

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

DOKTORA TEZİ

**ŞANLIURFA YÖRESİNDEKİ KÜÇÜKBAŞ HAYVANLARIN
FİLOGENETİK YAPILARININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE
BELİRLENMESİ ÇALIŞMALARI**

Selahaddin KİRAZ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ŞANLIURFA

2009

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

DOKTORA TEZİ

**ŞANLIURFA YÖRESİNDEKİ KÜÇÜKBAŞ HAYVANLARIN
FİLOGENETİK YAPILARININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE
BELİRLENMESİ ÇALIŞMALARI**

Selahaddin KİRAZ

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ŞANLIURFA

2009

Prof. Dr. Mehmet Sait EKİNCİ danışmanlığında, Selahaddin KİRİZ'in hazırladığı “Şanlıurfa Yöresindeki Küçükbaş Hayvanların Filogenetik Yapılarının Moleküler Tekniklerle Belirlenmesi Çalışmaları” konulu bu çalışma 10 / 09 / 2009 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Zootekni Anabilim Dalı'nda Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Mehmet Sait EKİNCİ

Üye : Prof. Dr. Turgay ŞENGÜL

Üye : Doç. Dr. Emin ÖZKÖSE

Üye : Doç. Dr. Abdullah CAN

Üye : Yrd. Doç. Dr. Şahin ÇADIRCI

Bu Tezin Zootekni Anabilim Dalında Yapıldığını ve Enstitümüz Kurallarına Göre Düzenlendiğini Onaylarım

Prof. Dr. Mehmet CİCİ
Enstitü Müdürü

Bu Çalışma HÜBAK Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: 761

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

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZ	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ	v
SİMGELER DİZİNİ	vi
1. GİRİŞ	1
1.1. Türkiye Koyun ve Keçi Irkları	2
1.2. Koyun ve Keçinin Taksonomisi ve Evcilleştirilmesi	3
1.2.1. Koyun ve keçinin Taksonomisi	3
1.2.2. Koyun ve keçinin Evcilleştirilmesi	6
1.3. Evcil Koyun ve Keçi Genomu	7
1.3.1. Koyun ve keçilerde mitokondriyal genomun yapısı	8
1.3.2. Koyun ve keçilerde mtDNA haplogruplar (maternal soylar)	9
1.4. Moleküler Filogenetik	12
1.4.1. Dizilerin hizalanması	13
1.4.2. Nükleotid yer değiştirme modeli	13
1.4.3. Filogenetik ağaç oluşturma	14
1.5. Çalışma sahası: Şanlıurfa yöresi	15
1.6. Çalışmanın Amaçları	16
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	17
2.1. Keçiler Üzerinde Yapılan Filogenetik Çalışmalar	17
2.2. Koyunlarda Üzerinde Yapılan Filogenetik Çalışmalar	24
3. MATERYAL ve YÖNTEM	33
3.1. Hayvan Materyali ve Örnek Toplama	33
3.2. Moleküler Çalışmalar	34
3.2.1. DNA İzolasyonu	34
3.2.2. DNA agaroz jel elektroforezi	35
3.2.3. Primerlerin Tasarlanması	36
3.2.4. Koyun ve keçi 12S rRNA, <i>Cyt b</i> ve D-loop gen bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)	40
3.2.5. DNA Dizileme	41
3.3. 12S rRNA, <i>Cyt b</i> ve D-loop gen dizilerinin değerlendirilmesi	41
3.4. DNA Polimorfizmi ve Filogenetik Analizler	49
3.4.1. DNA Polimorfizmi	49
3.4.2. Filogenetik analizler	50
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	52
4.1. Moleküler Analiz Bulguları	52
4.1.1. Genomik DNA izolasyonu	52
4.1.2. PZR Sonuçları	53
4.2. Dizileme sonuçları	59
4.3. Filogenetik Analiz Sonuçları	60
4.3.1. Şanlıurfa yöresi Kıl ve Kilis keçilerinde mitokondriyal 12S rRNA, <i>Cyt b</i> ve D-loop gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	60
4.3.1.1. 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	60
4.3.1.2. <i>Cyt b</i> gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	66
4.3.1.3. D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	70
4.3.2. Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunlarında mitokondriyal 12S rRNA, <i>Cyt b</i> ve D-loop gen dizisine göre filogenetik analizler	86
4.3.2.1. 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	86
4.3.2.2. <i>Cyt b</i> gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	91
4.3.2.3. D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler	98
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	110
KAYNAKLAR	115

ÖZGEÇMİŞ	120
ÖZET	121
SUMMARY	125
EKLER	129

ÖZ

Doktora Tezi

ŞANLIURFA YÖRESİNDEKİ KÜÇÜKBAŞ HAYVANLARIN FİLOGENETİK YAPILARININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE BELİRLENMESİ ÇALIŞMALARI

Selahaddin KİRAZ

Harran Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Mehmet Sait EKİNCİ
İkinci Danışman: Yrd. Doç. Dr. Seyrani KONCAGÜL
Yıl: 2009, Sayfa: 181

Bu çalışmada, Şanlıurfa yöresindeki küçükbaş hayvanların filogenetik yapıları moleküler tekniklerle belirlenmeye çalışılmıştır. Araştırmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen Akkaraman (AK) ve İvesi (IV) koyunları ile Kıl (KL) ve Kilis (KS) keçi ırkları oluşturmuştur. Koyun ve keçilerden genomik DNA izolasyonu için kıl örnekleri toplanmış ve tüm örneklerden genomik DNA izole edilmiştir. Koyun ve keçi DNA örneklerinde mitokondriyal D-loop bölgesi, 12S rRNA ve Sitokrom b (*Cyt b*) gen bölgelerini çoğaltmak için gerekli ileri ve geri primerler tasarlanmıştır. Koyun ve keçi 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu tekniği (PZR) ile çoğaltılmıştır. PZR ürünlerinin gen dizi bilgileri elde edilmiştir. Populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d) ve nükleotid farklılığı (π) değerleri hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki keçi haplotiplerin D-loop dizileri ve referans dizi (A, B, C, D, F ve G soyları için) ile birlikte oluşturulan Neighbor-Joining (N-J) filogenetik ağaçta, 31 haplotipin, 29'u A soyunda, 2'si (KL05 ve KS16) G soyunda yer almıştır. Bununla beraber Kıl ve Kilis keçilerinde G soyunun varlığı ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. Koyun haplotiplere ait *Cyt b* gen dizileri ile referans diziler (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan N-J filogenetik ağaçta, 16 haplotipten, 6'sı B soyunda (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05), 1'i A soyunda (IV12), 1'i E soyunda (AK04) 5'i C soyunda (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, IV03) yer almış, AK06 ve IV13 farklı kümelenmiştir. Koyun haplotiplere ait D-loop diziler ile referans dizilerle birlikte oluşturulan N-J filogenetik ağaçta, 27 haplotipten, 9'u B soyunda (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01), 9'u A soyunda (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14), 7'si C soyunda (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01) yer almıştır. AK03 ve AK09 ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır ve sadece E grubu ile yakınlaşmıştır. Benzer şekilde AK14 koyunu filogenetik ağaçta A grubuna yakınlaşmıştır. Sonuç olarak, Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçilerinde; 12S rRNA, Sitokrom b, D-loop bölgesi gen dizileri belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerine göre koyun ve keçilerde mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylar), haplotipler ve yabani türler arasında filogenetik ilişkiler belirlenmiştir.

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

ABSTRACT

PhD Thesis

STUDIES ON PHYLOGENETIC PROFILES OF SMALL RUMINANT ANIMALS IN ŞANLIURFA REGION USING MOLECULAR TECHNIQUES

Selahaddin KİRAZ

Harran University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Animal Genetics

Supervisors : Prof. Dr. Mehmet Sait EKINCI
Yrd. Doç. Dr. Seyrani KONCAGÜL
Year: 2009, Page: 181

In this research, determination of phylogenetic tree of sheep and goats in Şanlıurfa province using molecular techniques was the main goal. White Karaman (AK) and Awassi sheep (IV) breed, and Kilis (KS) and Hair (KL) goat breeds raised in Şanlıurfa province were used as the animal materials. Fleece and hair samples were collected for genomic DNA isolation in sheep and goats, and genomic DNAs were isolated in all the samples. In DNA samples, necessary forward and reverse primers were designed to amplify mitochondrial D-loop, 12S rRNA and Cytochrome b (*Cyt b*) gene region. Mitochondrial D-loop, 12S rRNA and *Cyt b* gene region were amplified by applying polymerase chain reaction (PCR) technique, and gene sequence information of PCR products were obtained. The rate of G+C, number of polymorphic site (S), number of haplotypes (h), haplotype diversity (H_d), nucleotide diversity (π) and total number of region for all populations were calculated. Neighbor-Joining (N-J) phylogenetic tree formed in this research using goat haplotype D-loop sequences and 22 reference sequences (for A, B, C, D, F and G lineages), 29 haplotypes of 31 haplotypes were in A lineage, and 2 haplotypes (KL05 and KS16) were in G lineage. In addition, the existence of G lineage in Hair and Kilis goats was determined first in this research. N-J phylogenetic tree formed in this research using sheep haplotype *Cyt b* sequences and reference sequences (for A, B, C, D and E lineage), 6 haplotypes (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05) out of 16 haplotypes were in B lineage, 1 haplotype (IV12) were in A lineage, 1 haplotype (AK04) were in E lineage, 5 haplotypes (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, and IV03) were in C lineage, and AK06 and IV13 were in different group. N-J phylogenetic tree formed in this research using sheep haplotype D-loop sequences and reference sequences, 9 haplotypes (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01) out of 27 haplotypes were in B lineage, 9 haplotypes (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14) were in A lineage, 7 haplotypes (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01) were in C lineage. AK03 and AK09 were in different group, and they were closer to E lineage. Similarly, AK14 sheep in phylogenetic tree were closer to A lineage. In conclusion, in White Karaman and Awassi sheep, and Hair and Kilis goats raised in Şanlıurfa province; gene sequences of 12S rRNA, *Cyt b*, D-loop regions were determined. Based on gene sequences information, sheeps and goats, the phylogenetic relationship among mtDNA polymorphism, mtDNA haplotypes and haplogroups, haplotypes and wild strains.

KEY WORDS: sheep, goat, mtDNA, phylogenetic, molecular techniques

TEŞEKKÜR

Tez çalışmam süresince yardımlarını esirgemeyen, bilgi ve tecrübesi ile büyük katkıları olan danışman hocalarım Prof. Dr. Mehmet Sait EKİNCİ ve Yrd. Doç. Dr. Seyrani KONCAGÜL'e;

Tez çalışmam süresince bilimsel katkılar sağlayan tez izleme komitemdeki hocalarım Prof. Dr. Turgay ŞENGÜL ve Doç. Dr. Emin ÖZKÖSE'ye;

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü Biyoteknoloji ve Gen Mühendisliği Laboratuvarı'ndaki başta Yrd. Doç. Dr. İsmail AKYOL, Öğr. Gör. Bülent KAR, Dr. Uğur ÇÖMLEKÇİOĞLU olmak üzere tüm çalışma arkadaşlarıma;

Tez çalışmamın çeşitli aşamalarında akademik ve manevi destekleri dolayısıyla Yrd. Doç. Dr. Şahin ÇADIRCI hocama;

Doktora çalışmalarımı yapmak için Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü Biyoteknoloji ve Gen Mühendisliği Laboratuvarı'nda görevlendirme taleplerime olur veren başta dekanımız Prof. Dr. Mehmet Ali ÇULLU olmak üzere Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi ve Üniversite Yönetim Kurulu Üyelerine;

Doktora tezime maddi destek sağlayan Harran Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Komisyonu Başkanlığı'na;

Üzerimde büyük emekleri olan başta Prof. Dr. Ercan EFE hocam olmak üzere Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü öğretim elamanlarına;

Her zaman desteklerini ve emeklerini esirgemeyen aileme;

Her zaman ve her türlü şartlarda bana destek, sevgi ve emeğini esirgemeyen meslektaşım ve biricik eşim Arş. Gör. Ayfer BOZKURT KİRAZ'a;

Yaşam kaynağım biricik oğlum Aziz Ercan KİRAZ'a;

Sevgilerimi, saygılarımı ve sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1.1. Yaban keçilerde beş büyük morfotipin boynuz morfolojisi	5
Şekil 1.2. Fertile Crescent Bölgesi	7
Şekil 1.3. Keçi mtDNA soyları	10
Şekil 1.4. Koyun mtDNA soyları	11
Şekil 1.5. Keçi mtDNA haplogruplarının coğrafik dağılımı	12
Şekil 2.1. Evcil ve yabani koyun ırkları (a) D-loop ve (b) <i>Cyt b</i> mtDNA tiplerinin NJ ağaçları ..	28
Şekil 3.1. Çalışma sahası: Şanlıurfa yöresi	33
Şekil 3.2. İleri (Forward) zincire ait kromatoğram (Örnek: AK01_F.ab1)	43
Şekil 3.3. Geri (Reverse) zincire ait kromatoğram (Örnek: AK01_R.ab1)	44
Şekil 3.4. AK01_F ve AK01_R dizi bilgileri (AKA01.txt dosyası)	45
Şekil 3.5 AK01 F/R zincir dizilerinin RefSeq (NC_001941) ile hizalanması	47
Şekil 3.6. AK01 örneği için ilk aşama dizi bilgileri	48
Şekil 4.1. Kıl keçilerinden izole edilen DNA'lar	52
Şekil 4.2. Kilis keçilerinden izole edilen DNA'lar	52
Şekil 4.3. Akkaraman koyunlarından izole edilen DNA'lar	53
Şekil 4.4. İvesi koyunlarından izole edilen DNA'lar	53
Şekil 4.5. Kıl keçilerinden 12S <i>cyt b</i> D-loop PZR ürünü jel görüntüsü	55
Şekil 4.6. Kilis keçilerinden 12S <i>cyt b</i> D-loop PZR	56
Şekil 4.7. Akkaraman koyunlarından 12S <i>cyt b</i> D-loop PZR	57
Şekil 4.8. İvesi koyunlarından 12S <i>cyt b</i> D-loop PZR	58
Şekil 4.9. Kıl keçisi 12S rRNA geni ileri (forward) zincir kromatoğramı	59
Şekil 4.10. Kıl keçilerinde 12S rRNA genine göre UPGMA ağacı	62
Şekil 4.11. Kilis keçilerinde 12S rRNA genine göre UPGMA ağacı	63
Şekil 4.12. Keçi haplotipleri, <i>Capra hircus</i> (NC_005044) ve yabani keçi türleri NJ ağaçları	65
Şekil 4.13. Kıl keçilerinde <i>Cyt b</i> genine göre UPGMA ağacı	68
Şekil 4.14. Kilis keçilerinde <i>Cyt b</i> genine göre UPGMA ağacı	68
Şekil 4.15. Keçi haplotipleri ve Evcil keçi [<i>C. aegagrus</i>] türlerinde filogenetik ilişkiler	69
Şekil 4.16. Kilis keçilerinde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı	71
Şekil 4.17. Kilis keçilerinde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı	71
Şekil 4.18. Keçi haplotiplerinde D-loop bölgesine göre NJ ağacı	76
Şekil 4.19. Keçi haplotiplerinde D-loop bölgesine göre köksüz NJ ağacı	77
Şekil 4.20. Keçi haplotipleri ve referans haplogrup dizileri NJ ağacı	79
Şekil 4.21. Akkaraman koyunlarında 12S rRNA gen bölgesine göre UPGMA ağacı	81
Şekil 4.22. İvesi koyunlarında 12S rRNA gen bölgesine göre UPGMA ağacı	82
Şekil 4.23. Koyun 12S rRNA gen bölgesine haplogruplar	83
Şekil 4.24. Keçi haplotipleri ve referans haplogrup dizileri NJ ağacı	84
Şekil 4.25. Keçi haplotipleri ve Evcil keçi [<i>C. aegagrus</i>] türlerinde filogenetik ilişkiler	88
Şekil 4.26. Keçi haplotipleri, Türkiye evcil keçi ve yabani keçilerde filogenetik ilişkiler	89
Şekil 4.27. Keçi haplotipleri, Türkiye evcil keçi ve yabani keçilerde NJ filogenetik ağaç	90
Şekil 4.28. Koyun haplotipleri ile yabani türler arasında filogenetik ilişkiler	91
Şekil 4.29. Akkaraman koyunlarında <i>Cyt b</i> gen bölgesine göre UPGMA ağacı	95
Şekil 4.30. İvesi koyunlarında <i>Cyt b</i> gen bölgesine göre UPGMA ağacı	95
Şekil 4.31. <i>Cyt b</i> gen dizisine göre Koyun haplogrupları	97
Şekil 4.32. Akkaraman koyunlarında D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı	99
Şekil 4.33. İvesilerde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı	100
Şekil 4.34. D-loop bölgesine göre haplogruplar	106
Şekil 4.35. D-loop bölgesine göre haplogrupları içeren filogenetik ağaç	108
Şekil 4.36. D-loop bölgesine göre haplogrupları içeren köksüz filogenetik ağaç	109

ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa No
Çizelge 1.1. Koyun ve Keçinin Sistematikteki Yeri	4
Çizelge 1.2. Koyun ve keçi türleri (species) ve alttürleri (subspecies)	4
Çizelge 1.3. Koyun ve keçi mtDNA genlerinin baz uzunlukları ve bölgeleri	9
Çizelge 2.1. Türkiye ve İsrail orjinli koyun ırklarının mitokondriyal haplogrup dağılımı	31
Çizelge 3.1. Şanlıurfa yöresinde yetiştirilen koyun ve keçilerden toplanan örnek sayısı	34
Çizelge 3.2. PZR işlemi için tasarlanan primerler	37
Çizelge 3.3. PZR bileşenleri	40
Çizelge 3.4. PZR amplifikasyon şartları	40
Çizelge 3.5. Dizi veri setleri	48
Çizelge 3.6. Keçilerde Referans olarak verilen mtDNA Haplogruplar	51
Çizelge 4.1. Keçilerde 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi	61
Çizelge 4.2. Kıl keçisi 12S rRNA haplotipleri arasında genetik farklılıklar	61
Çizelge 4.3. Kıl keçisi 12S rRNA haplotipleri arasında genetik farklılıklar	62
Çizelge 4.4. Keçilerde 12S rRNA gen bölgesine göre belirlenen haplotipler	64
Çizelge 4.5. Keçilerde <i>Cyt b</i> gen dizisine göre DNA polimorfizmi	66
Çizelge 4.6. Kıl keçisi <i>Cyt b</i> gen haplotipleri arasında genetik farklılıklar	67
Çizelge 4.7. Keçilerde <i>Cyt b</i> gen bölgesine göre belirlenen haplotipler	67
Çizelge 4.8. Keçilerde D-loop gen dizisine göre DNA polimorfizmi	70
Çizelge 4.9. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik farklılıklar	73
Çizelge 4.10. Kilis keçisi haplotipleri arasında genetik farklılıklar	74
Çizelge 4.11. Keçilerde D-loop gen bölgesine göre belirlenen haplotipler	75
Çizelge 4.12. Keçi haplotiplerinin haplogruplara dağılımı	78
Çizelge 4.13. Filogenetik analizde kullanılan Türkiye yerli ve yabancı keçileri	80
Çizelge 4.14. Evcil keçi haplogrupları ve yabancı türler arasında D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar	85
Çizelge 4.15. Koyunlarda 12S rRNA gen bölgesine göre DNA polimorfizmi	87
Çizelge 4.16. Akkaraman haplotipleri arasında 12S rRNA genine göre genetik uzaklıklar	87
Çizelge 4.17. İvesi haplotipleri arasında 12S rRNA genine göre genetik uzaklıklar	87
Çizelge 4.18. Koyunlarda 12S rRNA gen bölgesine göre belirlenen haplotipler	88
Çizelge 4.19. Koyunlarda <i>Cyt b</i> gen bölgesine göre DNA polimorfizmi	92
Çizelge 4.20. Koyunlarda <i>Cyt b</i> gen bölgesine göre belirlenen haplotipler	93
Çizelge 4.21. Akkaraman haplotipleri arasında <i>Cyt b</i> genine göre genetik uzaklıklar	94
Çizelge 4.22. İvesi haplotipleri arasında <i>Cyt b</i> genine göre genetik uzaklıklar	94
Çizelge 4.23. Koyunlarda D-loop bölgesine göre DNA polimorfizmi	98
Çizelge 4.24. Koyun haplotipleri ve D-loop bölgesinde polimorfik bölgeler	102
Çizelge 4.25. Akkaraman haplotipleri arasında D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar	103
Çizelge 4.26. İvesi haplotipleri arasında D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar	104

SİMGELER DİZİNİ

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

1. GİRİŞ

İnsan uygarlığının gelişimine paralel olarak koyun ve keçiler evciltirilerek geliştirilmiş ve bugün Dünya'nın bütün kıtalarına yayılmıştır. Etinden, sütünden, lifinden ve derisinden yararlanılan önemli çiftlik hayvanlarıdır. Küçükbaş hayvanların bakım ve beslemesinin kolay olması, zayıf otlakları iyi değerlendirmesi, hastalık ve soğuğa dayanıklı olması, elde edilen ürünlerin değerli olması nedeniyle yetiştiriciliği yaygın olarak yapılmaktadır. Özellikle, tarımsal faaliyette bulunan küçük aile işletmelerinin en güvenilir kaynağı küçükbaş hayvancılıktır.

Dünya'da koyun ve keçi varlığı kıtalara, ülkelere ve aynı ülkenin çeşitli bölgelerine göre değişmektedir. Dünya'da koyun varlığı 1 079 735 160 baş olarak belirtilmiştir (FAO, 2005). Dünya'da ülkelere göre koyun varlığı ve koyun varlığındaki pay dağılımı incelendiğinde 170 882 215 (%15.8) baş ile Çin 1. sırada, 106 000 000 (%9.8) baş ile Avustralya 2. sırada, 62 500 000 (%5.8) baş ile Hindistan 3. sırada, 54 000 000 (%5.0) baş ile İran 4. sırada yer almaktadır. Türkiye 25 201 156 baş koyun varlığı ile Dünya'da %2.3'lük bir paya sahiptir (FAO, 2005).

Dünya'da keçi varlığı 807 245 283 baş olarak belirtilmiştir (FAO, 2005). Dünya'da ülkelere göre keçi varlığı ve keçi varlığındaki pay dağılımı incelendiğinde 195 758 954 (%24.2) baş ile Çin 1.sırada, 120 000 000 (%14.9) baş ile Hindistan 2. sırada, 56 700 000 (%7.0) baş ile Pakistan 3. sırada, 42 000 000 (%5.2) baş ile Sudan 4. sırada yer almaktadır. Türkiye 6 609 037 baş keçi varlığı ile Dünya'da %0.8'lik bir paya sahiptir (FAO, 2005).

Türkiye'de mevcut büyükbaş ve küçükbaş hayvanlardan toplam 8 408 566 ton süt, 420 597 ton et ve 6 987 373 adet deri üretilmektedir (DİE, 2002). Üretilen süt miktarının %7.8'i koyunlardan (657 387 ton), %2.5'i keçilerden (209 621 ton), üretilen et miktarının %18'i koyunlardan (75 828 ton), %3.7'si keçilerden (15 454

ton), üretilen deri miktarının %61'i koyunlardan (4 261 562 ton), %11.4'ü keçilerden (792 943 ton) elde edilmektedir. Ayrıca koyunlardan 38 244 ton yapağı, keçilerden 2589 ton kıl ve 318 ton tiftik üretilmektedir (DİE, 2002).

Türkiye'de koyun ve keçi varlığının son çeyrek yüzyılda yarıdan fazlası azalmıştır. Bu azalma her geçen gün artmaktadır. Bu durum yerli gen kaynaklarının korunmasını gündeme getirmektedir. Türkiye yerli hayvan gen kaynakları açısından zengin genetik çeşitliliğe sahiptir. Yerli gen kaynaklarının korunması amacıyla; ırkların genetik yapıları belirlenmeli, sürü kayıtları tutulmalı (pedigri kayıtları), ırkların envanter çalışması yapılmalı, yetiştirici birlikleri kurulmalı, yerli ırklarda süt ve et verimi için uygun seleksiyon kriterleri belirlenmelidir (Soysal ve ark., 2003a). Tüm bu aşamaları başarı ile sonuçlandırmak için en önemli ve öncelikli yapılması gereken aşamanın, yerli ırkların genetik yapılarının belirlenmesi, ırklar arası ve ırklar içi farklılıkların incelenmesi gerektiği bildirilmiştir (Soysal ve ark., 2003b). Bu farklılıkların incelenmesinde moleküler teknikler yaygın olarak kullanılmaktadır.

1.1. Türkiye Koyun ve Keçi Irkları

Dünya'da, 1314 koyun ve 570 keçi ırkı olduğu bildirilmiştir (Galal, 2005). Türkiye'deki yerli koyun ırkları, yağlı kuyruklu ve ince kuyruklu koyun ırkları olarak iki grupta ele alınmaktadır. Yağlı kuyruklu koyun ırkları içinde Akkaraman (%47), Morkaraman %(20), Dağlıç (%16) ve İvesi (%1.6) en önemli yerli ırklarımızdır. İnce kuyruklu yerli koyun ırklarımız ise kıvırcık (%6.3), karayaka (%3), Sakız ve İmroz koyunlarıdır (Özcan, 1997). Ülkemizde yöresel ırklar olarak adlandırılan koyun ırkları ise, Amasya ve çevresi illerde yetiştirilen Herik koyunu, Kars, Ardahan ve Iğdır çevresinde yetiştirilen Tuj koyunu, Kuzey Doğu Anadolu bölgesinde ve Artvin yöresinde yetiştirilen Hemşin koyunudur. Ayrıca, Türkiye'de çeşitli kurumlarca yapılan ıslah çalışmaları sonucunda yeni melez koyun tipleri geliştirilmiştir (Özcan, 1997).

Türkiye'de yerli keçi ırkı olarak Kıl keçisi, Tiftik keçisi ve Kilis keçisi olmak üzere 3 ırktan bahsedilmektedir (Kaymakçı ve Aşkın, 1997). Kıl keçileri tüm

bölgelere yayılmış olmakla beraber en yoğun yetiştirildiği bölgeler Akdeniz (%26.5), Güneydoğu (%25.6) ve Ege Bölgesi (%20.3)'dir. Tiftiğiyle ünlü olan Ankara keçisi (Tiftik Keçisi) genellikle en yoğun Ortakuzey (%60.8), Ortagüney (%19.2) ve Güneydoğu (%12.3) bölgelerinde yetiştirilmektedir. Dünyada Angora keçisi olarak bilenen Ankara Keçisi önemli gen kaynaklarımızdandır. Kilis keçisi ise Gaziantep, Kilis ve Hatay illeri çevresinde yaygın olarak yetiştirilmektedir. Bu bölgedeki Kıl keçileri ve Suriye kökenli Halep keçilerinin melezlenmesi ile meydana gelmiş bir keçi tipidir. Uzun yıllar kendi aralarında yetiştirilerek bir örnek hale geldiklerinden ayrı bir ırk olarak da değerlendirilmektedir (Kaymakçı ve Aşkın, 1997).

1.2. Koyun ve Keçinin Taksonomisi ve Evcilleştirilmesi

1.2.1. Koyun ve Keçinin Taksonomisi

Yeryüzünde bulunan 2 milyon civarındaki canlı türünün belirli kurallar içerisinde adlandırılması ve sınıflandırılması çalışmaları sürmektedir. Sınıflandırmanın amacı canlıları bir sisteme oturtarak doğayı daha kolay anlaşılır hale getirmektir. Evcil koyun ve keçiler, *artiodactyla* sınıfının içerisinde *Bovidae* familyasına aittir. Başlangıç miyosen dönemine (yaklaşık 20 milyon yıl önce) dayanan *Bovidae* familyası günümüze kadar hızlı bir yayılma göstermiştir (Gatesy ve ark., 1992). Koyunların (*Ovis aries*) ve keçilerin (*Capra hircus*) hayvanlar aleminde sistematikteki yeri Çizelge 1.1'de verilmiştir.

Capra cinsi, evcil keçi ve yabani keçi (benzoar, markhor, ibex, tur) türlerini içermektedir. *Ovis* cinsi, evcil koyun ve yabani koyun (argali, muflon, bighorn, dalli, urial ve snow) türlerini içermektedir. Koyun ve keçide tür ve alttürler Çizelge 1.2'de gösterilmiştir.

Çizelge 1.1. Koyun ve Keçinin Sistematikteki Yeri

Alem <i>Kingdom</i>	Hayvanlar <i>Animale</i>
Şube <i>Phylum</i>	Kordalılar (sırtı iplikliler) <i>Chordata</i>
Alt Şube <i>Subphylum</i>	Omurgalılar <i>Vertebrata</i>
Sınıf <i>Clasis</i>	Memeliler <i>Mamalia</i>
Takım <i>Ordo</i>	Tırnaklılar <i>Ungulata</i>
Alt Takım <i>Subordo</i>	Çift tırnaklılar <i>Artiodactyla</i>
Grup <i>Gruppia</i>	Geviş getirenler <i>Ruminantia</i>
Familya <i>Familia</i>	Boş boynuzlular <i>Cavinornia</i>
Alt Familya <i>Subfamilia</i>	Koyun/Keçi alt familyası <i>Ovinae/Caprinadae</i>
Cins <i>Genus</i>	Yabani ve evcil koyunlar/keçiler <i>Ovis/Capra</i>

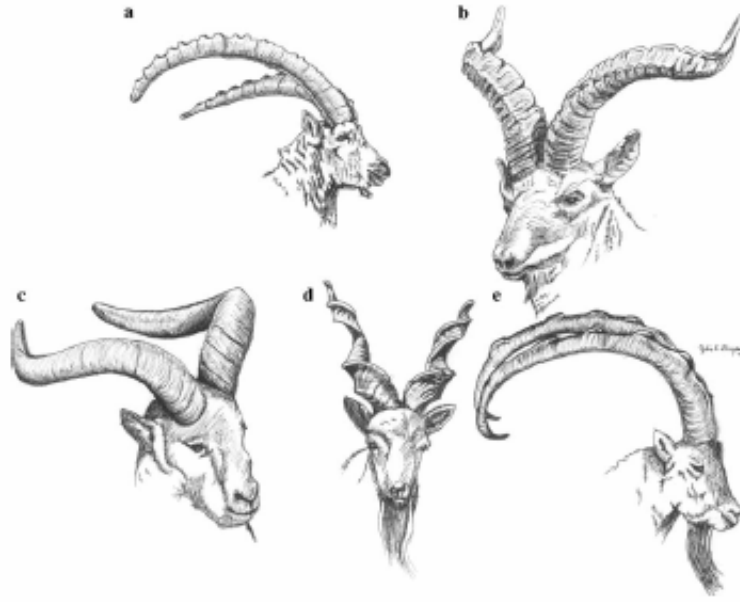
Kaynak: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy>

Çizelge 1.2. Koyun ve keçi türleri (species) ve alttürleri (subspecies)

<p>Genus: Ovis</p> <p><i>Ovis ammon (argali)</i></p> <p><i>Ovis ammon ammon</i></p> <p><i>Ovis ammon collium</i></p> <p><i>Ovis ammon darwini</i></p> <p><i>Ovis ammon karelini</i></p> <p><i>Ovis ammon nigrimontana</i></p> <p><i>Ovis ammon polii</i></p> <p><i>Ovis aries (evcil koyun)</i></p> <p><i>Ovis aries musimon (mouflon)</i></p> <p><i>Ovis canadensis (bighorn sheep)</i></p> <p><i>Ovis canadensis canadensis</i></p> <p><i>Ovis canadensis mexicana</i></p> <p><i>Ovis canadensis nelsoni</i></p> <p><i>Ovis canadensis weemsi</i></p> <p><i>Ovis dalli (Dall sheep)</i></p> <p><i>Ovis dalli dalli</i></p> <p><i>Ovis nivicola (snow sheep)</i></p> <p><i>Ovis platyurea</i></p> <p><i>Ovis vignei (urial)</i></p> <p><i>Ovis vignei arkal</i></p> <p><i>Ovis vignei bochariensis</i></p> <p><i>Ovis sp.</i></p>	<p>Genus: Capra</p> <p><i>Capra aegagrus (yabani keçi)</i></p> <p><i>Capra aegagrus blythi</i></p> <p><i>Capra aegagrus cretica</i></p> <p><i>Capra caucasica (West Caucasian tur)</i></p> <p><i>Capra cylindricornis (East Caucasian tur)</i></p> <p><i>Capra falconeri (markhor)</i></p> <p><i>Capra hircus (evcil keçi)</i></p> <p><i>Capra ibex (ibex)</i></p> <p><i>Capra ibex ibex</i></p> <p><i>Capra nubiana (Nubian ibex)</i></p> <p><i>Capra pyrenaica (Spanish ibex)</i></p> <p><i>Capra sibirica (Siberian ibex)</i></p> <p><i>Capra sp.</i></p>
---	---

Kaynak: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy>

Yabani keçilerinin sınıflanılmasında dış görünüş özelliklerinden boynuz morfolojisi kullanılmaktadır. Pidancier ve ark. (2006) yaban keçilerinde de boynuz morfolojisine göre (a) ibex tipi (*C. [i.] ibex*, *C. [i.] nubiana*, *C. [i.] sibirica*, *C. [i.] caucasica*) (b) İspanya ibex (*C. pyrenaica*), (c) Doğu Kafkas tur (*C. cylindricornis*), (d) markhor (*C. falconeri*), (e) bezoar tipi (*C. aegagrus*) şeklinde beş büyük morfotipin olduğunu belirtmiştir (Şekil 1.1).



Şekil 1.1. Yaban keçilerde beş büyük morfotipin boynuz morfolojisi (a) ibex tipi (*C. [i.] ibex*, *C. [i.] nubiana*, *C. [i.] sibirica*, *C. [i.] caucasica*) (b) İspanya ibex (*C. pyrenaica*), (c) Doğu Kafkas tur (*C. cylindricornis*), (d) markhor (*C. falconeri*), (e) bezoar tipi (*C. aegagrus*) (Pidancier ve ark., 2006)

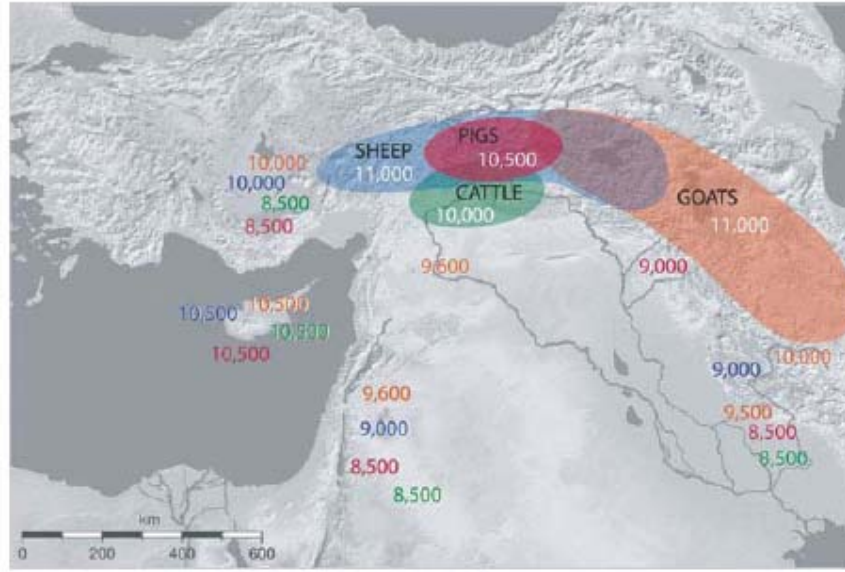
Yabani keçilerin biyocoğrafik dağılımını (Shackleton, 1997). Özellikle Türkiye'yi de kapsayan Yakın Doğu bölgesi *Capra aegagrus* yabani türünün yayılma alanıdır. *Capra aegagrus* yabani türü Türkiye'de Akseki, Finike, Mersin, Tunceli, Van, Erzincan, Soyuk bölgelerinde bulunmaktadır (Naderi ve ark., 2008). Diğer yabani türler farklı kıtalara dağılmıştır.

1.2.2. Koyun ve Keçinin Evcilleştirilmesi

Koyun ve keçi tür ve alttürlerinin evrimsel süreçte nasıl oluştukları, nasıl evcilleştirildikleri konusunda arkeolojik ve moleküler çalışmalar yapılmış ve yapılmaya devam edilmektedir.

İnsanlık tarihinin 13 000 yıllık geçmişinde en önemli gelişmeler bitki ve hayvanların evcilleştirilmesidir (Diamond, 2002). İnsanlık tarihinde hayvan yetiştirme, bitki yetiştirmeden çok önce ortaya çıkmıştır. İnsanlar, başlangıçta yabani hayvan sürülerini barınaklarda tutmuş ve onları doğal düşmanlarından ve uygun olmayan iklim koşullarından korumuşlardır. Daha sonra, çiftleştirilmelerde eş seçimlerini de yönlendirilerek evcilleştirilme süreci gelişmiştir. İnsanlık tarihinde ilk evcilleştirilen hayvan köpeklerdir. İnsanlar beslenmek ve giyim için *Artiodactyla* (çifttoynaklılar) grubuna ait bazı çiftlik hayvanlarından sığırı (*Bos taurus*, *Bos indicus*) Avrupa ve Asya'da, Koyunu (*Ovis musimon*, *Ovis argali*) Güney Avrupa ve Batı Asya'da, keçiyi (*Capra aegagrus*, *Capra falconeri*) ise Batı Asya bölgelerinde evciltmişlerdir (Demirsoy, 1992).

En erken evcilleştirilmiş hayvan olarak evcil koyun (*Ovis aries*), insanlar için et, süt ve kürk gibi çok faydalı ürünler sağlamanın yanında neolitik devre uzanan erken dönemlerde tarım, ekonomi, kültür ve hatta din gibi konularda önemli bir rol oynamıştır. Yakın Doğu'daki arkeolojik bölgelerdeki bulgular, muhtemelen koyunun yaklaşık 8 000-9 000 yıl önce Yakın Doğu'daki *Fertile Crescent* bölgesinde (Şekil 1.2) ilk evciltmiş olabileceğini ileri sürmektedir (Zeder ve Hesse, 2000). Muflon (*Ovis musimon* veya *Ovis orientalis*), urial (*Ovis vignei*) ve argali (*Ovis ammon*) gibi bazı yabani koyun türlerinin modern evcil koyunun atası olduğu veya belirli ırklara katkılarının bulunduğu ileri sürülmüştür (Zeuner, 1963; Ryder, 1984).



Şekil 1.2. Fertile Crescent Bölgesi

Evcilleştirme süreci yenilerini yetiştirme çabasıyla devamlı geliştirilmiştir. Geçmişte geliştirilen çeşitli hayvan ırklarından bir çoğu halen soylarını sürdürmektedir.

1.3. Evcil Koyun ve Keçi Genomu

Evcil koyun genomu ($2n=54$), 26 çift otozomal kromozomu, 2 çift cinsiyet kromozomu ve mitokondriyal genomu içermektedir. Evcil keçi genomu ($2n=60$) ise 29 çift otozomal kromozomu, 2 çift cinsiyet kromozomu ve mitokondriyal genomu içermektedir.

Ökaryotik hücrelerin organeli olan mitokondriler, küresel veya silindirik şekilde olan hareketli yapılardır. Hücrelerin enerjiye (ATP) olan ihtiyaçlarına bağlı olarak mitokondrilerin hücredeki sayısı (2-10 adet) ve toplanma bölgeleri değişir. Ökaryotik hücrelerin nükleusunda bulunan DNA'ya (nDNA) ek olarak az miktarda sitoplazmik DNA'ya da rastlanır. Bu sitoplazmik DNA'lar hayvanların mitokondrilerinde (mtDNA), bitkilerin kloroplastlarında (cpDNA) bulunmakta olup çift sarmal ve halkasal yapıdadır (Hiendleder ve ark., 1998a).

mtDNA; populasyonların tanımlanması, populasyonların ve türlerin orijinlerinin belirlenmesi, populasyonların biyocoğrafik dağılımlarının belirlenmesi, alttür içerisindeki haplotiplerin belirlenmesi, populasyonlar arasındaki gen akışı seviyelerinin tahmin edilmesi, anaya ait (*maternal*) kalıtım modellerinin izlenmesi, populasyonlar içi/arası genetik varyasyonun hesaplanması, populasyonların genetik benzerlik veya farklılıklarından yararlanılarak filogenetik ilişkilerin tespit edilmesi gibi çalışmalarda moleküler belirteç (özellikle D-loop ve Sitokrom b gen bölgeleri) olarak kullanılmaktadır (Meadows ve ark. 2007; Naderi ve ark., 2007).

Mitokondriyal DNA, sığır (Bradley ve ark., 1996; Loftus ve ark., 1994; Troy ve ark., 2001), keçi (Joshi ve ark., 2004; Machugh ve Bradley, 2001; Luikart ve ark., 2001; Manen ve ark., 2001; Sultana ve ark., 2003) ve koyunun (Hiendleder ve ark., 1998; 2002) orjininin araştırılmasında kullanılmıştır.

1.3.1. Koyun ve keçilerde mitokondriyal genomun yapısı

Koyun ve keçi mitokondri genomları; protein kodlayan 13 bölge (sitokrom c oksidaz kompleksi I, II ve III altbirimleri, ATPaz kompleksi 6 ve 8 altbirimleri, NADH dehidrogenaz 1, 2, 3, 4L, 4, 5 ve 6 ile sitokrom b), 2 ribosomal RNA bölgesi (12S rRNA, 16S rRNA), kontrol bölgesi (D-loop) ve 22 çeşit tRNA (60-75 bç) bölgelerinden oluşmaktadır (Hiendleder ve ark., 1998a; Parma ve ark., 2003). Koyun mtDNA'sı 16640 bç, keçi mtDNA'sı 16616 bç uzunluktadır. Koyun ve keçi mtDNA dizi verileri GenBank'tan alınarak (keçi: NC_005044, koyun: NC_001941), mtDNA genlerinin baz uzunlukları ve bölgeleri Çizelgede 1.3'de sunulmuştur.

Çizelge 1.3. Koyun ve keçi mtDNA genlerinin baz uzunlukları ve bölgeleri
(Keçi: NC_005044, Koyun: NC_001941)

Gen adı	Keçi (<i>C. hircus</i>) Boyut (bç)-Bölge NC 005044	Koyun (<i>O. aries</i>) Boyut (bç)-Bölge NC 001941
12S rRNA	571 (69-639)	958 (69-1026)
16S rRNA	1562 (1092-2633)	1574 (1094-2677)
NADH dehidrogenaz altünite 1 (ND1)	954 (2761-3697)	955 (2745-3699)
NADH dehidrogenaz altünite 2 (ND2)	1041(3096-4949)	1042 (3910-4951)
Sitokrom c oksidaz altünite I (COI)	1542 (5328-6872)	1545 (5332-6876)
Sitokrom c oksidaz altünite II (COII)	681 (7015-7698)	684 (7019-7702)
ATPaz altünite 8 (ATPase8)	195 (7770-7967)	201 (7775-7975)
ATPaz altünite 6 (ATPase6)	678 (7928-8608)	679 (7936-8614)
Sitokrom c oksidaz altünite III (COIII)	783 (8608-9388)	784 (8616-9399)
NADH dehidrogenaz altünite 3 (ND3)	345 (9461-9806)	346 (9469-9814)
NADH dehidrogenaz altünite 4L (ND4L)	296 (9877-10173)	297 (9885-10181)
NADH dehidrogenaz altünite 4 (ND4)	1377 (10167-11544)	1378 (10175-11552)
NADH dehidrogenaz altünite 5 (ND5)	1818 (11746-13566)	1821 (11754-13574)
NADH dehidrogenaz altünite 6 (ND6)	525 (14077-14550)	528 (13558-14085)
Sitokrom b (<i>Cyt b</i>)	1140 (14151-15290)	1140 (14159-15298)
D-loop	1212 (15429-16640)	1180 (15437-16616)

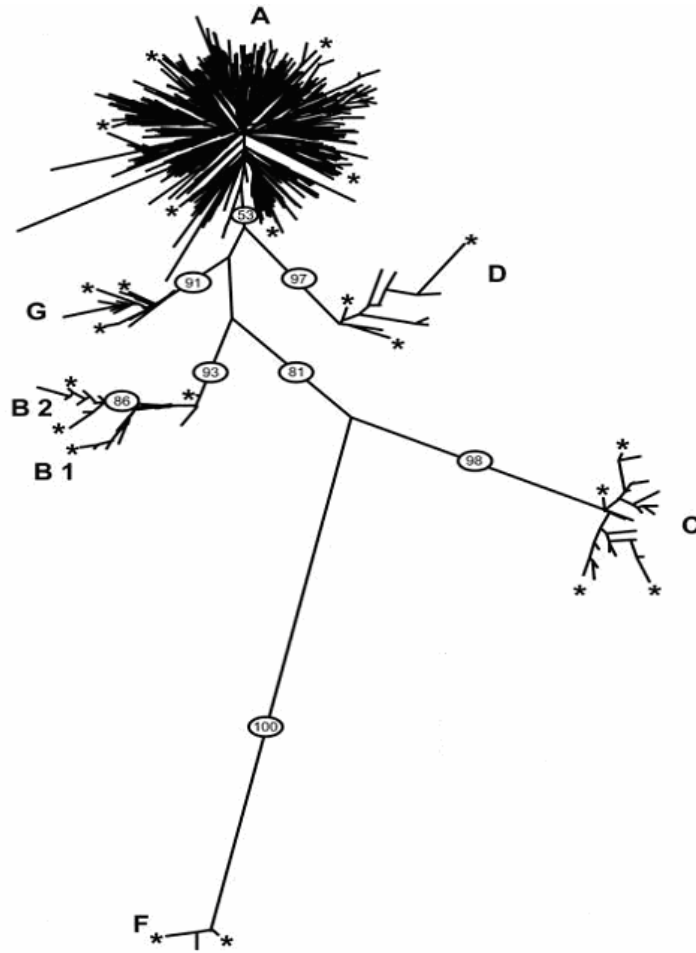
Kaynak: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

1.3.2. Koyun ve keçilerde mtDNA haplogruplar (maternal soylar)

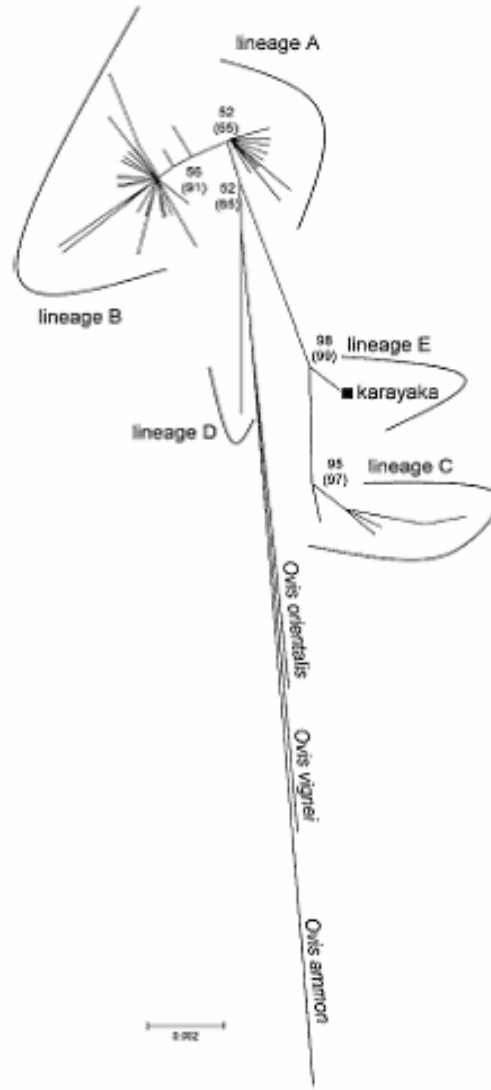
Önceki yıllarda yapılan çalışmalarda, evcil koyunların (*Ovis aries*) Avrupa (tip B) ve Asya (tip A) haplo-gruplar olarak iki büyük sınıfa ayrıldığı belirtilmiştir (Wood ve Phusa, 1996; Hiendleder ve ark., 1998a, 1998b, 1999). Bununla birlikte, evcil keçilerin ise (*Capra hircus*) 4 büyük mtDNA soya ayrıldıkları bildirilmiştir (Joshi ve ark., 2004; Luikart ve ark., 2001; Sultana ve ark., 2003). Soy A, en çeşitli olanıdır ve tüm kıtalara yayılmıştır. Soy B, Mongolya, Laos, Malezya, Pakistan ve Hindistanı da içeren Doğu ve Güney Asya'ya yayılmıştır. Soy C, Mongolya, İsviçre, Slovenya, Pakitan ve Hindistan'da az miktarda mevcuttur. Soy D, sadece Pakistan ve Hindistan'ın yerel keçilerinde görülmüştür.

Güncel olarak son zamanlarda, koyun ve keçiler üzerinde yapılan moleküler filogenetik ve filocoğrafik çalışmalarda evcil koyunların A, B, C, D ve E olmak üzere 5 farklı maternal soya (Meadows ve ark. 2007), evcil keçilerin ise A, B1, B2, C, D, G ve F olmak üzere 6 maternal soya sahip oldukları tespit edilmiştir (Naderi ve ark. 2007). Keçilerde, 6 mtDNA haplogrubun yer aldığı filogenetik ağaç Şekil 1.

