



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE’DE BULUNAN *LEIURUS ABDULLAHBAYRAMI* YAĞMUR,
KOÇ & KUNT 2009 (SCORPIONES: BUTHIDAE)
POPÜLASYONLARININ GENOTİPLENDİRİLMESİ VE
VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ**

Hüseyin AYHAN

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

HATAY
ARALIK-2015



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE’DE BULUNAN *LEIURUS ABDULLAHBAYRAMI* YAĞMUR,
KOÇ & KUNT 2009 (SCORPIONES: BUTHIDAE)
POPÜLASYONLARININ GENOTİPLENDİRİLMESİ VE
VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ**

Hüseyin AYHAN

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

HATAY
ARALIK-2015

T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE'DE BULUNAN *LEIURUS ABDULLAH BAYRAMI* YAĞMUR, KOÇ &
KUNT, 2009 (SCORPIONES: BUTHIDAE) POPÜLASYONLARININ
GENOTİPLENDİRİLMESİ VE VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ**

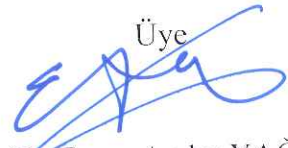
HÜSEYİN AYHAN
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

Doç.Dr. Erol ATAY danışmanlığında hazırlanan bu tez 25/12/2015 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından OYBİRLİĞİ ile kabul edilmiştir.


Doç.Dr. Erol ATAY
Başkan


Doç.Dr. Ahmet KASAPOĞLU

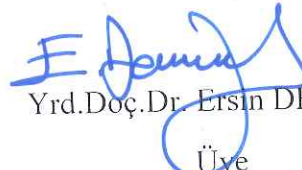
Üye


Doç.Dr. Ersen Aydın YAĞMUR

Üye


Doç.Dr. Ahmet ÇARHAN

Üye


Yrd.Doç.Dr. Ersin DEMİREL

Üye

Kod No:

Prof. Dr. Okan ŞENER

Enstitü Müdürü

Bu çalışma MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 13982

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.

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını ve tez üzerinde Yükseköğretim Kurulu tarafından hiçbir değişiklik yapılamayacağı için tezin bilgisayar ekranında görüntülendiğinde asıl nüsha ile aynı olması sorumluluğunun tarafıma ait olduğunu beyan ederim.

Hüseyin AYHAN

ÖZET

TÜRKİYE’DE BULUNAN *LEIURUS ABDULLAHBAYRAMI* YAĞMUR, KOÇ & KUNT 2009 (SCORPIONES: BUTHIDAE) POPÜLASYONLARININ GENOTİPLENDİRİLMESİ VE VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

Akrepler, hayvanlar aleminin Arthropoda şubesi, Chelicerata altşubesi, Arachnida sınıfı, Scorpiones takımında yer alan eklembacaklılardır. Akrepler çoğu zaman kendilerini korumak amacıyla, insan ve hayvanları sokarak zehirlenme ve ölümlere neden olabilirler. *Leiurus* cinsinden *Leiurus abdullahbayrami* skorpionizm vakalarında çok önemli bir akrep türüdür. Türkiye’de yeni tanımlanmış olan *Leiurus abdullahbayrami* dünyanın en toksik zehire sahip akreplerinden birisidir. Hatay, Kilis, Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman ve Mardin illerinde yapılan arazi çalışmaları sonucunda toplanan *Leiurus abdullahbayrami* türüne ait bireylerin farklı lokalitelerde farklı morfolojik renklere sahip olduğu belirlenmiş ve renk farklılığının bulunduğu illere göre değiştiği gözlemlenmiştir.

Bu tez çalışmasında *Leiurus abdullahbayrami*, türünün genotiplendirilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmamızda, Hatay, Kilis, Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman ve Mardin illerinde yapılan arazi çalışmaları sonucunda elde edilen örneklerden mitokondriyal DNA’ları izole edilerek 16S rRNA dizilimi belirlenmiş ve diğer akrep türlerle filogenetik ilişkisi ortaya konmuştur.

Sonuç olarak, *Leiurus abdullahbayrami* türüne ait mitokondriyal DNA 16S sekans verisi ilk defa ortaya konulmuştur ve diğer türlerle bu sekans verileri karşılaştırılmıştır. İlave olarak, *Leiurus abdullahbayrami*’ye ait DNA dizi verileri GenBank’a sunulmuştur.

2015, 154 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Leiurus abdullahbayrami*, moleküler filogeni, PCR, akrep, Türkiye

ABSTRACT

DETERMINING THE VARIATIONS AND GENOTYPING THE POPULATIONS OF *LEIURUS ABDULLAHBAYRAMI* YAĞMUR, KOÇ& KUNT 2009 (SCORPIONES: BUTHIDAE) IN TURKEY

Scorpiones are arthropods located scorpiones team, arachnida classis, chelicerata subphylum, Arthropoda phylum of animale regnum. Mostly, scorpions to protect itself, bite human and animal, cause to poisoning and death. *Leiurus abdullahbayrami* belonging to *Leiurus* genus is a very significant scorpion in scorpionism cases. *Leiurus abdullahbayrami* which is a species of scorpions newly identified in Turkey one of the most toxic venom of scorpiones worldwide. The field studies data from Hatay, Kilis, Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman and Mardin provinces show that individuals belonging to *Leiurus abdullahbayrami* have different morphological colours in different localities. It has been also observed that the colour variety changes according to localities.

The aim of this study is to determine the phylogenetic position and genotyping *Leiurus abdullahbayrami*. To show this, the mitochondrial DNA has been isolated from the field studies samples of Hatay, Kilis, Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman and Mardin. First, the DNA sequence analysis has been performed to 16S rRNA region, later the sequence data was phylogenetically aligned with the other scorpion species

In this study, the mitochondrial DNA for 16S rRNA sequence data of *Leiurus abdullahbayrami* species has been revealed for the first time and has been compared with the other species. The DNA sequence data of *Leiurus abdullahbayrami* have been submitted to GenBank.

2015, 154 pages

Key Words: *Leiurus abdullahbayrami*, molecular phylogeny, PCR, scorpion, Turkey

TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmasının ve projenin yürütülmesinde çalışma olanağı sağlayan, çalışmalarımı yönlendiren, her konuda bilgi, öneri ve yardımlarını esirgemeyen, eksiksiz desteklerini almış olduğum danışman hocam Doç. Dr. Erol ATAY'a, projenin ve tezin yürütülmesi sırasında tecrübelerini esirgemedi paylaşan, moleküler teknikler konusunda önemli bilgi ve deneyimler edindiğim ayrıca çalışmamın her aşamasında değerli katkı ve enerjisini esirgemeyen, değerli hocam Doç. Dr. Ahmet ÇARHAN'a ve Tez İzleme Komitesinde bulunan doktora çalışmama her açıdan destek olan Doç. Dr. Özcan ÖZKAN'a ve Doç.Dr. Ahmet KASAPOĞLU'na, laboratuvar çalışmaları sırasında yardımlarını esirgemeyen değerli hocam Dr. Bekir ÇELEBİ'ye, arazi çalışmalarında bana yardımcı olan ve akademik deneyimlerinden istifade ettiğim Doç. Dr. Ersen Aydın YAĞMUR'a, tez çalışmaları sırasında tüm bölüm olanaklarından yararlanmamı sağlayan MKÜ Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölüm Başkanlığı'na, maddi destek veren MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonuna (Proje No: 13982) ve isimlerini burada zikredemediğim ama yardımlarını esirgememiş herkese içten teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmalarım esnasında her konuda babalarına destek ve yardımcı olan oğlum Ahmet Faik AYHAN ve kızım Zeynep Sude AYHAN'a, bu güzel çocukları dünyaya getirerek hayatımıza katan, tez çalışmalarım boyunca bana her konuda destek olan ve bugünlere gelmemde önemli payı olan sevgili eşim Havva AYHAN'a teşekkür ederim.

Ayrıca bu doktora tez çalışmasını rahmetli annem Anzilha AYHAN ve babam Ahmet AYHAN'a ithaf ediyorum.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	I
ABSTRACT.....	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	VII
ÇİZELGELER DİZİNİ	XIII
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	XVI
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	6
3. MATERYAL VE YÖNTEM	11
3.1 Materyal.....	11
3.1.1 Araştırma Alanı.....	11
3.1.2 Materyallerin Toplanması ve Değerlendirilmesi	13
3.1.3 <i>Leiurus abduhbayrami</i> 'nin Taksonomisi.....	13
3.1.4 <i>Leiurus abduhbayrami</i> 'de Renk	13
3.1.5 Genetik Çalışmalar	15
3.1.5.1 DNA'nın Ekstrakte Edilmesi	15
3.1.5.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction - PCR).....	17
3.1.5.3 PCR Amplifikasyonunda Kullanılan Malzeme ve Kimyasallar	19
3.1.5.4 PCR Ürününün Jel Elektroforezde Bantların Görüntülenmesinde Kullanılan	20
3.1.5.5 Sekanslama.....	21
3.1.5.6 DNA Dizi Analizi Yöntemi	22
3.1.5.7 Genetik Analiz ve Yöntemleri	22
3.1.5.8 Filogenetik Analiz ve Moleküler Sistematiği	23
3.1.5.9 Filogenetik Ağaç	25
3.2 Yöntem	26
3.2.1 Örneklerin Toplanması	26
3.2.2 Uygulanan Genetik Teknikler.....	27
3.2.2.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA)	27
3.2.2.2 Mitokondriyal DNA (mtDNA)'nın İzolasyonu	29
3.2.2.3 DNA Miktarının Belirlenmesi.....	30
3.2.2.4 Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi ile Bantların Görüntülenmesi	30
3.2.2.5 PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu	31
3.2.2.6 PCR Agaroz Jel Elektroforez ve Spesifik Bantların Görüntülenmesi	32
3.2.2.7 Spesifik Bantların Görüntülenmesi	32
3.2.2.8 PCR Ürünün Pürifikasyonu.....	32

3.2.2.9 Pürifiye PCR Ürünün Sekanslama	33
3.2.2.10 Nükleotid Dizi Eşleme ve Filogenetik Analiz	33
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA	34
4.1 Örnekler	34
4.2 Habitat	34
4.3 Moleküler Genetik Analizi Gruplandırma.....	35
4.4 DNA Örnek Konsantrasyonları	35
4.5 DNA'ların Jel Görüntüleri.....	37
4.6 PCR Optimizasyonu ve Amplifikasyon Programı	37
4.7 PCR Ürün Görüntülenmesi	38
4.8 DNA Dizilerinin Eşleştirilmesi (Aligment)	38
4.8.1 A Grubuna (Gaziantep) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri	39
4.8.1.1 A1 Örneği	43
4.8.1.2 A2 Örneği.....	46
4.8.1.3 A3 Örneği.....	50
4.8.1.4 A4 Örneği.....	53
4.8.1.5 A5 Örneği.....	56
4.8.2 B Grubuna (Kilis) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri	58
4.8.2.1 B1 Örneği.....	60
4.8.2.2 B2 Örneği.....	64
4.8.3 C Grubuna (Şanlıurfa) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri	67
4.8.3.1 C1 Örneği.....	70
4.8.3.2 C2 Örneği.....	72
4.8.3.3 C3 Örneği.....	75
4.8.3.4 C4 Örneği.....	77
4.8.4 D Grubuna (Hatay) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri	79
4.8.4.1 D1 Örneği.....	81
4.8.4.2 D2 Örneği.....	83
4.8.5 E Grubuna (Mardin) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri	86
4.8.5.1 E1 Örneği	87
4.8.6 F Grubuna (Adıyaman) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri.....	90
4.8.6.1 F1 Örneği	90
4.9 Grup İçi Eşleştirme.....	93
4.9.1 A Grubu	93
4.9.2 B Grubu.....	110
4.9.3 C Grubu.....	111
4.9.4 D Grubu	114
4.9.5 E Grubu.....	115
4.9.6 F Grubu.....	116
4.10 Gruplar Arası Dizi Eşleşmesi	116

4.11 <i>Leiurus quinquestriatus</i> 'un (Gen Bank Acc. Number AY226174.2) Nükleotid Dizisi ile Eşleştirme	127
4.12 Filogenetik Analiz	131
4.12.1 Grup İçi Filogenetik Analiz	132
4.12.1.1 A Grubunun Filogenetik Analizi.....	133
4.12.1.2 B Grubunun Filogenetik Analizi.....	134
4.12.1.3 C Grubunun Filogenetik Analizi.....	134
4.12.1.4 D Grubunun Filogenetik Analizi.....	135
4.12.2 Gruplar arası Filogenetik Analiz.....	135
4.12.3 <i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'nin diğer Türlerle Olan Filogenetik Konumu....	137
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	140
KAYNAKLAR	148
ÖZGEÇMİŞ	154

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1	<i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'nin Türkiye'den tespit edilen yerler.....	11
Şekil 3.2	<i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'nin habitatu	12
Şekil 3.3	<i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'da genel görünüm.....	14
Şekil 3.4	<i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'de renk varyasyonu	14
Şekil 3.5	<i>Leiurus abdullahbayrami</i> 'de karapaks çeşitleri	15
Şekil 3.6	Denatürasyon	18
Şekil 3.7	Bağlanma	19
Şekil 3.8	Uzama	19
Şekil 3.9	DNA sekans diziliminin şeması.....	22
Şekil 3.10	Mitokondrial DNA	28
Şekil 4.1	Çalışma örneklerinin görünümü	34
Şekil 4.2	Örneklerin toplandığı alanlardan bir bölge	35
Şekil 4.3	İzole edilen DNA'ların jel görüntüsü	37
Şekil 4.4	Çalışmada kullanılan örneklerin primer F ve Primer R ile elde edilen PCR amplifikasyon ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü	38
Şekil 4.5	PCR sekans ürünün primer F 21. – R 341. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü A. PCR sekans ürünün primer F 21. – R 341. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 26. – R 336. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	45
Şekil 4.6	A. PCR sekans ürünün primer F 321. – R 42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 335/342 – R 35/32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	45
Şekil 4.7	PCR sekans ürünün primer F 342. – R 25. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	45
Şekil 4.8	A. PCR sekans ürünün primer F 76-77. – R 87-86. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 92,97. – R 271,266. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	48
Şekil 4.9	A. PCR sekans ürünün primer F 107. – R 257. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 127. – R 237. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	48
Şekil 4.10	A. PCR sekans ürünün primer F 138. – R 226. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 154. – R 210. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	48
Şekil 4.11	A. PCR sekans ürünün primer F 174. – R 191. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 321-322. – R 44-43. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	49
Şekil 4.12	A. PCR sekans ürünün primer F 334. – R 31. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün	

	primer F 355,352,351,348,343. – R 10,13,14,17,22. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.	49
Şekil 4.13	A. PCR sekans ürünün primer F 16-21. – R 325-320. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 30-39. – R 311-302. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	51
Şekil 4.14	A. PCR sekans ürünün primer F 81. – R 264. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 252. – R 92. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	52
Şekil 4.15	A. PCR sekans ürünün primer F 287. – R 57. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 309. – R 33. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	52
Şekil 4.16	PCR sekans ürünün primer F 316-302. – R 28-24. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	52
Şekil 4.17	A. PCR sekans ürünün primer F 30,32. – R 332,330. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 41,43. – R 321,319. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	54
Şekil 4.18	A. PCR sekans ürünün primer F 53. – R 309. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 330,333. – R 35,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	55
Şekil 4.19	PCR sekans ürünün primer F 340,344. – R 25,21. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	55
Şekil 4.20	A. PCR sekans ürünün primer F 340,344. – R 25,21. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 30,33. – R 301,298. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	57
Şekil 4.21	Şekil 4.21 A. PCR sekans ürünün primer F 41. – R 312. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 52. – R 323. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	57
Şekil 4.22	A. PCR sekans ürünün primer F 77. – R 261. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 264. – R 75. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	57
Şekil 4.23	A. PCR sekans ürünün primer F 279. – R 60. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 293,297. – R 46,42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	58
Şekil 4.24	A. PCR sekans ürünün primer F 13,19,25,27,33. – R 355,349,343,341,335. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 70,71. – R 301,300. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.	61

Şekil 4.25	A. PCR sekans ürünün primer F 94,96,97,102,107. – R 277,275,274,269,264. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 124. – R 246. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....62	62
Şekil 4.26	A. PCR sekans ürünün primer F 147. – R 223. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 165,169,174. – R 206,210,215. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü62	62
Şekil 4.27	A. PCR sekans ürünün primer F 180,181,182,185. – R 221,222,223,226. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 196. – R 175. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....62	62
Şekil 4.28	A. PCR sekans ürünün primer F 229,243. – R 142,129. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 261. – R 111. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü63	63
Şekil 4.29	A. PCR sekans ürünün primer F 270. – R 102. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 279. – R 93. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....63	63
Şekil 4.30	A. PCR sekans ürünün primer F 289,290,298. – R 83,82,74. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 318,322,327. – R 53,49,44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....63	63
Şekil 4.31	PCR sekans ürünün primer F 334,339,345,346,348,354. – R 37,32,26,25,23,17. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....64	64
Şekil 4.32	A. PCR sekans ürünün primer F 21,26,34,38. – R 346,341,333,329. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 43,54. – R 324,313. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.65	65
Şekil 4.33	A. PCR sekans ürünün primer F 257. – R 109. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 315. – R 51. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....66	66
Şekil 4.34	PCR sekans ürünün primer F 330,336,338,344,350. – R 24,18,16,10,4. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü66	66
Şekil 4.35	A. PCR sekans ürünün primer F 34,41,43. – R 331,324,322. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 34,41,43. – R 331,324,322. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....71	71
Şekil 4.36	36 PCR sekans ürünün primer F 341,342,343,345,355,356. – R 25,24,23,21,11,10. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....71	71
Şekil 4.37	A. PCR sekans ürünün primer F 13,17,27,35. – R 350,346,341,333. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B.	

	PCR sekans ürünün primer F 42. – R 326. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	73
Şekil 4.38	A. PCR sekans ürünün primer F 42. – R 326. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 354,351,340,337,334. – R 36,33,30,19,16. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	74
Şekil 4.39	A. PCR sekans ürünün primer F 20,25. – R 341,336. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 42. – R 319. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	76
Şekil 4.40	A. PCR sekans ürünün primer F 316. – R 42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 334,337,338,344,347. – R 27,24,23,17,14. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	76
Şekil 4.41	A. PCR sekans ürünün primer F 17,21. – R 351,347. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 317,324. – R 51,44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	78
Şekil 4.42	PCR sekans ürünün primer F 334,340,342,346,349,354. – R 35,29,27,23,20,15. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	78
Şekil 4.43	A. PCR sekans ürünün primer F 29,36,38. – R 311,304,302. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 299. – R 44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	82
Şekil 4.44	A. PCR sekans ürünün primer F 19. – R 342. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 49. – R 312. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	84
Şekil 4.45	A. PCR sekans ürünün primer F 156. – R 205. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 230. – R 131. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	85
Şekil 4.46	A. PCR sekans ürünün primer F 253,258. – R 108,103. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 290,304,308. – R 73,59,55. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	85
Şekil 4.47	A. PCR sekans ürünün primer F 311,317,321. – R 52,58,62. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 328,332,336. – R 37,33,29. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	85
Şekil 4.48	A. PCR sekans ürünün primer F 31,34. – R 335,332. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 108. – R 259. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	88
Şekil 4.49	A. PCR sekans ürünün primer F 318. – R 49. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün	

	primer F 335,338,345. – R 24,31,34. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	89
Şekil 4.50	A. PCR sekans ürünün primer F 19,22,28. – R 233,239,242. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 42,45. – R 216,219. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	91
Şekil 4.51	A. PCR sekans ürünün primer F 174. – R 88. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 198,204,205. – R 53,54,64. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	91
Şekil 4.52	A. PCR sekans ürünün primer F 214,220,221. – R 27,29,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 226,229,231. – R 27,29,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.....	92
Şekil 4.53	A. A1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TAAAAAAT” pozisyonunda 6 adet “A” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A3 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TAAAAAAT” pozisyonunda 5 adet “A” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü	94
Şekil 4.54	A. A1 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AATTTT” pozisyonunda 4 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AATTTT” pozisyonunda 4 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	96
Şekil 4.55	A. A1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “CTTTTTTTT” pozisyonunda 7 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “CTTTTTTTT” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	96
Şekil 4.56	A. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAATAAAGGAATTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “-CAACATCG-” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	98
Şekil 4.57	A. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AATAAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	99
Şekil 4.58	A. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAAAAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAAAGAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	99
Şekil 4.59	A. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAGCTTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “GGAATTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü	101

