Marker-Based Genetic Analysis of Relatedness Between Commercial and Heritage Turkeys (*Melleagris gallopavo*). *Poultry Science*, 86: 46-49.
- Kaya, M., Yıldız, M.A., 2008. Genetic Diversity Among Turkish Native Chickens, Denizli and Gerze, Estimated by Microsatellite Markers. *Biochem. Genet.*, 46: 480-491.
- Khatib, H., Darvasi, A., Plotski, Y., Soller, M., 1994. Determining Relative Microsatellite Allele Frequencies in Pooled DNA Samples. *PCR Methods and Applications*, 4:13-18.
- Kim, S.H., Cheng, K.M.T., Ritland, C., Ritland, K., Silversides, G., 2007. Inbreeding in Japanese Quail Estimated by Pedigree and Microsatellite Analyses. *Journal of Heredity*, 98(4):378-381.
- Komiyama, T., Ikeo, K., Gojobori, T., 2004. The evolutionary origin of long-crowing chicken: its evolutionary relationship with fighting cocks disclosed by the mtDNA sequence analysis, *Gene* 333 (2004) 91–99
- Korzun, V. 2003. Molecular markers and their applications in cereals breeding. <http://www.fao.org/Biotech/docs/Korzun.pdf>
- Li, H., Yang, N., Chen, K., Chen, G., Tang, Q., Tu, Y., Yu, Y., Ma, Y., 2006. Study on molecular genetic diversity of native duck breeds in China. *World's Poultry Science Journal*, Vol. 62, 603-611.
- McQueen, H.A., Siriaco, G., Bird, A.P., 1998. Chicken microchromosomes are hyperacetylated, early replicating, and gene rich. *Genome Res*. 8:621–30.
- Meglec, E., Petenian, F., Danchin, E., D'acier, A.C., Rasplus, J.Y., Faure, E., 2004. High similarity between flanking regions of different microsatellites detected

- within each of two species of Lepidoptera: *Parnassius apollo* and *Euphydryas aurinia*. *Molecular Ecology*;13 (1693-1700).
- Mercan, L., Kavlak, R., Duygun, H., M., Okumuş, A., 2004. Genetic Variations in Chickens Reared by The Farmers, *Int. Journal of Biol. and Biotech.*, Vol. 1, No. 1.
- Mignouna, H.D., Fatokun, C.C., Thottappilly, G., 1996. Choice of DNA Marker System. DNA Marker-assisted Improvement of the Stable Crops of Sub Saharan Africa, *Proceedings of the Workshop on DNA Markers at IITA held by the Crop Improvement Division, IITA, 21-22 August, Ibadan, Nigeria.*
- Muchadeyi, F.C., Eding, H., Wollny, C.B.A., Groeneveld, E., Makuza, S.M., Shamseldin, R., Simianer, H., Weigend, S., 2007. Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 38, 332-339.
- Nakamura, A., Kino, K., Minezawa, M., Noda, K., Takahashi, H., 2006. A Method for Discriminating a Japanese Chicken, the Nagoya Breed, Using Microsatellite Markers. *Poultry Science*, 85:2124-2129.
- Navani, N., Jain, P.K., Gupta, S., Sisodia, B.S., Kumar, S., 2002. A set of cattle microsatellite DNA markers for genome analysis of Riverine buffalo (*Bubalus bubalis*), *International Society for Animal Genetics, Animal Genetics*, 33, 149-154.
- Nei, M., 1975. *Molecular Population Genetics and Evolution*. North-Holland Research Monographs, *Frontiers of Biology*. Volume 40. North-Holland Publishing Company, Amsterdam, The Netherlands.
- Nei, M., Li, W.H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Nati. Acad. Sci. USA*. Vol.76, No.10. pp.5269-5273, October, *Genetics*.
- Olowofeso, O., Wang, J.Y., Dai, G.J., Yang, Y., Mekki, D.M., Musa, H.H., 2005. Measurement of Genetic Parameters Within and Between Haimen Chicken Populations Using Microsatellite Markers. *Int. Journal of Poultry Science* 4 (3): 143-148.
- Özdoğan, N., Gürcan, S., 2006. Denizli ve Gerze yerli tavuk ırklarında yumurta verimine ait bazı özellikler. *Lalahan Hay. Arast. Enst. Derg.* 2006, 46 (2) 13–21.

- Pacek, P., Sajantila, A., Syvanen, A.C., 1993. Determination of Allele Frequencies at Loci with Length Polymorphism by Quantitative Analysis of DNA Amplified from Pooled Samples. *PCR Methods and Applications*. 2:313-317.
- Pariset, L., Savarese, M.C., Cappuccio, I., Valentini, A., 2003. Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. *J. Anim. Breed. Genet.* 120 (2003), 425–432, Blackwell Verlag, Berlin. ISSN 0931–2668.
- Passarge, E., 2001. *Color Atlas of Genetics*, Second Edition. Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Germany.
- Pirany, N., Romanov, M.N., Ganpule, S.P., Dewegovda, G., Prasad, D.T., 2007. Microsatellite Analysis of Genetic Diversity in Indian Chicken Populations. *The Journal of Poultry Science*, 44: 19-28.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., Rafalski, A., 1996. Comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding* 2:225-238.
- Price, E.O., 1997. Behavioural genetics and the process of animal domestication. In: Grandin, T. (Ed.), *Genetics and the Behaviour of Domestic Animals*. Academic Press, pp. 31–65.
- Provan, J., Thomas, W. T. B., Forster, B. P., Powell, W., 1999. Copia-SSR: A Simple marker technique which can be used on total genomic DNA. *Genome* 42:363-366.
- Qing-Ping, T., Shuang-Jie, Z., Jun, G., Kuan-Wei, C., Huo-Lin, L., Jian-Dong, S., 2009. Microsatellite DNA Typing for Assessment of Genetic Variability in Taihu Goose: A Major Breed of China. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 8 (11): 2153-2157.
- Reece, R. J., 2004. *Analysis of Genes and Genomes*. John Wiley & Sons Ltd, West Sussex, England.
- Ren, C., Lee, M.K., Yan, B., Ding, K., Cox, B., Romanov, M.N., Price, J.A., Dodgson, J.B., Zhang, H.B., 2003. A BAC-Based Physical Map of the Chicken Genome. *Genome Res.* 2003 13: 2754-2758.
- Rohlf, F.J., 2000. *NTSYSpc Version 2.11 Numeric Taxonomy System*. Exeter Software, NY, USA.

- Robinson, R., 2003. Genetics, Macmillan Reference USA., NY, ISBN 0-02-865608-3 sf:82, 162.
- Romanov, M.N., Weigend, S., 2001. Analysis of Genetic Relationships Between Various Populations of Domestic and Jungle Fowl Using Microsatellite Markers. Poultry Science 80:1057-1063.
- Rosenberg, N.A., Burke, T., Elo, K., Feldman, M.W., Freidlin P.J., Groenen, M.A.M., Hillel, J., Maki-Tanila, A., Tixier-Boichard, M., Vignal, A., Wimmers, K., Weigend, S., 2001. Empirical Evaluation of Genetic Clustering Methods Using Multilocus Genotypes from 20 Chicken Breeds. Genetics 159: 699-713.
- Ruyter-Spira, C., Gu, Z.L., Van Der Poel, J.J., Groenen, M.A.M., 1997. Bulk Segregant Analysis Using Microsatellites: Mapping of Dominant White Locus in the Chicken. Poultry Science 76:386-391.
- Sambrook, J., Russel, D.W., 2001. Molecular cloning: a laboratory manual: Third Edition, New York; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2229 p.
- Schmid, M., Nanda, I., Guttenbach, M., Steinlein, C., Hoehn, H., Scharl, M., Haaf, T., Weigend, S., Fries, R., Buerstedde, J.M., Wimmers, K., Burt, D.W., Smith, J., A'Hara, S., Law, A., Griffin, D.K., Bumstead, N., Kaufman, J., Thomson, P.A., Burke, T., Groenen, M.A.M., Crooijmans, R.P.M.A., Vignal, A., Fillon, V., Morisson, M., Pitel, F., Tixier-Boichard, M., Ladjali-Mohammed, K., Hillel, J., Mäki-Tanila, A., Cheng, H.H., Delany, M.E., Burnside, J., Mizuno, S., 2000. First report on chicken genes and chromosomes 2000. Cytogenetics and Cell Genetics. 90:169–218.
- Selkoe, K.A., Toonen, R.J., 2006. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. Ecology Letters: 9:615-629.
- Shahbazi, S., Mirhosseini, S.Z., Romanov, M.N., 2007. Genetic Diversity in Five Iranian Native Chicken Populations Estimated by Microsatellite Markers. Biochemical Genetics, Vol. 45, Nos. ½, 63-75.
- Smith, E.J., Geng, T., Long, E., Pierson, F.W., Sponenberg, D.P., Larson, C., Gogal, R., 2005. Molecular Analysis of the Relatedness of Five Domesticated Turkey Strains. Biochemical Genetics, Vol.43, Nos. ½, 35-47.
- Tadano, R., Sekino, M., Nishibori, M., Tsudzuki, M., 2007a. Microsatellite Marker Analysis for the Genetic Relationships Among Japanese Long-Tailed Chicken Breeds. Poultry Science 86:460-469.

- Tadano, R., Nishibori, M., Nagasaka, N., Tsudzuki, M., 2007b. Assessing Genetic Diversity and Population Structure for Commercial Chicken Lines Based on Forty Microsatellite Analyses. *Poultry Science* 86:2301-2308.
- Takahashi, H., Nakamura, A., 2007. Genetic Diversity and Differentiation of the Nagoya Breed Inferred from Microsatellite DNA Polymorphisms. *J. Poultry Science*, 44: 135-140.
- Takezaki N., Nei, M., 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389-399.
- Tautz, D., 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*. Volume 17, Number 16:6463-6471.
- Toro, M.A., Fernandez, J., Caballero, A., 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livestock Science*, 120: 174195.
- Toth, G., Gaspari, Z., Burka, J., 2000. Microsatellites in Different Eukaryotic Genomes: Survey and Analysis. *Genome Research*, 10:967-981.
- Türkoğlu, M., Sarıca, M., 2009. *Tavukçuluk Bilimi (Yetiştirme, Besleme, Hastalıklar)*, BEY OFSET MATBAACILIK, Ankara.
- Vanhala, T., Tuiskula-Haavisto, M., Elo, K., Vilkki, J., Maki-Tanila, A., 1998. Evaluation of Genetic Variability and Genetic Distances Between Eight Chicken Lines Using Microsatellite Markers. *Poultry Science*, 77: 783-790
- Weigend, S., Romanov, M.N., 2001. Genetic diversity in chicken resources. *World's Poultry Science Journal*, Vol. 57, 275-285.
- West, B., Zhou, B.X., 1988. Did chickens go North? New evidence for domestication. *J. Archaeol. Sci.* 14, 515–533.
- Wimmers, K., Ponsuksili, S., Hardge, T., Valle-Zarate, A., Mathur, P.K., Horst, P., 2000. Genetic distinctness of African, Asian and South American local chickens. *Animal Genetics*, 31, 159-165.
- Zardoya, R., Vollmer, D.M., Craddock, C., Streelman, J.T., Karl, S., Meyer, A., 1996. Evolutionary conservation of microsatellite flanking regions and their use in resolving the phylogeny of cichlid fishes (Pisces:Perciformes). *Proc. R. Soc. Lond. B* 263; 1589-1598.
- Zeuner, F.E., 1963. *A History of Domesticated Animals*. Harper and Row, New York, pp. 443–455.

- Zhang, X., Leung, F.C., Chan, D.K.O., Yang, G., Wu, C., 2002. Genetic Diversity of Chinese Native Chicken Breeds Based on Protein Polymorphism, Randomly Amplified Polymorphic DNA, and Microsatellite Polymorphism. *Poultry Science* 81:1463-1472.
- Zhou, H., Lamont, S.J., 1999. Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal Genetics*, 30: 256-264.

EK-A. Köy Tavuğu Örneklerinin Alındığı Bölgeye Ait Kod, Şehir, İlçe, Köy, Rakım ve Coğrafi Koordinat Verileri

ÖN KOD ¹	KODU ²	ŞEHİR	İLÇE	KÖY	RAKIM (m)	KOORDİNAT ³
O01	ORUY-01D	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	943	N40°56'11.1" E037°07'05.1"
O02	ORUY-01E	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	943	N40°56'11.1" E037°07'05.1"
O03	ORUY-02E	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	867	N40°55'26.6" E037°11'05.1"
O04	ORUY-02D	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	867	N40°55'26.6" E037°11'05.1"
O05	ORUY-03D	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	861	N40°55'22.0" E037°06'11.0"
O06	ORUY-03E	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	861	N40°55'22.0" E037°06'11.0"
O07	ORUY-04E	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	862	N40°55'20.4" E037°06'11.1"
O08	ORUY-05D	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	858	N40°55'15.2" E037°06'07.8"
O09	ORUY-05E	ORDU	ÜNYE	YENİKENT	858	N40°55'15.2" E037°06'07.8"
O10	ORUB-01D	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	392	N40°58'21.5" E037°11'50.0"
O11	ORUB-01E	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	392	N40°58'21.5" E037°11'50.0"
O12	ORUB-02D	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	392	N40°58'21.5" E037°11'50.0"
O13	ORUB-03D	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	388	N40°57'59.6" E037°11'48.8"
O14	ORUB-03E	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	388	N40°57'59.6" E037°11'48.8"
O15	ORUB-04E	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	356	N40°57'57" E037°11'42.6"
O16	ORUB-04D	ORDU	ÜNYE	BEYLERCE	356	N40°57'57" E037°11'42.6"
O17	ORUF-01D	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	557	N40°57'33.4" E037°12'23.7"
O18	ORUF-01E	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	557	N40°57'33.4" E037°12'23.7"
O19	ORUF-02D	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	523	N40°57'37.1" E037°12'09.7"
O20	ORUF-02E	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	523	N40°57'37.1" E037°12'09.7"
O21	ORUF-03E	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	489	N40°57'28.8" E037°12'20.9"
O22	ORUF-03D	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	489	N40°57'28.8" E037°12'20.9"
O23	ORUF-04D	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	468	N40°57'04.3" E037°12'02.1"
O24	ORUF-04E	ORDU	ÜNYE	FATİH-ÇATAK	468	N40°57'04.3" E037°12'02.1"
O25	ORKK-01D	ORDU	KUMRU	KIRAN	634	N40°54'44.0" E037°15'20.1"

O26	ORKK-01E	ORDU	KUMRU	KIRAN	634	N40°54'44.0" E037°15'20.1"
O27	ORKK-02D	ORDU	KUMRU	KIRAN	634	N40°54'44.0" E037°15'20.1"
O28	ORKK-02E	ORDU	KUMRU	KIRAN	634	N40°54'44.0" E037°15'20.1"
O29	ORKK-03E	ORDU	KUMRU	KIRAN	705	N40°55'10.4" E037°14'59.7"
O30	ORKK-03D	ORDU	KUMRU	KIRAN	705	N40°55'10.4" E037°14'59.7"
O31	ORKO-01E	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	869	N40°55'01.2" E037°14'17.3"
O32	ORKO-01D	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	869	N40°55'01.2" E037°14'17.3"
O33	ORKO-02D	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	864	N40°55'01.2" E037°14'17.3"
O34	ORKO-02E	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	864	N40°55'01.2" E037°14'17.3"
O35	ORKO-03E	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	864	N40°55'01.2" E037°14'17.3"
O36	ORKO-03D	ORDU	KUMRU	ORTAÇOKDEĞ.	864	N40°55'51.4" E037°15'09.3"
O37	ORKY-01D	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	665	N40°55'51.4" E037°15'09.3"
O38	ORKY-01E	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	665	N40°56'00.3" E037°15'20.7"
O39	ORKY-02D	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	681	N40°56'00.3" E037°15'20.7"
O40	ORKY-02E	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	681	N40°56'00.3" E037°15'20.7"
O41	ORKY-03E	ORDU	KUMRU	YENİERGEN	681	N40°46'04.4" E037°56'14.1"
O42	ORKBY-01D	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	1234	N40°46'04.4" E037°56'14.1"
O43	ORKBY-01E	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	1234	N40°45'57.4" E037°57'17.8"
O44	ORKBY-02D	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	1197	N40°45'56.9" E037°57'12.3"
O45	ORKBY-03D	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	1204	N40°45'56.9" E037°57'12.3"
O46	ORKBY-03E	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	1204	N40°46'39.8" E037°54'09.7"
O47	ORKBY-04D	ORDU	KABADÜZ	YOKUŞDİBİ	839	N40°47'59.6" E037°55'11.0"
O48	ORKBK-01D	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	1074	N40°47'59.6" E037°55'11.0"
O49	ORKBK-02E	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	1074	N40°47'56.2" E037°55'09.5"
O50	ORKBK-02D	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	1079	N40°47'51.6" E037°55'08.5"
O51	ORKBK-03E	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	1091	N40°47'51.6" E037°55'08.5"
O52	ORKBK-03D	ORDU	KABADÜZ	KİRAZDERE	1091	N40°48'07.8" E037°54'27.2"
O53	ORKBH-01D	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	999	N40°48'09.1" E037°54'23.7"
O54	ORKBH-02D	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	1029	N40°48'09.1"
O55	ORKBH-02E	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	1029	N40°48'09.1"

						E037°54'23.7"
						N40°48'03.3"
O56	ORKBH-03D	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	657	E037°53'04.5"
						N40°48'03.3"
O57	ORKBH-04E	ORDU	KABADÜZ	HARAMİ	657	E037°53'04.5"
						N40°44'31.7"
T01	TKEKY-01D	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'55.1"
						N40°44'31.7"
T02	TKEKY-01E	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'55.1"
						N40°44'31.7"
T03	TKEKY-02D	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'55.1"
						N40°44'31.7"
T04	TKEKY-02E	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'55.1"
						N40°44'32.1"
T05	TKEKY-03E	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'58.9"
						N40°44'32.1"
T06	TKEKY-03D	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	380	E036°35'58.9"
						N40°44'32.1"
T07	TKEKY-04D	TOKAT	ERBAA	KARAYAKA	379	E036°35'58.9"
						N40°45'35.9"
T08	TKEKK-01D	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	255	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T09	TKEKK-01E	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	255	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T10	TKEKK-02D	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	255	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T11	TKEKK-02E	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	255	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T12	TKEKK-03D	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	264	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T13	TKEKK-03E	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	264	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T14	TKEKK-04D	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	264	E036°31'33.8"
						N40°45'35.9"
T15	TKEKK-04E	TOKAT	ERBAA	KALEKÖY	264	E036°31'33.8"
						N40°43'49.7"
T16	TKES-01E	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	310	E036°37'54.8"
						N40°43'49.7"
T17	TKES-02E	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	310	E036°37'54.8"
						N40°43'49.7"
T18	TKES-02D	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	310	E036°37'54.8"
						N40°43'49.7"
T19	TKES-03D	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	314	E036°37'54.8"
						N40°43'49.7"
T20	TKES-03E	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	314	E036°37'54.8"
						N40°43'43.8"
T21	TKES-04E	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	334	E036°38'17.5"
						N40°43'43.8"
T22	TKES-04D	TOKAT	ERBAA	SALKIMÖREN	334	E036°38'17.5"
						N40°32'51.0"
T23	TKNS-01D	TOKAT	NIKSAR	SULUGÖL	675	E036°59'16.6"
						N40°32'51.0"
T24	TKNS-01E	TOKAT	NIKSAR	SULUGÖL	675	E036°59'16.6"
						N40°33'02.2"
T25	TKNS-02D	TOKAT	NIKSAR	SULUGÖL	725	E036°59'25.6"
						N40°33'02.2"
T26	TKNS-02E	TOKAT	NIKSAR	SULUGÖL	725	E036°59'25.6"
						N40°32'52.3"
T27	TKNS-03D	TOKAT	NIKSAR	SULUGÖL	669	E036°59'22.5"

T28	TKNS-03E	TOKAT	NİKSAR	SULUGÖL	669	N40°32'52.3" E036°59'22.5"
T29	TKNS-04E	TOKAT	NİKSAR	SULUGÖL	671	N40°32'51.2" E036°59'23.2"
T30	TKNI-01D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	573	N40°31'21.7" E037°01'12.4"
T31	TKNI-02D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	567	N40°31'20.9" E037°01'16.6"
T32	TKNI-02E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	567	N40°31'17.8" E037°01'16.6"
T33	TKNI-03E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	550	N40°31'17.8" E037°01'16.7"
T34	TKNI-03D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	550	N40°31'14.0" E037°01'16.7"
T35	TKNI-04D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	552	N40°31'14.0" E037°01'15.9"
T36	TKNI-04E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	552	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T37	TKNI-05E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T38	TKNI-05D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T39	TKNI-06D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T40	TKNI-06E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T41	TKNI-07D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T42	TKNI-08D	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'20.5" E037°01'16.6"
T43	TKNI-08E	TOKAT	NİKSAR	IŞIKLI	564	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T44	TKNH-01D	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T45	TKNH-01E	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T46	TKNH-02D	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T47	TKNH-03E	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T48	TKNH-03D	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T49	TKNH-04D	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°31'11.1" E037°03'42.7"
T50	TKNH-04E	TOKAT	NİKSAR	HANYERİ	770	N40°19'53.9" E036°12'08.2"
T51	TKTA-01D	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	606	N40°19'53.9" E036°12'08.2"
T52	TKTA-01E	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	606	N40°19'53.1" E036°12'10.5"
T53	TKTA-02D	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	615	N40°19'53.1" E036°12'10.5"
T54	TKTA-02E	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	615	N40°19'53.1" E036°12'08.2"
T55	TKTA-03E	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	615	N40°19'54.1" E036°12'13.2"
T56	TKTA-04D	TOKAT	TURHAL	ASARCIK	609	N40°19'57.8"
T57	TKTO-01D	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	617	