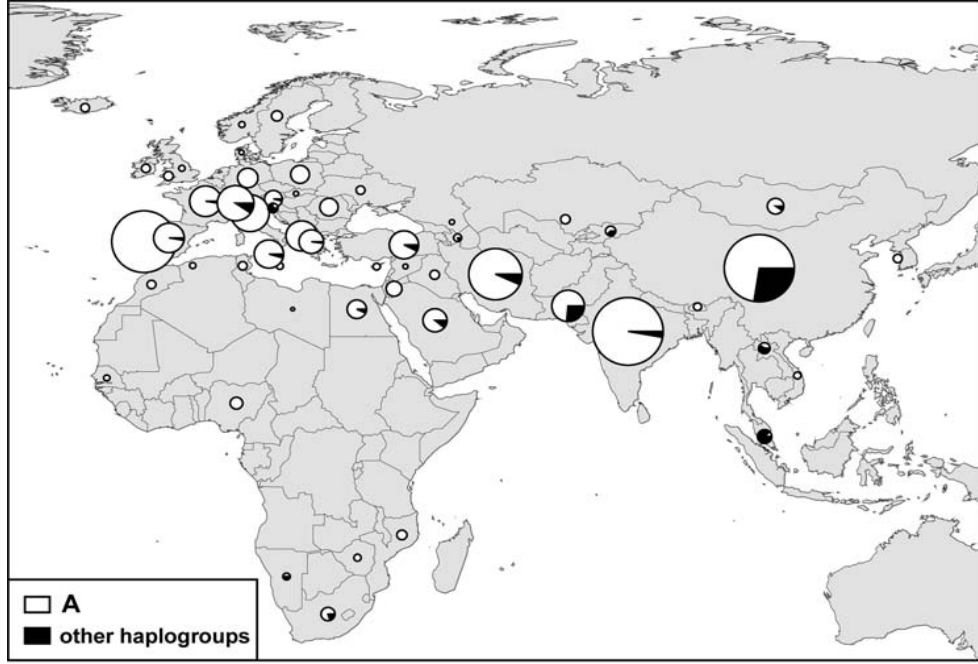
3'te, Koyunlarda, beş mtDNA haplogrubun yer aldığı filogenetik ağaç ise Şekil 1.4'de gösterilmiştir. Keçi haplogruplarının filocoğrafik haritası Şekil 1.5'de gösterilmektedir. Burada tüm bölgelerde haplogruplar arasında en fazla frekansa sahip grubun A olduğu belirtilmiştir.



Şekil 1.3. Keçi mtDNA soyları (Naderi ve ark. 2007)



Şekil 1.4. Koyun mtDNA soyları (Meadows ve ark., 2007)



Şekil 1.5. Keçi mtDNA soylarının coğrafik dağılımı (Naderi ve ark. 2007)

1.4. Moleküler Filogenetik

Filogenetik ilişkilerin analizinde sadece morfolojik veya biyokimyasal yöntemler gibi geleneksel yöntemlerin kullanılması yanında günümüzde moleküler yöntemlerinde kullanılması kaçınılmazdır. Ayrıca geleneksel yöntemlerle sonuçlar zaman zaman araştırmacılara göre farklılıklar gösterebilmektedir. Bu nedenlerle artık geleneksel yöntemlerin yanı sıra moleküler yöntemler de filogenetik analizlerde yaygın olarak kullanılmaya başlanmıştır. DNA düzeyinde yapılan çalışmalarla, daha güvenilir ve hızlı sonuçlar elde edilmektedir. DNA molekülünde organizmaların evrimini yansıtabilecek belirteç bölgeler olduğu için moleküler sistematik çalışmalarda tercih edilmektedir. DNA dizi analizi yöntemi ile varyasyon şeklinin gözlenebilmesi, bunun yanında farklı laboratuvar sonuçlarının direk karşılaştırılabilmesi, dizilerin yayınlanması ve elektronik veri tabanlarında saklanması (GenBank, EMBL ve DDBJ), sonuçların doğrulanması ve deneylerin tekrarlanabilmesine izin verecek özellikle olması DNA dizi analizi yönteminin avantajları arasındadır.

DNA dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ağaçların oluşturulmasında başlıca aşamalar; Dizilerin hizalanması (Multiple Sequences Alignment), nükleotid yer değiştirme modeli (substitution model) seçimi (Kimura-2-parametre, Jukes-Cantor vs.), filogenetik ağaçların oluşturulması (Neighbor-Joining, UPGMA ağacı vs.) olarak sıralanmaktadır.

1.4.1. Dizilerin hizalanması (Multiple Sequences Alignment)

Nükleotid ya da aminoasit dizilerinin ikili ya da çoklu karşılaştırılarak bu dizilerin homolog bölgelerinin hizalanması işlemidir. Hizalama dizilerin hangi pozisyonunda farklılaşmalar olduğunu gösterir. Hizalama sonrasında eşlenen nükleotidler genellikle yıldız (*), eşlenmeyen nükleotidler boşluk, boşluklarda (gap) (-) ile simgelenir. Hizalamadaki boşluk (gap) evrim süresince bir ya da daha fazla dizi karakterlerinin insersiyon (ekleme) ya da delesyonlarıdır (kayıp).

Dizilerin hizalanması için popüler olan *Clustal W* ve *Clustal X* bilgisayar programları geliştirilmiştir (Thompson ve ark., 1994). Avrupa Biyoinformatik Enstitüsü (EBI: European Bioinformatics Institute) web portalında bulunan (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2>) *Clustal W*, nükleotid veya protein dizileri arasında homolog (benzer) bölgeleri hizalamak için yaygın olarak kullanılan programdır. İki DNA dizisi arasında uzaklık matrisine (DNA identity matrix) göre veya iki protein dizisi uzaklık matrisine (PAM veya BLOSUM) göre hizalama yapar ve bir homoloji skoru hesaplar.

1.4.2. Nükleotid yer değiştirme modeli (substitution model)

Mustasyonlar, normal dizide bazların yer değişmesiyle (substitution), diziyeye bazların eklenmesi (insertion) veya bazların çıkarılmasıyla (deletion) oluşmaktadır. DNA dizisinde görülen yer değiştirmeler transisyon (α) ve transversiyon (β) şeklinde gerçekleşebilir (Nei, 1987). Bu değişime ilişkin temel model Jukes-Cantor modeli, tüm nükleotid baz frekanslarını eşit kabul eder ($\pi_A=\pi_T=\pi_G=\pi_C=1/4$) ve bütün yer değiştirmeler (transisyon/transversiyon oranı) eşit olasılığa sahiptir (Jukes and Cantor,

1969). Kimura-2-parametre model, tüm nükleotid baz frekanslarını eşit kabul eder ($\pi_A=\pi_T=\pi_G=\pi_C=1/4$) fakat yer değiştirme oranlarının frekansları farklıdır (Kimura, 1980).

Kimura 2-parametre (K2P) modeli ile iki dizi arasında uzaklık, d ;

$$d = -\frac{1}{2} \ln(1 - 2D_S - D_V) - \frac{1}{4} \ln(1 - 2D_V) \quad (1)$$

formülü ile hesaplanır (Kimura, 1980).

D_S : polimorfik sitelerdeki transversiyonların sayısı

D_V : polimorfik sitelerdeki transisyonların sayısı

Jukas and Cantor (JC69) ve Kimura 2-parametre (K2P)/Kimura, 1980 (K80) modellerin yanısıra Felsenstein, 1981 (F81), Hasegawa-Kishino-Yano (HKY, Hasegawa, Kishino and Yano, 1985), Symmetrical Model (SYM, Zharkikh, 1994), General Time Reversible (GTR, Tavaré, 1986) gibi evrimsel modeller de kullanılmaktadır. Bu modellerle birlikte Gamma dağılışı (Γ) ve değişmez site oranı (I: Invariable sites) faktörlerinin değerlendirmeye alınması ile en temel modelden (JC69), en komplike model ile (GTR + Γ + I) testler yapılabilmektedir (Posada ve Crandall, 2001). Modellerin karşılaştırılmasında Olabilirlik Oranı testi (likelihood ratio testi: LRT) kullanılmaktadır (Felsenstein, 1981).

1.4.3. Filogenetik Ağaç Oluşturma

Dizi hizalanması sonucu elde edilen hesaplanmış evrimsel mesafeler (genetik uzaklık veya benzerlik), her bir takson çifti arasındaki mesafelerin bir matrisinin oluşturulmasında kullanılabilirler. Matristeki bu çiftlerli mesafe skorlarına dayanarak tüm taksonlar için bir filogenetik ağaç oluşturulabilir. Bu algoritmalar, aritmetik ortalamayı kullanarak ağırlıklı olmayan çift grup yöntemini (UPGMA: unweighted pair group method) ve komşu birleştirme (NJ: neighbor-joining) yöntemini içerirler (Saitou and Nei, 1987).

1.5. Çalışma sahası: Şanlıurfa yöresi

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Şanlıurfa'nın yüzölçümü 18584 kilometrekaredir. 2000 Yılı Genel Nüfus Sayımı geçici sonuçlarına göre nüfusu 1436956'dır. Merkez ilçenin yanı sıra Akçakale, Birecik, Bozova, Ceylanpınar, Halfeti, Harran, Hilvan, Siverek, Suruç ve Viranşehir Şanlıurfa'nın ilçeleridir. Şanlıurfa, doğusunda Mardin, batısında Gaziantep, kuzeyinde Adıyaman, kuzeybatısında Diyarbakır illeri ile çevrilmiştir. Güneyinde ise Suriye sınırı ile çevrelenmiş bir sınır şehridir. Şanlıurfa'nın ortalama yükseltisi ise 518 metre'dir. Şanlıurfa, dünyanın ve Türkiye'nin en önemli bölgesel kalkınma projesi olan GAP'ın (Güneydoğu Anadolu Projesi) merkezi durumundadır. Şanlıurfa, 37° 49' 12"- 40° 10' 00" doğu meridyeni ile 36° 41' 28"- 37° 57' 50" kuzey paralelleri arasında yer alır.

Şanlıurfa'da hayvan varlığı olarak 1437005 baş koyun, 128916 baş keçi ve 126.655 baş sığır bulunmaktadır. Yöredeki hayvanlardan küçük ve büyükbaş hayvanlardan 123864 ton süt, 9435 ton et üretilmektedir. Ayrıca Şanlıurfa'da 3 adet süt üretim tesisi, 2 adet besi çiftliği bulunmaktadır (Ş.Urfa Tic.ve San. Od. Kayıtları, 2003-2004).

Şanlıurfa yöresinde küçükbaş hayvan popülasyonunu ağırlıklı olarak Akkaraman ve İvesi koyun ırkları ile Kıl ve Kilis keçileri oluşturduğu örnek toplama envanter çalışmaları sırasında görülmüştür.

1.6. Çalışmanın Amaçları

Çalışmanın amacı; Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçilerinde Mitokondriyal 12S ribozomal RNA, Sitokrom b ve D-loop gen dizilerinin belirlenmesi ile mtDNA polimorfizmini ve mtDNA haplotiplerini ve soylarını tespit etmektir.

Bu çalışma ile Şanlıurfa yöresi koyun ve keçilerinin filogenetik yapıları ile yabani türler ve mtDNA soyları arasındaki filogenetik ilişkiler belirlenecektir. Ayrıca, bu çalışmanın Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçilerinin gen dizi bilgilerinin Gen Bankasında depolanması, koyun ve keçiler üzerinde yapılan filogenetik çalışmalara, Hayvan ıslahı, biyoçeşitlilik ve ulusal gen koruma çalışmalarına katkı sağlaması amaçlanmaktadır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Keçiler Üzerinde Yapılan Fiolegenetik Çalışmalar

Manceau ve ark. (1999), yaptıkları çalışmada, mtDNA dizi verileri ile *Capra* cinsinin sistematik yapısını araştırmışlardır. DNA izlasyonu için Avrupa türlerinden (*C. ibex ibex*, n=1; *C. pyrenaica*, n =2), evcil keçi (*C. hircus*, n=4), ve Nubian ibex (*C. i.nubiana*, n=1) kan ve organ örnekleri, *Capra* spp.: *C. aegagrus* (n=15), *C. i. caucasica* (n=9), *C. cylindricornis* (n=3), *C. falconeri* (n=6), *C. i. sibirica* (n=12), *C. i. nubiana* (n=11), *C. pyrenaica* (n=2) ve *C. hircus* (n=2) türlerinden kemik örnekleri toplamışlardır. Toplam 60 kemik örneğinin 27'sinde, kan ve doku örneklerinin tamamında (n=7) PZR ürünü ve gen dizisi elde etmişlerdir. Burada, D-loop bölgesinden 266 bç ve *Cyt b* gen bölgesinden 234 bç olmak üzere toplam 500 bç mtDNA dizisi belirlemişlerdir. Toplam 34 örnekten oluşan mtDNA dizisinde 30 haplotip ve 98 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Haplotipler arasında pairwise uzaklık %4.1-4.3 arasında ve A, C, G ve T içeriklerini sırasıyla %28.1, 24.3, 17.8 ve 29.8, transisyon/transversiyon oranını ise 14.5 olarak hesaplamışlardır. Filogenetik ağaçta haplotiplerin, *C. aegagrus/C.hircus*, *C.i.ibex*, *C caucasica*, *C.cylindricornis*, *C. i.nubiana*, ve *C. i.sibirica* türler olmak üzere altı gruba ayrıldığı gösterilmiştir.

Luikart et al. (2001), yaptıkları çalışmada evcil keçilerde mtDNA D-loop ve *Cyt b* gen bölgesi dizilerini belirleyerek filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Evcil keçilerde 331 haplotipte üç mtDNA haplogrup (A:316, B:8 ve C:7) tespit etmişlerdir. Buna bağlı olarak üç ayrı evcilleştirme olayının olabileceğini açıklamışlardır. Muhtemelen A haplogrubunun evcilleştirilmesi günümüzden 10.000 yıl öncesine, B ve C haplogrublarının evcilleştirilmesi ise yaklaşık olarak sırasıyla 2.130 ve 6.110 yıl öncesine kadar uzandığı belirtilmektedir. Her nasılsa, Güney Fransa'da C

haplogrubuna ilişkin bulgular evcilleştirme zamanını 7.500 yıl öncesi olarak belirtilmiştir (Fernandez et al., 2006).

Sultana ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada, Pakistan'ın dört farklı yöresinden 13 farklı keçi ırkından oluşan 44 keçide mtDNA kontrol bölgesi ve *Cyt b* gen bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ilişkileri incelemişlerdir. Burada, 44 dizide 38 haplotip ve 129 polimorfik bölge belirlemişlerdir. mtDNA D-loop NJ filogenetik ağaçta, 38 haplotipin soy A, B, C ve D olmak üzere dört ayrı mtDNA soyuna ayrıldığı gösterilmiştir. Burada, soy A, B, C ve D sırasıyla, 29, 4, 2 ve 3 haplotip içermiştir. Filogenetik ağaçta ayrılan dört ayrı soya ait kollar bootstrap test değeri (>%90 üzerinde) ile çok güçlü desteklenmiştir. mtDNA *Cyt b* gen dizi bilgileri ile oluşturulan NJ filogenetik ağaçta, *C.hircus* A, B, C ve D soylarının yabani keçi türlerinden ayrılarak birlikte küme oluşturdukları gösterilmiştir.

Joshi ve ark. (2004) yaptıkları çalışmada, Hindistan'ın farklı coğrafik bölgelerden 10 farklı keçi ırkında mtDNA kontrol bölgesinin dizi verilerini kullanarak filogenetik ilişkileri incelemişlerdir. Burada, 363 dizide 200 haplotip belirlemişlerdir (her bir ırkta 5-36 arasında). Populasyonlarda haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.844-1.000 ve 0.007-0.080 arasında hesaplamışlardır. Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda keçi ırklarında genetik varyasyonun %83.4'ü ırklar içi, %16.6'si ırklar arası olduğu belirtilmiştir. NJ filogenetik ağaçta, 200 haplotipin dört ayrı soya (soy A, B, C ve D) ayrıldığı gösterilmiştir.

Amills ve ark. (2004) yaptıkları çalışmada, mitokondriyal D-loop bölgesinin kısmi fragmenti (778 bç) PZR-RFLP analizini kullanarak, Kanarya Adaları (Majorera, Tinerfena, Palmera) ve İspanya (Murciano-Granadina, Malaguena, Guadarrama) keçi ırkları ile Avrupa (Alpine, Saanen), Afrika (Sahelian, Tindouf) ve Asya'dan (Kaşmir) referans keçi ırkları arasında filogenetik ilişkileri araştırmıştır. mtDNA D-loop bölgesi PZR-RFLP analizi sonucunda Kanarya Adaları keçi ırkları iki farklı gruba (varyant A ve B) ayrıldığı ve Majorera, Tinerfena, Palmera keçi ırklarında A varyantlarının oranı sırasıyla 0.47, 0.12 ve 0.06 olarak gösterilmiştir.

Azor ve ark. (2005), yaptıkları çalışmada, altı İspanya keçi ırkını (Pirenaica, Moncaína, Blanca Andaluza, Negra Serana, Azpi-Gorri, Blanca Celtibérica) içeren 60 keçide mitokondriyal D-loop bölgesi (*HVRI*: 443 bç) dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Araştırmacılar mevcut dizilerle, önceki çalışmalarda yayınlanmış İspanya keçi ırklarına ait dizileri Gen Bankasından temin ederek birlikte değerlendirilmiştir. Filogenetik analizde, İspanya keçi ırkları ile İberya Peninsula keçi ırkları arasında zayıf filogenetik ilişki olduğu belirtilmiştir. Filogenetik ağaçta, bir ırkın bireylerinin tek bir küme içinde gruplanmadığı gösterilmiştir.

Pereira et al. (2005), Portekiz keçi ırklarında (Bravia, Serrana, Charnequeira, Serpentina ve Algarvia), mtDNA kontrol bölgesinin (481 bç) dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Irklar arasında ortalama haplotip farklılığı 0.977 olarak tespit etmişlerdir. Burada, 288 dizide 118 polimorfik bölge (transisyon/transversiyon oranı:13.9/1) ve 164 farklı haplotip belirlemişlerdir. Filogenetik ağaçta, 164 haplotipin iki ayrı haplogrupa (A ve C) ayrıldığı gösterilmiştir. Burada, haplogrup A:163, haplogrup C:1 haplotip içermiştir. AMOVA analizine göre, keçi ırklarında genetik varyasyonun %96.65'i ırklar içi, %3.35'i ırklar arası olduğu belirtilmiştir.

Chen et al. (2005) yaptıkları çalışmada, 18 Çin yerli keçi ırkında mtDNA kontrol bölgesinin ilk 481 bç'lik (*HVI*) kısmının dizilerini tanımlayarak genetik farklılığı ve filocoğrafik yapıyı araştırmışlardır. Burada, 368 dizide 119 polimorfik bölge ve 146 haplotip belirlemişlerdir (her bir ırkta 3-25 arasında). Populasyonlarda haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.712 ± 0.091 - 0.980 ± 0.0243 ve 0.0159 ± 0.0084 - 0.0490 ± 0.0282 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizlerde 146 haplotip ve 7 yabancı tür ile birlikte oluşturdukları NJ ağaçta, Çin yerli keçi ırklarının dört mtDNA soya (A, B, C, D) ayrıldıkları gösterilmiştir. Burada, soy A, B, C ve D sırasıyla, 117, 25, 3 ve 1 haplotip içermiştir. A soyu predominant diğer soylar ise düşük frekansta bulunduğu ve Çin yerli keçilerinin multiple maternal orjine sahip olduklarını belirtmiştir. Bununla beraber AMOVA analizi sonucuna göre, Çin yerli keçi ırklarında genetik varyasyonun %91.25'i ırklar içi, %8.75'i ırklar arası olduğunu, F değerinin ise soy A ve B için sırasıyla -24.17 ($P<0.01$) ve -6.13

($P < 0.05$) olduğunu tespit etmişlerdir. Çin evcil keçi mtDNA soylarında (A-D), en son ortak ata için zamanı (TMRCA: time to the most recent common ancestor) yaklaşık 332.800 veya 465.900 yıl olarak hesaplamışlardır.

Chen ve ark. (2006a) yaptıkları çalışmada, Tibet ve Çin yerli keçi ırklarında mtDNA *Cyt b* gen dizisini (642 bç) kullanarak filogenetik ilişkileri ve genetik varyasyonu araştırmışlardır. Burada, 84 dizide 44 polimorfik bölge ve 46 haplotip belirlemişlerdir. Haplotip farklılığı %0.6-1.0 ve nükleotid farklılığı %0.15-1.57 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizlerde 46 haplotip ve önceki çalışmalardan bazı yabancı türler (*C.aegagrus*, *C.pyrenaica*, *C.Cylindricornis*, *C.Caucasica*) ile evcil keçilere (*C.hircus*) ait dizilerle birlikte oluşturdukları NJ ağaçta keçilerin üç ana kola (clade A, B, C) ayrıldıkları gösterilmiştir. Tibet ve Çin keçi haplotipleri tamamen A grubunda toplanmıştır. Bununla beraber, yalnız 13 yerli keçi popülasyonu için oluşturdukları ikinci NJ ağaçta, haplotiplerin iki ana gruba ayrıldığı gösterilmiştir. AMOVA analizi sonucunda *Cyt b* genine göre keçi ırklarında genetik varyasyonun %87.72'i ırklar içi, %12.28'i ırklar arası olduğunu belirtilmiştir.

Odahara ve ark. (2006), iki farklı coğrafik bölgeden 19 Kore yerli keçi ırkında mitokondriyal D-loop *HVI* (hypervariable regions I, 48 bç) bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Toplam 19 dizide 6 haplotip ve 13 polimorfik bölge belirlemişlerdir. NJ ağaçta, Kore keçi haplotiplerinin Haplogrup A'da yer aldığı gösterilmiştir.

Sardina ve ark. (2006), Sicilya keçi ırklarında (Girgentana, Maltese, Derivata di Siria,) mitokondriyal D-loop *HVI* (hypervariable regions I, 48 bç) bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Toplam 67 dizide 33 haplotip ve 84 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Sicilya keçilerinde ortalama haplotip farklılığı 0.969 ± 0.007 ve ortalama nükleotid farklılığı 0.02359 ± 0.00450 olarak hesaplamışlardır. Sicilya keçi ırklarına ait mtDNA diziler ile Hindistan, Pakistan evcil keçi ırkları ve yabancı keçilere ait yayınlanmış dizilerle birlikte oluşturdukları filogenetik ağaçta, haplotiplerin çoğunluğunun A soyuna sahip olduğunu gösterilmiştir. Bununla beraber, üç Girgentana haplotipinin *Capra*

hircus'tan yüksek derecede ayrıldığı ve bunların yeni bir mtDNA soyu olduğu bildirilmiştir.

Fan ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada, 13 farklı Çin yerli keçi ırklarında mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 49 haplotipte 85 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Haplotipler filogenetik ağaçta dört ayrı gruba ayrılmıştır (soy A-D). Tibet, Kuzey ve Güney Çin keçi popülasyonlarında ortalama nükleotid farklılığı sırasıyla 0.0398 ± 0.0192 , 0.0247 ± 0.0071 ve 0.0087 ± 0.0103 olarak hesaplamışlardır. AMOVA analizi sonucuna göre keçi ırklarında genetik varyasyonun %73.9 ırklar içi, %26.1'i ırklar arası olduğunu belirtilmiştir.

Liu ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada, 13 Çin yerli keçi ırkından oluşan 183 keçide mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 183 keçide, 135 farklı haplotip ve 144 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Irklarda, haplotip farklılığı 0.9333-1.000 ve nükleotid farklılığını 0.006337-0.025194 arasında hesaplamışlardır NJ filogenetik ağaçta, 135 mtDNA haplotipinin dört ayrı soya (soy A, B, C ve D) ayrıldığı gösterilmiştir. Haplotiplerin soylara dağılım frekanslarını A, B, C ve D soyları için sırasıyla %76.50, %20.77, %1.64 ve %1.09 olarak belirlemişlerdir. Çin yerli keçi ırklarında genetik varyasyondaki büyük payın (%92) ırklar içi olduğu bildirilmiştir.

Naderi ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada, yedi coğrafik bölgeden (Kuzey Avrupa, Güney Avrupa, Orta Doğu, Batı Asya, Doğu Asya, Kuzey Afrika ve Alt-Sahra Afrika) toplanan farklı ırklardan oluşan evcil keçilerde mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi (nt15707-16187: 481 bç) ile filogenetik ve filocoğrafik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 2430 örnek dizide (42 ülkeden 946 örnek + EKONOGEN projesinden 569 örnek dizi + Gen Bankasından alınan 1484 dizi) 1540 mtDNA haplotip tespit etmişlerdir. mtDNA haplotiplerin NJ ağaçta, 6 farklı gruba (A, B, C, D, F ve yeni grup G) ayrıldıkları gösterilmiştir. Haplogrup A, B, B1, B2 C, D, F ve G'nın frekanslarını (%) sırayıyla, 93.51, 2.99, 2.27, 0.58, 1.49, 0.65, 0.19 ve 1.17 olarak, haplotip farklılığı ise sırayıyla 0.9992 ± 0.0001 , 0.9000 ± 0.0197 ,

0.8402±0.0333, 0.8151±0.0481, 0.9714±0.0136, 0.9487±0.0506, 1.0000 ve 0.9544±0.0254 olarak hesaplamışlardır. Burada, Orta Doğu coğrafik bölgesinde gruplandırılan Türkiye evcil yerli ırklarını içeren 66 keçinin, Haplogrup A (61) ve G (5)'de yer aldığı gösterilmiştir. Türkiye yerli keçi ırklarında haplotip farklılığı 0.9953±0.0038 olarak tahmin etmişlerdir. Genel haplogrup/bölgeler AMOVA analizinde; haplogruplar arası, haplogruplar içi bölgeler arası ve bölgeler arası varyasyonun payını sırasıyla %74.62, %3.56 ve %21.82 olarak, bölgeler/ırk AMOVA analizinde ise; bölgeler arası, bölgeler içinde ırklar arası ve ırklar içi varyasyonun payını sırasıyla, %12.06, %10.79 ve %77.14 olarak hesaplamışlardır.

Naderi ve ark. (2008), yaptıkları çalışmada, 473 benzoar keçisinde (Capra mtDNA D-loop bölgesi dizine göre 221 haplotip belirlemişlerdir (haplotip farklılığı: 0.9884). Mevcut 221 benzoar keçi haplotipini ve 22 evcil keçi referans haplotipini içeren NJ filogenetik ağaçta, 142 benzoar haplotipinin evcil keçi haplotipleri arasında yer aldığı gösterilmiştir. Burada, benzoar Haplogrup C'nin geniş bir coğrafik dağılıma sahip olduğu fakat evcil keçilere en yakın benzoar haplotiplerin Doğu Anadolu'da bulunduğu bildirilmiştir ve buna bağlı olarak evcil keçi C haplogrubunun orjininin bu bölgeden geldiğini ileri sürülmüştür. Ayrıca, Güney Zagros ve Merkez İran Platosunda benzoar Haplogrup C'nin gözlenmesi evcilleştirme fazında benzoar keçilerinin Doğu Anadolu'ya doğru yer değiştirdiği görüşünü desteklemiştir. Keçilerde evcilleştirme sürecinin muhtemelen iki farklı bölgede (Güney Zagros/Merkez İran Platosu ve Doğu Anadolu) ve birbirinden bağımsız olarak meydana gelmiş olabileceği tahmin edilmiştir. Benzoar keçilerinde filocoğrafik yapının zayıf olduğu belirtilmiştir (genetik varyasyondaki payı: %14.99).

Hao et al. (2008), 10 farklı Çin keçi ırklarında mtDNA D-loop bölgesini kullanarak yaptıkları çalışmada, mtDNA D-loop bölgesinin 1211-1213 bp uzunlukları arasında, 84 farklı haplotip ve 171 polimorfik bölge görülmüştür. Nükleotid ve haplotip farklılıkları, sırasıyla 0.02063 ± 0.00225 ve 0.988 ± 0.003 olarak, ortalama nükleotid farklılıkları sayısını (k) ise 24.896 olarak tespit

etmişlerdir. Araştırma sonuçları evcil Çin keçi ırklarında genetik çeşitliliğin yüksek olduğu göstermiştir. NJ ağacında evcil Çin keçi ırkları iki ana kola ayrılmıştır.

Wang ve ark (2008) yaptıkları çalışmada, Çin'in farklı coğrafik bölgelerinden yedi farklı yerli keçi ırkından oluşan 107 keçide mtDNA D-loop (HVI, 481bp) bölgesini analiz ederek 77 haplotip ve 112 polimorfik bölge tanımlamışlardır. Haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.943–1.000 ve 0.01810–0.03911 arasında tespit etmişlerdir. Çin keçi ırklarında A, B, C ve D olmak üzere dört mtDNA soyun bulunduğu ve bunların frekansları sırasıyla %83.18, %10.29, %3.74 ve %1.86 belirtilmiştir. Evcil keçilerin çoklu maternal orjine sahip olduğu varsayımının desteklendiği bildirilmiştir.

Amills ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada, Güney ve Merkez Amerika keçi ırklarında mitokondriyal kontrol bölgesinin dizi analizi (463 bç) ile genetik farklılığı belirlemişlerdir. Geniş bir coğrafik dağılışa sahip Güney ve Merkez Amerika keçi ırklarından elde edilen 93 hayvanda, 54 farklı haplotipin varlığını belirlemişlerdir. Keçi populasyonunda nükleotid ve haplotip farklılıkları, sırasıyla 0.020 ± 0.00081 ve 0.963 ± 0.0012 olarak tespit etmişlerdir. Avrupa, İberya, Atlantik ve Güney ve Merkez Amerika keçilerine ait dizilerle oluşturulan filogenetik ağaçta Güney ve Merkez Amerika keçilerinin, İspanya ve Portekiz ırkları ile birlikte küme oluşturduğunu, diğer taraftan Bolivya, Şili, Kanarya Adaları ve Arjantin keçi ırklarının ise farklı küme oluşturduğunu belirtmişlerdir. Bununla beraber tüm Güney ve Merkez Amerika keçi ırklarının A soyuna ait olduğu, diğer soyların (B, D, F ve G) ise gözlenmediği bildirilmiştir.

Liu ve ark. (2009) yaptıkları çalışmada, üç Çin evcil keçi ırkından 72 mtDNA D-loop gen dizisi ile önceki çalışmalardan Gen Bankasına sunulan 31 Çin yerli keçi ırkı/populasyonu içeren 723 diziyi birlikte değerlendirerek filogenetik ve genetik analizler yapmışlardır. Toplam 795 mtDNA D-loop dizisinde, 327 haplotip ve 163 polimorfik bölge tanımlamışlardır (transisyon:147, tranversiyon: 16, indel:0). Mevcut 72 mtDNA dizisinin 69'u A, birer de B, C ve D haplogrupları için olmak üzere dört gruba dağıldığı belirtilmiştir. Toplam 327 mtDNA D-loop haplotipinin A,

B, B1, B2, C ve D haplogruplara dağılımı sırasıyla 272, 38, 21, 17, 9 ve 8 olarak verilmiştir. Haplogruplar arasında ortalama haplotip farklılığını 0.989 ± 0.001 , nükleotid farklılığını 0.0355 ± 0.0008 olarak hesaplamışlardır.

Wu ve ark. (2009) yaptıkları çalışmada, farklı bölgelerden oluşan 12 Çin yerli keçi ırkında mtDNA D-loop bölgesi (*HVRI*) dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ve filocoğrafik ilişkileri incelemişlerdir. Çin yerli keçilerinde 145 dizi örneğinde 123 farklı haplotip ve 170 polimorfik bölge belirlemişleridir. Polimorfik bölgelerin 64'ü singleton ve 105'si parsimoni informativ bölge, transisyon/transversiyon oranı ise 32/1 olduğu belirtilmiştir. Haplotip farklılığı 0.9111 ± 0.0773 (Matou)- 0.9872 ± 0.0354 (Laiwu Black) arasında, nükleotid farklılığı 0.0195 ± 0.0108 (Lubei White) - 0.0365 ± 0.0198 (Yunling Black) arasında hesaplamışlardır. Haplotiplerin NJ filogenetik ağaçta, A, B, C ve D olarak dört farklı soya ayrıldıkları gösterilmiştir. Soy A, B, C ve D sırasıyla 82, 25, 5 ve 6 haplotip içermiştir. AMOVA analizine göre keçi ırklarında genetik varyasyonun %96.96'sı ırklar içi, %3.04'ü ırklar arası olduğunu belirtilmiştir.

2.2. Koyunlarda Üzerinde Yapılan Filogenetik Çalışmalar

Hiendleder ve ark. (1998a) yaptıkları çalışmada, evcil koyunlar (*O.aries*) ile yabani koyunları arasındaki filogenetik ilişkiyi mtDNA D-loop bölgesinde PZR-RFLP yöntemini kullanarak araştırmışlardır. Araştırmacılar, 13 kesme enzimi ile 61 farklı fragment paterni değerlendirerek 254 yabani ve evcil koyunda 20 mtDNA haplotip tespit etmişlerdir. Bunlardan 14'ü evcil koyun, 3 muflon (*O.musimon*), 2 argali (*O.ammon nigrimontana*, *O.ammon collium*) ve 1 urial (*O.vignei bochariensis*) yabani koyundur. RFLP verilerine göre evcil koyun haplotiplerinde ortalama gen dizi farklılığı %0.492, muflon haplotiplerinde %0.091, iki argali alttürleri arasında %0.865, urial, argali ve muflon koyunları ile evcil koyunlar arasında ise sırasıyla %2.724, 2.115 ve 0.465 olarak hesaplamışlardır. Burada, genetik farklılık ve parsinomi analizlerinin evcil koyunların iki farklı soydan geldiklerini destekler nitelikte olduğu bildirilmiştir ve bunlar çoğunlukla Avrupa evcil koyunlarının yer aldığı Avrupa soyu ve diğeri ise Asya soyudur. Asya soyu bazı Avrupa ve merkez

Asya evcil koyun ırklarını içermektedir. İki soy arasında ortalama gen dizi farklılığı %0.716 olarak verilmiştir. Filogenetik ağaçta, haplotipleri urial/argali, muflon/Avrupa evcil koyunları ve Asya evcil koyunları şeklinde üç ana branşa kümelendiği gösterilmiştir. Hiendleder ve ark. (1998b), iki major haplotiptin (A ve B) komple mtDNA dizisini çıkarmışlardır (AF010406 ve AF010407).

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

Gou ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada, 6 Çin yerli koyun ırkı (Mongolian, Tibetan, Kazakh Fat-Ramped, Hu, Tong and Han) ve iki batı koyun ırkının (Polled Dorset and Texel) oluşturduğu gruplarda mitokondriyal D-loop bölgesi dizi ve SSCP analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. mtDNA dizi analizine göre oluşturdukları NJ filogenetik ağaçta haplotiplerin üç farklı gruba (A, B ve yeni olarak C) ayrıldıkları gösterilmiştir. A, B ve C haplogrupları için F_s değerlerini sırasıyla -8.20, -10.88, -3.02 olarak hesaplamışlardır.

Ivankovic ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada, mtDNA D-loop bölgesinin dizi verileri ve mikrosatelitler ile Pag adası koyun popülasyonunun genetik

karakterizasyonunu belirlemişlerdir. On Pag adası koyunu mtDNA D-loop dizisinde (339 bç) 7 haplotip ve 39 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Filogenetik ağaçta, Pag adası koyunlarının iki ana haplotip kümeye ayrıldığı (M ve P) ve *O.musimon* ile Avrupa tipi merinosla birlikte küme oluşturduğu gösterilmiştir.

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

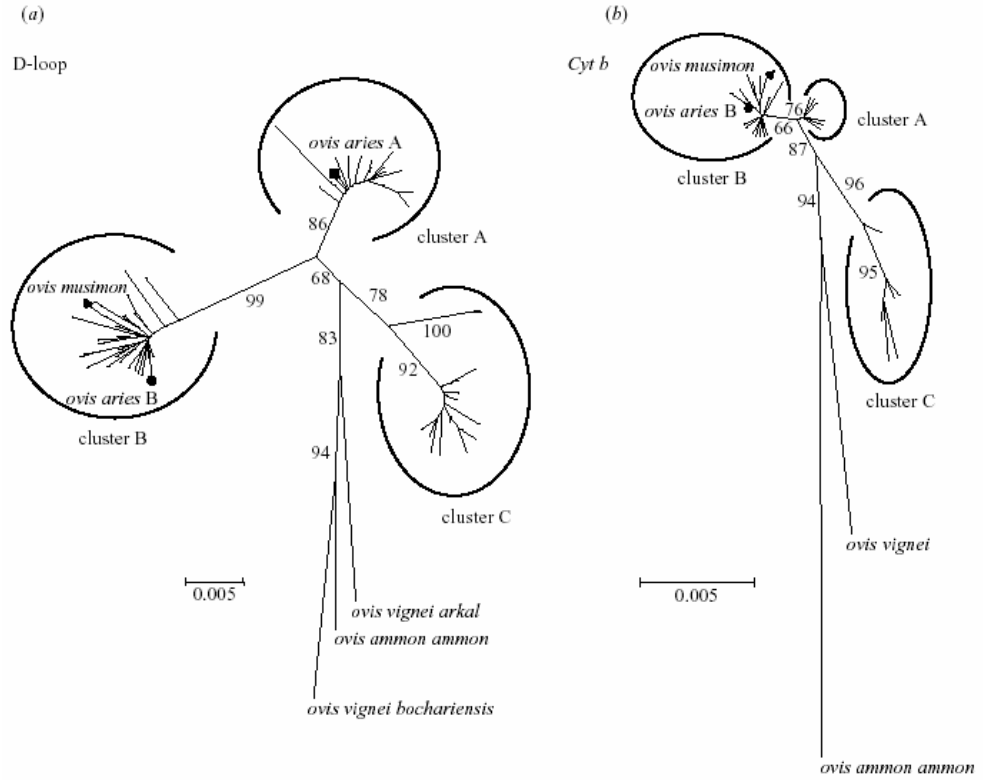
Bunch ve ark. (2006) yaptıkları çalışmada mtDNA cyt b geninin (1140 bç) dizi analizine dayalı olarak yabani kar koyununun (*Ovis nivicola*) diğer yabani ve evcil koyun türleri ile filogenetik ilişkilerini araştırmışlardır. Filogenetik ağaçta, Argaliformlar olarak *O.ammon* yabani türü, Mufloniformlar *O.aries*, *O.musimon*, *O.vignei*, ve *O.orientalis* yabani türleri, Panchyceriformlar olarak *O.nivicola* ve *O.dalli* yabani türleri belirtilmiştir. Tüm yabani koyunların ortak atadan ayrılma zamanı (divergence time) yaklaşık 3.12 milyon yıl önce başladığını belirtmişlerdir. Filogenetik ağaçta benzer kümede yer alan evcil koyun ile muflon koyununun (*O.musimon*) ayrılma zamanını 378.000 yıl olarak tahmin etmişlerdir.

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

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

Pedrosa ve ark. (2005), yaptıkları çalışmada, Türkiye evcil koyun ırklarında (Akkaraman, Hemşin, Karayaka, Morkaraman ve Tuj) mtDNA D-loop ve sitokrom *b* gen bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Ayrıca, önceki çalışmalardan yabancı türlere ait dizi bilgilerini Gen Bankası'ndan temin ederek mevcut evcil ırkların gen dizi bilgileri ile karşılaştırmışlardır. Beş ırktan oluşan 79 hayvanda mtDNA D-loop bölgesi bakımından 71 haplotip ve 69 polimorfik bölge, Cyt *b* gen bölgesi bakımından 36 haplotip ve 45 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Adı geçen araştırmacıların, evcil ve yabancı koyun ırklarının mitokondriyal D-loop ve Cyt *b* haplotiplerinin NJ ağaçlarına ilişkin araştırma bulguları Şekil 2.1'de verilmiştir. Burada, her iki gen bölgesi bakımından filogenetik ağaçlarda, referans *Ovis aries* A ve *Ovis aries* B ile birlikte oluşan kümelerin (A ve B) yanı sıra yabancı

ırklardan ayrı olarak yeni bir küme (C) gözlenmiştir. Sonuçlar evcil koyunların üç ayrı maternal soyu kapsadığını göstermektedir. Burada A, B ve C haplogrupları için nükleotid farklılığı D-loop bölgesinde sırasıyla, 0.00679, 0.00701 ve 0.00881, Cyt b gen bölgesinde sırasıyla, 0.00059, 0.00120 ve 0.00226 olarak tespit etmişlerdir. Türkiye evcil koyun ırklarının A, B ve C haplogruplara dağılım oranlarını (%) ise sırasıyla Akkaraman için 19, 43 ve 38, Hemşin için 6, 81 ve 13, Karayaka için 30, 35 ve 35, Morkaraman için 53, 34 ve 13, Tuj için 27, 66 ve 7 olarak belirlemişlerdir. Haplogruplar arasında ayrılma zamanının (divergence time); A ile B arasında 160.000-170.000, A ile C arasında 450.000-600.000, B ile C arasında 550.000-750.000 yıl önce olmuş olabileceğini tahmin etmişlerdir. Burada, Türkiye evcil koyunlarında üç ayrı maternal soyun varlığı, üç ayrı bağımsız evcilleştirme olgusunu desteklemiştir.



Şekil 2.1. Evcil ve yabani koyun ırkları (a) D-loop ve (b) Cyt b mtDNA tiplerinin NJ ağaçları (Pedrosa ve ark., 2005).

Chen ve ark. (2006), yaptıkları çalışmada, Çin'nin 13 evcil koyun ırkında, mtDNA kontrol bölgesinin 531 bç'lik bir fragmentini analiz ederek filocoğrafik yapı ve genetik farklılığı araştırmışlardır. Çalışmada, 449 dizide 91 polimorfik bölge ve 170 haplotip belirlemişlerdir. Haplotip farklılığı 0.4545 ± 0.1701 (Tan koyunu)- 1.0000 ± 0.0625 (Hu ve Han koyunu) ve nükleotid farklılığı 0.0239 ± 0.0138 (Hu koyunu)- (0.0069 ± 0.0042) (Tan koyunu) arasında tahmin etmişlerdir. Filogenetik analizler sonucu 170 haplotipin oluşturduğu NJ ağaçta, Çin yerli koyun ırklarının 91'i A, 48'i B ve 31'i C soy olarak gruplanmıştır. Fs test değerlerini A, B ve C soyları için sırasıyla -26.20 , -25.89 ve -25.31 olarak hesaplamışlardır. Ayrıca, genetik varyasyonun %94.66'ı ırklar içi, %5.34'ü ırklar arası olduğunu belirtmişlerdir.

Li ve ark. (2006a), 9 Çin yerli koyun ırkı ve iki ithal koyun ırklarında, PZR-RFLP tekniğini kullanarak 5 endonükleaz (*Hinf*I, *Msp* I, *Sau*3A I, *Xsp* I ve *Taq* I) ile mtDNA D-loop polimorfizmini çalışmışlardır. Adı geçen araştırmacılar, mtDNA D-loop bölgesinde iki temel haplotipin var olduğunu ve Çin yerli koyun ırklarının bu iki maternal atadan orjinini almış olabileceğini bildirmişlerdir.

Li ve ark. (2006b), Çin yerli ve kültür ırklarından (Mongolya, Ujimuqin, Dorset, Merinos, Kazakistan, Altay, Tan, Tibet, Hu ve Han koyunları) oluşan 77 koyunda mtDNA D-loop bölgesi (1055 bç) tekrar bölgelerinde (tandem repeats: RI-RV, 75nt) dizi bilgileri ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Tekrar dizileri (75nt) içeren 309 bç'lik dizi bölgesinde 28 polimorfik bölge ve 63 haplotip tespit etmişlerdir. Filogenetik ağaçta, i) Çin yerli ırkları (Hu, Han, Tan koyunları) ii) kültür ırkları (Dorset ve Merinos) iii) Mongolya, Tibet ve Ujimuqin koyunları iv) Kazakistan ve Altay koyunları şeklinde dört ayrı grubun oluştuğu gösterilmiştir. Irklarda, ortalama haplotip farklılığı 0.8783 ve nükleotid farklılığını 0.0365 olarak hesaplamışlardır.

Liu ve ark. (2006) yaptıkları çalışmada, 9 Çin yerli koyun ırkında mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Dizilerin ortalama nükleotid içeriklerini T, C, A ve G için sırasıyla, %28.8, %25.9, %31.2 ve %14.1 olarak hesaplamışlardır. Toplam 128 koyuna ait dizide, 92 farklı haplotip ve 102 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. NJ filogenetik ağaçta, tüm haplotiplerin iki farklı

soy grubu (A ve B) şeklinde kümelendiği gösterilmiştir. Koyunların %74.22'sinin A soyu, %25.78'inin B soyu olarak iki maternal orjine sahip oldukları bildirilmiştir. Irklarda, haplotip farklılığı 0.9333-1.000 ve nükleotid farklılığını %0.7062-1.8265 arasında hesaplamışlardır. F_S değerini A soyunda -24.6491 ve B soyunda -3.3947 olarak tahmin etmişlerdir.

Tapio ve ark. (2006) yaptıkları çalışmada, Avrupa, Kafkasya ve Merkez Asya bölgelerindeki koyun ırkları üzerinde mtDNA D-loop bölgesi dizi bilgilerini (721 bç) kullanarak filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 48 ırktan oluşan 406 koyunda 210 haplotip bölge tespit etmişlerdir. Haplotiplerin multiple dizi hizalamasında 124 polimorfik bölge gözlemişlerdir. NJ ağaçta, haplotiplerin dört ayrı haplotip gruba ayrıldığı, Grup A ve B (Wood and Phua, 1996), C (Pedrosa ve ark., 2005) ve yeni grup D'nin bu çalışmada tanımlandığı bildirilmiştir. Grup D'de kuzey Kafkasyadan sadece bir Karachai ırkı koyun yer almıştır.

Wang ve ark. (2006), Çin'in farklı yörelerinden 9 yerli koyun ırkında genetik farklılıkları belirlemek için yaptıkları çalışmada, mtDNA *Cyt b* gen bölgesi dizi bilgilerini kullanarak popülasyonda, 21 dizide 29 tek değişkenli ve 14 parsimoni olmak üzere 43 polimorfik bölge tespit edildiği ve burada sadece üç pozisyonda; 603 (C/G), 693 (T/G), 1078 (C/A) transversiyon, diğer tüm pozisyonlarda transisyon (G→A, 16 ve T→C, 24) meydana geldiği belirtilmiştir. Transisyon ve transversiyon oranlarının sırasıyla %3.51 ve %0.26, 43 polimorfik bölgedeki varyasyonun 19'unun non-sinonim ve 24'ünün sinonim mutasyon olduğu bildirilmiştir. NJ filogenetik ağaçta, 9 yerli ırkın yer aldığı 21 koyunun üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir. Soy A, B ve C sırasıyla 6, 12, ve 3 koyunu içermiştir. Popülasyonda, haplotip farklılığı 97.1 ± 0.09 , nükleotid farklılığı (π) 0.602 olarak hesaplamışlardır. Bunlara ilaveten sadece soy B'de görülen *Cyt b* geninin +1095 pozisyonundaki G→A transisyonunun, Ile→ Met amino asidine dönüştürdüğü belirtilmiştir.

Pereira et al. (2006), Churra tipinden Churra Badana (26), Churra da Terra Quente (24), Mondegueira (14) ve Churra Algarvia (35); Bordaleiro tipinden

Campanicxa (20) ve Saloia (32), merinos tipinden Merino Preto (10) olmak üzere akrabalık ilişkisi bulunmayan 161 koyunda, mtDNA kontrol bölgesi dizi bilgileri ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Portekiz koyun ırklarında mtDNA kontrol bölgesinde 195 polimorfik bölge ve 134 farklı haplotip tespit etmişler ve haplotip farklılığı 0.966-0.998 arasında tahmin etmişlerdir. Irkların haplogruplara dağılımı ise %93 HG B, %4.3 HG A ve %1.9 HG C olarak görülmüştür.

Meadows ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada, Türkiye'deki Van yöresinden Karakaş ve Norduz, Erzurum yöresinden Morkaraman ve Tuj, Aydın yöresinden Çine Çaparı, Sakız, ve Karya (Sakız*Kıvırcık), Tokat ve Samsun yöresinden Karayaka koyun ırklarından ve İsrail'den İvesi koyunlarından oluşan örnek populasyonlarda, mtDNA kontrol bölgesi (1060 bç) ile Cyt b gen bölgelerinin (967 bç) dizi analizi ile Yakın Doğu koyun ırklarında beş mitokondriyal soyu (HA, HB, HC, HD ve HE) tanımlamışlardır. Hayvanların çoğunluğunun A, B ve C soyları içerisinde gruplandığı belirtilmiştir. Adı geçen araştırmacıların, Yakın Doğu koyun ırklarının mitokondriyal haplogruplara dağılımına ilişkin araştırma sonuçları Çizelge 2.1'de verilmiştir. Burada, Morkaraman (A, B, C, D) ile Tuj ve İvesi (A, B, C, E) koyunlarının dört farklı soya, Sakız koyunlarının ise tek soya (B) sahip olduğu görülmektedir. Haplogruplar arasında, genetik farklılığın %0.49-1.37 arasında olduğu belirtilmiştir.