Şekil 4.60	A. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTCAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	102
Şekil 4.61	A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTTTTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.....	102
Şekil 4.62	Hizalanma öncesinde tüm dizilerin görüntüleri.....	131
Şekil 4.63	Hizalanmış dizilerde filogenetik analiz	132
Şekil 4.64	Filogenetik analiz verisi.....	132
Şekil 4.65	NJ metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.....	133
Şekil 4.66	UPGMA metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.....	133
Şekil 4.67	NJ metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı	134
Şekil 4.68	UPGMA metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı	134
Şekil 4.69	NJ metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı	134
Şekil 4.70	UPGMA metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı	135
Şekil 4.71	NJ metodu ile oluşturulan D grubunun soy ağacı.....	135
Şekil 4.72	UPGMA metodu ile oluşturulan D grubunun soy ağacı.....	135
Şekil 4.73	NJ metodu ile gruplar arasında oluşturulan soy ağacı	136
Şekil 4.74	UPGMA metodu ile gruplar arasında oluşturulan soy ağacı	136
Şekil 4.75	PCR sekans ürünün primer F 299. – R 44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü	138
Şekil 4.76	GenBank’da sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı	138
Şekil 4.77	DNA dizilerinin genetik mesafe değerleri	139

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1	Genetik materyallerin (DNA) büyüklüğü	16
Çizelge 3.2	PCR Reaksiyonunda Kullanılan Kimyasallar	20
Çizelge 3.3	PCR Sekansında Kullanılan Kimyasallar	20
Çizelge 3.4	Agaroz Jel Elektroforezinde Kullanılan Araç, ve Kimyasallar	21
Çizelge 3.5	PCR protokolü	32
Çizelge 4.1	Moleküler Genetik Analizi Gruplandırma	35
Çizelge 4.2	Çalışmada kullanılan gruplara ait DNA örneklerinin spektrofotometrik ölçümü sonuçları ve son konsantrasyonları	36
Çizelge 4.3	PCR reaksiyon programı	37
Çizelge 4.4	PCR reaksiyon karışımı	38
Çizelge 4.5	A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	39
Çizelge 4.6	A1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	44
Çizelge 4.7	A1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	46
Çizelge 4.8	A2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	47
Çizelge 4.9	A2 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	50
Çizelge 4.10	A3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	51
Çizelge 4.11	A3 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	53
Çizelge 4.12	A4 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	54
Çizelge 4.13	A4 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	55
Çizelge 4.14	A5 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	56
Çizelge 4.15	A5 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	58
Çizelge 4.16	B grubuna (Kilis) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	59
Çizelge 4.17	B1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	61
Çizelge 4.18	B1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	64
Çizelge 4.19	B2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	65
Çizelge 4.20	B2 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	66
Çizelge 4.21	C grubuna (Şanlıurfa) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	68
Çizelge 4.22	C1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	71
Çizelge 4.23	C1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	72
Çizelge 4.24	C2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	73
Çizelge 4.25	C2 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	74
Çizelge 4.26	C3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	75
Çizelge 4.27	C3 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	76
Çizelge 4.28	C4 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	78
Çizelge 4.29	C4 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	79
Çizelge 4.30	D grubuna (Hatay) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	80
Çizelge 4.31	D1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	82
Çizelge 4.32	D1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	83
Çizelge 4.33	D2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi	84
Çizelge 4.34	D2 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	86
Çizelge 4.35	E grubuna (Mardin) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	87

Çizelge 4.36	E1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	88
Çizelge 4.37	E1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi.....	89
Çizelge 4.38	F grubuna (Adıyaman) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri	90
Çizelge 4.39	F1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	91
Çizelge 4.40	F1 PCR sekans ürünlerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	92
Çizelge 4.41	A1 ile A2 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	93
Çizelge 4.42	A1 ile A3 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	94
Çizelge 4.43	A1 ile A4 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	95
Çizelge 4.44	A1 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	97
Çizelge 4.45	A2 ile A3 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	98
Çizelge 4.46	A2 ile A3 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi.....	100
Çizelge 4.47	A2 ile A4 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	101
Çizelge 4.48	A2 ile A4 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	102
Çizelge 4.49	A2 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	103
Çizelge 4.50	A2 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	104
Çizelge 4.51	A3 ile A4 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	105
Çizelge 4.52	A3 ile A4 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	105
Çizelge 4.53	A3 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	106
Çizelge 4.54	A3 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	107
Çizelge 4.55	A4 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	108
Çizelge 4.56	A4 ile A5 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	109
Çizelge 4.57	B1 ile B2 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	110
Çizelge 4.58	C1 ile C2 örneklerinin sekans verilerinin düzenleme sonunda eşleştirilmesi	111
Çizelge 4.59	C1 ile C3 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	112
Çizelge 4.60	C1 ile C4 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	113
Çizelge 4.61	D1 ile D2 örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	114
Çizelge 4.62	E1 ile E1 örneğinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	115
Çizelge 4.63	F1 ile F1 örneğinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	116
Çizelge 4.64	A ile B örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	117
Çizelge 4.65	A ile C örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	117
Çizelge 4.66	A ile D örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	118
Çizelge 4.67	A ile E örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	119
Çizelge 4.68	A ile F örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	119
Çizelge 4.69	B ile C örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	120
Çizelge 4.70	B ile D örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	121
Çizelge 4.71	B ile E örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	122
Çizelge 4.72	B ile F örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	123
Çizelge 4.73	C ile D örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	124
Çizelge 4.74	C ile E örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	124
Çizelge 4.75	C ile F örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi	125

Çizelge 4.76	D ile E örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	126
Çizelge 4.77	D ile F örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	126
Çizelge 4.78	E ile F örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	127
Çizelge 4.79	<i>Leiurus quinquestriatus</i> 'un nükleotid dizisi	127
Çizelge 4.80	A Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	128
Çizelge 4.81	B Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	128
Çizelge 4.82	C Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	129
Çizelge 4.83	D Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	129
Çizelge 4.84	E Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	130
Çizelge 4.85	F Grubu ile AY226174.2 örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi	130
Çizelge 4.86	Türkiye akrep faunasında bulunan türlerin ve <i>L. quinquestriatus</i> türünün GenBank kayıt verileri	137
Çizelge 5.1	Örneklerin sekansları	143

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

SİMGELER

A	: Adenin nükleotidi
C	: Sitozin nükleotidi
T	: Timin nükleotidi
G	: Guanin nükleotidi
COI	: Sitokrom oksidaz I
M	: Mol
mM	: Milimol
rpm	: Dakikadaki devir sayısı
U	: Ünite
g	: gram
mg	: miligram
ml	: mililitre
mA	: mili amper
µl	: mikrolitre
cm	: Santimetre
mm	: Milimetre
%	: Yüzde
°	: Derece
L	: Litre
Dk	: Dakika
ng	: Nanogram

KISALTMALAR

Bç	: Baz çifti
BLAST	: Basic Local Alignment Search Tool
°C	: Santigrat derece
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dNTP	: Deoksinükleotid trifosfat

EDTA	: Etilen diamin tetra asetik asit
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
TBE	: Tris-Borik Asit-EDTA tampon çözeltisi
MEGA	: Molecular Evolutionary Genetics Analysis
NJ	: Komşu Birleştirme Metodu
ME	: Minimum Evoluation
MP	: Maximum Parsinomy
RNA	: Ribonükleik asit
rRNA	: Ribozomal RNA
NCBI	: Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
EtBr	: Etidyum Bromür
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method with Aritmetic

1. GİRİŞ

Moleküler biyoloji tekniklerinin gelişmesiyle birlikte günümüzde genetik alanında önemli çalışmalar ortaya konmakta olup, uzun süredir filogenetik çalışmalarda bu tekniklerden yararlanılmaktadır. Bu tekniklerin son 30 yılda gösterdiği gelişim ile birlikte canlılar arasındaki moleküler yapıdaki farklılıklar daha net bir şekilde ortaya konmuştur. Türlerin ve popülasyonların arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde moleküler teknikler yoğun bir şekilde kullanılmaktadır.

Akrepler Arachnida sınıfı içinde değerlendirilen karnivor beslenen eklembacaklılardır. Akrepler doğada avcı (predatör) olarak beslendikleri için besin zincirinde üst basamaklarda yer alırlar. Bu özellikleri sebebiyle böcek popülasyonlarının dengede kalmasında ve ekolojik dengenin sağlanmasında büyük öneme sahiptirler. Aynı zamanda bazı hayvan grupları için de önemli bir av kaynağı olduklarından besin zincirinde çok önemli bir yerleri vardır. Akrepler avlanma ve korunmaya yönelik etkili olabilen zehirlere sahiptir. Bu zehirleri insanlar için zaman zaman tehlike oluştururlar. Dünya Sağlık Örgütü'nün (WHO) verilerine göre yılda ortalama 5000 insan akrep sokması sebebiyle yaşamını yitirmektedir. Akrep zehiri tatsız, şeffaf, kimyasal reaksiyonlarda asidik özellik gösteren bir sıvıdır. Akrep zehirinin etki mekanizması genellikle nörotoksik ve sitotoksik yapıdadır. Akreplerin günümüzdeki dağılımları kurak, yarı kurak bölgeler ve kırsal bölgelerdeki buzullaşma sonrası dönemler boyunca genetik izolasyon ve coğrafi ayrıma bağlı olarak gerçekleşmiştir (Crucitti 1999). Akrepler, Dünya üzerinde ılık ve nemli yerlerde yaşarlar. Ekvatora yaklaştıkça hem tür sayılarında hem de vücut büyüklüklerinde bir artış görülür. Ayrıca daha sıcak bölgelerdeki akrepler ılık bölgelerdeki akreplere göre lethal dozları daha düşük türler içermektedirler.

Akrepler bulundukları çevreye adapte olabilecek şekilde gelişim gösterirler. Akrepler yiyecek aramak ve üremek için aktif olarak hareket ederler (Stathi, 1998). Üremeleri ortamda bulunan yiyecek ve sıcaklığa bağlıdır. Genelde böcek, örümcek ve çıyanlarla beslenirler. Soğukkanlı hayvanlar arasında metabolizma hızları en düşük hayvanlardan biridir. Bu nedenle az bir yiyecek uzun süre aç kalabilmektedir. Besinlerle beraber aldıkları sıvı sayesinde uzun süre susuz da kalabilmektedirler. Akrepler gündüzleri genellikle loş ve karanlık yerlerde gizlenirler ve akreplerin özel kamuflajları

yoktur. Genellikle geceleri aktif olmalarına rağmen yağmur ormanlarında yaşayan bazı türler, ormanın karanlık olan kısımlarında gündüzleri de aktif olabilir.

Tür kavramı üzerinde bilim insanları özelliklerin seçimi ve değerlendirme yöntemleri açısından uzun yıllar tam bir fikir birliğine varamamış ve çok sayıda farklı tür kavramını ortaya atmışlardır (Stanford, 2001). Ancak günümüzde ana ilkeler bakımından tam bir fikir birliğine varılmış durumdadır. Tür; Yapısal özellikleriyle genetik karakterleri birbirine benzeyen ve yine aynı genetik karakterde yeni nesiller (jenerasyon) meydana getirebilen bireylerin tümü şeklinde biyolojik ve genetik yönden bir bütün olarak tanımlanmaktadır (Kühn, 1964; Hadorn ve Wehner, 1974). Tür topluluğunu oluşturan bireyler birçok ortak özelliğe sahiptirler ve diğer türlerden bazı özellikler bakımından değişiklik gösterirler. Aralarında genetik akrabalık bulunan aynı türün bireyleri birbirleriyle çiftleşince kendilerine benzeyen ve verimli nesil üretebilen yavrular meydana getirirler (Ergüden, 2007; Özkan,2009). Yeni türlerin oluşumunda yalıtım (izolasyon mekanizması) çok büyük bir etkiye sahiptir. Çünkü gen akışı süren popülasyonlarda tür düzeyinde farklılaşma oluşamaz. Bir popülasyonun bireyleri belirli bir süre birbirinden coğrafik olarak yalıtılmış alt popülasyonlara bölünürse, bir süre sonra kendi aralarında çiftleşme yeteneklerini kaybederek, yeni tür özelliği kazanmaya başlarlar. (Demirsoy, 1998; Ergüden, 2007; Özkan,2009). Türler genellikle kendi içerisinde fenotip ve genotip açısından farklılaşmış gruplara veya popülasyonlara bölünmüştür. Türü meydana getiren popülasyondaki bireyler, anatomik ve fizyolojik özellikleri, protein yapısı ve davranışları bakımından belirli değişimler (varyasyonlar) gösterirler. Aynı türe ait bireyler arasındaki farklılıklar, farklı türlere ait bireyler arasındaki farklılıklara göre çok daha azdır (Demirsoy, 1998, Kocataş, 2003). Bir tür, ekolojik olarak ihtiyaçlarına karşılık bulduğu sürece yayılış alanını genişletir. Genişlemiş yayılış alanı yeni bariyerlerin ortaya çıkması sebebiyle bölünebilir. Bunun sonucunda bariyerler popülasyonu alt gen havuzlarına böler. Böylece her bir gen havuzu, süreç içerisinde farklılaşmalar geçirerek yeni ve bağımsız gen havuzları ve de yeni türleri oluşturur. Ekolojik olarak tür yaşadığı habitatın koşullarında yaşamını sürdürecekt ve üreyebilecek uyumlara sahiptir. Bu açıdan türlerin yayılışı önemlidir. Yayılışlar türleşme şekilleri hakkında, türleşme şekilleri de yayılışları hakkında fikir verir (Ergüden, 2007; Özkan,2009).

Morfolojik özelliklere göre birçok türün teşhisini yapabilmek için oldukça fazla deneyim sahibi olmak gerekir. Özellikle de teşhisi zor olan türlere özgü teknikler geliştirilmesi, teşhislerinin daha kesin olarak yapılmasına olanak sağlamaktadır. Kuvvetle muhtemel yakın gelecekte türlerin teşhisinde kullanılabilecek genetik belirteçlerle tür teşhis anahtarlarının geliştirilmesi mümkün olacaktır (Fet ve Soleglad, 2002; Soleglad ve Fet, 2003a; 2003b).

Genetik tekniklerin kullanılmaya başlamadan önce, morfolojik karakterlerin farklılığının tamamıyla genetik farklılıklardan kaynaklandığı düşünülmekte ve genellikle de morfolojik özellikler kullanarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Ancak morfolojik özelliklere göre bir türün popülasyonunun tespitinde fenotipik tekniklerin kullanımı fenotipik değişimin direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlı hale gelmiştir. Belirgin ya da güvenilir morfolojik farklılıkları bulunmayan türlerin ayırt edilmesi, bazı türlerin sınıflandırılmasında kullanılabilecek morfolojik farklılıkları saptamak güç olduğundan, moleküler teknikler bu durumda yararlı karakterler olarak kullanılabilir (Ergüden, 2007).

Belli bir taksonun veya türün genomu (mitokondri ya da çekirdek genomu) veya genomunun belli bölgeleri için mutasyon durumlarına ait bilgiler varsa, karşılaştırılan taksonlar arasındaki nükleotid farklılıklarını da göz önüne alarak akrabalık derecelerini tahmin etmek mümkün olmaktadır. Bu yolla oluşturulan filogenetik ağaçların dal uzunluklarını hesaplamak ve türler arasındaki akrabalık ilişkilerini ortaya koymak mümkün olabilmektedir (Ergüden, 2007).

Popülasyon genetiği çalışmalarında popülasyon içindeki türlerin ve popülasyonlar arası farklılıkların tespitinde fenotipik tekniklerin, morfolojik karakterlerin yanında moleküler genetik teknikler de kullanılmaktadır. Tek başına kullanılan fenotipik teknikler (ekoloji, markalama, parazitler, fizyoloji, morfometrik, meristik, kalker yapısı) ve morfolojik karakterlerin genotipik dayanağı olmadığı için ve çevresel etkilere göre değişiklik gösterebildiğinden yanıltıcı olabilmektedir. Bu sebeple bu çalışmalarda moleküler genetik tekniklere ihtiyaç duyulmaktadır. Bu amaçla birçok genetik teknik geliştirilmiştir (Turan, 2002; Ergüden, 2007).

Popülasyon genetiği çalışmalarında günümüzde yaygın olarak kullanılan teknikler; Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), DNA Dizileme Metodu, DNA Parmak İzi Metodu, Protein elektroforez, Sınırlama Parçalarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP),

Mikrosatellite ve Polimorfik DNA'nın Rastgele oğaltılması (RAPD) teknikleridir (Ergüden, 2007; Özkan,2009).

Bütün canlılarda 16S rRNA dizisi, yüksek derecede korunmuşluk göstermektedir. Bu sebeple de canlılar arasındaki akrabalık ilişkilerinin alışılması için mükemmel bir molekül olarak yıllara meydan okuyan bu molekülün taşıdığı oligonükleotid damgaları adı verilen nükleotid dizileri, filogenetik gruplar arasında gösterdiği benzerliklere göre, akrabalık derecesinin yorumlanmasında kullanılmaktadır (TUBİTAK, 2008). Filogenetik alışmalarında genomun en ok alışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Harrison, 1989). mtDNA, yakın akraba türler ve bir türün popölasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlı olmuştur (Wilson, ve ark., 1985). Filogenetik alışmalar, Popölasyon genetiğı, tür içi ve türler arasındaki genetik benzerlik ve farklılıkların ortaya konulması amacıyla yapılan alışmalarda mtDNA molekülünün iki önemli özelliğinden faydalanılmaktadır. Bu özellikler, mtDNA molekülünde yeni kombinasyonların oluşmaması ve mtDNA molekülünün anaya ait kalıtım modeline sahip olmasıdır (Avis 2004). Bu sebeple, mtDNA molekülünün ok önemli bir özelliğı; mitokondriyel genetik materyal daire şeklinde ve ikili sarmal tek bir DNA molekülünden oluştuğı için, ekirdek DNA molekülünde homolog kromozomlar arasında gerekleşen para değışimi (crossingover) meydana gelmemesidir. Buna bağılı olarak da döllede yeni kombinasyonlar (recombination) oluşmamaktadır. mtDNA molekülünde mutasyon olma ihtimali düşük olduğu için, meydana gelen genetik varyasyonun kaynağı nükleotid eksilmesi (deletion), nükleotid eklenmesi (insertion), nükleotid dönüşümleri (substitution), belirli gen bölgelerinde DNA paralarının farklı uzunluklarda olması ile mtDNA molekülünde meydana gelen değışimler kademeli olarak jenerasyonlar boyunca korunmakta ve nesilden nesile aktarılmaktadır (Togan ve ark., 2005; Özdil, 2007). Popölasyonlara özgü mtDNA belirteleri geliştirmek daha etkilidir. ünkü genetik sürüklenme ekirdek DNA'sına göre mitokondriyal genom üzerinde daha etkili mekanizma olarak işleemektedir. Tür üstü sistematik birimleri karşılaştırılmasında ise mtDNA genlerinin düzeni, belli sistematik birimleri birbirlerinden ayırmak için güçlü göstergeler bulunmaktadır (Ergüden, 2007; Özkan,2009).

Bu çalışma ile;

- Türkiye’de bulunan *Leiurus abdullahbayrami* türünün 16S rRNA gen dizilimini ortaya koymak
- 2009 yılında *Leiurus quinquestriatus*’tan morfolojik teşhisle ayrılan *Leiurus abdullahbayrami*’nin genetik açıdan (16S rRNA) farklılığını belirlemek
- Yapılan bu araştırma ile Türkiye faunasına ve moleküler çalışmalara katkı sağlanacağı gibi Türkiye akrepleri çalışmaları için kaynak oluşturmak
- Araştırma sırasında, belirlenebilecek yeni 16S rRNA diziliminin bilim dünyasına tanıtmak
- *Leiurus abdullahbayrami*’nin genetik verilerini ülkemizde bulunan diğer akrep türlerinden *Mesobuthus eupeus*, *Mesobuthus gibbosus*, *Androctonus crassicauda* ve *Leiurus quinquestriatus* ile karşılaştırmak
- Genetik veriler neticesinde morfolojik renk farklılıklarının genetik bir çeşitliliktenmi yoksa çevresel bir etki sonucumu olduğunu belirlemek
- Konu ile ilgili bundan sonra yapılacak bilimsel çalışmalara ve bilim dallarına katkıda bulunmak amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Çevresel şartlar altında morfolojik ve biyolojik farklı karakter kazanmış olan akreplerde, tür ve alt tür ayrımları ile ilgili sorunlarla karşılaşılabilir (Karataş, 2001). Gerek belli bir bölgedeki akrep tür çeşitliliğinin ortaya konmasında gerekse de tür veya alt türlerin kesin olarak saptanması konusunda son zamanlarda daha fazla yararlanılmaya başlanılan DNA temelli moleküler analizler, filogenetik tekniklerle oldukça sağlam verilere ulaşılması ile Doğu, Akdeniz ve Orta Doğu akrep faunasındaki akreplerin tanımlanma ve sınıflandırma çalışmaları ile ilgili birçok sorunun çözüme kavuşmasını sağlamıştır (Gantenbein ve ark., 1999; Fet ve Braunwalder, 2000). Akreplerde filogenetik akrabalığı ortaya koymak amacı ile değişik gen bölgelerinden yararlanılabilir. Bunlardan en sık kullanılanı; (mt) ribozomal DNA (rDNA) bölgelerine yönelik 16S rDNA ve 12S rDNA gen sekansları, nükleer rDNA bölgelerinden 28S rDNA ve cytochrome c oxidase subunit I(COI)' üç mitokondrial bölgeleridir. Mitokondriyal DNA (mtDNA) yaygın başlıca iki nedenden dolayı filogenetik çalışmalarda kullanılır. İlk olarak, mitokondriyal DNA, kompakt iki şeritli dairesel DNA molekülü (yaklaşık 15-16 kb) olması ve ikinci olarak, canlılarda rekombinasyon (farklı kromozomlar arasındaki homolog DNA dizilerinin değişimi) bağlı mtDNA'nın klonal miras olmasıdır. Çok sayıda filogenetik çalışma PCR ile amplifiye edilerek korunan mtDNA genlerine bağlıdır.