						E036°12'43.6"
						N40°19'57.8"
T58	TKTO-01E	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	617	E036°12'43.6"
						N40°20'02.0"
T59	TKTO-02E	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	622	E036°12'48.1"
						N40°20'02.0"
T60	TKTO-02D	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	622	E036°12'48.1"
						N40°20'03.8"
T61	TKTO-03E	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	632	E036°12'51.1"
						N40°20'03.8"
T62	TKTO-03D	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	632	E036°12'51.1"
						N40°19'50.0"
T63	TKTO-04D	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	608	E036°12'24.6"
						N40°19'50.0"
T64	TKTO-04E	TOKAT	TURHAL	ORTAKÖY	608	E036°12'24.6"
						N40°19'37.7"
T65	TKTU-01E	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	582	E036°12'55.1"
						N40°19'37.7"
T66	TKTU-01D	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	582	E036°12'55.1"
						N40°19'37.7"
T67	TKTU-02D	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	595	E036°12'56.0"
						N40°19'37.7"
T68	TKTU-02D	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	595	E036°12'56.0"
						N40°19'39.2"
T69	TKTU-03E	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	587	E036°12'51.3"
						N40°19'19.7"
T70	TKTU-04D	TOKAT	TURHAL	ÜÇGÖZEN	557	E036°12'43.5"
						N40°20'30.0"
A01	AMGK-01D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	598	E035°23'04.1"
						N40°20'30.0"
A02	AMGK-01E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	598	E035°23'04.1"
						N40°20'36.6"
A03	AMGK-02D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	612	E035°22'53.6"
						N40°20'36.6"
A04	AMGK-02E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	612	E035°22'53.6"
						N40°20'36.6"
A05	AMGK-03E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	612	E035°22'53.6"
						N40°20'36.6"
A06	AMGK-03D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	612	E035°22'53.6"
						N40°20'38.3"
A07	AMGK-04E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	614	E035°22'52.5"
						N40°20'38.3"
A08	AMGK-04D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	614	E035°22'52.5"
						N40°20'28.8"
A09	AMGK-05D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	603	E035°23'03.3"
						N40°20'28.8"
A10	AMGK-05E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	603	E035°23'03.3"
						N40°20'28.8"
A11	AMGK-06D	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	603	E035°23'03.3"
						N40°20'28.8"
A12	AMGK-06E	AMASYA	GÖYNÜCEK	KARAŞAR	603	E035°23'03.3"
						N40°21'50.4"
A13	AMGP-01D	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	E035°22'44.7"
						N40°21'50.4"
A14	AMGP-01E	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	E035°22'44.7"
						N40°21'50.4"
A15	AMGP-02D	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	E035°22'44.7"
						N40°21'50.4"
A16	AMGP-02E	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	E035°22'44.7"

A17	AMGP-03D	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	N40°21'50.4" E035°22'44.7"
A18	AMGP-03E	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	808	N40°21'50.4" E035°22'44.7"
A19	AMGP-04D	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	838	N40°21'56.1" E035°22'44.2"
A20	AMGP-04E	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	838	N40°21'56.1" E035°22'44.2"
A21	AMGP-05D	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	838	N40°21'56.1" E035°22'44.2"
A22	AMGP-05E	AMASYA	GÖYNÜCEK	PEMBELİ	838	N40°21'56.1" E035°22'44.2"
A23	AMGD-01D	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	568	N40°21'25.5" E035°25'35.9"
A24	AMGD-01E	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	568	N40°21'25.5" E035°25'35.9"
A25	AMGD-02D	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	568	N40°21'25.5" E035°25'35.9"
A26	AMGD-02E	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	568	N40°21'25.5" E035°25'35.9"
A27	AMGD-03D	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	593	N40°21'30.5" E035°25'32.8"
A28	AMGD-03E	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	593	N40°21'30.5" E035°25'32.8"
A29	AMGD-04D	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	593	N40°21'30.5" E035°25'32.8"
A30	AMGD-04E	AMASYA	GÖYNÜCEK	DAMLAÇİMEN	593	N40°21'30.5" E035°25'32.8"
A31	AMSA-01D	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	800	N40°41'05.2" E035°42'58.0"
A32	AMSA-01E	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	800	N40°41'05.2" E035°42'58.0"
A33	AMSA-02E	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	800	N40°41'05.2" E035°42'58.0"
A34	AMSA-02D	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	800	N40°41'05.2" E035°42'58.0"
A35	AMSA-03E	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	808	N40°41'03.7" E035°42'57.0"
A36	AMSA-03D	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	808	N40°41'03.7" E035°42'57.0"
A37	AMSA-04D	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	805	N40°41'03.9" E035°42'54.1"
A38	AMSA-04E	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	805	N40°41'03.9" E035°42'54.1"
A39	AMSA-05D	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	805	N40°41'03.9" E035°42'54.1"
A40	AMSA-05E	AMASYA	SULUOVA	ALAKADI	805	N40°41'03.9" E035°42'54.1"
A41	AMSS-01E	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2" E035°45'26.1"
A42	AMSS-01D	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2" E035°45'26.1"
A43	AMSS-02D	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2" E035°45'26.1"
A44	AMSS-02E	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2" E035°45'26.1"
A45	AMSS-03D	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2" E035°45'26.1"
A46	AMSS-03E	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	449	N40°43'28.2"

						E035°45'26.1"
						N40°43'21.0"
A47	AMSS-04D	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	455	E035°40'25.9"
						N40°43'21.0"
A48	AMSS-04E	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	455	E035°40'25.9"
						N40°43'21.0"
A49	AMSS-05D	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	455	E035°40'25.9"
						N40°43'21.0"
A50	AMSS-05E	AMASYA	SULUOVA	SAYGILI	455	E035°40'25.9"
						N40°43'41.8"
A51	AMSY-01D	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°43'41.8"
A52	AMSY-01E	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°43'41.8"
A53	AMSY-02E	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°43'41.8"
A54	AMSY-02D	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°43'41.8"
A55	AMSY-03D	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°43'41.8"
A56	AMSY-03E	AMASYA	SULUOVA	YÜZBEYLİ	412	E035°42'06.2"
						N40°44'42.4"
A57	AMTI-01D	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	290	E036°09'02.9"
						N40°44'42.4"
A58	AMTI-02E	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	290	E036°09'02.9"
						N40°44'42.4"
A59	AMTI-02D	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	290	E036°09'02.9"
						N40°44'47.5"
A60	AMTI-03D	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	294	E036°08'58.7"
						N40°44'47.5"
A61	AMTI-03E	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	294	E036°08'58.7"
						N40°44'50.4"
A62	AMTI-04D	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	321	E036°09'04.6"
						N40°44'45.2"
A63	AMTI-05E	AMASYA	TAŞOVA	ILICA	302	E036°09'04.3"
						N40°41'54.4"
A64	AMTA-01E	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	397	E036°11'20.2"
						N40°41'54.4"
A65	AMTA-01D	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	397	E036°11'20.2"
						N40°41'42.5"
A66	AMTA-02D	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°41'42.5"
A67	AMTA-02E	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°41'42.5"
A68	AMTA-03D	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°41'42.5"
A69	AMTA-03E	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°41'42.5"
A70	AMTA-04D	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°41'42.5"
A71	AMTA-04E	AMASYA	TAŞOVA	AKINOĞLU BEL.	403	E036°11'11.7"
						N40°40'49.2"
A72	AMTY-01D	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	466	E036°08'32.6"
						N40°40'49.2"
A73	AMTY-01E	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	466	E036°08'32.6"
						N40°40'49.2"
A74	AMTY-02E	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	466	E036°08'32.6"
						N40°40'49.2"
A75	AMTY-02D	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	466	E036°08'32.6"

A76	AMTY-03D	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	461	N40°40'51.6" E036°08'35.0"
A77	AMTY-03E	AMASYA	TAŞOVA	YAYLASARAY	461	N40°40'51.6" E036°08'35.0"
SN01	SNGM-01E	SİNOP	GERZE	MERKEZ	35	N41°48'12.3" E035°11'47.5"
SN02	SNGM-01D	SİNOP	GERZE	MERKEZ	35	N41°48'12.3" E035°11'47.5"
SN03	SNGM-02E	SİNOP	GERZE	MERKEZ	24	N41°48'22.2" E035°11'48.2"
SN04	SNGM-02D	SİNOP	GERZE	MERKEZ	24	N41°48'22.2" E035°11'48.2"
SN05	SNGM-03D	SİNOP	GERZE	MERKEZ	24	N41°48'22.2" E035°11'48.2"
SN06	SNGYM-01E	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	65	N41°48'38.5" E035°10'43.4"
SN07	SNGYM-01D	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	65	N41°48'38.5" E035°10'43.4"
SN08	SNGYM-02E	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	62	N41°48'39.6" E035°10'40.1"
SN09	SNGYM-02D	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	62	N41°48'39.6" E035°10'40.1"
SN10	SNGYM-03E	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	65	N41°48'33.8" E035°10'38.1"
SN11	SNGYM-03D	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	65	N41°48'33.8" E035°10'38.1"
SN12	SNGYM-04D	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	181	N41°47'52.4" E035°10'16.8"
SN13	SNGYM-04E	SİNOP	GERZE	YENİMAHALLE	181	N41°47'52.4" E035°10'16.8"
SN14	SNGYK-01D	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN15	SNGYK-01E	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN16	SNGYK-02D	SİNOP	GERZE	YAYKIL	44	N41°50'23.7" E035°08'33.8"
SN17	SNGYK-02E	SİNOP	GERZE	YAYKIL	44	N41°50'23.7" E035°08'33.8"
SN18	SNGYK-03D	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN19	SNGYK-03E	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN20	SNGYK-04E	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN21	SNGYK-04D	SİNOP	GERZE	YAYKIL	70	N41°50'25.2" E035°08'36.3"
SN22	SNAA-01D	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN23	SNAA-01E	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN24	SNAA-02E	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN25	SNAA-02D	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN26	SNAA-03D	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	105	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN27	SNAA-03E	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	105	N41°56'20.0" E034°39'42.2"
SN28	SNAA-04D	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	N41°56'20.0"

						E034°39'42.2"
						N41°56'20.0"
SN29	SNAA-04E	SİNOP	AYANCIK	ALİKÖY	90	E034°39'42.2"
						N41°56'20.6"
SN30	SNAY-01D	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	115	E034°40'23.2"
						N41°56'20.6"
SN31	SNAY-01E	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	115	E034°40'23.2"
						N41°56'14.8"
SN32	SNAY-02D	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	146	E034°40'29.6"
						N41°56'14.8"
SN33	SNAY-02E	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	146	E034°40'29.6"
						N41°56'14.8"
SN34	SNAY-03E	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	146	E034°40'29.6"
						N41°56'14.8"
SN35	SNAY-03D	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	146	E034°40'29.6"
						N41°56'14.8"
SN36	SNAY-04D	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	140	E034°40'29.6"
						N41°56'14.8"
SN37	SNAY-04E	SİNOP	AYANCIK	YEŞİLYURT	140	E034°40'29.6"
						N41°56'27.1"
SN38	SNAB-01D	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	24	E034°41'34.5"
						N41°56'27.1"
SN39	SNAB-01E	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	24	E034°41'34.5"
						N41°56'17.5"
SN40	SNAB-02D	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	103	E034°42'04.1"
						N41°56'17.5"
SN41	SNAB-02E	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	103	E034°42'04.1"
						N41°56'21.7"
SN42	SNAB-03D	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	32	E034°41'47.8"
						N41°56'21.7"
SN43	SNAB-03E	SİNOP	AYANCIK	BAHÇELİ	32	E034°41'47.8"
						N41°27'11.0"
SN44	SNBS-01E	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN45	SNBS-01D	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN46	SNBS-02E	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN47	SNBS-02D	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN48	SNBS-03E	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN49	SNBS-03D	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN50	SNBS-04D	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN51	SNBS-05D	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°27'11.0"
SN52	SNBS-05E	SİNOP	BOYABAT	ŞİHLİ	270	E034°50'02.0"
						N41°29'56.3"
SN53	SNBB-01E	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	E034°47'46.7"
						N41°29'56.3"
SN54	SNBB-01D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	E034°47'46.7"
						N41°29'56.3"
SN55	SNBB-02E	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	E034°47'46.7"
						N41°29'56.3"
SN56	SNBB-02D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	E034°47'46.7"
						N41°29'56.3"
SN57	SNBB-03D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	E034°47'46.7"

SN58	SNBB-04D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN59	SNBB-04E	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN60	SNBB-05D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN61	SNBB-05E	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN62	SNBB-06E	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN63	SNBB-06D	SİNOP	BOYABAT	BAĞLICA	283	N41°29'56.3" E034°47'46.7"
SN64	SNBO-01D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN65	SNBO-01E	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN66	SNBO-02E	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN67	SNBO-02D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN68	SNBO-03D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN69	SNBO-03E	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN70	SNBO-04E	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN71	SNBO-04D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN72	SNBO-05E	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN73	SNBO-05D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SN74	SNBO-06D	SİNOP	BOYABAT	OSMAN KÖYÜ	296	N41°30'49.7" E034°45'34.4"
SM01	SMAA-01D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	702	N41°02'28.0" E036°10'34.2"
SM02	SMAA-02E	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	702	N41°02'28.0" E036°10'34.2"
SM03	SMAA-02D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	702	N41°02'28.0" E036°10'34.2"
SM04	SMAA-03D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	693	N41°02'27.6" E036°10'36.0"
SM05	SMAA-03E	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	693	N41°02'27.6" E036°10'36.0"
SM06	SMAA-04D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	671	N41°02'37.2" E036°10'42.9"
SM07	SMAA-04E	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	671	N41°02'37.2" E036°10'42.9"
SM08	SMAA-05D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	670	N41°02'36.9" E036°10'40.8"
SM09	SMAA-05E	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	670	N41°02'36.9" E036°10'40.8"
SM10	SMAA-06D	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	635	N41°02'35.1" E036°10'41.6"
SM11	SMAA-06E	SAMSUN	ASARCIK	AŞURU	635	N41°02'35.1" E036°10'41.6"
SM12	SMAU-01E	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	750	N41°04'09.4" E036°12'50.0"
SM13	SMAU-01D	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	750	N41°04'09.4"

						E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM14	SMAU-02E	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM15	SMAU-02D	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM16	SMAU-03D	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM17	SMAU-03E	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM18	SMAU-04D	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.2"
SM19	SMAU-04E	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	755	E036°12'50.0"
						N41°04'11.3"
SM20	SMAU-05D	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	761	E036°12'55.1"
						N41°04'11.3"
SM21	SMAU-05E	SAMSUN	ASARCIK	ULUKÖY	761	E036°12'55.1"
						N41°01'50.7"
SM22	SMAG-01D	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM23	SMAG-01E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM24	SMAG-02E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM25	SMAG-02D	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM26	SMAG-03E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM27	SMAG-04E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM28	SMAG-05D	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM29	SMAG-06E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM30	SMAG-06D	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM31	SMAG-07D	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°01'50.7"
SM32	SMAG-07E	SAMSUN	ASARCIK	GÖKGÖL	687	E036°16'07.5"
						N41°50'59.7"
SM33	SMVBA-01D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	508	E035°32'47.1"
						N41°50'59.7"
SM34	SMVBA-01E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	508	E035°32'47.1"
						N41°50'59.7"
SM35	SMVBA-02D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	508	E035°32'47.1"
						N41°50'59.7"
SM36	SMVBA-02E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	508	E035°32'47.1"
						N41°06'02.3"
SM37	SMVBA-03E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	496	E035°32'23.3"
						N41°06'02.3"
SM38	SMVBA-03D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	496	E035°32'23.3"
						N41°06'01.6"
SM39	SMVBA-04D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	499	E035°32'53.7"
						N41°06'01.6"
SM40	SMVBA-04E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	499	E035°32'53.7"
						N41°06'01.6"
SM41	SMVBA-05E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	499	E035°32'53.7"
						N41°06'01.6"
SM42	SMVBA-05D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BAHÇEKONAK	499	E035°32'53.7"

SM43	SMVG-01D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM44	SMVG-01E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM45	SMVG-02D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM46	SMVG-03E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM47	SMVG-03D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM48	SMVG-04D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM49	SMVG-04E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	GÜDER	552	N41°05'00.6" E035°34'40.1"
SM50	SMVBO-01E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM51	SMVBO-01D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM52	SMVBO-02D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM53	SMVBO-02E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM54	SMVBO-03D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM55	SMVBO-03E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	578	N41°04'55.2" E035°35'19.9"
SM56	SMVBO-04D	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	586	N41°04'53.8" E035°35'22.8"
SM57	SMVBO-04E	SAMSUN	VEZİRKÖPRÜ	BOĞAZKORU	586	N41°04'53.8" E035°35'22.8"
SM58	SMBB-01D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM59	SMBB-01E	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM60	SMBB-02E	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM61	SMBB-02D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM62	SMBB-03E	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM63	SMBB-03D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM64	SMBB-04D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM65	SMBB-05D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM66	SMBB-06D	SAMSUN	BAFRA	BAKIRPINAR	25	N41°34'28.5" E035°55'42.0"
SM67	SMBK-01D	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6" E035°52'38.0"
SM68	SMBK-01E	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6" E035°52'38.0"
SM69	SMBK-02E	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6" E035°52'38.0"
SM70	SMBK-02D	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6" E035°52'38.0"
SM71	SMBK-03E	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6" E035°52'38.0"
SM72	SMBK-03D	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	N41°37'45.6"

						E035°52'38.0"
						N41°37'45.6"
SM73	SMBK-04E	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	E035°52'38.0"
						N41°37'45.6"
SM74	SMBK-04D	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	E035°52'38.0"
						N41°37'45.6"
SM75	SMBK-05D	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	E035°52'38.0"
						N41°37'45.6"
SM76	SMBK-05E	SAMSUN	BAFRA	KAYGUSUZ	3	E035°52'38.0"
						N41°31'45.9"
SM77	SMBT-01E	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM78	SMBT-01D	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM79	SMBT-02D	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM80	SMBT-02E	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM81	SMBT-03D	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM82	SMBT-03E	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM83	SMBT-04E	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM84	SMBT-04D	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM85	SMBT-05D	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"
						N41°31'45.9"
SM86	SMBT-05E	SAMSUN	BAFRA	TEPECİK	107	E035°55'15.7"

¹Çalışma kolaylığı açısından kısaltılmış örnek kodunu göstermektedir.

²Açıklayıcı kısaltmalar içeren kod. İlk harfler; örneğin alındığı ili, ilçeyi ve köyü tanımlamakta, rakam; köydeki kaçınıcı işletmeden alındığını belirtmekte (işletme sahiplerinin ismi de kayıt altındadır), D; dişi, E; erkek cinsiyeti göstermektedir.

³ Örneğin alındığı noktanın coğrafi koordinatını bildirmektedir. N; Kuzey paraleli, E; Doğu meridyeni anlamındadır.