Çizelge 2.1. Türkiye ve İsrail orjinli koyun ırklarının mitokondriyal haplogrup dağılımı (%) (Meadows et al. 2007)

Irklar	n	HA	HB	HC	HD	HE
Karakaş	20	20.0	60.0	20.0		
Morkaraman	19	26.3	57.9	5.3	10.5	
Tuj	16	18.8	43.8	31.2		6.2
Karya	24	12.5	87.5			
Norduz	15	46.8	26.6	26.6		
Çine Çaparı	14	14.3	50.0	35.7		
Karayaka	15	40.0	60.0			
Sakız	17		100.0			
İvesi	57	26.3	54.4	14.0		5.3
Nükleotid farklılık (π) ($\times 10^{-3}$)		1.06	1.64	1.15	0.00	0.49

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

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

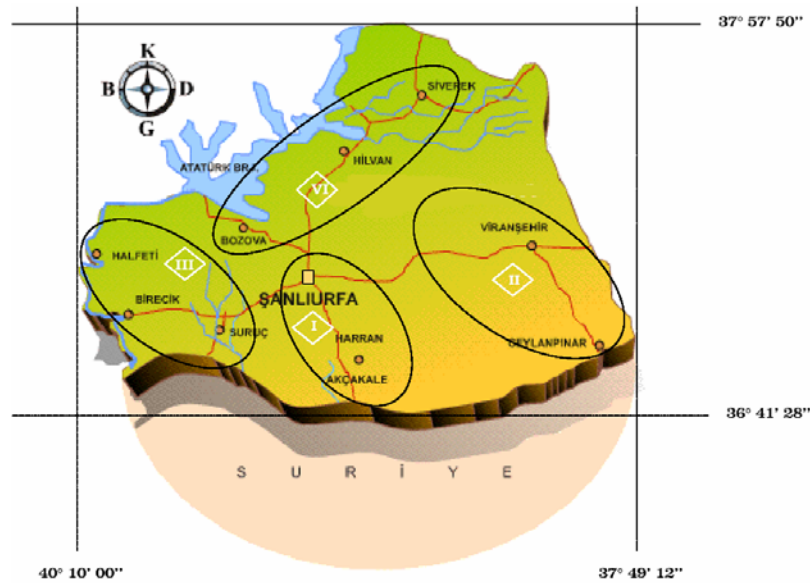
Wang ve ark. (2007), Çin'in farklı yörelerinden 10 yerli koyun ırkında genetik farklılıkları belirlemek için yaptıkları çalışmada, mtDNA D-loop bölgesi gen dizi bilgilerini kullanarak popülasyonda, haplotip farklılığı %92.7, nükleotid farklılığı %3.058, tüm haplotiplerde Kimura-2-parametre tahminine göre ortalama pairwise genetik uzaklığı 0.034 olarak hesaplamışlardır. NJ filogenetik ağaç, 10 yerli Çin koyun ırkının yer aldığı 78 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir. Soy A ve B'nin predominant olduğu, Soy C'nin ise düşük frekansa sahip olduğu belirtilmiştir. Popülasyon genişliğini (F_S) A, B ve C soyları için sırasıyla -25.15, -12.28, -8.60 olarak tespit etmişlerdir.

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

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Hayvan Materyali ve Örnek Toplama

Araştırmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen Akkaraman ve İvesi koyunları ve Kıl ve Kilis keçi ırkları oluşturmuştur ve bu ırkları tanımlayıcı bilgileri sırasıyla Ek 1, 2, 3 ve 4'te verilmiştir. Şanlıurfa merkez ve ilçelerine ait 4 farklı güzergahta (Şekil 3.1) tesadüfi olarak kaşılışılan koyun ve keçi sürülerinden DNA izolasyonu için kıl örnekleri toplanmıştır (Çizelge 3.1). Seçilen hayvanların birbirlerine akraba olmaması için her sürüden bir örnek alınmıştır. Kıl örnekleri, doğrudan temas ve kontaminasyonu önlemek için eldivenlerle hayvanların üst sırt boyun kısımdan çekilerek toplanmıştır. Her bir hayvan için toplanan kıl örnekleri özel kilitli poşetlere konarak, etiketlenilip laboratuvara ulaştırılıncaya kadar muhafaza edilmiştir. Örnek etiketi üzerine, alındığı yer ve hayvana ait bilgiler (tarih, ırk, cinsiyet ve bazı morfolojik özellikler vs) yazılmıştır. Çalışma sahasında ırk tespitinde, Keçiler için Özcan (1997) ve koyunlar için Kaymakçı ve Aşkın (1997) tarafından belirtilen dış görünüş özellikleri dikkate alınmıştır.



Şekil 3.1. Çalışma sahası

Çizelge 3.1. Şanlıurfa yöresinde yetiştirilen koyun ve keçilerden toplanan örnek sayısı

Bölge	Yöre	Akkaraman	İvesi	Kıl	Kilis
RI	Merkez, Harran, Akçakale	25	15	10	10
RII	Viranşehir, Ceylanpınar	15	15	10	10
RIII	Suruç, Birecik, Halfeti	15	15	10	10
RIV	Bozova, Hilvan, Siverek	15	15	10	10
Toplam		70	60	40	40

3.2. Moleküler Çalışmalar

Moleküler çalışmalar, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniverbölgesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Biyoteknoloji ve Gen Mühendisliği Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

3.2.1. DNA İzolasyonu

Koyun ve keçilerden toplanan kıl örneklerinden, Sambrook ve ark. (1989)'nın fenol/kloroform+Proteinaz K yöntemi modifiye edilerek toplam genomik DNA izolasyonu yapılmıştır. İzolasyon aşamalarını gösteren protokol aşağıda verilmiştir.

Kıl örneklerinden DNA izolasyon Protokolü:

Saklama poşetlerinde bulunan kıl veya yapağı örneklerinden eldiven giyilerek özenle kök kısımlarını da içerecek şekilde bir tutam çıkartılmıştır. Örnekler plastik tartı kapları içerisinde etil alkol (%70) ile temizlenip oda sıcaklığında 15-20 dk kurumaya bırakılmıştır. Daha sonra 1.5 ml'lik ependorf tüpü içerisine kıl örnekleri kökünden yukarıya doğru 1 cm'lik kısım dahil uçları eğimli özel bir steril makasla küçük parçalara ayrılmıştır. Bu işlem sonrası tüp içerisine sıvı azot konularak örnekler dondurulmuş ve hemen 15-20 saniye homojenizatörden geçirilerek hücre duvarlarının kırılması sağlanmıştır. Daha sonra tüp içerisine 700 µl TEN tampon (100 mM Tris, 10 mM EDTA, 250 mM NaCl, pH:8.0), 40 µl SDS (%20) eklenip tüpler vortexlendikten sonra 55 °C'ye ayarlı ısı tablasında 24 saat bekletilmiştir. Bu arada örnekler her 3-4 saatte bir vortex edilmiştir. Ertesi gün tüp içerisine 50 µl Proteinaz K (2 mg/ml) eklenip vortex yapıldıktan sonra 55 °C'ye ayarlı ısı tablasına

örnekler tekrar yerleştirilip ve 24 daha saat bekletilmiştir. Ertesi gün tüp içerisine RNaz eklenerek 10 µl (10 mg/ml) örnekler her 3-4 saatte bir vortex edilmiştir. İnkübasyon sonrası (3 günlük) tüp içerisine 600 µl Fenol/Kloroform (1:1) eklenip 13000 dev/dk'da 10 dakika santrifüj edilmiştir (4 °C). Fenol/Kloroform (1:1) aşaması tekrar yapıldıktan sonra üst tabaka başka bir tüpe alınarak içerisine 500 µl Kloroform/isomil alkol (24:1) konup hafifçe alt-üst edilmiştir. Tüpler biraz bekletildikten sonra 10000 dev/dk'da 2 dakika santrifüj edilip (4 °C) üst tabaka başka bir tüp içerisine alınmıştır. Kloroform/isomil alkol (24:1) aşaması tekrarlandıktan sonra üst tabaka başka bir tüp içerisine alınıp hacmin %70'i kadar izopropanol eklenmiştir. Tüpler hafifçe alt-üst edilip içine 200 µl etil alkol (%70) eklenerek 1-2 saat buzdolabında (4 °C) bekletilmiştir. Daha sonra tüpler 14000 dev/dk'da 15 dakika santrifüj edildikten sonra tüp içindeki sıvı hafifçe atılmıştır. Alkol kalıntılarının uçması için oda sıcaklığında tüp ağzı açık olarak biraz bekletilmiş ve peletin kuruması sağlanmıştır. Daha sonra tüp içerisine 50-100 µl civarında TE (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH:8.0) tampon konularak, 50 °C'lik ısı tablasında 30 dakika süreyle bekletilip DNA çözüldürülmüştür. Daha sonra tüpler vortex edilerek -20 °C 'de muhafazaya alınmıştır.

3.2.2. DNA agaroz jel elektroforezi

İzole edilen DNA örneklerinin görüntülenmesinde %1'lik (1 g agaroz/100 ml 1XTBE: Tris-Borik asit-EDTA), agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz jel elektroforez işlemi aşağıda verilmiştir.

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

Erlenmayer içerisine (250 ml'lik) 100 ml 1XTBE çözeltisi ve 1 g agaroz (Sigma) tartılarak konulup mikrodalga fırın içerisinde agaroz eritilmiştir. Daha sonra jel biraz soğutulduktan sonra hemen küvete döküp taraklar yerleştirilmiş ve jelin katlaşması beklenmiştir. Daha sonra, 1XTBE içeren elektroforez tankına, küvet yerleştirildikten sonra, taraklar hafifçe çıkartılmıştır. Jel kuyularının baş kısmına moleküler ağırlık markeri yüklenmiştir. Markerlardan DNA için 1 kb ladder, PZR

için 100 bç ladder kullanılmıştır (Favorgen, Tayvan), ladder'lara ilişkin bilgi Ek 17'de verilmiştir. Diğer kuyulara, 10 µl DNA örnekleri 2 µl yükleme tamponu (%0.25 bromofenol mavisi, %40 sükröz, 100 mM ETDA, pH:8.0) ile birlikte yüklenmiştir (PZR ürünleri 5 µl + 1 µl yükleme tamponu). Yükleme sonrası güç kaynağından (Biolab), jel tankına 100 Volt elektrik akımı verilerek jel 30-40 dakika koşturulmuştur (- → +). Daha sonra jel, etidyum bromür (0.5 µg/ml) içeren bir kabın içerisinde 10 dakika bekletilip DNA'ların boyanması sağlanmıştır. Boyanan jelde, ultraviyole (UV) ışık altında DNA'nın varlığı görüntülenmiş ve fotoğrafı çekilerek değerlendirmek üzere bilgisayara aktarılmıştır.

3.2.3. Primerlerin Tasarlanması

Koyun ve keçi DNA örneklerinde mitokondriyal DNA D-loop bölgesi, 12S rRNA ve Sitokrom b (*Cyt b*) gen bölgelerini çoğaltmak için gerekli ileri ve geri primerlerin tasarlanması amacıyla öncelikle, Gen Bankası internet portalından (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), evcil koyun (*Ovis aries*) ve evcil keçi (*Capra hircus*) için komple mitokondriyal genom (*Capra hircus* mitochondrion, complete genome/*Ovis aries* mitochondrion, complete genome) *nucleotide* arama modu ile sorgulanarak referans dizi bilgileri (RefSeq) temin edilmiştir. *Ovis aries* mtDNA için referans dizi erişim kodu: NC_001941, *Capra hircus* için erişim kodu NC_005044'dir.

Koyun ve keçi için referans mtDNA genomun D-loop, 12S rRNA ve *Cyt b* gen bölgelerine ait diziler nükleotid BLAST (*blastn*) yapılarak organizmalar (*Capra taxid:9922*, *Ovis taxid:9935*) için dizi seti (hedef dizi: 250 adet) oluşturulmuştur. Oluşturulan dizi setinde *Clustal W* (Thompson ve ark., 1994) programı kullanılarak koyun ve keçi D-loop, 12S rRNA ve *Cyt b* gen bölgeleri için homolog bölgeler belirlenmiş ve bu bölgelerden primer çiftleri tasarlanmıştır (Çizelge 3.2). Primerler, Favorgen (Tayvan) firmasına sentezlettirilmiştir. Her bir primer için erime sıcaklığı "DNA Calculator" programı (<http://www.sigma-genosys.com/calc/DNACalc.asp>) veya $(T_m)=2(A+T)+4(G+C)$ eşitliği kullanılarak hesaplanmıştır.

Çizelge 3.2. PZR işlemi için tasarlanan primerler

Primerler	Dizi (5→3)	Uzunluk	Pozisyon	Tm [°C]
CAP 12S(F)	CCCTCCAAATCAATAAGACTAAG	22	78-100	59.53
CAP 12S(R)	CGATTATAGAACAGGCTCCTC	21	545-565	59.33
CAP CYT B (F)	GACCAACATCCGAAAGACCC	20	3-22	65.50
CAP CYT B (R)	CCAATAATAATGTAGGGATGTTCG	24	1029-1052	61.91
CAP D-loop (F)	CCAAAAATATTAAGAGCCTCCC	22	33-54	61.44
CAP D-loop (R)	GCTGGAGTAAAGATTGAGTATTGG	25	1173-1196	62.72
OVS 12S(F)	GCCTTCCTGTAACTTTCAATAG	23	17-39	59.69
OVS 12S(R)	GCTTACCTTGTTACGACTTGTC	22	911-932	59.33
OVS CYT B (F)	CAACATCCGAAAAACCCACC	20	6-25	66.14
OVS CYT B (R)	GGAGGTTGTTTTCGATGATGC	21	1109-1129	65.45
OVS D-loop (F)	CTAAAACCTCCCAAACATACAACAC	24	69-92	60.21
OVS D-loop (R)	CCCAGGTGCCTATATATTTACTTC	24	1139-1162	60.45

Koyun ve keçinin 12S rRNA, Sitokrom b ve D-loop gen dizileri, primerlerin bağlanma bölgeleri ve beklenen PZR ürünü boyutları aşağıda verilmiştir.

Koyun 12S rRNA geni: 958 bp, PZR ürünü: 916 bp (NC_001941)

TATAGGTTTGGTCCCA**GCCTTCCTGTTAACTTTCAATAG**ACTTATACATGCAAGCATCCACGCCCCGGTGAGTAAC
 GCCCTTCGAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCACACACTCTGTAGCTCAACGCCTTGCTTAAC
 CACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTACTAAGTCATATTGACCAGGGT
 TGGTAAATCTCGTGCCAGCCACCGCGGTACATCGATTGACCAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGTAAA
 GCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAACTGTAAGGACCAATATAACAAAAATAAATGACGAAAGT
 AACCTTACAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAACTGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACA
 CAAATAATATAAAAAACAAAATTATTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCT
 TTATACCCCTTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAACCCCGATAAACCTCACCATCTTGCTAATACAGTCT
 ATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAATAATAACACATAAAGACGTTAGGTC
 AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTACATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGA
 AATTAATAGCCAAAGGAGGATTTAGCAGTAACTAAGAATAGAGTGTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCAC
 ACACCGCCCGTCACCCCTCTCAAGTAAATATGATATACTTAAACCTATTTACATATATCAACCACACGAGAGGAGA
 CAAGTCGTAACAAGGTAAGCATACTGGAAGTGTGCTTGATAAAC

Koyun Cyt b geni: 1140 bp, PZR ürünü: 1124 bp (NC_001941)

ATGATCAACATCCGAAAAACCCACCCTACTAATAAAAAATTGTAACAACGCATTCATTGATCTCCAGCTCCATCAA
 ATATTTTCATCATGATGAACTTTGGCTCTCTCCTAGGCATTTGCTTAATTTTACAGATTCTAACAGGCCTATTCCT
 AGCAATACACTATACACCTGACACAACAACAGCATTCTCTCTGTAACCCACATTTGCCGAGACGTAAACTATGGC
 TGAATTATCCGATATATACAGCAAACGGGGCATCAATATTTTATCTGCCTATTTATGCATGTAGGACGAGGGCC
 TACTACTAGGATCATATACCTTCTTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTATTTGCGACAATGCCACGC
 ATTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATTTCTGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTAGCA
 ATTCATATATTGGCACAAACCTAGTCGAATGAATCTGGGGAGGATTCAGTAGACAAAGCTACCCTCACCCGAT
 TTTTCGCCCTTCACTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTCACCTACTCTTCCCTCCAGAAC
 AGGATCCAACAACCCACAGGAATTCATCGGACACAGATAAAATTCCTTCCACCTTATACACCATTAAGAC
 ATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATGCTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAG
 ACAACTACACCCAGCAAACCCACTTAACTACCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCTATTTGCGTACGC
 AATCTTACGATCAATCCCTAATAAACTAGGAGGAGTCTCGCCCTAATCCTCTCAATCCTAGTCTAGTAATTATA
 CCCCTCCTCCATACATCAAAGCAACGGAGCATAATATCCGACCAATCAGTCAATGTATATTCTGAATCCTAGTAG
 CCGACCTATTAACACTCACATGAATGGAGGCCAGCCAGTTGAACACCCCTACATCATTTATGGACAACCTAGCATC
 TATTATATATTTCTTATCATTCTAGTCATAATACCAGTAGCTAGCATCATCGAAAACAACCTCTAAATGAAGA

Koyun D-loop: 1180 bp, PZR ürünü: 1094 bp (NC_001941)

AATCATATCAACGATACTTATCAATATATTTCCAAAAATATAAAGAGCCTCTCCAGTATTAACCTTGCTAAAACT
 CCCAAACATACAACACGGACTTCCCACTCCACAAGCCACATAACAACCCATAACAAGAAAAGCACAACCAGCCACC
 CACGGACATGAGCGTTCATAAACCCAAACATATCTTATGTCTGTCTTAAACATGCAAACGAGTACATAGTATTAATG
 TAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGTACGTACATAGTATTAATGT
 AATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCAGGCACATAGTATTAATGTA
 ATACAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGCAGTACATAGTATTAATGTAA
 TATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCAGTACATTTGTTTCACTGAAG
 CATGTAGGGTATTAACCTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATGCGTATCCTGT
 CCATTAGATCACGAGCTTGTTCACCATGCCGCGTGAACCAACAACCCGCTCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCC
 GGGCCACTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGAACTTTAACAGGCATCTGGTCTTTCTTTCAGGGCCATCTCATC
 TAAAATCGCCACTCTTCCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAAC
 TGTGGTGTATGATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGACTCAGCTATGGCCGTGAGGCCGTGACCC
 GGAGCATGAATGTAGCTGGACTTAACTGCATCTTGAGCATCTCATAATGGTAAGCATGGGCATAATATAATTA
 TGGTACAGGACATATCTGCTGTATCGTGCATTTATATATTTCTTTTTTCCCCTTCCCCTTAAATATTTATCACC
 ATTTTTAACACGCTTCCCCTTAGATATTAATATAAATTTATCCCGCCCTCAATACTCAAATTCATACTCCAACCGA
 AGTAAATATATAGGCACCTGGGTACATACATAACGCATA

Keçi 12S rRNA geni: 571 bç, PZR ürünü: 488 bç (NC_005044)

CATAGGTTTGGTCCCAGCCTTCTCTAACTCTCAACAGACTTACACATGCAAGCATCCACGCCCGGTGAGTAAC
 GCCCTCCAAATCAATAAGACTAAGAGGAGCAGGTATCAAGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAAACA
 CACCCCTACGGGAGACAGCAGTGACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTG
 GTAATCTCGTGCCAGCCACCGCGGTACATACGATTAACCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAACGTGTTAAAGC
 ACTACATCAAATAGAGTTAAATTTCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATTACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAA
 CCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCCAACTGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACA
 AATAATTACAGAAACAAAATTATTCGCCAGAGTACTACGGCAACAGCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTT
 TATACCCTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAC

Keçi *Cyt b* gene: 1140, PZR ürünü: 1050 bç (NC_005044)

ATGACCAACATCCGAAAGACCCACCCATTAATAAAAAATTGTAAACAACGCATTTATTGACCTCCCAACCCCATCAA
 ACATCTCATCATGATGAACTTTGGATCCCTCCTAGGAATTTGCCTAATCTTACAAATCCTGACAGGCCATTTCTT
 AGCAATACACTATACATCCGACACAATAACAGCATTTTCTCTGTAACTCACATTTGTGAGATGTAAATTTATGGC
 TGAATCATCCGATACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCTTTATCTGCCTATTCAACATATCGGACGAGGTC
 TATATTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTGCTCGCAACAATGGCCACAGC
 ATTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATTTTGGAGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCA
 ATCCCATATATTGGCACAACCTAGTCGAATGAATCTGAGGGGGTTCTCAGTAGACAAAAGCCACTCTCACCCGAT
 TCTTCGCCCTTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTCTTCTCCACGAAAC
 AGGATCGAACAACCCACAGGAATTCATCAGACACAGATAAAATCCCATTTACCCCTTACTACACCATTAAAGAT
 ATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTTGTTCTAATATTACTAGTACTATTACACCCGACTACTCGGAGACCCAG
 ACAACTATATCCCAGCAAATCCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGC
 AATCTACGATCAATCCCAACAACTAGGAGGAGTCTAGCCCTAGTCTCTCAATCTAATCTTAGTACTTTGTA
 CCCTTCTCCACACATCTAAACAACGAAGCATAAATTTCCGCCAATCAGCCAATGCATATTTCTGAATCCTGGTAG
 CAGATCTATTAACACTCACATGAATTTGGAGGACAGCCAGTCCGAACATCCCTACATTATTTGGACAACCTAGCATC
 TATTATATATTTCTCATATTCTAGTAATAATACCAGCAGCTAGCACCATTGGAACAACCTTCTAAAAATGAAGA

Keçi D-loop geni: 1212 bç, PZR ürünü: 1137 bç (NC_005044)

AACCACTATTAACCACATCTATTAATATACCCCAAAAAATATTAAGAGCCTCCCAGTATTAATTTACTAAAAAT
 TTCAAATATACAACACAACTTCCCACTCCACAAGCCTACAGACATGCCAACAACCCACACGTATAAAAAACATCCC
 AATCCTAACCCAACCTTAGATACCCACACAAACGCCAACACCACACAATATTACGTGTATGCAAGTACATTACACCG
 CTGCTTACACACAAATACATTTACTAACATCCATATAACGGGACATACAGCCTTCATATAGTTTACTGTATATC
 TACCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACATTTTATGATCTACTTCATGTG
 TACGTACATAATATTAATGTAACAAGGACATAGTATGTATATAGTACATTAACGATTTTCCACATGCATATTAAG
 GACGTACATCAGTATTAATGTAATAAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCTCATGCATATAAG
 CATGTATAATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACAATAGGGTCAAATCCA
 TTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCACTAGATCACGAGCTTGTGACCATGCCGCGTGAACCCAGCAACCCGCTT
 GGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACCGTGGGGTTCGCTATTTAATGAACCTTATCAGACATCTGG
 TTCTTTCTCAGGGCATCTCACCTAAATCGCCACTTTCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGAC
 TAATCAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTACATATTTGGTATTTTTAATTTTCGGGGATGCTTGGACTCA
 GCTATGGCCGTCTGAGGCCCGACCCGGAGCATAAATTTAGCTGGACTTAACTGCATCTTGGACATCCCATAAAT
 GGTAGGCATGGGCATTACAGTTAATGGTCACAGGACATATTTATTATGTTGCATTTTCATCATGCATCCGCTCCACC
 TTTCCCCCTCCTTCTTAGATATATACCACCGTTTTTAAACACGCTCCCTCCTAGATATTAGTGCAAAATTTTTCT
 ACTTCCAATACTCAAATCTTTACTCCAGCCAAGGTAAATATATAAGTGCCTGGGTCTTTTACATGGTAAGTG

3.2.4. Koyun ve keçi 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

Koyun ve keçi 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler Çizelge 3.3'de gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda kuru buz üzerindeki 0.2 ml'lik PZR ependorf tüpleri içerisinde hazırlandıktan sonra, PZR şartları önceden programlanmış PZR cihazına (Eppendorf/Favorgen/BioRad) yerleştirilmiştir. PZR için regular *Taq* polimeraz HiFi *Taq* polimeraz, HS-Pf *Taq* polimeraz ile dNTP mix Favorgen (Tayvan) firmasından temin edilmiştir. PZR amplifikasyon şartları Çizelge 3.4'te verilmiştir. Belirtilen PZR bileşen ve PZR amplifikasyon şartları genel olup, koyun ve keçi örneklerinde 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerine göre modifiye edilmiştir.

Çizelge 3.3. PZR bileşenleri

Bileşenler	Konsantrasyon	Miktar
Kalıp DNA	20-30 ng/μl	1.0 μl
PZR Buffer	10X	5.0 μl
İleri Primer	10 pmol/μl	1.0 μl
Geri Primer	10 pmol/μl	1.0 μl
dNTP mix	1.0 nM	1.0 μl
<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/μl	0.4 μl
dH ₂ O		40 μl
Toplam		50.0 μl

Çizelge 3.4. PZR amplifikasyon şartları

Döngü işlemi	Sıcaklık (°C)	Döngü sayısı	Süre
Ön denatürasyon	95	1	4 dakika
Denatürasyon	94	} 30	60 saniye
Yapışma (T _m)	53-60		60 saniye
Sentez	72		2 dakika
Son uzama	72	1	7 dakika
Bekleme	4	∞	∞

Çoğaltılan PZR ürünlerinin görüntülenmesinde %1'lik agaroz jel kullanılmıştır (1 g agarose/100 ml 1XTBE). PZR jellerinin koşturulmasında marker olarak 100 bç'lik ladder (favorgen) kullanılmıştır (Ek 18).

3.2.5. DNA Dizileme

Dört farklı bölgeden (RI-RIV) Akkaraman ve İvesi koyunu ile Kıl ve Kilis keçi ırklarından 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu gerçekleşmiş 5 hayvan gen dizileme için seçilmiştir. 4 ırk*4 bölge*5 hayvan*3 gen bölgesi *2 ileri (F) ve geri (R) zincir olmak üzere toplam 480 adet örnekte dizileme işlemi İontek (İstanbul) firmasına yaptırılmıştır. Gen dizileme için örnekler 50 µl olarak (25 µl PZR ürünü + 25 µl ddH₂O) hazırlanmıştır.

3.3. 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen dizilerinin değerlendirilmesi

Burada örneklere ait dizi kromatoğramlarının değerlendirilmesi ve aşama aşama yapılan dizi düzenlemelerin gösterilmesi amacıyla Akkaraman koyunu D-loop bölgesi (AK01) örnek alınarak işlemler zinciri aşağıda açıklanmıştır.

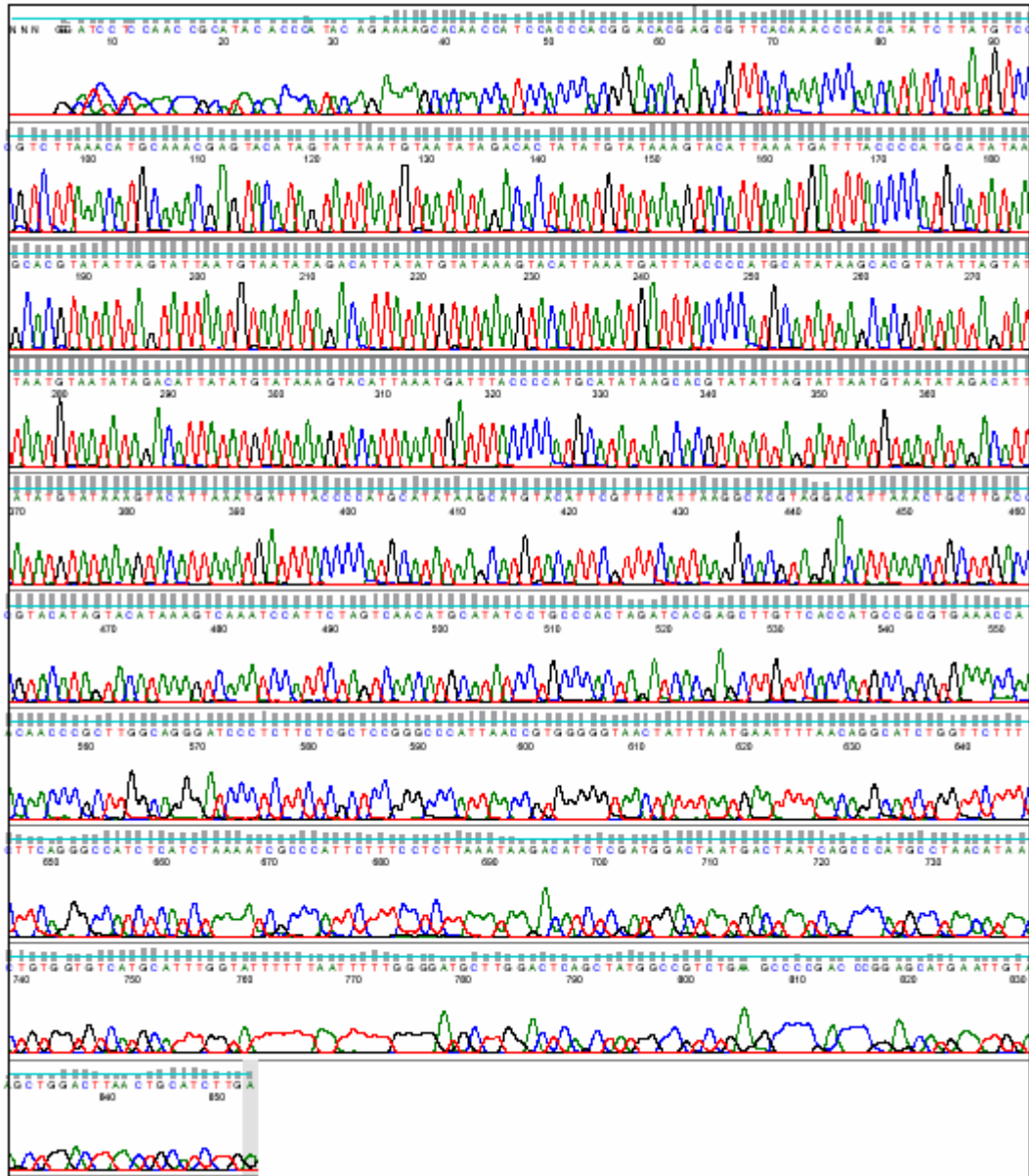
1) PZR ürünlerinin ileri (F) ve geri (R) zincir kromatoğramlarını içeren dosyalar (AK01_F.ab1 ve AK01_R.ab1) Finch TV 1.4 paket programında açılarak görüntülenmiştir (Şekil 3.2 ve Şekil 3.3). Burada kromatoğramdaki pikler incelenmiştir ve pik sinyalleri belirgin ve kaliteli olan dizi örnekleri değerlendirilmeye alınmıştır.

2) Görüntülenen AK01_F.ab1 dosyasından dizi bilgileri FASTA formatta bir not defteri dosyasına (AK01.txt) transfer edilmiştir (Şekil 3.4). AK01_R.ab1 dosyasındaki görüntü "reverse komplementer"e çevrilerek benzer şekilde dizi bilgileri FASTA formatta not defteri dosyasına aktarılmıştır (Şekil 3.4). AK01.txt dosyasına ilgili gene ait referans dizi bilgileri de (NC_001941) eklenerek AK01 örneği için veri dosyası oluşturulmuştur.

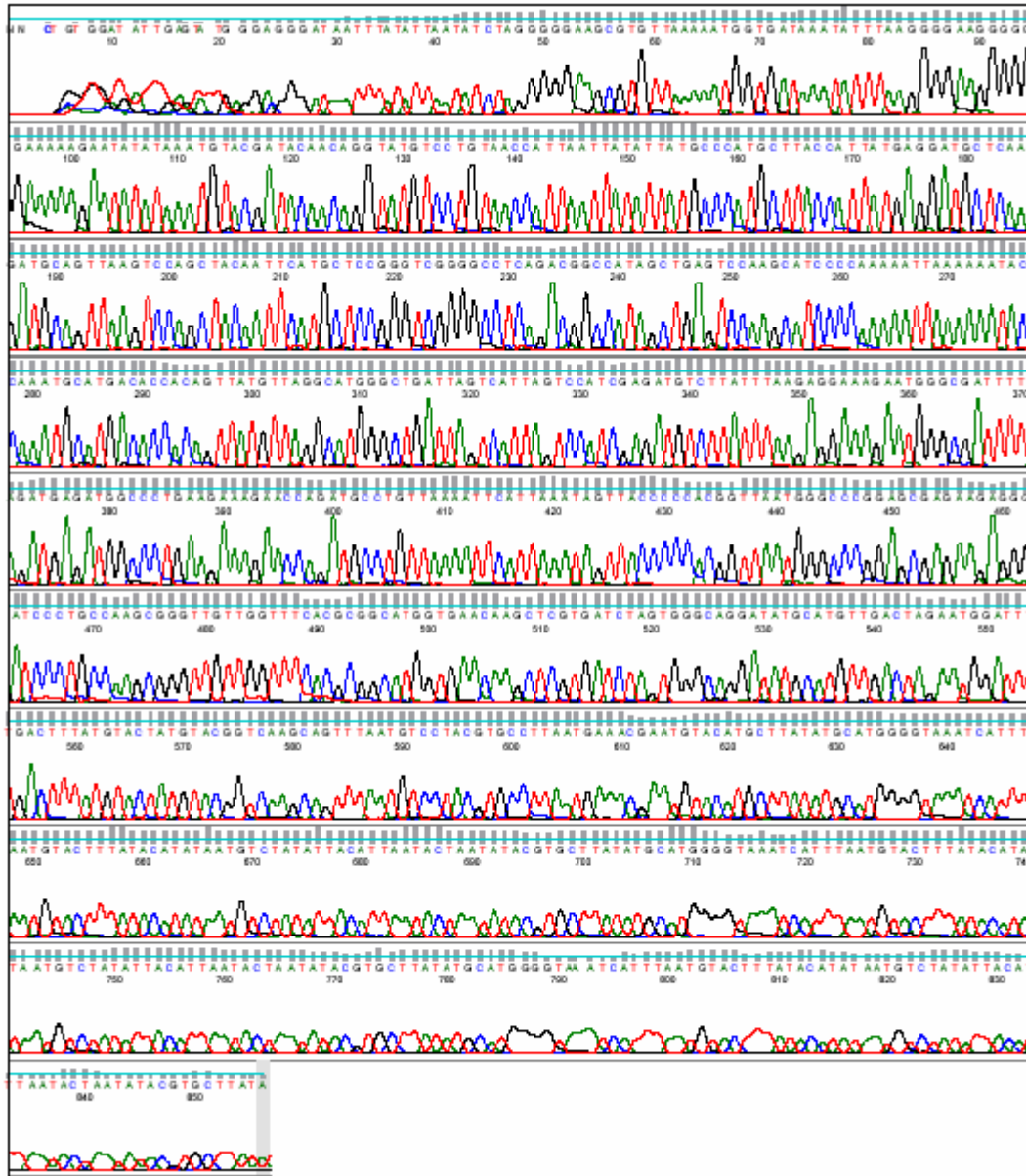
3) Veri dosyası (AK01.txt) kullanılarak *Clustal W* programı ile çoklu dizi hizalama (multiple sequence alignment) yapılmıştır (Şekil 3.5). Burada amaç, hem ileri hem geri dizi uyumunu görmek hem de referans dizi ile de karşılaştırarak konsensüs sağlanan dizilerin (Clustal consensus) belirlenmesini sağlamaktır. Ayrıca referans dizi temel alınarak ileri ve geri zincirle birlikte konsensüs bölgelerde, tespit edilen nükleotid yer değişimleri (transisyon/transversiyon) veya indel (insersiyon ve delesyon) bölgeler işaretlenerek AK01 örneğimiz için ilk aşama dizi bilgisi elde edilmiştir (Şekil 3.6).

4) Benzer aşamalar diğer tüm örnekler içinde yapılmıştır. Tüm örnekler için elde edilen ilk aşama dizilerde tekrar çoklu dizi hizalama yapılmış ve tüm diziler için ortak konsensüs bulunan bölgeler belirlenmiştir. Konsensüs dışı diziler kırpılarak son aşama diziler elde edilmiştir (Akkaraman koyunu D-loop bölgesine ait tüm dizi bilgileri FASTA formatta AK_DLOOP.txt şeklinde dosyalanmıştır).

5) Irklara ve genlere ait dizi setlerini içeren dosyalar (*.txt), genetik farklılık ve filogenetik analizlerle ilgili paket programlarda kullanılmak üzere değişik formatlara (FASTA, NEXUS, PHYLIP, MEGA, ARLEQUIN, ROEHL) çevrilmiştir



Şekil 3.2. İleri (Foward) zincire ait kromatoğram (Örnek: AK01_F.ab1)



Şekil 3.3. Geri (Reverse) zincire ait kromatogram (Örnek: AK01_R.ab1)

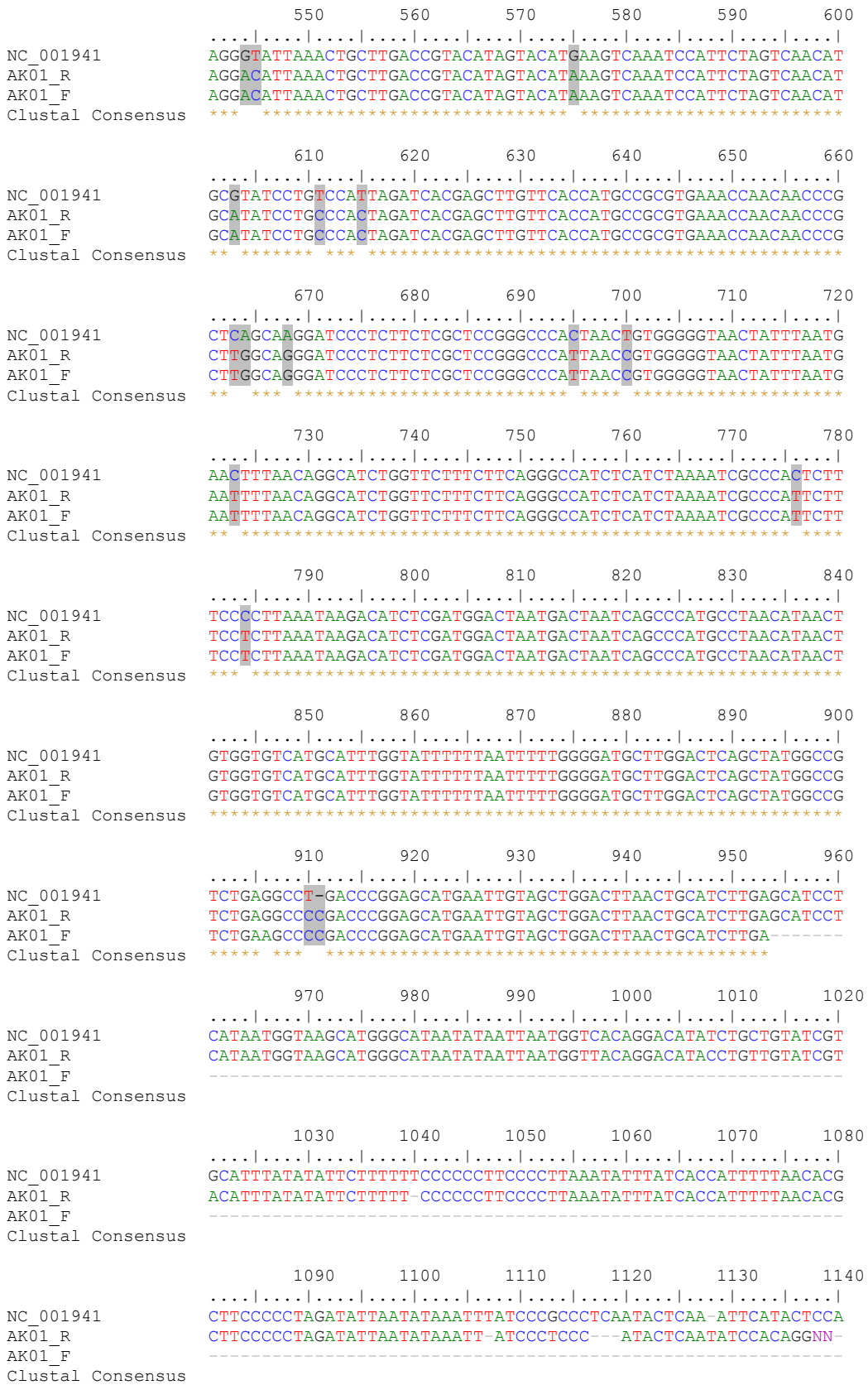
```

>NC_001941
AATCATTATCAACGATACTTATCAATATATTTCCAAAAATATAAAGAGCCTCTCCAGTATTAACCTTGCT
AAAACCTCCCAACATACACACGGACTTCCCCTCCACAGCCACATAACAACCCATACAAGAAAAGCA
CAACCACCCACCCACGGACATGAGCGTTCATAAACCCACATATCTTATGTCTGTCTTAAACATGCAAC
GAGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCTCATGCATA
TAAGTACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCAT
GCATATAAGCACGCACATAGTATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTAC
CTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGA
TTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTAGGGTATTAACCTGACCTTGACCGT
ACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATGCGTATCCTGTCCATTAGATCACGAGCTTGTTT
ACCATGCGCGTGAAACCAACAACCCGCTCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCACTAACTGTG
GGGGTAACTATTTAATGAACTTTAACAGGCATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCTCATCTAAAATCGCC
CACTCTTTCCCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTGTG
GTGTCATGCATTTGGTATTTTTAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGCTGAGGCCCTGAC
CCGGAGCATGAATGTAGCTGGACTTAACTGCATCTTGAGCATCCTCATAATGGTAAGCATGGGCATAAT
ATAATTAATGGTCACAGGACATATCTGCTGTATCGTGCATTTATATATTTCTTTTTTCCCCCTTCCCCCTT
AAATATTTATCACCATTTTAAACAGCTTCCCCCTAGATATTAATATAAATTTATCCCGCCCTCAATACT
CAAATTCATACTCCAACCGAAGTAAATATATAGGCACCTGGGTACATACATAACGCATA
>AK01_F sequence exported from chromatogram file
NNNGGATCCTCCAACCGCATACACCATAACAGAAAAGCACAACCATCCACCCACGGACA
CGAGCGTTTACAAACCCACATATCTTATGTCCGTCTTAAACATGCAAAACGAGTACATAG
TATTAATGTAATATAGACACTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATA
TAAGCACGTATATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATG
ATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTA
TAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATAGTATTAATGTAAT
ATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACA
TTCGTTTTCATTAAGGCAGTAGGACATTAACCTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTC
AAATCCATTCTAGTCAACATGCATATCCTGCCACTAGATCACGAGCTTGTTCCACCATGC
CGGTGAAACCAACAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAAC
GTGGGGTAACTATTTAATGAATTTAACAGGCATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCTC
ATCTAAAATCGCCCATTTCTTCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATC
AGCCCATGCCTAACATAACTGTGGTGTATGCTATTTGGTATTTTTAATTTTTGGGGATG
CTTGGACTCAGCTATGGCCGTCTGAAGCCCCGACCCGGAGCATGAATTTAGCTGGACTT
AACTGCATCTTGA
>AK01_R REVERSE COMPLEMENT sequence exported from chromatogram file
TATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTA
TGATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATG
TATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTA
ATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTA
CATTCGTTTCATTAAGGCAGTAGGACATTAACCTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAG
TCAAATCCATTCTAGTCAACATGCATATCCTGCCACTAGATCACGAGCTTGTTCCACCAT
GCCGCGTGAAACCAACAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTA
CCGTGGGGTAACTATTTAATGAATTTAACAGGCATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATC
TCATCTAAAATCGCCCATTTCTTCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAA
TCAGCCCATGCCTAACATAACTGTGGTGTATGCTATTTGGTATTTTTAATTTTTGGGGA
TGCTTGGACTCAGCTATGGCCGTCTGAGGCCCGACCCGGAGCATGAATTTAGCTGGAC
TTAACTGCATCTTGAGCATCCTCATAATGGTAAGCATGGGCATAATATAATTAATGGTTA
CAGGACATACCTGTGTATCGTACATTTATATATTTCTTTTTCCCCCTTCCCCCTTAAATA
TTTATCACCATTTTAAACAGCTTCCCCCTAGATATTAATATAAATTTATCCCTCCCATAC
TCAATATCCACAGGNN

```

Şekil 3.4. AK01_F ve AK01_R dizi bilgileri (AKA01.txt dosyası)

	10	20	30	40	50	60
NC_001941					
AK01_R	AATCATTATCAACGATACTTATCAATATATTTCCAAAAATATAAAGAGCCTCTCCAGTAT					
AK01_F	-----					
Clustal Consensus	-----					
	70	80	90	100	110	120
NC_001941					
AK01_R	TAAACTTGCTAAAACCCCCAACATACAACACGGACTTCCCCTCCCAAGCCCACATAA					
AK01_F	-----NNNGGATCCTCCAACCGCA					
Clustal Consensus	-----NNNGGATCCTCCAACCGCA					
	130	140	150	160	170	180
NC_001941					
AK01_R	CAACCCATACAAGAAAAGCACAACCCACCCACGGACATGAGCGTTTCATAAACCCCAAC					
AK01_F	TACACCCATACAGAAAAGCACAACCATCCACCCACGGACAGGAGCGTTCACAAACCCCAAC					
Clustal Consensus	TACACCCATACAGAAAAGCACAACCATCCACCCACGGACAGGAGCGTTCACAAACCCCAAC					
	190	200	210	220	230	240
NC_001941					
AK01_R	ATATCTTATGTCTGTCTTAAACATGCAAACGAGTACATAGTATTAATGTAATATAGACAT					
AK01_F	ATATCTTATGTCCGTCTTAAACATGCAAACGAGTACATAGTATTAATGTAATATAGACAC					
Clustal Consensus	ATATCTTATGTCCGTCTTAAACATGCAAACGAGTACATAGTATTAATGTAATATAGACAC					
	250	260	270	280	290	300
NC_001941					
AK01_R	TATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGTACGTACATAGTATT					
AK01_F	TATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATT					
Clustal Consensus	***** ** * ***** ** * *****					
	310	320	330	340	350	360
NC_001941					
AK01_R	AATGTAATATAGACATTTATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAG					
AK01_F	AATGTAATATAGACATTTATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAG					
Clustal Consensus	*****					
	370	380	390	400	410	420
NC_001941					
AK01_R	CACGCACATAGTATTAATGTAATACAGACATTTATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTT					
AK01_F	CACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTTATATGTATAAAGTACATTTAAATGATTT					
Clustal Consensus	*****					
	430	440	450	460	470	480
NC_001941					
AK01_R	ACCCATGCATATAAAGCAGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTTATATGTATAAAG					
AK01_F	ACCCATGCATATAAAGCAGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTTATATGTATAAAG					
Clustal Consensus	*** ***** ** *****					
	490	500	510	520	530	540
NC_001941					
AK01_R	GTACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAAGCATGTACATTTGTTTCACCTAAGCATGT					
AK01_F	GTACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAAGCATGTACATTTGTTTCATTAAAGGCAGT					
Clustal Consensus	***** ***** * * * * *					



Şekil 3.5 AK01 F/R zincir dizilerinin RefSeq (NC_001941) ile hizalanması

```

>AK01
TATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCAC
GTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCACGTATATTAG
TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTCGTTTCATTAA
GGCACGTAGGACATTAAGCTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATCTAGTCAACATGCATATCCGCCACTAG
ATCACGAGCTTGTTCCACCATGCCGCGTGAACCAACAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTCTCGCTCCGGGCCATTAAACCGTG
GGGGTAACTATTTAATGAATTTTAAACAGGCATCTGGTCTTTCTCAGGGCCATCTCATCTAAAATCGCCCATCTTTCCCTCTTA
AATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTGTGGTGTGCATGCATTTGGTATTTTTAATTTTT
GGGGATGCTTGACTCAGCTATGGCCGCTGAGGCCCGACCCGGAGCATGAATTGTAGCTGGACTTAACTGCATCTTGA

```

Şekil 3.6. AK01 örneği için ilk aşama dizi bilgileri

Değerlendirmeler sonucunda, her bir bölgeden 4 hayvan olmak üzere her bir ırktan 16 hayvana ait 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen dizi bilgilerine göre dizi veri setleri oluşturulmuştur (Çizelge 3.5). Dizi veri setinde Akkaraman 1 nolu örnek “AK01”, İvesi 1 nolu örnek “IV01”, Kıl keçisi 1 nolu örnek “KL01” ve Kilis keçisi 1 nolu örnek “KS01” şeklinde tüm örnekler kodlanmıştır.

Çizelge 3.5. Dizi veri setleri

Bölgeler	Irklar			
	Akkaraman	İvesi	Kıl	Kilis
RI	AK01	IV01	KL01	KS01
	AK02	IV02	KL02	KS02
	AK03	IV03	KL03	KS03
	AK04	IV04	KL04	KS04
RII	AK05	IV05	KL05	KS05
	AK06	IV06	KL06	KS06
	AK07	IV07	KL07	KS07
	AK08	IV08	KL08	KS08
RIII	AK09	IV09	KL09	KS09
	AK10	IV10	KL10	KS10
	AK11	IV11	KL11	KS11
	AK12	IV12	KL12	KS12
RIV	AK13	IV13	KL13	KS13
	AK14	IV14	KL14	KS14
	AK15	IV15	KL15	KS15
	AK16	IV16	KL16	KS16

3.4. DNA Polimorfizmi ve Filogenetik Analizler

3.4.1. DNA Polimorfizmi

Populasyonlar için toplam bölge sayısı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d : haplotype diversity), nükleotid farklılığı (π : nucleotide diversity), ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri DnaSP 5.0 (Librado ve Rozas, 2009), ARLEQUIN 3.11 (Excoffier ve ark., 2005) programları kullanılarak belirlenmiştir.