Türkiye'de akrep faunasına yönelik yapılan çalışmalar Pavesi (1876) tarafından başlatılmıştır Pavesi (1876), Anadolu'dan *Buthus stenelus*, *B. schuberti*, *B. gibbosus*, *Euscorpius flavicaudius*, *E. italicus* türlerini kaydetmiştir.

Birula (1898, 1899, 1903), sırasıyla Bolkar Dağları'ndan *Euscorpius ciliensis*'i; Ardanuç'dan (Artvin) *Calchas nordmanni*'yi, Gülek Geçidinden *Iurus asiaticus*'u (=Protoiurus asiaticus) tanımlamıştır. Birula, sırasıyla Artvin'den *Euscorpius mingrelicus*, Aralık'tan (Iğdır) *Mesobuthus caucasicus*'u, Tuzluca'dan (Iğdır) *Androctonus crassicauda*'yı, Artvin, Erzurum (Oltu) ve Kars'tan *Mesobuthus eupeus*'u kaydetmiştir.

Von Ubisch (1922), Finike'den (Antalya) *Iurus kraepelini* (=Protoiurus kraepelini) türünü kaydetmiştir.

Schenkel (1947) Sivas ve Amasya arasından *Mesobuthus gibbosus anatolicus* alttürünü tanımlamıştır.

Daha sonra Tulga (1960), Adıyaman'dan *Leiurus quinquestriatus*'u kaydetmiştir. Bu tarihten 2009 yılında Yağmur ve ark. tarafından *Leiurus abdullahbayrami* türü kaydedilene kadar *L. quinquestriatus* olarak isimlendirilmiştir.

Bonacina (1980) Bolu'dan *Euscorpius phrygius*'u kaydetmiştir.

Kocher ve ark., (1989) tarafından tasarlanan 12S fragmenti ise primer olarak ve günümüzde artropodlar ve insektler arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesine yönelik çalışmalarda kullanılmaktadır.

Simon ve ark., (1994), günümüzde filogenetik çalışmalarda en çok kullanılan 16S rDNA primerini tasarlayıp tür içindeki ve türler arasındaki farklılığı belirlemede kullanmıştır.

Lacroix (1995) Uludağ'dan (Bursa) *Euscorpius uludagensis* türünü kaydetmiştir.

Kovarík (1996), Pavesi (1876)'ye ait bu kayıtları gözden geçirmiş; *Buthus stenelus*, *B. schuberti*, *B. gibbosus* türlerinin *Mesobuthus gibbosus anatolicus*'un sinonimleri olduğunu, *Euscorpius flavicaudius*'un ise *Euscorpius carpathicus* olabileceğini dolayısıyla bildirmiştir. Kovarík, Diyarbakır'dan *Compsobuthus matthiesseni* kayıtlarını vermiştir.

Gantenbein ve ark., (1999), *Euscorpius* cinsinin ilk DNA filogenisi üzerine çalışma yapmışlardır.

Gantenbein ve ark., (1999), aynı fragmentin yaklaşık 100 baz çifti (bç) daha kısa olarak akrep sınıfları; *Buthus occitanus* ve *Centruroides exilicauda* arasındaki, tür içerisinde ve türler arası varyasyon çalışmalarında kullanılmıştır.

Fet ve ark. (1999), Moleküler sistematik ve biyocoğrafya'da kullanılan 16S rRNA mitokondriyal gen dizisinin tür seviyesinde farklılıkları hakkında çalışma yapmışlardır.

Gantenbein ve ark., (2000), Yeni Buthid takson varlığı için moleküler ve morfolojik kanıtlar üzerine çalışma yapmışlardır.

Gantenbein ve ark., (2001), Mitokondriyal DNA markerları ve filogenetik farklılıklar üzerine çalışma yapmışlardır. Gantenbein moleküler Filogeni çalışmalarıyla bu konuda sonraki çalışmalara ışık tutmuştur.

Gırıbet ve ark. (2001), Sekiz moleküler veri ve morfolojisine dayalı Arthropod filogenisi üzerine çalışma yapmışlardır.

Huber ve ark. (2001), Avusturyadan *Euscorpius carpathicus*'un mtDNA analizleri tarafından filogenetik pozisyonunun sınıflandırılması çalışmalarını yapmışlardır.

Gantenbein ve ark., (2003), Avrasya'dan *Mesobuthus*'un dört türünün ilk DNA filogenisi üzerine çalışma yapmışlardır.

Fet ve ark. (2003), Türkiye'den Euscorpiidae ailesine ait *Euscorpius* cinsinin moleküler filogenisi üzerine ilk verileri yayınlamıştır.

Gantenbein ve ark., (2004), Doğu Akdeniz akreplerinde nükleer genlerde moleküler evrim Oranları çalışmasını yapmışlardır.

Fet ve ark. (2005), Euscorpiidae ailesine ait *Euscorpius italicus*'un birçok zayıf genetik uyumsuzluk alanı üzerine çalışma yapmışlardır.

Gantenbein ve ark., (2005), Akrep mitokondriyal DNA'sında rekombinasyon için kanıtlar üzerine çalışma yapmışlardır.

Varol ve ark. (2006), Hatay'dan *Compsobuthus schmiedeknehti* türünü kaydetmiştir.

Fet et al. (2009), *Calchas* cinsi üzerine yaptıkları bir revizyonla *Calchas birulai* ve *Calchas gruberi* türlerini tanımlamışlardır.

Özkan (2009), *Androctonus crassicauda* (olivier, 1807; scorpiones: buthidae)'nın genotiplendirilmesi ve filogenetik konumu üzerine çalışma yapmıştır. Bu çalışma ülkemizde akrelerin genotiplendirmesi konusunda yapılmış ilk doktora çalışmasıdır.

Khalil ve Yağmur (2010) Suriye akrep faunasına yeni bir tür olan *Leiurus abdullahbayrami*'yi eklemişlerdir.

Yağmur (2010) *Orthochirus* cinsini Hakkari'den kaydederek *Orthochirus zagrosensis* türünü Türkiye akrep faunasına eklemiştir.

Kovarık ve ark. (2010) *Iurus* üzerinde yaptıkları başka bir revizyonla *Iurus kinzelbachi* ve *Iurus kadleci* türlerini tanımlamışlardır ve Türkiye akrep faunasına bu türleri eklemişlerdir.

Mirshamsiab ve ark. (2010), COI dizilerinden *Mesobuthus eupeus*'un filogenetik ilişkilerinin anlaşılması çalışmalarını yapmışlardır.

Yağmur ve ark. (2011) Güneydoğu Anadolu'dan *Leiurus abdullahbayrami* türünü *Leiurus quinquestriatus* türünden ayırarak yeni bir tür olarak tanımlamışlardır. Bu türün tanımlanmasından sonar zehiri hakkında çalışmalar yapılmıştır. Bu tez çalışması ile *Leiurus abdullahbayrami* 16S rRNA gen bölgesi ilk kez ortaya konmuştur.

Kovařík ve ark. (2011), Güneydoğu Anadolu'dan *Mesobuthus phillipsii* (Pocock, 1889) türünü yayınlamışlar ve Türkiye akrep faunasına eklemişlerdir.

Tropea et al. (2012, 2014) sırasıyla Aydın'dan, *Euscorpius avcii*, Antalya'dan *Euscorpius göçmeni* türünü tanımlamıştır.

Yağmur ve ark. (2013) *Calchas kosswigi* ve *Calchas anlasi* türlerini ve *Neocalchas* cinsini tanımlamışlar *Calchas gruberi* türünü bu cinse taşımışlardır.

Yağmur ve ark. (2013), *Euscorpius lycius* türünü kaydetmişler ve Türkiye akrep faunasına bu türleri eklemişlerdir.

Parmakelis ve ark. (2013) Yunanistanın Samos adasındaki Euscorpiidae ailesine ait *Euscorpius avcii*'nin DNA belirteçlerinin varlığını doğrulamak ile ilgili çalışma yapmışlardır.

Shi ve ark. (2013), Avrasya'da evrimsel çeşitlendirmenin orta miyosen'den itibaren iklim değişikliği etkisinin mesobuthid akreplerinden anlaşılması üzerine çalışma yapmışlardır.

Yağmur & Tropea (2013, 2015) sırasıyla Bursa'dan *Euscorpius rahsenae* ve Antalya'dan *Euscorpius arikani* türlerini yayınlamışlar ve Türkiye akrep faunasına bu türleri eklemişlerdir.

Graeme ve ark. (2014) *Leiurus Ehrenberg, 1828* (Scorpiones: Buthidae) cinsinin Arap yarım adasından dört yeni türün tanımlamasını yapmıştır. Bu çalışma *Leiurus Ehrenberg, 1828* (Scorpiones: Buthidae) cinsine ait türlerin yayılış alanlarıyla birlikte son tanımlaması olmuştur. Daha önce ülkemizde *Leiurus quinquestriatus* olarak tanımlanan türün özellikle Mısır ve civarında bulunduğu Suriye, Lübnan ve İsrail civarında *Leiurus hebraeus* türünün yayılış gösterdiği yayınlanmıştır.

Al-Atiyat ve Aljumaah (2014), DNA dizilimine dayalı farklı ivesi koyun popülasyonlarının filogenetik ağaçları ve genetik farklılıkları üzerine çalışma yapmışlardır.

Stahlavsky ve ark. (2014) Türkiye'den *Leiurus abdullahbayrami* and *Compsobuthus matthiesseni* (Scorpiones: Buthidae) türlerinin karyotip analizini ortaya koymuşlardır.

Azghadia (2014), İran'dan *Odontobuthus* cinsi akreplerinin mitokondrial DNA dizisi verilerinden filogenetik ilişkilerinin anlaşılması çalışmasını yapmışlardır.

Yağmur ve ark. (2015) *Protoiurus kumlutasi* türünü Hidrellez Mağarasından (Kaş, Antalya) yayınlamışlar ve Türkiye akrep faunasına bu türleri eklemişlerdir.

Tropea & Yağmur (2015) Eskişehir'den *Euscorpius eskisehirensis* ve Mersin'den *Euscorpius koci* türlerini yayınlamışlar ve Türkiye akrep faunasına bu türleri eklemişlerdir.

Talal ve ark. (2015) kasım ayında Kutsal Topraklarda Akrep türlendirilmesi'ni filogenetik, ekolojik ve biyolojik olarak çalışmışlardır.

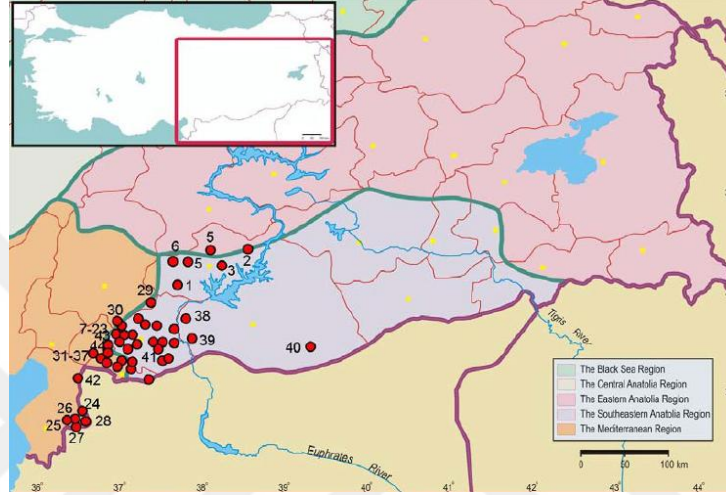


3. MATERİYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 Araştırma Alanı

Bu çalışmada Türkiye’de *Leiurus abduhbayrami* türünün dağılım gösterdiği Hatay, Kilis, Gaziantep, Adıyaman, Şanlıurfa ve Mardin illerinden toplanmış akrep örnekleri ile yapılmıştır (Şekil 3.1).



Şekil 3.1 *Leiurus abduhbayrami*’nin Türkiye’den tespit edilen yerler (Yağmur,2011)

L. abduhbayrami kserofilik (kurağı seven) bu nedenle az yağış alan ve oldukça kurak bir iklime sahip bölgelerde yaygın bir akrep türüdür. Yapılan çalışmalarda örnekler bozkır, kayalık, çalılık ve bazaltik bölgelerden toplanmıştır. Yapılan çalışmalarda bozkır vejetasyonlu arazide, örnekler gündüzleri taş altlarından toplanmıştır. Örneklerin bazıları taş altında kazmış oldukları yuvalarda tespit edilmiştir. Gece yapılan arazi çalışmalarında toprak yüzeyinde aktif hareket ederken UV ışık altında toplanmıştır. Örneklerin tamamına yakını yerleşim yerlerinden uzak bölgelerden toplanmıştır. Toplanan örneklerin koyu renkte killi ve kireçli rendzina ve kalkerli topraklardan oluşmuş habitatları tercih ettikleri gözlemlenmiştir. *Leiurus abduhbayrami* türünün, *Scorpio maurus*, *M. nigrocinctus*, *Mesobuthus eupeus*, *Compsobuthus matthiesseni*, *Compsobuthus schmiedeknehti*, ve *Iurus asiaticus* türleriyle birlikte aynı habitatta bulunduğu gözlemlenmiştir (Yağmur, 2011).

Çalışma alanı olarak seçilen iller çevresini kapsayan bölge 36°33' - 40°45' doğu boylamları ile 36°15' - 37°45' kuzey enlemleri arasında yer almaktadır. Bölge fazla

engebeli değildir (Şekil 3.2). Bölge ülkemizin en sıcak kesimini oluşturmakta olup yıllık ortalama sıcaklık 18°C'nin üzerindedir. Temmuz-Ağustos aylarında sıcaklık 30°C'nin üzerine çıkmaktadır. İklim tipi örneklerin toplandığı bölgelerde kurak ve yazları sıcak seyreder. Kış dönemleri çok yağışlı ve soğuk olmasına rağmen yaz dönemleri yağışsız (kurak) ve sıcak geçer.



Şekil 3.2 *Leiurus abdullahbayrami*'nin habitatı (Hatay 36°15'42"N, 36°36'22"E, 225m)

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nin iki önemli nehri Fırat ve Dicle nehirleridir. Fırat Başlangıç noktaları Ağrı Diyadin'den kaynakayan Murat Nehri ve Erzurum Dumludağ'da kaynakayan Karasu Nehri' dir. Dicle nehri ana kaynaklarını Doğu Anadolu dağlarından ve dipten sızma yoluyla Elazığ yakınlarındaki Hazar (Gölcük) gölünden alır.

İklimden dolayı kırmızımsı kireçli toprak (Aridisol), Hatay Reyhanlı Amik ovasında Calcaric Fluvisoltoprak yapısına, Gaziantep Platosunda kırmızı Akdeniz topraklarının yanı sıra boz renkli topraklar, Şanlıurfa ovasında yazın kurduğunda çatlayan, kışın su aldığında şişen (vertisol) toprak tipi ve Karacadağ volkan konisinde ise koyu renkli ve humus bakımından zengin (andosol) toprak tipi yaygındır (Atalay, 1997; Yağmur, 2011).

Steplerde otsu formasyonlardan; *Acanthophyllum verticillatum*, *Archillea bantolina*, *Alhagi maurorum*, *Astragalus gummifer*, *Avena barbata*, *Bromus macrostachyus*, *Cichorium glandulosum*, *Convolvus reticulatus*, *Dianthus multipunctatus*, *Delphinium peregrinum*, *Eriyngium campestre*, *Euphorbia aleppica*, *Gentiana olivieri*, *Hordeum leporinum*, *Onosma giganteum*, *Silene kotschy*, *Thymus syriacus*, *Trifolium campestre*

ile *Centaurea hypericum*, *Salvia* ve *Verbascum*'ların çeşitli türleri görülmektedir (Atalay, 1983; Yağmur, 2011).

3.1.2 Materyallerin Toplanması ve Değerlendirilmesi

Bu çalışmada incelenen örnekler Adıyaman, Gaziantep, Hatay, Kilis, Mardin ve Şanlıurfa illerinden toplanmıştır.

Örnekler Mart-Ekim ayları arasında gece ve gündüz yapılan arazi çalışmalarında toplanmıştır. Gece yapılan arazi çalışmalarında örnekler Mayıs-Ekim dönemlerinde, 21:00-02:00 saatleri arasında UV lamba ile Gündüz yapılan arazi çalışmalarında ise örnekler genelde Mart-Mayıs dönemlerinde taş altlarından alınmıştır.

Örnekler 25 cm uzunluğundaki pens yardımı ile toplanmış ve %75'lik etil alkolde tespit edilmişlerdir. Türlerin teşhisleri, Yağmur et al. (2009)'a göre yapılmıştır. Toplanan örnekler mikroskop altında incelendikten sonra morfolojik renk farklılıklarına göre gruplandırılmış ve 15 ml'lik, 50 ml'lik falcon tüplerde; 100 ml'lik ve 200 ml'lik cam kavanozlarda muhafaza edilmiştir. Renk varyasyonlarına göre akrepler Hatay, Gaziantep, Adıyaman ve Şanlıurfa popülasyonlarına ayrılmıştır.

3.1.3 *Leiurus abduallahbayrami*'nin Taksonomisi

Üst Alem (superregnum)	<u>Eukaryota</u> (Ökaryotlar)
Âlem (Regnum):	Animale
Şube (Phylum):	Arthropoda
Sınıf (Classis):	Arachnida
Takım (Ordo):	Scorpiones
Superfamily:	Buthoidea Simon, 1879
Family:	Buthidae C. L. Koch, 1837
Genus:	<i>Leiurus</i> (Hemprich & Ehrenberg, 1829)
Species (Tür):	<i>Leiurus abduallahbayrami</i> Yağmur, Koç & Kunt, 2009

3.1.4 *Leiurus abduallahbayrami*'de Renk

Prosoma, mesosoma ve V. Metasoma segmenti siyah, ekstremiteler ise sarıdır. Karapaks siyaha yakın kahverengi, karapaksın anterioründe yarım ay şeklinde sarı bir bölge bulunmaktadır. Ya da bu bölge sarımsı kahverengi olabilmektedir. Yan kısımlarda ve Posteriorıda sarımsı kahverengi lekeler bulunmaktadır. Keliserler; sarıya yakındır,

dişler ise kırmızıya yakın kahverengindedir. Pedipalpler; Tamamiyle sarı, dişler kırmızıya yakın kahverengindedir. Vücut siyaha yakın veya siyahımsı kahverengi, ekstremite(üyeler) ise açık sarıdır. V. segment siyah renktedir. İğne başta sarı, uç kısmında ise kırmızıya yakın kahverengidir (Yağmur, 2011).



Şekil 3.3 *Leiurus abdullahbayrami*'de genel görünüm (Yağmur ve ark., 2009)

Yapılan arazi çalışmalarında *Leiurus abdullahbayrami* örneklerinin farklı lokalitelerde farklı renk varyasyonlarına sahip olduğunu tespit edildi (Şekil3.4). Yapılan çalışmalarla birlikte bu tür renk varyetesine göre ülkemizde dört farklı popülasyona ayrıldı. Bu popülasyonlar Hatay, Gaziantep-Kilis, Adıyaman ve Şanlıurfa-Mardin. Bu bölgelerde bulunan tür bireyleri birbirine morfolojik olarak çok benzerken, farklı popülasyonlarda renk varyasyonlarına sahip olduğu gözlemlendi (Şekil).



Şekil 3.4 *Leiurus abdullahbayrami*'de renk varyasyonu A. Hatay popülasyonu, B. Şanlıurfa popülasyonu, C. Gaziantep popülasyonu (Yağmur,2011)



Şekil 3.5 *Leiurus abdullahbayrami*'nin **A.** Adıyaman popülasyonunda Karapaks **B.** Gaziantep popülasyonunda karapaks (Yağmur,2011)

3.1.5 Genetik Çalışmalar

3.1.5.1 DNA'nın Ekstrakte Edilmesi

DNA, canlı hücrelerde genetik bilginin saklandığı bileşiktir. DNA'da saklı bulunan genetik bilgi, replikasyon ile kalıtılabilmekte ve transkripsiyon olayı ile RNA'ya aktarıldıktan sonra translasyon olayı ile protein haline dönüştürülmektedir. DNA baz dizisi türden türe değişebilmektedir, ancak farklı türlerde ortak gen bölgeleri bulunabilmektedir. Aynı türlerin farklı dokularından izole edilen DNA örnekleri ise aynı baz dizisine sahiptir. Hangi tür canlı olursa olsun DNA'larda adenin (A) bazlarının sayısı, Timin (T) bazlarının sayısına, Guanin (G) bazlarının sayısı, Sitozin (C) bazlarının sayısına eşittir ($A=T, G=C$). Bazlar şeker molekülü ile 5. C atomu pozisyonunda, şeker molekülünün fosfat grubu ile 3. C atomunda birleşmesiyle nükleotidleri oluştururlar.