EK-B. Yerli Genotiplere Ait Resimler

I. Ordu Genotiplerine Ait Resimler



ORKBH-01D



ORKBH-02D



ORKBH-02E



ORKBH-03D



ORKBH-04E



ORKBK-01D



ORKBK-02E



ORKBK-02D



ORKBK-03D



ORKBK-03E



ORKBY-01D



ORKBY-01E



ORKBY-02D



ORKBY-03D



ORKBY-03E



ORKBY-04D



ORKK-01D



ORKK-01E



ORKK-02D



ORKK-02E



ORKK-03E



ORKK-03D



ORKO-01E



ORKO-01D



ORKO-02D



ORKO-02E



ORKO-03D



ORKO-03E



ORKY-01D



ORKY-01E



ORKY-02D



ORKY-02E



ORKY-03E



ORUB-01D



ORUB-01 E



ORUB-02D



ORUB-03D



ORUB-03E



ORUB-04D



ORUB-04E



ORUF-01D



ORUF-01E



ORUF-02D



ORUF-02E



ORUF-03D



ORUF-03E



ORUF-04D



ORUF-04E



ORUY-01D



ORUY-01E



ORUY-02D



ORUY-02E



ORUY-03D



ORUY-03E



ORUY-04E



ORUY-05D



ORUY-05E

II. Tokat Genotiplerine Ait Resimler



TKEKK-01D



TKEKK-01E



TKEKK-02D



TKEKK-02E



TKEKK-03D



TKEKK-03E



TKEKK-04D



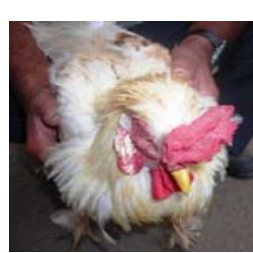
TKEKK-04E



TKEYY-01D



TKEYY-01E



TKEYY-02D



TKEYY-02E



TKEYY-03D



TKEYY-03E



TKEYY-04D



TKES-01E



TKES-02D



TKES-02E



TKES-03D



TKES-03E



TKES-04D



TKES-04E



TKNH-01D



TKNH-01E



TKNH-02D



TKNH-03D



TKNH-03E



TKNH-04D



TKNH-04E



TKNI-01D



TKNI-02D



TKNI-02E



TKNI-03D



TKNI-03E



TKNI-04D



TKNI-04E



TKNI-05D



TKNI-05E



TKNI-06D



TKNI-06E



TKNI-07D



TKNI-08D



TKNI-08E



TKNS-01D



TKNS-01E



TKNS-02D



TKNS-02E



TKNS-03D



TKNS-03E



TKNS-04E



TKTA-01D



TKTA-01E



TKTA-02D



TKTA-02E



TKTA-03E



TKTA-04D



TKTO-01D



TKTO-01E



TKTO-02D



TKTO-02E



TKTO-03D



TKTO-03E



TKTO-04D



TKTO-04E



TKTU-01D



TKTU-01E



TKTU-02D



TKTU-02D2



TKTU-03E



TKTU-04D

III. Amasya Genotiplerine Ait Resimler



AMGD-01D



AMGD-01E



AMGD-02D



AMGD-02E



AMGD-03D



AMGD-03E



AMGD-04D



AMGD-04E



AMGK-01D



AMGK-01E



AMGK-02D



AMGK-02E



AMGK-03D



AMGK-03E



AMGK-04D



AMGK-04E



AMGK-05D



AMGK-05E



AMGK-06D



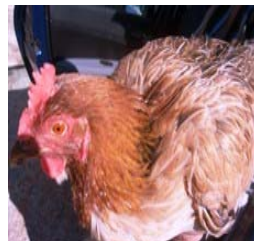
AMGK-06E



AMGP-01D



AMGP-01E



AMGP-02D



AMGP-02E



AMGP-03D



AMGP-03E



AMGP-04D



AMGP-04E



AMGP-05D



AMGP-05E



AMSA-01D



AMSA-01E



AMSA-02D



AMSA-02E



AMSA-03D



AMSA-03E



AMSA-04D



AMSA-04E



AMSA-05D



AMSA-05E



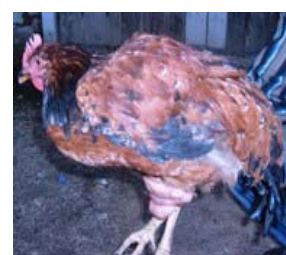
AMSS-01D



AMSS-01E



AMSS-02D



AMSS-02E



AMSS-03D



AMSS-03E



AMSS-04D



AMSS-04E



AMSS-05D



AMSS-05E



AMSY-01D



AMSY-01E



AMSY-02D



AMSY-02E



AMSY-03D



AMSY-03E



AMTA-01D



AMTA-01E



AMTA-02D



AMTA-02E



AMTA-03D



AMTA-03E



AMTA-04D



AMTA-04E



AMTI-01D



AMTI-02D



AMTI-02E



AMTI-03D



AMTI-03E



AMTI-04D



AMTI-05E



AMTY-01D



AMTY-01E



AMTY-02D



AMTY-02E



AMTY-03D



AMTY-03E

IV. Sinop Genotiplerine Ait Resimler



SNAA-01D



SNAA-01E



SNAA-02D



SNAA-02E



SNAA-03D



SNAA-03E



SNAA-04D



SNAA-04E



SNAB-01D



SNAB-01E



SNAB-02D



SNAB-02E



SNAB-03D



SNAB-03E



SNAY-01D



SNAY-01E



SNAY-02D



SNAY-02E



SNAY-03D



SNAY-03E



SNAY-04D



SNAY-04E



SNBB-01E



SNBB-01D



SNBB-02D



SNBB-02E



SNBB-03D



SNBB-04D



SNBB-04E



SNBB-05D



SNBB-05E



SNBB-06D



SNBB-06E



SNBO-01D



SNBO-01E



SNBO-02D



SNBO-02E



SNBO-03D



SNBO-03E



SNBO-04D



SNBO-04E



SNBO-05D



SNBO-05E



SNBO-06D



SNBS-01D



SNBS-01E



SNBS-02D



SNBS-02E



SNBS-03D



SNBS-03E



SNBS-04D



SNBS-05D



SNBS-05E



SNGM-01D



SNGM-01E



SNGM-02D



SNGM-02E



SNGM-03D



SNGYK-01D



SNGYK-01E



SNGYK-02D



SNGYK-02E



SNGYK-03D



SNGYK-03E



SNGYK-04D



SNGYK-04E



SNGYM-01D



SNGYM-01E



SNGYM-02E



SNGYM-02D



SNGYM-03D



SNGYM-03E



SNGYM-04E



SNGYM-04D

V. Samsun Genotiplerine Ait Resimler



SMAA-01D



SMAA-02D



SMAA-02E



SMAA-03D



SMAA-03E



SMAA-04D



SMAA-04E



SMAA-05D



SMAA-05E



SMAA-06D



SMAA-06E



SMAG-01D



SMAG-01E



SMAG-02D



SMAG-02E



SMAG-03E



SMAG-04E



SMAG-05D



SMAG-06D



SMAG-06E



SMAG-07D



SMAG-07E



SMAU-01D



SMAU-01E



SMAU-02D



SMAU-02E



SMAU-03D



SMAU-03E



SMAU-04D



SMAU-04E



SMAU-05D



SMAU-05E



SMBB-01D



SMBB-01E



SMBB-02D



SMBB-02E



SMBB-03D



SMBB-03E



SMBB-04D



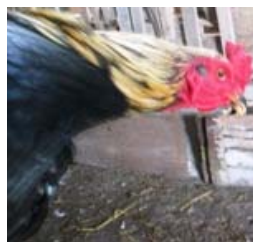
SMBB-05D



SMBB-06D



SMBK-01D



SMBK-01E



SMBK-02D



SMBK-02E



SMBK-03D



SMBK-03E



SMBK-04D



SMBK-04E



SMBK-05D



SMBK-05E



SMBT-01D



SMBT-01E



SMBT-02D



SMBT-02E



SMBT-03D



SMBT-03E



SMBT-04D



SMBT-04E



SMBT-05D



SMBT-05E



SMVBA-01D



SMVBA-01E



SMVBA-02D



SMVBA-02E



SMVBA-03D



SMVBA-03E



SMVBA-04D



SMVBA-04E



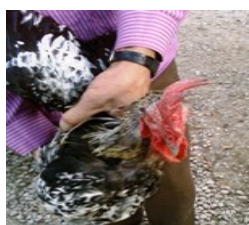
SMVBA-05D



SMVBA-05E



SMVBO-01D



SMVBO-01E



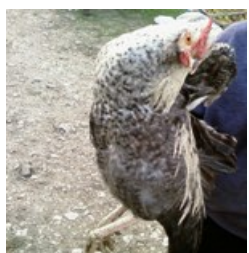
SMVBO-02D



SMVBO-02E



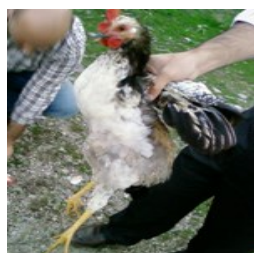
SMVBO-03D



SMVBO-03E



SMVBO-04D



SMVBO-04E



SMVG-01D



SMVG-01E



SMVG-02D



SMVG-03D



SMVG-03E

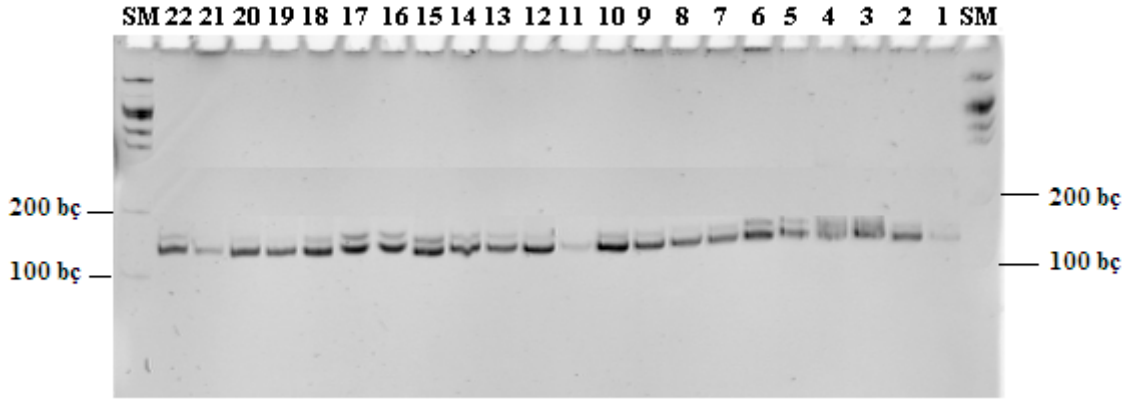


SMVG-04D

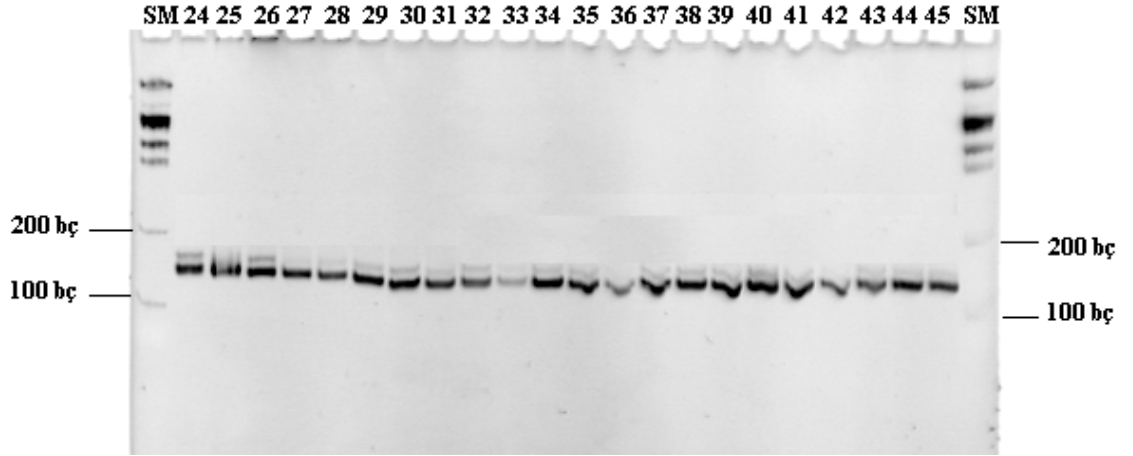


SMVG-04E

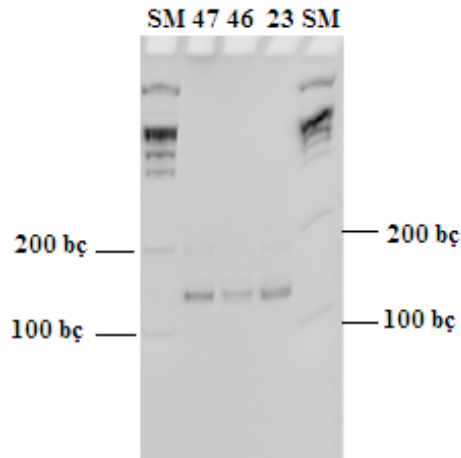
EK-C. Mikrosatelit Lokuslarına Ait Poliakrilamid Jel Resimleri



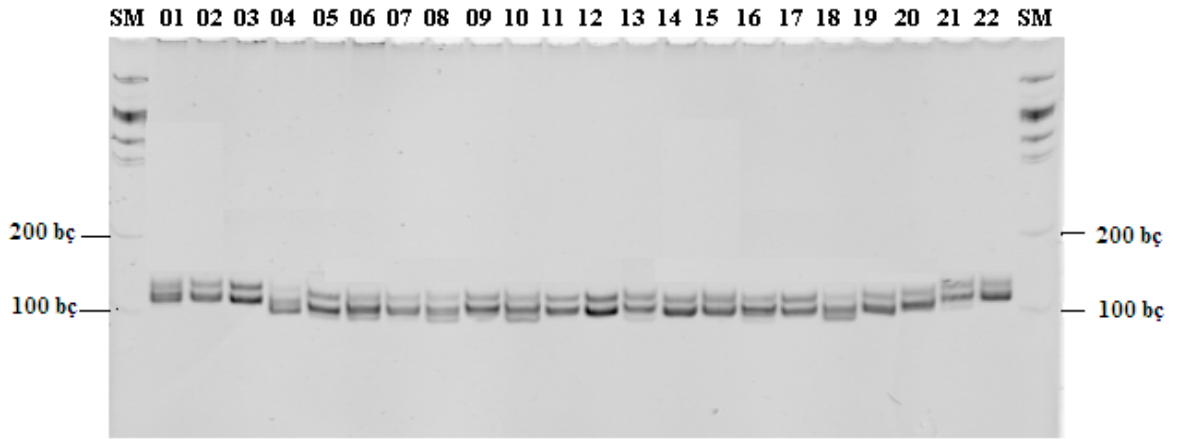
P-01 (ADL0112) lokusuna ait jel görüntüsü



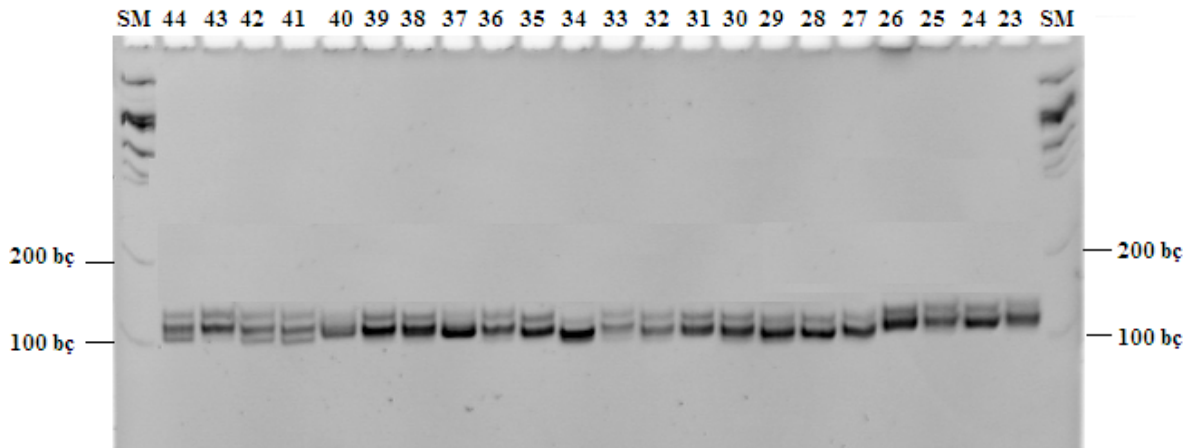
P-01 (ADL0112) lokusuna ait jel görüntüsü



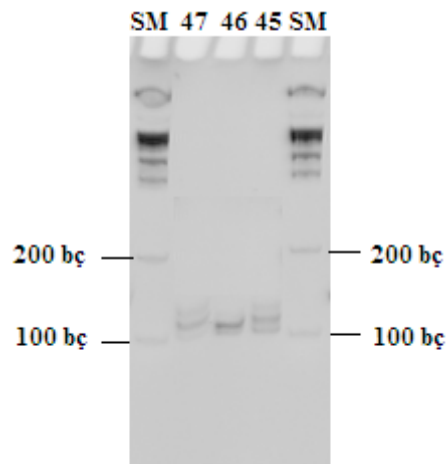
P-01 (ADL0112) lokusuna ait jel görüntüsü



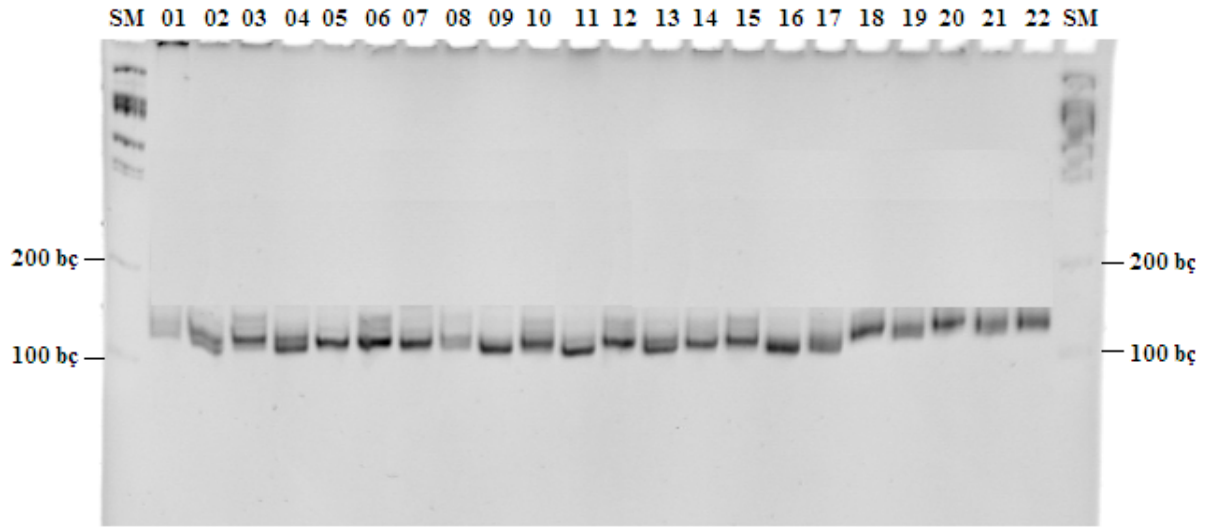
P-02 (ADL0268) lokusuna ait jel görüntüsü



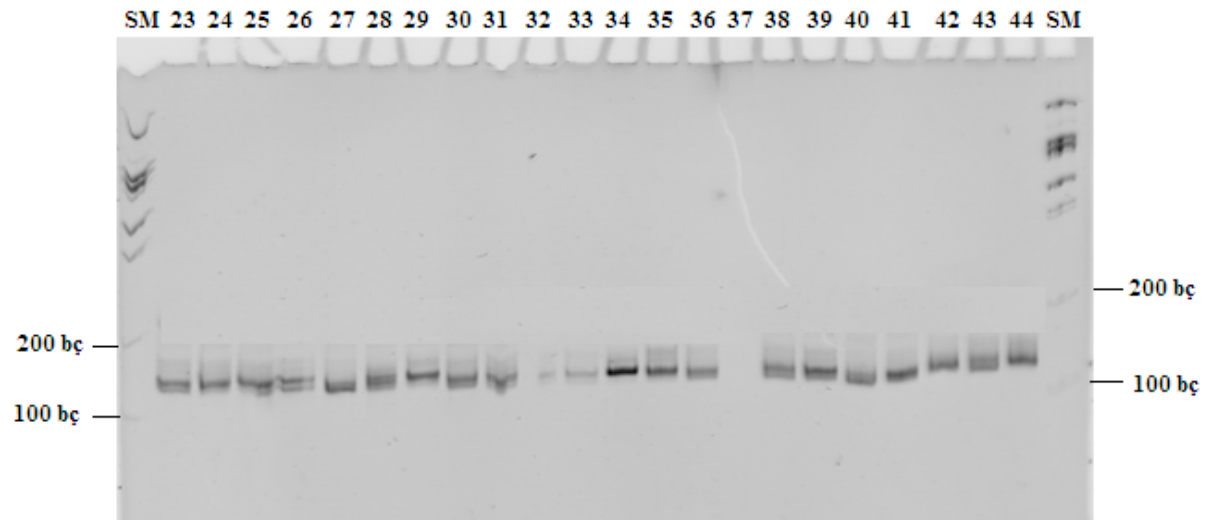
P-02 (ADL0268) lokusuna ait jel görüntüsü



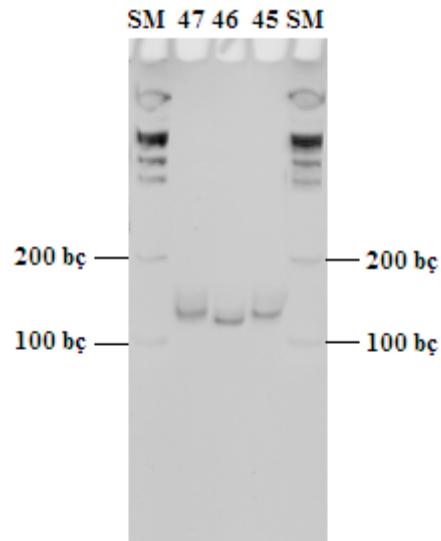
P-02 (ADL0268) lokusuna ait jel görüntüsü



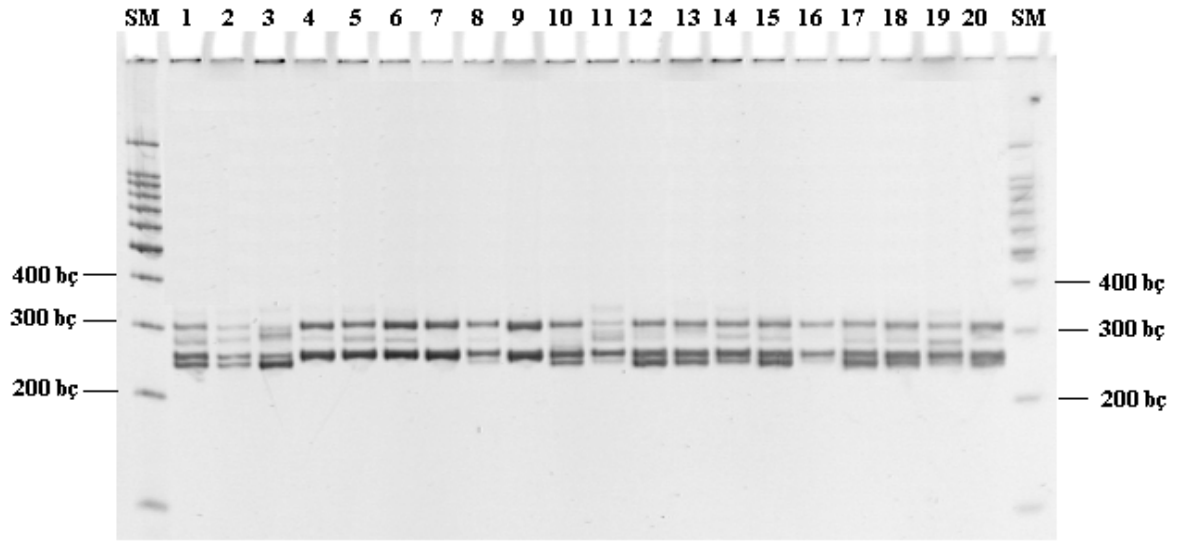
P-03 (ADL0278) lokusuna ait jel görüntüsü



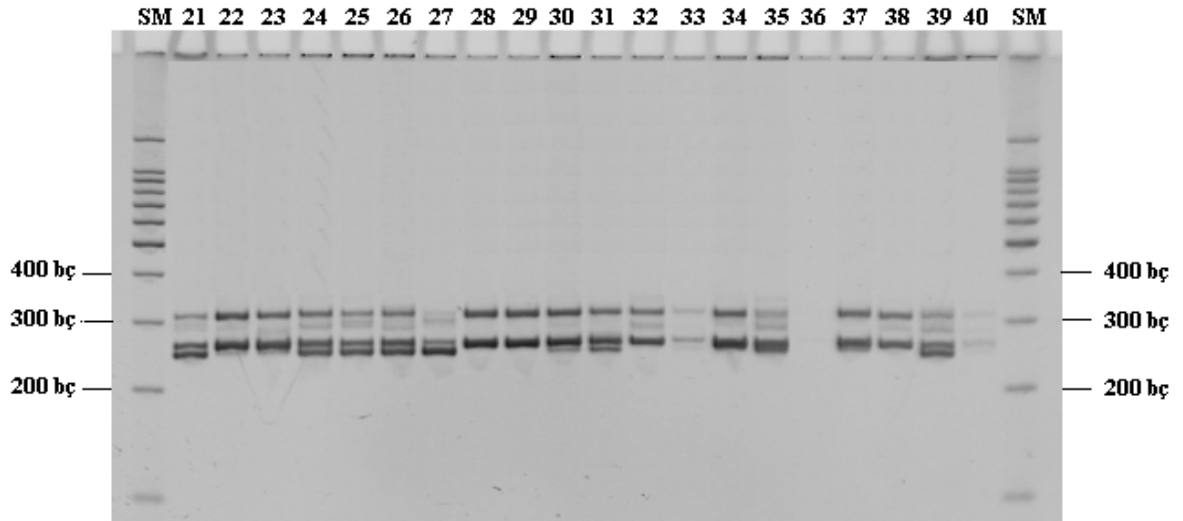
P-03 (ADL0278) lokusuna ait jel görüntüsü



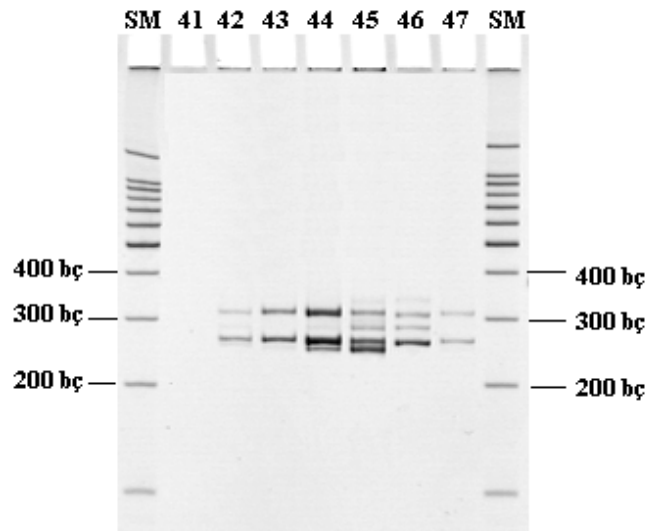
P-03 (ADL0278) lokusuna ait jel görüntüsü