Haplotip çeşitliliği (h_d):

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

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

formülü ile hesaplanır.

n: haplotip sayısı

x_i : haplotiplerin frekansı

Nükleotid çeşitliliği (π):

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

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

x_i ve x_j : i. ve j. haplotiplerin frekansları
 d_{ij} : i. ve j. haplotipler arasında gözlenen farklılık sınıfı sayısı
 h_1 ve h_2 : haplotip sayıları
L: dizi uzunluğu

3.4.2. Filogenetik analizler

Koyun ve keçilerde filogenetik yapılarının araştırılmasında 12S rRNA, Cyt b ve D-loop gen bölgelerinde DNA polimorfizmine göre öncelikle temel ve sonra ileri Filogenetik analizler yapılmıştır. Temel filogenetik analizler; her bir ırkta (Akkaraman, İvesi, Kıl, Kilis) her bir gen bölgesi (12S, Cyt b, D-loop) bakımından genetik ilişkileri göstermek ve haplotipleri belirlemek amacıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) yöntemine göre MEGA 4.0.1 programında (Tamura ve ark., 2007) Kimura-2-parametre model (Kimura, 1980) kullanılarak yapılmıştır. Daha sonra; koyunlarda ve keçilerde (Akkaraman+İvesi, Kıl+Kilis) her bir gen bölgesi bakımından ileri filogenetik analizler için tekrar haplotipler belirlenmiştir. Bu çalışmada koyun ve keçilerde 12S rRNA, Cyt b ve D-loop gen bölgeleri bakımından belirlenen haplotipler ile önceki çalışmalarda koyunlar için A, B, C, D, E (Meadows ve ark., 2007: DQ852083-DQ852279, DQ851886-DQ852080) ve keçiler için A, B, C, D, F ve G (Naderi ve ark., 2007: Çizelge 3.6) olarak belirlenen referans haplogruplar (=soylar) birlikte değerlendirilerek örneklerimiz için haplogrup tespiti ve ileri filogenetik analizler, Neighbour-Joining (NJ) (Saitou ve Nei, 1987) metoduna göre Kimura-2-parametre+Gamma dağılımı (K2P+ Γ) modeli kullanılarak MEGA 4.0.1 programında (Tamura ve ark., 2007) yapılmıştır. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında Gamma dağılımı değeri $\alpha=0.28$ olarak alınmıştır (Naderi ve ark., 2007). Nodların (ağaç kolları) güvenilirliğinin test edilmesinde Bootstrap testi (1000 tekrarlı) kullanılmıştır (Nei ve Kumar, 2000)

Çizelge 3.6. Keçilerde Referans olarak verilen mtDNA Haplogruplar (Naderi et al., 2007)

Haplogrup	Coğrafik orjin	Gen Bankası Kodu	Referans
A	Hindistan	AY155721	Joshi et al. (2004)
A	İtalya	EF618134	Naderi et al. (2007)
A	Fransa	EF617779	Naderi et al. (2007)
A	Ürdün	EF618200	Naderi et al. (2007)
A	İran	EF617945	Naderi et al. (2007)
A	İran	EF617965	Naderi et al. (2007)
B1	Laos	AB044303	Mannen et al. 2001
B1	Azerbeycan	EF617706	Naderi et al. (2007)
B2	Mongolya	AJ317833	Luikart et al. 2001
B2	Çin	DQ121578	Liu et al. 2006
C	Hindistan	AY155708	Joshi et al. 2004
C	İsviçre	AJ317838	Luikart et al. 2001
C	İspanya	EF618413	Naderi et al. (2007)
C	Çin	DQ188892	Liu et al. 2005
D	Hindistan	AY155952	Joshi et al. 2004
D	Avusturya	EF617701	Naderi et al. (2007)
D	Çin	DQ188893	Liu et al. 2005
F	Sicilya	DQ241349	Sardina et al. 2006
F	Sicilya	DQ241351	Sardina et al. 2006
G	İran	EF618084	Naderi et al. (2007)
G	Türkiye	EF618535	Naderi et al. (2007)
G	Mısır	EF617727	Naderi et al. (2007)

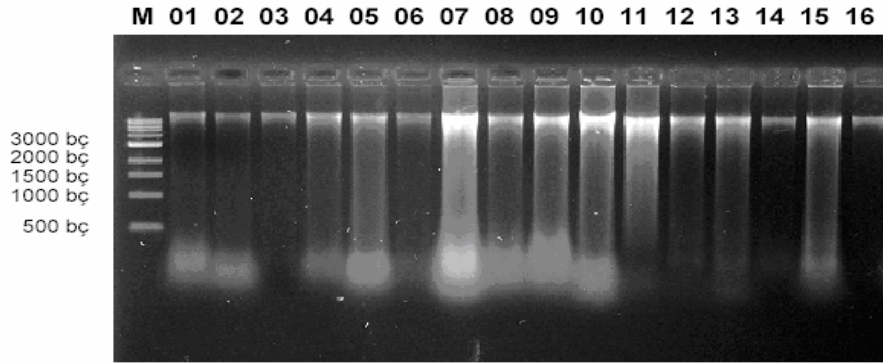
Ayrıca ileri filogenetik analizlerde, haplogrupların belirlenmesinin yanında, Türkiye yerli koyun ve keçi ırkları ile yabancı koyun ve keçi ırkları ile yapılan önceki çalışmalara ait dizi bilgileri Gen Bankasından (NCBI) temin edilerek birlikte farklı filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

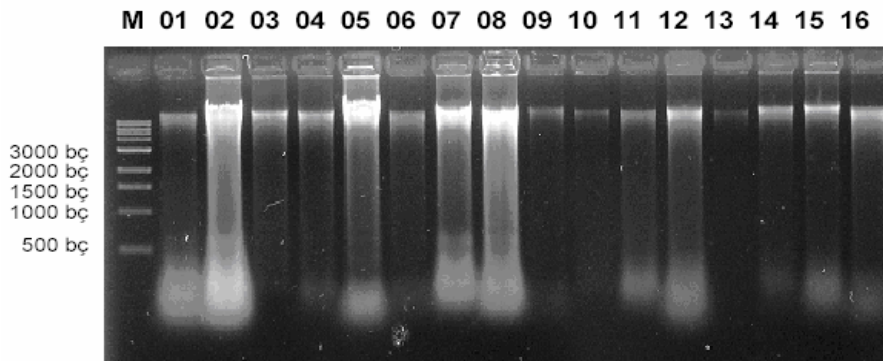
4.1. Moleküler Analiz Bulguları

4.1.1. Genomik DNA izolasyonu

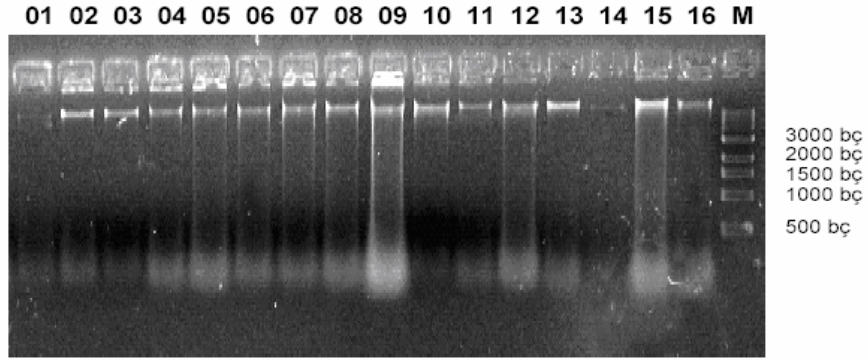
Şanlıurfa yöresindeki Akkaraman ve İvesi koyunu ile Kıl ve Kilis keçilerinden toplanan tüm kıl örneklerinde Fenol-Kloroform+ Proteinaz K yöntemi ile genomik DNA izole edilmiştir. Kıl keçisi, Kilis keçisi, Akkaraman ve İvesi koyunlarından izole edilen DNA'ların agaroz jel görüntüsü sırasıyla Şekil 4.1, Şekil 4.2, Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'de verilmiştir.



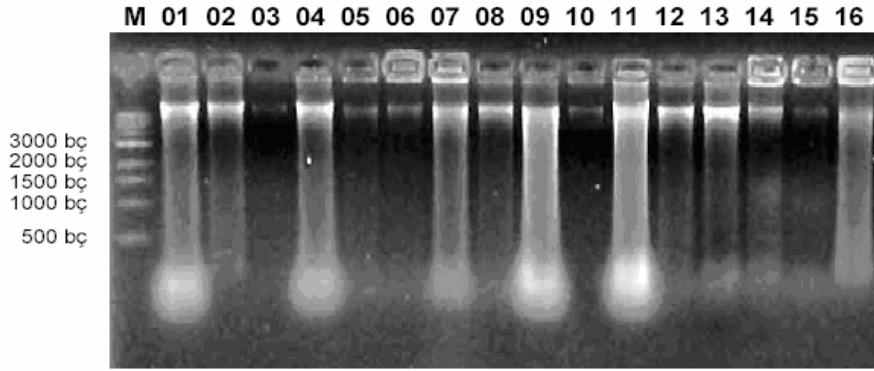
Şekil 4.1. Kıl keçilerinden izole edilen DNA'lar (M: marker, 1kb ladder)



Şekil 4.2. Kilis keçilerinden izole edilen DNA'lar (M: marker)



Şekil 4.3. Akkaraman koyunlarından izole edilen DNA'lar (M: marker)

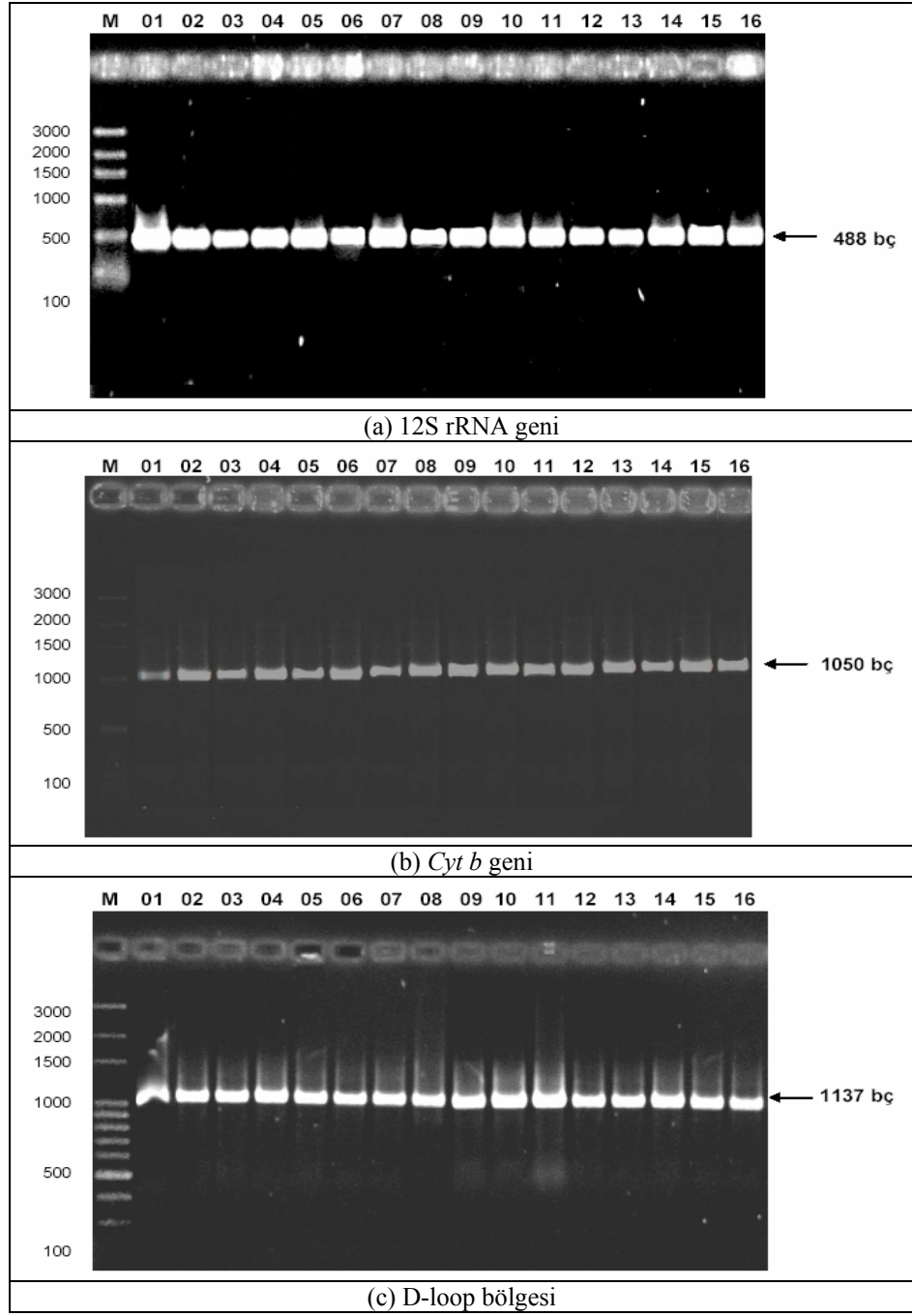


Şekil 4.4. İvesi koyunlarından izole edilen DNA'lar (M: marker)

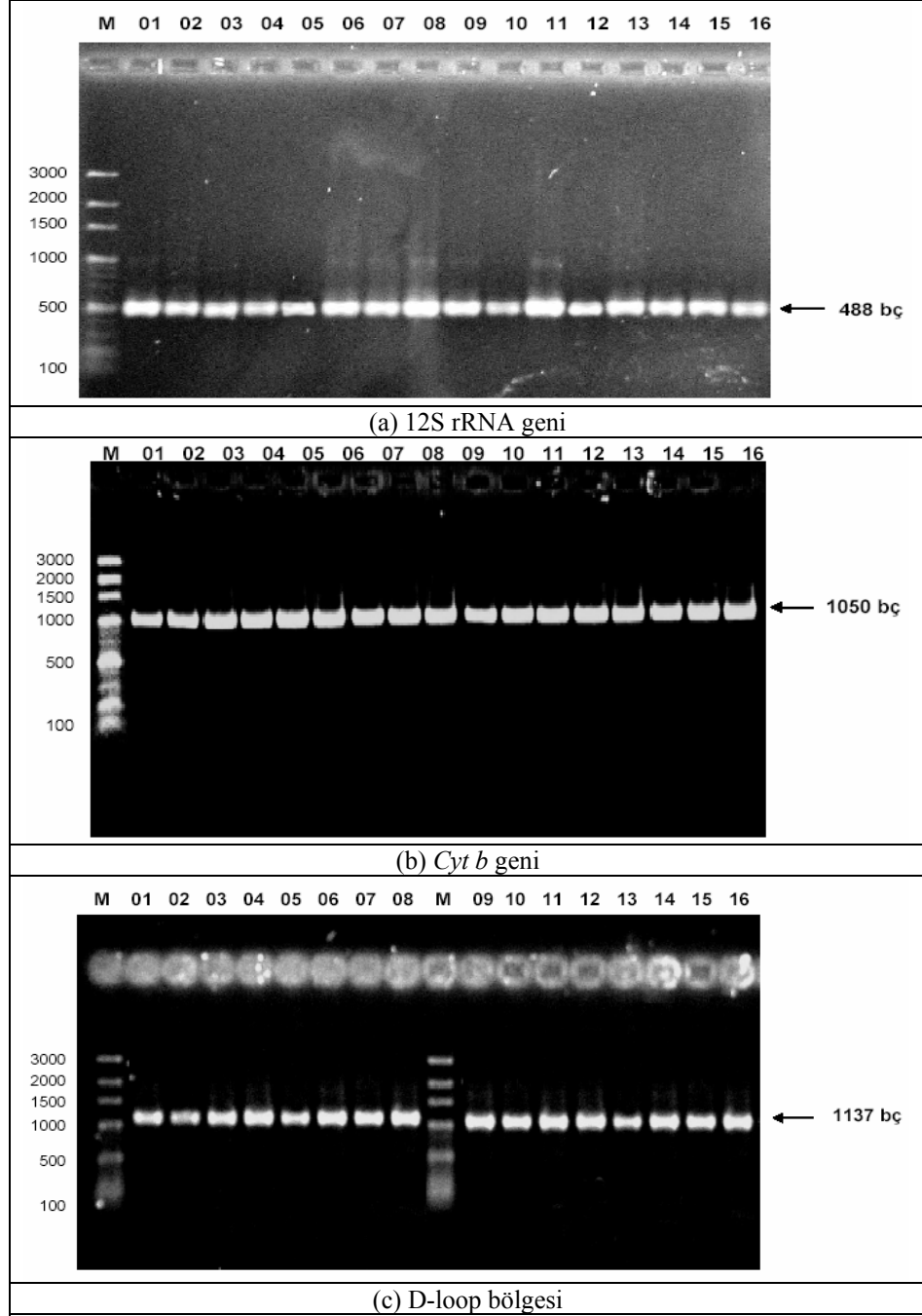
4.1.2. PZR Sonuçları

İzole edilen DNA örneklerinden, 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri için tasarlanan primerler kullanılarak PZR amplifikasyon çalışmaları yürütülmüştür. Tüm örneklerde PZR ürünleri elde edilmiştir. Evcil keçilerde 12S rRNA gen bölgesi 571 bç uzunluğundadır. Tasarlanan CAP 12S (F) ve CAP 12S (R) primerleri ile bu genin 488 bç'lik kısmı Kıl ve Kilis keçilerinde PZR ile çoğaltılmıştır (Şekil 4.5a; Şekil 4.6a). Keçilerde *Cyt b* gen bölgesi 1140 bç uzunluğundadır, tasarlanan CAP CYTB (F) ve CAP CYTB (R) primerleri ile bu genin 1050 bç'lik kısmı Kıl ve Kilis keçilerinde PZR ile çoğaltılmıştır (Şekil 4.5b; Şekil 4.6b). Keçilerde D-loop bölgesi 1212 bç uzunluğundadır, tasarlanan CAP DLOOP (F) ve CAP DLOOP (R) primerleri ile bu genin 1137 bç'lik kısmı Kıl ve Kilis keçilerinde PZR ile çoğaltılmıştır (Şekil 4.5c; Şekil 4.6c).

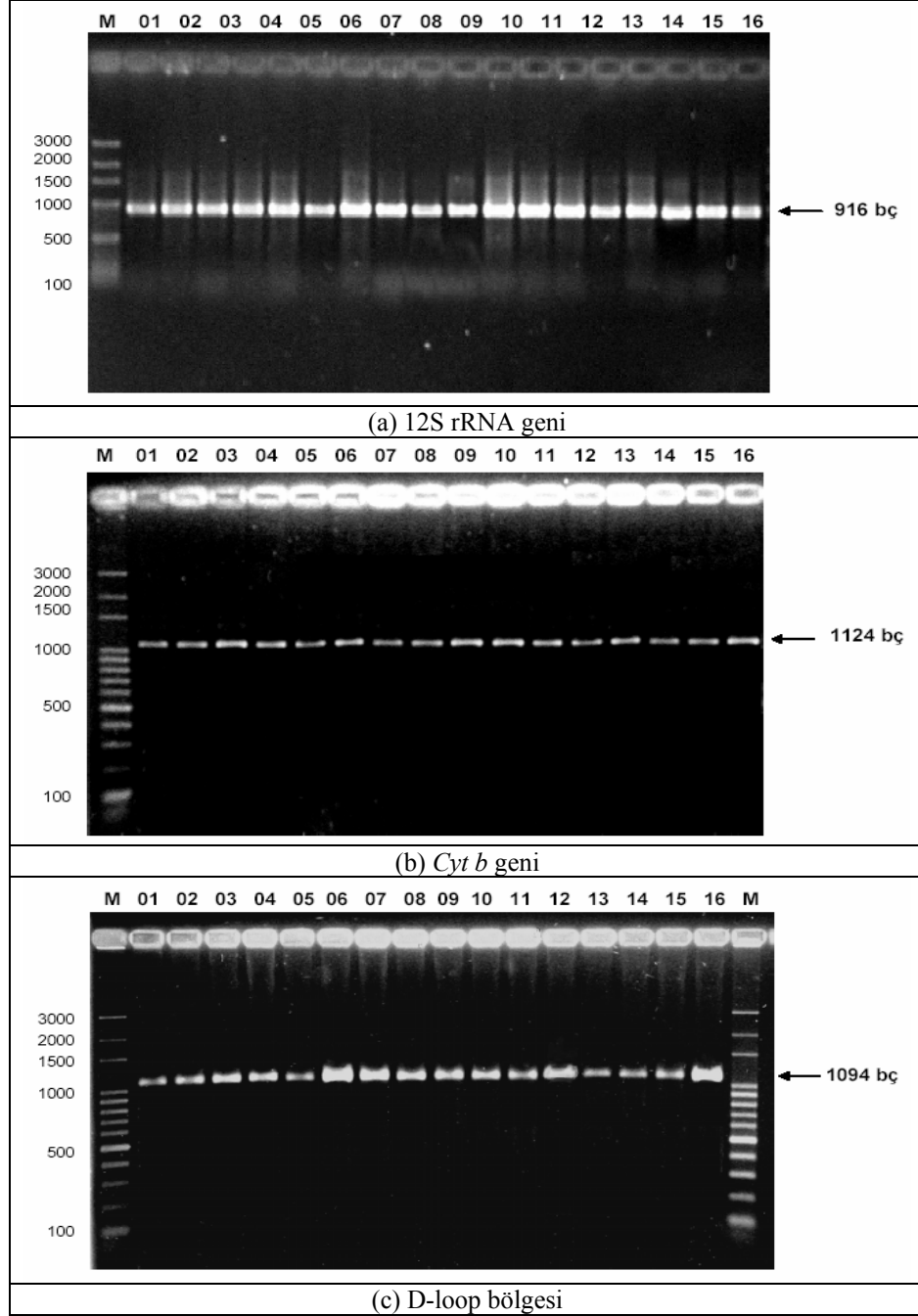
Evcil koyunda 12S rRNA gen bölgesi 958 bç uzunluęundadır, tasarlanan OVS 12S (F) ve OVS 12S (R) primerleri ile bu genin 916 bç'lik kısmı Akkaraman ve İvesi koyunlarında PZR ile çoęaltılmıŐtır (Őekil 4.7a; Őekil 4.8a). Koyunlarda *Cyt b* gen bölgesi 1140 bç uzunluęundadır, tasarlanan OVS CYTB (F) ve OVS CYTB (R) primerleri ile bu genin 1124 bç'lik kısmı Akkaraman ve İvesi koyunlarında PZR ile çoęaltılmıŐtır (Őekil 4.7b; Őekil 4.8b). Koyunlarda D-loop bölgesi 1180 bç uzunluęundadır, tasarlanan OVS DLOOP (F) ve OVS DLOOP (R) primerleri ile bu genin 1094 bç'lik kısmı Akkaraman ve İvesi koyunlarında PZR ile çoęaltılmıŐtır (Őekil 4.7c; Őekil 4.8c). PZR çalıŐmaları sonucu elde edilen tüm PZR ürünleri, PZR saklama kapları içerisinde -20 °C'de muhafaza edilmiŐtir.



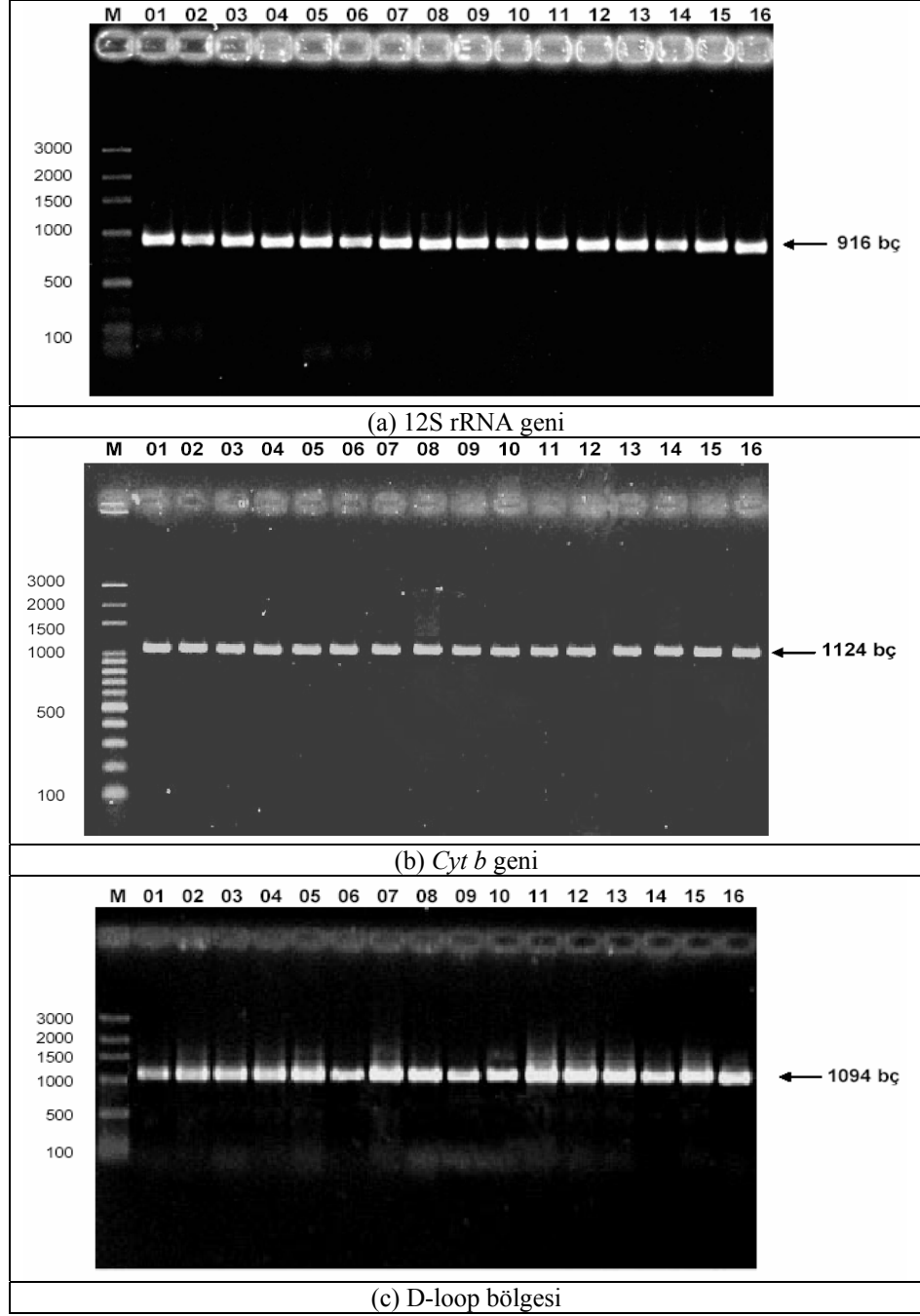
Şekil 4.5. Kıl keçilerinde PZR ürünü jel görüntüsü
a) 12S rRNA geni b) *Cyt b* geni c) D-loop bölgesi



Şekil 4.6. Kilis keçilerinde PZR ürünü jel görüntüsü
a) 12S rRNA geni b) *Cyt b* geni c) D-loop bölgesi



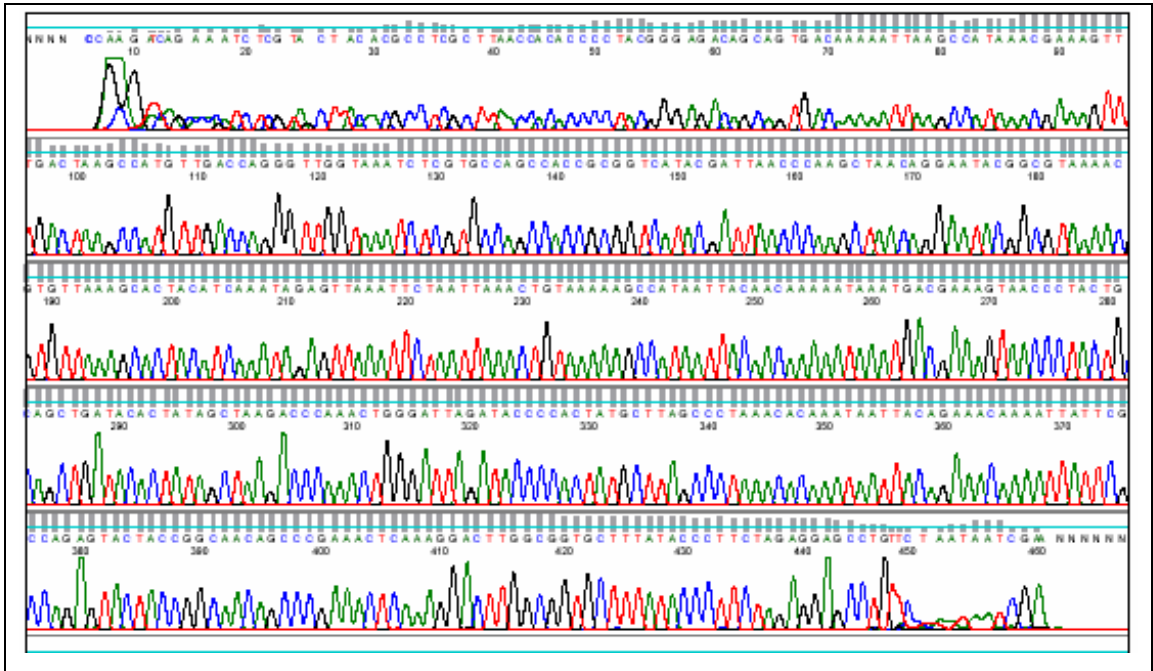
Şekil 4.7. Akkaraman koyunlarında PZR ürünü jel görüntüsü
a) 12S rRNA geni b) *Cyt b* geni c) D-loop bölgesi



Şekil 4.8. İvesi koyunlarında PZR ürünü jel görüntüsü
a) 12S rRNA geni b) *Cyt b* geni c) D-loop bölgesi

4.2. Dizileme sonuçları

Kıl ve Kilis keçileri ile Akkaraman ve İvesi koyunları 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerinin PZR ürünlerinin gen dizi analiz sonuçları elde edilmiştir. Kıl ve Kilis keçilerinde 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri için elde edilen sırasıyla 488 bç, 1050 bç ve 1137 bç PZR ürünlerinden, dizilerin düzenlenmesi ve değerlendirilmesi sonucunda, sırasıyla 412 bç, 653 bç ve 585 bç gen dizi bilgileri elde edilmiştir (Kıl keçisi için Ek 5, Ek 6 ve Ek 7, Kilis keçisi için Ek 8, Ek 9 ve Ek 10). Akkaraman ve İvesi koyunlarında 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri için elde edilen sırasıyla 916 bç, 1124 bç ve 1094 bç PZR ürünlerinden, dizilerin düzenlenmesi ve değerlendirilmesi sonucunda, sırasıyla 716 bç, 518 bç ve 629 bç gen dizi bilgileri elde edilmiştir (Akkaraman koyunu için Ek 11, Ek 11 ve Ek 13, İvesi koyunu için Ek 14, Ek 15 ve Ek 16). Elde edilen gen dizilerine ait kromatoğramlardan 12S rRNA KL01_F örnek olarak Şekil 4.9'de verilmiştir.



Şekil 4.9. Kıl keçisi 12S rRNA geni ileri (foward) zincir kromatoğramı

4.3. Filogenetik Analiz Sonuçları

4.3.1. Şanlıurfa yöresi Kıl ve Kilis keçilerinde mitokondriyal 12S rRNA, Cyt *b* ve D-loop gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Şanlıurfa yöresi Kıl ve Kilis keçilerinde mitokondriyal 12S rRNA, Cyt *b* ve D-loop gen dizisine göre; populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d), nükleotid farklılığı (π), ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri hesaplanarak DNA polimorfizmi belirlenmeye çalışılmıştır. Keçilerde DNA polimorfizm özellikleri kullanılarak temel ve ileri filogenetik analizler yapılmıştır.

4.3.1.1. 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Kıl ve Kilis keçilerinde mitokondriyal 12S ribozomal RNA gen dizisi belirlenmiştir. Evcil keçide 571 bç uzunluğunda bulunan 12S rRNA geninin, 12S rRNA primerleri ile 488 bç'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 412 bç'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Kıl ve Kilis keçilerinde 12S rRNA gen dizi bilgileri analiz edilerek, DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.1). Kıl keçilerinde, 12S rRNA geninde 6 polimorfik bölge ve 7 haplotip tespit edilmiştir. Kıl keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.792 ± 0.0287 ve 0.00273 ± 0.00018 olarak bulunmuştur. Kıl keçileri, 12S rRNA genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (KL01), H2 (KL04), H3 (KL13), H4 (KL11), H5 (KL11, KL09, KL03, KL16, KL06, KL14) H6 (KL08, KL07, KL05, KL02, KL15) ve H7 (KL10) olmak üzere 7 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.10). Kilis keçilerinde ise 3 polimorfik bölge ve 4 haplotip tespit edilmiştir. Kilis keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.642 ± 0.0405 ve 0.00188 ± 0.00019 olarak bulunmuştur. Kilis keçileri, 12S rRNA genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (KS14, KS06, KS12, KS02, KS04, KS01, KS16, KS13),

H2 (KS08), H3 (KS09, KS05, KS10, KS03, KS07, KS11) ve H4 (KS15) olmak üzere 4 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.11).

Çizelge 4.1 incelendiğinde, 12S rRNA genine göre haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid farklılığı bakımından Kıl keçilerinde genetik çeşitliliğin Kilis keçilerine nazaran biraz fazla olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.1. Keçilerde 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi

Özellikler	Kıl	Kilis	Genel
Toplam bölge sayısı (bç)	412	412	412
G+C	0.422	0.421	0.421
Polimorfik bölge sayısı (S)	6	3	7
Haplotip sayısı (h)	7	4	9
Haplotip farklılığı Hd:	0.792±0.0287	0.642±0.0405	0.706±0.019
Nükleotid farklılığı, π	0.00273±0.00018	0.00188±0.00019	0.00226±0.00011
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	1.125	0.775	0.932
Tajima'nın D test istatistiği	-1,29330	-0,41395	-1,35054

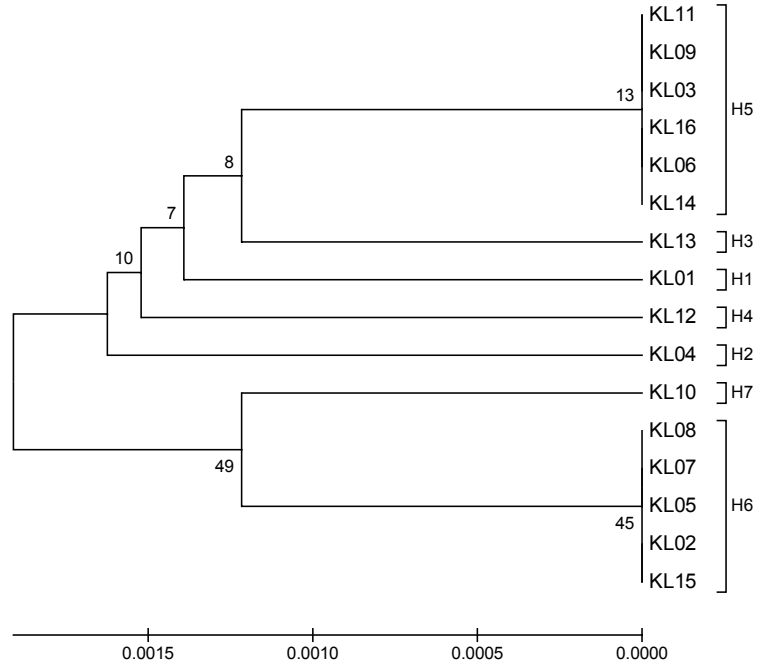
Kıl keçisi ve Kilis keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00243-0.00734 arasında ve oldukça düşük değerlerde bulunmuştur (Çizelge 4.2 ve 4.3). Bununla beraber, keçilerde 12S rRNA genine göre filogenetik ağaçların oluşturulmasında gerek sınırlı DNA polimorfizmi görülmesi gerekse haplotip sayısı ve haplotipler arasındaki genetik farklılıkların düşük olması nedeni ile burada sadece genetik ilişkileri göstermek için Aritmetik Ortalamalı Ağırlıksız Çift Grup Yöntemi (UPGMA: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yöntemi kullanılmıştır.

Çizelge 4.2. Kıl keçisi 12S rRNA haplotipleri arasında genetik farklılıklar

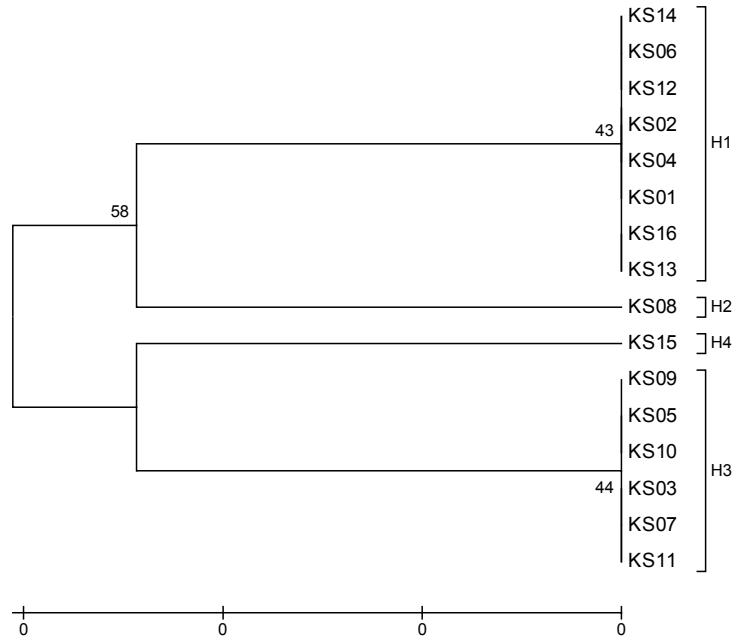
Haplotipler	H1	H2	H3	H4	H5	H6
H1	*					
H2	0.00488	*				
H3	0.00488	0.00488	*			
H4	0.00488	0.00488	0.00488	*		
H5	0.00243	0.00243	0.00243	0.00243	*	
H6	0.00488	0.00488	0.00488	0.00488	0.00243	*
H7	0.00734	0.00734	0.00734	0.00734	0.00488	0.00243

Çizelge 4.3. Kıl keçisi 12S rRNA haplotipleri arasında genetik farklılıklar

Haplotipler	H1	H2	H3
H1			
H2	0.00243		
H3	0.00243	0.00488	
H4	0.00488	0.00734	0.00243



Şekil 4.10. Kıl keçilerinde 12S rRNA genine göre UPGMA ağacı



Şekil 4.11. Kilis keçilerinde 12S rRNA genine göre UPGMA ağacı

Kıl ve Kilis keçileri 12S rRNA dizileri birlikte değerlendirildiğinde 7 polimorfik bölge ve 9 haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.4). Keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.706 ± 0.019 ve 0.00226 ± 0.00011 olarak bulunmuştur. Keçiler, 12S rRNA genine göre, H1 (KL07, KL08, KL05, KL02, KL15, KS03, KS05, KS07, KS09, KS10, KS11), H2 (KL13), H3 (KS15), H4 (KL01), H5 (KL04) H6 (KL12), H7 (KL08), H8 (KS14, KS16, KS13, KS12, KS06, KS04, KS02, KS01, KL16, KL11, KL09, KL14, KL06, KL03) ve H9 (KL10) olmak üzere 9 haplotipe ayrılmıştır (Çizelge 4.4).

Keçilerde, 12S rRNA geninde belirlenen 7 polimorfik bölgede tüm nükleotid yer değiştirmeleri transisyon (pürin↔pürin: A↔G, pirimidin↔pirimidin: T↔C) şeklindedir.

Çizelge 4.4. Keçilerde 12S rRNA gen bölgesine göre belirlenen haplotipler

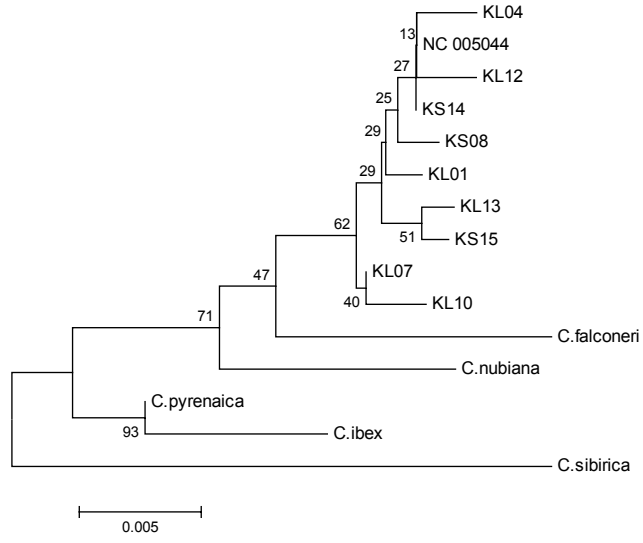
	Haplotipler	n	frekans	Pozisyon						
				118	126	159	179	189	367	467
	NC_005044			A	C	T	A	C	G	G
1	KL07	11	0.34375	-	T	-	-	-	-	-
2	KL13	1	0.03125	-	-	-	-	T	-	-
3	KS15	1	0.03125	-	T	-	-	T	-	-
4	KL01	1	0.03125	-	-	-	-	-	-	A
5	KL04	1	0.03125	G	-	-	-	-	-	-
6	KL12	1	0.03125	-	-	C-	-	-	-	-
7	KS08	1	0.03125	-	-	-	-	-	A	-
8	KS14	14	0.43750	-	-	-	-	-	-	-
9	KL10	1	0.03125	-	T	-	G	-	-	-

KL07= [KL08, KL05, KL02, KL15, KS03, KS05, KS07, KS09, KS10, KS11]

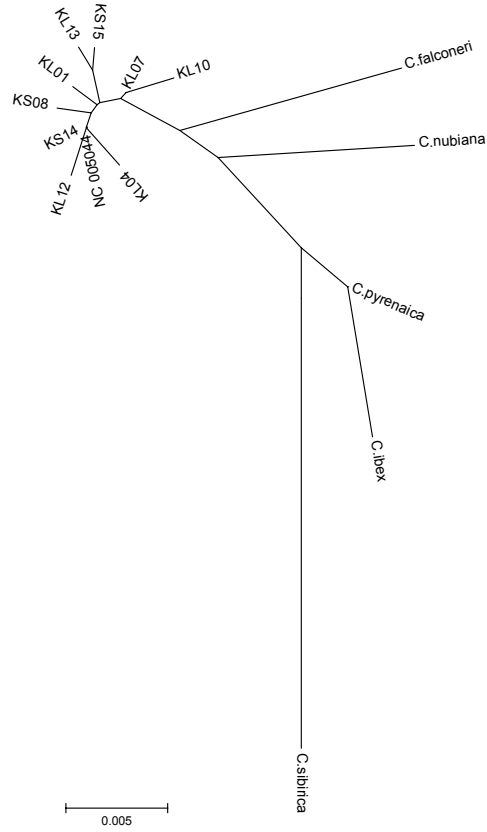
KS14= [KS16, KS13, KS12, KS06, KS04, KS02, KS01, KL16, KL11, KL09, KL14, KL06, KL03]

Bu çalışmada belirlenen, keçi 12S rRNA haplotiplerine ait nükleotid diziler, öncelikle Türkiye keçi ırkları ve yabancı ırklara ait dizilerle birlikte değerlendirme için BLAST yöntemi ile Gen Bankası (NCBI) veri tabanı taranmıştır. Tarama sonucunda, Türkiye yerli ırklarına ait herhangi bir 12S rRNA dizisine rastlanmamıştır. Ayrıca veri tabanındaki diziler yeterli olmadığından 12S RNA genine göre haplogrupların belirlenmesi yapılamamıştır. Burada keçi haplotiplerinin bazı yabancı keçi türleri ile birlikte değerlendirmek ve filogenetik ilişkileri göstermek amacıyla Kimura-2-parametre modeli ve Neighbor-Joining metoduna göre iki farklı filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 4.12). Şekil 4.12 incelendiğinde keçi haplotiplerinin 12S rRNA genine göre filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan ayrıldığı görülmüştür (%62). Köksüz filogenetik ağaçta, keçi haplotipleri referans evcil keçi (*capra hircus*; NC_005044) ile birlikte kümelenmiştir. Filogenetik ağaçta, *C. hircus*, *C. falconeri* ve *C. nubiana* birlikte (%71), *C. pyrenaica* ve *C. ibex* birlikte (%93), *C. sibirica* türleri tamamen birbirinden ayrılmıştır.

(a)



(b)

Şekil 4.12. Keçi haplotipleri, *Capra hircus* (NC_005044) ve yabani keçi türleri N-J ağaçları

a) köke sahip model b) köksüz model

4.3.1.2. *Cyt b* gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Kıl ve Kilis keçilerinde *Cyt b* gen dizisi belirlenmiştir. Evcil keçide 1140 bp uzunluğunda bulunan *Cyt b* geninin, *Cyt b* primerleri ile 1050 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 653 bp'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Kıl ve Kilis keçilerinde *Cyt b* gen dizi bilgileri analiz DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Kıl keçilerinde, *Cyt b* geninde 7 polimorfik bölge ve 5 haplotip tespit edilmiştir. Kıl keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.450 ± 0.0675 ve 0.00134 ± 0.00037 olarak bulunmuştur. Kıl keçileri, *Cyt b* genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (KL12, KL16, KL09, KL01, KL04, KL10, KL11, KL06, KL05, KL03, KL07, KL15), H2 (KL13), H3 (KL14), H4 (KL02) ve H5 (KL08) olmak üzere 5 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.13). Kilis keçilerinde ise 2 polimorfik bölge ve 2 haplotip tespit edilmiştir. Kilis keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.125 ± 0.0749 ve 0.00038 ± 0.00022 olarak bulunmuştur. Kilis keçileri, *Cyt b* genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (KS13, KS09, KS02, KS14, KS10, KS15, KS07, KS11, KS05, KS16, KS12, KS01, KS06, KS03, KS08) ve H2 (KS04) olmak üzere 2 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.14).

Çizelge 4.5 incelendiğinde, *Cyt b* genine göre haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid farklılığı bakımından Kıl keçilerinde genetik çeşitliliğin Kilis keçilerine nazaran fazla olduğu görülmektedir. Kıl keçilerinde Tajima'nın nötralite test değeri önemli çıkmıştır ($P<0.05$).

Çizelge 4.5. Keçilerde *Cyt b* gen dizisine göre DNA polimorfizmi

Özellikler	Kıl	Kilis	Genel
Toplam bölge sayısı	653	653	653
G+C	0.425	0.423	0.429
Polimorfik bölge sayısı (S)	7	2	4
Haplotip sayısı (h)	5	2	4
Haplotip farklılığı Hd:	0.450 ± 0.0675	0.125 ± 0.0749	0.236 ± 0.0485
Nükleotid farklılığı	0.00134 ± 0.00037	0.00038 ± 0.00022	0.00061 ± 0.000135
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	0.87500	0.25000	0.37
Tajima'nın D test istatistiği	-2.06208*	-1.49796	-1.59

* $P<0.05$

Çizelge 4.6 incelendiğinde, Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıkların 0.00153-0.00772 arasında ve oldukça düşük değerlerde olduğu görülmüştür. Kilis keçilerinde H1 ve H2 arasında genetik uzaklık değeri 0.00303 olarak hesaplanmıştır. Bununla beraber, keçilerde *Cyt b* genine göre filogenetik ağaçların oluşturulmasında gerek sınırlı DNA polimorfizm özelliklerinin görülmesi gerekse haplotipler arasındaki genetik uzaklıkların düşük olması nedeni ile burada sadece genetik ilişkileri göstermek için temel UPGMA yöntemi kullanılmıştır.