DNA'nı yapı taşları nükleotidler,

- **dATP: Deoxyadenosine triphosphate**
- **dGTP: Deoxyguanosine triphosphate**
- **dTTP: Deoxythymidine triphosphate**
- **dCTP: Deoxycytidine triphosphate**, olmak üzere dört çeşittir.

Bu nükleotidler dNTP'lar (deoxynucleoside triphosphate) olarak adlandırılmaktadır. Bir nükleotid, bir nitrojen baz, bir şeker molekülü ve bir fosfat olmak üzere üç ana kısımdan oluşmaktadır. Nükleotidler içerisinde yalnızca nitrojen baz kısmı farklılık göstermektedir. Yeni nükleotid eklenmesi zincirin 3. yan kısmında oluşur (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008).

Hücre içerisinde yer alan DNA'nın çoğu çekirdekte bulunmaktadır. Bu çekirdek DNA'sı kromozomal DNA olarak isimlendirilir. Besin moleküllerinin oksidatif

fosforilasyonunda rol oynayan mitokondriler ayrıca mitokondriyal DNA içermektedir. Ökaryotik hücrelerde fotosentez olayında rol oynayan kloroplastlarda ise kloroplast DNA vardır. Organizmalarda genetik materyallerin büyüklükleri çizelge Çizelge 3.1 de görüldüğü gibi farklılık göstermektedir (Vanfleteren, 2004).

Çizelge 3.1 Genetik materyallerin (DNA) büyüklüğü
(<http://users.ugent.be/~avierstr/principles/cell.html> Vanfleteren, 2004)

DNA	CANLI ORGANİZMA	BAZ ÇİFTİNİN BÜYÜKLÜĞÜ
KROMOZOMAL	Mantar	$2 \times 10^7 - 2 \times 10^8$
	Bitki	$2 \times 10^8 - 2 \times 10^{11}$
	Memeli	6×10^9
MİTOKONDRIYAL	Protozoa	$22 \times 10^3 - 40 \times 10^3$
	Yeşil Alg	16×10^3
	Mantar	$17 \times 10^3 - 78 \times 10^3$
	Bitki	$150 \times 10^3 - 250 \times 10^4$
	Hayvan	$16 \times 10^3 - 19 \times 10^3$
KLOROPLAST	Yeşil Alg	180×10^3
	Bitki	$120 \times 10^3 - 200 \times 10^3$

Bir canlıda bulunan her protein molekülünün aminoasit dizisi her bir RNA molekülünün nükleotid dizisi, canlının kendi DNA molekülleri tarafından belirlenir; protein veya RNA yapısı için gerekli şifre, DNA'daki nükleotid dizisinin karşılığı olarak yer alır. Protein veya RNA gibi bir biyolojik ürünün sentezi için gereken bilgiyi şifreleyen bir DNA parçası veya bir kromozom bölümü gen olarak adlandırılır. Üç tip gen bulunur, bunlar; Düzenleyici genler, proteinleri kodlayan genler, (Transkript RNA içerisinde proteinleri sentezlenen genler) ve RNA özel genleri (Yalnızca transkript RNA içerisinde)'dir. Ökaryotik hücrelerde 50–5000 tanımlanmış gen kopyaları bulunmaktadır. Günümüzde de bu gen bölgeleri DNA amplifikasyonunda uygun primerleri baz dizilimleri tasarlanarak kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008; Özkan,2009).

Ribozomlar tüm hücrelerde bulunan, yapı ve işlev bakımından birbirine büyük benzerlik gösteren hücre elemanlarıdır. Var olan farklılık, ribozomları oluşturan alt birimlere ait rRNA ve protein çeşitlerindedir. Her bir ribozom, Svedberg ünitesi (S)

olarak belli sedimantasyon katsayılarına sahip olan çeşitli rRNA'lar sayesinde ribozomları oluştururlar. Böylece farklı çökme oranlarına sahip rRNA moleküllerinden ve farklı sayıda çeşitli proteinlerden oluşmaktadır (Altınışik 2008; TUBİTAK, 2008).

Bütün canlılarda 16S rRNA dizisi, yüksek derecede korunmuşluk göstermektedir. Bu sebeple de canlılar arasındaki akrabalık ilişkilerinin çalışılması için mükemmel bir molekül olarak yıllara meydan okuyan bu molekülün taşıdığı oligonükleotid damgaları adı verilen nükleotid dizileri, filogenetik gruplar arasında gösterdiği benzerliklere göre, akrabalık derecesinin yorumlanmasında kullanılmaktadır (TUBİTAK, 2008).

MtDNA'nın elde edilmesinde Sambrook ve ark. (1989) tarafından verilen standart yöntem uygulanmıştır. DNA izolasyonu için kullanılan malzeme ve kimyasallar Çizelge 3.2'de verilmiştir.

3.1.5.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction - PCR)

Moleküler biyoloji alanında Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) yönteminin geliştirilmesi çok önemli bir dönüm noktası olarak kabul edilmektedir (Saiki ve ark., 1985; Saiki ve ark., 1988). PCR, özgün olan DNA dizilerinin in vitro ortamda defalarca enzimatik olarak sentezleme yöntemidir. Genel olarak bu yöntemde DNA ikili sarmalı birbirinde ayrılmakta, atasal DNA molekülünün her bir ekseni kalıp (şablon) olarak kullanılarak yeni iki tamamlayıcı (komplementer) eksen sentezlenmektedir. Yeni baz zincirlerinin sentezlenmesi, Watson ve Crick (1953) kurallarına göre A-T ve G-C arasında olacak şekilde baz çiftlerinin bağlanması yeteneğine bağlıdır. Ayrıca bu olayın başlayabilmesi için kalıp DNA ile tamamlayıcı olan RNA primerlerinin de sentezlenmesi gerekmektedir. DNA polimeraz enzimi, oligonükleotidlerin (primer) 3' hidroksil (OH) ucuna yeni nükleotidleri ekleyerek yeni oluşan DNA dizisini uzatabilmektedir. Primerlerin belirlediği sekansın uzunluğu bilindiğinden, çoğaltılan ürünün hangi uzunlukta (bp) band oluşturduğu DNA büyüklük standardı ile karşılaştırarak belirlenir.

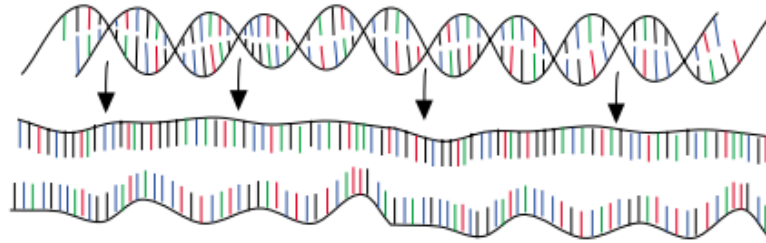
DNA'nın tüpler içinde (invitro) çoğaltılması için; 6-30 nükleotid uzunluğunda primerlere, optimum pH seviyesine ve tuz konsantrasyonunu optimum yapan tampon çözeltiye (Taq buffer), DNA polimeraz enziminin ihtiyaç duyduğu magnezyuma (Mg^{+2}) ve yeni sentezlenecek olan zincire eklenecek 4 tip nükleotide (dNTP) ihtiyaç duyulmaktadır (Mcpherson ve Möller 2001; Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008; Özkan,2009).

PCR yöntemi genel olarak üç basamaklı bir siklusun defalarca tekrarlanmasına dayanan bir tekniktir ve üç aşamadan oluşmaktadır. Bu aşamalar;

- a) DNA zincirlerinin birbirinden ayrılması (denaturation),
- b) Primerlerin komplementer DNA bölgesiyle bağlanması (annealing),
- c) Yeni baz dizisinin sentezinin yapılması (extension) aşamalarıdır.

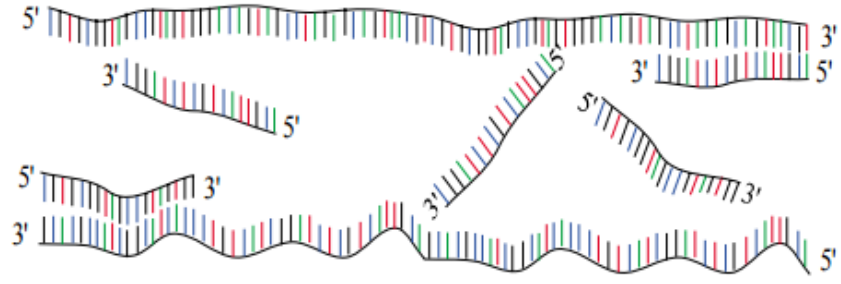
Ön Denatürasyon: Çift zincirli DNA'nın zincirlerinin birbirlerinden ayrılarak tek zincir haline getirildiği basamaktır. Buna göre ilk adımda, çoğaltılacak olan DNA, denatüre edilerek ayrı ayrı tek zincirli hale getirilir. Isıya dayanıklı bir DNA polimeraz, 4 adet dNTP ve Oligonükleotid primer'den oluşan reaksiyon karışımı içinde bulunan DNA, 90–95°C'de 5 dakika süreyle ısıtılarak denatüre edilmiş olur (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008; Özkan,2009).

a. **Denatürasyon:** Çift zincirli DNA'nın tek zincir haline getirildiği basamaktır Buna göre ilk adımda, çoğaltılacak olan DNA, denatüre edilerek tek zincirli hale getirilir. Oligonükleotid primer, ısıya dayanıklı bir DNA polimeraz ve 4 adet dNTP'den oluşan reaksiyon karışımı içinde bulunan DNA, 90–95°C'de 1 dakika süreyle ısıtılarak denatüre edilir (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008; Özkan,2009) (Şekil 1.23).



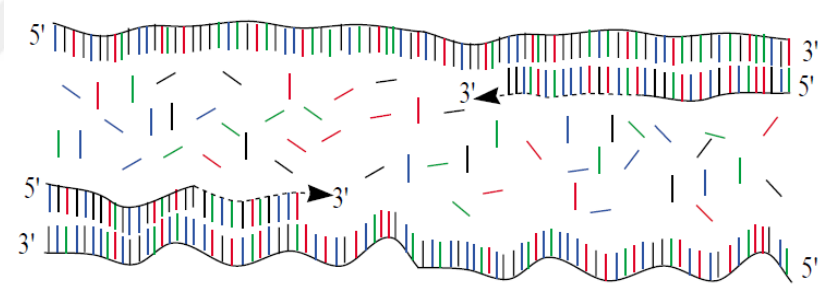
Şekil 3.6 Denatürasyon (Vierstraete, 1999)

b. **Bağlanma (annealing):** Primerlerin bağlandığı basamaktır. Sıcaklık 50 ila 70°C arasında bir değere düştüğünde tek zincir haline getirilmiş DNA'ya primerlerin bağlanması sağlanır. Bu primerler oligonükleotidlerdir ve ortalama 15–30 nükleotid uzunluğundadır. Primerler çoğaltılacak olan DNA bölgesinin uçlarındaki tamamlayıcı dizilere özgül olarak bağlanarak kalıp DNA'nın sentezi için başlangıç noktası görevi yaparlar ve bu sentez defalarca tekrarlanır (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008; Özkan,2009) (Şekil 1. 24).



Şekil 3.7 Bağlanma (annealing) (Vierstraete, 1999)

c. **Uzama (Extension):** DNA sentezi 70 ila 75°C arasında DNA polimeraz enzimi tarafından zincir uzamasının gerçekleştirildiği basamaktır. DNA'nın iki zincirli kopyasını oluşturmak için polimeraz enzimi, nükleotidleri 5' ucundan 3' ucuna doğru ekleyerek, primerlerin uzamasını sağlar (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008; Özkan,2009) (Şekil 1.25).



Şekil 3.8 Uzama (Extension) (Vierstraete, 1999)

3.1.5.3 PCR Amplifikasyonunda Kullanılan Malzeme ve Kimyasallar

Bacaktan izole edilen spesifik MtDNA'nın amplifikasyonu ve sekanslaması amacı ile gerçekleştirilen PCR yönteminde kullanılan kimyasallar Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.2 PCR Reaksiyonunda Kullanılan Kimyasallar

Kullanılan Kimyasallar	Modeli
Deoxyribonukleotidtriphosphate (dNTP)	dATP, dCTP, dGTP, dTTP, herbiri 100 mM.
MgCl ₂ (Magnesiumchlorid)	25 mM, Promega, USA
PCR-Buffer	10 x Promega, USA
Primer F	Alpha DNA (74930 pmol)
Primer R	Alpha DNA (74045 pmol)

Çizelge 3.3 PCR Sekansında Kullanılan Kimyasallar

Kullanılan Kimyasallar	Modeli
AmpliTaq® DNA Polymerase	
Big Dye	
Big Dye Extender Buffer	
Primer F	Alpha DNA (74930 pmol)
Primer R	Alpha DNA (74045 pmol)
FS (Perkin-Elmer) dye-labelled terminators	(ABI Prism™ BigDye™ v.1.1 Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit)

3.1.5.4 PCR Ürününün Jel Elektroforezde Bantların Görüntülenmesinde Kullanılan Malzemeler

İzole edilen DNA'nın ve PCR amplifikasyonu sonunda elde edilen DNA'nın jel elektroforezi ile spesifik bantların görüntülenmesinde kullanılan malzeme ve kimyasallar Çizelge 3.4'de verilmiştir.

Çizelge 3.4 Agaroz Jel Elektroforezinde Kullanılan Araç, Gereç ve Kimyasallar

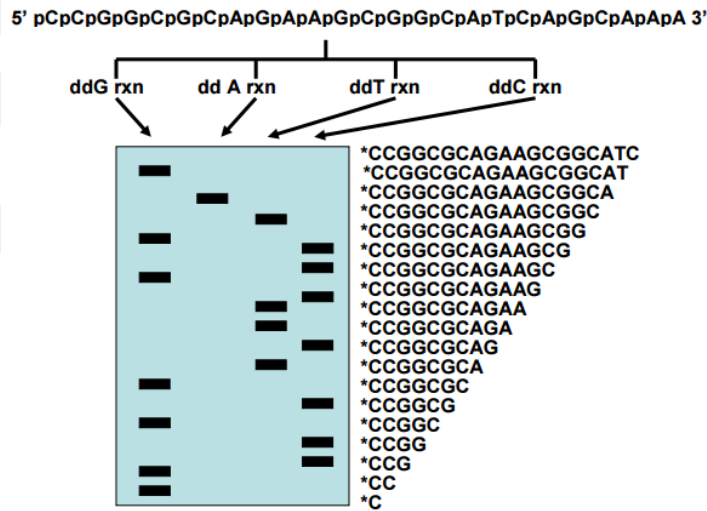
Kullanılan Araç ve Gereç Adı	Modeli
Çalkalayıcı-Votrex	Permenant-Fete
Dijital kamera ve Ölçüm Düzenegi-PC	Nikon TC 200 M
Elektroforez Cihazı	Bio-Rad
Erlen Mayer (200 ml)	Teknik Cam
Güç Kaynağı	Biometra- Pack P25
Hassas Terazı	Sartorius- L2200 S
Transilluminatör	UVP- M-2
Mezür (250 ml)	Teknik Cam
Otomatik Pipet (10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Eppendorf-Reference
Pipet Ucu ((10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Cornig Incorporated
Soğutucu-Dondurucu (+4/ -20°C)	LABCOLD
UV Koruyucu Başlık	UVC - 803
Parafilm	American National can
Agaroz Jel Elektroforezinde Kullanılan Kimyasallar	
Kullanılan Kimyasallar	Modeli
Agarose	Prona-E.U
Bidistile Su	
DNA Marker	(0,5 mg DNA/ml, peqGOLD 100 bp DNAleiter, Peqlab, Erlangen)
Ethidiumbromür	10 mg/ml, Sigma
Loading Buffer	4,4 ml TE-Puffer, 2 ml Glycerol, 0,6 ml %1'lik -w/v- Bromphenol mavisi
Tris-Borat-EDTA (TBE)	5 X Promega, USA

3.1.5.5 Sekanslama

Sekanslamanın genel prensibi, bir gen bölgesinin nükleotid dizisini belirlemektir. Bu sebeple, dizinin belirlenmesinde PCR ürünü sekanslamada kullanılmaktadır. Sekanslama reaksiyonunda, PCR’da elde edilen standart DNA kopyası ve hazır primerler kullanılarak 37°C–65°C aralığında gerçekleştirilen **annealing** (bağlanma) ve 72°C’de gerçekleştirilen **extension** (uzama) aşamalarından oluşmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008; Özkan,2009).

3.1.5.6 DNA Dizi Analizi Yöntemi

DNA dizi analizi yöntemi, bireyler arasındaki genetik farklılıkların tespit edilmesinde kullanılan etkin yöntemlerin başında gelmektedir. DNA dizi analiz cihazlarının geliştirilmesi sonucunda moleküler biyoloji çalışmalarında DNA dizi analizinden gittikçe yararlanılması artmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008) . DNA dizi analizinin genetik temeli 1970’li yıllarda ortaya konan iki farklı yöntemeye dayanmaktadır. Bunlar; Sanger dideoksi yöntemi ve Maxam – Gillbert yöntemi. Her iki teknik te üç temel basamaktan oluşmaktadır. Bunlar; DNA’nın hazırlanması, tepkimeler ve yüksek voltajlı jel elektroferezi. Her iki analiz sırasında da tek zincirli DNA parçaları hazırlanır. DNA dizi analizi arasındaki temel farklılık DNA fragmentlerinin üretilme şeklinden kaynaklanır. (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008; Özkan,2009).



Şekil 3.9 DNA Sekans Diziliminin şeması (Sanger’e göre)

3.1.5.7 Genetik Analiz ve Yöntemleri

Sekanslama ile nükleotid dizi eşleşmesi sonucu organizmalar arasındaki var olan genetik akrabalığın belirlenmesi sağlanmaktadır. Böylece türler arasındaki akrabalık ilişkisini belirlemekle birlikte iki organizmanın ortak atalarından olan uzaklığının belirlenmesinde de kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008; Özkan,2009).

Sekanslar arasında filogenetik ilişkinin çalışılması iki yöntemle yapılır;

Bu iki dizi bu şekilde hizalanırsa, dizilerdeki altı çizilerek ve yıldızla gösterilen yedi nükleotidin eşleştiği (match) görülmektedir. Fakat farklı bir hizalama ile eşleşen nükleotid sayısı on bir olarak belirlenmektedir.

I. TACAATG---CAGTGTTGACTGGGTATA

II. GTATATGTGTAGTGTCCAACGTTAA

*** ***** * * *

Bu dizilerde gap (boşluk) olarak belirtilen (-) işaretiyle gösterilen kısımlar vardır. Bu kısımlar bir mutasyon sonucu oluşmuş olabilir. Bu mutasyonlar delesyon veya inversiyon olabilir. Böyle durumlarda özel bir terim olan **Inversiyon-delesyon** kelimelerinden türetilmiş indel terimi kullanılır. Bu tür hizalama ve dizi hesaplamaları için özel bilgisayar programları geliştirilmiştir. Bu programlamalardan en çok BLAST 2 sequence, Clustal W ve TreeAlign programları kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Metrik skortlama sistemi yönteminde, hizalanan iki dizi arasındaki benzerlik, nükleotid çiftleri arasındaki benzerlik ya da genetik uzaklığın (distance) farkının ölçülmesi ile belirlenmektedir. Karşılaştırılan iki nükleotid dizisinde benzer olan her nükleotid çifti için “1”, farklı olan için “0” değeri verilir. Uzaklık skoru belirlenirken ise farklı olan her bir nükleotid çifti için “1”, aynı olan nükleotid çiftleri için “0” değeri kullanılır. Bir seri algoritma ile bu değerler yerleştirilerek genetik uzaklığı temsil eden bir sayıya çevirir ve bu yolla elde edilen sayı, iki dizi arasındaki akrabalık ilişkisinin bir ölçüsü olarak kabul edilmektedir. Metrik skortlama sistemi kullanılan farklı skortlama sistemleri içerisinde en yaygın olarak kullanılanıdır (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Homolog dizilerin karşılaştırılması, filogenetik analizlerin temelinde kullanılmaktadır. Dizileri karşılaştırmak için önceden bilinen veriler kullanılır ve hizalanır. Bu veriler, dünya üzerindeki çeşitli veri tabanı sistemlerinde toplanmakta ve araştırmacıların kullanımına sunulmaktadır. GenBank verilerine ulaşma ve basit karşılaştırmalar yapmaya imkân veren Entrez programına, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> adresinden ulaşılabilir (Özkan, 2009).