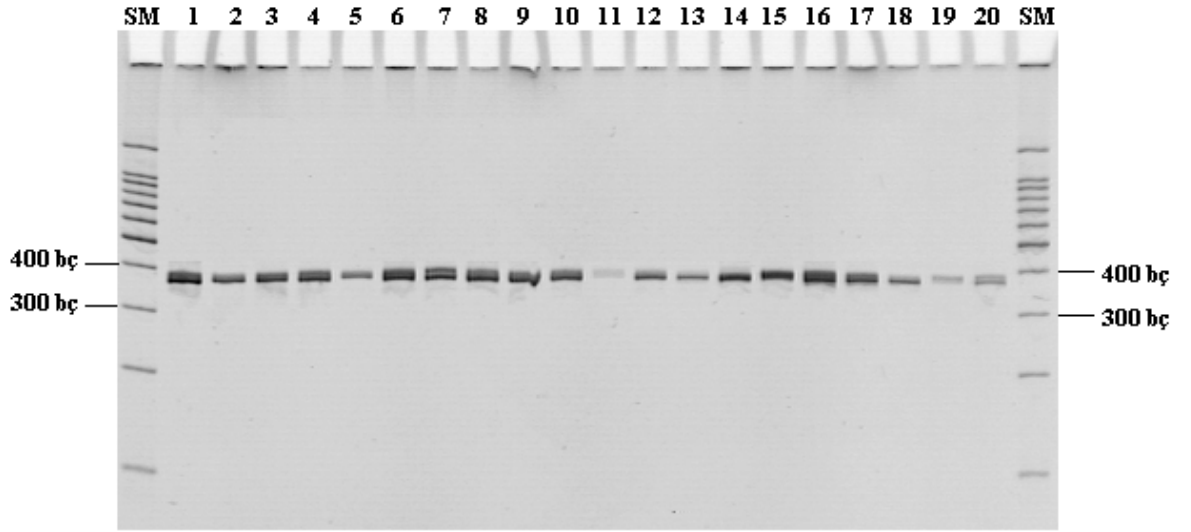
P-04 (LEI0094) lokusuna ait jel görüntüsü



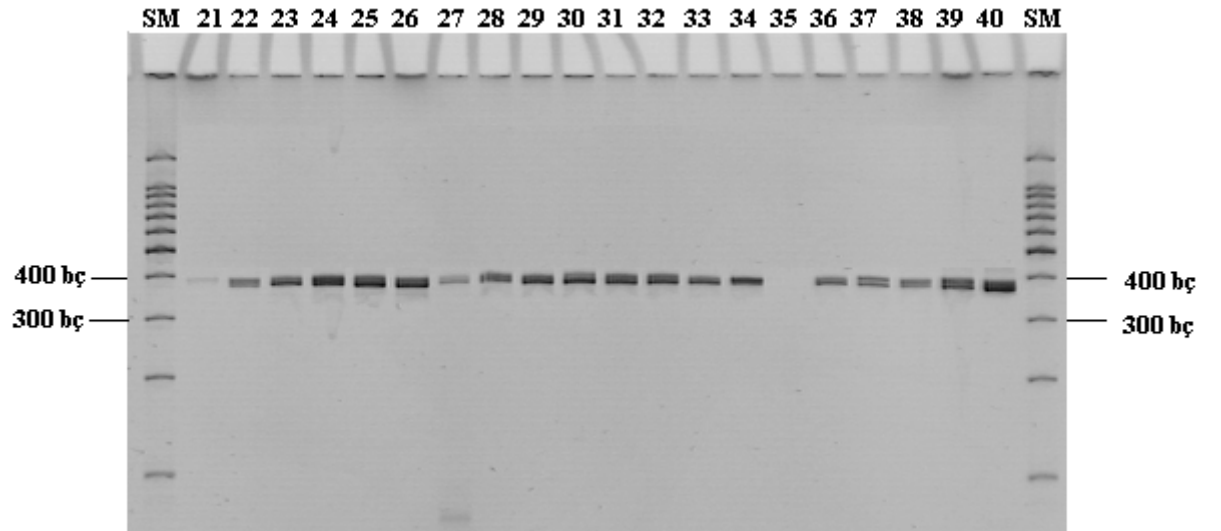
P-04 (LEI0094) lokusuna ait jel görüntüsü



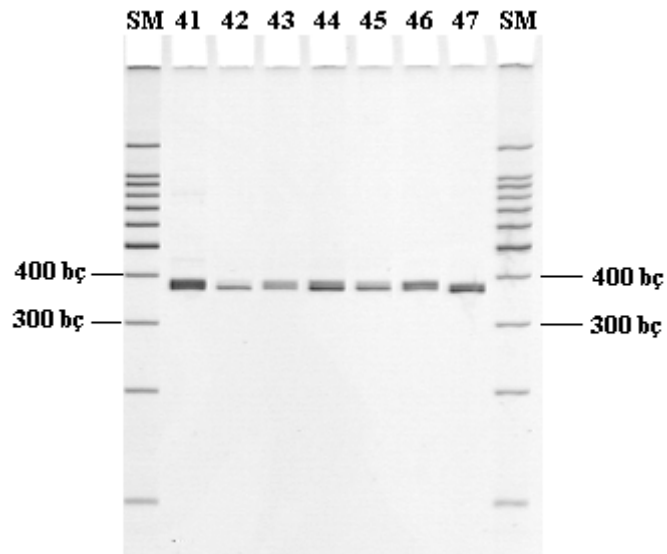
P-04 (LEI0094) lokusuna ait jel görüntüsü



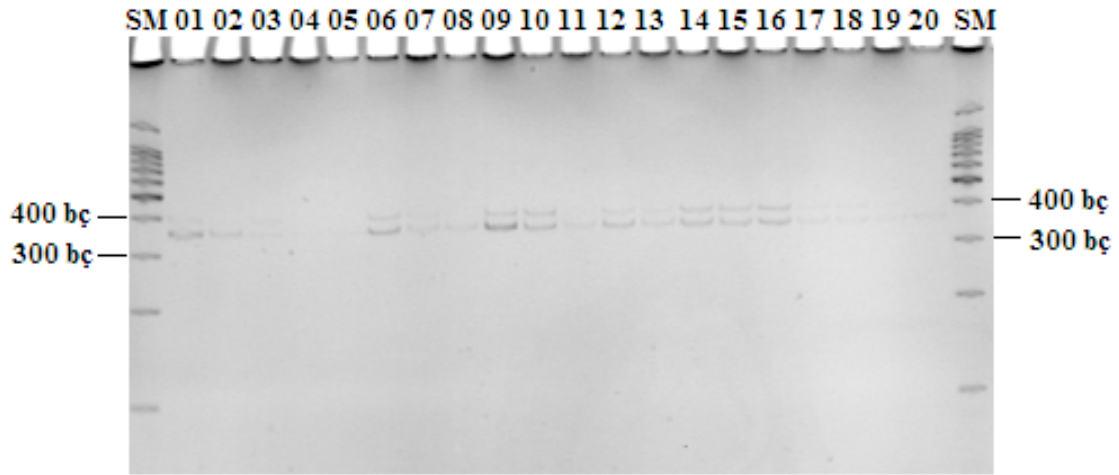
P-05 (LEI0166) lokusuna ait jel görüntüsü



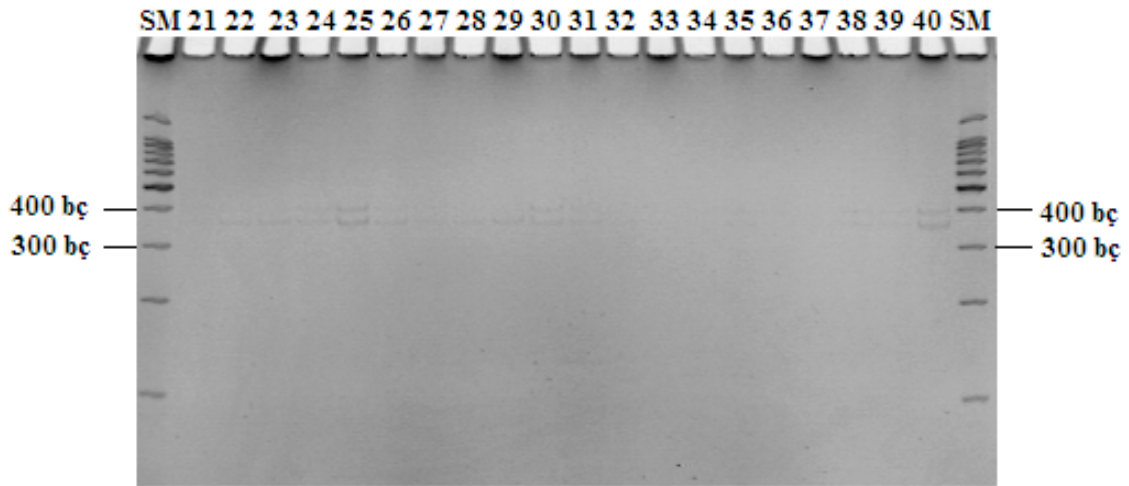
P-05 (LEI0166) lokusuna ait jel görüntüsü



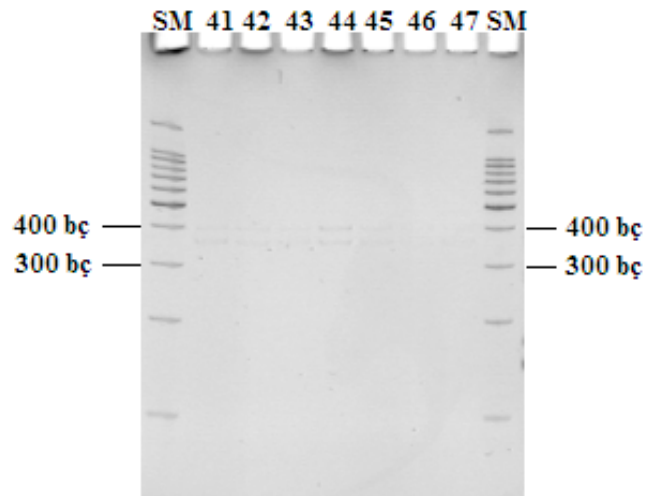
P-05 (LEI0166) lokusuna ait jel görüntüsü



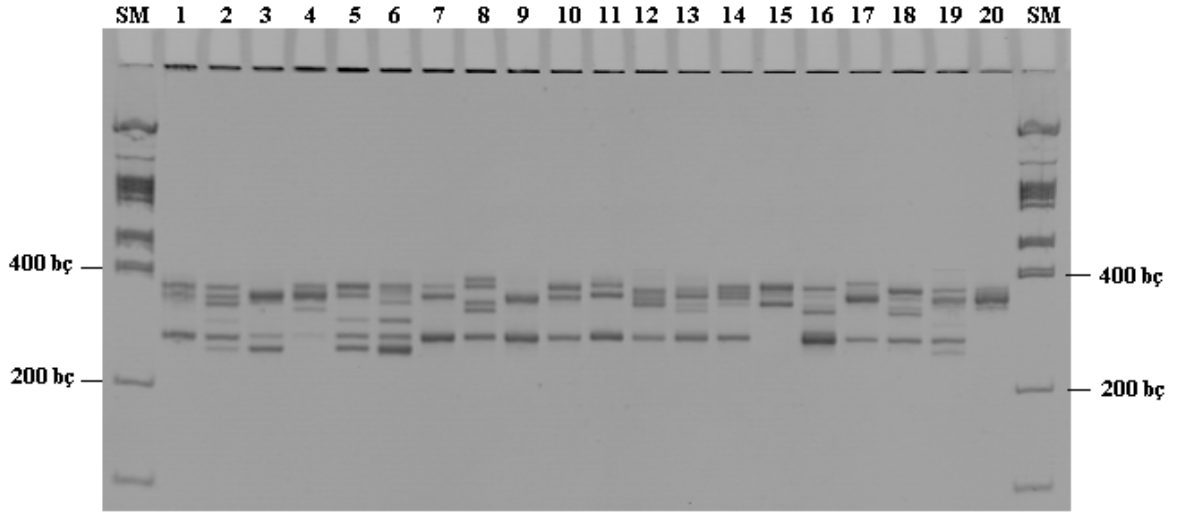
P-06 (LEI0192) lokusuna ait jel görüntüsü



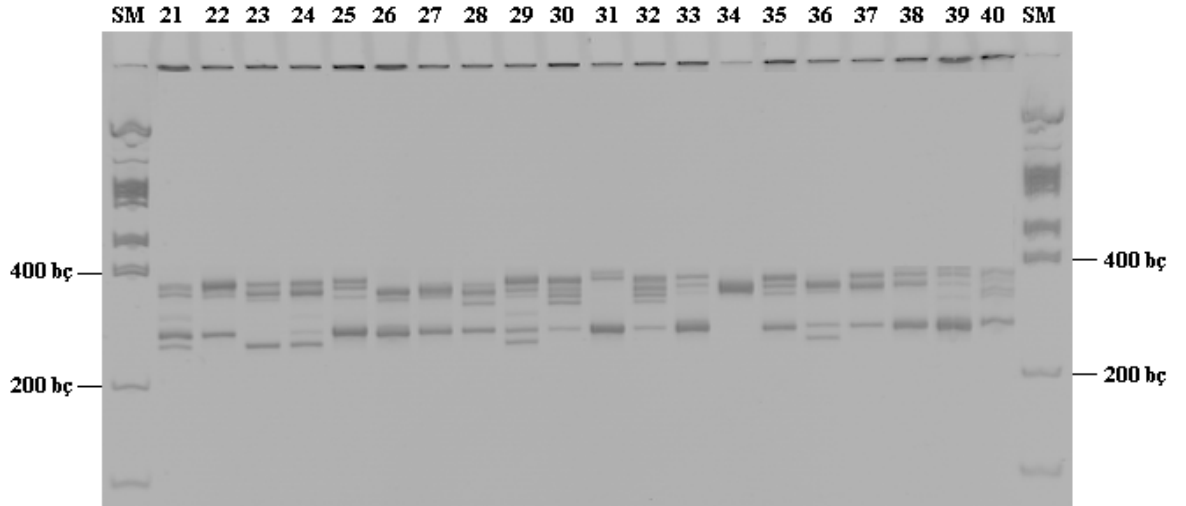
P-06 (LEI0192) lokusuna ait jel görüntüsü



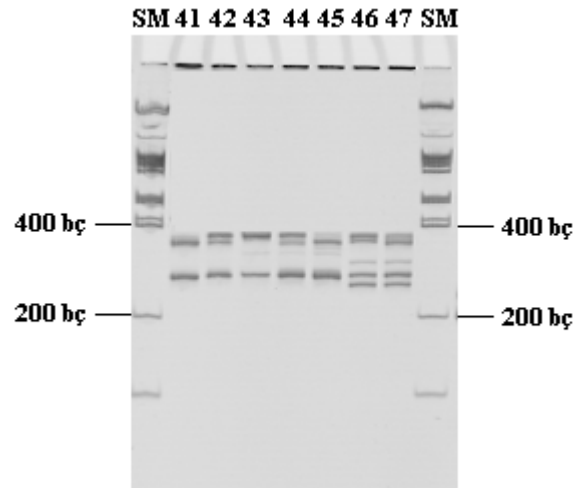
P-06 (LEI0192) lokusuna ait jel görüntüsü



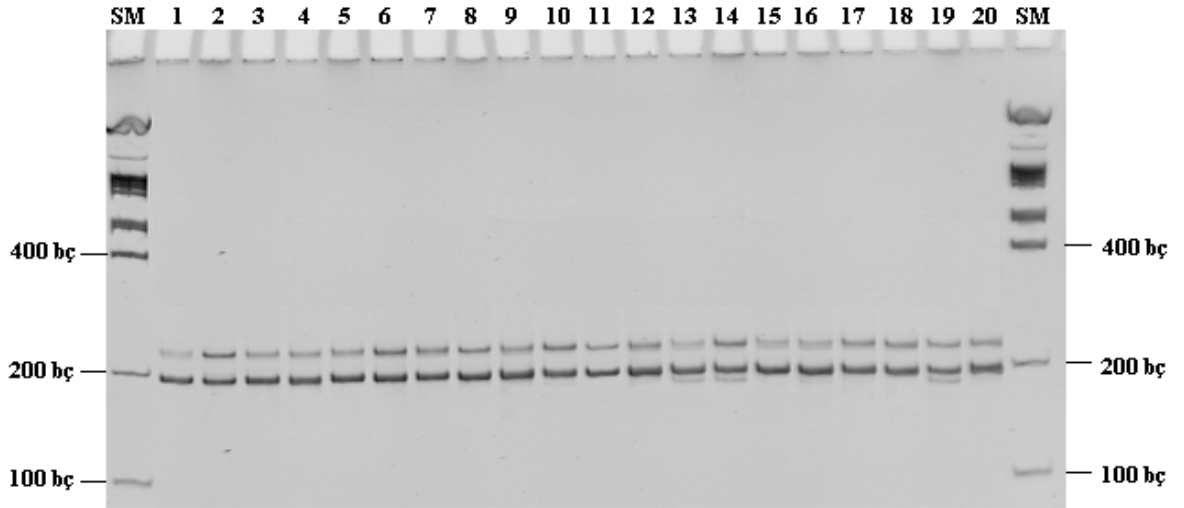
P-07 (LEI0234) lokusuna ait jel görüntüsü



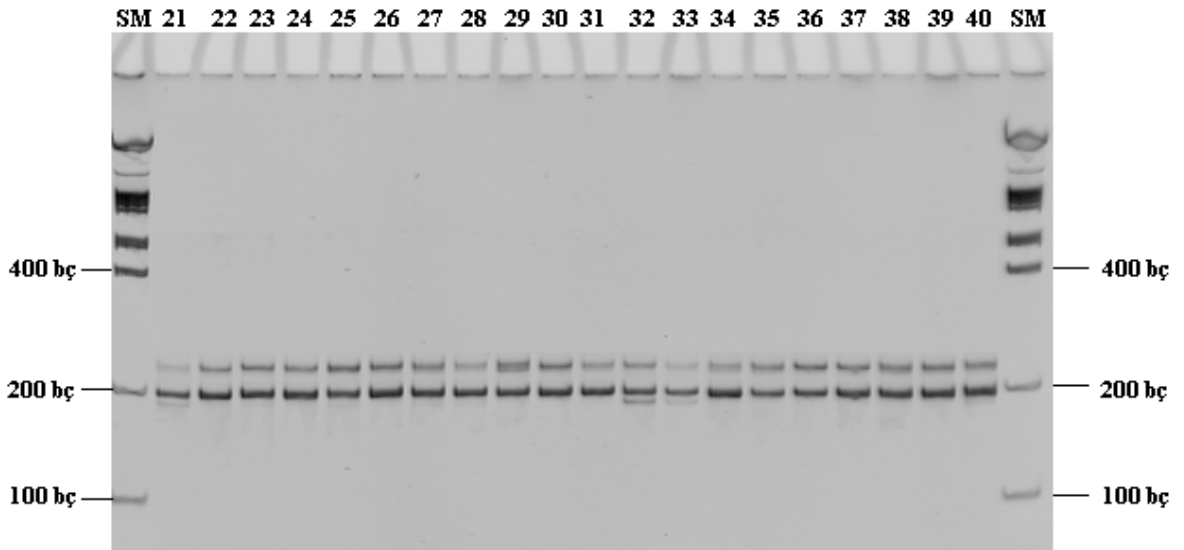
P-07 (LEI0234) lokusuna ait jel görüntüsü



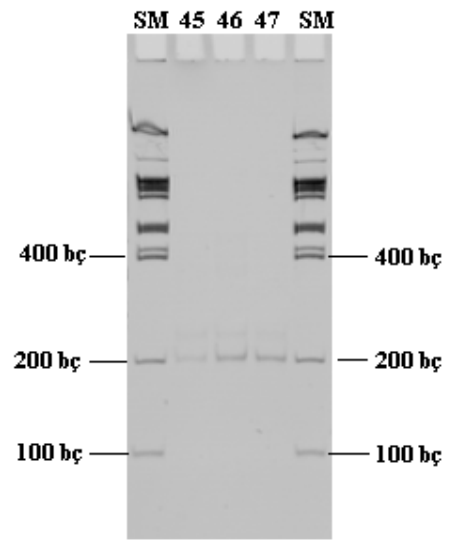
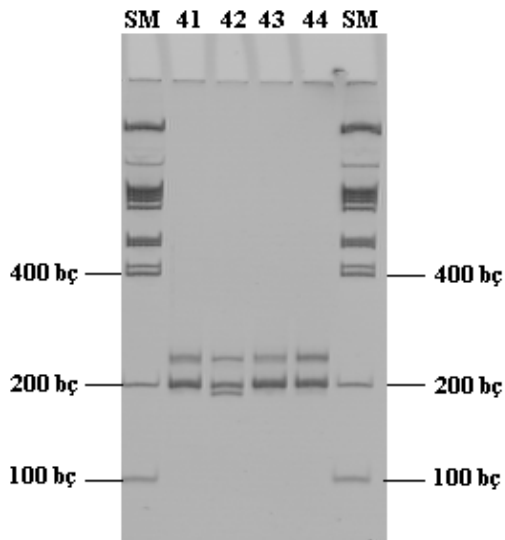
P-07 (LEI0234) lokusuna ait jel görüntüsü



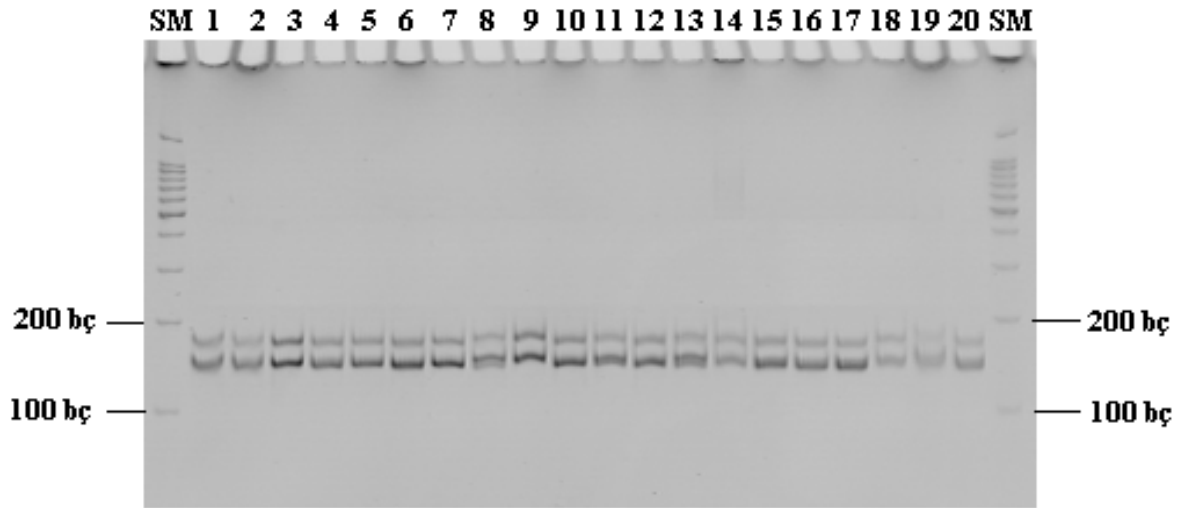
P-08 (MCW0014) lokusuna ait jel görüntüsü