Çizelge 4.6. Kıl keçisi *Cyt b* gen haplotipleri arasında genetik farklılıklar

Haplotipler	H1	H2	H3	H4
H1	*			
H2	0.00153	*		
H3	0.00153	0.00307	*	
H4	0.00153	0.00307	0.00307	*
H5	0.00616	0.00772	0.00772	0.00772

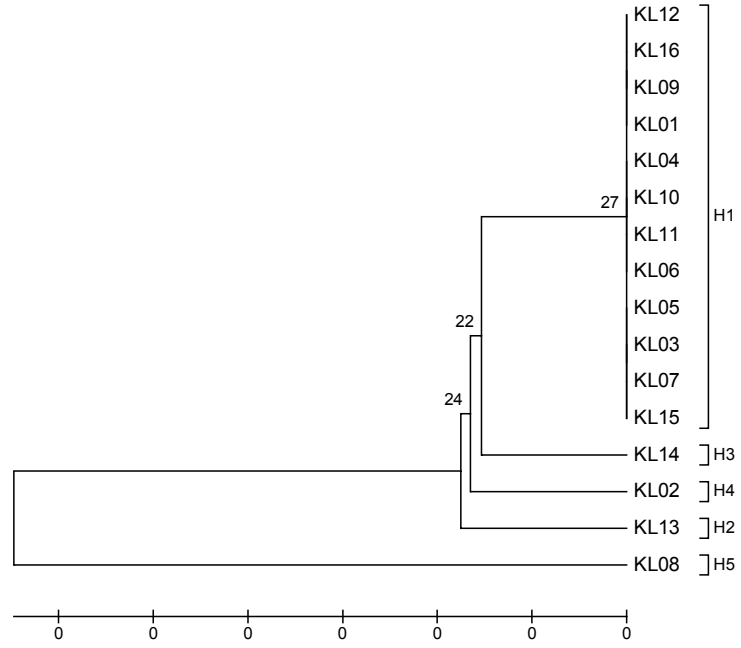
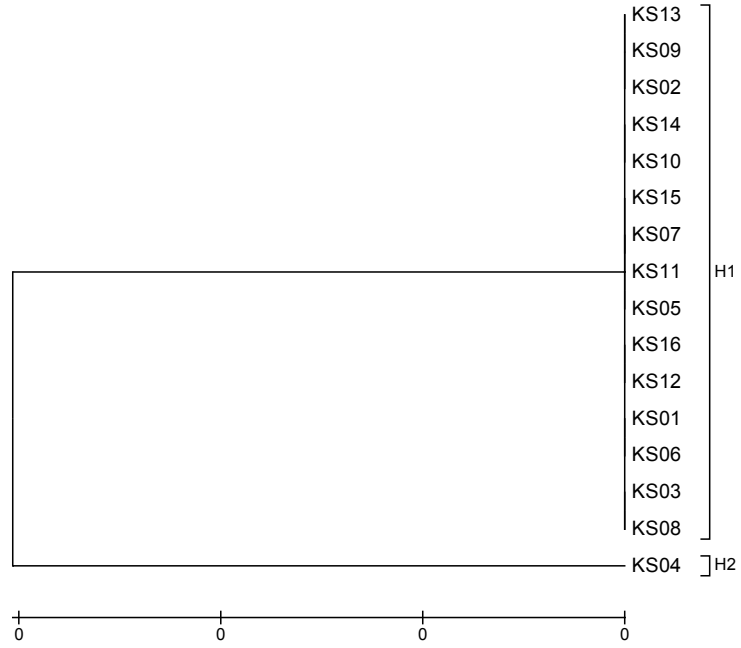
Kıl ve Kilis keçileri *Cyt b* gen dizileri birlikte değerlendirildiğinde 6 polimorfik bölge ve 4 haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.7). Keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.236 ± 0.0485 ve 0.00061 ± 0.000135 olarak bulunmuştur. Keçiler, *Cyt b* genine göre, H1 (KS15, KS16, KS14, KS13, KS12, KS11, KS10, KS09, KS08, KS07, KS06, KS05, KS03, KS02, KS01, KL01, KL04, KL06, KL09, KL03, KL05, KL07, KL10, KL11, KL12, KL15, KL16, KL13), H2 (KS04, KL08), H3 (KL02) ve H4 (KL14) olmak üzere 4 haplotipe ayrılmıştır (Çizelge 4.7). Belirlenen 5 polimorfik bölgede tüm nükleotid yer değiştirmeler transisyon şeklindedir.

Çizelge 4.7. Keçilerde *Cyt b* gen bölgesine göre belirlenen haplotipler

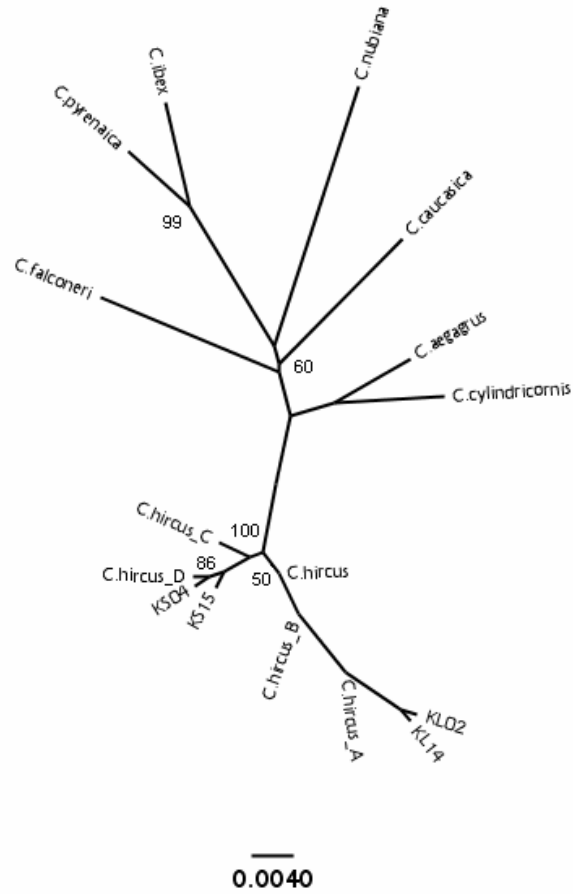
	NC_001941	n	frekans	Pozisyon					
				366	435	480	501	594	699
Haplotipler				A	C	A	G	C	G
H1	KS15	28	0.87500	G	-	-	A	-	-
H2	KS04	2	0.66667	G	T	-	A	T	-
H3	KL02	1	0.03125	G	-	G	A	-	-
H4	KL14	1	0.03125	G	-	-	A	-	A

KS15= [KS16, KS14, KS13, KS12, KS11, KS10, KS09, KS08, KS07, KS06, KS05, KS03, KS02, KS01, KL01, KL04, KL06, KL09, KL03, KL05, KL07, KL10, KL11, KL12, KL15, KL16, KL13]

KS04= KL08

Şekil 4.13. Kıl keçilerinde *Cyt b* genine göre UPGMA ağacıŞekil 4.14. Kilis keçilerinde *Cyt b* genine göre UPGMA ağacı

Bu çalışmada belirlenen, keçi *Cyt b* haplotiplerine ait nükleotid diziler, öncelikle Türkiye keçi ırkları ve yabancı ırklara ait dizilerle birlikte değerlendirme için BLAST yöntemi ile Gen Bankası (NCBI) veri tabanı taranmıştır. Tarama sonucunda, Türkiye yerli keçi ırklarına ait herhangi bir *Cyt b* gen dizisine rastlanmamıştır. Burada keçi haplotiplerinin bazı yabancı keçi türleri ile birlikte değerlendirmek ve filogenetik ilişkileri göstermek amacıyla Kimura-2-parametre modeli ve Neighbor-Joining metoduna göre filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 4.15). Şekil 4.15 incelendiğinde keçi haplotiplerinin *Cyt b* genine göre filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan tamamen ayrıldığı görülmüştür (%100).



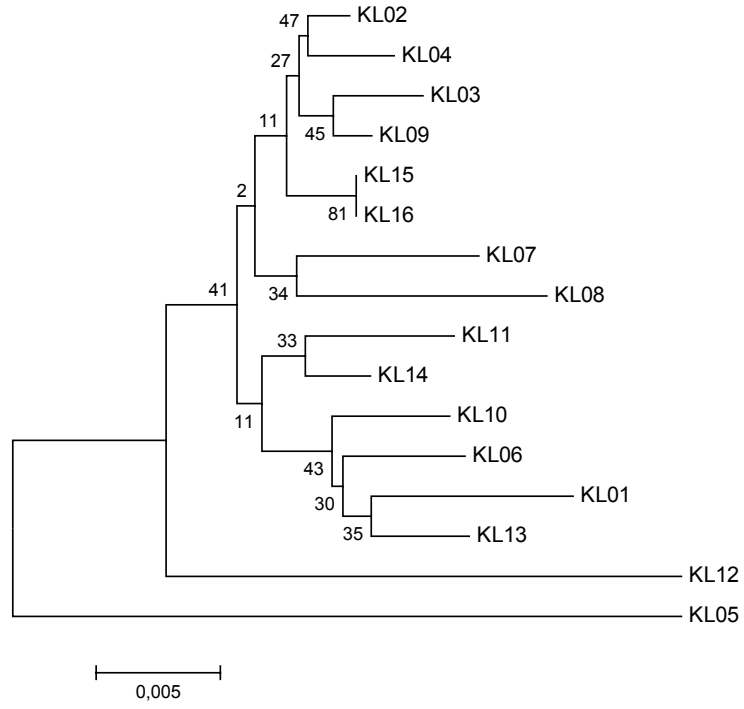
Şekil 4.15. Keçi haplotipleri, *Capra hircus* ve yabancı keçi türleri N-J ağacı

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

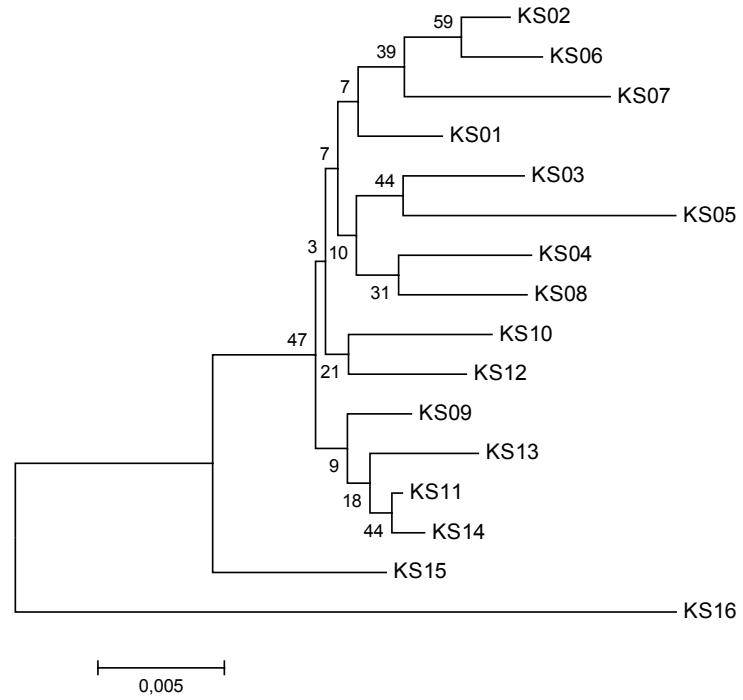
Şanlıurfa yöresi Kıl ve Kilis keçilerinde D-loop bölgelerinin dizisi belirlenmiştir. Evcil keçide 1212 bp uzunluğunda bulunan D-loop bölgesinin, D-loop bölgesi primerleri ile 1137 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 585 bp'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Kıl ve Kilis keçilerinde gen dizi bilgileri analiz DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.8). Kıl keçilerinde, D-loop bölgesinde 55 polimorfik bölge ve 15 haplotip tespit edilmiştir. Kıl keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.992 ± 0.0060 ve 0.01925 ± 0.0009 olarak bulunmuştur. Kıl keçileri, D-loop bölgesine göre UPGMA genetik ağaçta, 15 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.16). Kilis keçilerinde ise 48 polimorfik bölge ve 16 haplotip tespit edilmiştir. Kilis keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 1.000 ± 0.0055 ve 0.01755 ± 0.0008 olarak bulunmuştur. Kilis keçileri, D-loop bölgesine göre UPGMA genetik ağaçta 16 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.17). Her iki UPGMA ağaçta kolların bootstrap destek değeri %50'nin altında kalmıştır.

Çizelge 4.8. Keçilerde D-loop gen dizisine göre DNA polimorfizmi

Özellikler	Kıl	Kilis	Genel
Toplam bölge sayısı	585	586	585
G+C	0.389	0.391	0.389
Polimorfik bölge sayısı (S)	55	48	65
Haplotip sayısı (h)	15	16	31
Haplotip farklılığı Hd:	0.992 ± 0.0060	1.000 ± 0.0055	0.998 ± 0.0014
Nükleotid farklılığı	0.01925 ± 0.0009	0.01755 ± 0.0008	0.01855 ± 0.0004
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	11.25833	10.28333	10.85282
Tajima'nın D test istatistiği	-1.41546	-1.22268	-1.26080



Şekil 4.16. Kilis keçilerinde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı



Şekil 4.17. Kilis keçilerinde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı

Çizelge 4.9 ve 4.10 incelendiğinde, Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00515-0.04655 arasında, Kilis keçilerinde ise 0.00171-0.04834 olarak hesaplanmış ve haplotipler arasında D-loop bölgesi bakımından oldukça büyük varyasyon olduğu görülmüştür.

Kıl ve Kilis keçileri D-loop gen dizileri birlikte değerlendirildiğinde 64 polimorfik bölge ve 31 haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.11). Keçilerinde, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.998 ± 0.0014 ve 0.01855 ± 0.0004 olarak bulunmuştur. Belirlenen 64 polimorfik bölgede nükleotid yer değiştirmeler 62 transisyon ve 2 transversiyon (pürin↔pirimidin) şeklindedir.

Bununla beraber, keçilerde D-loop gen bölgesine göre filogenetik ağaçların oluşturulmasında geniş DNA polimorfizm özelliklerinin görülmesi ve haplotipler arasındaki genetik uzaklıkların yüksek olması nedeni ile burada genetik ilişkileri göstermek için N-J yöntemi kullanılmıştır. Belirlenen keçi haplotiplerinde D-loop bölgesine göre oluşturulmuş köke sahip N-J ağacı Şekil 4.18'de, köksüz N-J ağacı Şekil 4.19'da verilmiştir. Filogenetik ağaçlar incelendiğinde, KL05/KS16 (%99), KL12/KS15 (%98), KS02/KS06 (%61) ve KL01/KS07 (%89) haplotiplerin birlikte kümelendiği görülmektedir. Diğer haplotipler arasında bootstrap test değerleri düşük

Çizelge 4.9. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik farklılıklar (K2P+ Γ model, $\alpha=0.28$)

	KL01	KL13	KL06	KL10	KL11	KL14	KL02	KL04	KL03	KL09	KL15	KL16	KL07	KL08	KL12
KL01	*														
KL13	0.0121	*													
KL06	0.0139	0.0103	*												
KL10	0.0139	0.0103	0.0104	*											
KL11	0.0245	0.0121	0.0156	0.0121	*										
KL14	0.0227	0.0104	0.0138	0.0138	0.0086	*									
KL02	0.0139	0.0121	0.0104	0.0139	0.0138	0.0121	*								
KL04	0.0192	0.0173	0.0156	0.0156	0.0156	0.0138	0.0052	*							
KL03	0.0210	0.0191	0.0174	0.0174	0.0173	0.0156	0.0069	0.0086	*						
KL09	0.0156	0.0138	0.0121	0.0121	0.0121	0.0103	0.0052	0.0069	0.0052	*					
KL15	0.0191	0.0104	0.0138	0.0138	0.0086	0.0069	0.0052	0.0069	0.0086	0.0069	*				
KL16	0.0191	0.0104	0.0138	0.0138	0.0086	0.0069	0.0052	0.0069	0.0086	0.0069	0.0000	*			
KL07	0.0227	0.0245	0.0227	0.0192	0.0227	0.0138	0.0121	0.0139	0.0156	0.0139	0.0138	0.0138	*		
KL08	0.0263	0.0245	0.0227	0.0227	0.0227	0.0138	0.0156	0.0174	0.0192	0.0139	0.0173	0.0173	0.0174	*	
KL12	0.0389	0.0353	0.0353	0.0316	0.0334	0.0316	0.0280	0.0298	0.0280	0.0298	0.0244	0.0244	0.0334	0.0408	*
KL05	0.0466	0.0483	0.0428	0.0428	0.0464	0.0371	0.0428	0.0447	0.0428	0.0410	0.0445	0.0445	0.0410	0.0447	0.0538

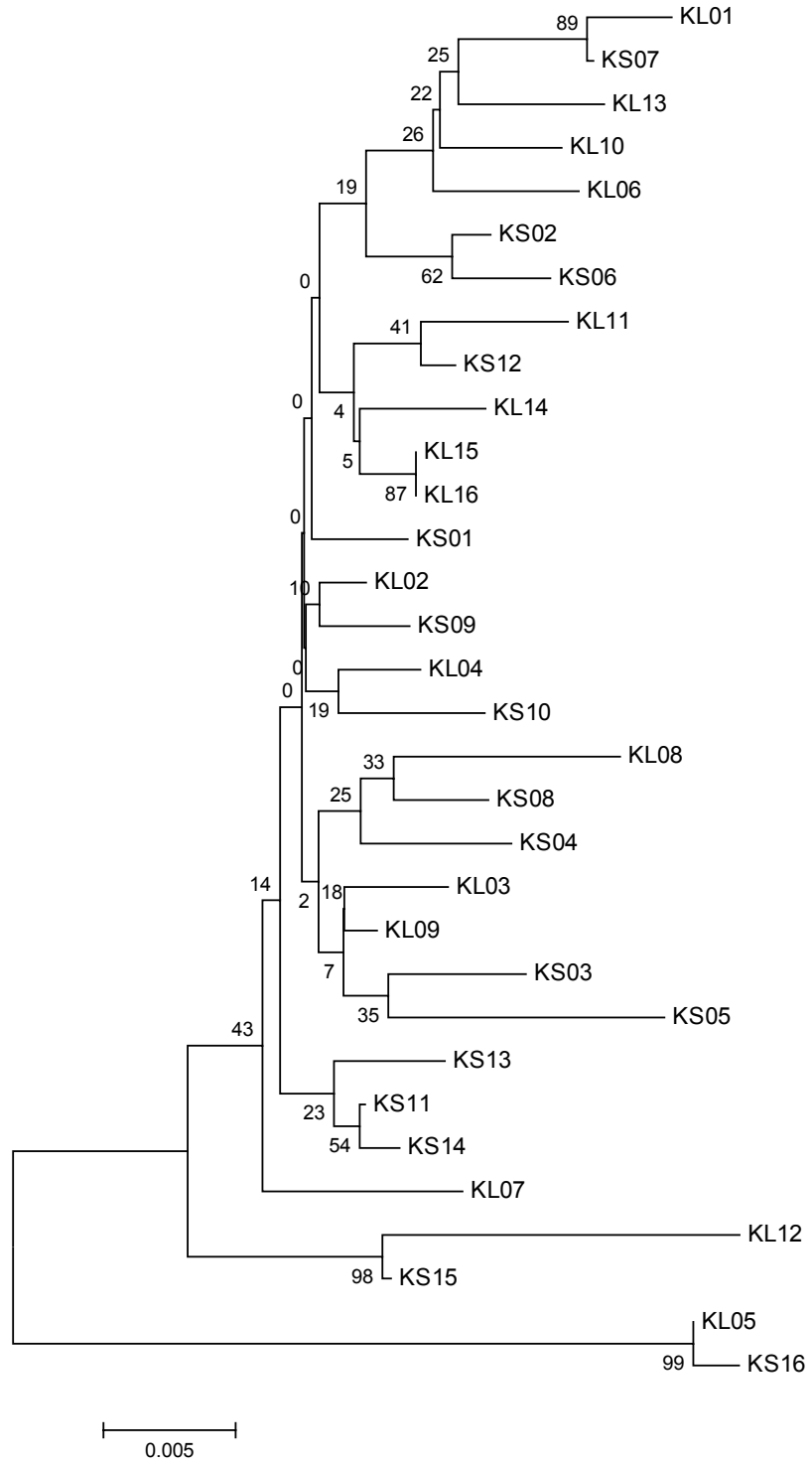
Çizelge 4.10. Kılış keçisi haplotipleri arasında genetik farklılıklar (K2P+Γ model, $\alpha=0.28$)

	KS02	KS06	KS07	KS01	KS03	KS05	KS04	KS08	KS10	KS12	KS11	KS14	KS13	KS09	KS15
KS02	*														
KS06	0.0052	*													
KS07	0.0104	0.0156	*												
KS01	0.0069	0.0121	0.0138	*											
KS03	0.0174	0.0156	0.0209	0.0138	*										
KS05	0.0191	0.0174	0.0263	0.0156	0.0156	*									
KS04	0.0138	0.0156	0.0138	0.0138	0.0138	0.0191	*								
KS08	0.0138	0.0156	0.0174	0.0104	0.0138	0.0191	0.0104	*							
KS10	0.0138	0.0156	0.0174	0.0104	0.0138	0.0191	0.0138	0.0174	*						
KS12	0.0138	0.0156	0.0174	0.0104	0.0138	0.0191	0.0138	0.0138	0.0104	*					
KS11	0.0121	0.0138	0.0156	0.0086	0.0086	0.0174	0.0121	0.0121	0.0121	0.0052	*				
KS14	0.0138	0.0121	0.0174	0.0104	0.0104	0.0191	0.0138	0.0138	0.0138	0.0069	0.0017	*			
KS13	0.0156	0.0138	0.0191	0.0121	0.0121	0.0209	0.0156	0.0156	0.0156	0.0121	0.0069	0.0052	*		
KS09	0.0121	0.0104	0.0156	0.0086	0.0121	0.0174	0.0121	0.0121	0.0121	0.0086	0.0069	0.0052	0.0069	*	
KS15	0.0209	0.0227	0.0209	0.0174	0.0174	0.0263	0.0209	0.0209	0.0209	0.0174	0.0121	0.0138	0.0121	0.0156	*
KS16	0.0446	0.0502	0.0483	0.0409	0.0483	0.0540	0.0483	0.0409	0.0409	0.0446	0.0427	0.0446	0.0465	0.0427	0.0409

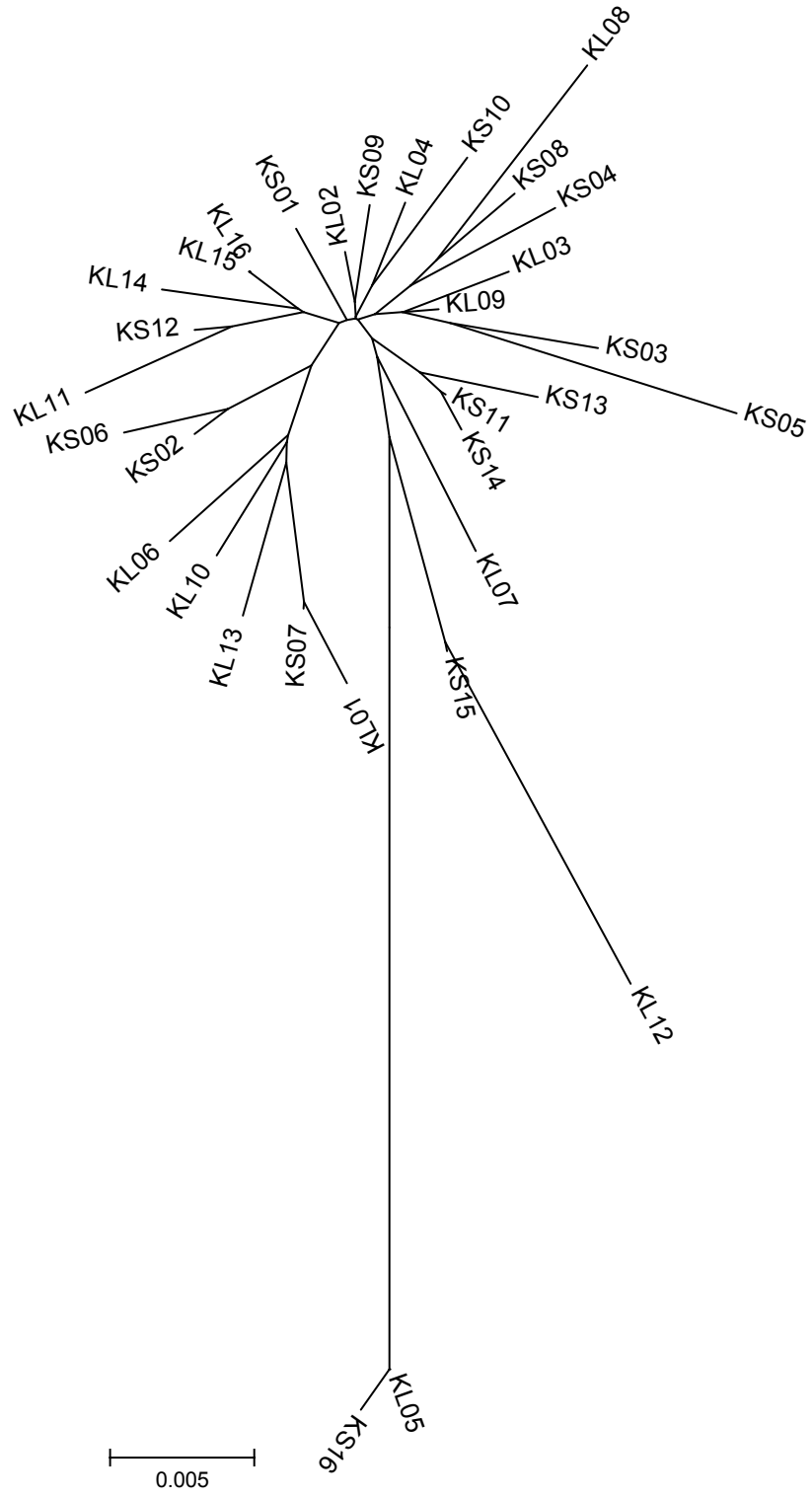
Çizelge 4.11. Keçilerde D-loop gen bölgesine göre belirlenen haplotipler

RefSeq	TGTTGGTCGCAAGTGGACCAAGGTTTTCTTTTTATTTTCGATTTCGGGTTACCTCTTACCCGCAA
H1 KL11C.....C.....C.....A.....
H2 KL14C.....A.....A.....A.....A.....
H3 KL01C.A.....CT.....G.....C.....A..T.....C...TT..G.
H4 KS07C.A.....CT.....G.....A..T.....C...TT...
H5 KL13C.....T.....A..T.....AT..G.
H6 KL10CT.....T.....T.....T.....
H7 KL06C..A..T.....TTT...
H8 KS12C.....A.....C.....T.....
H9 KL15C.....GC.....A.....A.....
H10 KL02A.....GC.....A.....TT.....
H11 KL04A..G.....GC.....A.....T.....T.....
H12 KS10C.A.....C.....A..C.....T.....T.....
H13 KS02A.....T.....G.....A.....AC..T.....T.....
H14 KS06A..A.....T.....GC.....A.....AC..T.....T..T..
H15 KS01A.....C.....G.....A.....A.....T.....
H16 KL03	C.....T...A..A.....GC.....A.....T.....
H17 KL09A..A.....G.....A.....T.....T.....
H18 KS03A..A.....C..GC..C.....A.C..T.....T.....
H19 KS05A..AG.....C..GC..C.....A.C..T...C..T.....
H20 KL08G...AG...A.....G...A.C...A...G...G.T.....
H21 KS08G.A..A...A.....G.C.....A.....T.....
H22 KS04G..C.A...A.....GC.....A.CT.....T.....
H23 KS11C.....A.....C..GC.....A.....T.....
H24 KS14C.....A.....C..GC.....A.....T..T..
H25 KS13	C.C.....A.....C..GC.....A.....T..T..
H26 KS09A.....GC...T.....A.....T..T..
H27 KL07A.....AC..C.....CGC...A.....A.....T..T..
H28 KL12	C...AC..TT...A...G...C..C..GC...G...AA.....A.A..G
H29 KS15	C.....A.....G...C..C..GC...G...AA.....T...G
H30 KL05	.A.C...T..G...A.TT..AA...C.CC.C...C...AG.CTA.A.....CT...T...G
H31 KS16	.A.C...T..G...A.TT..AA...C.CC.C...C...TAG.CTA.A.....CT...T...G

KL15= KL16



Şekil 4.18. Keçi haplotiplerinde D-loop bölgesine göre N-J ağacı ($K2P+\Gamma$, $\alpha=0.28$)



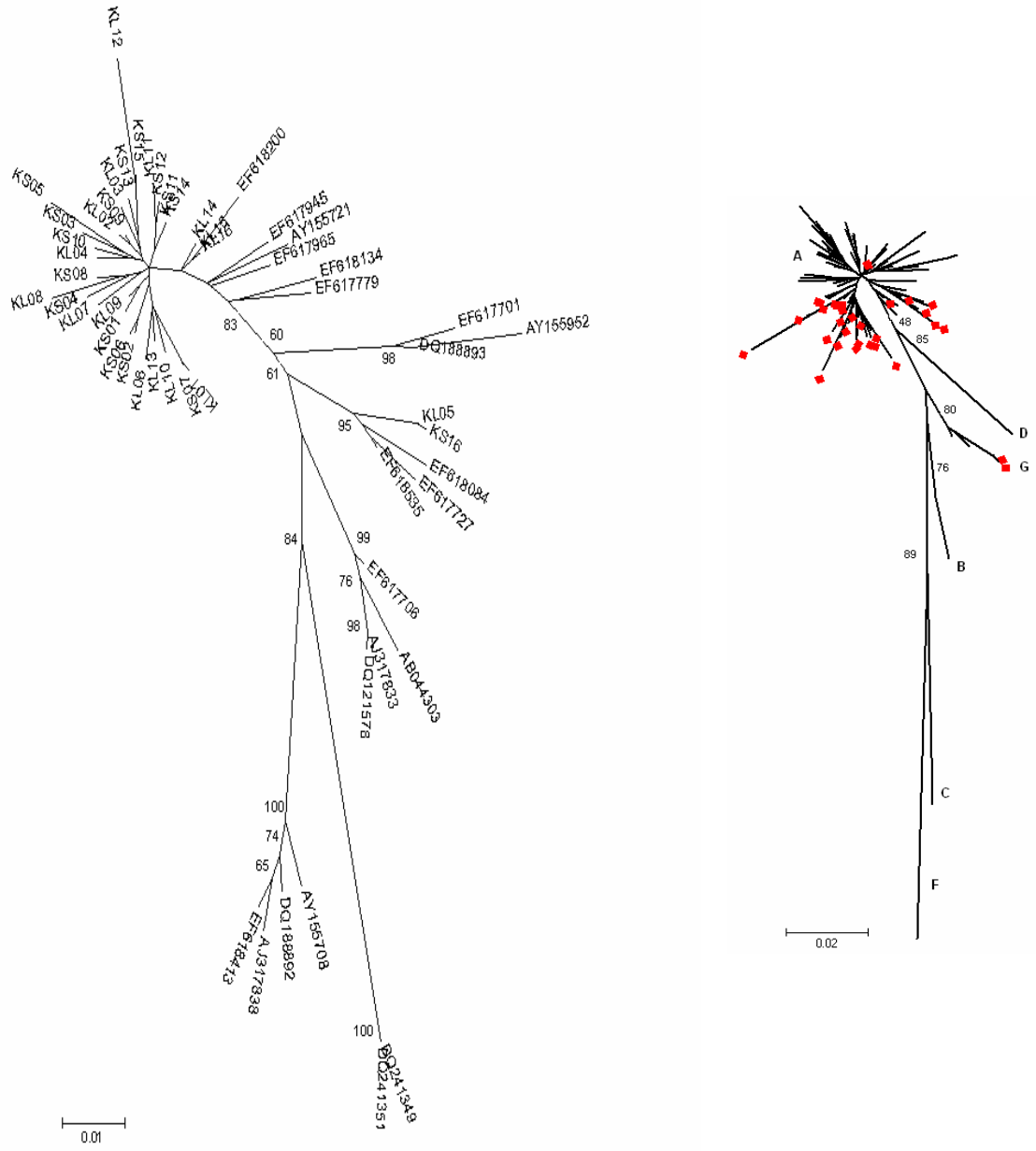
Şekil 4.19. Keçi haplotiplerinde D-loop bölgesine göre köksüz N-J ağacı (K2P+ Γ , $\alpha=0.28$)

Naderi ve ark. (2007) tarafından A, B, C, D, F ve G keçi soyları için belirlenen referans D-loop gen dizileri, bu çalışmada belirlenen haplotiplerin (31 haplotip) D-loop dizileri ile birlikte değerlendirilerek, Kıl ve Kilis keçi haplotiplerinin haplogruplara veya soylara dağılımı belirlenmiştir. Bu çalışmadaki 32 D-loop dizisi ile A, B, C, D, F ve G soyları için 22 referans dizi (Çizelge 3.5) ile birlikte oluşturulan N-J ağacı Şekil 4.20’de verilmiştir. Şekil 4.20’de filogenetik ağaç incelendiğinde, 31 haplotipin, 29’u A soyunda (%83 bootstrap değeri), 2’si (KL05 ve KS16) G soyunda (%95 bootsrap değeri) yer almıştır. Naderi ve ark. (2007), keçileri çoğunluk olarak (%93.51) A soyuna sahip olduklarını ve hemen hemen tüm kıtalara yayıldıklarını fakat diğer soyların çok nadir olduğunu belirtmiştir. Benzer olarak bu çalışma’da da A soyu yüksek oranda (%93.75) tespit edilmiştir (Çizelge 4.12.). Naderi ve ark. (2007), ilk kez G soyunun varlığı’nı İran, Suudi Arabistan ve Türkiye keçi (Gürcü) ırklarında tespit etmişlerdir (%1.11). Bunlara ilaveten Kıl ve Kilis keçilerinde G soyunun varlığı ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. Şanlıurfa yöresi keçilerde iki farklı soyun varlığının tespit edilmesi, Güneydoğu bölgesinde (özellikle Şanlıurfa ili’nde neolitik tarım devrinde eski yerleşim merkezi olan Nevali Çori ve Göbeklitepe bulunmaktadır) birden çok evcilleştirme olayı senaryolarını desteklemektedir.

Şanlıurfa yöresi keçi haplogruplarının DNA polimorfizm özellikleri ve dağılım oranları Çizelge 4.12’de verilmiştir. Keçilerde HG A ve HG arasında haplotip ve nükleotid farklılığı değerleri sırasıyla 0.998 ve 1.000, 0.01523 ve 0.00171 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.12. Keçi haplotiplerinin haplogruplara dağılımı

	Haplogruplar		Toplam
	HG A	HG G	
Dizi	30	2	32
Polimorfik bölge	53	1	54
Haplotip sayısı	29	2	31
Haplotip farklılığı	0.998	1.000	
G+C	0.390	0.388	
Nükleotid farklılığı	0.01523	0.00171	
Irklar			
Kıl	15 (%93.75)	1 (%6.25)	16
Kilis	15 (%93.75)	1 (%6.25)	16



Şekil 4.20. Keçi haplotipleri ve referans haplogrup dizileri N-J ağacı (K2P+ Γ , $\alpha=0.28$)

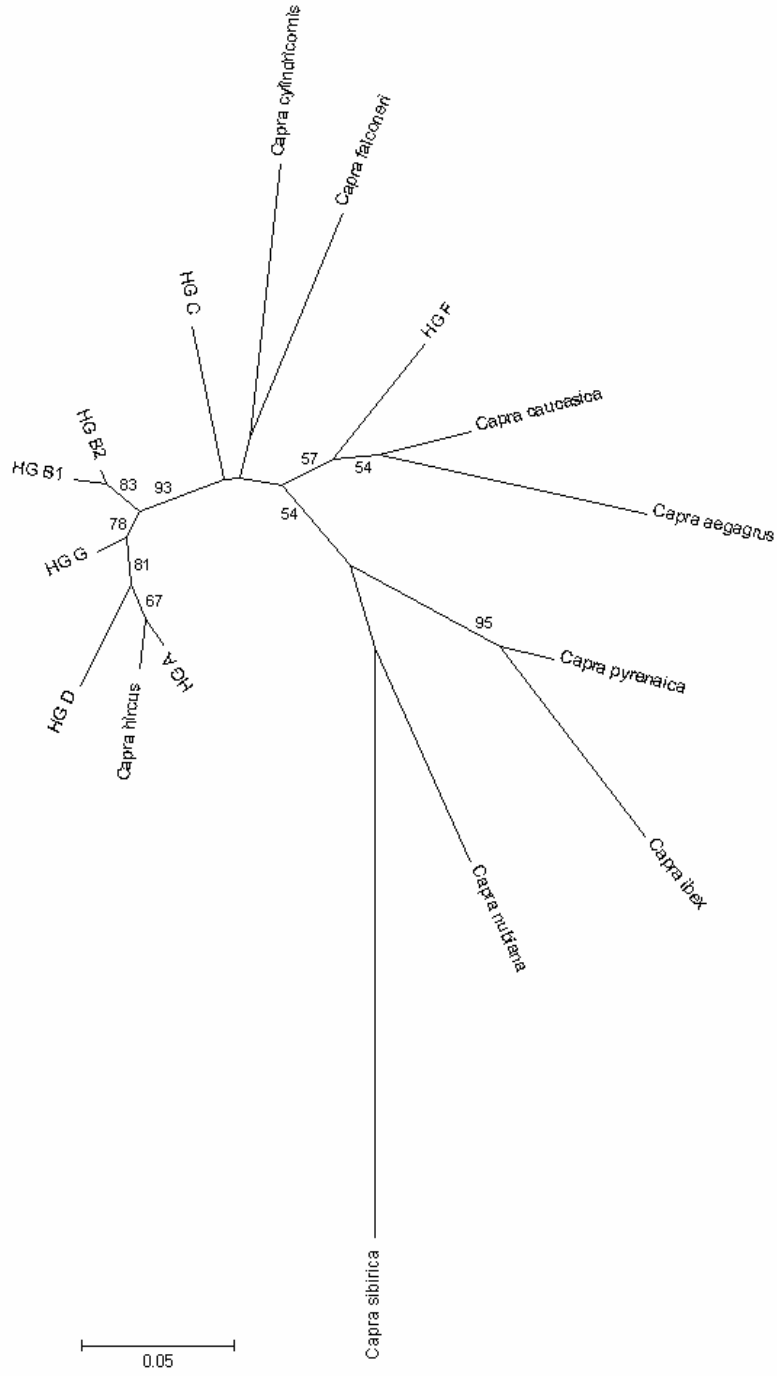
Keçi haplogrupları ile yabani keçi türleri arasında filogenetik ilişkiler N-J metoduna oluşturulan ağaçla Şekil 4.21’de gösterilmiştir. Burada filogenetik ağaç incelendiğinde HG A, HG B1, HG B2, HG D ve HG G evcil keçileri birlikte yer alarak (%93) diğer HG C, HG F ve yabani türlerden ayrılmıştır.

Mevcut keçi haplotiplerine ait D-loop bölgesi dizileri, önceki çalışmalardan (Naderi ve ark., 2008), Türkiye’nin değişik yörelerinden yerli keçilere ait dizi bilgileri ile birlikte karşılaştırılarak çok yönlü değerlendirmeler yapılmaya çalışılmıştır. Bu amaçla oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.22’de verilmiştir. Türkiye’nin değişik bölgelerinden oluşan (Çizelge 4.13) keçilerde, önceki çalışmalara (Naderi ve ark., 2007), ilaveten Naderi ve ark. (2008) Türkiye keçilerinde B, C, D ve F soylarının varlığını tespit etmişlerdir. Filogenetik ağaç incelendiğinde, bu çalışmada belirlenen Haplogrup G diğerlerinden ayrılmıştır (%99). Ayrıca, Türkiye yerli ve yabani keçileri ile (Naderi ve ark., 2008) bu çalışmadaki haplotip dizi bilgileri kullanılarak yeniden oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.23’de verilmiştir. Şekil 4.23 incelendiğinde Türkiye yabani keçileri (*C.aegagrus*) evcil keçilerden ayrılmıştır. Burada, bu çalışmada tespit edilen Haplogrup G diğer gruplardan ve yabani keçilerden tamamen ayrılmıştır (%99).

Şekil 4.23’de çok sayıda dizinin yer alması ile filogenetik ağaçta görüntü zorlaşmaktadır. Bu nedenle, ilgili filogenetik ağaç köksüz model kullanılarak ve şematik olarak Şekil 4.24’te verilmiştir.

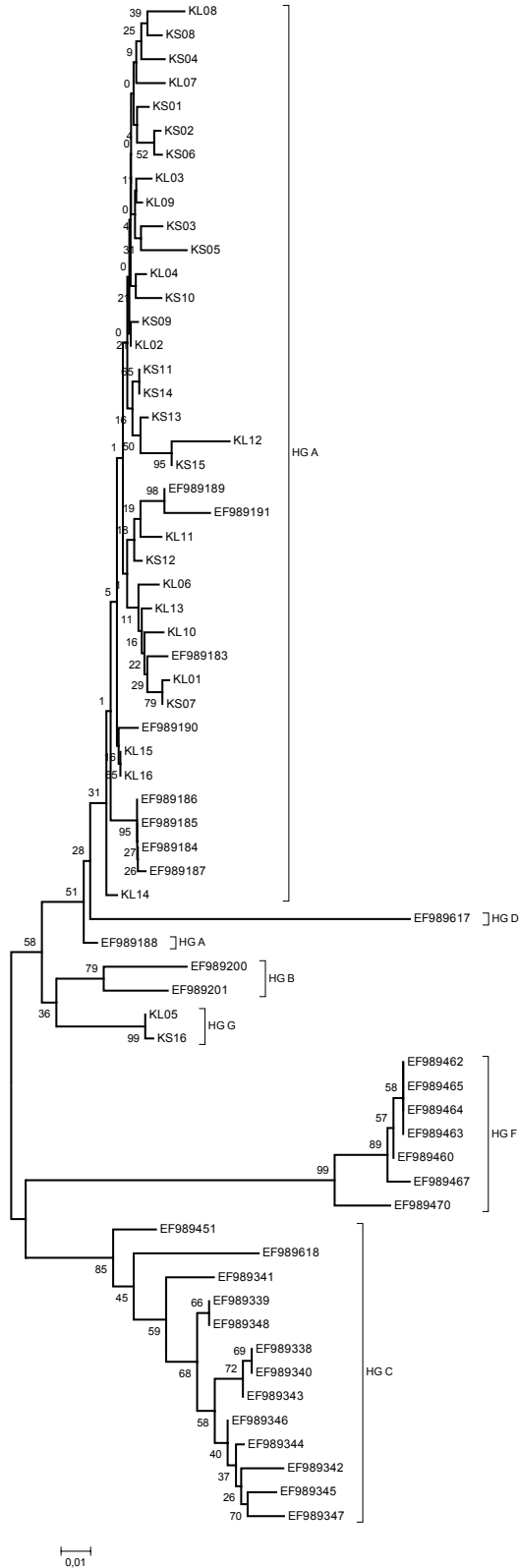
Çizelge 4.13. Filogenetik analizde kullanılan Türkiye yerli ve yabani keçileri

Haplogruplar	Bölge	Referans
A	Artvin, Tunceli, Gaziantep, Sömbül, Şanlıurfa	Naderi ve ark., 2008, Bu Çalışma
B	Van, Antalya	Naderi ve ark., 2008
C	Artvin, Tunceli, Gaziantep, Sömbül, Erincan, Van	Naderi ve ark., 2008
D	Akseki	Naderi ve ark., 2008
F	Akseki, Mersin, Van	Naderi ve ark., 2008
G	Şanlıurfa	Bu çalışma
Yabani	Finike, Akseki, Mersin, Soyuk, Tunceli, Van	Naderi ve ark., 2008

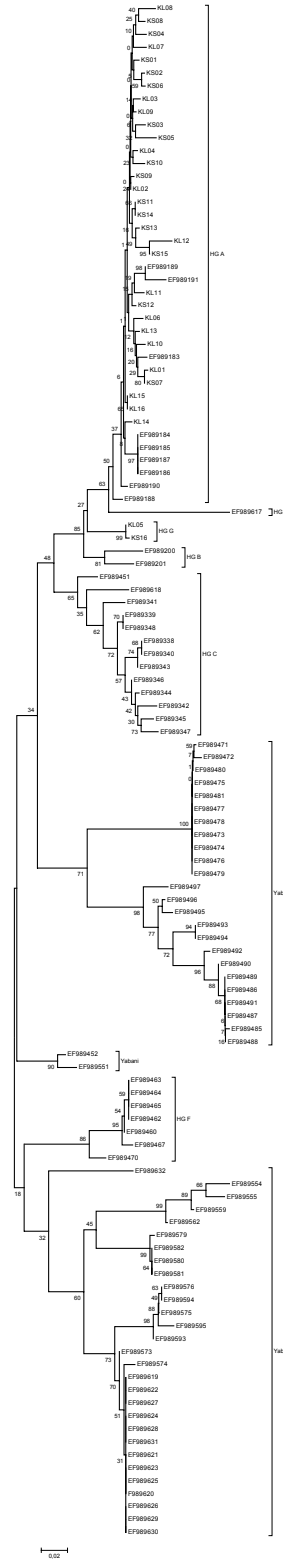


Şekil 4.21. Keçi haplotipleri ve referans haplogrup dizileri N-J ağacı (K2P+ Γ , $\alpha=0.28$)

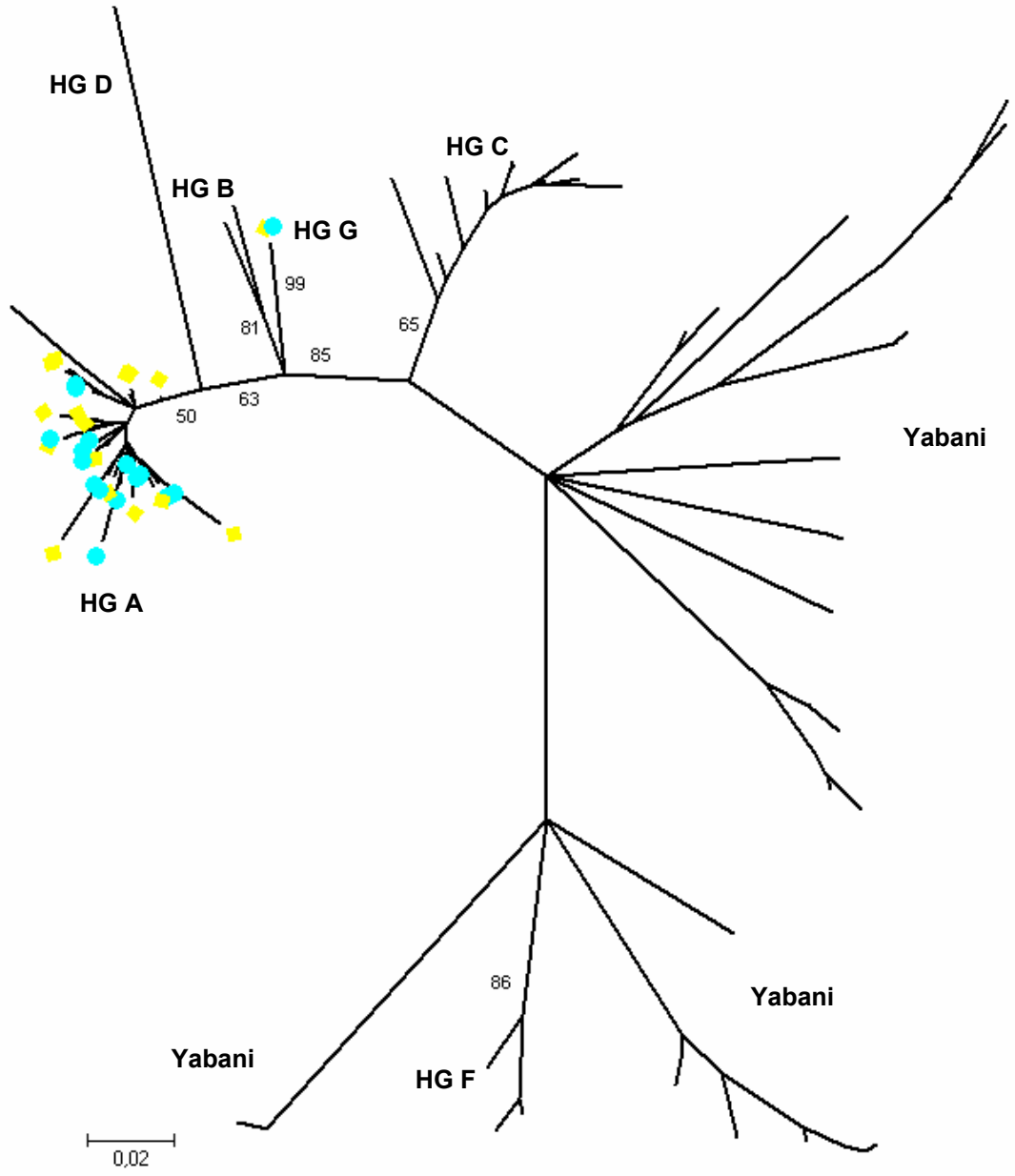
HG A ve HG G: Bu çalışma



Şekil 4.22. Keçi haplotipleri ve Evcil keçi [*C.aegagrus*] türlerinde filogenetik ilişkiler (K2P+Γ, $\alpha=0.28$)



Şekil 4.23. Keçi haplotipleri, Türkiye evcil keçi [*C.aegagrus*] ve yabancı keçilerde filogenetik ilişkiler ($K2P+\Gamma$, $\alpha=0.28$)



Şekil 4.24. Keçi haplotipleri (Bu çalışma), Türkiye evcil keçi [*C.aegagrus*] ve yabani keçilerde (Naderi ve ark., 2008) N-J filogenetik ağaç (K2P+ Γ , $\alpha=0.28$)

Çizelge 4.14. Evcil keçi haplogrupları ve yabani türler arasında mtDNA D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar (K2P+Γ model, $\alpha = 0.28$)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	*														
2	0.0612	*													
3	0.0715	0.0158	*												
4	0.1280	0.1055	0.0932	*											
5	0.0750	0.0787	0.0901	0.1427	*										
6	0.1640	0.1696	0.1531	0.1314	0.1813	*									
7	0.0515	0.0424	0.0454	0.1098	0.0680	0.1531	*								
8	0.0280	0.0667	0.0846	0.1449	0.0537	0.1718	0.0446	*							
9	0.1623	0.1794	0.1915	0.1776	0.2108	0.2086	0.1679	0.1876	*						
10	0.1696	0.1531	0.1377	0.1109	0.1754	0.1045	0.1696	0.1896	0.1896	*					
11	0.1799	0.1372	0.1277	0.1509	0.1918	0.1781	0.1472	0.1822	0.2337	0.1840	*				
12	0.1978	0.1794	0.1623	0.1718	0.1915	0.1776	0.1413	0.2065	0.2485	0.1958	0.1708	*			
13	0.2131	0.2131	0.2000	0.1918	0.2131	0.2244	0.2267	0.2290	0.1817	0.1918	0.2337	0.2508	*		
14	0.2341	0.2064	0.1874	0.1679	0.2646	0.1463	0.1813	0.2589	0.2291	0.1220	0.2663	0.2436	0.2856	*	
15	0.2617	0.2388	0.2388	0.2363	0.2617	0.2436	0.2245	0.2338	0.0982	0.2363	0.2409	0.3247	0.2802	0.3381	*
16	0.3464	0.3369	0.3276	0.3831	0.4322	0.3157	0.3276	0.4008	0.2769	0.2594	0.3938	0.2959	0.2721	0.2985	0.3369

- [1] HG A: KL14 (Bu çalışma)
[2] HG B1: EF617706
[3] HG B2: AJ317833
[4] HG C: EF618413
[5] HG D: EF617701
[6] HG E: DQ241349
[7] HG G: KL05 (Bu çalışma)
[8] *Capra hircus*: NC_005044 [RefSeq]
[9] *Capra pyrenaica*: FJ207528
[10] *Capra caucasica*: AJ317875
[11] *Capra falconeri*: FJ207525
[12] *Capra cylindricornis*: AJ317870
[13] *Capra nubiana*: FJ207527
[14] *Capra aegagrus*: EF989489
[15] *Capra ibex*: FJ207526
[16] *Capra sibirica*: FJ207529

4.3.2. Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunlarında mitokondriyal 12S rRNA, Cyt *b* ve D-loop gen dizisine göre filogenetik analizler

Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunlarında mitokondriyal 12S rRNA, Cyt *b* ve D-loop gen dizisine göre; populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d), nükleotid farklılığı (π), ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri hesaplanarak DNA polimorfizmi belirlenmeye çalışılmıştır. Koyunlarda DNA polimorfizm özellikleri kullanılarak temel ve ileri filogenetik analizler yapılmıştır.