Genetik akrabalığın belirlenmesinde, iki dizide yer alan nükleotid arasındaki genetik uzaklığı ölçmek için, karşılaştırılan iki dizide farklı olan nükleotid çiftlerinin sayısı ile farklılıkların sayısı, farklı pozisyonların sayısının toplam nükleotid sayısına oranı ile oran farklılık (p-distance), Jukes- Cantor, Tajima-Nei, Kimura 2-parametre ve

Sinonim/nonsinonim deęişimlerinin belirlenmesi yöntemleri kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

3.1.5.9 Filogenetik Ağaç

Filogenetik akrabalık ilişkilerinin ortaya konulmasında iki temel yaklaşım bulunmaktadır. Bunlardan geçmişten günümüze kadar yaygın olarak kullanılan geleneksel yaklaşımda, canlıların morfolojik, anatomik, biyokimyasal ve gelişimsel özellikleri karşılaştırılarak ortaya konulmaktadır. Moleküler alanda geliştirilen tekniklerle farklı türlerin nükleik asit dizilerinin karşılaştırılması ile filogenetik akrabalık ilişkileri belirlenmektedir. Bu yöntemlerin kullanımı ile filogenetik çalışmalarda elde edilen veriler bir dizi algoritmik hesaplamalar ve istatistiki işlemler kullanılarak filogenetik ağaç olarak bilinen çizelgelere dönüştürülmektedir. Oluşturulan filogenetik ağacın dallarından her biri monofletik bir grubu belirler ve bu gruplardan her birinin evrim sürecinin bir aşamasında dięer akrabalarından fenotipik ya da genotipik düzeyde ayrıştığı düşünülür (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Homolog baz dizileri karşılıklı olarak hizalandıktan sonra bunlar arasındaki ilişkilerin araştırıldığı birçok yöntem bulunmaktadır. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında doğrudan baz dizilerinin veya genetik uzaklığın kullanılması ile oluşturulmaktadır. Aynı zamanda filogenetik ağacın oluşturulmasında optimize (en uygunluk) ölçütlerinin ya da algoritmaların kullanılması esastır. “**Parsimony**” (ekonomi) ve “**maximum likelihood**” (maksimum olabilirlik) yöntemleri optimize ölçütleri arasında en sık kullanılan yöntemlerdir (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Parsimony, incelenen diziler veya genetik uzaklıklar ile uyumlu bir ağacı oluşturmak için gerekli en az mutasyonların belirlenmesine dayalı bir yöntemdir. İlk olarak morfolojik karakterler için geliştirilen bu yöntemde, dört nükleotidin herhangi bir çifti arasında evrimsel deęişim olduğu düşünülür. Bu sebeple, yalnızca deęişim hızı yüksek olan bölgeler değerlendirmeye alınır ve bunlarla eldeki veriler ile en uyumlu ağaç oluşturulur. Parsimony yöntemi ile filogenetik ağaçların oluşturulmasında “**heuristic**” (incelemeci yöntem) yaklaşımların kullanılması ile en uygun ağaç belirlenir. Bu sebeple “**branch and bound**” algoritmi geliştirilmiştir (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Maximum likelihood, incelenen nükleotid dizilerinin elde edilme olasılığını arttıran evrimsel hız ve soy ağacının belirlenmesini sağlar. Filogenetik analizler için

birçok bilgisayar programı geliştirilmiştir. Bunlardan en sık kullanılanları, Phylogenetic Analysis Using Parsimony (PAUP), Phylogeny Inference Package (PHYLP) paket programıdır. Son yıllarda kullanım kolaylığı yönünden Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) programı yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu programlarla, hizalama, parsimony, maximum likelihood, neighbor-joining gibi birçok yöntemin kullanılması ile soy ağaçlarının oluşturulmasına olanak vermektedir (Vanfleteren, 2004; Özkan,2009).

Türkiye ve Dünya’da farklı iklimsel, ekolojik ve biyocoğrafik ortam koşullarına göre uyum kazanmış alt tür ve varyetelerinin de olabileceği gerçeği göz önünde bulundurularak, bu çalışma belirlenmiştir. Çalışma kapsamında Hatay, Kilis, Gaziantep, Adıyaman, Şanlıurfa ve Mardin illerinden toplanan akrepler ilk olarak renk varyetelerinin olduğu tespit edilmiştir. Toplanan örnekleri morfolojik farklılıklarına bakılarak Hatay, Kilis-Gaziantep, Adıyaman ve Şanlıurfa-Mardin gruplarına ayırarak çalışmalar yapılmıştır. Bu bölgeleri temsil edecek akreplerden DNA ekstraksiyonu yapılarak ve genotiplendirilmesi sağlanacaktır.

Türkiye *Leiurus abdullahbayrami* akrep türünün hepsini temsil edebileceği düşünülen bu illerdeki bu türün morfolojik tanı anahtarlarının oluşturulması, genetik analizlerinin yapılması, Türkiye ve Dünya akrep faunasında bulunan türlerle filogenetik ilişkisini belirleyecek soy ağaçlarının çıkarılması, çalışmada kullanılacak grupların birbirleriyle ve aynı soyda bulunan diğer türlerle olan benzerlik ve farklılıklarının belirlenerek filogenetik konumunun belirlenmesi konu olarak tespit edilmiştir.

Bu araştırmada, Türkiye’de bulunan *Leiurus abdullahbayrami*’nin mitokondriyel DNA molekülü bakımından genetik yapısının tanımlanması, olası yeni alttürlerin belirlenmesi ve bireyler arasındaki morfolojik ve genetik farklılıkların tespit edilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi amaçlanmıştır.

3.2 Yöntem

3.2.1 Örneklerin Toplanması

Bu çalışmada incelenen örnekler Adıyaman, Gaziantep, Hatay, Kilis, Mardin ve Şanlıurfa illerinden toplandı.

Örnekler Mart-Ekim ayları arasında gece ve gündüz yapılan arazi çalışmalarında toplandı. Gece yapılan arazi çalışmalarında örnekler Mayıs-Ekim dönemlerinde, 21.00-02.00 saatleri arasında UV lamba ile Gündüz yapılan arazi çalışmalarında ise örnekler genelde Mart-Mayıs dönemlerinde taş altlarından alındı. DNA izolasyonunda

kullanılacak örnekler Prendini ve ark., (2002) tarafından açıklanan koşullarda muhafaza edildi.

Morfolojik özelliklerin belirlenmesinde genel olarak, toplanan örnekler çıplak göz ile renk varyetesine uygun olarak gruplandırıldı. Oluşturulan gruplardaki örneklerin vücut kısımlarındaki (prosoma, mesosoma, metasoma) renk farklılıkları değerlendirildi. Stereo-mikroskop altında türlerin teşhisleri, Birula (1917a, 1917b), Kinzelbach (1975), Levy and Amitai (1980), Sissom and Fet (1998), Fet et al. (2009) ve Kovarik et al. (2010) esas alınarak yapılmıştır.

3.2.2 Uygulanan Genetik Teknikler

3.2.2.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Filogenetik çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Harrison, 1989). mtDNA, yakın akraba türler ve bir türün popülasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlı olmuştur (Wilson, ve ark., 1985). Filogenetik çalışmalar, Popülasyon genetiği, tür içi ve türler arasındaki genetik benzerlik ve farklılıkların ortaya konulması amacıyla yapılan çalışmalarda mtDNA molekülünün iki önemli özelliğinden faydalanılmaktadır. Bu özellikler, mtDNA molekülünde yeni kombinasyonların oluşmaması ve mtDNA molekülünün anaya ait kalıtım modeline sahip olmasıdır (Avice 2004).

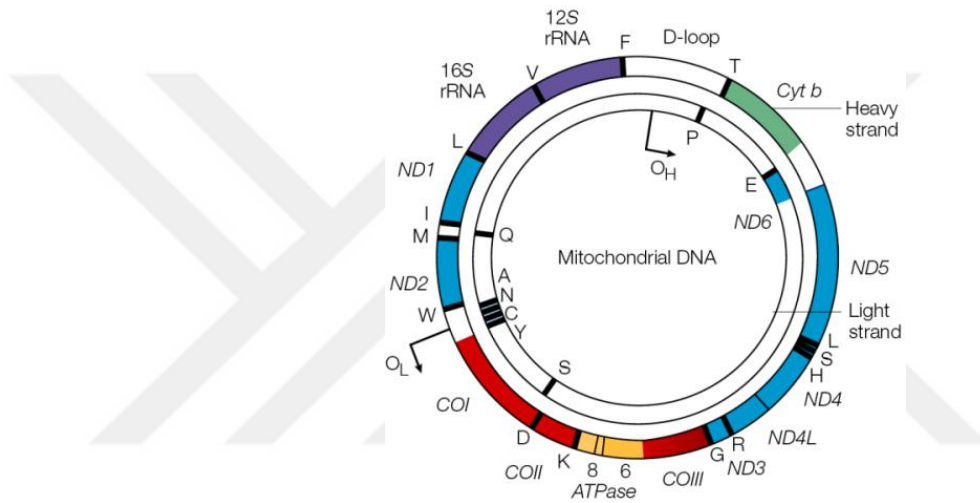
Bu sebeple, mtDNA molekülünün çok önemli bir özelliği; mitokondriyal genetik materyal daire şeklinde ve ikili sarmal tek bir DNA molekülünden oluştuğu için, çekirdek DNA molekülünde homolog kromozomlar arasında gerçekleşen parça değişimi (crossingover) meydana gelmemesidir. Buna bağlı olarak da döllerde yeni kombinasyonlar (recombination) oluşmamaktadır.

mtDNA molekülünde mutasyon olma ihtimali düşük olduğu için, meydana gelen genetik varyasyonun kaynağı nükleotid eksilmesi (deletion), nükleotid eklenmesi (insertion), nükleotid dönüşümleri (substitution), belirli gen bölgelerinde DNA parçalarının farklı uzunluklarda olması ile mtDNA molekülünde meydana gelen değişimler kademeli olarak jenerasyonlar boyunca korunmakta ve nesilden nesile aktarılmaktadır (Togan ve ark., 2005; Özdil, 2007).

Popülasyonlara özgü mtDNA belirteçleri geliştirmek daha etkilidir. Çünkü genetik sürüklenme çekirdek DNA'sına göre mitokondriyal genom üzerinde daha etkili mekanizma olarak işlemektedir. Tür üstü sistematik birimleri karşılaştırılmasında ise

mtDNA genlerinin düzeni, belli sistematik birimleri birbirlerinden ayırmak için güçlü göstergeler bulunmaktadır (Ergüden, 2007; Özkan,2009).

Hayvan mtDNA'sı ortalama 15-20 kb uzunluğunda. 22 tRNA, 2 rRNA, 13 elektron transferi ve oksidatif fosforilasyonda görev yapan ve 13 mRNA'yı kodlayan toplam 37 genden oluşan kapalı halkasal bir moleküldür (Wallace, 1986); (Şekil). Replikasyonun başladığı bölge Yaklaşık olarak 1 kb uzunluğunda olan kontrol bölgesidir. MtDNA'da genlerin düzeni genellikle stabildir; ancak genlerin aralarındaki organizasyonu bazı hayvan gruplarını ayırabilir (Desjardins ve Morais, 1990).



Şekil 3.10 Mitokondrial DNA (mtDNA) (Taylor, RW ve ark., 2005)

Son zamanlarda yaygın olarak kullanılan MtDNA analizi, DNA dizi analizi dışında, Sınırlama (Resktriksiyon) Parçası Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) Metodu ile de yapılmaktadır. Bu yöntemde çalışılacak sistematik birimlerin filogenisi için uygun olan mtDNA bölgesi polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılır ve daha sonra bir sınırlama enzimi ile kesilir. Elde edilen mtDNA bölgesi ya agaroz ya da poliakrilamid jel elektroforezi ile ayrıştırılarak, etidyum bromid veya gümüş boyama ile görüntülenir. Bu yöntem genel olarak PCR-RFLP olarak bilinmektedir (Ergüden, 2007; Özkan,2009).

Mitokondri DNA sadece yumurta hücresi yoluyla anasal olarak kalıtıldığından, haplotiplerin de nükleotid çeşitliliği (diversity) ve farklılığı (divergens) karşılaştırılarak, haplotiplerin filogenetik ilişkileri ilgili popülasyonun filogenetiği ve filocoğrafyası hakkında önemli bilgiler vermektedir (Bardakçı ve Karataş, 2005).

mtDNA gen bölgesi bir hücrede yoğun bir düzeyde bulunur, ancak yumurta aracılığı ile değişmeden bir sonraki nesile aktarıldığından dolayı, genellikle bu kopyaların hepsi bir populasyonda aynı özelliğe sahiptir. Gruplar arasındaki küçük farklılıklar DNA'nın küçük bölgelerinde meydana gelen mutasyonlar aracılığı ile oluşmaktadır (Turan, 2000; Logan, 2005; Togan ve ark., 2005; Kence, 2006; Olgun, 2007).

Akreplerde filogenetik akrabalığı ortaya koymak amacı ile değişik gen bölgelerinden yararlanılabilmektedir (Prendini ve ark., 2003c). Bunlardan en sık kullanılanı; (mt) ribozomal DNA (rDNA) bölgelerine yönelik 16S rDNA ve 12S rDNA gen sekansları, nükleer rDNA bölgelerinden 28S rDNA ve cytochrome c oxidase subunit I(COI)' üç mitokondrial bölgedir (Prendini ve ark., 2003c).

Günümüzde filogenetik çalışmalarda en çok kullanılan 16S rDNA primerini tasarlayan Simon ve ark., (1994) olup tür içindeki ve türler arasındaki farklılığı belirlemede kullanmıştır (Fet ve ark., 1999; Prendini ve ark., 2003c). Aynı fragmentin yaklaşık 100 baz çifti (bç) daha kısa olarak akrep sınıfları; *Buthus occitanus* (Gantenbein ve ark., 1999), *Centruroides exilicauda* (Gantenbein ve ark., 2001), *Euscopius* (Gantenbein ve ark., 1999, Huber ve ark., 2001), *Mesobuthus gibbosus* (Gantenbein ve ark., 2000; Gantenbein ve Largader, 2002) arasındaki, tür içerisinde ve türler arası varyasyon çalışmalarında kullanılmıştır. Kocher ve ark., (1989) tarafından tasarlanan 12S fragmenti ise primer olarak ve günümüzde artropodlar ve insektler arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesine yönelik çalışmalarda kullanılmaktadır (Prendini ve ark., 2003c).

3.2.2.2 Mitokondrial DNA (mtDNA)'nın İzolasyonu

Tüm akrep bacağı dokusundan mtDNA'nın elde edilmesinde Sambrook ve ark., (1989) tarafından verilen standart yöntem uygulanmıştır. Bu yöntemle göre; akrep bacağından alınan numune bisturi ile küçük küçük parçalanmıştır. Zirkomyum bilye bulunan tüpe 25 mg doku konuldu ve üzerine 300 µl ekstraksiyon bufferı (10mM Tris-Cl[pH 8.0]; 0.1M EDTA [pH 8.0]; 20 g/ml Rnase A; % 10 SDS) eklenerek homojenizatörde doku iyice homojenize edilmiştir. Homojen sıvı dokudan 80-200 µl alınarak eppendorf tüpe aktarılmış ve üzerine 180 µl ATL Buffer eklenerek vortex'te karıştırılmıştır. Materyallerin üzerine 20 µl protease K (100 µg/ml) ilave edilmiştir. Örnekler düzenli bir şekilde girdap oluşturularak 50 °C'de 180 dk su banyosunda tutulmuştur. İnkubasyon sonunda oda sıcaklığına getirilen materyallere 200 µl AL Buffer eklenmiş ve 10 dakika 70 °C'de inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyondan çıkarılan

tüplere 200 µl Ethanol eklenerek vortexlenmiştir. Kısa spin yapılarak tortu dibe çöktürülmüş örnek iki faza ayrılmıştır ve pipet ile süpernatant (sıvı faz) spin kolon filtreli tüpe 700 µl konmuştur. 8000 rpm’de bir dakika santrifüje edilerek filtreden geçen dipteki solüsyon dökülmüştür. Filtreli tüpe 500 µl AW1 konularak santrifüjde 8000 rpm’de bir dakika çevrilmiştir. Tekrar dipte kalan solüsyon dökülerek üzerine 500 µl AW2 konularak santrifüjde 14000 rpm’de üç dakika döndürülmüştür. Tüpün filtreli kısmı yeni tüpe aktarılarak etanolün uzaklaştırılması için santrifüjde 14000 rpm’de bir dakika döndürülmüştür. Altta kalan etanollü tüp atılarak yeni tüpe konulmuş ve üzerine 200 µl AE Buffer eklenerek 5 dk. beklenmiş ve sonrasında 8000 rpm’de bir dakika santrifüje edilmiştir. Tekrar 200 µl AE Buffer eklenerek 5 dk. beklenmiş ve sonrasında 8000 rpm’de bir dakika santrifüje edilmiştir. DNA eppendorf tüpler içerisinde +4 °C’de muhafaza edilmiştir.

3.2.2.3 DNA Miktarının Belirlenmesi

İzole edilmiş olan DNA örnekleri 260 nm dalga boyunda nanospektrofotometre ile ölçümü yapılmıştır. PCR uygulamaları için DNA örnekleri çalışma boyunca -20°C’de saklanmıştır.

3.2.2.4 Agaroze Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektrofrezisi ile Bantların Görüntülenmesi

DNA ekstraksiyonu sonrası için % 1,5’lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bunun için 1,5 g agarose, 100 ml 1x TBE (Tris, borat, EDTA Buffer) ile karıştırılıp mikrodalga fırında köpürüp saydamlaşana kadar bekletilmiştir. Saydamlaşan jel üzerine 5 µl Ethidium Bromide (10mg/ml) eklenerek 60 °C’ ye kadar soğutulan elektroforezis küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE Buffer bulunan elektroforezis tankına koyulmuş ve 5 µl DNA örnekleri 1 µl 6X’lik loading buffer’la (yükleme çözeltisi) karıştırılarak sırasıyla jeldeki küçük haznelere yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 50 dk süre ile 25 mA ve 100 V’a ayarlanmıştır. Elektrofrezis tamamlandıktan sonra güç kaynağı kapatılarak jel elektroforez tankından uzaklaştırılmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile akreplerden izole edilen mtDNA örneklerinin doğrulanması amacıyla bantlar görüntülenmiştir.

3.2.2.5 PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu

DNA izoloasyonundan sonra, evrensel primerler kullanarak PCR metodu ile mtDNA 16S rDNA genleri çoğaltılmıştır (Simon ve ark., 1994). Akreplere ait spesifik belirli bir gen bölgesinin spesifik olarak üretilmesi amacı ile Simon ve ark. (1994) tarafından tarif edilen mitokondriyal (mtDNA) 16S rRNA gen fragmenti amplifikasyonunda kullanılan PCR primerleri; “Universal” primer 16Sbr ya da LR-J-12887 (Simon ve ark., 1994) akrebe özel versiyonu forward primeridir. Reverse primer ise Victor Fet tarafından akrebe özel, sekans dizayına sahiptir. Bu primerler, CGA TTT GAA CTC AGA TCA (forward, 18-mer) ve GTG CAA AGG TAG CAT AAT CA (reverse, 20-mer) sıralamasına sahiptir (Gantenbein ve ark., 1999). Bu sıralamada *Drosophila yakuba* mitokondriyal genomunda 12867–12887 ve 13218–13310 pozisyonunu karşılamaktadır (Clary ve Wolstenholme, 1985; Gantenbein ve ark., 1999).

Bunun için aşağıda dizinleri belirtilen universal primerlerden faydalanılmıştır. Primerler Alpha DNA (Montreal) firmasından sağlanmıştır.

Forward Primer 5'- CGA TTT GAA CTC AGA TCA-3' (74930 pmol)

Reverse Primer 5'-GTG CAA AGG TAG CAT AAT CA-3' (74045 pmol)

Liyofilize edilmiş primerler distile su (RNase free) ile çözündürülerek 100 pmol/μl yoğunlukta hazırlanmış ve az bir kısmı da 1:10 oranında sulandırılarak 10 pmol/μl (10 μM) yoğunluğa çekilmiş ve -20 °C’de muhafaza edilmişlerdir.

Desoxyribonukleotidtriphosphate’lar (dNTPs) ise, işlemler öncesinde prosedürlere uygun olarak eşit miktarda karıştırılmış, her bir nükleotid yoğunluğu 10 mM olacak şekilde dNTP-mix hazırlanmış ve yine -20 °C’de saklanmıştır.

PCR amplifikasyon işlemi 50μl hacimlerinde reaksiyon gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyon işleminde her bir örnek için PCR Taq Buffer 1x (5μl), MgCl₂ (1,5-4 μl), dNTPs-mix (1 μl), forward primer (1μl), reverse primer (1μl), Taq-Polymerase (0,2μl), 5 μl DNA ve RNase free distile su kullanılarak, reaksiyon toplam 50 μl’lik hacimde gerçekleştirilmiştir. Hazırlama işleminden sonra tüpler vortekslenip sonra kısa zamanlı santrifüje edilmiş ve Thermocycler’e yerleştirilmiştir.