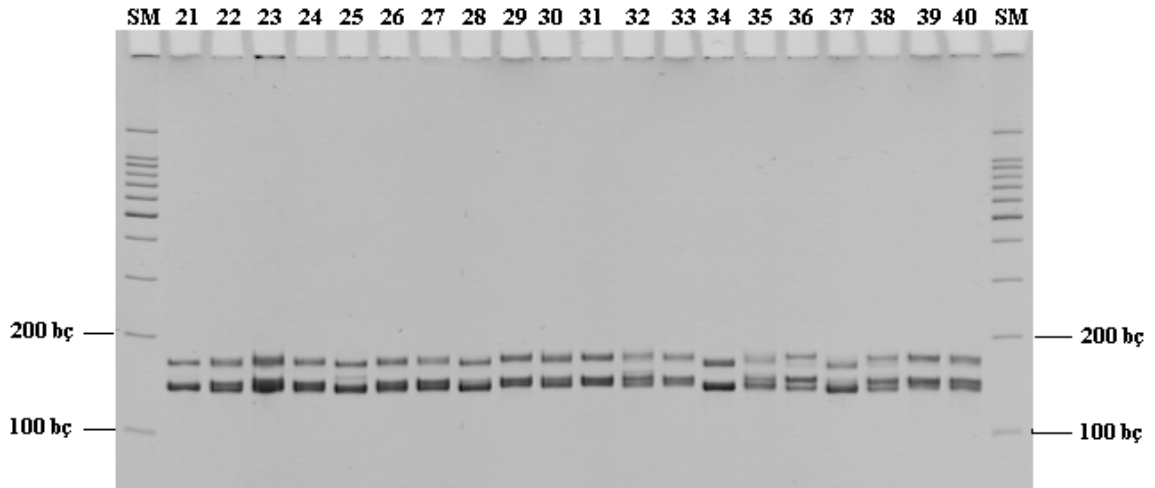
P-08 (MCW0014) lokusuna ait jel görüntüsü



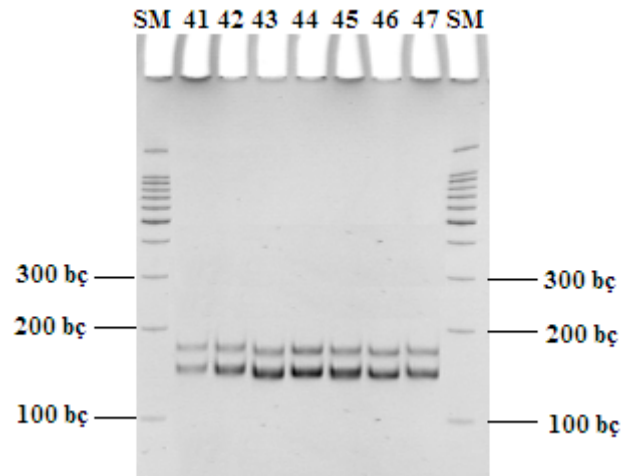
P-08 (MCW0014) lokusuna ait jel görüntüsü



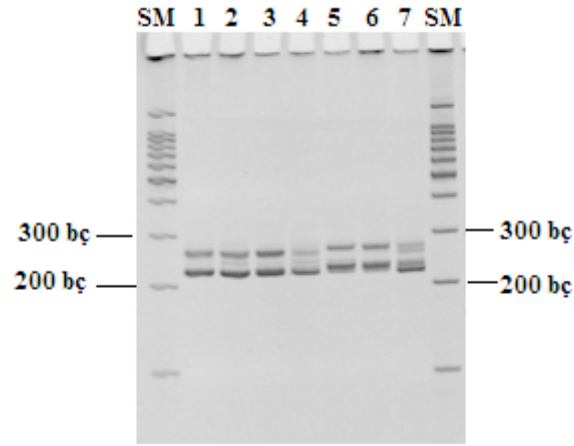
P-09 (MCW0016) lokusuna ait jel görüntüsü



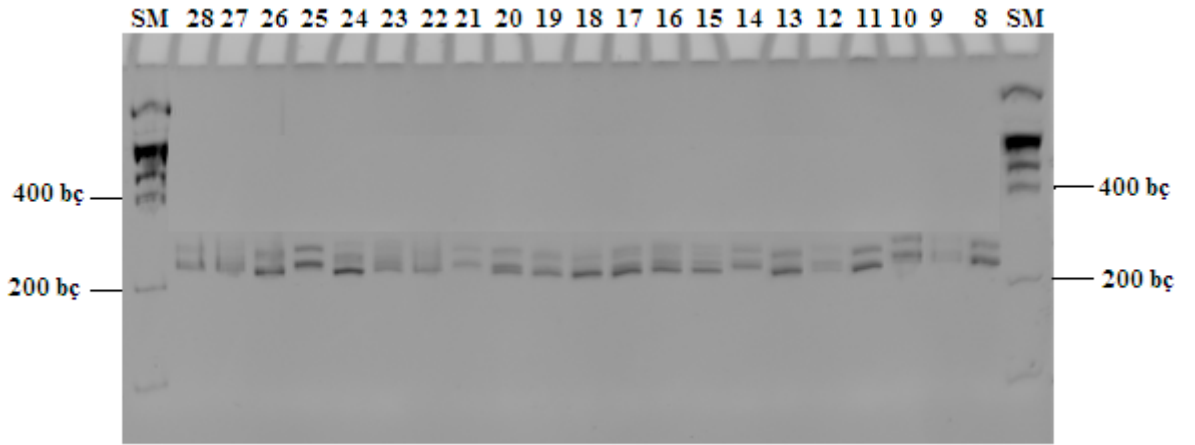
P-09 (MCW0016) lokusuna ait jel görüntüsü (21→40)



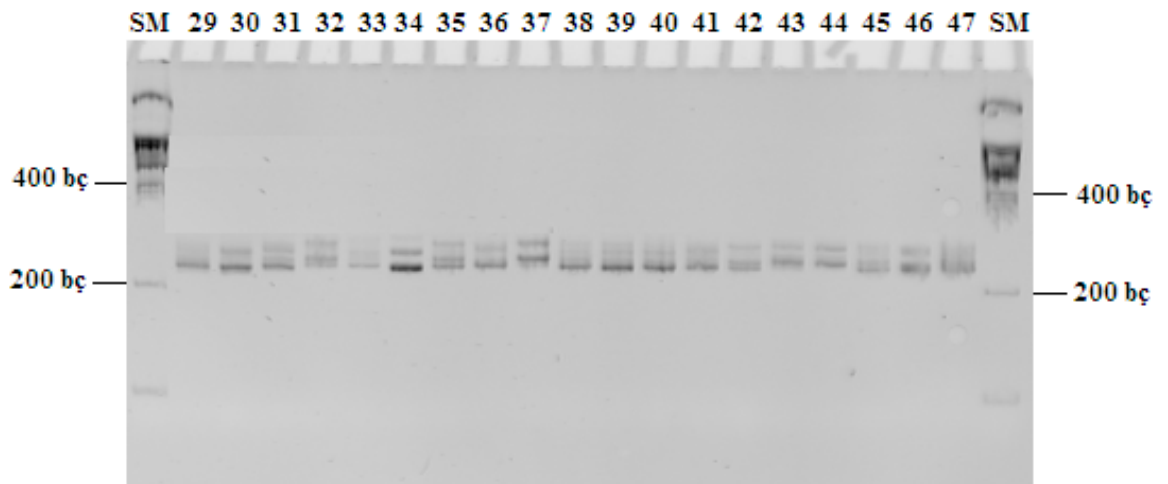
P-09 (MCW0016) lokusuna ait jel görüntüsü



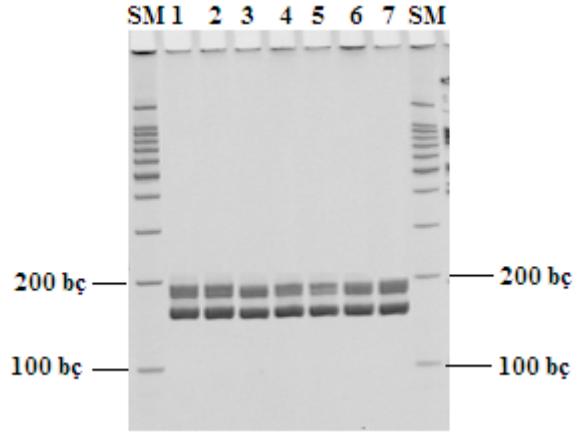
P-10 (MCW0034) lokusuna ait jel görüntüsü



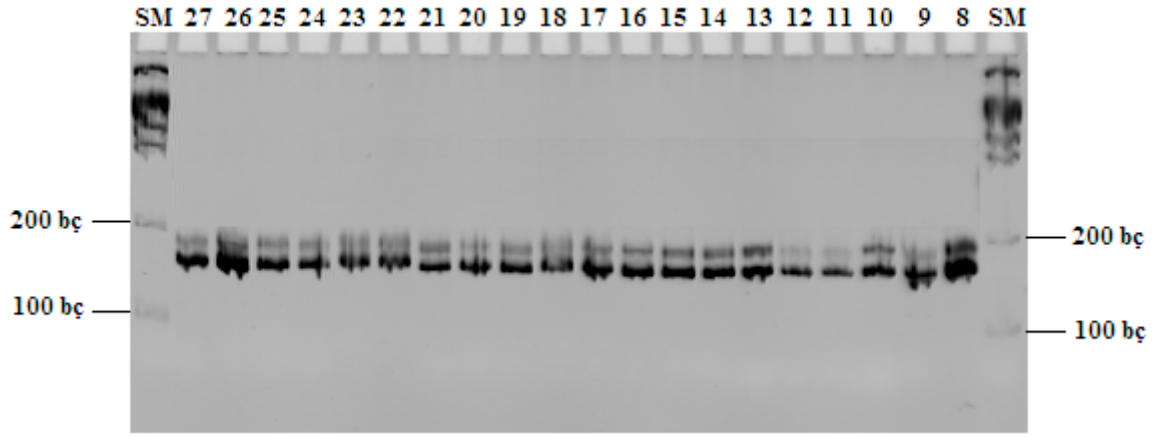
P-10 (MCW0034) lokusuna ait jel görüntüsü



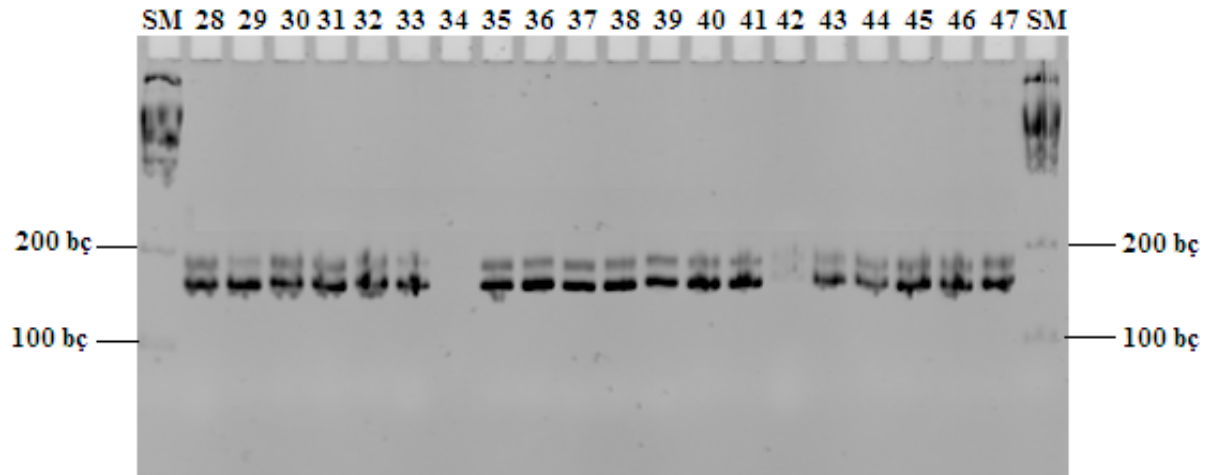
P-10 (MCW0034) lokusuna ait jel görüntüsü



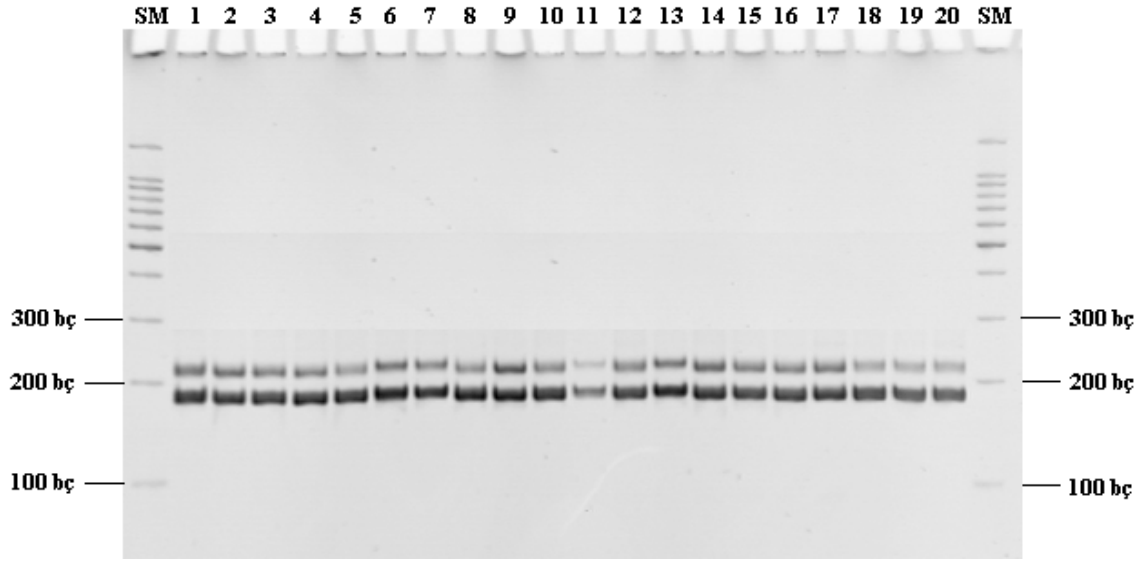
P-11 (MCW0037) lokusuna ait jel görüntüsü



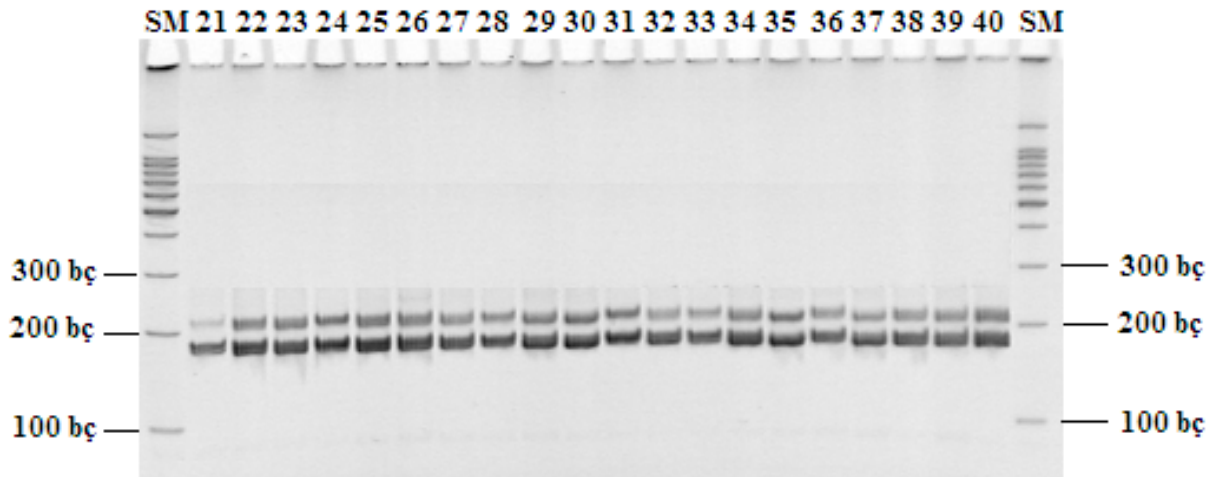
P-11 (MCW0037) lokusuna ait jel görüntüsü



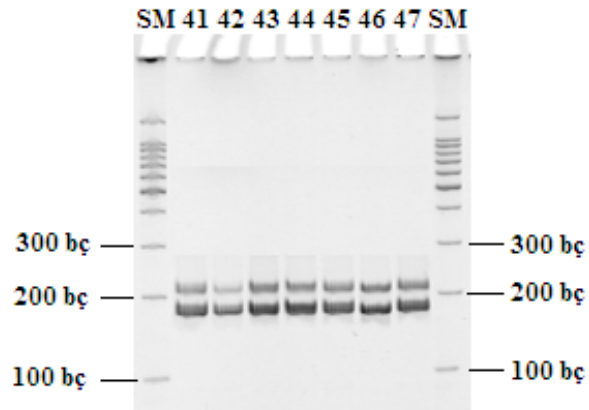
P-11 (MCW0037) lokusuna ait jel görüntüsü



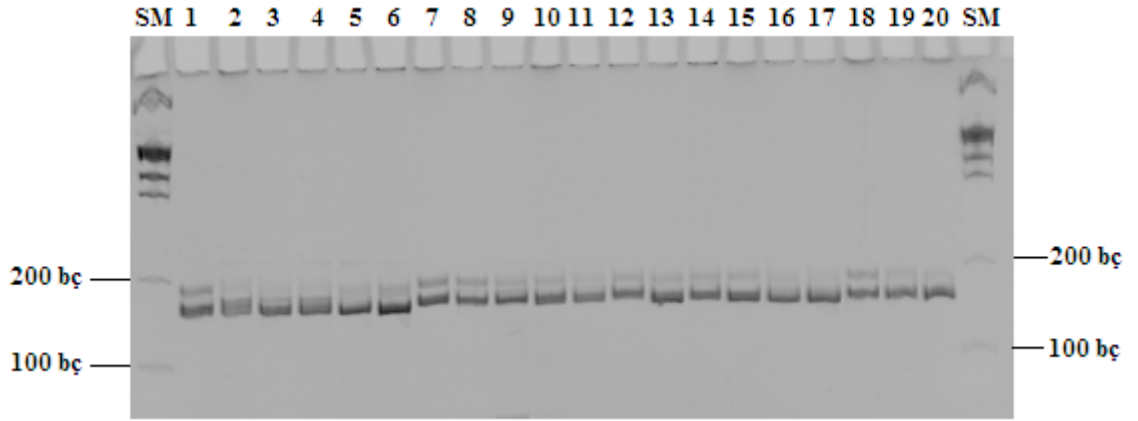
P-12 (MCW0067) lokusuna ait jel görüntüsü



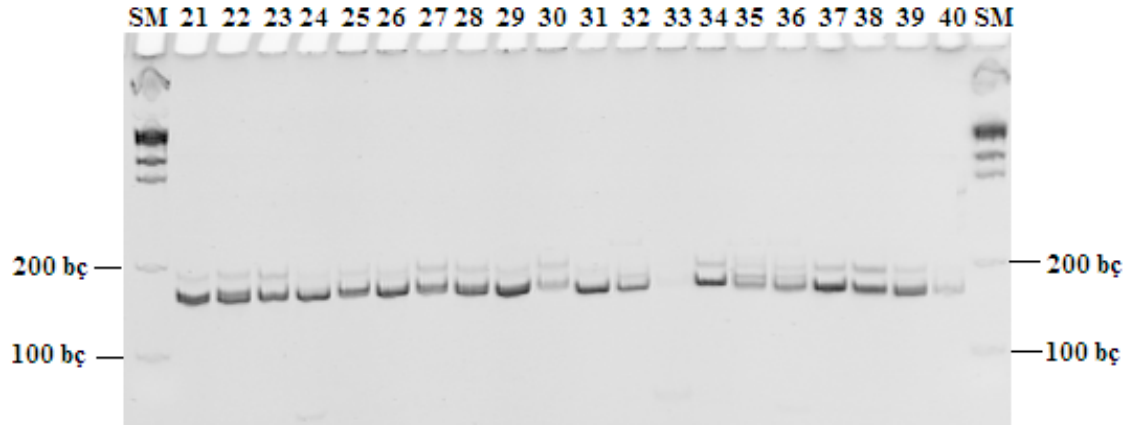
P-12 (MCW0067) lokusuna ait jel görüntüsü



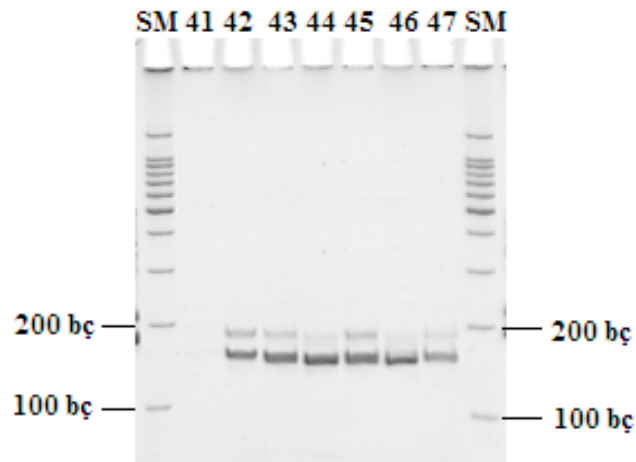
P-12 (MCW0067) lokusuna ait jel görüntüsü



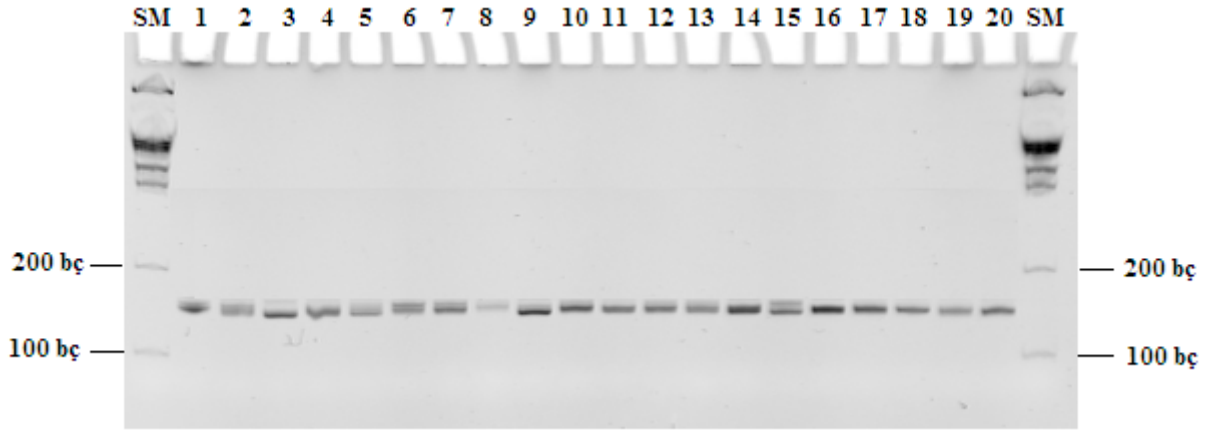
P-13 (MCW0069) lokusuna ait jel görüntüsü