4.3.2.1. 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Akkaraman ve İvesi koyunlarında mitokondriyal 12S ribozomal RNA gen dizileri belirlenmiştir. Evcil koyun 958 bp uzunluğunda bulunan 12S rRNA geninin, OVIS-12S rRNA primerleri ile 916 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 716 bp'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Akkaraman ve İvesi koyunlarında 12S rRNA gen dizi bilgileri analiz edilerek DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.15). Akkaraman koyunlarında, 12S rRNA geninde 5 polimorfik bölge ve 5 haplotip tespit edilmiştir. Akkaraman koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.725 ± 0.044 ve 0.00208 ± 0.00016 olarak bulunmuştur. Akkaraman koyunları, 12S rRNA genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (AK01, AK03), H2 (AK11, AK12, AK10, AK16, AK08, AK07, AK13, AK06), H3 (AK05, AK09), H4 (AK02) ve H5 (AK04, AK14, AK15) olmak üzere 5 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.25). İvesi koyunlarında ise 4 polimorfik bölge ve 5 haplotip tespit edilmiştir. İvesi koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.750 ± 0.035 ve 0.00212 ± 0.00012 olarak bulunmuştur. İvesi koyunları, 12S rRNA genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (IV12, IV09, IV07, IV15, IV03, IV14, IV05), H2 (IV11), H3 (IV13, IV16, IV06, IV08), H4 (IV04) ve H5 (IV10) olmak üzere 5 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.26).

Çizelge 4.15 incelendiğinde, 12S rRNA genine göre haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid farklılığı bakımından değerlerin Akkaraman ve İvesi koyunlarında benzer olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.15. Koyunlarda 12S rRNA gen bölgesine göre DNA polimorfizmi

DNA Polimorfizmi	Akkaraman	Ivesi	Genel
Toplam bölge sayısı	716	716	716
G+C	0.404	0.404	0.404
Polimorfik bölge sayısı (S)	5	4	6
Haplotip sayısı (h)	5	5	7
Haplotip farklılığı Hd:	0.725±0.044	0.750±0.035	0.724±0.023
Nükleotid farklılığı	0.00208±0.00016	0.00212±0.00012	0.00209±0.00008
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	1.492	1.517	1.494
Tajima'nın D test istatistiği	-0.03316	0.80766	0.00773

Çizelge 4.16 ve 4.17 incelendiğinde, Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıkların 0.00140-0.00562, İvesi haplotipleri arasında 0.00140-0.00421 arasında ve oldukça düşük değerlerde olduğu görülmüştür. Bununla beraber, keçilerde 12S rRNA genine göre filogenetik ağaçların oluşturulmasında gerek sınırlı DNA polimorfizm özelliklerinin görülmesi gerekse haplotipler arasındaki genetik uzaklıkların düşük olması nedeni ile burada sadece genetik ilişkileri göstermek için temel UPGMA yöntemi kullanılmıştır.

Çizelge 4.16. Akkaraman haplotipleri arasında 12S rRNA genine göre genetik uzaklıklar

Haplotipler	H1	H2	H3	H4
H1	*			
H2	0.00140	*		
H3	0.00421	0.00280	*	
H4	0.00562	0.00421	0.00421	*
H5	0.00421	0.00280	0.00280	0.00140

Çizelge 4.17. İvesi haplotipleri arasında 12S rRNA genine göre genetik uzaklıklar

Haplotipler	H1	H2	H3	H4
H1	*			
H2	0.00140	*		
H3	0.00280	0.00421	*	
H4	0.00327	0.00187	0.00327	*
H5	0.00280	0.00140	0.00280	0.00047

Akkaraman ve İvesi koyunları 12S rRNA dizileri birlikte değerlendirildiğinde 7 polimorfik bölge ve 7 haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.18). Koyunlarda, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.724 ± 0.023 ve 0.00209 ± 0.00008 olarak bulunmuştur. Belirlenen 7 polimorfik bölgede 6 nükleotid yer değiştirme (transisyon) ve 1 insersiyon gözlenmiştir.

Çizelge 4.18. Koyunlarda 12S rRNA gen bölgesine göre belirlenen haplotipler

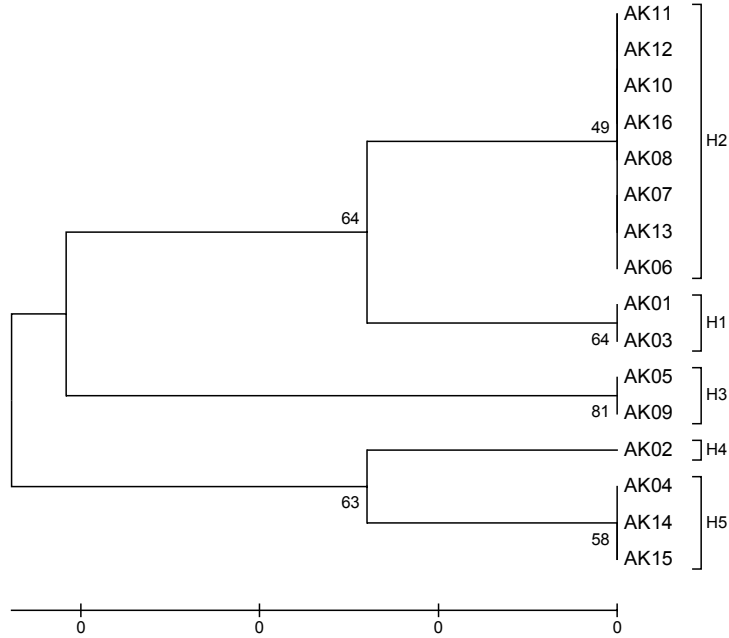
	Haplotipler	n	Frekans	Pozisyon						
				213	223	470	499	643	729	741
	NC_001941			T	C	A	i	G	C	T
1	AK01	2	0.0625	C	T	G	G	-	T	-
2	IV15	15	0.46875	C	T	G	G	-	-	-
3	AK02	1	0.0313	C	-	G	G	-	-	-
4	AK04	7	0.21875	C	-	G	G	A	-	-
5	IV11	1	0.03125	C	T	-	G	-	-	-
6	IV10	5	0.15625	C	T	-	G	-	-	-
7	IV04	1	0.03125	C	-	-	G	-	-	C

AK01= AK03 i:insersiyon

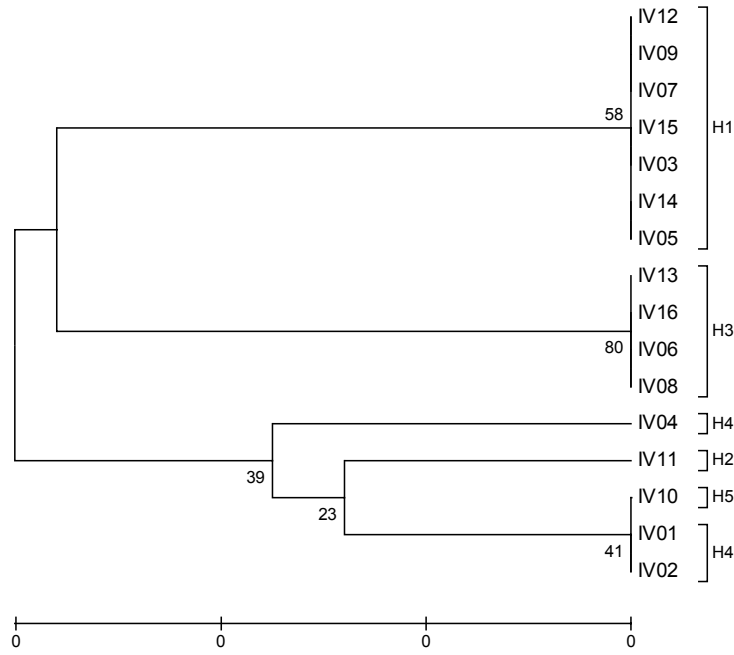
IV15=[IV14 IV12 IV09 IV07 IV05 IV03 AK16 AK13 AK12 AK11 AK10 AK08 AK07 AK06]

AK04=[AK14 AK15 IV06 IV08 IV13 IV16]

IV10=[IV02 IV01 AK09 AK05]



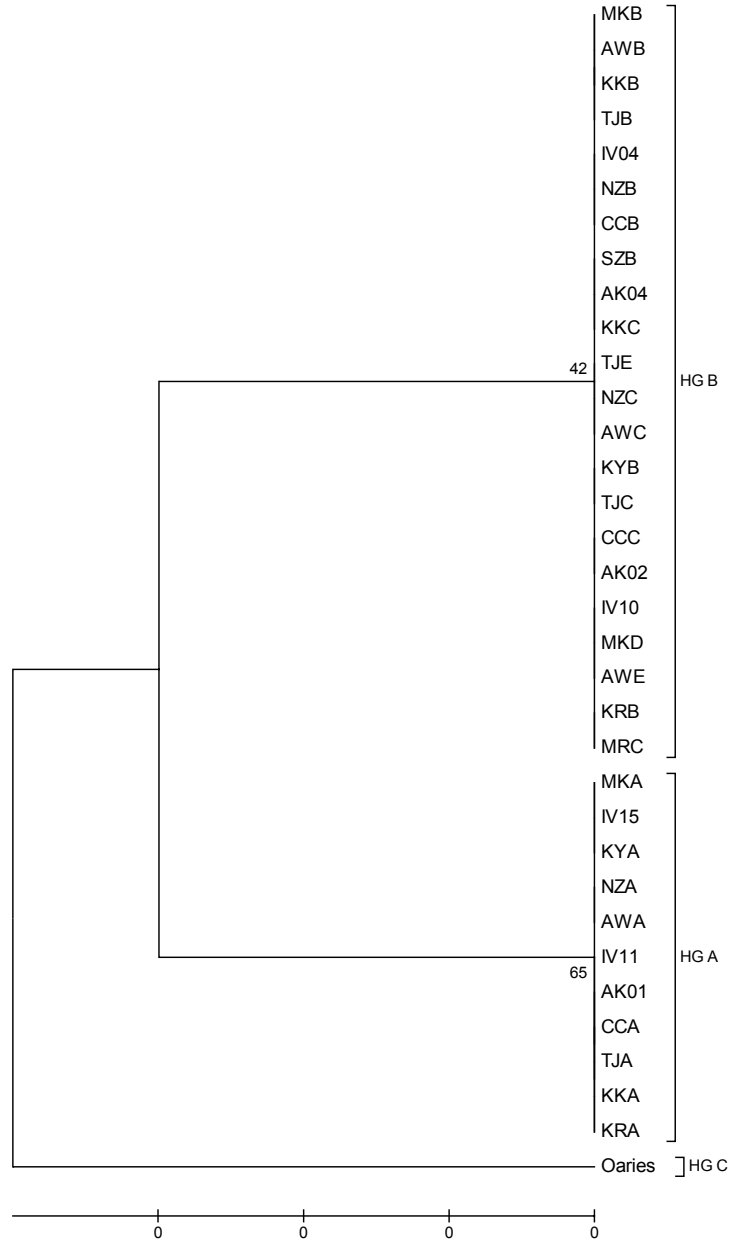
Şekil 4.25. Akkaraman koyunlarında 12S rRNA gen bölgesine göre UPGMA ağacı



Şekil 4.26. İvesi koyunlarında 12S rRNA gen bölgesine göre UPGMA ağacı

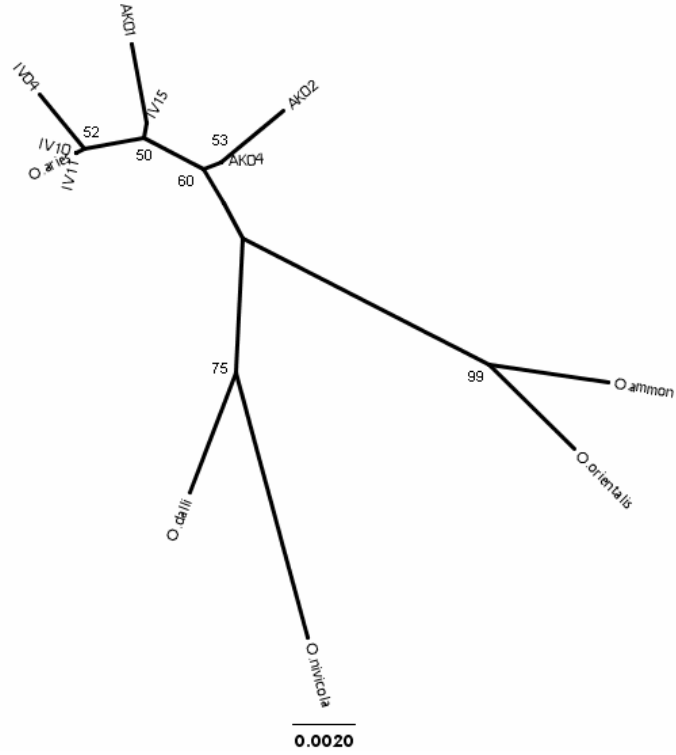
Bu çalışmada belirlenen koyun 12S rRNA haplotiplerine ait nükleotid diziler, öncelikle Türkiye keçi ırkları ve yabancı ırklara ait dizilerle birlikte değerlendirme için BLAST yöntemi ile Gen Bankası (NCBI) veri tabanı taranmıştır. Tarama sonucunda, Türkiye yerli ırklarına (Karakaş, Morkaraman, Tuj, Karya, Norduz, Çine Çaparı, Karayaka, Sakız ve İsrail İvesisi :DQ852083-DQ852279) ait 12S rRNA gen dizileri (525 bç) temin edilmiştir. Veri tabanından alınan diziler ile bu çalışmadan elde edilen diziler birlikte değerlendirilerek haplogruplar belirlenmeye çalışılmıştır (Şekil 4.27). Şekil 27’te IV15/IV11/AK01 koyunları A (bootstrap değeri %65), IV04/AK04/AK02/IV10 koyunları B grubuna ayrılmıştır.

Burada tespit edilen koyun haplotiplerinin bazı yabancı koyun türleri ile birlikte filogenetik ilişkilerini gösteren ağaç Şekil 4.28’de verilmiştir. Şekil 4.28 incelendiğinde koyun haplotiplerinin 12S rRNA geni bakımından yabancı ırklardan ayrıldığı görülmüştür (%60).



Şekil 4.27. Koyun 12S rRNA gen bölgesine haplogruplar

[KR:Karya, NZ:Norduz, TJ:tuj, KK:Karakaş, AW:İvesi CC:Çine çaparı, MK:Morkaraman, KY:Karayaka SZ: Sakız, Meadows ve ark., 2007)



Şekil 4.28. Koyun haplotipleri ile yabani türler arasında filogenetik ilişkiler (N-J)

4.3.2.2. *Cyt b* gen dizisine göre DNA polimorfizmi ve filogenetik analizler

Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunlarında mitokondriyal *Cyt b* gen dizisi belirlenmiştir. Evcil koyunda 1140 bp uzunluğunda bulunan *Cyt b* geninin, *Cyt b* primerleri ile 1124 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 518 bp'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Akkaraman ve İvesi koyunlarında *Cyt b* gen dizi bilgileri analiz edilerek DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.19). Akkaraman koyunlarında, *Cyt b* geninde 16 polimorfik bölge ve 11 haplotip tespit edilmiştir. Akkaraman koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.908 ± 0.0190 ve 0.00823 ± 0.00039 olarak bulunmuştur. Akkaraman koyunları, *Cyt b* genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (AK05, AK11), H2 (AK16), H3 (AK13), H4 (AK09), H5 (AK08), H6 (AK03, AK07, AK15, AK10, AK14), H7 (AK02), H8 (AK12), H9 (AK01), H10 (AK04) ve

H11 (AK06) olmak üzere 11 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.29). İvesi koyunlarında ise 12 polimorfik bölge ve 8 haplotip tespit edilmiştir. İvesi koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.825 ± 0.0268 ve 0.00701 ± 0.00052 olarak bulunmuştur. İvesi koyunları, *Cyt b* genine göre UPGMA genetik ağaçta, H1 (IV01), H2 (IV07, IV15, IV11, IV05), H3 (IV06), H4 (IV12, IV04, IV09, IV14, IV10, IV02), H5 (IV03) H6 (IV13), H7 (IV16) ve H8 (IV08), olmak üzere 8 haplotipe ayrılmıştır (Şekil 4.30).

Çizelge 4.19 incelendiğinde, koyunlarda *Cyt b* genine göre haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid farklılığı bakımından Akkaraman koyunlarında genetik çeşitliliğin İvesi koyunlarına nazaran fazla olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.19. Koyunlarda *Cyt b* gen bölgesine göre DNA polimorfizmi

Özellikler	Akkaraman	Ivesi	Genel
Toplam bölge sayısı	578	535	518
G+C	0.439	0.441	0.444
Polimorfik bölge sayısı (S)	16	12	18
Haplotip sayısı (h)	11	8	16
Haplotip farklılığı Hd:	0.908 ± 0.0190	0.825 ± 0.0268	0.857 ± 0.0127
Nükleotid farklılığı	0.00823 ± 0.00039	0.00701 ± 0.00052	0.00764 ± 0.00026
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	4.75833	3.75000	3.95968
Tajima'nın D test istatistiği	-0.05194	0.14114	-0.38804

Çizelge 4.21 ve 4.22 incelendiğinde, Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıkların 0.00173-0.01940, İvesi haplotipleri arasında ise 0.00187-0.0210 arasında olduğu görülmüştür.

Akkaraman ve İvesi koyunları *Cyt b* gen dizileri birlikte değerlendirildiğinde 18 polimorfik bölge ve 16 haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.20). Koyunlarda, haplotip ve nükleotid farklılığı değerleri sırasıyla, 0.857 ± 0.0127 ve 0.00764 ± 0.00026 olarak bulunmuştur. Belirlenen 18 polimorfik bölgede tüm nükleotid yer değiştirmeler transisyon şeklindedir.

Çizelge 4.20. Koyunlarda *Cyt b* gen bölgesine göre belirlenen haplotipler

			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
	Haplotipler		309	324	328	331	336	339	343	344	347	349	352	353	356	357	358	359	363	364
	NC_001941	n	C	C	C	G	G	T	T	C	A	G	T	T	T	C	C	C	G	T
1	IV12	11	T	A
2	IV03	1	T	.	T	.	.	C	C	T	G	A	C	.	C	.	.	T	.	.
3	IV13	1	C	C	T	G	A	C	T	.	.
4	IV16	1	T	.	T	.	.	C	C	.	G	A	T	.	.
5	IV08	1	T	.	T	G	A	.	.	C	.	.	T	.	.
6	IV05	6
7	IV06	1	.	.	.	A
8	IV01	2	C
9	AK02	1	T	.	T	.	.	C	C	.	G	A	.	.	C	.	.	T	.	C
10	AK12	1	T	.	T	.	.	C	C	.	G	A	.	.	C	.	.	T	.	.
11	AK01	1	T	C	C	.	G	A	.	.	C	.	.	T	.	.
12	AK04	1	T	C	.	.	G	A	.	.	C	.	T	.	A	.
13	AK06	1	.	T
14	AK09	1	T
15	AK13	1	A
16	AK16	1

IV12= [IV14, IV10, IV09, IV04, IV02, AK03, AK07, AK10, AK14, AK15]

IV05= [IV07, IV11, IV15, AK05, AK11]

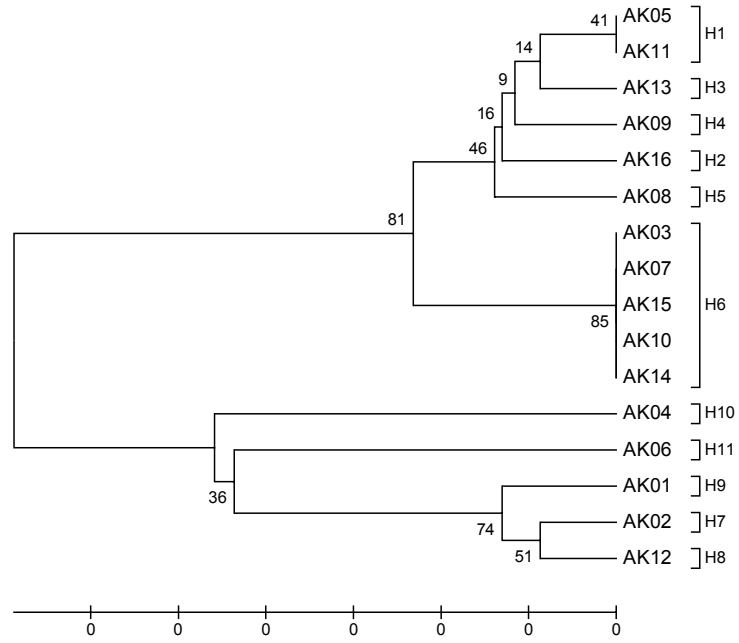
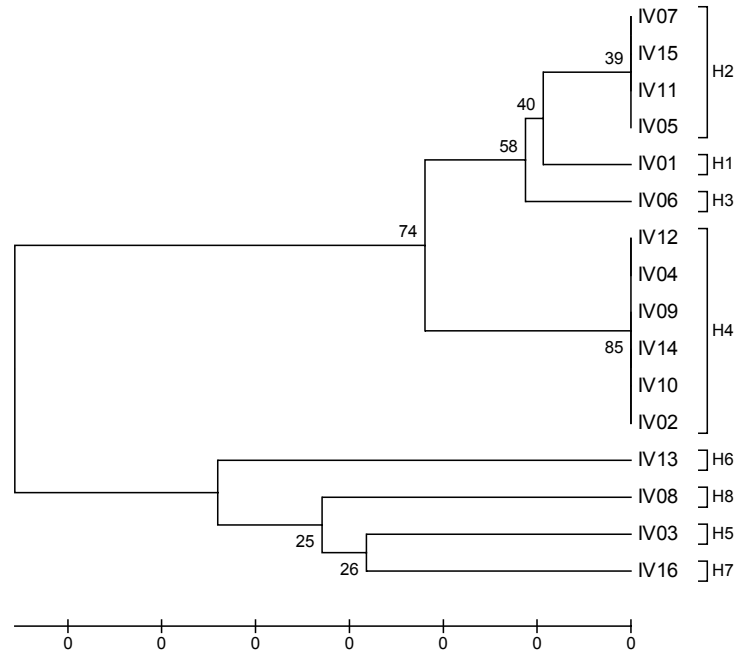
IV01= AK08

Çizelge 4.21. Akkaraman haplotipleri arasında *Cyr b* genine göre genetik uzaklıklar (K2P+ Γ model, $\alpha=0.28$)

Haplotipler	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10
H1	*									
H2	0.00173	*								
H3	0.00173	0.00347	*							
H4	0.00173	0.00347	0.00347	*						
H5	0.00173	0.00347	0.00347	0.00347	*					
H6	0.00347	0.00522	0.00522	0.00522	0.00522	*				
H7	0.01761	0.0194	0.0194	0.0194	0.0194	0.01404	*			
H8	0.01582	0.01761	0.01761	0.01761	0.01761	0.01226	0.00173	*		
H9	0.01404	0.01582	0.01582	0.01582	0.01582	0.01049	0.00347	0.00173	*	
H10	0.01404	0.01582	0.01582	0.01582	0.01582	0.01049	0.01049	0.00873	0.00697	*
H11	0.01049	0.01226	0.01226	0.01226	0.01226	0.01049	0.01049	0.00873	0.00697	0.01049

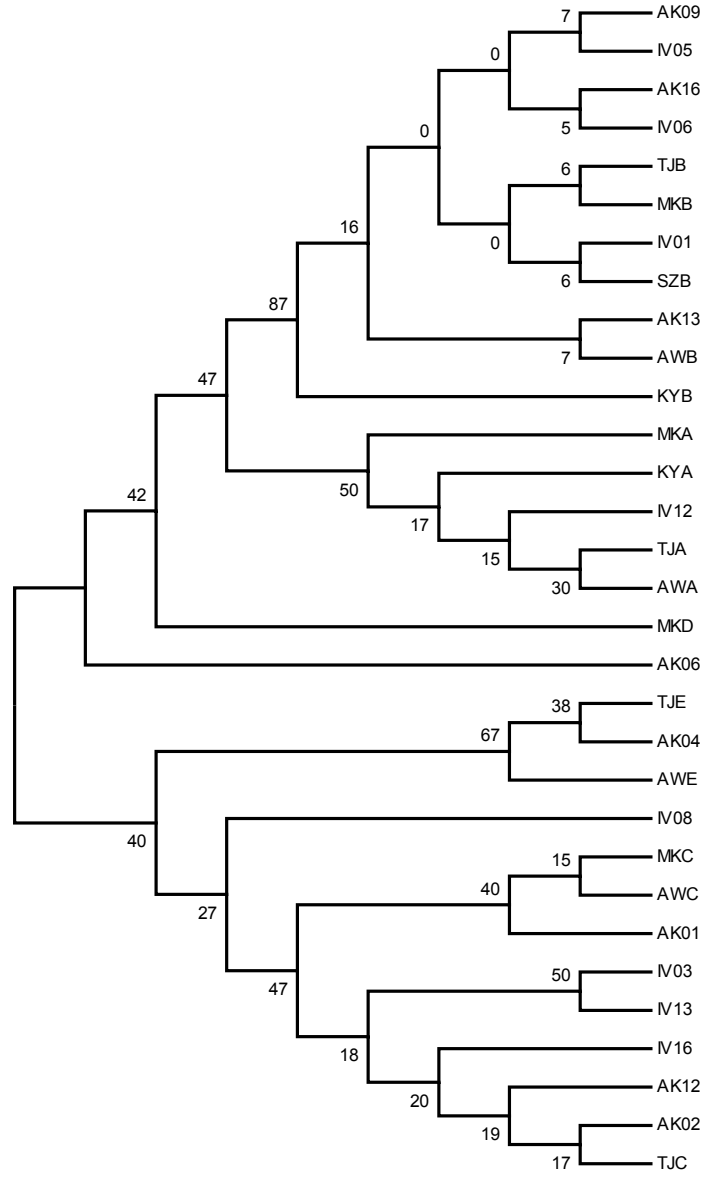
Çizelge 4.22. İvesi haplotipleri arasında *Cyr b* genine göre genetik uzaklıklar (K2P+ Γ model, $\alpha=0.28$)

Haplotipler	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7
H1	*						
H2	0.00187	*					
H3	0.00375	0.00187	*				
H4	0.00564	0.00375	0.00564	*			
H5	0.02100	0.01905	0.02100	0.01518	*		
H6	0.01518	0.01326	0.01518	0.01326	0.00564	*	
H7	0.01518	0.01326	0.01518	0.00943	0.00564	0.00753	*
H8	0.01326	0.01134	0.01326	0.00753	0.00753	0.01326	0.00564

Şekil 4.29. Akkaraman koyunlarında *Cyt b* gen bölgesine göre UPGMA ağacıŞekil 4.30. İvesi koyunlarında *Cyt b* gen bölgesine göre UPGMA ağacı

Meadows ve ark. (2007) evcil koyunlarda A, B, C, D, E haplogrupları belirlemiştir. Koyun haplogruplarına ait diziler referans alınarak, bu çalışmada belirlenen haplotiplerin (31 haplotip) *Cyt b* gen dizileri ile birlikte değerlendirilerek, Akkaraman ve İvesi haplotiplerinin haplogruplara veya soylara dağılımını belirlenmiştir. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile A, B, C, D, ve E soylarına ait dizilerle (Meadows ve ark., 2007) birlikte oluşturulan N-J ağacı Şekil 4.31'de verilmiştir. Şekil 4.31'deki filogenetik ağaç incelendiğinde, bu çalışmadaki 16 haplotipten, 6'sı B soyunda (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05; %87 bootstrap değeri), 1'i A soyunda (IV12, %50 bootstrap değeri), 1'i E soyunda (AK04, %67 bootstrap değeri) 5'i C soyunda (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, IV03; %47 bootstrap değeri) yer almış, AK06 ve IV13 farklı kümelenmiştir. Haplotiplerin soylara ayrılmasında bootstrap değerleri A, B ve E soy grubu dışında %50'nin altında kalmıştır. Meadows ve ark. (2007), koyunları çoğunluk olarak A, B ve C soyuna sahip olduklarını, diğer D ve E soylarının çok nadir ve düşük oranda olduğunu belirtmiştir. Bu çalışmadaki sonuçlar belirtilen görüş ile uyum içerisindedir.

Önceki çalışmalarda, koyunlar Avrupa (A) ve Asya tipleri (B) olarak iki büyük gruba ayrılmıştır (Hiendleder ve ark, 1998). Daha sonra, Guo ve ark. (2005), Çin yerli koyun ırklarında, Pedrosa ve ark. (2005) Türkiye yerli koyunlarında (Akkaraman, Karayaka, Hemşin, Morkaraman) üçüncü bir soyun (C) varlığını tespit etmişlerdir. Bununla birlikte Pereira ve ark. (2006), Portekiz yerli koyunlarında düşük frekansta C soyunun bulunduğunu bildirmişlerdir. Daha sonra, Kuzey Kafkasya Karachai koyunlarında (D-loop baz alınarak) daha önce belirtilen üç soydan ayrılan dördüncü bir maternal soyun (D soyu) varlığı tespit edilmiştir (Tapio ve ark., 2006). Son olarak, Meadows ve ark. (2007), ilk kez beşinci soy olarak E soyunun varlığını Türkiye Tuj ve İvesi koyun ırklarında tespit etmişlerdir. Bu çalışmada, *Cyt b* genine göre filogenetik ağaçta AK01 koyunu AWE ve TJE ile birlikte ayrıldıkları gözlemiştir. Böylece Akkaraman koyunlarında E soyunun varlığı bu çalışmada tespit edilmiştir. İleriki bölümlerde D-loop bölgesi bakımından bu durum izlenecektir.



Şekil 4.31. *Cyt b* gen dizisine göre Koyun haplogrupları (K2P+Γ)

[KR:Karya, NZ:Norduz, TJ:tuj, KK:Karakaş, AW:İvesi CC:Çine çaparı, MK:Morkaraman, KY:Karayaka
SZ: Sakız, Meadows ve ark., 2007; AK:Akkaraman, IV:İvesi, Bu çalışma)

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

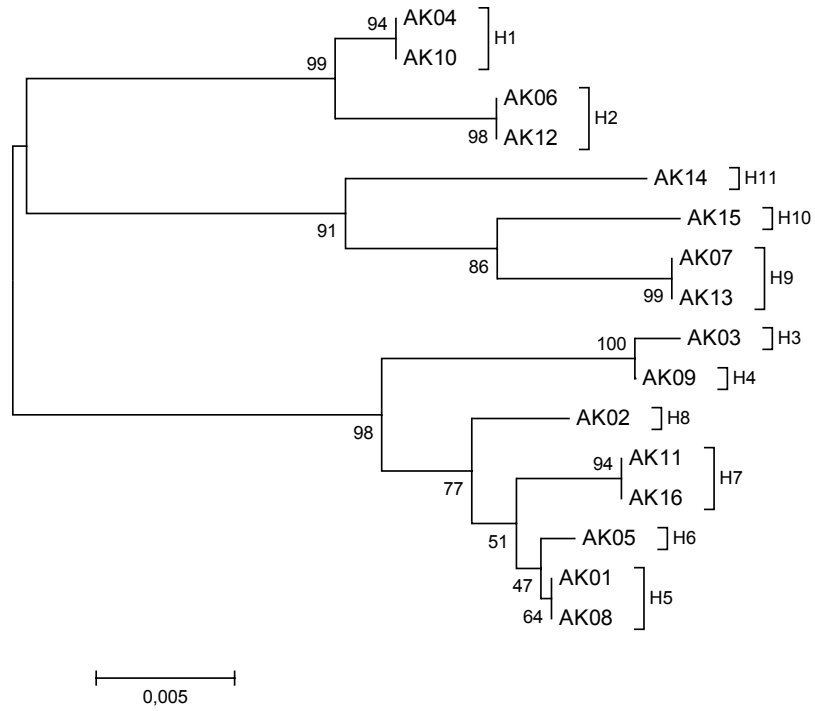
Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunlarında D-loop bölgelerinin dizisi belirlenmiştir. Evcil koyunlarda 1180 bp uzunluğunda bulunan D-loop bölgesinin, D-loop bölgesi primerleri ile 1094 bp'lik kısmı çoğaltılmıştır. Gen dizi analizleri ve düzenlemeler sonucunda tüm örnekler için 629 bp'lik dizi bilgisi elde edilmiştir. Akkaraman ve İvesi Koyunlarında gen dizi bilgileri analiz edilerek DNA polimorfizm özellikleri belirlenmiştir (Çizelge 4.23). Akkaraman koyunlarında, D-loop bölgesinde 50 polimorfik bölge ve 11 haplotip tespit edilmiştir (. Akkaraman koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.958 ± 0.009 ve 0.02936 ± 0.00077 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise 58 polimorfik bölge ve 16 haplotip tespit edilmiştir. İvesi koyunlarında, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 1.000 ± 0.0055 ve 0.03068 ± 0.00054 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.23 incelendiğinde, D-loop bölgesine göre haplotip sayısı, haplotip ve nükleotid farklılığı bakımından İvesilerin, Akkaramanlara nazaran biraz yüksek olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.23. Koyunlarda D-loop bölgesine göre DNA polimorfizmi

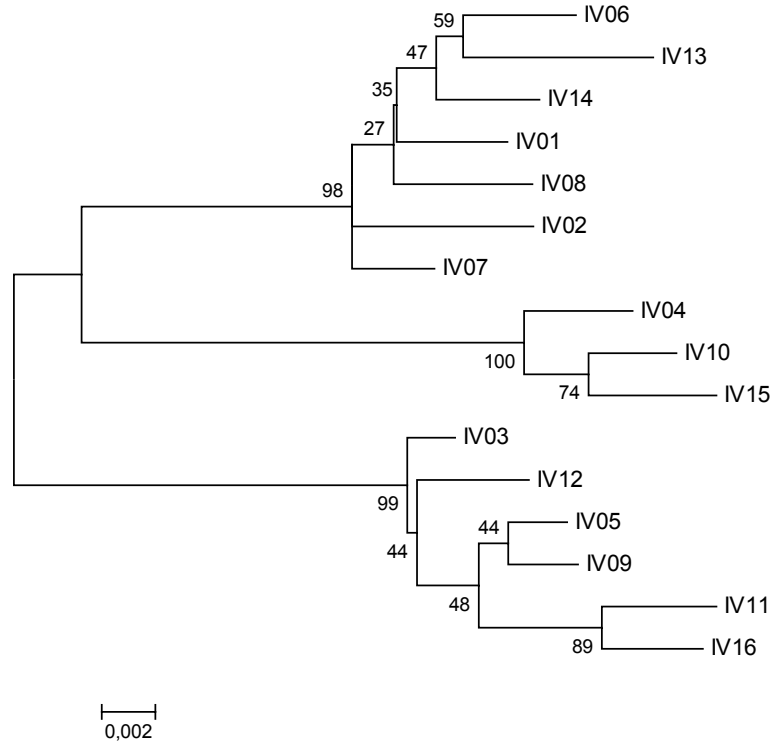
DNA Polimorfizmi	Akkaraman	Ivesi	Genel
Toplam bölge sayısı	629	629	629
G+C	0.382	0.387	0.385
Polimorfik bölge sayısı (S)	50	58	70
Haplotip sayısı (h)	11	16	27
Haplotip farklılığı Hd:	0.958 ± 0.009	1.000 ± 0.0055	0.990 ± 0.002
Nükleotid farklılığı	0.02936 ± 0.00077	0.03068 ± 0.00054	0.03051 ± 0.0021
Ort. nükleotid farklılığı sayısı (k)	18.40833	19.14167	19.03831
Tajima'nın D test istatistiği	0.93882	0.32602	0.29900

Akkaraman koyunlarında, D-loop bölgesine göre oluşturulan UPGMA ağacında (Şekil 4.32), H1 (AK04, AK10) ve H2 (AK06, AK12) haplotipleri birlikte (%99 bootstrap değeri), H9 (AK07, AK13) ve H10 (AK15) ile H11 (AK14) haplotipleri birlikte ((%91 bootstrap değeri), diğer H3 (AK03), H4 (AK09), H8 (AK02), H7 (AK11, AK16), H6 (AK05) ve H5 (AK01, AK08) haplotipleri birlikte ((%98 bootstrap değeri) küme oluşturarak birbirlerinde ayrılmışlardır.



Şekil 4.32. Akkaraman koyunlarında D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı

İvesi koyunlarında, D-loop bölgesine göre oluşturulan UPGMA ağacında (Şekil 4.33), IV06, IV13, IV14, IV01, IV08, IV02 ve IV07 haplotipleri birlikte (%98 bootstrap değeri), IV04, IV10 ve IV15 haplotipleri birlikte (%100 bootstrap değeri), diğer IV03, IV12, IV05, IV09, IV11 ve IV16 haplotipleri birlikte (%99 bootstrap değeri) küme oluşturarak birbirlerinde ayrılmışlardır.



Şekil 4.33. İvesilerde D-loop bölgesine göre UPGMA ağacı

Akkaraman ve İvesi koyunları D-loop gen dizileri birlikte deęerlendirildięinde 75 polimorfik blge ve 27 haplotip tespit edilmiŐtir (Çizelge 4.24). Koyunlarda, haplotip ve nkleotid faklılıęı deęerleri sırasıyla, 0.990 ± 0.002 ve 0.03051 ± 0.0021 olarak bulunmuŐtur. Çizelge 4.24 incelendięinde, belirlenen 75 polimorfik blgede mutasyonlar, nkleotid yer deęiŐtirmeler (73 transisyon) ve insersiyon (2) Őeklindedir.

Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00160-0.04678 (Çizelge 4.25) arasında, İvesilerde ise 0.00808-0.05252 (Çizelge 4.26). olarak hesaplanmıŐtır ve Haplotipler arasında D-loop blgesi bakımından geniŐ varyasyon olduęu grlmŐtr.

Bununla beraber, koyunlarda D-loop gen blgesine gre filogenetik aęaęların oluŐturulmasında, geniŐ DNA polimorfizm zelliklerinin grlmesi ve haplotipler arasındaki genetik uzaklıkların yksek olması nedeni ile burada N-J yntemi kullanılmıŐtır.

Çizelge 4.25. Akkaraman haplotipleri arasında D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar (K2P+ Γ model, $\alpha=0.28$)

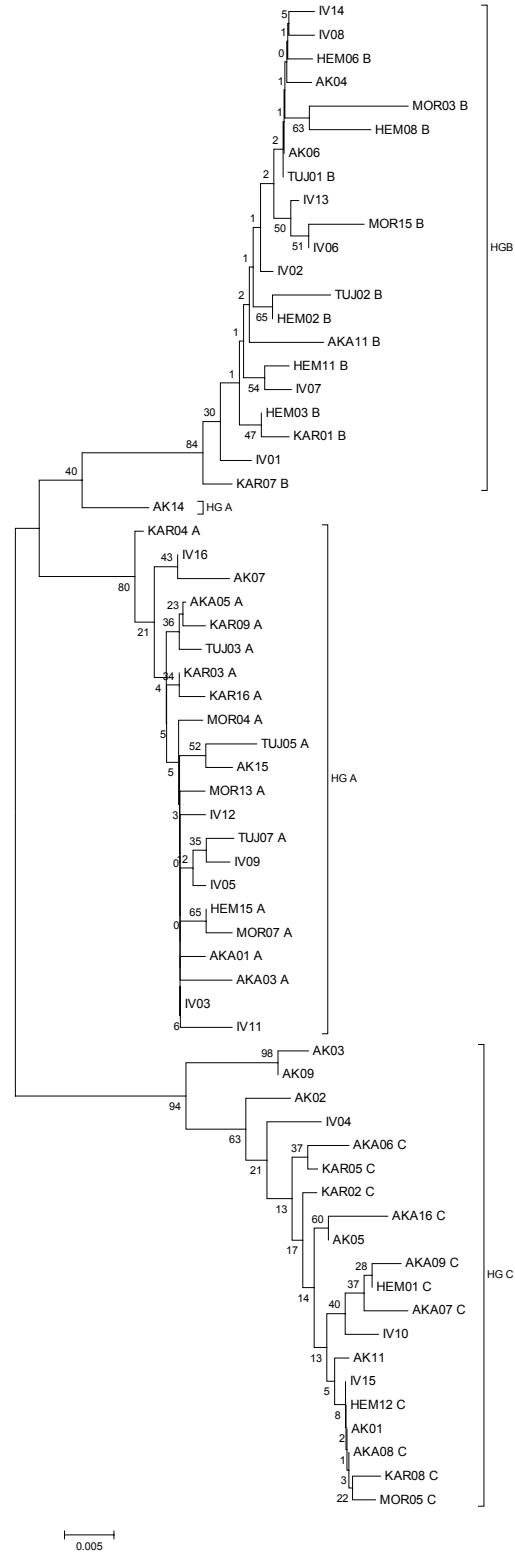
Haplotipler	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10
H1	*									
H2	0.00804	*								
H3	0.04155	0.04329	*							
H4	0.03982	0.04155	0.00160	*						
H5	0.03467	0.03982	0.01621	0.01456	*					
H6	0.03296	0.03810	0.01456	0.01292	0.00160	*				
H7	0.03296	0.03810	0.02118	0.01951	0.00481	0.00642	*			
H8	0.03126	0.03296	0.01951	0.01786	0.00642	0.00804	0.00804	*		
H9	0.04329	0.04503	0.04155	0.03982	0.04155	0.03982	0.04678	0.04503	*	
H10	0.04329	0.04503	0.04503	0.04329	0.04155	0.04329	0.04678	0.04155	0.01292	*
H11	0.03126	0.03296	0.04678	0.04503	0.04678	0.04503	0.04853	0.04329	0.02451	0.02118

Çizelge 4.26. İvesi haplotipleri arasında D-loop bölgesine göre genetik uzaklıklar (K2P+ Γ model, $\alpha=0.28$)

	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15
H1	*														
H2	0.01135	*													
H3	0.00808	0.01299	*												
H4	0.01135	0.01299	0.00971	*											
H5	0.01135	0.01629	0.00971	0.00971	*										
H6	0.01464	0.01961	0.01299	0.01299	0.01299	*									
H7	0.00971	0.01464	0.00808	0.01135	0.00808	0.01135	*								
H8	0.03829	0.04002	0.04002	0.04002	0.04002	0.04351	0.03829	*							
H9	0.04351	0.04526	0.04176	0.03829	0.03829	0.04526	0.04002	0.00808	*						
H10	0.03650	0.03823	0.03478	0.03478	0.03478	0.03823	0.03307	0.01133	0.00970	*					
H11	0.04169	0.04343	0.03996	0.03650	0.03996	0.03996	0.03478	0.04694	0.04870	0.04862	*				
H12	0.04002	0.04526	0.03829	0.03829	0.03829	0.03829	0.03312	0.04878	0.05055	0.05046	0.00483	*			
H13	0.05055	0.05232	0.04878	0.04526	0.04878	0.03829	0.04351	0.04878	0.05055	0.05046	0.01133	0.01299	*		
H14	0.04878	0.05055	0.04701	0.04701	0.04701	0.04002	0.04176	0.04701	0.04878	0.04870	0.01297	0.01135	0.00808	*	
H15	0.03829	0.04002	0.03656	0.03312	0.03656	0.03656	0.03142	0.04002	0.04176	0.04169	0.00644	0.00808	0.01135	0.01299	*
H16	0.04176	0.04351	0.04002	0.03656	0.04002	0.04002	0.03484	0.04002	0.04176	0.04169	0.00807	0.01135	0.01464	0.01629	0.00971

Önceki çalışmalarda, koyunlar Avrupa (A) ve Asya tipleri (B) olarak iki büyük gruba ayrılmıştır (Hiendleder ve ark, 1998). Daha sonra, Guo ve ark. (2005), Çin yerli koyun ırklarında, Pedrosa ve ark. (2005) Türkiye yerli koyunlarında (Akkaraman, Karayaka, Hemşin, Morkaraman ve Tuj) üçüncü bir soyun (C) varlığını tespit etmişlerdir. Bununla birlikte Pereira ve ark. (2006), Portekiz yerli koyunlarında düşük frekansta C soyunun bulunduğunu bildirmişlerdir.

Pedrosa ve ark. (2005)'nin belirledikleri A, B, ve C haplogruplarını içeren koyunlara ait diziler referans alınarak, bu çalışmada belirlenen haplotiplerin (27 haplotip) D-loop bölgesi dizileri ile birlikte değerlendirilerek, Akkaraman ve İvesi koyun haplotiplerinin haplogruplara veya soylara dağılımını belirlenmiştir. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile A, B, ve C soylarına ait dizilerle birlikte oluşturulan N-J ağacı Şekil 4.34'te verilmiştir. Şekil 4.34'deki filogenetik ağaç incelendiğinde, bu çalışmadaki 27 haplotipten, 9'u B soyunda (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01; %84 bootstrap değeri), 8'i A soyunda (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, %80 bootstrap değeri), 7'si C soyunda (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01, %63 bootstrap değeri) yer almıştır. AK03 ve AK09 ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır (%98 bootstrap değeri) ve sadece C grubu ile yakınlaşmıştır (%94 bootstrap değeri). AK14 koyunu filogenetik ağaçta A grubuna yakınlaşmıştır fakat bootstrap değeri düşüktür (%40). Bu çalışmada belirlenen bazı haplotiplerin, Pedrosa ve ark. (2005) tarafından belirlenen haplogruplara dağıldıkları gözlenmiştir.