Literatür verilerine göre prosedür; (Gantenbein ve ark., 1999; 2000) spesifik DNA’nın amplifikasyonu amacı ile Thermocycler’da Çizelge 3.5’te verilen protokolü kullanılmıştır.

Çizelge 3.5 PCR protokolü (Gantenbein ve ark., 1999; 2000)

Ön denaturasyon	94-95 °C	5 dk	1 tekrar
Denaturasyon	94-95 °C	25 sn	
Annealing	48-50 °C	20 sn	35-40 tekrar
Extension	72 °C	90 sn	

3.2.2.6 PCR Agaroz Jel Elektroforez ve Spesifik Bantların Görüntülenmesi

PCR ürünü etidyum bromürlü, 1,5 %'luk agaroz jelde (1 X TBE) içerisinde yürütülerek amplifikasyonun doğrulanması amacıyla fotoğraflanmıştır. PCR ürününün jel elektroforezde yürütülmesi amacı ile %1,5'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bu amaç için 1.5 g agarose tartılmış, 100 ml 1xTBE buffer içerisine karıştırılmış ve mikrodalga fırında ısıtılarak jel haline getirilmiştir. Daha sonra jel üzerine 5µl ethidium bromid solusyonu ilavesi ile pipete edilmiş; kimyasalın jele karışmasını takiben jel tankına, uygun taraklar yerleştirilmiş ve hava kabarcığı olmayacak biçimde sıvı jel tankına dökülerek donmaya bırakılmıştır. Donan jelden taraklar çıkarılmış, içerisinde TBE solüsyonu bulunan Elektroforez tankına yerleştirildikten sonra tank içerisine yeteri kadar TBE konarak jelin tamamen sıvı içerisine gömülmesi sağlanmıştır. Jelde bulunan birinci gözeneğe 5 µl marker (500 ng DNA), diğerlerine ise sırasıyla, loading buffer ile karıştırılan PCR ürünü konmuştur (2 µl loading buffer + 8 µl PCR ürünü). Elektroforez güç kaynağı 100 V'a ayarlanmış ve yürüme işlemi bantlar jelin sonuna 3 cm kadar yaklaştıklarında sonlandırılmıştır.

3.2.2.7 Spesifik Bantların Görüntülenmesi

Elektroforezde yürüme işlemi tamamlanan jelde bulunan bantlar transilluminatörde UV eşliğinde görünür hale getirilmiş ve dijital görüntüleme düzeneği ile fotoğrafları çekilmiştir.

3.2.2.8 PCR Ürünün Pürifikasyonu

Elde edilen PCR ürünün agaroz jelde teyit edilmesinden sonra PCR ürünü GeneAll Expin PCR pürifikasyon kiti (GeneAll) ile üretici talimatlarına uygun olarak pürifiye edilmiştir.

3.2.2.9 Pürifiye PCR Ürünün Sekanslama

Her bir sekans siklus reaksiyonu için 250-350 ng DNA örneği kullanılmıştır. Pürifiye PCR ürünün sekans siklusunda, BigDye sekans siklus Kiti v.3.1'den 8 uL, 3,2 µM primer, and 10 ng pürifiye PCR ürünü ile 20 µl'lik hacimde thermocyclerde gerçekleştirilmiştir. Sekanslama siklus programı, thermocycler'da, denaturasyon (96 °C'de 10 sn), annealing (50 °C'de 5 sn), extension (60 °C'de 4 dk) (30 tekrar), ve 4 °C devam eden kapanış ısısı şeklinde ayarlanmıştır. Sekans Purifikasyonu ethanol çöktürme (NaOAc- EDTA-EtOH) yöntemi ile yapılmıştır (Gazi Üniversitesi Yaşam Bilimleri Uygulama ve Araştırma Merkezi-Ankara).

3.2.2.10 Nükleotid Dizi Eşleme ve Filogenetik Analiz

Nükleotid dizi analizi Yaşam Bilimleri Uygulama ve Araştırma Merkezinde (Gazi Üniversitesi - Ankara) otomatik ABI 3100 Genetik Analizatör ile yapılmıştır. Bütün DNA sekans analiz sonuçları CLUSTALW (Kumar ve ark., 2004; Tamura ve ark., 2007), BLAST 2 Sequence (Tatiana ve Thomas, 1999) ve göz ile eşleştirilip kontrol edilmiştir. DNA sekans verileri MEGA 6 (Kumar ve ark., 2004; Tamura ve ark., 2007) programı kullanılarak filogenetik analizler yapılmıştır. Analizler grup içi çalışılan örnekler arasında ilişkiyi ve soy ağacının tanımlanması, aynı zamanda Türkiye faunasındaki diğer türlerle ve *Leiurus abdullahbayrami* türünün diğer türlerle olan ilişkisi belirlenmiştir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1 Örnekler

Stereo-mikroskop altında ve çıplak göz ile incelenen örnekler renk varyetesine göre; toplanılan illere göre gruplara ayrılmıştır. Bu gruplar Gaziantep (**A** Grubu [n:5]), Kilis (**B** Grubu [n:3]), Şanlıurfa (**C** Grubu [n:3]), Hatay (**D** Grubu [n:2]), Mardin (**E** Grubu [n:1]) ve Adıyaman (**F** Grubu [n:1]) olmak üzere altı gruba ayrılmıştır.



Şekil 4.1 Çalışma örneklerinin görünümü

4.2 Habitat

Bu çalışmada incelenen örnekler Adıyaman, Gaziantep, Hatay, Kilis, Mardin ve Şanlıurfa illerinden toplanmıştır. Örnekler Mart-Ekim ayları arasında gece ve gündüz yapılan arazi çalışmalarında toplanmıştır. Gece yapılan arazi çalışmalarında örnekler Mayıs-Ekim dönemlerinde, 21:00-02:00 saatleri arasında UV lamba ile Gündüz yapılan arazi çalışmalarında ise örnekler genelde Mart-Mayıs dönemlerinde taş altlarından alınmıştır. *Leiurus abdullahbayrami* türü akrepler daha çok insanların bulunmadığı alanlarda yaşamaktadır. Gündüzleri aktif olmayıp daha çok geceleri aktiftirler.



Şekil 4.2 Örneklerin toplandığı alanlardan bir bölge

4.3 Moleküler Genetik Analizi Gruplandırma

Moleküler genetik analizi için her grubu temsilen harf ve numaralandırma (genetik analiz örnek kodları; A1, A2, A3, A4, A5; B1, B2, B3; C1, C2, C3; D1, D2; E1; F1) kullanılmıştır.

Çizelge 4.1 Moleküler Genetik Analizi Gruplandırma

Örneklerin Toplandığı İller	Genetik Analiz Grup Kodları
Gaziantep	A1, A2, A3, A4, A5
Kilis	B1, B2
Şanlıurfa	C1, C2, C3, C4
Hatay	D1, D2
Mardin	E1
Adıyaman	F1

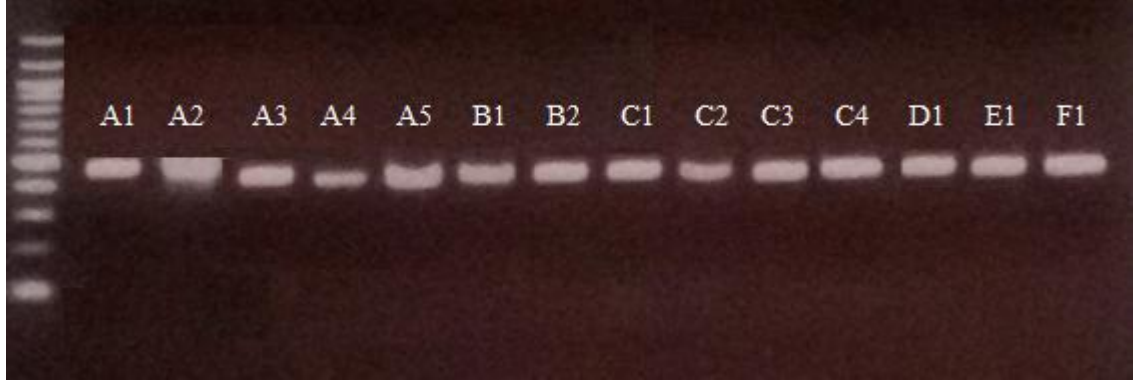
4.4 DNA Örnek Konsantrasyonları

Nanospektrofotometre ölçümü sonucu DNA miktarı sonuçları Çizelge 4.2’de gösterilmiştir. İzole edilen DNA miktarları 0,13 µg/ml ile 18,65 µg/ml arasında değişmiştir. PCR uygulamaları için DNA örnekleri 100 ng/µl’ye seyreltilmiş ve çalışma boyunca -20°C’de saklanmıştır.

Çizelge 4.2 Çalışmada kullanılan gruplara ait DNA örneklerinin spektrofotometrik ölçüm sonuçları ve son konsantrasyonları

<u>NO</u>	<u>Son</u> <u>Konsantrasyon</u>	<u>ng/u1</u>	<u>260/230</u>	<u>A260/280</u>	<u>A230</u>	<u>A260</u>	<u>A280</u>
A1	100 ng/μl	1,13	0,09	0,17	0,26	0,02	0,13
A2	100 ng/μl	7,06	1,04	0,93	0,14	0,14	0,15
A3	100 ng/μl	5,82	0,61	0,86	0,19	0,12	0,14
A4	100 ng/μl	18,65	0,5	0,99	0,74	0,37	0,38
A5	100 ng/μl	0,13	0,01	0,03	0,18	0	0,08
B1	100 ng/μl	15,38	3,35	1,49	0,09	0,31	0,21
B2	100 ng/μl	9,43	55,13	0,99	0	0,19	0,19
C1	100 ng/μl	0,93	0,06	0,9	0,33	0,02	0,02
C2	100 ng/μl	4,17	0,27	1,01	0,3	0,08	0,08
C3	100 ng/μl	11,73	2,33	1,36	0,1	0,23	0,17
C4	100 ng/μl	8,41	1,75	0,97	0,1	0,17	0,17
D1	100 ng/μl	7,85	1,24	1,32	0,13	0,16	0,12
D2	100 ng/μl	18,65	0,53	1,19	0,7	0,37	0,31
E1	100 ng/μl	6,06	0,67	0,93	0,18	0,12	0,13
F1	100 ng/μl	13,76	0,47	0,93	0,58	0,28	0,3

4.5 DNA'ların Jel Görüntüleri



Şekil 4.3 İzole edilen DNA'ların jel görüntüsü. Marker (100'er bazlık DNA merdiveni).

4.6 PCR Optimizasyonu ve Amplifikasyon Programı

PCR amplifikasyon programı literatür verilerine göre (Gantenbein ve ark., 1999; 2000) spesifik DNA amplifikasyonu PCR koşulları oluşturulmuştur. Optimizasyon işleminden sonra PCR ürünleri kısa süreli spin atılmış ve jel elektroforez de yürütülmüştür. PCR optimizasyonundan sonra PCR ürünleri jel elektroforez görüntüsüne göre uygun PCR amplifikasyon koşulları oluşturulmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3 PCR reaksiyon programı.

Evre	Süre (dk)	Sıcaklık (°C)	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	5	94	1
Denatürasyon	1	94	45
Annealling (Bağlanma)	1	48	45
Extensiyon (Uzama)	1	72	45
Son Extensiyon	10	72	1

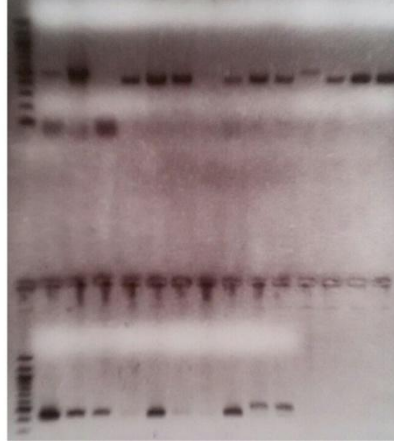
Optimize edilmiş koşullarda belirlenen PCR reaksiyon programında her bir örnek için belirtilen reaksiyon karışımı (PCR- Taq Buffer, MgCl₂, dNTPs-mix, primer F, primer R, Taq polymerase, Template DNA ve RNase free distile su) ile toplam 50 µl'lik PCR amplifikasyon işlemi gerçekleştirilmiştir (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.4 PCR reaksiyon karışımı

Son Hacim	Reagenler	Miktar (µl)	Son Konsantrasyon
50 µl	Distile Su	31.7	-
	Taq Buffer (10X)	5	1 X
	MgCl ₂ (25 mM)	4	2.0 mM
	dNTP (10 mM)	1	0.2 µM
	Primer F	1,5	0.3 pmol
	Primer R	1,5	0.3 pmol
	Template DNA	5	-
	Taq Polymerase (5U/(µl))	0,3	1.25 U

Amplifikasyon işlemi tamamlandıktan sonra tüpler thermocycler cihazından alınarak kısa süreli spin yapılmış ve jel elektroforez aşamasına kadar +4 °C’de muhafaza altına alınmışlardır.

4.7 PCR Ürün Görüntülenmesi



Şekil 4.4 Çalışmada kullanılan örneklerin primer F ve Primer R ile elde edilen PCR amplifikasyon ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. Marker (M [100’er bazlık DNA merdiveni]).

4.8 DNA Dizilerinin Eşleştirilmesi (Aligment)

Dizilerin hizalanarak nükleotid dizilerinin karşılaştırılması gerekmektedir. PCR sekans ürünü forward (F) ve reverse (R) primerler ile elde edilen nükleotid dizi analiz

kromotogramları FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile nükleotid dizi verileri görüntülenmiştir. BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 2 sekans (Tatiana ve Thomas, 1999) programı (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/wblast2.cgi>) ile nükleotid dizilimlerinin eşleştirilmesi yapılmıştır.

Diziler eşleştirildikten sonra, dizilerdeki eşleşmeyen nükleotidin primer forward ve primer reverse 'ündeki nükleotide ait kromotogram pik görüntüleri göz ile kontrolü yapılarak, nükleotid dizilimleri düzenlenmiştir. Yapılan düzenlemeler sonucunda eşleşme ile birbirleriyle homolog (eş) olan iki dizinin eşleştiği dizilim bölgesi sekans verisi olarak kabul edilmiştir.

Leiurus abdullahbayrami türüne ait GenBank'ta Sekans verileri bulunmadığı için, BLAST 2 sekans programı ile örneklerin DNA dizilimleri diğer yakın türlerle karşılaştırıldı. GenBank verisi ile karşılaştırılarak, nükleotid dizilimlerindeki eşleşme açısından yakın olan türler not edilmiş ve filogenetik ağaç oluşturulurken bu türler dikkate alınmıştır.

4.8.1 A Grubuna (Gaziantep) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.5'te verilmiştir.

Çizelge 4.5 A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
A1	F	AGAAGAGGGAACCTCCCTCTTTAAGCTTTTTGCAC AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA AACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAAT AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATT TTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGT GGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAA TATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGA AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTC ATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTAC TCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATG ATTATGCTACCTTTGCACAACA	400

Çizelge 4.5 (Devamı) A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
	R	AGAGGAGACTGGGTAGGAAGAGTAACCGG AGATTTTTTTTGATTAAAAAATGAATTTTAC TTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTTAGATTATTTTAAAAATATTCCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTCTTAAG AAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAGAA ATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGA TAACAGCTTTATTCAGTTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAAT TAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAATTTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGA	394
A2	F	AAAGAAGGACCCCCCTCTTTAAAAGCTTTTG CAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTA AGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT TATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTCTAA CAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT TTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAA TAATCTAAAAAATTAATAATATAAAGTTTAA TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTT TAATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT TCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGA TTATGCTACCTTTGCACAACA	399
	R	CTTGAGAACGGGGTTGGAAGAGGTAAACCG GAGAATTTTTTTTGAAATTAAAAAATGAATT TTACTTTTTTAGTAAGAAGGCTAAAAGGCTTC TTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTAT ATTTTAAATTTTTTAGATTATTTTAAAAATAT TCCACTGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTC TTAAAAAATAAACATACTTGTTAAAATACC TAGAAATTCAAAAAAAGAAAAAGTTACTTTA GGGATAACGGCTTTATTCGCTTAAAAAGTTC TAATTGAGAGTGAGTTTATGACCTCG	305

Çizelge 4.5 (Devamı) A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
A3	F	GCCCCGAATAAAAAAGGGAATTTTAAATTCC AACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTCAAT TAGAACTTTCTAAGTGAAAAAGCTGTTATCC CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAA GAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA ATATTTTTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAAT ATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAA AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAA ATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCTTCC GGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTTAA AGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAAAA A	378
	R	CAATAATGGAGGGTTAAGGAAGAGAAAACG GAAGATTTTTTTTGAATTAAAAAAAAGAATT TTACTTTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCC TTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTAT ATTTTTAATTTTTAGATTATTTTAAAAATATT CCACTGGGGCGGTGAGAAAAAAAGCTTTTCT TAAGAAAATAAACATACTTGTTAAAATACCT AGAAATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTA GGGATAACAGCTTTATTCACTTAGAAAGTTC TAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGT TGAATTAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTT TAAGAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTT TCCATGATCTGAGTTCAAATCGA	397

Çizelge 4.5 (Devamı)A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
A4	F	GGGAAAAGGGCCACCGTGGTAAGCTTTTGGA AAATAAAGGGAGTTTAATTCACATCGAGGTC ATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAA GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAC AAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT TTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAA TAATCTAAAAAATTAATAATATAAAGTTTTA TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTT TAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT TCATAACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGA TTATGCTACCTTTGCAC	394
	R	GAAAAGTCCAAGTAAAAAAAAAAGTAACCGG AGATTTTTTTTGATTAAAAAATGAATTTTAC TTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTTAGATTATTTTAAAAATATTCCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAAAGCTTTTCTTAA GAAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAGA AATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGG ATAACAGCTTTATTCACTTAGAAAGTTCTAAT TGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAA TTAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGA	395

Çizelge 4.5 (Devamı) A grubuna (Gaziantep) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
A5	F	AAGGGGGAAATTTTTTAAATTTACAACATAC GAAGGTCATAAACTCACTTGGTCAATTAGA ACTTTCTAAGTGAAATAAAGCTGTTATCCCT AAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAG GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGA AAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATA TTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATAT AAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGA AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA TTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCG GTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAA GACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAAAA	376
	R	ATAAGGAACGGGGGCAGCAGGGGAACCGGC AGATTTTGTTTTGATTAAAAAATGAATTTGAC TTTTTAGTAAGAGGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTAGATTATTTTAAAAATATTCCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAAGCTTTTCTTAAG AAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAGAA ATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGA TAACAGCTTTATTCAGTTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAAT TAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGA	394

4.8.1.1 A1 Örneği

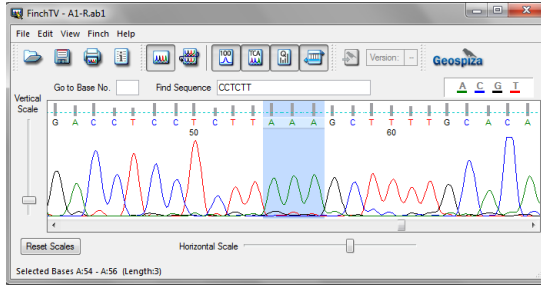
A1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 334 nükleotidin, 328'i birbiri ile eşleşmiştir (% 98).

Çizelge 4.6 A1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F-Sbjct: Primer R(RC)).

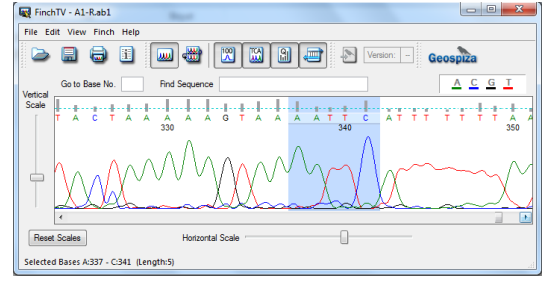
Score = 579 bits(313), Expect = 7e-170 Identities = 328/334(98%), Gaps = 5/334(1%) Strand=Plus/Minus					
QUERY	15	CCTCTT	AAGC	TTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	74
SBJCT	347	CCTCTT	AAGC	TTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	289
QUERY	75	CTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	134	
SBJCT	288	CTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	229	
QUERY	135	TTT	TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	194	
SBJCT	228	TTT	TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	169	
QUERY	195	TCACCG	CCCCAGTGGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	254	
SBJCT	168	TCACCG	CCCCAGTGGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	109	
QUERY	255	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTT	314		
SBJCT	108	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTT	49		
QUERY	315	TTTAAT	CAAAAAAAT	CTTCCGGTT	ACTCTT 348
SBJCT	48	TTTAAT	CAAAAAAAT	CT-CCGGTT	ACTCTT 19

Bu eşleşmede, primer F'in 21. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 341. pozisyonunda ki "A" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 26. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 336. Pozisyonunda bir boşluk gelmiştir. Primer F'in 321. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 42. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür..Primer F'in 332. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 35. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür. Primer F'in 335. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 32. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür. Primer F'in 342. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 25. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür (Çizelge 4.6).