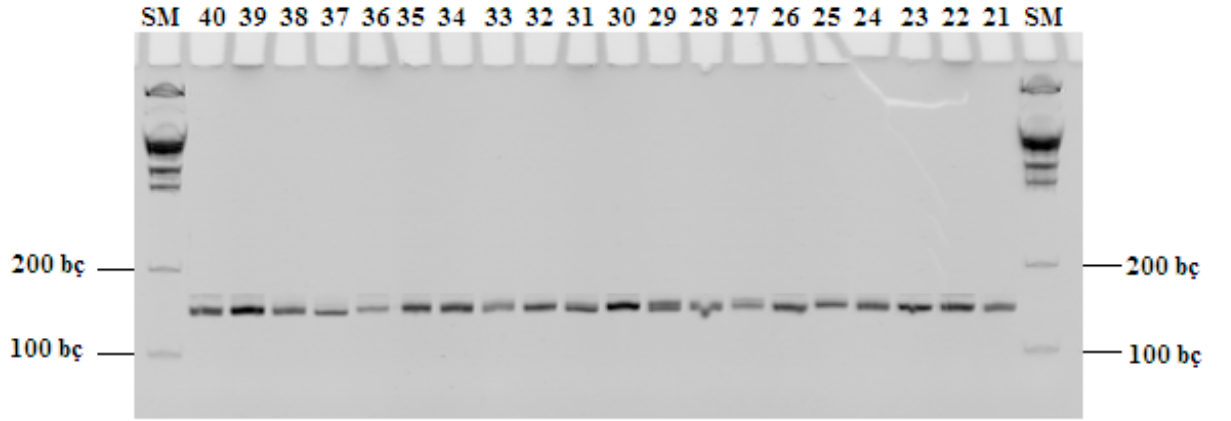
P-13 (MCW0069) lokusuna ait jel görüntüsü



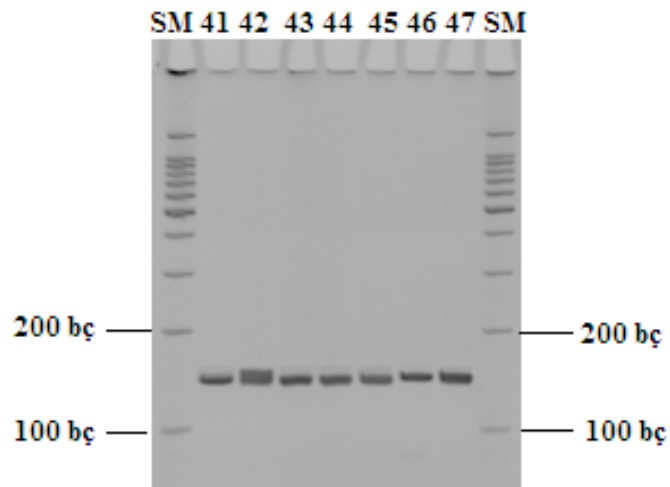
P-13 (MCW0069) lokusuna ait jel görüntüsü



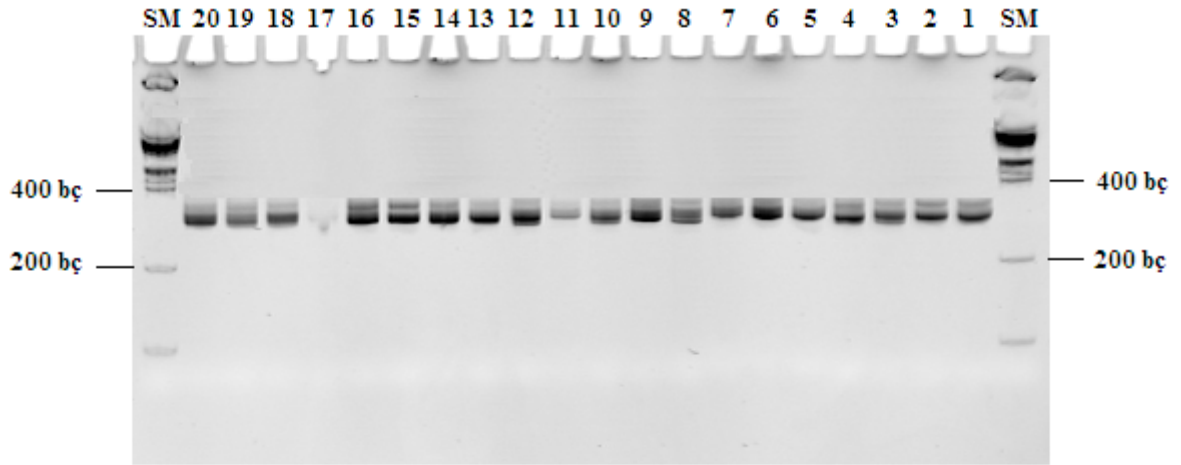
P-14 (MCW0078) lokusuna ait jel görüntüsü



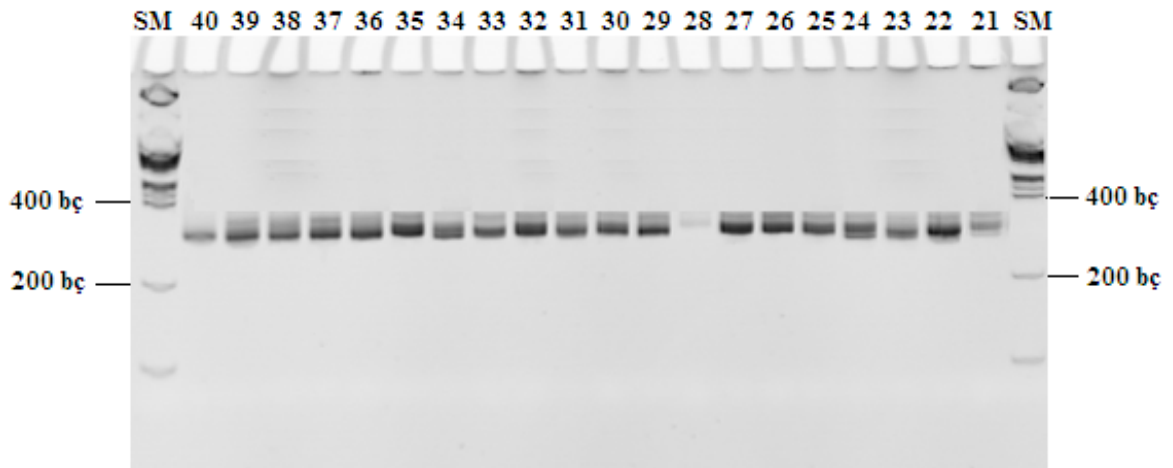
P-14 (MCW0078) lokusuna ait jel görüntüsü



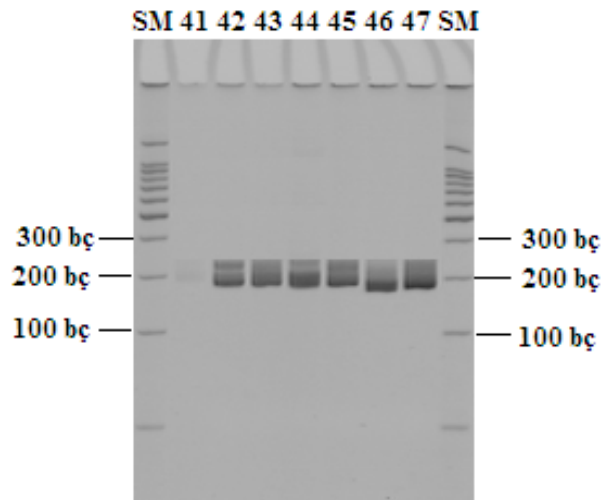
P-14 (MCW0078) lokusuna ait jel görüntüsü



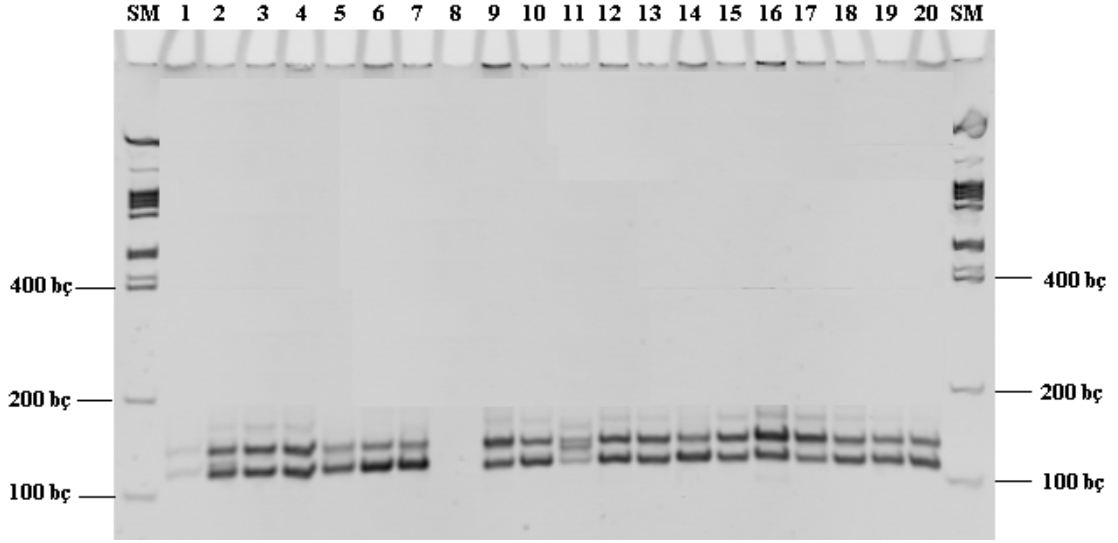
P-15 (MCW0080) lokusuna ait jel görüntüsü



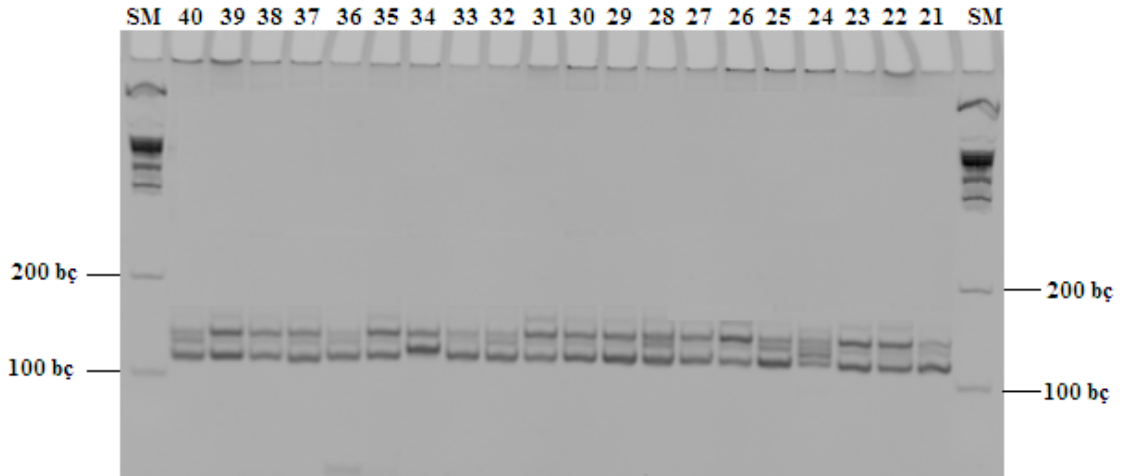
P-15 (MCW0080) lokusuna ait jel görüntüsü



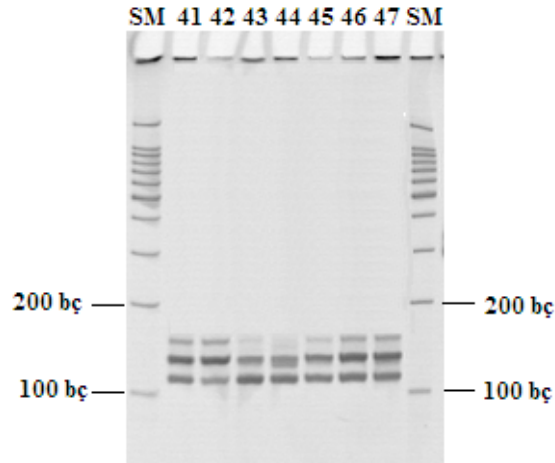
P-15 (MCW0080) lokusuna ait jel görüntüsü



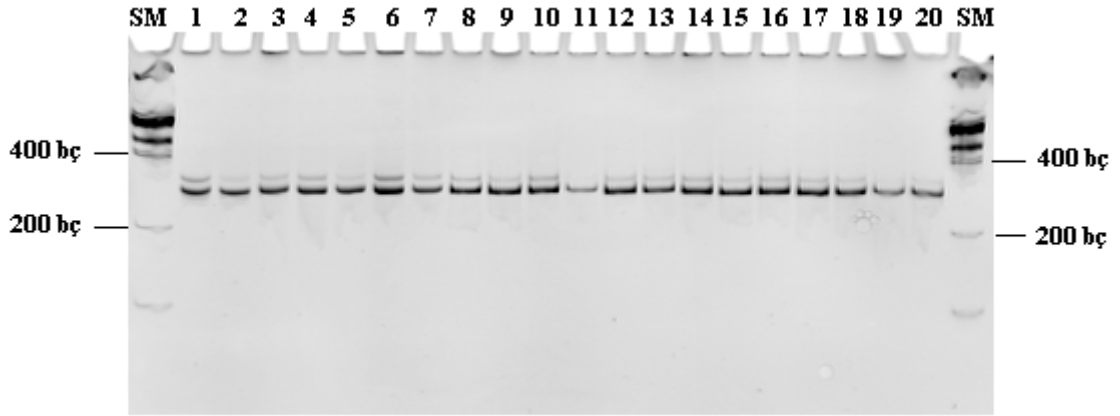
P-16 (MCW0081) lokusuna ait jel görüntüsü



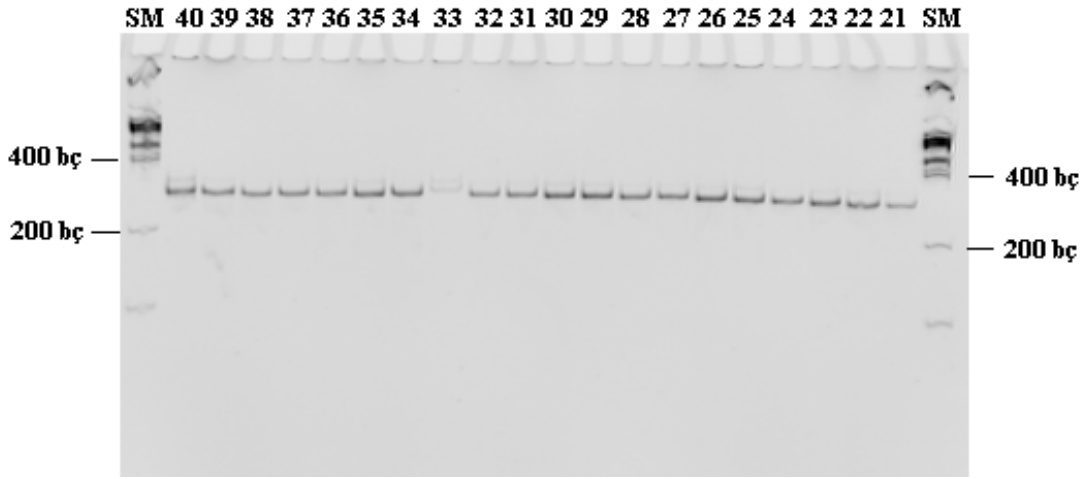
P-16 (MCW0081) lokusuna ait jel görüntüsü



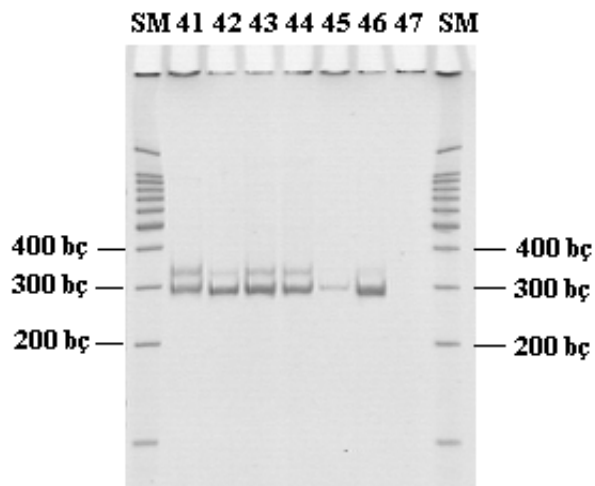
P-16 (MCW0081) lokusuna ait jel görüntüsü



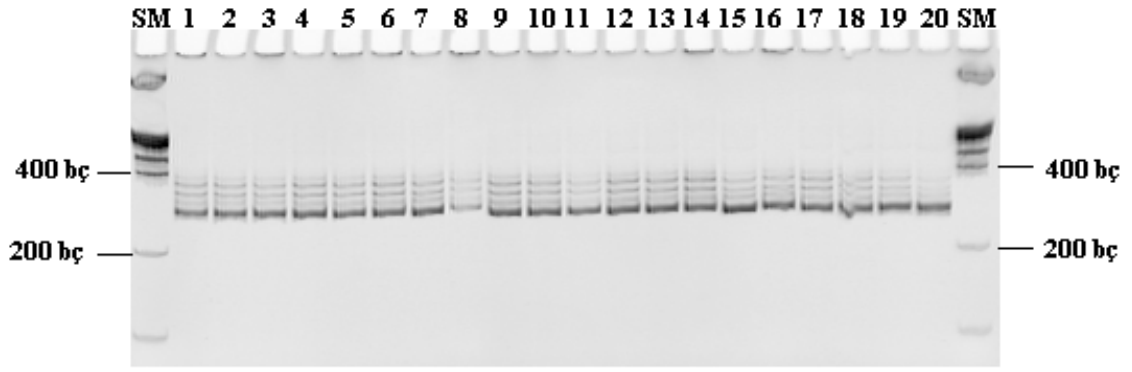
P-17 (MCW0098) lokusuna ait jel görüntüsü



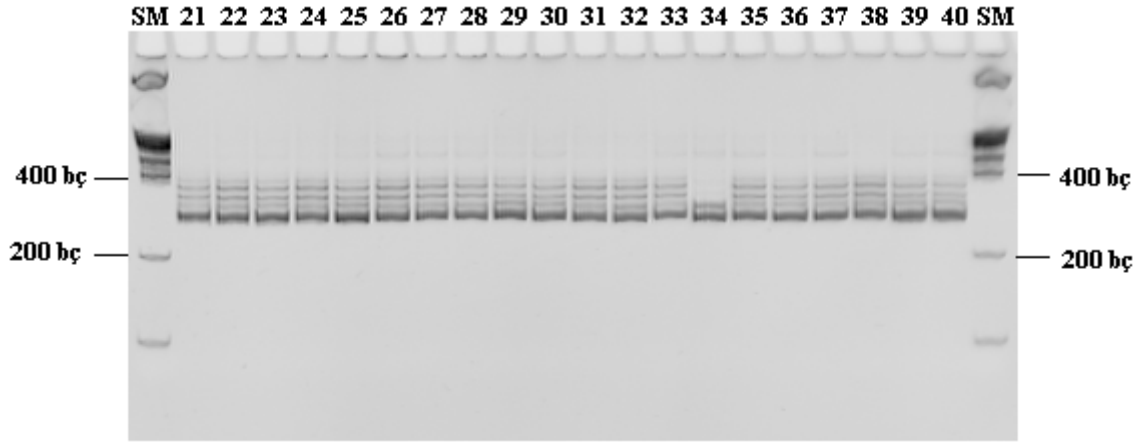
P-17 (MCW0098) lokusuna ait jel görüntüsü



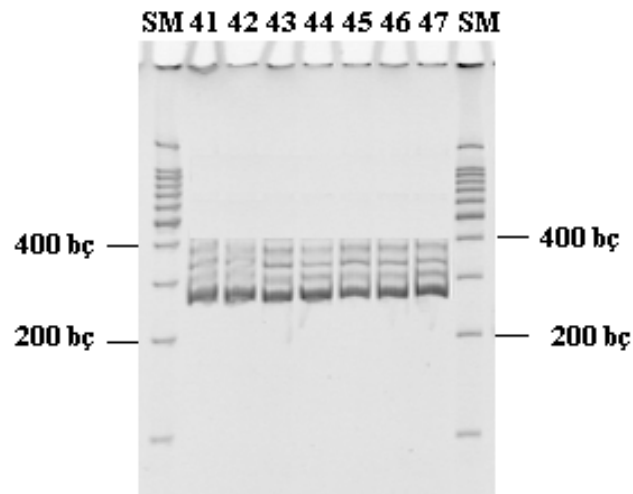
P-17 (MCW0098) lokusuna ait jel görüntüsü



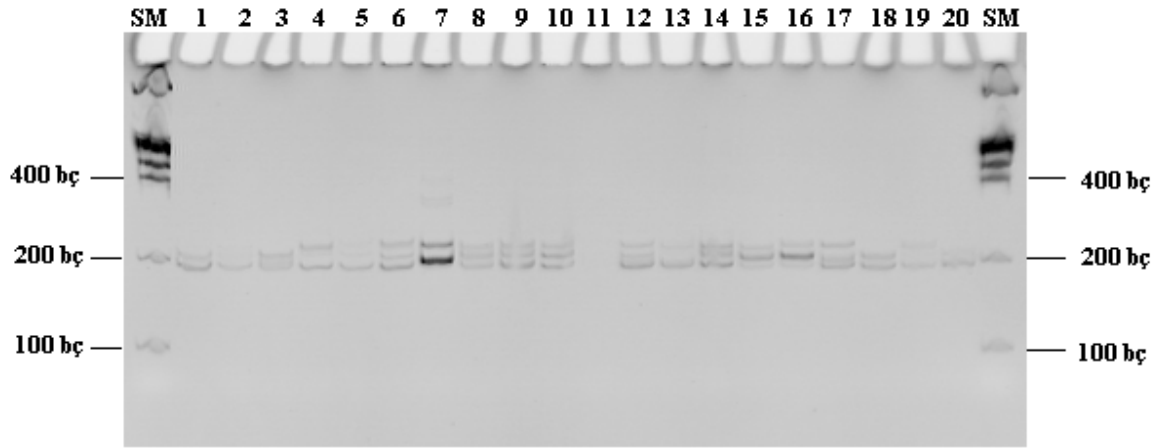
P-18 (MCW0103) lokusuna ait jel görüntüsü