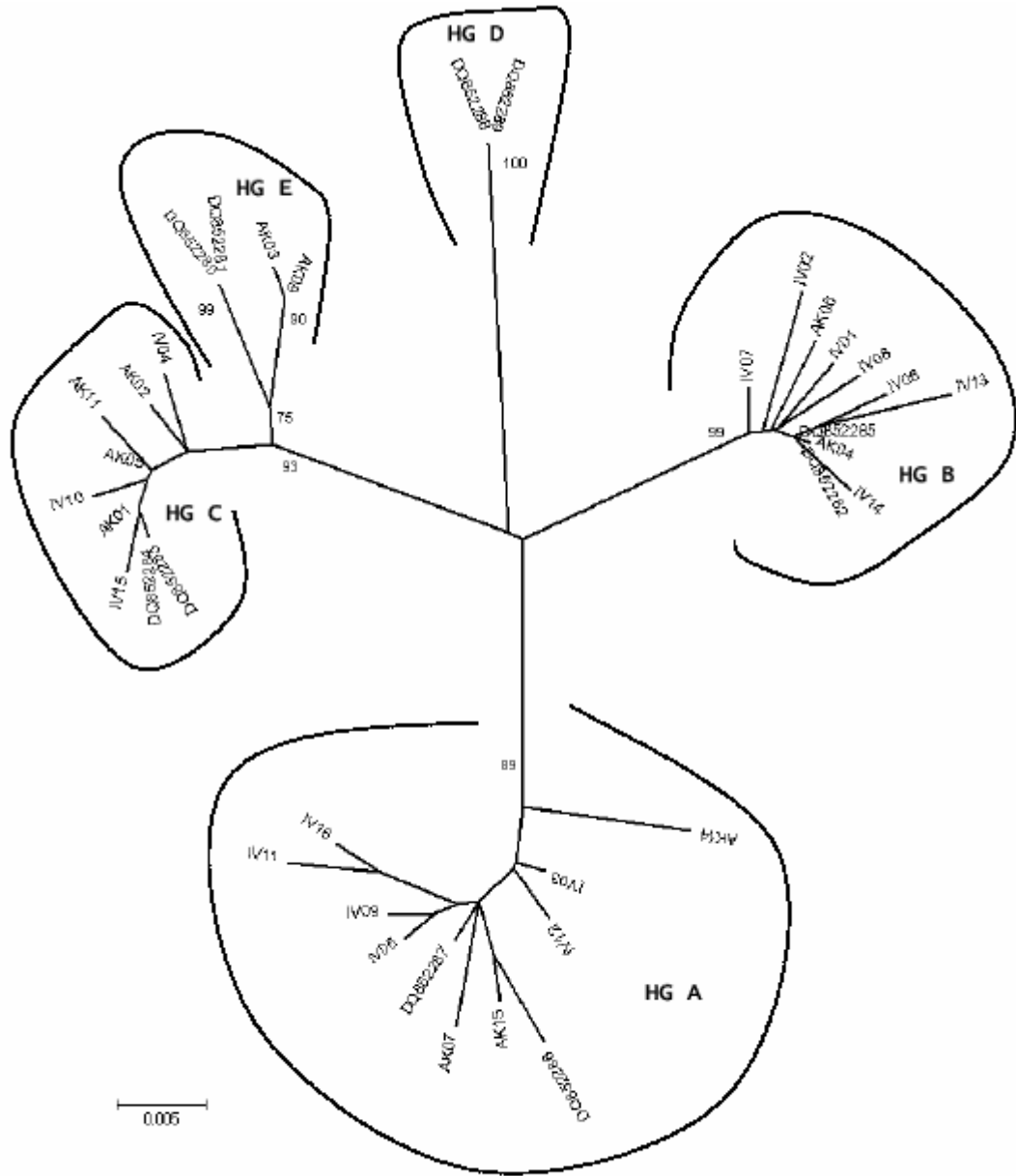
Şekil 4.34. D-loop bölgesine göre haplogruplar (Pedrosa ve ark., 2005+Bu çalışma)

Pedrosa ve ark. (2005)'nın evcil koyunlarda belirledikleri A, B ve C soylarına ilaveten, Tapio ve ark. (2006) Kuzey Kafkasya Karachai koyunlarında bu belirtilen üç soydan ayrılan dördüncü bir maternal soyun (D soyu) varlığı tespit etmişlerdir. Son olarak, Meadows ve ark. (2007), ilk kez beşinci soy olarak E soyunun varlığı'nı Türkiye Tuj ve İvesi koyun ırklarında tespit etmişlerdir. Meadows ve ark. (2007) Türkiye yerli koyun ırklarını içeren evcil koyunlarda A, B, C, D, E haplogrupları belirlemişlerdir. Bu koyun haplogruplarına ait diziler referans alınarak, bu çalışmada belirlenen haplotiplerin (27 haplotip) D-loop bölgesi dizileri ile birlikte değerlendirilerek, Akkaraman ve İvesi koyun haplotiplerinin haplogruplara veya soylara dağılımını güncel olarak belirlenmiştir. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile A, B, C, D, ve E soylarına ait dizilerle (Meadows ve ark., 2007) birlikte oluşturulan N-J ağaçları bootstrap değerlerinin net görüntülenmesi amacıyla köke sahip model ile Şekil 4.35'te ve anlamlı görüntüleme için köksüz model ile Şekil 36'da verilmiştir.

Şekil 4.35 ve Şekil 4.36'daki filogenetik ağaçlar incelendiğinde, bu çalışmadaki 27 haplotipten, 9'u B soyunda (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01; %99 bootstrap değeri), 9'u A soyunda (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14, %88 bootstrap değeri), 7'si C soyunda (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01, %41/99 bootstrap değeri) yer almıştır. AK03 ve AK09 ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır (%90 bootstrap değeri) ve sadece E grubu ile yakınlaşmıştır (%73 bootstrap değeri). Benzer şekilde AK14 koyunu filogenetik ağaçta A grubuna yakınlaşmıştır (%88 bootstrap değeri). Bu çalışmada belirlenen haplotiplerin, Meadows ve ark. (2005) tarafından belirlenen haplogruplara dağıldıkları gözlenmiştir.



Şekil 4.35. D-loop bölgesine göre haplogrupları içeren filogenetik ağaç
(Meadows ve ark., 2005+Bu çalışma)



Şekil 4.36. D-loop bölgesine göre haplogrupları içeren köksüz filogenetik ağaç
(Meadows ve ark., 2005+Bu çalışma)

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Bu çalışmada, Şanlıurfa yöresindeki küçükbaş hayvanların filogenetik yapıları moleküler tekniklerle belirlenmiştir. Çalışmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçi ırkları oluşturmuştur. Koyun ve keçilerden genomik DNA izolasyonu için kıl örnekleri toplanmış ve tüm örneklerden genomik DNA izole edilmiştir. Koyun ve keçi DNA örneklerinde mitokondriyal D-loop bölgesi, 12S rRNA ve Sitokrom b (*Cyt b*) gen bölgelerini çoğaltmak için gerekli ileri ve geri primerler tasarlanmıştır. Koyun ve keçi 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmıştır. PZR ürünlerinin gen dizi bilgileri elde edilmiştir. Gen dizi bilgilerine göre her bir ırktan 16 hayvana ait 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop için dizi veri setleri oluşturulmuştur. Populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d), nükleotid farklılığı (π), ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri hesaplanmıştır.

Koyun ve keçilerde filogenetik yapılarının araştırılmasında 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerindeki DNA polimorfizmine göre filogenetik analizler yapılmıştır. Temel filogenetik analizler; her bir ırkta (Akkaraman, İvesi, Kıl, Kilis) her bir gen bölgesi (12S, *Cyt b*, D-loop) bakımından genetik ilişkileri göstermek ve haplotipleri belirlemek amacıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) yöntemine göre ve Kimura-2-parametre model kullanılarak yapılmıştır. Daha sonra, koyunlarda ve keçilerde her bir gen bölgesi bakımından ileri filogenetik analizler Neighbour-Joining (NJ) yöntemi ve Kimura-2-parametre+Gamma dağılışı (K2P+ Γ) modeli kullanılarak yapılmıştır. Nodların (ağaç kolları) güvenilirliğinin test edilmesinde Bootstrap testi (1000 tekrarlı) kullanılmıştır.

Kıl keçilerinde 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 412, 0.422, 6, 7, 0.792 ± 0.0287 , 0.00273 ± 0.00018 , 1.125 ve -1,29330 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 412, 0.421, 3, 4, 0.642 ± 0.0405 , 0.00188 ± 0.00019 , 0.775 ve -0,41395 olarak bulunmuştur. Keçilerde genel olarak bu değerler sırasıyla, 412, 0.421, 7, 9, 0.706 ± 0.019 , 0.00226 ± 0.00011 , 0.932 ve -1,35054 olarak bulunmuştur. Kıl keçisi ve Kilis keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00243-0.00734 arasında hesaplanmıştır. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, 12S rRNA genine göre keçi haplotiplerinin filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan ayrıldığı görülmüştür (%62).

Kıl keçilerinde sitokrom b (*Cyt b*) gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 653, 0.425, 7, 5, 0.450 ± 0.0675 , 0.00134 ± 0.00037 , 0.87500 ve -2.06208 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 653, 0.423, 2, 2, 0.125 ± 0.0749 , 0.00038 ± 0.00022 , 0.25000 ve -1.49796 olarak bulunmuştur. Keçilerde genel olarak bu değerler sırasıyla, 653, 0.429, 4, 4, 0.236 ± 0.0485 , 0.00061 ± 0.000135 , 0.37 ev -1.59 olarak bulunmuştur. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıkların 0.00153-0.00772 arasında, Kilis keçilerinde ise haplotipler arasında genetik uzaklık değeri 0.00303 olarak hesaplanmıştır. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, *Cyt b* genine göre keçi haplotiplerinin filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan tamamen ayrıldığı görülmüştür (%100).

Kıl keçilerinde D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 585, 0.389, 55, 15, 0.992 ± 0.0060 , 0.01925 ± 0.0009 , 11.25833 ve -1.41546 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 586, 0.391, 48, 16, 1.000 ± 0.0055 , 0.01755 ± 0.0008 , 10.28333 ve -1.22268 olarak

bulunmuştur. Keçilerde genel olarak bu değerler sırasıyla, 585, 0.389, 65, 31, 0.998 ± 0.0014 , 0.01855 ± 0.0004 , 10.85282 ve -1.26080 olarak bulunmuştur. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00515-0.04655 arasında, Kilis keçilerinde ise 0.00171-0.04834 arasında hesaplanmıştır. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, KL05/KS16 (%99), KL12/KS15 (%98), KS02/KS06 (%61) ve KL01/KS07 (%89) haplotiplerin birlikte kümelendiği görülmüştür. Diğer haplotipler arasında bootstrap test değerleri düşük olduğundan (<%50) tam bir kümelene görülmemiştir. Bu çalışmadaki haplotip dizileri ve 22 referans dizi (A, B, C, D, F ve G soyları için) ile birlikte oluşturulan Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, 31 haplotipin, 29'u A soyunda (%83), 2'si (KL05 ve KS16) G soyunda (%95) yer almıştır. Bununla beraber Kıl ve Kilis keçilerinde G soyunun varlığı ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. Keçi haplogruplarında; Haplogrup A için, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı sırasıyla, 53, 29, 0.998, 0.390 ve 0.01523, Haplogrup G için bu değerler sırasıyla, 2, 1, 2, 1.000, 0.388 ve 0.00171 olarak bulunmuştur. Kıl ve Kilis keçilerinin haplogruplara dağılımı ise sırasıyla HG A %93.75, HG G %6.25'dir. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, HG A, HG B1, HG B2, HG D ve HG G evcil keçileri birlikte yer alarak (%93) diğer HG C, HG F ve yabancı türlerden ayrılmıştır.

Akkaraman koyunlarında 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 716, 0.404, 5, 5, 0.725 ± 0.044 , 0.00208 ± 0.00016 , 1.492 ve -0.03316 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 716, 0.404, 4, 5, 0.750 ± 0.035 , 0.00212 ± 0.00012 , 1.517 ve 0.80766 olarak bulunmuştur. Koyunlarda genel olarak bu değerler sırasıyla, 716, 0.404, 6, 7, 0.724 ± 0.023 , 0.00209 ± 0.00008 , 1.494 ve 0.00773 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00140-0.00562, İvesi haplotipleri arasında 0.00140-0.00421 olarak hesaplanmıştır. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, 12S rRNA genine göre koyun haplotiplerinin filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan ayrıldığı görülmüştür (%60).

Akkaraman koyunlarında sitokrom b (*Cyt b*) gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 578, 0.439, 16, 11, 0.908±0.0190, 0.00823±0.00039, 4.75833 ve -0.05194 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 535, 0.441, 12, 8, 0.825±0.0268, 0.00701±0.00052, 3.75 ve 0.14114 olarak bulunmuştur. Koyunlarda genel olarak bu değerler sırasıyla, 518, 0.444, 18, 16, 0.857±0.0127, 0.00764±0.00026, 3.95968 ve -0.38804 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00173-0.01940, İvesi haplotipleri arasında ise 0.00187-0.0210 arasında hesaplanmıştır. Neighbor-Joining filogenetik ağaçta, 12S rRNA genine göre koyun haplotiplerinin filogenetik ilişkiler bakımından yabancı ırklardan ayrıldığı görülmüştür (%60). Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan neighbor-Joining filogenetik ağaçta, bu çalışmadaki 16 haplotipten, 6'sı B soyunda (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05; %87 bootstrap değeri), 1'i A soyunda (IV12, %50 bootstrap değeri), 1'i E soyunda (AK04, %67 bootstrap değeri) 5'i C soyunda (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, IV03; %47 bootstrap değeri) yer almış, AK06 ve IV13 farklı kümelenmiştir.

Akkaraman koyunlarında D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 629, 0.382, 50, 11, 0.958±0.009, 0.02936±0.00077, 18.40833 ve 0.93882 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 629, 0,387, 58, 16, 1,000±0.0055, 0.03068±0.00054, 19.14167 ve 0.32602 olarak bulunmuştur. Koyunlarda genel olarak bu değerler sırasıyla, 629, 0.385, 70, 27, 0.990±0.002, 0.03051±0.0021, 19.03831 ve 0.29900 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00160-0.04678 arasında, İvesilerde ise 0.00808-0.05252 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan neighbor-Joining filogenetik ağaçta, bu çalışmadaki 27 haplotipten, 9'u B soyunda (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01; %99 bootstrap değeri), 9'u A

soyunda (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14, %88 bootstrap değeri), 7'si C soyunda (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01, %41/99 bootstrap değeri) yer almıştır. AK03 ve AK09 ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır (%90 bootstrap değeri) ve sadece E grubu ile yakınlaşmıştır (%73 bootstrap değeri). Benzer şekilde AK14 koyunu filogenetik ağaçta A grubuna yakınlaşmıştır (%88 bootstrap değeri).

Sonuç olarak, Şanlıurfa yöresi Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçilerinde; 12S rRNA, Sitokrom b, D-loop bölgesi gen dizileri belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerine göre Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçilerinde mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylarını), haplotipler ve yabani türler arasında filogenetik ilişkiler belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerinin Gen Bankasında (NCBI) depolanması ile koyun ve keçiler üzerinde yapılan filogenetik çalışmalara katkı sağlaması beklenmektedir. Ayrıca, çalışma sonuçlarının genetik polimorfizm, biyoçeşitlilik ve hayvan ıslahı çalışmaları ile ulusal gen koruma stratejilerine katkı sağlaması düşünülmektedir.

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

KAYNAKLAR

- AMILLS, M., CAPOTE, J., TOMAS, A., KELLY, L., OBEXER-RUFF, G., ANGIOLILLO, A., SANCHEZ, A. 2004. Strong Phylogeographic Relationships among Three Goat Breeds from The Canary Islands. *J Dairy Res.*,71(3):257-262.
- AMILLS, M., RAMÍREZ, O., TOMÀS, A., BADAOU, B., MARMI, J., ACOSTA, J., SANCHEZ, A., and CAPOTE, J., 2009. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. *Animal Genetics*, 40(3):315-322.
- AZOR, P.J., MONTEAGUDO, L.V., LUQUE, M., TEJEDOR, M.T., RODERO, E., SIERRA, I, HERRERA, M., RODERO, A., ARRUGA, M.V. 2005. Phylogenetic relationships among Spanish goats breeds. *Anim. Genet.*, 36(5):423-425.
- BRADLEY, D.G., MACHUGH, D.E., CUNNINGHAM, P., LOFTUS, R.T. 1996. Mitochondrial Diversity and The Origins of African and European Cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 93(10):5131-5.
- BUNCH, T, D., C, WU., Y.-P, ZHANG AND S, WANG. 2006. Phylogenetic Analysis of Snow Sheep (*Ovis nivicola*) and Closely Related Taxa. *Journal of Heredity* 97(1):21–30.
- CHEN, SY., SU ,YH., WU, SF., SHA, T., ZHANG, YP. 2005. Mitochondrial Diversity and Phylogeographic Structure of Chinese Domestic Goats. *Mol Phylogenet. Evol.*, 37(3):804-814.
- CHEN, S., FAN, B., LIU, B., YU, M., ZHAO, S., ZHU, M., XIONG, T., LI, K. 2006a. Genetic variations of 13 indigenous Chinese goat breeds based on cytochrome b gene sequences. *Biochem. Genet.*, 44(3-4):89-99.
- CHEN, S.Y., DUAN, Z.Y., .SHA, T., XIANGYU, J., WU, S.F., ZHANG, Y.P. 2006. Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene*, 19;376(2):216-223..
- CINKULOV, M., POPOVSKI, Z., PORCU, K., TANASKOVSKA, B., HODZIĆ, A., BYTYQI, H., MEHMETI, H., MARGETA, V., DJEDOVIĆ, R., HODA, A., TRAILOVIĆ, R., BRKA, M., MARKOVIĆ, B., VAZIĆ, B., VEGARA, M., OLSAKER, I., KANTANEN, J. 2008. Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125(6):417-426.
- DEMİRSOY, A., 1992. Omurgalılar (Yaşamın Temel Kuralları), Cilt III/Kısım II, METEKSAN Yayınları, Ankara.
- DIAMOND, J. 2002. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418:700-707.
- DİE, 2002. Tarımsal Yapı (Üretim, Fiyat, Değer)
- EXCOFFIER, L., LAVAL, G., SCHNEIDER, S. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, Online 1: 47-50.
- FAN, B. CHEN, S.L., KIJAS, J.H., LIU, B, YU, M., ZHAO, S.H., ZHU, M.J., XIONG , T.A., LI, K. Phylogenetic relationships among Chinese indigenous goat breeds inferred from mitochondrial control region sequence. *Small Ruminant Research*, Volume 73, Issues 1-3, November 2007, Pages 262-266

- FAO, 2005. FaoStat: Statistics Database, www.fao.org
- FELSENSTEIN, J. 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *Journal of Molecular Evolution*, 17, 368–376.
- FERNÁNDEZ, H., HUGHES, S., VIGNE, J.D., HELMER, D., HODGINS, G., MIQUEL, C., HÄNNI, C., LUIKART, G., TABERLET, P. 2006. Divergent mtDNA lineages of goats in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 103(42):15375-15379.
- GALAL, S. 2005. Biodiversity in Goats. *Small Rum. Res.* 60:75-81.
- GATESY, J., YELON, D., DESALLE, R., VRBA, E.S. 1992. Phylogeny of the Bovidae (Artiodactyla, Mammalia), based on mitochondrial ribosomal DNA sequences. *Molecular biology and evolution*, 9(3):433-446
- GUO, J., DU, L.X., MA, Y.H., GUAN, W.J., LI, H.B., ZHAO, Q.J., LI, X., RAO, S.Q., 2005. A novel Maternal Lineage Revealed in Sheep (*Ovis Aries*). *Anim Genet.*, 36(4):331-336.
- HASEGAWA, M., KISHINO, H., YANO, T. 1985. Dating of human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22: 160–174.
- HAO, R.C., ZAN, L.S., LIU, C.S., WANG, Z.G., ZHANG, G.X., HAN, X., HAO, H.Z., WANG, J., DU, X.Y. 2008. [Genetic diversity and origin of mitochondrial DNA D-loop region for some domestic goat breeds of China]. *Yi Chuan.*, 30(9):1187-94. Chinese.
- HIENDLEDER, S., LEWALSKI, H., WASSMUTH, R., KE, A. 1998a. The Complete Mitochondrial DNA Sequence of The Domestic Sheep (*Ovis Aries*) and Comparison With The Other Major Ovine Haplotype. *J Mol Evol.* a 47(4):441-448.
- HIENDLEDER, S., MAINZ, K., PLANTE, Y., LEWALSKI, H. 1998b. Analysis of Mitochondrial DNA indicates That Domestic Sheep Are Derived from Two Different Ancestral Maternal Sources: No Evidence for Contributions from Urial and Argali Sheep. *J Hered.* b Mar-,89(2):113-120.
- HIENDLEDER, S., PHUA, SH., HECHT, W. 1999. A Diagnostic Assay Discriminating Between Two Major *Ovis Aries* Mitochondrial DNA Haplogroups. *Anim Genet.* ,30(3):211-213.
- HIENDLEDER, S., KAUPE, B., WASSMUT, R., AND JANKE, A. 2002. Molecular Analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. Lond.* 269:893-904.
- IVANKOVIĆ, A., DOVČ, P., KAVAR, T., CAPUT, P., MIOČ, B., PAVIĆ, V., ŠTUHEC, V., LETO, J. 2005. Genetic characterisation of the Pag island sheep breed based on microsatellite and mtDNA data *Small Ruminant Research*, Volume 57, Issue 2, Pages 167-174.
- JOSHI, M.B., ROUT, P.K., MANDAL, A.K., TYLER-SMITH, C., SINGH, L., THANGARAJ, K. 2004. Phylogeography and Origin of Indian Domestic Goats. *Mol. Biol. Evol.*, 21(3):454-462.
- JUKES, T. H., CANTOR, C. 1969. *Mammalian Protein Metabolism*, chapter Evolution of protein molecules, pages 21-132. Academic Press, New York, 1969.
- KAYMAKÇI, M., AŞKIN, Y. 1997. Keçi Yetiştiriciliği. Ankara.

- KIMURA, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16:111-120.
- LI, X.L., GONG, Y.F., LIU, Z.Z., ZHENG, G.R., ZHOU, R.Y., JIN, X.M., LI, L.H., WANG, H.L. 2006a. Study on tandem repeat sequence variation in sheep mtDNA D-loop region. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(12):1087-1095.
- LI, X.L., ZHANG, ZL., GONG, YF., LIU, ZZ., JIA, Q., WANG, LZ. 2006b. [Study on MtDNA D-Loop of Chinese Main indigenous Sheep Breeds using PCR-RFLP] *Yi Chuan*. ,28(2):165-170. Chinese.
- LIBRADO, P., ROZAS, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452.
- LIU, R.Y., YANG, G.S., LEI, C.Z. 2006. The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(5):420-428.
- LIU, Y.P., CAO, S.X., CHEN, S.Y., YAO, Y.G., LIU, T.Z. 2009. Genetic diversity of Chinese domestic goat based on the mitochondrial DNA sequence variation. *J. Anim Breed Genet.*, 126(1):80-89.
- LOFTUS, R. T., MACHUGH, D. E., BRADLEY, D. G., SHARP, P. M., CUNNINGHAM, P. 1994. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 91:2757-2761.
- LUIKART, G., GIELLY, L., EXCOFFIER, L., VIGNE, JD., BOUVET, J., TABERLET, P. 2001. Multiple Maternal Origins and Weak Phylogeographic Structure in Domestic Goats. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 98(10):5927-5932.
- LUO, YZ., CHENG, SR., BATSUURI, L., BADAMDORJ, D., OLIVIER, H., HAN, JL. 2005. Origin and Genetic Diversity of Mongolian and Chinese Sheep using Mitochondrial DNA D-Loop Sequences. *Yi Chuan Xue Bao*.,32(12):1256-1265. Chinese.
- MACHUGH, D.E., BRADLEY, D.G. 2001. Livestock Genetic Origins: Goats Buck The Trend. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 98(10):5382-5384.
- MANCEAU, V., DESPRES, L., BOUVET, J., TABERLET, P. 1999. Systematics of The Genus *Capra* inferred from Mitochondrial DNA Sequence Data. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 13(3):504-510.
- MANNEN, H., NAGATA, Y., TSUJI, S. 2001. Mitochondrial DNA Reveal That Domestic Goat (*Capra Hircus*) Are Genetically Affected By Two Subspecies of Bezoar (*Capra Aegagurus*). *Biochem Genet.*, 39(5-6):145-54.
- MEADOWS, J.R., LI, K., KANTANEN, J., TAPIO, M., SIPOS, W., PARDESHI, V., GUPTA, V., CALVO, JH., WHAN, V., NORRIS, B., KIJAS, JW. 2005. Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *J Hered.*,96(5):494-501.
- MEADOWS, J.R., CEMAL, I., KARACA, O., GOOTWINE, E., KIJAS, J.W. 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175(3):1371-1379.
- NADERI, S., REZAEI, H.R., TABERLET, P., ZUNDEL, S., RAFAT, S.A., NAGHASH, HR., EL-BARODY, M.A., ERTUGRUL, O., POMPANON, F., 2007. Econogene Consortium. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS ONE*, 2(10):e1012.
- NADERI, S., REZAEI, H.R., POMPANON, F., BLUM, M.G.B., NEGRINI, R., NAGHASH, H.R., BALKIZ, O., MASHKOUR, M., GAGGIOTTI O. E.,

- AJMONE-MARSAN, P., KENCE, A., VIGNE, J.D., TABERLET, P. 2008. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *PNAS* 105 (46): 17659–17664.
- NEI, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- NEI, M., KUMAR, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford.
- ÖZCAN, L. 1997. Küçükbaş Hayvan Yetiştirme II (Koyun ve Yapağı Üretimi). Ç.Ü. Ziraat Fak. Yay. No: 106. Adana.
- PAIVA, S.R., FARIÑA, D.A., SILVÉRIO, V.C., MCMANUS, C., EGITO, A.A., DERGAM, J.A., GUIMARÃES, S.E.F., CASTRO, S.R., ALBUQUERQUE, M.S.M., MARIANTE, A.S. 2005. Phylogenetic Relationships among Brazilian Sheep Breeds. The Role of Biotechnology. Villa Gualino, Turin, Italy, 5-7 March, 2005.
- PARDESHI, V.C., KADDOO, N.Y., SAINANI, M.N., MEADOWS, J.R., KIJAS, J.W., GUPTA, V.S. 2007. Mitochondrial haplotypes reveal a strong genetic structure for three Indian sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38(5):460-466.
- PARMA, P., FELIGINI, M., GREPPI, G., ENNE, G. 2003. The Complete Nucleotide Sequence of Goat (*Capra Hircus*) Mitochondrial Genome. *Goat Mitochondrial Genome.DNA Seq.*, 14(3):199-203.
- PEDROSA, S., UZUN, M., ARRANZ, J.J., GUTIERREZ-GIL, B., SAN PRIMITIVO, F., BAYON, Y. 2005. Evidence of Three Maternal Lineages in Near Eastern Sheep Supporting Multiple Domestication Events. *Proc. Biol. Sci.*, 22, 272(1577):2211-2217.
- PEDROSA, S., ARRANZ, J.J., BRITO, N., MOLINA, A., SAN PRIMITIVO, F., BAYÓN, Y. 2007. Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genet. Sel. Evol.*, 39(1):91-103.
- PEREIRA, F., PEREIRA, L., VAN, ASCH, B., BRADLEY, D.G., AMORIM, A. 2005. The MtDNA Catalogue of All Portuguese Autochthonous Goat (*Capra Hircus*) Breeds: High Diversity of Female Lineages at The Western Fringe of European Distribution. *Mol Ecol.*, 14(8):2313-2318.
- PEREIRA, F., DAVIS, S.J., PEREIRA, L., MCEVOY, B., BRADLEY, D.G., AMORIM, A. 2006. Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Mol. Biol. Evol.*, 23(7):1420-1426.
- PIDANCIER, N., JORDAN, S., LUIKART, G., TABERLET, P. 2006. Evolutionary history of the genus *Capra* (Mammalia, Artiodactyla): Discordance between mitochondrial DNA and Y-chromosome phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40(3):739-749.
- POSADA, D., CRANDALL, K.A. 2001. Selecting the best-fit model of nucleotide substitution. *Systematic Biology*, 50: 580-601.
- RYDER, M.L. 1984. Sheep. In: *Evolution of Domesticated Animals* (IL Mason, ed), Longman, London, 63-85
- SAITOU, N., NEI, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
- SAMBROOK, J., FRITSCH, E. F., MANIATIS, T. 1989. *Molecular cloning: A laboratory manual* (2nd ed.), 3 vol., Cold-Spring Harbor, New York.
- SARDINA, M.T., BALLESTER, M., MARMÍ, J., FINOCCHIARO, R., VAN

- KAAM, J.B., PORTOLANO, B., FOLCH, J.M. 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Anim. Genet.*, 37(4):376-378.
- SHACKLETON, D. M. 1997. Wild Sheep and Goats and their Relatives: Status Survey and Conservation Action Plan for Caprinae. IUCN, Gland, Switzerland.
- SOYSAL, M.İ., GÜRCAN E.K., ÖZKAN, E. 2003a. Dünya’da ve Türkiye’de Çiftlik Hayvanları Genetik Çeşitliliğinin Korunması Sorunu GAP III. Tarım Kongresi, 2-3 Ekim 2003, Urfa, pp:615-623
- SOYSAL, M.İ., ÖZKAN, E., GÜRCAN, E.K. 2003b. The Status of Native Farm Animal Genetic Diversity in Türkiye and in The World. *Trakia Journal of Sciences*, Vol. 1, No:3, pp1-12, 2003
- SULTANA, S., MANNEN, H., TSUJI, S. 2003. Mitochondrial DNA Diversity of Pakistani Goats. *Anim Genet.*, 34(6):417-421.
- TAMURA, K., DUDLEY, J., NEI, M., KUMAR, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
- TAPIO, M., MARZANOV, N., OZEROV, M., CINKULOV, M., GONZARENKO, G., KISELYOVA, T., MURAWSKI, M., VIINALASS, H., KANTANEN, J. 2006. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. *Mol. Biol. Evol.*, 23(9):1776-1783.
- TAVARE, S. 1986. Some probabilistic and statistical problems on the analysis of DNA sequences. *Lect. Math. Life Sci.*, 17:57-86.
- THOMPSON, J.D., HIGGINS, D.G., GIBSON, T.J., 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.*, 22: 4673-4680.
- TROY, C.S., MACHUGH, D.E., BAILEY, J.F., MAGEE, D.A., LOFTUS, R.T., CUNNINGHAM, P., CHAMBERLAIN, A.T., SYKES, B.C., BRADLEY, D.G. 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410:1088–1091.
- VAIMAN, D., SCHIBLER, L., BOURGEOIS, F., OUSTRY, A., AMIGUES, Y., CRIBIU, E.P. 1996. A Genetic Linkage Map of The Male Goat Genome. *Genetics*, 144(1):279-305.
- WANG, X., MA, Y.H., CHEN, H. 2006. Analysis of the genetic diversity and the phylogenetic evolution of Chinese sheep based on Cyt b gene sequences. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(12):1081-1086.
- WANG, J., CHEN, Y., WANG, X., YANG, Z. 2008. The genetic diversity of seven indigenous Chinese goat breeds, *Small Ruminant Research*, 74:231-237.
- WU, Y.P., GUAN, W.J., ZHAO, Q.J., HE, X.H., PU, Y.B., HUO, J.H., XIE, J.F., HAN, J.L., RAO, S.Q., MA, Y.H. 2009. A fine map for maternal lineage analysis by mitochondrial hypervariable region in 12 Chinese goat breeds. *Anim Sci J.*, 80(4):372-380.
- ZEDER, MA., HESSE, B. 2000 . The initial Domestication of Goats (*Capra Hircus*) in The Zagros Mountains 10,000 Years Ago. *Science*, 287(5461):2254-2257.
- ZHARKIKH, A. 1994. Estimation of evolutionary distances between nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 39:315-329.
- ZEUNER, F.E. 1963. A History of Domesticated Animals. Harper & Row: New York.

ÖZGEÇMİŞ

1973 yılında Kahramanmaraş'ta doğdum. 1991 yılında Kahramanmaraş Endüstri Meslek Lisesini bitirdim. 1994 yılında girmiş olduğum Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünden 1998 yılında bölüm birincisi olarak mezun oldum. Ekim 2002'de Zootečni Anabilim Dalında Yüksek Lisansımı tamamladım. 2003 yılında Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Anabilim dalında doktora eğitimime başladım. 2000 yılından bu yana Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Biyometri ve Genetik Anabilim Dalında Araştırma Görevlisi olarak çalışmaktayım.

ÖZET

Bu çalışmada, Şanlıurfa yöresindeki küçükbaş hayvanların filogenetik yapıları moleküler tekniklerle belirlenmeye çalışılmıştır. Araştırmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keçi ırkları oluşturmuştur. Koyun ve keçilerden genomik DNA izolasyonu için kıl örnekleri toplanmış ve tüm örneklerden genomik DNA izole edilmiştir. Koyun ve keçi DNA örneklerinde mitokondriyal D-loop bölgesi, 12S rRNA ve Sitokrom b (*Cyt b*) gen bölgelerini çoğaltmak için gerekli ileri ve geri primerler tasarlanmıştır. Koyun ve keçi 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgeleri polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmıştır. PZR ürünlerinin gen dizi bilgileri elde edilmiştir. Populasyonlar için toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı (S), haplotip sayısı (h), haplotip farklılığı (H_d), nükleotid farklılığı (π), ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri hesaplanmıştır.

Koyun ve keçilerde filogenetik yapılarının araştırılmasında 12S rRNA, *Cyt b* ve D-loop gen bölgelerindeki DNA polimorfizmine göre filogenetik analizler yapılmıştır. Temel filogenetik analizler; her bir ırkta (Akkaraman, İvesi, Kıl, Kilis) her bir gen bölgesi (12S, *Cyt b*, D-loop) bakımından genetik ilişkileri göstermek ve haplotipleri belirlemek amacıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) yöntemine göre ve Kimura-2-parametre model kullanılarak yapılmıştır. Daha sonra, koyunlarda ve keçilerde ileri filogenetik analizler Neighbour-Joining (NJ) yöntemi ve Kimura-2-parametre+Gamma dağılış (K2P+ Γ) modeli kullanılarak yapılmıştır. Nodların (ağaç kolları) güvenilirliğinin test edilmesinde Bootstrap testi (1000 tekrarlı) kullanılmıştır.

Kıl keçilerinde 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 412, 0.422, 6, 7, 0.792 ± 0.0287 , 0.00273 ± 0.00018 , 1.125 ve -1,29330 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 412, 0.421, 3, 4, 0.642 ± 0.0405 , 0.00188 ± 0.00019 , 0.775 ve -0,41395 olarak bulunmuştur.

Kıl keçisi ve Kilis keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00243-0.00734 arasında hesaplanmıştır.

Kıl keçilerinde sitokrom b (*Cyt b*) gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 653, 0.425, 7, 5, 0.450±0.0675, 0.00134±0.00037, 0.87500 ve -2.06208 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 653, 0.423, 2, 2, 0.125±0.0749, 0.00038±0.00022, 0.25000 ve -1.49796 olarak bulunmuştur. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıkların 0.00153-0.00772 arasında, Kilis keçilerinde ise haplotipler arasında genetik uzaklık değeri 0.00303 olarak hesaplanmıştır.

Kıl keçilerinde D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 585, 0.389, 55, 15, 0.992±0.0060, 0.01925±0.0009, 11.25833 ve -1.41546 olarak bulunmuştur. Kilis keçilerinde ise bu değerler sırasıyla, 586, 0.391, 48, 16, 1.000±0.0055, 0.01755±0.0008, 10.28333 ve -1.22268 olarak bulunmuştur. Kıl keçisi haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00515-0.04655 arasında, Kilis keçilerinde ise 0.00171-0.04834 arasında hesaplanmıştır. N-J filogenetik ağaçta, KL05/KS16 (%99), KL12/KS15 (%98), KS02/KS06 (%61) ve KL01/KS07 (%89) haplotiplerin birlikte kümelendiği görülmüştür. Diğer haplotipler arasında bootstrap test değerleri düşük olduğundan (<%50) tam bir kümelene görülmemiştir. Bu çalışmadaki haplotip dizileri ve 22 referans dizi (A, B, C, D, F ve G soyları için) ile birlikte oluşturulan N-J filogenetik ağaçta, 31 haplotipin, 29'u A soyunda (%83), 2'si (KL05 ve KS16) G soyunda (%95) yer almıştır. Bununla beraber Kıl ve Kilis keçilerinde G soyunun varlığı ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir.

Akkaraman koyunlarında 12S rRNA gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip

farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 716, 0.404, 5, 5, 0.725 ± 0.044 , 0.00208 ± 0.00016 , 1.492 ve -0.03316 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 716, 0.404, 4, 5, 0.750 ± 0.035 , 0.00212 ± 0.00012 , 1.517 ve 0.80766 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00140-0.00562, İvesi haplotipleri arasında 0.00140-0.00421 olarak hesaplanmıştır.

Akkaraman koyunlarında sitokrom b (*Cyt b*) gen dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 578, 0.439, 16, 11, 0.908 ± 0.0190 , 0.00823 ± 0.00039 , 4.75833 ve -0.05194 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 535, 0.441, 12, 8, 0.825 ± 0.0268 , 0.00701 ± 0.00052 , 3.75 ve 0.14114 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00173-0.01940, İvesi haplotipleri arasında ise 0.00187-0.0210 arasında hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan N-J filogenetik ağaçta, bu çalışmadaki 16 haplotipten, 6'sı B soyunda (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05; %87 bootstrap değeri), 1'i A soyunda (IV12, %50 bootstrap değeri), 1'i E soyunda (AK04, %67 bootstrap değeri) 5'i C soyunda (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, IV03; %47 bootstrap değeri) yer almış, AK06 ve IV13 farklı kümelenmiştir.

Akkaraman koyunlarında D-loop bölgesi dizisine göre DNA polimorfizmi; toplam bölge sayısı, G+C oranı, polimorfik bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip farklılığı, nükleotid farklılığı, ortalama nükleotid farklılığı sayısı (k) ve Tajima'nın D test istatistiği değerleri sırasıyla, 629, 0.382, 50, 11, 0.958 ± 0.009 , 0.02936 ± 0.00077 , 18.40833 ve 0.93882 olarak bulunmuştur. İvesi koyunlarında ise bu değerler sırasıyla, 629, 0,387, 58, 16, $1,000\pm 0.0055$, 0.03068 ± 0.00054 , 19.14167 ve 0.32602 olarak bulunmuştur. Akkaraman haplotipleri arasında genetik uzaklıklar 0.00160-0.04678 arasında, İvesilerde ise 0.00808-0.05252 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki haplotiplere ait diziler ile referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan N-J filogenetik ağaçta, bu çalışmadaki 27 haplotipten, 9'u B

soyunda (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01; %99 bootstrap deęeri), 9'u A soyunda (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14, %88 bootstrap deęeri), 7'si C soyunda (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01, %41/99 bootstrap deęeri) yer almıştır. AK03 ve AK09 ise birlikte dięer gruplardan ayrılmıştır (%90 bootstrap deęeri) ve sadece E grubu ile yakınlařmıştır (%73 bootstrap deęeri). Benzer řekilde AK14 koyunu filogenetik aęaęta A grubuna yakınlařmıştır (%88 bootstrap deęeri).

Sonuę olarak, řanlıurfa yoresi Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keęilerinde; 12S rRNA, Sitokrom b, D-loop bөлgesi gen dizileri belirlenmiştir. Gen dizi bilgilerine göre Akkaraman ve İvesi koyunları ile Kıl ve Kilis keęilerinde mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylarını), haplotipler ve yabani türler arasında filogenetik iliřkiler belirlenmiştir

SUMMARY

In this research, determination of phylogenetic tree of sheep and goats in Şanlıurfa province using molecular techniques was the main goal. White Karaman and Awassi sheep breed, and Kilis and Hair goat breeds raised in Şanlıurfa province were used as the animal materials. Fleece and hair samples were collected for genomic DNA isolation in sheep and goats, and genomic DNAs were isolated in all the samples. In DNA samples, necessary forward and reverse primers were designed to amplify mitochondrial D-loop, 12S rRNA and Cytochrome b (*Cyt b*) gene region. Mitochondrial D-loop, 12S rRNA and *Cyt b* gene region were amplified by applying polymerase chain reaction (PCR) technique, and gene sequence information of PCR products were obtained. The rate of G+C, number of polymorphic site (S), number of haplotypes (h), haplotype diversity (H_d), nucleotide diversity (π), average number of nucleotide diversity (k), Tajima's D-test statistic values and total number of region for all populations were calculated.

Phylogenetic analyses based on DNA polymorphism in 12S rRNA, *Cyt b* and D-loop gene region were performed to research the phylogenetic structure in sheep and goats. In primary phylogenetic analyses; UPGMA (Un-weighted Pair Group Method with Arithmetic mean) method and Kimura-2-parameter model were used in order to show the genetic relationship in each breed (White Karaman and Awassi sheep, Hair and Kilis goats) and in each gene region (12S, *Cyt b*, D-loop) and to determine haplotypes. Then, the more detailed analyses were carried out using Neighbour-Joining (NJ) method and Kimura-2-parameter+Gamma distribution (K2P+ Γ) model. Bootstrapping test (1000 permutation) was used to test the reliability of the Nods.

In Hair goats, DNA polymorphism based on 12S rRNA gene sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 412, 0.422, 6, 7, 0.792 \pm 0.0287,

0.00273±0.00018, 1.125 and -1,29330, respectively. These values, in Kilis goats, were 412, 0.421, 3, 4, 0.642±0.0405, 0.00188±0.00019, 0.775 and -0.41395, respectively. Genetic distance between Hair and Kilis goats ranged from 0.00243 to 0.00734.

In Hair goats, DNA polymorphism based on *Cyt b* gene sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 653, 0.425, 7, 5, 0.450±0.0675, 0.00134±0.00037, 0.87500 and -2.06208, respectively. These values, in Kilis goats, were 653, 0.423, 2, 2, 0.125±0.0749, 0.00038±0.00022, 0.25000 and -1.49796, respectively. In Hair goats, genetic distance between haplotypes ranged from 0.00153-0.00772. These values, in Kilis goats, were 0.00303.

In Hair goats, DNA polymorphism based on D-loop sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 585, 0.389, 55, 15, 0.992±0.0060, 0.01925±0.0009, 11.25833 and -1.41546 respectively. These values, in Kilis goats, were 586, 0.391, 48, 16, 1.000±0.0055, 0.01755±0.0008, 10.28333 and -1.22268, respectively. In Hair goats, genetic distance between haplotypes ranged from 0.00515-0.04655. These values, in Kilis goats, ranged from 0.00171-0.04834. N-J phylogenetic tree formed in this research using haplotype sequences and 22 reference sequences (for A, B, C, D, F and G lineages), 29 haplotypes of 31 haplotypes were in A lineage (%83), and 2 haplotypes (KL05 and KS16) were in G lineage (%95). In addition, the existence of G lineage in Hair and Kilis goats was determined first in this research.

In White Karaman sheeps, DNA polymorphism based on 12S rRNA gene sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 716, 0.404, 5, 5,

0.725±0.044, 0.00208±0.00016, 1.492 and -0.03316 respectively. These values, in Awassi sheeps, were 716, 0.404, 4, 5, 0.750±0.035, 0.00212±0.00012, 1.517 and 0.80766, respectively. In White Karaman haplotypes, genetic distance between haplotypes ranged from 0.00140-0.00562. These values, in Awassi haplotypes, ranged from 0.00140-0.00421.

In White Karaman sheeps, DNA polymorphism based on *Cyt b* gene sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 578, 0.439, 16, 11, 0.908±0.0190, 0.00823±0.00039, 4.75833 and -0.05194, respectively. These values, in Awassi sheeps, were 535, 0.441, 12, 8, 0.825±0.0268, 0.00701±0.00052, 3.75 and 0.14114, respectively. In White Karaman haplotypes, genetic distance between haplotypes ranged from 0.00173-0.01940. These values, in Awassi haplotypes, ranged from 0.00187-0.0210. N-J phylogenetic tree formed in this research using haplotype sequences and reference sequences (for A, B, C, D and E lineage), 6 haplotypes (IV01, AK13, AK09, IV06, AK16, IV05; Bootstrap value of %87) out of 16 haplotypes were in B lineage, 1 haplotype (IV12; Bootstrap value of %50) were in A lineage, 1 haplotype (AK04; Bootstrap value of %67) were in E lineage, 5 haplotypes (AK12, AK02, IV16, AK01, IV08, and IV03; Bootstrap value of %47) were in C lineage, and AK06 and IV13 were in different group.

In White Karaman sheeps, DNA polymorphism based on D-loop sequence, total number of site, the rate of G+C, number of polymorphic site, number of haplotype, haplotype diversity, nucleotide diversity, average number of nucleotide diversity (k) and Tajima's D-test statistic values were found to be 629, 0.382, 50, 11, 0.958±0.009, 0.02936±0.00077, 18.40833 and 0.93882, respectively. These values, in Awassi sheeps, were 629, 0,387, 58, 16, 1,000±0.0055, 0.03068±0.00054, 19.14167 and 0.32602, respectively. In White Karaman haplotypes, genetic distance between haplotypes ranged from 0.00160-0.04678. These values, in Awassi haplotypes, ranged from 0.00808-0.05252. N-J phylogenetic tree formed in this research using haplotype sequences and reference sequences (for A, B, C, D and E

lineage), 9 haplotypes (IV14, IV08, AK04, AK06, IV13, IV06, IV02, IV07, IV01; Bootstrap value of %99) out of 27 haplotypes were in B lineage, 9 haplotypes (IV16, AK07, AK15, IV12, IV09, IV05, IV03, IV11, AK14; Bootstrap value of %88) were in A lineage, 7 haplotypes (AK02, IV04, AK05, IV10, AK11, IV15, AK01; Bootstrap value of %41/99) were in C lineage. AK03 and AK09 were in different group (Bootstrap value of %90), and they were closer to E lineage (Bootstrap value of %73). Similarly, AK14 sheep in phylogenetic tree were closer to A lineage (Bootstrap value of %88).

In conclusion, in White Karaman and Awassi sheep, and Hair and Kilis goats raised in Şanlıurfa province; gene sequences of 12S rRNA, Cytochrome b, D-loop regions were determined. Based on gene sequences information, in White Karaman and Awassi sheep and Hair and Kilis goats, the phylogenetic relationship among mtDNA polymorphism, mtDNA haplotypes and haplogroups, haplotypes and wild strains.

EK 1. Kıl Keçisi

Kıl Keçisi	
Bilimsel Adı	<i>Capra hircus</i>
Genel ve Morfolojik Özellikleri	<p>Türkiye’de en yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan keçi ırkıdır. Halk arasında “Kara Keçi” olarak da bilinir. Tüm bölgelere yayılmış olmakla birlikte, denize yakın ormanlık, çalılık bölgelere yaygın olarak bulunmaktadır. Fundalık ve makiliklerden iyi faydalanabilen, meyilli ve kayalık arazilere iyi tırmanabilen ve sert iklime dayanıklı bir ırktır. Renk genellikle siyahtır. Gri tonları ile kahverengi ve alacalara da rastlanır. Vücudu örten kıllar kısa yada uzun olabilmektedir. Derileri de koyu renklidir. Hem keçiler hem de tekeler büyük çoğunlukla boynuzludur. Tekelerde boynuzlar oldukça gelişmiştir. Kıl Keçilerinde vücut sağlam ve dayanıklıdır. Baş orta büyüklükte ve düzgün profile sahiptir. Geniş bir varyasyon görülmekle birlikte genellikle iri ve sarkık kulaklılardır. Ancak daha kısa kulaklılara da rastlanır. Kıl Keçilerinde her iki cinsiyette de sakal vardır. Kúpeli olanlarına pek rastlanmaz. Vücudu kaplayan kıl örtüsü üstte kaba ve uzun örtücü kıllar ,altta ise ince yumuşak alt kıllardan oluşur. İlk baharda taranarak toplanabilen bu ince alt kıllar “Kaşmir Yünü” tipindedir.</p>
Dağılım Alanı	Ege ve Akdeniz Bölgesi sahil kuşağı, Marmara Bölgesi, Güneydoğu, Doğu ve İç Anadolu Bölgesi
Diğer Açıklamalar	Süt, et ve kılı için yetiştirilir.


Kaynak: <http://www.turkhaygen.gov.tr>

EK 2. Kilis Keçisi

İrk <i>Kilis Keçisi</i>	
Bilimsel Adı	<i>Capra hircus</i>
Genel ve Morfolojik Özellikleri	<ul style="list-style-type: none">• Renk: Genelde siyah ve kahverengidir. Alacalı olanlara da rastlanır.• Boynuz: Erkekler kalın kuvvetli ve uzun boynuzludurlar. Boynuzsuzlara da rastlanır.• Dış Yapı Özellikleri: Kulaklar uzun ve sarkıktır.
Dağılım Alanı	Gaziantep, Kilis, Urfa ve Hatay çevresinde yaygın olarak yetiştirilmektedir.
Diğer Açıklamalar	Kilis keçileri sütçü ırk kabul edilmektedirler. Kıl rengini kıl keçisinden, gelişmiş meme yapısı ve sütçü görünümünü ise genotiplerdeki Halep keçilerinden almaktadır.