Bu eşleşmede, primer F'in ve primer R (RC)'nin karşılıklı olarak eşleşmeyen nükleotidleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek kromotogram pik görüntüleri göz ile kontrolü edilerek gerekli düzenlemeler yapılmıştır.

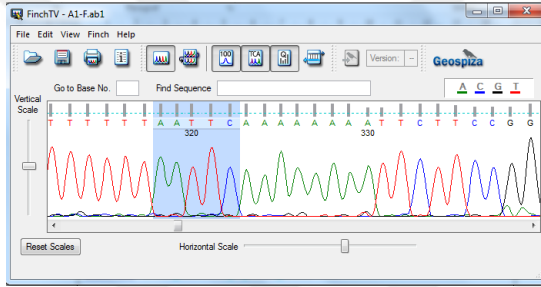


A

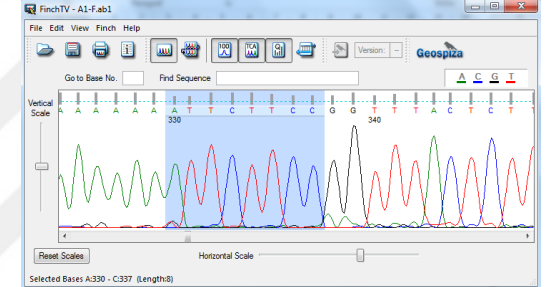


B

Şekil 4.5 A.PCR sekans ürünün primer F 21. – R 341. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 26. – R 336. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

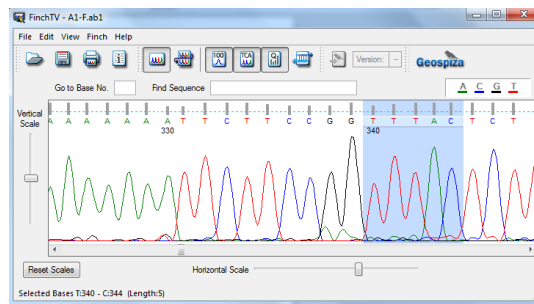


A



B

Şekil 4.6 A. PCR sekans ürünün primer F 321. – R 42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 335/342 – R 35/32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.7 PCR sekans ürünün primer F 342. – R 25. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Düzenleme sonunda Mega BLAST 2 sekans programı ile tekrardan yapılan eşleştirmede primer F' in nükleotid dizisi, primer R(RC) 'in nükleotid dizisi ile % 100 eşleşerek uygun nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4. 6).

Çizelge 4.7 A1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 579 bits(313), Expect = 7e-170 Identities = 334/334(100%), Gaps = 0/334(0%) Strand=Plus/Minus					
Query	15	CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	74		
Sbjct	347	CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	289		
Query	75	CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	134		
Sbjct	288	CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	229		
Query	135	TTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	194		
Sbjct	228	TTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	169		
Query	195	TCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	254		
Sbjct	168	TCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	109		
Query	255	AGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTT	314		
Sbjct	108	AGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTT	49		
Query	315	TTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT	348		
Sbjct	48	TTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT	19		

A1 örneği, 333 bç (15–348) olan nükleotid dizisi, 5'

CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT
CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT
TTCTTTTTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCT
TTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATAT
AAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAG
TAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT 3' olarak
belirlenmiştir.

4.8.1.2 A2 Örneği

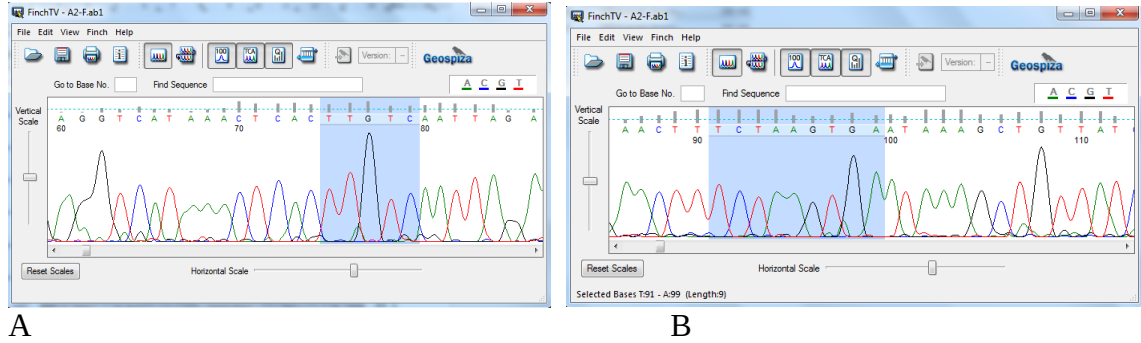
A2 örneğin, F ve R (reverse complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 307 nükleotidin, 288'i birbiri ile eşleşmiştir (% 94).

Çizelge 4.8 A2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

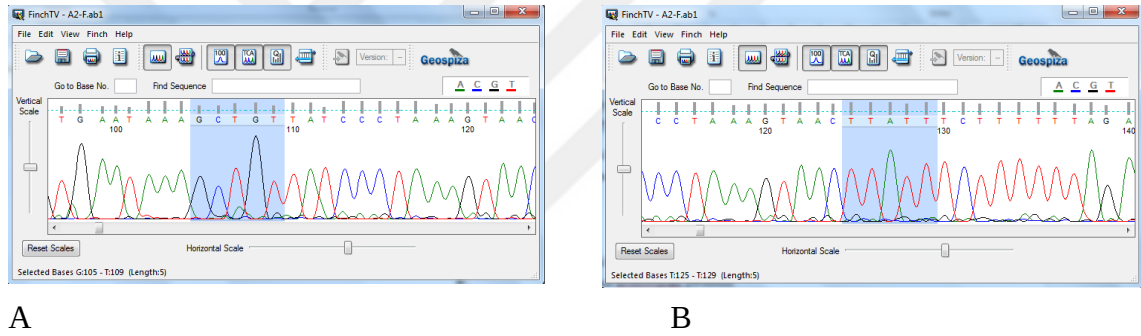
Score = 459 bits(248), Expect = 7e-134 Identities = 288/307(94%), Gaps = 4/307(1%) Strand=Plus/Minus									
Query	58	CGAGGTCATAAACTCACT	TG	TCAATTAGAACTTT	CTAAG	TGAATAAAGCT	GTTATCCCTA	117	
Sbjct	305	CGAGGTCATAAACTCACT	CT	TCAATTAGAACTTT	TTAAG	CGAATAAAGC	GTTATCCCTA	247	
Query	118	AAGTAACTT	ATTTCTTTTT	TAGAATTCTAGGTATT	CTAACAAGTATGTTTATTTT	CTTA	177		
Sbjct	246	AAGTAACTT	TTTCTTTTT	TGAATTCTAGGTATT	TAACAAGTATGTTTATTTT	TTTA	188		
Query	178	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	237						
Sbjct	187	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	128						
Query	238	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAA	297						
Sbjct	127	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCCTTTTAGCCTTCTTACTAAA	68						
Query	298	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATT	CA	AAAAAAATTCT	CCGGTTTAC	TCTTT	CATACCA	356	
Sbjct	67	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATT	TC	AAAAAAATTCT	CCGGTTTAC	TCTTT	CAACCC	9	
Query	357	TCCTCAA	363						
Sbjct	8	TCCTCAA	2						

Bu eşleşmede, primer F'in 76-77. Pozisyonunda "TG" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 87-86. pozisyonunda ki "Boşluk C" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 92-97. Pozisyonunda "CT" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 271-266. Pozisyonunda "TC" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 107. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 257. Pozisyonunda "C" geldiği görülmüştür. Primer F'in 127. Pozisyonunda "A" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 237. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür. Primer F'in 138. Pozisyonunda "A" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 226. Pozisyonunda "T" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 154. Pozisyonunda "C" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 210. Pozisyonunda "T" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür (Çizelge 4.6). Primer F'in 174. Pozisyonunda "C" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 191. Pozisyonunda "T" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 321-322. Pozisyonunda "CA" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 44-43. Pozisyonunda "TC" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür. Primer F'in 344. Pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 31. Pozisyonunda bir boşluk geldiği görülmüştür. Bu eşleşmede, primer F'in ve primer R (RC)'nin karşılıklı olarak eşleşmeyen nükleotidleri FinchTV 1.4

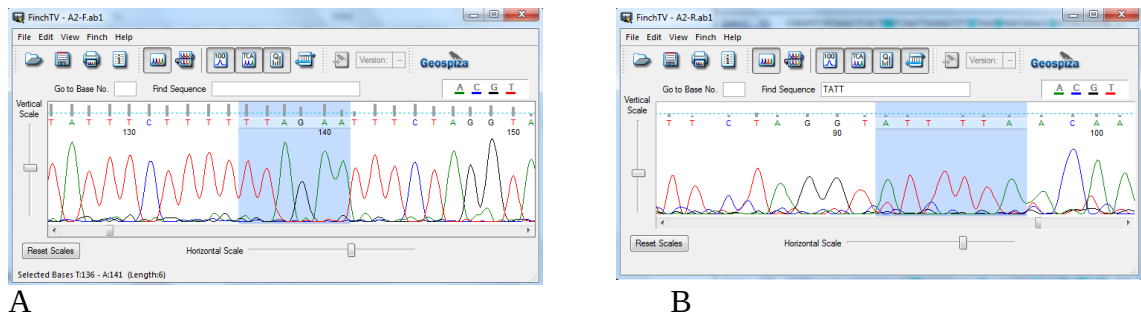
(<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek kromotogram pik görüntüleri göz ile kontrolü edilerek gerekli düzenlemeler yapılmıştır.



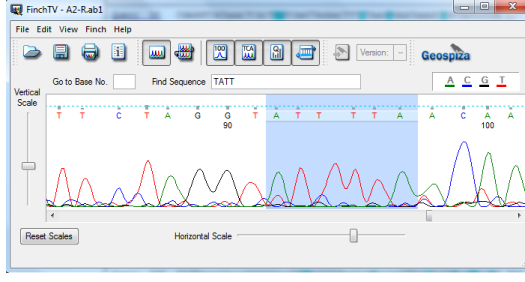
Şekil 4.8 A. PCR sekans ürünün primer F 76-77. – R 87-86. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 92,97. – R 271,266. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



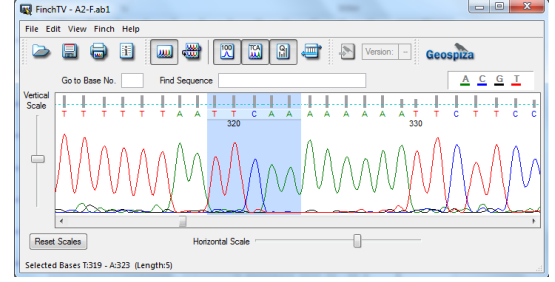
Şekil 4.9 A. PCR sekans ürünün primer F 107. – R 257. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 127. – R 237. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.10 A. PCR sekans ürünün primer F 138. – R 226. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 154. – R 210. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

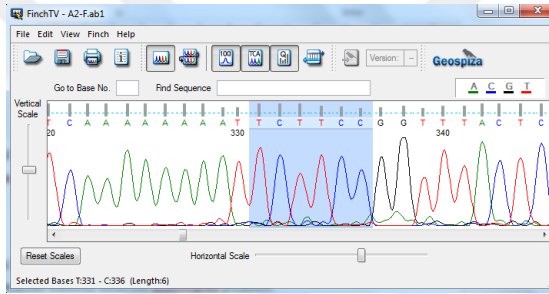


A

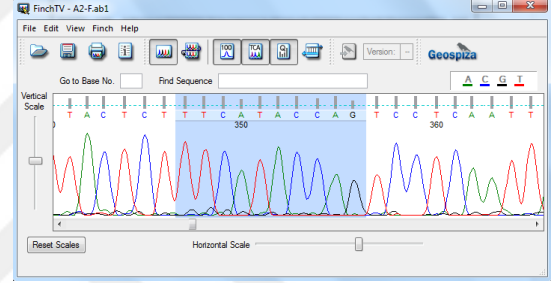


B

Şekil 4.11 A. PCR sekans ürünün primer F 174. – R 191. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 321-322. – R 44-43. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



A



B

Şekil 4.12 A. PCR sekans ürünün primer F 334. – R 31. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 355,352,351,348,343. – R 10,13,14,17,22. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Düzenleme sonunda Mega BLAST 2 sekans programı ile tekrardan yapılan eşleştirmede primer F' in nükleotid dizisi, primer R(RC) 'in nükleotid dizisi ile % 100 eşleşerek uygun nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4. 7).

Çizelge 4.9 A2 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 459 bits(248), Expect = 7e-134 Identities = 307/307(100%), Gaps = 0/307(0%) Strand=Plus/Minus					
Query	58	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA	117		
Sbjct	305	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA	247		
Query	118	AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTA	177		
Sbjct	246	AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTA	188		
Query	178	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	237		
Sbjct	187	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	128		
Query	238	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAA	297		
Sbjct	127	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCCTTTTAGCCTTCTTACTAAA	68		
Query	298	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTTTCATACCAG	356		
Sbjct	67	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTTCAACCCAG	9		
Query	357	TCCTCAA	363		
Sbjct	8	TCCTCAA	2		

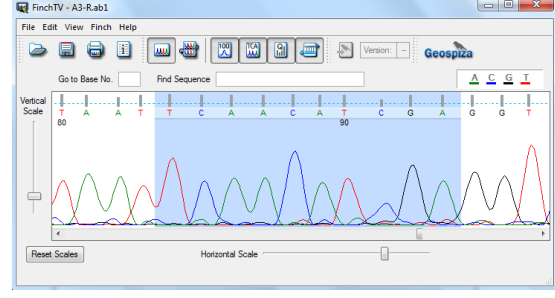
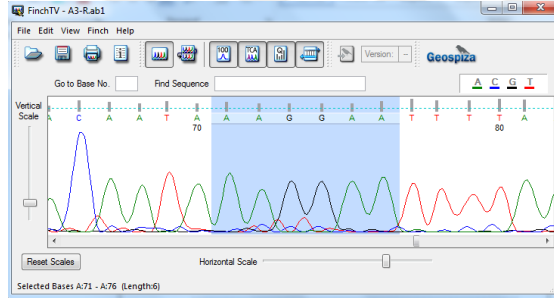
A2 örneği, 306 bç (15–348) olan nükleotid dizisi, 5’
CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTT
TCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAA
AAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCC
TTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTCCGGTTTAC
TCTTTCATACCAGTCCTCAA 3’ olarak belirlenmiştir.

4.8.1.3 A3 Örneği

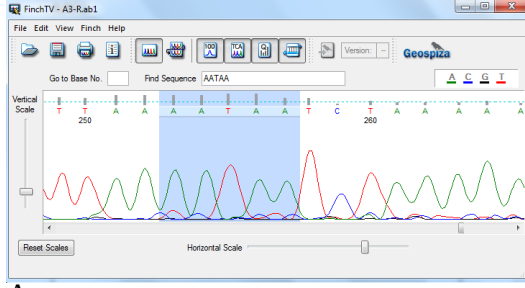
A3 örneğin, F ve R (reverse complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 315 nükleotidin, 304’ü birbiri ile eşleşmiştir (% 97).

Çizelge 4.10 A3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

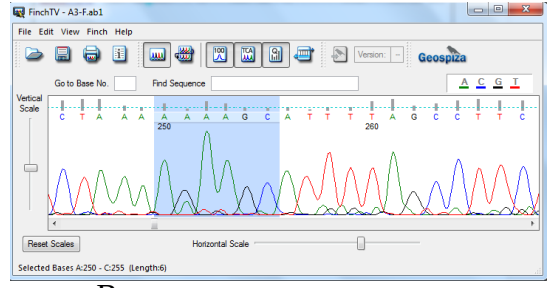
Score = 514 bits(278), Expect = 2e-150 Identities = 304/315(97%), Gaps = 8/315(2%) Strand=Plus/Minus									
Query	13	AAA	GGAA	TTTTTAATT	CAACATCG	AGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	72		
Sbjct	328	AAA	GGAA	TTTTTAATT	CAACATCG	AGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	273		
Query	73	TAAGTGAA	AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT	TAGAATTTCTAGGTAT	131				
Sbjct	272	TAAGTGAA	TAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT	TAGAATTTCTAGGTAT	213				
Query	132	TTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC	GGCCAGTGGAATA	191					
Sbjct	212	TTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC	GGCCAGTGGAATA	153					
Query	192	TTTTTAAAATAATCTAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCTTCT	TGTCTAAAAA	251					
Sbjct	152	TTTTTAAAATAATCTAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCTTCT	TGTCTAAAAA	93					
Query	252	AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTC	TTTTTTTAATTCAAAAAAATTC	310					
Sbjct	92	GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTC	TTTTTTTAATTCAAAAAAATTC	34					
Query	311	TTCCGGTTTACTCTT	325						
Sbjct	33	TTCCGTTTCTCTT	20						



Şekil 4.13 A. PCR sekans ürünün primer F 16-21. – R 325-320. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 30-39. – R 311-302. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

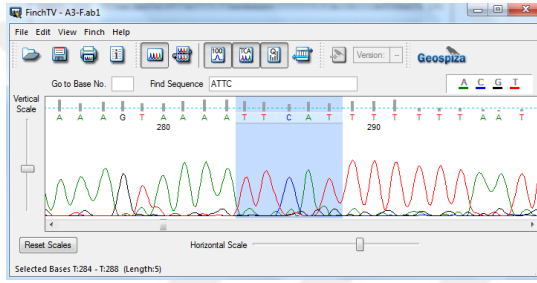


A

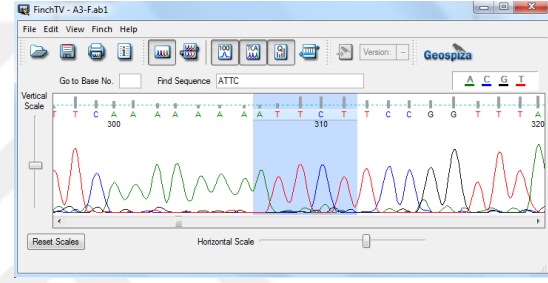


B

Şekil 4.14 A. PCR sekans ürünün primer F 81. – R 264. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 252. – R 92. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

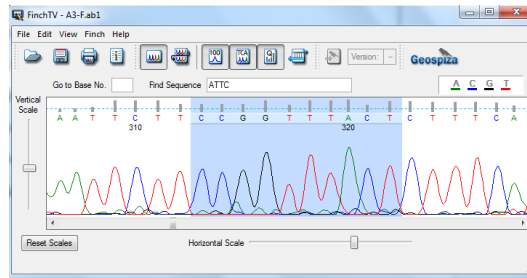


A



B

Şekil 4.15 A. PCR sekans ürünün primer F 287. – R 57. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 309. – R 33. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.16 PCR sekans ürünün primer F 316-302. – R 28-24. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.11 A3 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürününün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 514 bits(278), Expect = 2e-150 Identities = 315/315(100%), Gaps = 0/315(0%) Strand=Plus/Minus					
Query	13	AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	72		
Sbjct	328	AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	273		
Query	73	TAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTAT	131		
Sbjct	272	TAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTAT	213		
Query	132	TTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGAATA	191		
Sbjct	212	TTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGAATA	153		
Query	192	TTTTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAG	251		
Sbjct	152	TTTTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAG	93		
Query	252	AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTC	310		
Sbjct	92	AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTC	34		
Query	311	TTCCGGTTTACTCTT	325		
Sbjct	33	TTCCGGTTTACTCTT	20		

A3 örneği, 315 bç (13–325) olan nükleotid dizisi, 5’

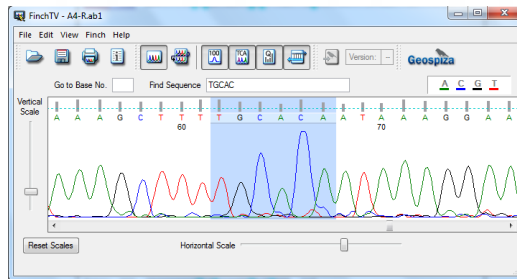
AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT
AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGT
ATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGG
AATATTTTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGT
CTAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAA
AAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT 3’ olarak belirlenmiştir.

4.8.1.4 A4 Örneği

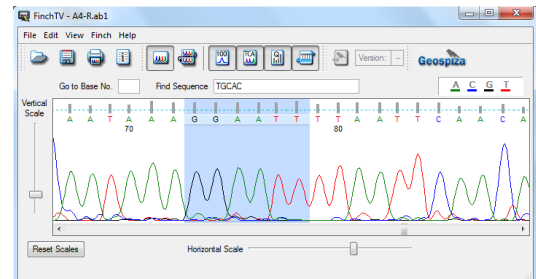
A4 örneğin, F ve R (reverse complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 328 nükleotidin, 318’i birbiri ile eşleşmiştir (% 97).