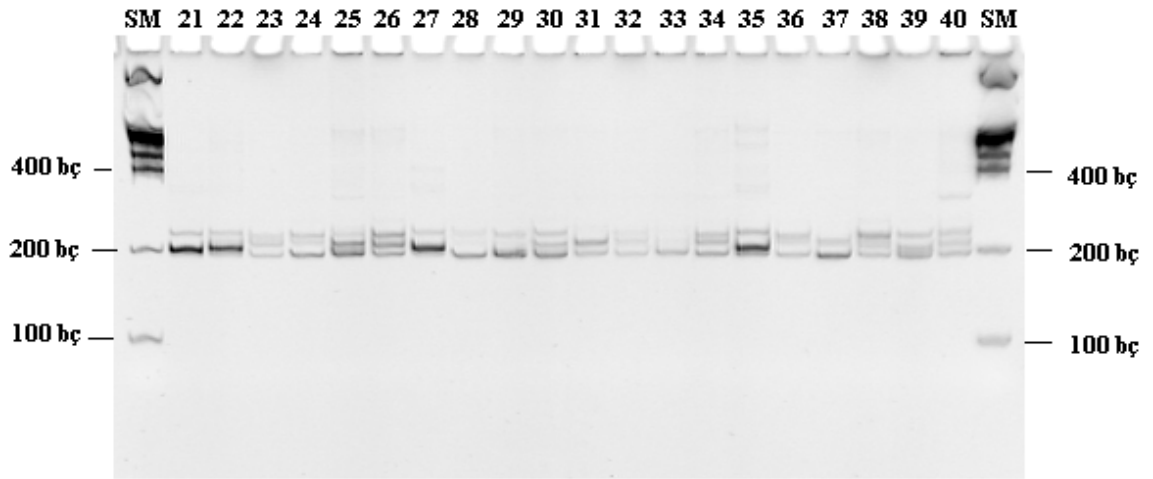
P-18 (MCW0103) lokusuna ait jel görüntüsü



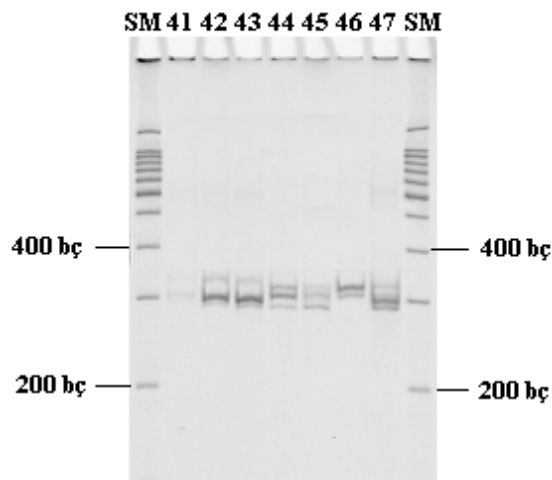
P-18 (MCW0103) lokusuna ait jel görüntüsü



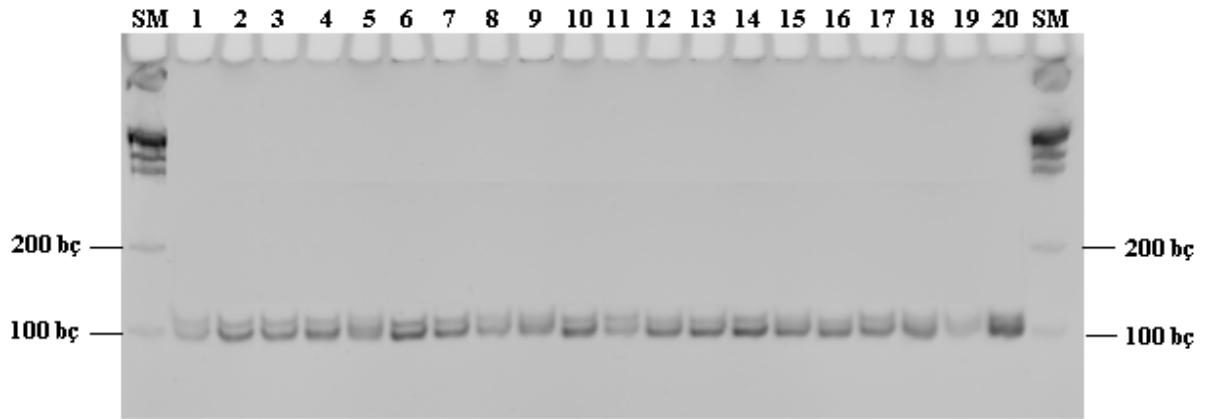
P-19 (MCW0104) lokusuna ait jel görüntüsü



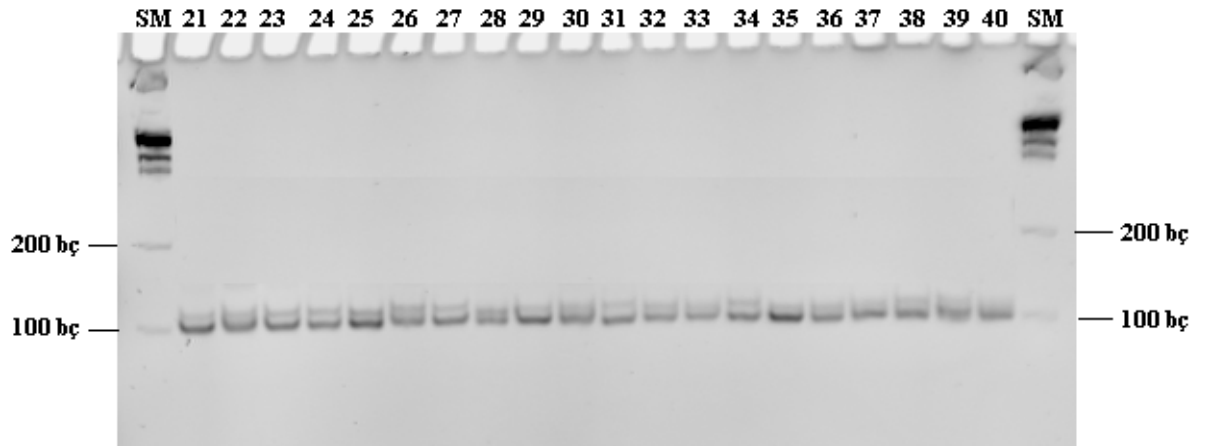
P-19 (MCW0104) lokusuna ait jel görüntüsü



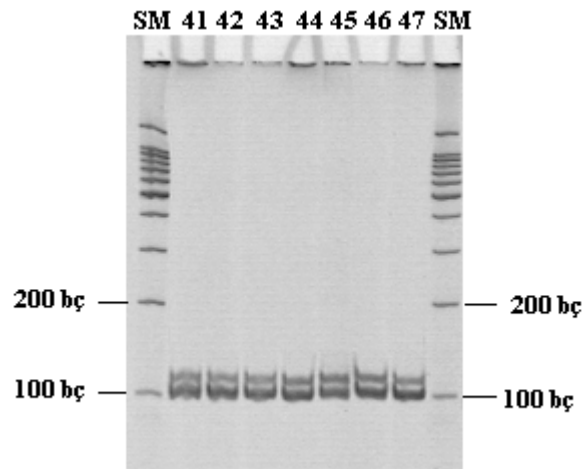
P-19 (MCW0104) lokusuna ait jel görüntüsü



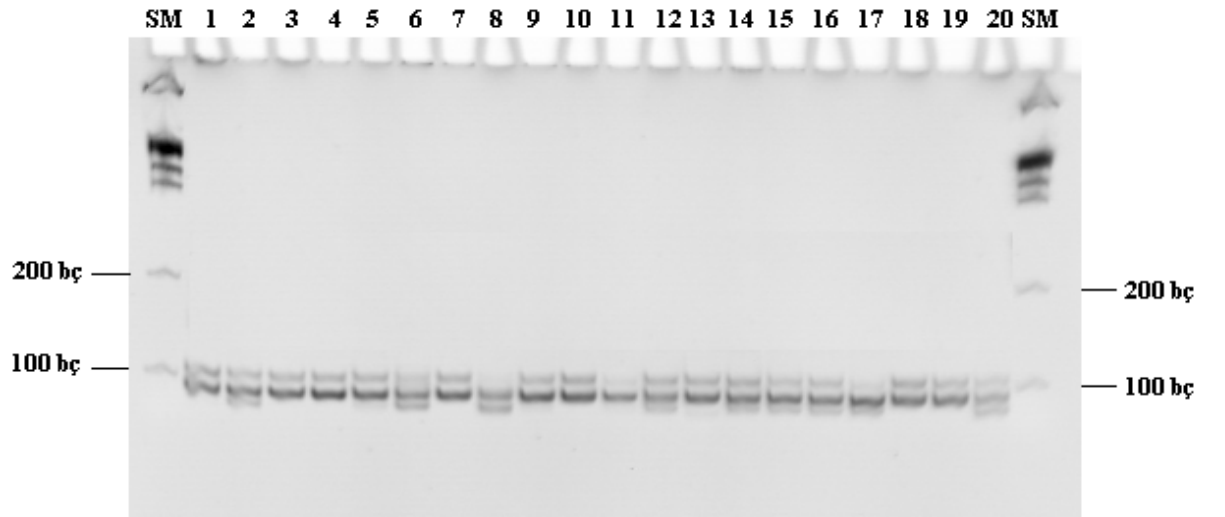
P-20 (MCW0111) lokusuna ait jel görüntüsü



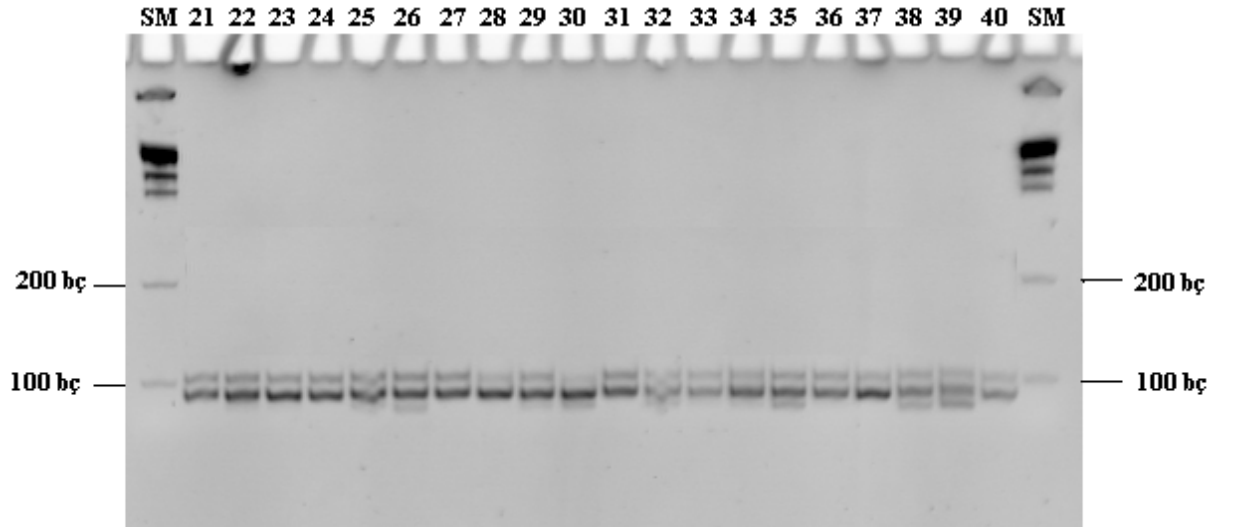
P-20 (MCW0111) lokusuna ait jel görüntüsü



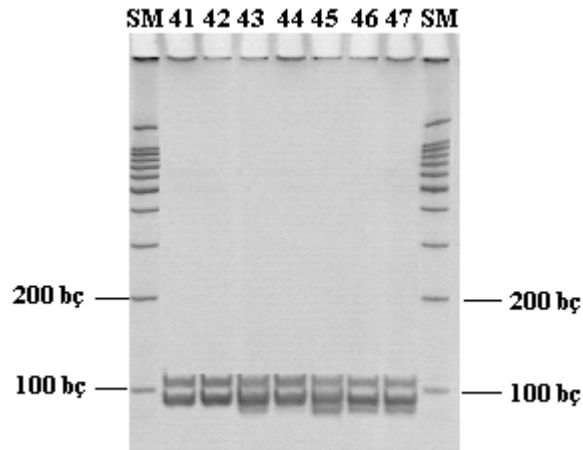
P-20 (MCW0111) lokusuna ait jel görüntüsü



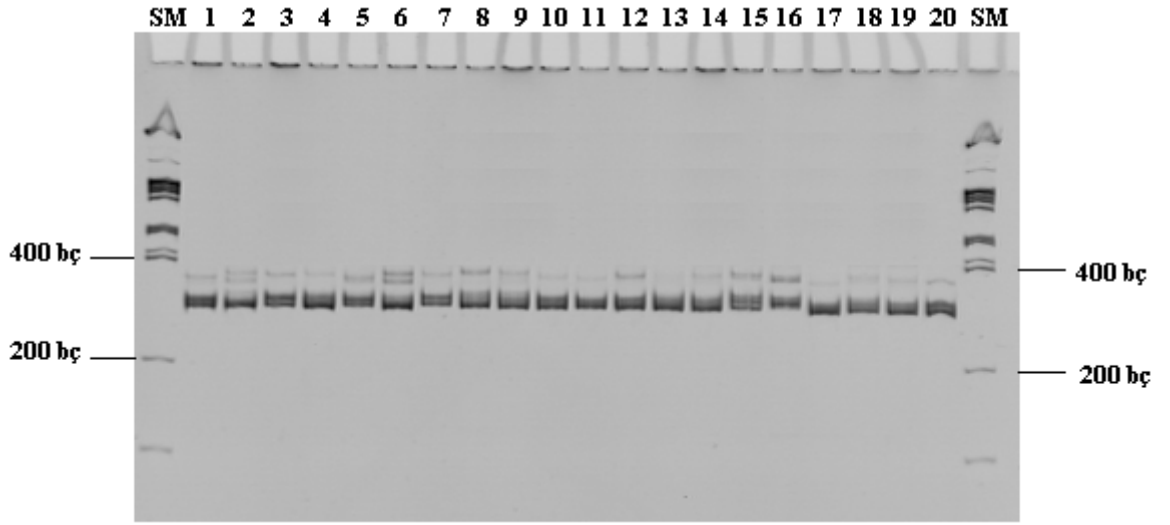
P-21 (MCW0123) lokusuna ait jel görüntüsü



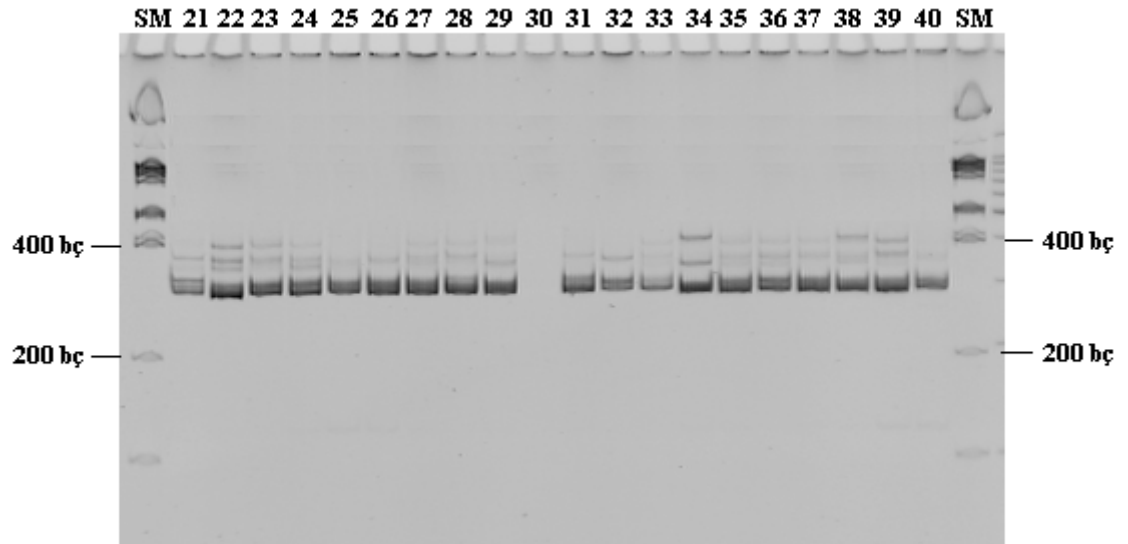
P-21 (MCW0123) lokusuna ait jel görüntüsü



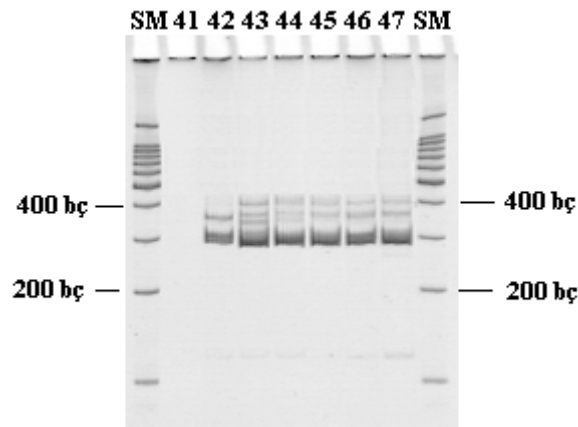
P-21 (MCW0123) lokusuna ait jel görüntüsü



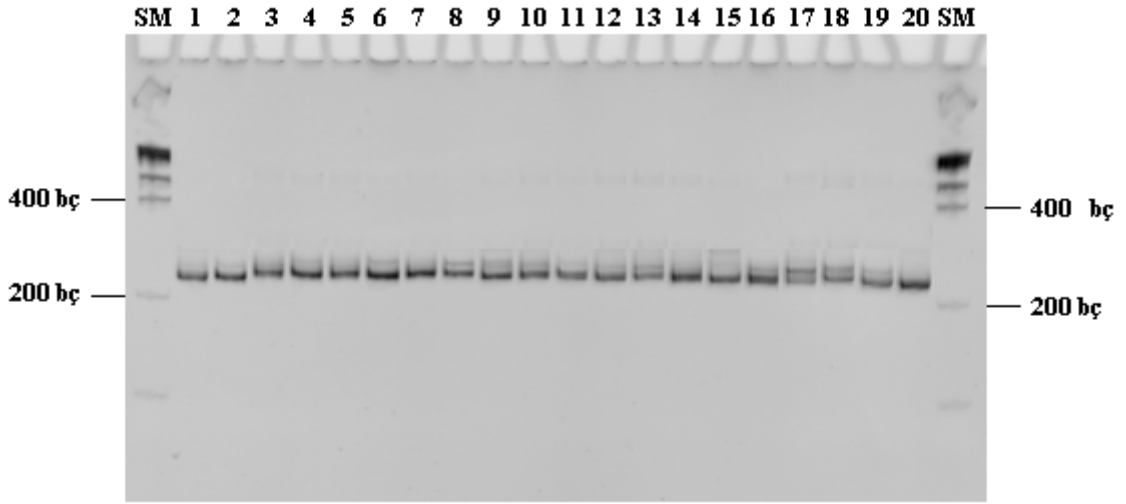
P-22 (MCW0183) lokusuna ait jel görüntüsü



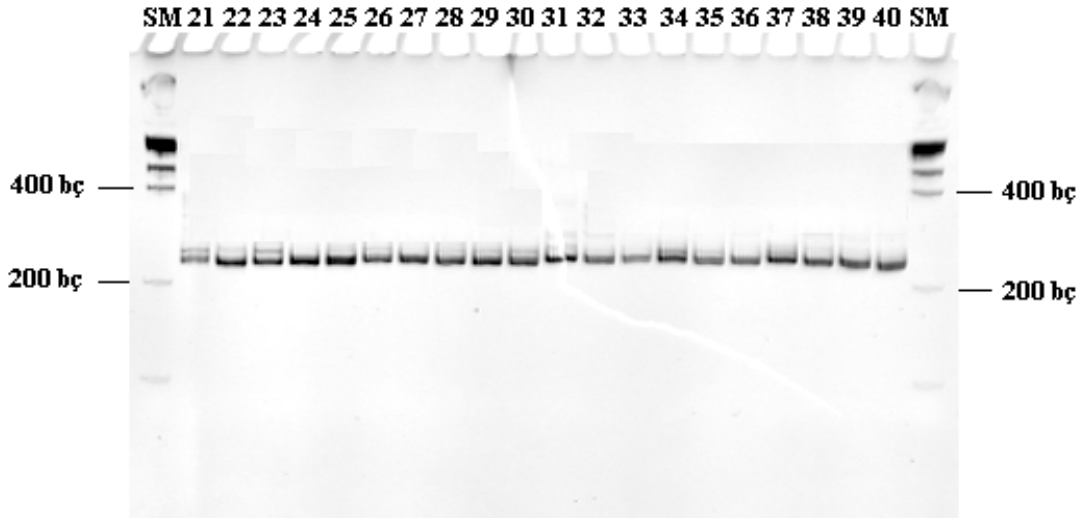
P-22 (MCW0183) lokusuna ait jel görüntüsü



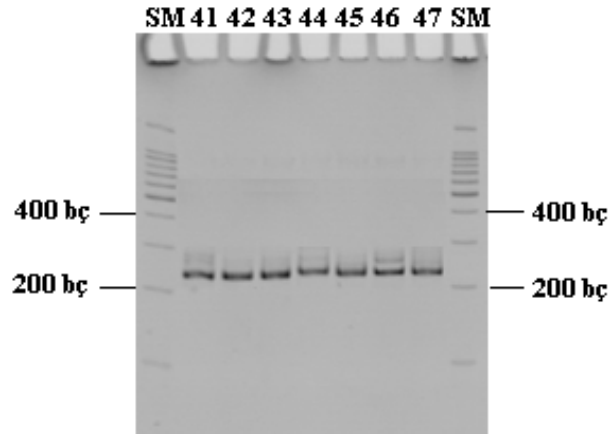
P-22 (MCW0183) lokusuna ait jel görüntüsü



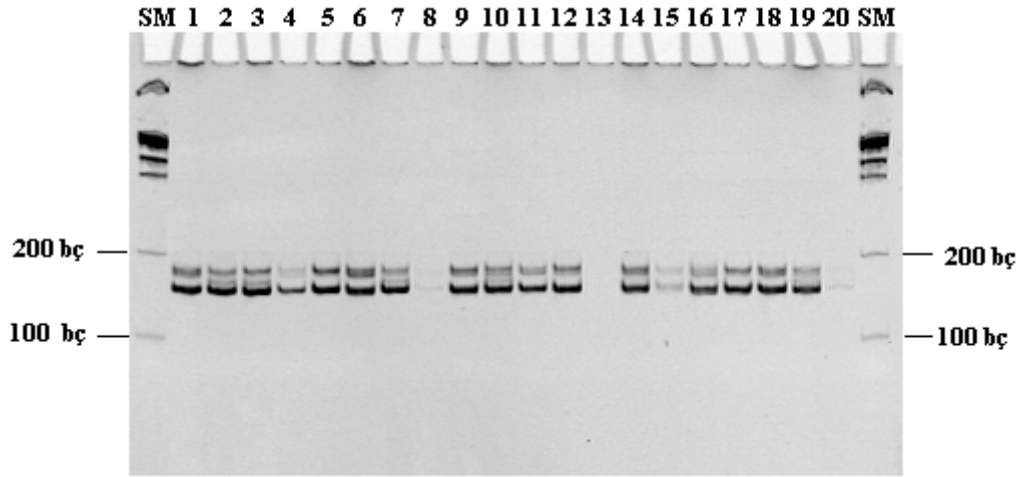
P-23 (MCW0206) lokusuna ait jel görüntüsü