Kaynak: <http://www.turkhaygen.gov.tr>

EK 3. Akkaraman Koyunu

İrk Akkaraman	
Bilimsel Adı	<i>Ovis aries</i>
Genel ve Morfolojik Özellikleri	<ul style="list-style-type: none">• Vücut Rengi: Beyazdır. Ağız, burun, göz etrafı ve ayaklar üzerinde siyah lekeler.• Boynuz Durumu: Koçların çoğu boynuzlu, koyunlar ise genellikle boynuzsuzdur.• Kuyruk Yapısı: Üç parçalı, yuvarlak yapılı ve 'S' harfi görünümlüdür. Ağırlığı 4-6 kg'dır• Yapağı Tipi: Kaba-karışık yapağı tipi• Diğer Dış Özellikleri: Baş, boyun altı ve bacaklar çıplaktır. Genel olarak orta cüsseli bir ırktır. Cidago yüksekliği ortalama 65 cm civarı. Baş küçük, düz yada hafif dış bükeydir. Kulaklar sarkıktır.
Dağılım Alanı	Batıda Eskişehir ve Kütahya'dan başlayarak, doğuda Sivas dahil Orta Anadolu'da ve Karadeniz ile Akdeniz bölgelerinin Orta Anadolu'ya yakın yöreleri

Kaynak: <http://www.turkhaygen.gov.tr>

EK 4. İvesi Koyunu

İrk İvesi	
Bilimsel Adı	<i>Ovis aries</i>
Genel ve Morfolojik Özellikleri	<ul style="list-style-type: none">• Vücut Rengi: Beyaz yapağı ile örtülüdür. Baş, boyun ve ayaklar kahverengi, kirli sarı veya siyah renkte olabilir. Ancak yaygın renk kahverengidir.• Boynuz Durumu: Koçların çoğu spiral boynuzludur. Koyunlar ise genellikle boynuzsuzdur.• Kuyruk Yapısı: Tek parça, yuvarlakça, uç kısmı yukarıya doğru kıvrık Akkaramana oranla daha kısa ve geniştir.• Yapağı Tipi: Kaba-karışık yapağı tipi. Yerli ırklarımız içindeki en kaba yapağıya sahip ırklardandır.• Diğer Dış Özellikleri: Baş, dışa doğru çıkıntılıdır. (Koç burunluluk hakim) Kulaklar uzun ve sarkıktır. En iri yerli ırklarımızdandır. Koyunlarının ortalama cidago yüksekliği 65-68 cm'dir.
Dağılım Alanı	Gaziantep, Şanlıurfa ve Hatay illerinde, daha çok Suriye sınır boylarında, alçak ve çöl karakteri gösteren kurak ovalarda yetiştirilir.
Diğer Açıklamalar	

Kaynak: <http://www.turkhygen.gov.tr>

EK 5. Kıl keçisi 12S rRNA geni DNA dizi bilgileri

```

          10      20      30      40      50      60
    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
NC_005044  AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL01      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL04      AGCGCACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL13      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL12      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL11      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL16      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL09      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL14      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL06      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL03      AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL07      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL08      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL05      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL02      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL15      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
KL10      AGCACACATCTTTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCAACACCCCTACGGGAGACAGCAGT
Clustal Consensus  ***  *****  *****  *****  *****  *****

```

```

          70      80      90      100     110     120
    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
NC_005044  GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL01      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL04      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL13      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL12      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL11      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL16      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL09      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL14      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL06      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL03      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL07      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL08      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL05      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL02      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL15      GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
KL10      GACAGAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT
Clustal Consensus  ***  *****  *****  *****  *****  *****

```

```

          130     140     150     160     170     180
    ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
NC_005044  CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL01      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL04      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL13      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL12      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL11      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL16      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL09      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL14      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL06      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL03      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL07      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL08      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL05      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL02      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL15      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
KL10      CTCGTGCCAGCCACCGCGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAA AAC
Clustal Consensus  *****  *****  *****  *****  *****  *****

```



```

          190          200          210          220          230          240
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL01      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL04      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL13      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL12      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL11      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL16      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL09      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL14      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL06      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL03      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL07      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL08      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL05      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL02      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL15      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
KL10      GTGTTAAAGCACTACATCAAAATAGAGTTAAATTCCTAATTAAACTGTAAAAAGCCATAATT
Clustal Consensus *****

```

```

          250          260          270          280          290          300
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL01      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL04      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL13      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL12      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL11      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL16      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL09      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL14      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL06      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL03      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL07      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL08      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL05      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL02      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL15      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KL10      ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCCCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
Clustal Consensus *****

```

```

          310          320          330          340          350          360
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL01      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL04      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL13      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL12      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL11      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL16      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL09      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL14      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL06      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL03      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL07      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL08      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL05      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL02      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL15      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
KL10      AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTACAGAAACAAA
Clustal Consensus *****

```

```

          370      380      390      400      410
NC_005044  . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . .
KL01      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL04      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL13      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL12      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL11      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL16      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL09      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL14      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL06      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL03      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL07      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL08      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL05      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL02      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL15      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
KL10      ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCAACAGCCCAGAACTCAAAGGACTTGGCG
Clustal Consensus *****

```

EK 6. Kıl keçisi *Cyt b* geni DNA dizi bilgileri

```

          190      200      210      220      230      240
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 ACAGCATTTTCTCTGTAACTCACATTTGTGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL02      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL04      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL07      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL11      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL01      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL14      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL03      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL06      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL10      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL15      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL16      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL12      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL09      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL05      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL13      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KL08      -----GAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
Clustal Consensus *****

```

```

          250      260      270      280      290      300
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL02      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL04      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL07      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL11      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL01      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL14      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL03      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL06      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL10      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL15      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL16      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL12      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL09      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL05      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL13      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
KL08      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTCCTTTATCTGCCATTCATACATATCGGACGA
Clustal Consensus *****

```

```

          310      320      330      340      350      360
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL02      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL04      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL07      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL11      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL01      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL14      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL03      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL06      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL10      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL15      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL16      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL12      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL09      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL05      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL13      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KL08      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
Clustal Consensus *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      CTCGCAACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL04      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL07      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL11      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL01      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL14      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL03      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL06      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL10      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL15      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL16      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL12      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL09      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL05      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL13      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KL08      CTCGCGACAATGGCCACAGCATTTCATAGGCATGTGTTTACCATGAGGACAAATATCATT
Clustal Consensus *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL04      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTG
KL07      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL11      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL01      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL14      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL03      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL06      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL10      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL15      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL16      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL12      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL09      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL05      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL13      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
KL08      TGAGGGGCAACAGTATCACATAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTGGCACAACCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL04      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL07      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL11      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL01      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL14      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL03      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL06      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL10      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL15      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL16      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL12      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL09      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL05      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL13      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KL08      GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
Clustal Consensus *****

```

```

                    550      560      570      580      590      600
NC_005044          .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
KL02              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL04              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL07              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL11              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL01              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL14              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL03              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL06              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL10              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL15              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL16              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL12              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL09              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL05              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL13              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
KL08              TTCCACTTTATCCTCCCATTCAATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCCCTC
Clustal Consensus *****

```

```

                    610      620      630      640      650      660
NC_005044          .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
KL02              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL04              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL07              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL11              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL01              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL14              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL03              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL06              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL10              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL15              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL16              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL12              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL09              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL05              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL13              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
KL08              CACGAAACAGGATCGAACAAACCCACAGGAATTCCATCAGACACAGATAAAATCCCATTT
Clustal Consensus *****

```

```

                    670      680      690      700      710      720
NC_005044          .....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
KL02              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL04              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL07              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL11              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL01              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL14              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL03              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL06              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL10              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL15              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL16              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL12              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL09              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL05              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL13              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
KL08              CACCCCTTACTACACCTAAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATCTTGTTCCTAATA
Clustal Consensus *****

```

```

          730      740      750      760      770      780
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL04      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL07      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL11      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL01      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL14      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL03      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL06      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL10      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL15      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL16      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL12      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL09      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL05      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL13      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
KL08      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAA
Clustal Consensus *****

```

```

          790      800      810      820      830      840
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL04      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL07      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL11      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL01      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL14      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL03      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL06      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL10      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL15      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL16      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL12      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL09      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL05      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL13      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
KL08      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCTTATTTGCATACGCAATC
Clustal Consensus *****

```

```

          850      860      870      880      890      900
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL02      CTACGATCAATCCCACCAACTAGGAGGAGTCCCTAGCCCTAGTCCCTCTCAATCCTAATC
KL04      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL07      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL11      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL01      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL14      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL03      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL06      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL10      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL15      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL16      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL12      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL09      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL05      CTACGATCAATCCCACCAACTA-----
KL13      CTACGATCGATCCCACCAACTA-----
KL08      CTACGATCAATTCTTACCAACTA-----
Clustal Consensus ***** ** ** *****

```

EK 7. Kıl keçisi D-loop bölgesi DNA dizi bilgileri

```

          310      320      330      340      350      360
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 TATCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL11      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL01      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL13      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL06      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL10      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL02      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL04      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL03      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL09      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL15      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL16      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL08      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL14      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL07      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL12      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KL05      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
Clustal Consensus ***** ** *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL11      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL01      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL13      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL06      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL10      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL02      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL04      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL03      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAATATGTAT
KL09      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAATATGTAT
KL15      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL16      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL08      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL14      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL07      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL12      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KL05      TTTATGATCTACTTCACGTGTATGTACATAATATTTAATGTAAACAAGGACATGGTATGTAT
Clustal Consensus ***** * * * ***** *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044 ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL11      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL01      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL13      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL06      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL10      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL02      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL04      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL03      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL09      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL15      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL16      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL08      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL14      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL07      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL12      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KL05      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGGACGTATATTAGTATTAATGTAAT
Clustal Consensus ***** ***** ***** ** *****

```

```

          490       500       510       520       530       540
NC_005044  AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL11       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL01       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATTTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL13       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATTTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL06       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL10       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATTTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL02       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL04       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL03       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL09       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL15       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL16       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL08       AAGGACATAATATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL14       AAGGACATAATATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL07       AAGGACATAACATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCATGCATATAAGCATGTATA
KL12       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KL05       AAGGACATAATATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTACA
Clustal Consensus *  *****  ***  *****  *****  *  *  *****  *****

```

```

          550       560       570       580       590       600
NC_005044  ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGGGT
KL11       ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGGGT
KL01       ATGTTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL13       ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL06       ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL10       ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGGGT
KL02       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL04       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL03       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL09       ATGTTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL15       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL16       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL08       ATGTTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL14       ATATTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL07       ACGCTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAGAGT
KL12       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCCATAAGT
KL05       ATATCTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATAGCCATAGAGT
Clustal Consensus *  *****  *****  *****  *****  *****  *****

```

```

          610       620       630       640       650       660
NC_005044  CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL11       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL01       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL13       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL06       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL10       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL02       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL04       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL03       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL09       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL15       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL16       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL08       CAAATCCATTCTTGCCAGCATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL14       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL07       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL12       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KL05       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
Clustal Consensus *****  *  *****  *****  *****  *****

```



```

          670          680          690          700          710          720
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL11      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL01      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL13      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL06      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL10      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL02      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL04      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL03      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL09      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL15      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL16      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL08      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL14      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL07      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL12      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KL05      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          730          740          750          760          770          780
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL11      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL01      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL13      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL06      TGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL10      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL02      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL04      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL03      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL09      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL15      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL16      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL08      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL14      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL07      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL12      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KL05      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAATTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
Clustal Consensus *****

```

```

          790          800          810          820          830          840
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KL11      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL01      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL13      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL06      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL10      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL02      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL04      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL03      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL09      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL15      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL16      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL08      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL14      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL07      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL12      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KL05      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
Clustal Consensus *****

```

```

      850      860      870      880      890      900
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTTAATTTTCGGGGA
KL11       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL01       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL13       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL06       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL10       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL02       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL04       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL03       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL09       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL15       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL16       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL08       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL14       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL07       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL12       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
KL05       CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTT-----
Clustal Consensus *****

```

Ek 8. Kilis keçisi 12S rRNA geni DNA dizi bilgileri

	10	20	30	40	50	60
					
NC_005044	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS01	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS02	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS14	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS16	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS13	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS12	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS06	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS04	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS08	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS03	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS05	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS07	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS09	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS10	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS11	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
KS15	AGCACACATCTCGTAGCTTACAACGCCTCGCTTAACCACACCCCTACGGGAGACAGCAGT					
Clustal Consensus	*****					
	70	80	90	100	110	120
					
NC_005044	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS01	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS02	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS14	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS16	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS13	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS12	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS06	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS04	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS08	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS03	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS05	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS07	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS09	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS10	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS11	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
KS15	GACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATGTTGACCAGGGTTGGTAAAT					
Clustal Consensus	*****					
	130	140	150	160	170	180
					
NC_005044	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS01	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS02	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS14	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS16	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS13	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS12	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS06	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS04	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS08	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS03	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS05	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS07	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS09	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS10	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS11	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
KS15	CTCGTGCCAGCCACCGGGTCATACGATTAACCCAAGCTAACAGGAATACGGCGTAAAAAC					
Clustal Consensus	*****					

```

          190      200      210      220      230      240
NC_005044   . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
KS01        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS02        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS14        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS16        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS13        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS12        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS06        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS04        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS08        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS03        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS05        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS07        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS09        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS10        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS11        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
KS15        GTGTTAAAGCAGCTACATCAAATAGAGTTAAATTCTAATTAACTGTAAAAAGCCATAATT
Clustal Consensus *****

```

```

          250      260      270      280      290      300
NC_005044   . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
KS01        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS02        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS14        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS16        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS13        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS12        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS06        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS04        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS08        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS03        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS05        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS07        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS09        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS10        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS11        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
KS15        ACAACAAAAATAGATGACGAAAGTAAACCTACTGCAGCTGATACACTATAGCTAAGACCC
Clustal Consensus *****

```

```

          310      320      330      340      350      360
NC_005044   . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
KS01        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS02        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS14        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS16        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS13        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS12        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS06        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS04        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS08        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS03        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS05        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS07        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS09        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS10        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS11        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
KS15        AAAC TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAAATAATTACAGAAACAAA
Clustal Consensus *****

```

	370	380	390	400	410
				
NC_005044	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS01	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS02	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS14	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS16	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS13	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS12	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS06	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS04	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS08	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS03	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS05	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS07	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS09	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS10	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS11	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
KS15	ATTATTCGCCAGAGTACTACCGGCCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCG				
Clustal Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

EK 9. Kilis keçisi *Cyt b* geni DNA dizi bilgileri

```

          130       140       150       160       170       180
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044  CTAATCTTACAAATCCTGACAGGCCATTTCCTAGCAATACACTATACATCCGACACAATA
KS15      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS16      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS14      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS13      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS12      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS11      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS10      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS09      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS08      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS07      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS06      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS05      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS03      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS02      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS01      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
KS04      -----CAATACACTATACATCCGACACAATA
Clustal Consensus *****

```

```

          190       200       210       220       230       240
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044  ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS15      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS16      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS14      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS13      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS12      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS11      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS10      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS09      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS08      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS07      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS06      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS05      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS03      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS02      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS01      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
KS04      ACAGCATTTTCCTCTGTAACTCACATTTGTCGAGATGTAAATTATGGCTGAATCATCCGA
Clustal Consensus *****

```

```

          250       260       270       280       290       300
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_005044  TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS15      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS16      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS14      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS13      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS12      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS11      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS10      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS09      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS08      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS07      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS06      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS05      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS03      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS02      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS01      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
KS04      TACATACACGCAAACGGAGCATCAATATTC TTTATCTGCCATTTCATACATATCGGACGA
Clustal Consensus *****

```

```

          310      320      330      340      350      360
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS16      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS14      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS13      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS12      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS11      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS10      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS09      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS08      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS07      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS06      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS05      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS03      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS02      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS01      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
KS04      GGTCATATTTATGGATCATATACCTTTCTAGAAACATGAAACATTGGAGTAATCCTCCTG
Clustal Consensus *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS16      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS14      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS13      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS12      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS11      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS10      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS09      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS08      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS07      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS06      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS05      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS03      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS02      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS01      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
KS04      CTCGGACAAATGGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTTACCATGAGGACAAATATCATT
Clustal Consensus *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS16      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS14      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS13      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS12      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS11      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS10      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS09      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS08      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS07      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS06      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS05      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS03      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS02      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS01      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
KS04      TGAGGGGCAACAGTCATCACTAATCTTCTTTCAGCAATCCCATATATTTGGCACAACCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_005044   ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS16        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS14        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS13        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS12        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS11        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS10        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS09        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS08        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS07        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS06        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS05        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS03        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS02        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS01        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
KS04        GTCGAATGAATCTGAGGGGGATTCTCAGTAGACAAAGCCACTCTCACCCGATTCTTCGCC
Clustal Consensus *****

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_005044   ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS16        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS14        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS13        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS12        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS11        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS10        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS09        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS08        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS07        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS06        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS05        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS03        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS02        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS01        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
KS04        TTCCACTTTATCCTCCCATTATCATCACAGCCCTCGCCATAGTCCACCTGCTTTCTCCTC
Clustal Consensus *****

```

```

          610      620      630      640      650      660
NC_005044   ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS16        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS14        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS13        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS12        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS11        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS10        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS09        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS08        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS07        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS06        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS05        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS03        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS02        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS01        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
KS04        CACGAAACAGGATCGAACAACCCCAAGGAAATCCATCAGACACAGATAAAAATCCCATTT
Clustal Consensus *****

```



```

        670      680      690      700      710      720
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS16      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS14      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS13      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS12      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS11      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS10      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS09      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS08      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS07      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS06      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS05      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS03      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS02      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS01      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
KS04      CACCCTTACTACACCATTAAGATATCTTAGGCGCCATGCTACTAATTCTTGTTCCTAATA
Clustal Consensus *****

```

```

        730      740      750      760      770      780
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS16      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS14      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS13      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS12      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS11      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS10      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS09      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS08      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS07      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS06      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS05      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS03      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS02      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS01      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
KS04      TTACTAGTACTATTACACCCGACCTACTCGGAGACCCAGACAACATATATCCCAGCAAAAT
Clustal Consensus *****

```

```

        790      800      810      820      830      840
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS15      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTGGTATTTCCATTTGCATACGCAATC
KS16      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS14      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS13      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS12      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS11      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS10      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS09      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS08      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS07      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS06      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS05      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS03      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS02      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS01      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
KS04      CCACTCAATACACCCCTCACATTAACCTGAGTG-----
Clustal Consensus *****

```

EK 10. Kilis keçisi D-loop bölgesi DNA dizi bilgileri

```

          310      320      330      340      350      360
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_005044 TATCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS11      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS14      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS13      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS09      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS12      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS10      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS02      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS06      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS07      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS01      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS03      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS05      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS04      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS08      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS15      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
KS16      --TCTACCCCTACACATATGCAGTACTAATCCAGCATAAACGTAATGTATGTACATTACAT
Clustal Consensus ***** ** *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_005044 TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS11      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS14      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS13      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS09      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS12      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS10      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS02      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS06      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS07      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS01      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS03      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS05      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS04      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS08      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS15      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
KS16      TTTATGATCTACTTCATGTGTACGTACATAAATATTTAATGTAAACAAGGACATAGTATGTAT
Clustal Consensus ** ***** ** * ***** *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_005044 ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS11      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS14      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS13      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS09      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS12      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS10      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS02      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS06      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS07      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS01      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS03      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS05      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS04      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS08      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS15      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
KS16      ATAGTACATTAAACGATTTTCCACATGCATATTAAGAACGTACATCAGTATTAATGTAAT
Clustal Consensus ***** ***** ***** ** *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_005044  AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS11       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS14       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS13       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS09       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS12       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS10       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS02       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATTTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS06       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATTTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS07       AAGGACATAGTATGTATATCGTACATTAACGATTTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS01       AAGGACATAGTATGTATACGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS03       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS05       AAGGACATAGTATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS04       AAGGACATAATATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS08       AAGGACATAATATGTATATTGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS15       GAGGACATAGTATGTATATCGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTATA
KS16       AAGGACATAATATGTATATCGTACATTAACGATCTTCCCATGCATATAAGCATGTACA
Clustal Consensus  * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_005044  ATATTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGGGT
KS11       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS14       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS13       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS09       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS12       ATACTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGGGT
KS10       ATACTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS02       ATGTTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS06       ATGCTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS07       ATGTTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS01       ATGTTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS03       ATGCTTCCATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS05       ATGCTTCTATCGACAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS04       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS08       ATGCTTCTATCGGCAGTACATAGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAGAGT
KS15       ATGCTTCTATCGGCAGTACATGGTACATTTTACTGCATATTCGTACATGGCACATAAGT
KS16       ATATCTCTATCGACAGTACATGGTACATTTTACTGATATTCGTACATAGCACATAGAGT
Clustal Consensus  ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

          610      620      630      640      650      660
NC_005044  CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS11       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS14       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS13       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS09       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS12       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS10       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS02       CAAATCCATCCTTGTCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS06       CAAATCCATCCTTGTCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS07       CAAATCCATTCTTGTCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS01       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS03       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS05       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS04       CAAATCCATTCTTGTCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS08       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS15       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
KS16       CAAATCCATTCTTGCCAACATGCGTATCCCGTCCAOTAGATCACGAGCTTGTGACCATG
Clustal Consensus  ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

          670          680          690          700          710          720
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS11      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS14      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS13      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS09      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS12      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS10      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS02      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS06      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS07      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS01      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS03      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS05      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS04      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS08      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS15      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
KS16      CCGCGTGA AACCCAGCAACCCGCTTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          730          740          750          760          770          780
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS11      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS14      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS13      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS09      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS12      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS10      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS02      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS06      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS07      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS01      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS03      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS05      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS04      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS08      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS15      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
KS16      CGTGGGGGTGCTATTTAATGAACTTTATCAGACATCTGGTCTTTCTTCAGGGCCATCT
Clustal Consensus *****

```

```

          790          800          810          820          830          840
NC_005044  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
KS11      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS14      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS13      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS09      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS12      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS10      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS02      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS06      CACCTAAAAATCGCCCACTCTTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS07      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS01      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS03      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS05      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS04      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS08      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS15      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
KS16      CACCTAAAAATCGCCCACTCTCCCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAAT
Clustal Consensus *****

```

```

      850      860      870      880      890      900
...|...|...|...|...|...|...|...|...|...|...|...|
NC_005044 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTTAATTTTCGGGGA
KS11 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS14 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS13 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS09 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS12 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS10 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS02 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS06 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS07 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS01 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS03 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS05 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS04 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS08 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS15 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
KS16 CAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTGGTATTTTTT-----
Clustal Consensus *****

```

EK 11. Akkaraman koyunu 12S rRNA geni DNA dizi bilgileri

	10	20	30	40	50	60	
NC_001941	TATAGGTTTGGTCCCAGCCTTCCTGTTAACTTTCAATAGACTTATACATGCAAGCATCCA					
AK05	-----					GCA	TCCA
AK09	-----					GCA	TCCA
AK01	-----					GCA	TCCA
AK03	-----					GCA	TCCA
AK16	-----					GCA	TCCA
AK13	-----					GCA	TCCA
AK12	-----					GCA	TCCA
AK11	-----					GCA	TCCA
AK10	-----					GCA	TCCA
AK08	-----					GCA	TCCA
AK07	-----					GCA	TCCA
AK06	-----					GCA	TCCA
AK15	-----					GCA	TCCA
AK02	-----					GCA	TCCA
AK04	-----					GCA	AGCA
AK14	-----					GCA	TCCA
Clustal Consensus						*** **	
	70	80	90	100	110	120	
NC_001941	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC					
AK05	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK09	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK01	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK03	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK16	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK13	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK12	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK11	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK10	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK08	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK07	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK06	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACACAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK15	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACATAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK02	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACATAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK04	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACATAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
AK14	CGCCCCGGTGAGTAACGCCCTTCGAAATCACATAGGACTAAAAGGAGCAGGTATCAAGCAC						
Clustal Consensus	*****	*****	*	*****	*****	*****	
	130	140	150	160	170	180	
NC_001941	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA					
AK05	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK09	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK01	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK03	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK16	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK13	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK12	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK11	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK10	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK08	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK07	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK06	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK15	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK02	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK04	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
AK14	ACACTCTTTGTAGCTACAACGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAGACAGCAGTAACA						
Clustal Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

```

          190      200      210      220      230      240
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGTCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
AK09      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
AK01      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK03      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK16      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK13      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK12      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK11      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK10      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK08      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK07      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK06      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACTAGGGTTGGTAAATCTCG
AK15      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
AK02      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
AK04      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
AK14      AAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGCCATATTGACCAGGGTTGGTAAATCTCG
Clustal Consensus *****

```

```

          250      260      270      280      290      300
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK09      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK01      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK03      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK16      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK13      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK12      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK11      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK10      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK08      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK07      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK06      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK15      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK02      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK04      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
AK14      TGCCAGCCACCGCGGTTCATACGATTGACCCAAAGCTAACAGGAGTACGGCGTAAAGCGTGT
Clustal Consensus *****

```

```

          310      320      330      340      350      360
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK09      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK01      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK03      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK16      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK13      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK12      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK11      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK10      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK08      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK07      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK06      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK15      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK02      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK04      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
AK14      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATATAA
Clustal Consensus *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK09      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK01      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK03      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK16      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK13      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK12      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK11      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK10      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK08      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK07      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK06      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK15      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK02      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK04      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
AK14      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAAACAAAAATTA
AK09      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAAACAAAAATTA
AK01      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAAACAAAAATTA
AK03      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK16      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK13      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK12      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK11      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK10      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK08      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK07      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK06      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK15      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK02      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK04      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
AK14      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAATTAATAAGAACAAAAATTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK09      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK01      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK03      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK16      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK13      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK12      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK11      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK10      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK08      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK07      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK06      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK15      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK02      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK04      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
AK14      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
Clustal Consensus *****

```



```

                    550      560      570      580      590      600
NC_001941          CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK05              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK09              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK01              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK03              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK16              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK13              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK12              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK11              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK10              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK08              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK07              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK06              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK15              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK02              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK04              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
AK14              CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAAACCTACCAATCCTTGCTA
Clustal Consensus *****

```

```

                    610      620      630      640      650      660
NC_001941          ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK05              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK09              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK01              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK03              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK16              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK13              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK12              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK11              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK10              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK08              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK07              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK06              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK15              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK02              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK04              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
AK14              ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCCATAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
Clustal Consensus *****

```

```

                    670      680      690      700      710      720
NC_001941          TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK05              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK09              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK01              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK03              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK16              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK13              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK12              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK11              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK10              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK08              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK07              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK06              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK15              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK02              CAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK04              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
AK14              TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          730      740      750      760      770      780
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK09      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK01      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK03      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK16      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK13      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK12      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK11      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK10      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK08      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK07      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK06      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK15      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK02      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK04      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
AK14      CATTTCCTACCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
Clustal Consensus *****

```

```

          790      800      810      820      830      840
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK09      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK01      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK03      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK16      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK13      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK12      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK11      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK10      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK08      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK07      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK06      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK15      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK02      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK04      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
AK14      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
Clustal Consensus *****

```

```

          850      860      870      880      890      900
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK09      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK01      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK03      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK16      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK13      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK12      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK11      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK10      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK08      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK07      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK06      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK15      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK02      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK04      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
AK14      CCGCCCGTCACCCCTCCTCAAGTAAATATGATATACCTTAAACCTATTTACATATATCAACC
Clustal Consensus *****

```

EK 12. Akkaraman koyunu *Cyt b* geni DNA dizi bilgileri

```

                250      260      270      280      290      300
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_001941      TATATACACGCAAAACGGGGCATCAATATTTTATCTGCGCTATTTATGCATGTAGGACGCA
AK05          -----GGACGA
AK11          -----GGACGA
AK16          -----GGACGA
AK13          -----GGACGA
AK09          -----GGACGA
AK08          -----GGACGA
AK03          -----GGACGA
AK07          -----GGACGA
AK10          -----GGACGA
AK14          -----GGACGA
AK15          -----GGACGA
AK02          -----GGACGA
AK12          -----GGACGA
AK01          -----GGACGA
AK04          -----GGACGA
AK06          -----GGACGA
Clustal Consensus          *****

```

```

                310      320      330      340      350      360
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_001941      GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK05          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK11          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK16          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK13          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK09          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK08          GGCCATAACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK03          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK07          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK10          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK14          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK15          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK02          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK12          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK01          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK04          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
AK06          GGCCATAATTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
Clustal Consensus      ***** **

```

```

                370      380      390      400      410      420
    . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . | . . . |
NC_001941      TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK05          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK11          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK16          TTTGCAACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK13          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK09          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK08          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK03          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK07          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK10          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK14          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK15          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK02          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCCTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK12          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCCTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK01          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCCTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK04          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCCTACCATGAGGACAAATATCATTTC
AK06          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTCCTACCATGAGGACAAATATCATTTC
Clustal Consensus      ***** **

```

```

          430          440          450          460          470          480
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK11      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK16      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK13      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK09      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK08      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK03      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK07      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK10      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK14      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK15      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK02      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK12      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK01      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK04      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
AK06      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490          500          510          520          530          540
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK11      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK16      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK13      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK09      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK08      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK03      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK07      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK10      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK14      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK15      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK02      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK12      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK01      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK04      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
AK06      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
Clustal Consensus *****

```

```

          550          560          570          580          590          600
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK11      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK16      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK13      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK09      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK08      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK03      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK07      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK10      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK14      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK15      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK02      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK12      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK01      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK04      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
AK06      TTTCACCTTTATTTTCCCATTATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
Clustal Consensus *****

```

```

        610      620      630      640      650      660
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK11      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK16      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK13      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK09      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK08      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK03      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK07      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK10      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK14      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK15      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK02      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK12      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK01      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK04      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
AK06      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
Clustal Consensus *****

```

```

        670      680      690      700      710      720
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK11      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK16      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK13      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK09      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK08      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK03      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK07      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK10      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK14      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK15      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK02      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK12      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK01      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK04      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
AK06      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCTACTAATCCTCATCCTCATG
Clustal Consensus *****

```

```

        730      740      750      760      770      780
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK05      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK11      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK16      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK13      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK09      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK08      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK03      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK07      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK10      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK14      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK15      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK02      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK12      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK01      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK04      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
AK06      CTACTAGTACTATTACGCCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          790          800          810          820          830          840
NC_001941  ....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
AK05      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK11      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK16      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK13      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK09      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK08      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK03      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK07      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK10      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK14      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK15      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAATGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK02      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAGTGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK12      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAGTGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK01      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAGTGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK04      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAGTGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
AK06      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAGTGATACTTCCTATTTGCGTACGCAATC
Clustal Consensus *****

```

```

          850          860          870          880          890          900
NC_001941  ....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
AK05      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGTCCTCGCCCTAAATCCTCTCAATCCTAGTC
AK11      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK16      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK13      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK09      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK08      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK03      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK07      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK10      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK14      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK15      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK02      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK12      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK01      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK04      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
AK06      TTACGATCAATCCCTAAATAAACTAGGAGGAGT-----
Clustal Consensus *****

```

EK 13. Akkaraman koyunu D-loop bölgesi DNA dizi bilgileri

```

                250       260       270       280       290       300
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      TATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGTACGTACATAGTATTA
AK06          -----TAGTATTA
AK12          -----TAGTATTA
AK04          -----TAGTATTA
AK10          -----TAGTATTA
AK01          -----TAGTATTA
AK08          -----TAGTATTA
AK05          -----TAGTATTA
AK11          -----TAGTATTA
AK16          -----TAGTATTA
AK02          -----TAGTATTA
AK03          -----TAGTATTA
AK09          -----TAGTATTA
AK07          -----TAATATTA
AK13          -----TAATATTA
AK15          -----TAATATTA
AK14          -----TAATATTA
Clustal Consensus      ** * ** **

```

```

                310       320       330       340       350       360
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK06          ATGTAACATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK12          ATGTAACATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK04          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGC
AK10          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCTCATGCATATAAGC
AK01          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK08          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK05          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK11          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK16          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK02          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK03          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK09          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK07          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK13          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK15          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
AK14          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
Clustal Consensus      *****

```

```

                370       380       390       400       410       420
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      ACGTACATAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK06          ACGTACATAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK12          ACGTACATAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK04          ACGTACATAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK10          ACGTACATAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK01          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK08          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK05          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK11          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK16          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK02          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK03          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK09          ACGTATATTAGTATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK07          ACGTACAT-AA-TATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK13          ACGTACAT-AA-TATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK15          ACGTACAT-AA-TATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
AK14          ACGTACAT-AA-TATTAAATGTAAATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
Clustal Consensus      *** * ** * *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_001941  CCTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK06      CCTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK12      CCTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK04      CCTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK10      CCTCATGCATATAAGCACGTACATAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK01      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK08      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK05      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK11      CCTCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK16      CCTCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTACATGTATAAAG
AK02      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK03      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAGAG
AK09      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAGAG
AK07      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA-TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK13      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA-TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK15      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA-TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
AK14      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA-TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_001941  TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK06      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK12      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK04      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK10      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK01      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK08      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK05      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK11      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK16      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK02      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK03      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK09      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK07      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK13      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK15      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
AK14      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
Clustal Consensus *****

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_001941  GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK06      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK12      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK04      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK10      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK01      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK08      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK05      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK11      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK16      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK02      GGGCATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK03      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK09      GGA-CATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK07      GGA-CATTTGAGCTGCTTGCCCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK13      GGA-CATTTGAGCTGCTTGCCCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK15      GGGCATTTGAACTGCTTAAACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
AK14      GGGCATTTGAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
Clustal Consensus *****

```



```

                610           620           630           640           650           660
NC_001941      . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
AK06           CGTATCCCTGTCCAATTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK12           CGTATCCCTGTCCAATTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK04           CGTATCCCTGTCCAATTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK10           CGTATCCCTGTCCAATTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK01           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK08           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK05           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK11           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK16           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK02           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK03           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK09           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK07           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK13           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK15           CATATCCCTGCCACTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
AK14           CGTATCCCTGTCCAATTAGATCAGGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
Clustal Consensus * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

                670           680           690           700           710           720
NC_001941      . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
AK06           TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK12           TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK04           TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK10           TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK01           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK08           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK05           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK11           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK16           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK02           TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK03           TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK09           TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK07           TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK13           TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK15           TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
AK14           TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCATTAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
Clustal Consensus * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

                730           740           750           760           770           780
NC_001941      . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
AK06           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK12           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK04           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK10           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK01           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK08           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK05           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK11           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK16           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK02           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK03           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK09           ATTTTAAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK07           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK13           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK15           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
AK14           ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTTCCTCAGGGCCATCTCATCTAAAAATCGCCCACTCTTT
Clustal Consensus * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

```

          790      800      810      820      830      840
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK06       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK12       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK04       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK10       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK01       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK08       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK05       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK11       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK16       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK02       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK03       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK09       CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK07       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK13       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK15       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
AK14       CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
Clustal Consensus  ** *****

```

```

          850      860      870      880      890      900
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK06       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK12       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK04       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK10       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK01       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK08       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK05       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK11       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK16       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK02       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK03       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK09       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK07       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK13       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK15       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
AK14       TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
Clustal Consensus  *****

```

```

          910      920      930      940      950      960
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
AK06       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK12       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK04       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK10       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK01       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK08       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK05       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK11       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK16       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK02       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK03       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK09       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK07       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK13       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK15       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
AK14       CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
Clustal Consensus  *****

```

EK 14. İvesi koyunu 12S rRNA geni DNA dizi bilgileri

```

          130       140       150       160       170       180
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941  ACAC TCTT GTAG CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV14      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV15      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV12      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV09      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV07      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV05      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV03      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV06      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV08      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV13      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV16      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV11      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV10      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV04      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV02      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
IV01      ----- CTACA ACGC CTTG CTTAA ACCAC ACCCCC ACGGG AGAC AGCAG TAA CA
Clustal Consensus *****

```

```

          190       200       210       220       230       240
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941  AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV14      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV15      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV12      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV09      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV07      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV05      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV03      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV06      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV08      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV13      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV16      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV11      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV10      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV04      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV02      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
IV01      AAAA TTAAG CCA TAAAC GAAAG TTTG ACTA AGTCA TATT GACC AGGGT TGGT AAAAT CTCG
Clustal Consensus *****

```

```

          250       260       270       280       290       300
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941  TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV14      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV15      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV12      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV09      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV07      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV05      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV03      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV06      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV08      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV13      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV16      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV11      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV10      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV04      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV02      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
IV01      TGCC AGCC ACCG CCGT CATAC GATTG ACCCA AGCTAAC AGGAGTAC GGCCTAA AGCGTGT
Clustal Consensus *****

```

```

          310      320      330      340      350      360
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV15      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV12      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV09      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV07      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV05      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV03      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV06      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV08      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV13      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV16      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV11      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV10      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV04      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV02      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
IV01      TAAAGCATCATACTAAATAGAGTTAAATTTTAATTAACCTGTAAAAAGCCATAAATTATAA
Clustal Consensus *****

```

```

          370      380      390      400      410      420
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV15      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV12      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV09      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV07      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV05      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV03      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV06      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV08      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV13      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV16      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV11      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV10      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV04      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV02      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
IV01      CAAAAATAAATGACGAAAGTAACCCACAAATAGCTGATACACCATAGCTAAGACCCAAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV15      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV12      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV09      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV07      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV05      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV03      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV06      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV08      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV13      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV16      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV11      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV10      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV04      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV02      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
IV01      TGGGATTAGATACCCCACTATGCTTAGCCCTAAACACAAATAAATTAAGAAACAAAATTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV15      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV12      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV09      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV07      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV05      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV03      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV06      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV08      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV13      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV16      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV11      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV10      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV04      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV02      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
IV01      TTCGCCAGAGTACTACCGCAACAGCCCGAAACTCAAAGGACTTGGCGGTGCTTTATACC
Clustal Consensus *****

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV15      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV12      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV09      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV07      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV05      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV03      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV06      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV08      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV13      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV16      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV11      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV10      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV04      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV02      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
IV01      CTTCTAGAGGAGCCTGTTCTATAATCGATAAAACCCCGATAAACTCACC AATCCTTGCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          610      620      630      640      650      660
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV15      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV12      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV09      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV07      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV05      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV03      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV06      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV08      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV13      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV16      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV11      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV10      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV04      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV02      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
IV01      ATACAGTCTATATACCGCCATCTTCAGCAAACCC TAAAAAAGGGACAAAAGTAAGCTCAA
Clustal Consensus *****

```

```

        670      680      690      700      710      720
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV15      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV12      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV09      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV07      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV05      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV03      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV06      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV08      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV13      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV16      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV11      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV10      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV04      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV02      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
IV01      TAATAACACATAAAGACGTTAGGTC AAGGTGTAACCTATGGAGTGGGAAGAAATGGGCTA
Clustal Consensus *****

```

```

        730      740      750      760      770      780
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV15      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV12      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV09      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV07      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV05      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV03      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV06      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV08      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV13      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV16      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV11      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV10      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV04      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV02      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
IV01      CATTTTCTACCCAAGAAAATTTAATACGAAAGCCATTATGAAATTAATAGCCAAAGGAGG
Clustal Consensus *****

```

```

        790      800      810      820      830      840
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV14      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV15      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV12      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV09      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV07      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV05      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV03      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV06      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV08      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV13      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV16      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV11      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV10      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV04      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV02      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
IV01      ATTTAGCAGTAAACTAAGAAATAGAGTGCTTAGTTGAATCAGGCCATGAAGCACGCACACA
Clustal Consensus *****

```

	850	860	870	880	890	900
NC_001941	CCGCCC	TCACCT	CCTCAAGT	AAATAT	GTACTT	AAACCTATT
IV14	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV15	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV12	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV09	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV07	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV05	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV03	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV06	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV08	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV13	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV16	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV11	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV10	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV04	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV02	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
IV01	CCGCCC	T-----	-----	-----	-----	-----
Clustal Consensus	*****	-----	-----	-----	-----	-----

EK 15. İvesi koyunu *Cyt b* geni DNA dizi bilgileri

```

                250       260       270       280       290       300
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      TATATACACGCAAACGGGGCATCAATATTTTATCTGCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV02          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV04          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV09          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV10          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV12          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV14          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV01          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV07          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV05          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV06          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV11          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV15          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV03          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV13          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV16          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
IV08          -----GCCATTTATGCATGTAGGACGA
Clustal Consensus *****

```

```

                310       320       330       340       350       360
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV02          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV04          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV09          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV10          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV12          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV14          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV01          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV07          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV05          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV06          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV11          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV15          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV03          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV13          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV16          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
IV08          GGCCATACTATGGATCATATACCTTCCTAGAAACATGAAACATCGGAGTAATCCTCCTA
Clustal Consensus ***** **

```

```

                370       380       390       400       410       420
    . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . | . . . . |
NC_001941      TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV02          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV04          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV09          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV10          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV12          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV14          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV01          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV07          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV05          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV06          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV11          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV15          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV03          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV13          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV16          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTACGTCTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
IV08          TTTGCGACAATAGCCACAGCATTTCATAGGCTATGTTTACCATGAGGACAAATATCATTTC
Clustal Consensus ***** **

```



```

          430      440      450      460      470      480
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV04      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV09      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV10      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV12      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV14      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV01      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV07      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV05      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV06      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV11      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV15      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV03      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV13      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV16      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
IV08      TGAGGAGCAACAGTTATTACCAACCTCCTTTCAGCAATTCATATATTGGCACAAACCTA
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV04      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV09      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV10      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV12      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV14      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV01      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV07      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV05      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV06      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV11      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV15      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV03      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV13      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV16      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
IV08      GTCGAATGAATCTGGGAGGATTCTCAGTAGACAAAGCTACCCCTACCCCGATTTTTCGCC
Clustal Consensus *****

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV04      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV09      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV10      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV12      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV14      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV01      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV07      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV05      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV06      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV11      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV15      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV03      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV13      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV16      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
IV08      TTTCACCTTTATTTCCCATTCATCATCGCAGCCCTCGCCATAGTTACCTACTCTTCCTC
Clustal Consensus *****

```

```

          610          620          630          640          650          660
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV04      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV09      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV10      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV12      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV14      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV01      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV07      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV05      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV06      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV11      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV15      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV03      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV13      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV16      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
IV08      CACGAAACAGGATCCAACAACCCCAAGGAATTCCATCGGACACAGATAAAAATCCCTTC
Clustal Consensus *****

```

```

          670          680          690          700          710          720
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV04      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV09      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV10      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV12      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV14      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV01      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV07      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV05      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV06      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV11      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV15      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV03      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV13      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV16      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
IV08      CACCCTTATTACACCATTAAGACATCCTAGGTGCTATCCACTAATCCTCATCCTCATG
Clustal Consensus ***** ** *****

```

```

          730          740          750          760          770          780
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV02      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV04      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV09      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV10      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV12      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV14      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV01      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV07      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV05      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV06      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV11      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV15      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV03      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV13      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV16      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
IV08      CTACTAGTACTATTACGCCTGACTTACTCGGAGACCCAGACAACACACCCAGCAAAAC
Clustal Consensus *****

```

```

          790      800      810      820      830      840
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGAAATGATACTTCTATTGCGTACGCAATC
IV02      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV04      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV09      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV10      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV12      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV14      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV01      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV07      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV05      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV06      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV11      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV15      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV03      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV13      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV16      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
IV08      CCACTTAACACTCCCCCTCACATCAAACCTGA-----
Clustal Consensus *****

```

EK 16. İvesi koyunu D-loop bölgesi DNA dizi bilgileri

```

                250      260      270      280      290      300
NC_001941      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
TATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGTACGTACATAGTATTA
IV06          -----TAGTATTA
IV13          -----TAGTATTA
IV14          -----TAGTATTA
IV01          -----TAGTATTA
IV02          -----TAGTATTA
IV07          -----TAGTATTA
IV08          -----TAGTATTA
IV10          -----TAGTATTA
IV15          -----TAGTATTA
IV04          -----TCGTAT-A
IV05          -----TAGTATTA
IV09          -----TAATATTA
IV11          -----TAGTATTA
IV16          -----TAATATTA
IV03          -----TAGTATTA
IV12          -----TAGTATTA
Clustal Consensus          *      ***

```

```

                310      320      330      340      350      360
NC_001941      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV06          ATGTAATATAGGCATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV13          ATGTAATATAGACATTACATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV14          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV01          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGT
IV02          ATGTAATACAGACATTATATGTATAGAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV07          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV08          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV10          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV15          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV04          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV05          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV09          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV11          ATGTAATACAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV16          ATGTAATACAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV03          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
IV12          ATGTAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTACCCATGCATATAAGC
Clustal Consensus          ***** * ***** ***** ***** ***** ***** *****

```

```

                370      380      390      400      410      420
NC_001941      ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
ACGCACAT-AGTATTAATGTAAATCAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV06          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGGCATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV13          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTACATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV14          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV01          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV02          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATCAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV07          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV08          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV10          ACGTATATTAGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV15          ACGTATATTAGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV04          ACGTATATTAGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV05          ACGGACAT-AAATTTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV09          ACGTACAT-AAATTTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV11          ACGTACAT-AAATTTAATGTAAATCAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV16          ACGTACAT-AAATTTAATGTAAATCAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV03          ACGTACAT-AGTATTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
IV12          ACGCACAT-AAATTTAATGTAAATATAGACATTATATGTATAAAGTACATTAAATGATTTA
Clustal Consensus          *** * * * * ***** ***** ***** *****

```

```

          430      440      450      460      470      480
NC_001941  CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV06      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV13      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV14      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTACTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV01      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV02      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAAAG
IV07      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV08      CCTCATGCATATAAGCACGTACAT-AGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV10      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV15      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATGTAGACATTATATGTATAAAG
IV04      CCCCATGCATATAAGCACGTATATTAGTATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV05      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV09      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV11      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAAAG
IV16      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATACAGACATTATATGTATAAAG
IV03      CCCCATGCATATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
IV12      CCCCATGCGTATAAGCACGTACAT-AA TATTAATGTAATATAGACATTATATGTATAAAG
Clustal Consensus *****

```

```

          490      500      510      520      530      540
NC_001941  TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV06      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV13      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV14      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV01      TACATTTAAGTGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV02      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV07      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTATTTCACTGAAGCATGTA
IV08      TACATTTAAGTGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTTGTTTCACTGAAGCATGTA
IV10      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTCGTTTCACTTAAAGCACGTA
IV15      TACATTTAAGTGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTCGTTTCACTTAAAGCACGTA
IV04      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTCGTTTCACTTAAAGCACGTA
IV05      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCATATAAGCATGTACATTCGTTTCACTGAAGCATATA
IV09      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCGTATAGGCATGTACATTCACCTTCACTGAAGCATATA
IV11      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCGTATAGGCATGTACATTCACCTTCACTGAAGCATATA
IV16      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCGTATAGGCATGTACATTCATTTCACTGAAGCATATA
IV03      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCGTATAGGCATGTACATTCACCTTCACTGAAGCATATA
IV12      TACATTTAAATGATTTACCCCATGCGTATAAGCATGTACATTCACCTTCACTGAAGCATATA
Clustal Consensus *****

```

```

          550      560      570      580      590      600
NC_001941  GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV06      GGGTATTTAAATGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV13      GGGTATTTAAATGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV14      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV01      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV02      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV07      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV08      GGGTATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV10      GGACATTTAAATGCTTGATCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV15      GGACATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV04      GGACATTTAACTGCTTGACCGTACATAGTACATAAAGTCAAATCCATTCTAGTCAACATG
IV05      GGGCATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
IV09      GGGCATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
IV11      GGGCATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
IV16      GGACATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
IV03      GGGCATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
IV12      GGGCATTGAACGCTTGACCGTACATAGTACATGAAGTCAAATCCGTCCTAGTCAACATG
Clustal Consensus *****

```

```

          610          620          630          640          650          660
NC_001941  ....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
IV06       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV13       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV14       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV01       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV02       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV07       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV08       CGTATCCTGTCCAATTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV10       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV15       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV04       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV05       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV09       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV11       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV16       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV03       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
IV12       CATATCCTGCCCACTAGATCACGAGCTTGTTCAACCATGCCGCGTGAAACCAACAACCCGC
Clustal Consensus * ***** * *** *****

```

```

          670          680          690          700          710          720
NC_001941  ....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
IV06       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV13       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV14       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV01       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV02       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV07       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV08       TCAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV10       T-GGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV15       TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV04       TTGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV05       TTAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV09       TTAGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV11       TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV16       TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV03       TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
IV12       TTGGCAAGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCAATAACTGTGGGGTAACTATTTAATGA
Clustal Consensus * *** ***** * *****

```

```

          730          740          750          760          770          780
NC_001941  ....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
IV06       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV13       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV14       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV01       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV02       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV07       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV08       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV10       ATTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV15       ATTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV04       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV05       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV09       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV11       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV16       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV03       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
IV12       ACTTTAACAGGCATCTGGTTCTTCTTCAGGGCCATCTCACTAAAAATCGCCCACTCTTT
Clustal Consensus * ***** * *****

```

```

          790      800      810      820      830      840
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV06      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV13      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV14      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV01      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV02      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV07      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV08      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV10      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV15      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV04      CCCCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV05      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV09      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV11      CCTCTTAAATAAGACATCTCGA--GGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV16      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV03      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
IV12      CCTCTTAAATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCCTAACATAACTG
Clustal Consensus  ** *****

```

```

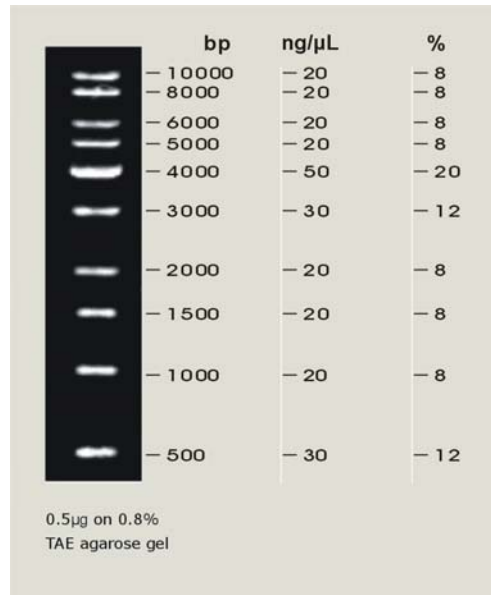
          850      860      870      880      890      900
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV06      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV13      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV14      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV01      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV02      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV07      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV08      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV10      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV15      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV04      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV05      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV09      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV11      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV16      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV03      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
IV12      TGGTGTCAATGCATTTGGTATTTTTTAAATTTTTGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGT
Clustal Consensus  *****

```

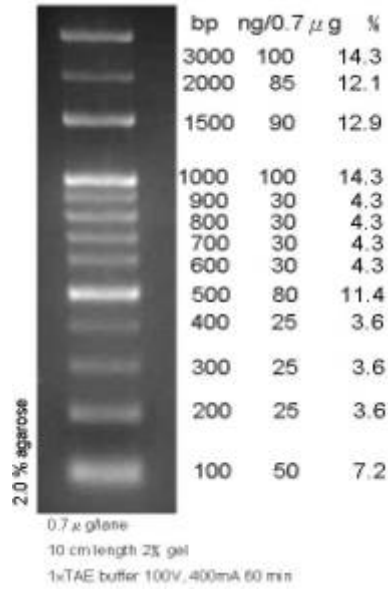
```

          910      920      930      940      950      960
NC_001941  ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|
IV06      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV13      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV14      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV01      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV02      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV07      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV08      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV10      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV15      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV04      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV05      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV09      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV11      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV16      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV03      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
IV12      CTGAGGCCCGACCCGGAGCA-----
Clustal Consensus  *****

```



(a) 1 kb ladder



(b) 100 bç ladder