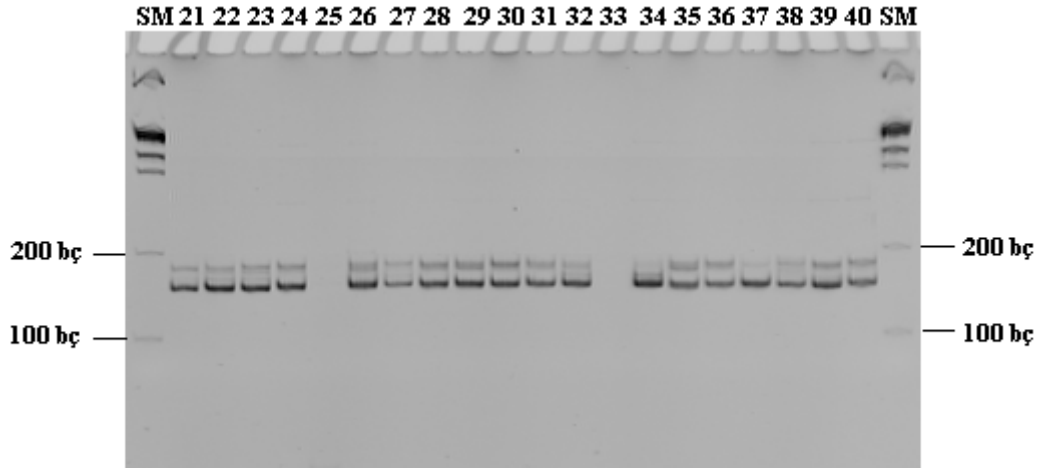
P-23 (MCW0206) lokusuna ait jel görüntüsü



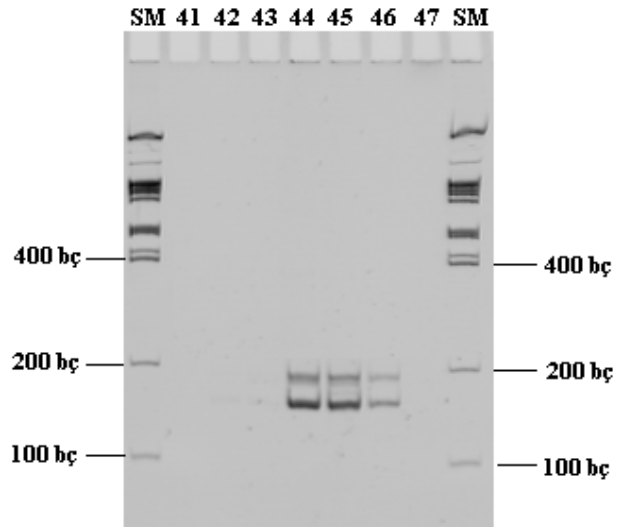
P-23 (MCW0206) lokusuna ait jel görüntüsü



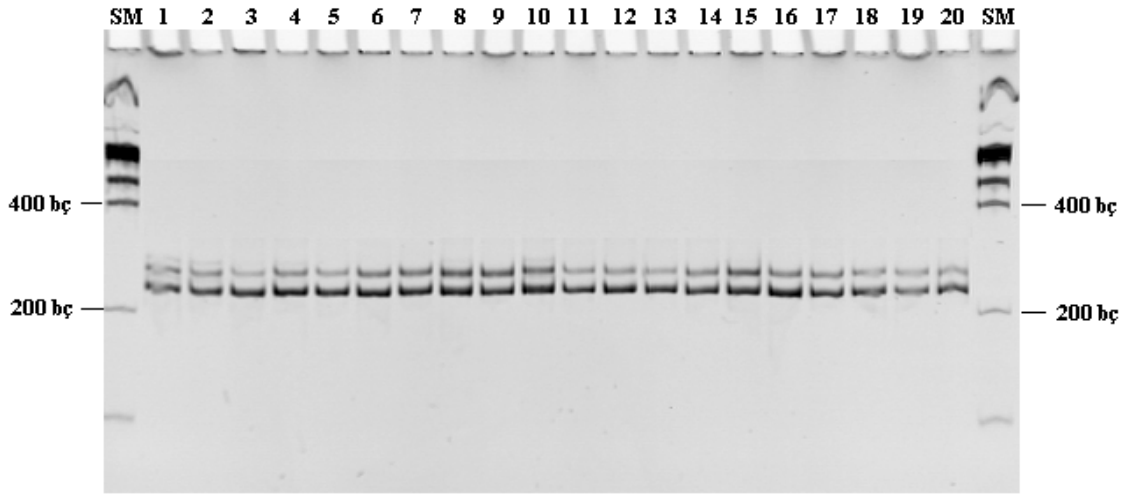
P-24 (MCW0216) lokusuna ait jel görüntüsü



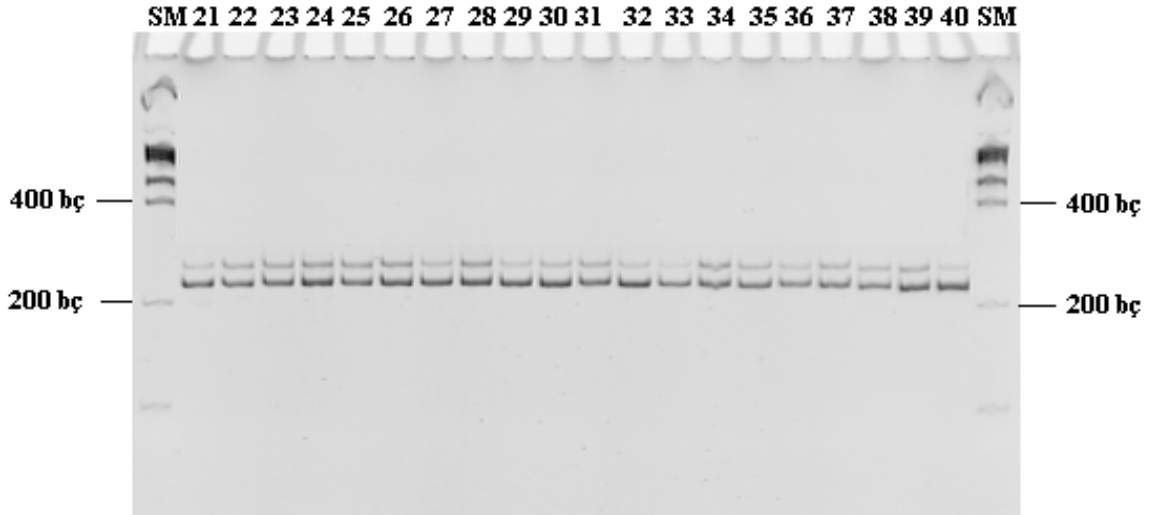
P-24 (MCW0216) lokusuna ait jel görüntüsü



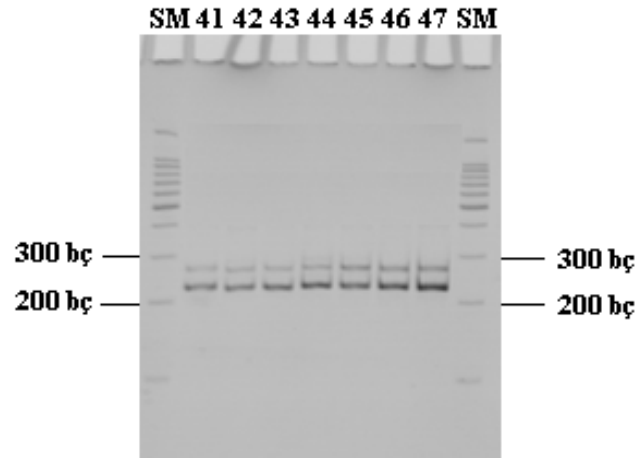
P-24 (MCW0216) lokusuna ait jel görüntüsü



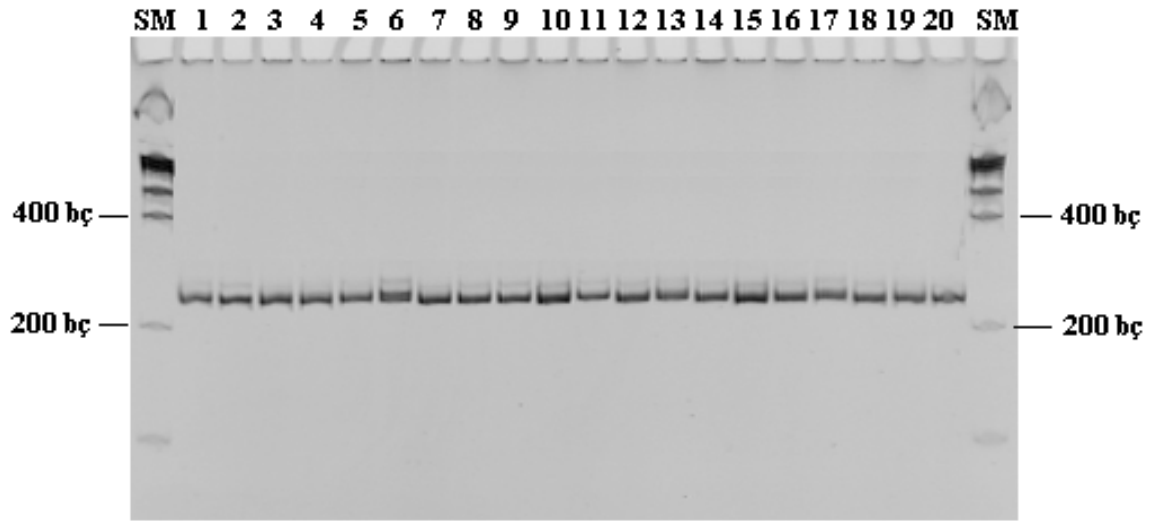
P-25 (MCW0222) lokusuna ait jel görüntüsü



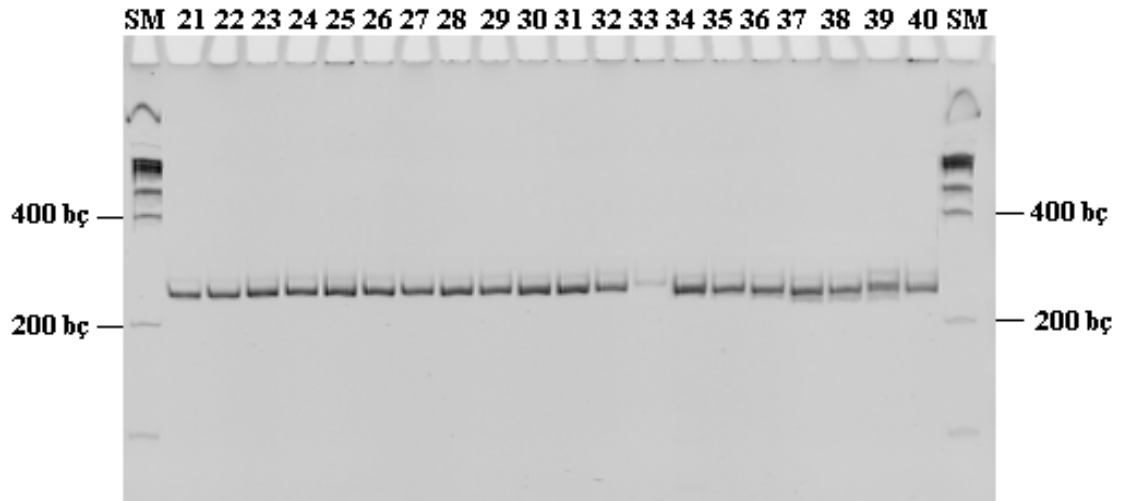
P-25 (MCW0222) lokusuna ait jel görüntüsü



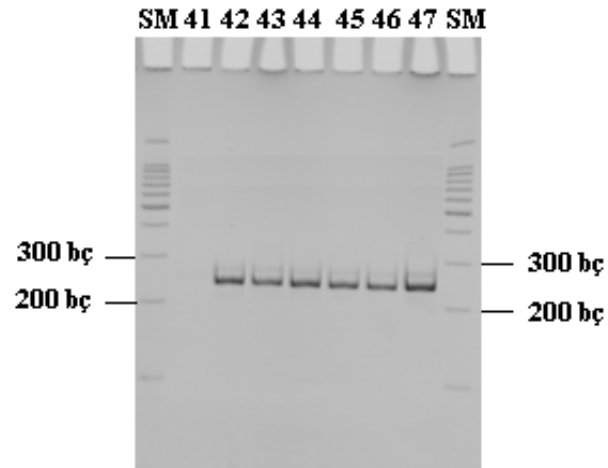
P-25 (MCW0222) lokusuna ait jel görüntüsü



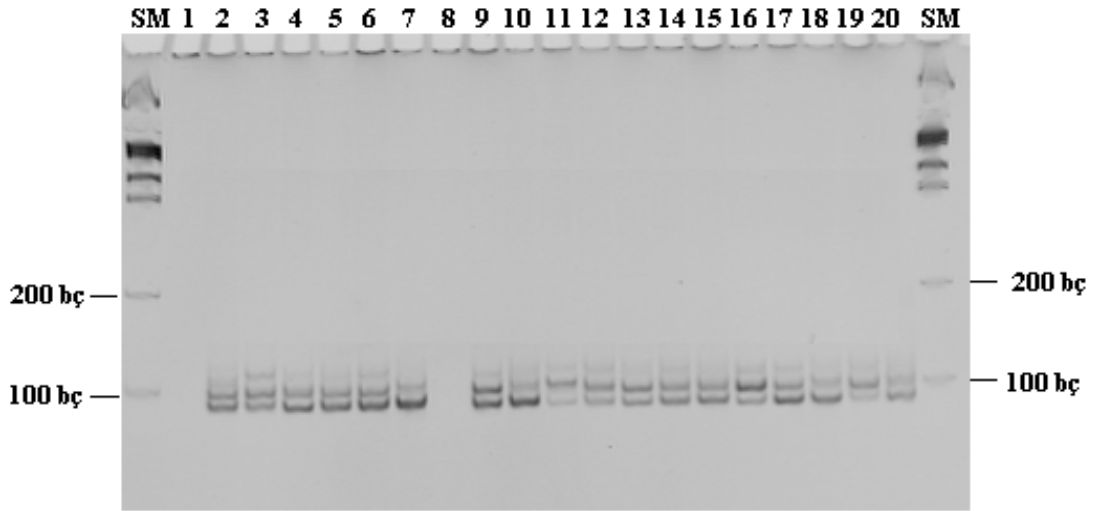
P-26 (MCW0248) lokusuna ait jel görüntüsü



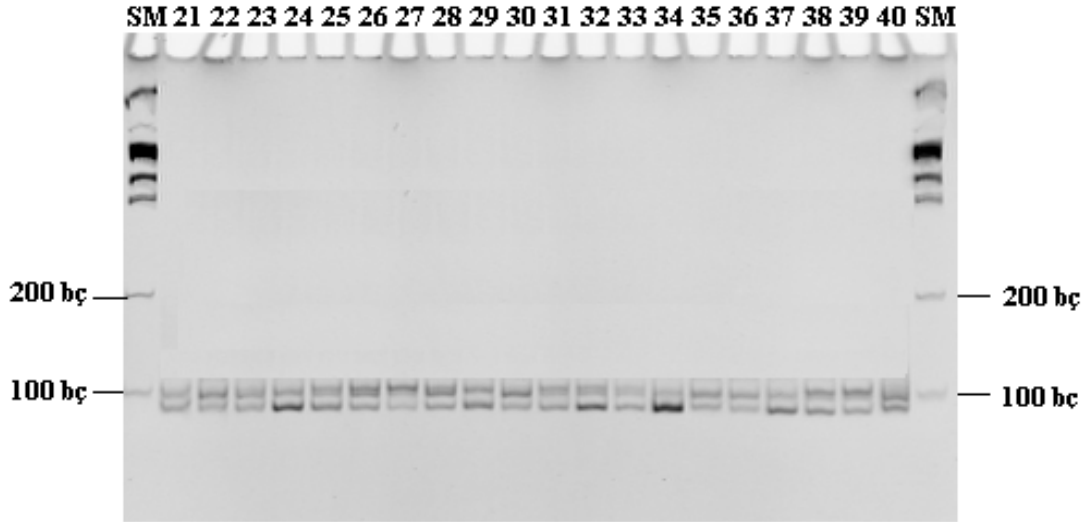
P-26 (MCW0248) lokusuna ait jel görüntüsü



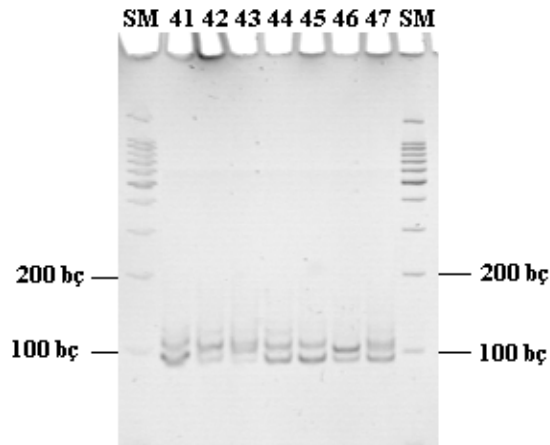
P-26 (MCW0248) lokusuna ait jel görüntüsü



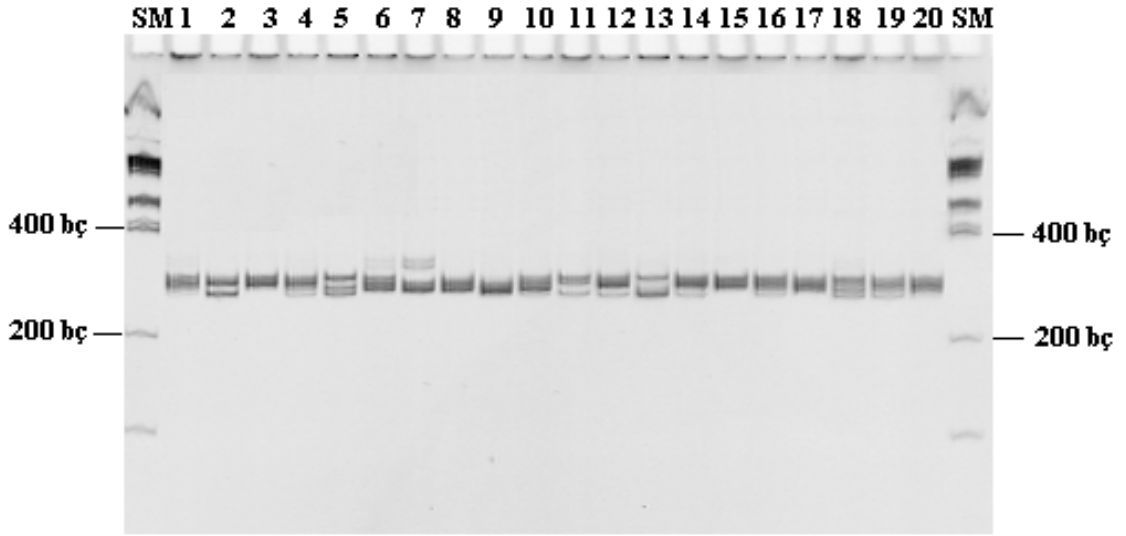
P-27 (MCW0295) lokusuna ait jel görüntüsü



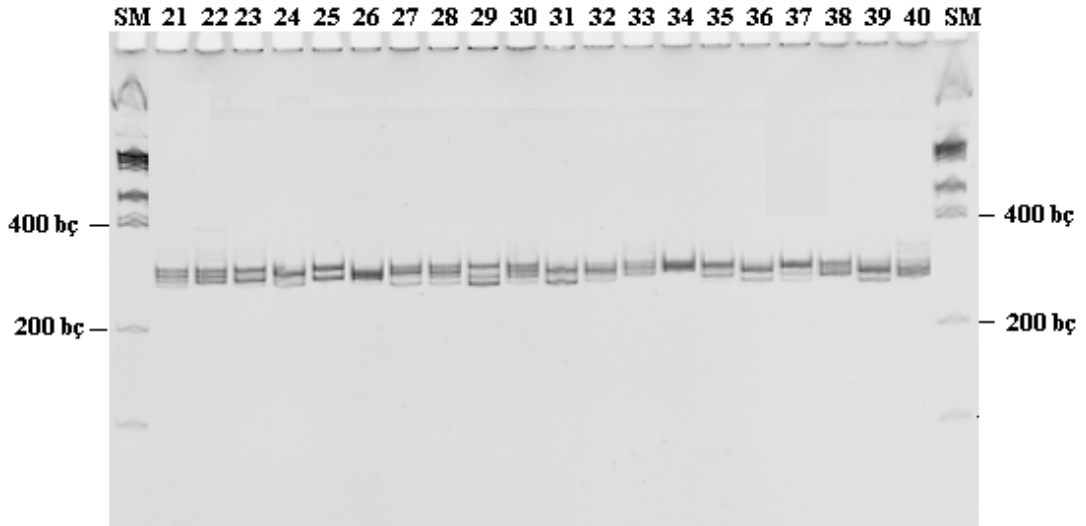
P-27 (MCW0295) lokusuna ait jel görüntüsü



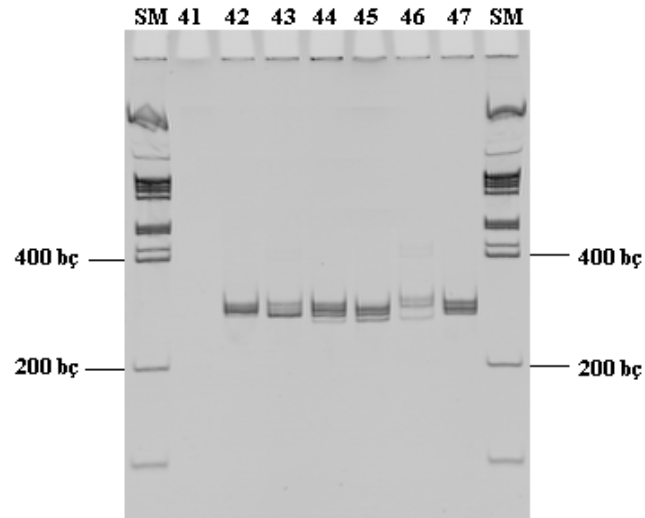
P-27 (MCW0295) lokusuna ait jel görüntüsü



P-28 (MCW0330) lokusuna ait jel görüntüsü



P-28 (MCW0330) lokusuna ait jel görüntüsü



P-28 (MCW0330) lokusuna ait jel görüntüsü

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Levent MERCAN

Doğum Yeri : Bafra/SAMSUN

Doğum Tarihi : 01.01.1979

Medeni Hali : Evli

Bildiği Yabancı Diller: İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Bafra Lisesi, 1993-1995.

Lisans : O.M.Ü Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü, 1997-2001.

Yüksek Lisans : O.M.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 2001-2004.

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl : O.M.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 2002-2010.

İletişim Bilgileri:

Cep Telefonu : 0 542 451 45 34

e-posta : lmercan@omu.edu.tr