Çizelge 4.12 A4 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

Score = 545 bits(295), Expect = 7e-160 Identities = 318/328(97%), Gaps = 5/328(1%)						
Strand=Plus/Minus						
Query	21	AAGCTTTTGGAAAATAAAGGGAGTTTAATTCA-CATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	79			
Sbjct	341	AAGCTTTTGGACAATAAAGGAATTTTAATTCAA-CATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	282			
Query	80	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA	139			
Sbjct	281	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA	222			
Query	140	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGC	199			
Sbjct	221	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGC	162			
Query	200	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	259			
Sbjct	161	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	102			
Query	260	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT	319			
Sbjct	101	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT-	43			
Query	320	CAAAAAAATCTTCCGGTTTACTCTTT	347			
Sbjct	42	CAAAAAAATCTCCGGTTTACTTTT	18			

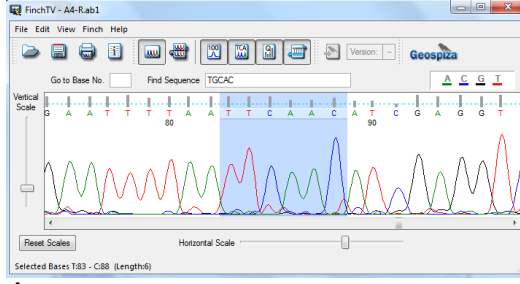


A

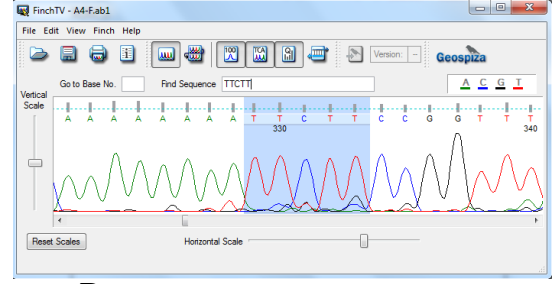


B

Şekil 4.17 A. PCR sekans ürününün primer F 30,32. – R 332,330. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 41,43. – R 321,319. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

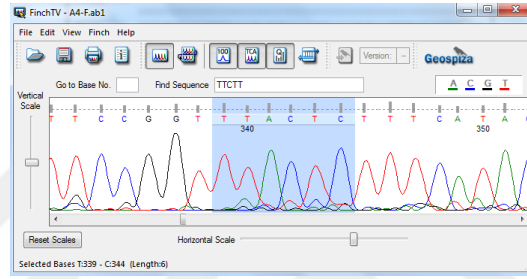


A



B

Şekil 4.18 A. PCR sekans ürünün primer F 53. – R 309. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 330,333. – R 35,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.19 PCR sekans ürünün primer F 340,344. – R 25,21. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.13 A4 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 545 bits(295), Expect = 7e-160 Identities = 328/328(100%), Gaps = 0/328(0%)				
Strand=Plus/Minus				
Query	21	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAAGTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	79	
Sbjct	341	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	282	
Query	80	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTAGAA	139	
Sbjct	281	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTAGAA	222	
Query	140	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGC	199	
Sbjct	221	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGC	162	
Query	200	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	259	
Sbjct	161	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	102	
Query	260	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT	319	
Sbjct	101	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT	43	
Query	320	CAAAAAAATTCTTCGGTTTACTCTTT	347	
Sbjct	42	CAAAAAAATTCTTCGGTTTACTCTTT	18	

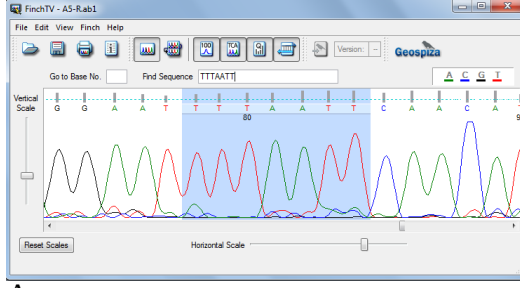
A4 örneği, 315 bç (21–347) olan nükleotid dizisi, 5’
AAGCTTTTGCACAATAAAGGAAGTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTG
TCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT
TTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTT
TCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAG
TTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAA
ATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTT 3’ olarak
belirlenmiştir.

4.8.1.5 A5 Örneği

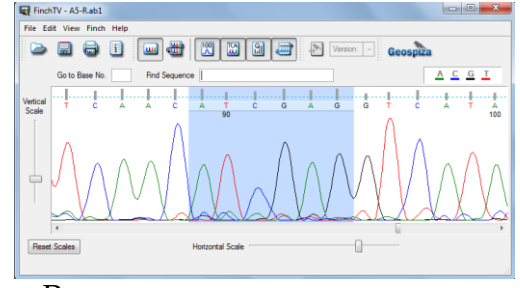
A5 örneğin, F ve R (reverse complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 315 nükleotidin, 304’ü birbiri ile eşleşmiştir (% 97).

Çizelge 4.14 A5 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

Score = 472 bits(255), Expect = 1e-137 Identities = 290/305(95%), Gaps = 10/305(3%) Strand=Plus/Minus									
Query	13	TTTTAAATTTTACAACATACGAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	72						
Sbjct	318	TTTTAA-TT-CAACAT-CG-AGGTCAT-AACTCACTT-GTCAATTAGAACTTTCTAAG	266						
Query	73	TGAAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTCTAGGTATTTT	132						
Sbjct	265	TGAAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTCTAGGTATTTT	207						
Query	133	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTT	192						
Sbjct	206	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTT	147						
Query	193	TTAAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	252						
Sbjct	146	TTAAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	87						
Query	253	GCATTTTAGCCCTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAATCAAAAATAATCTTC	312						
Sbjct	86	GCATTTTAGCCCTCTTACTAAAAAGTCAATTCATTTTTT-AAT-CAAAACAAAATCTGC	29						
Query	313	CGGTT	317						
Sbjct	28	CGGTT	24						

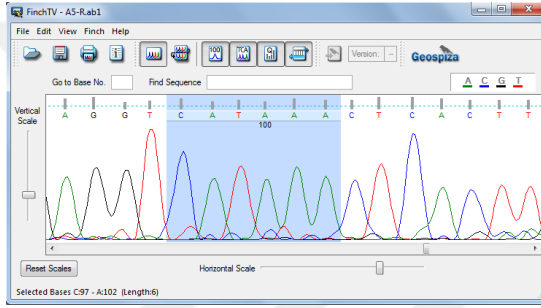


A

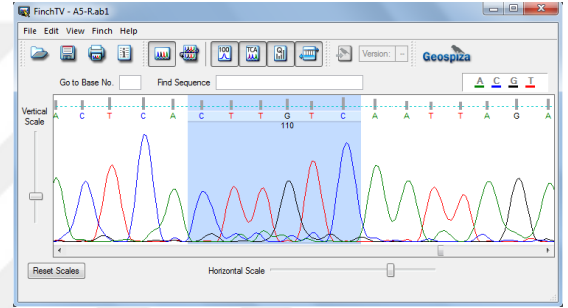


B

Şekil 4.20 A. PCR sekans ürünün primer F 340,344. – R 25,21. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 30,33. – R 301,298. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

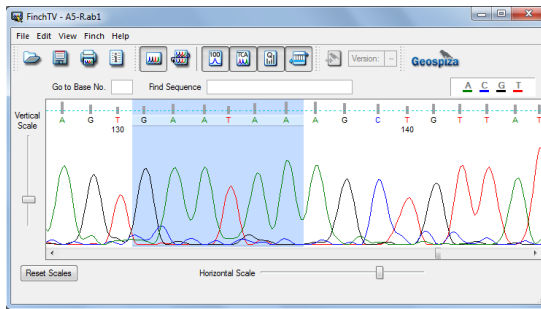


A

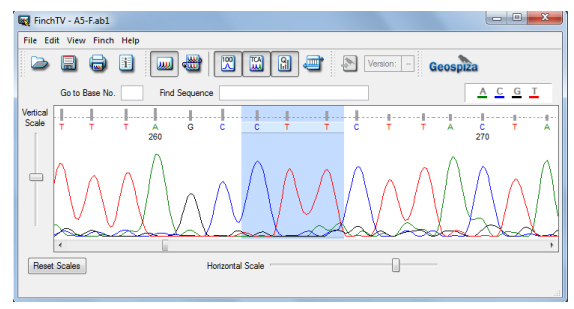


B

Şekil 4.21 A. PCR sekans ürünün primer F 41. – R 312. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 52. – R 323. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

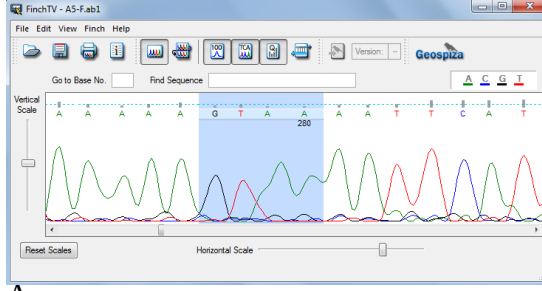


A

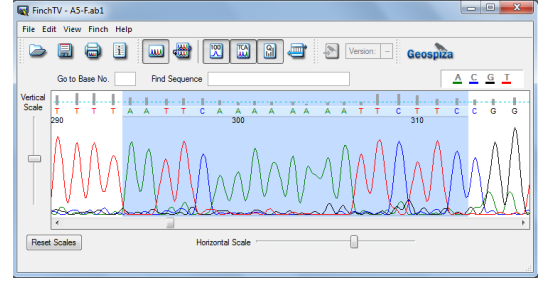


B

Şekil 4.22 A. PCR sekans ürünün primer F 77. – R 261. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 264. – R 75. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



A



B

Şekil 4.23 A. PCR sekans ürünün primer F 279. – R 60. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 293,297. – R 46,42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.15 A5 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(255), Expect = 1e-137 Identities = 297/297(100%), Gaps = 0/297(0%) Strand=Plus/Minus				
Query	13	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	72	
Sbjct	318	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	266	
Query	73	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTT	132	
Sbjct	265	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTT	207	
Query	133	AACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTT	192	
Sbjct	206	AACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTT	147	
Query	193	TTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	252	
Sbjct	146	TTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	87	
Query	253	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC	312	
Sbjct	86	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC	29	
Query	313	CGGTT	317	
Sbjct	28	CGGTT	24	

A5 örneği, 304 bç (13–317) olan nükleotid dizisi, 5'

TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG
GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAG
GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCC
CCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTAT
AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA
TTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTCCGGTT 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.2 B Grubuna (Kilis) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

B grubuna (Kilis) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.14’te verilmiştir.

Çizelge 4.16 B grubuna (Kilis) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
B1	F	CGAAATTAAACCTTCCTTCTTAAAGGTTTTTG GACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAG GTCATATCTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTC TGTGATAAAACTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAC AAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT TTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAAT AATCTAAAAAAATTAATAAATATAAAGTTTTA TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTT TAATCCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTT TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGA TTATGCTACCTTTGCACA	397
	R	GGGGGGGGAGAAAGGTTTGAAAAAAGAAAC CGGGAAAAATTTTGTTTGTGATAAAAAAAAT GAATTTTACTTTATTAGTAAAGAGGCTAAAA AGCTTCTTTGAGACAAGAGGACCCTATAAAA CTTTAATTTTAAATTTTGTAGATTATTTTAA AAATATTCCACTGGGGCGGAGAGAAAAAAA CTACACTTAAAAAAGATACTTGTTAA AATACCAAGAAATTCTAAAAAAGAAATAATT ACTTTAGGGATAACAGCTTTATTCACCTAAA AAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCT CGATGTTGAATTAATAATTCCTTTATTGTGCAA AAGCTTTAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTA AAATTTCCATGATCTGAGTTCAAATCGAG	402

Çizelge 4.16 (Devamı) B grubuna (Kilis) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri

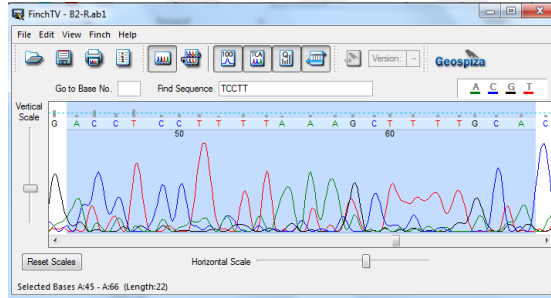
ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
B2	F	GTGTCAGGAACCTCCCTCTTTAAGCTTTTTGC AAATAAGGATTTTAATTCAAACATCGAGGTC ATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAA GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAC AAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT TTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAAT AATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTAT AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAG CCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTT AATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTT CATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGAT TATGCTACCTTTGCACAACA	398
	R	ATTTAAAGGAAGGGTTTGAAAAAGTAACCGG GAAGAAATTTGTTTTGAATTAAAAAATGAAT TTTACTTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTC TTTAGACAAGAAGTCCCTATAAACTTTAT ATTTTTAATTTTTTAGATTATTTTAAAAATAT TCCACTGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTC TTAAGAAAATAAACATACTTGTTAAATACC TAGAAATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTT AGGGATAACAGCTTTATTCCTTAGAAAGTT CTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATG TTGAATTAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCT TTAAGAGGAGGTCTGTTCGACCTTTAAAATT TTCCATGATCTGAGTTCAAATCGAAGA	402

4.8.2.1 B1 Örneği

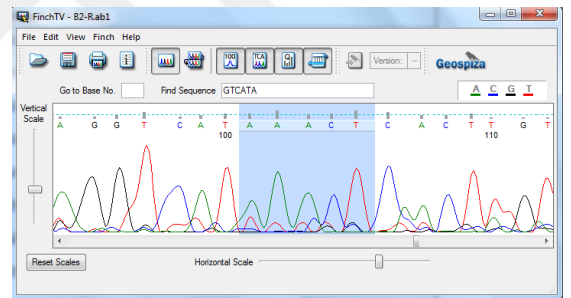
B1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 334 nükleotidin, 328'i birbiri ile eşleşmiştir (% 98). (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.17 B1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 422 bits(228), Expect = 1e-122 Identities = 312/351(89%), Gaps = 11/351(3%)									
Strand= Plus/Minus									
QUERY	10	ACC	TCCTT	CTTAAAG	GT	TTTTTG	GACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	69	
SBJCT	358	ACC	TCCTT	TTAAA	GCT	TTTTTG	CACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	302	
QUERY	70	-T	CTCACTTGTCAATTAGAACTTT	CTCT	GTGA	-TAAA	CTGTTATCCCTAAAGTAACTTA	127	
SBJCT	301	AA	CTCACTTGTCAATTAGAACTTT	TTAA	GTGA	ATAAAG	CTGTTATCCCTAAAGTAACTTA	243	
QUERY	128	TTTCTTTTTT	TAGAATTTCT	AGGTATTTT	AACAAGTAT	GTTT	ATTTTCTTAAGAAAAGCTT	187	
SBJCT	242	TTTCTTTTTT	TAGAATTTCT	TGGTATTTT	AACAAGTAT	CTTT	TTTTTTTAAAGTGTAGTT	184	
QUERY	188	TTTTTCTC	ACCGCCCCAGT	GGAATATTTT	TAAATAATCTA	AAAAAATTA	AAAAATATAAA	247	
SBJCT	183	TTTTTCTC	TCCGCCCCAGT	GGAATATTTT	TAAATAATCTA	CAAAAATTA	AAAAATATAAA	125	
QUERY	248	GTTTTATAGGGTC	TCTTGTCT	AAAAGAAGC	ATTTTAGCCT	TCTTACTAA	AAAGTAAAA	306	
SBJCT	124	GTTTTATAGGGTC	TCTTGTCT	CAAAGAAGC	TTTTTAGCCT	CTTTACTAAT	AAAGTAAAA	65	
QUERY	307	TTCATTTTTTT	AATC	CAAAAAAAT	CTTCC	GGTT	ACTCTTTCA	TACC	355
SBJCT	64	TTCATTTTTTT	TATCA	CAAAACAAAAT	TTCC	CGGTT	CTTTTTTCA	TACC	14

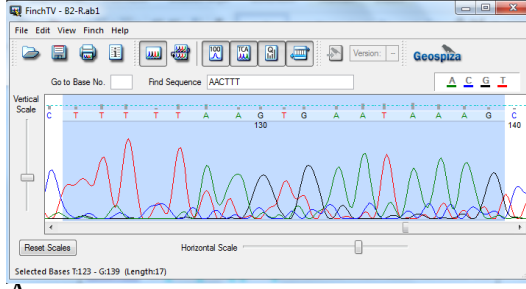


A

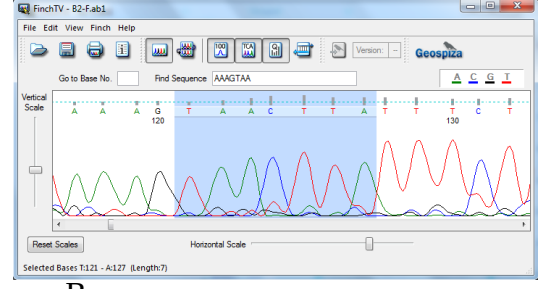


B

Şekil 4.24 A. PCR sekans ürünün primer F 13,19,25,27,33. – R 355,349,343,341,335. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 70,71. – R 301,300. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

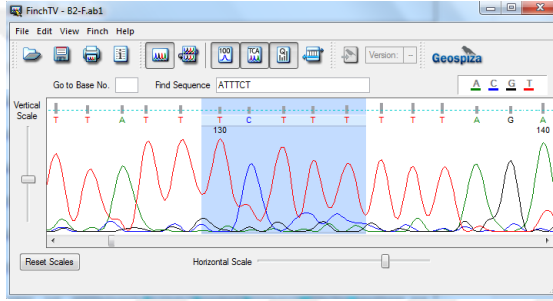


A

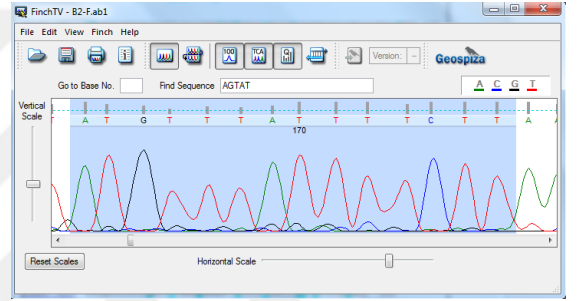


B

Şekil 4.25 A. PCR sekans ürününün primer F 94,96,97,102,107. – R 277,275,274,269,264. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 124. – R 246. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

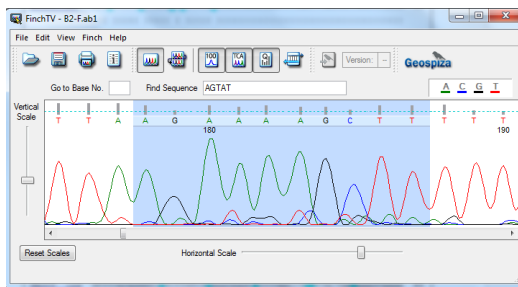


A

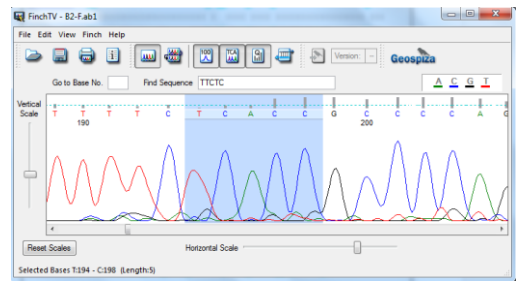


B

Şekil 4.26 A. PCR sekans ürününün primer F 147. – R 223. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 165,169,174. – R 206,210,215. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

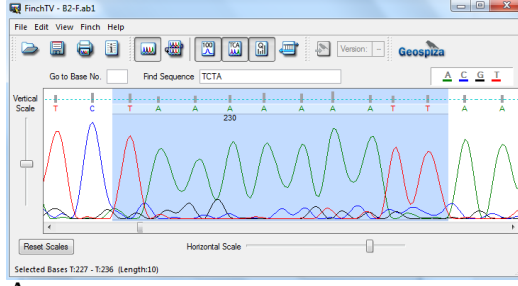


A

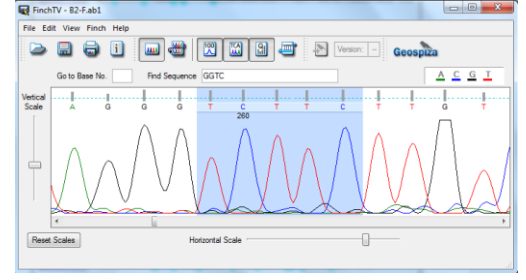


B

Şekil 4.27 A. PCR sekans ürününün primer F 180,181,182,185. – R 221,222,223,226. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 196. – R 175. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

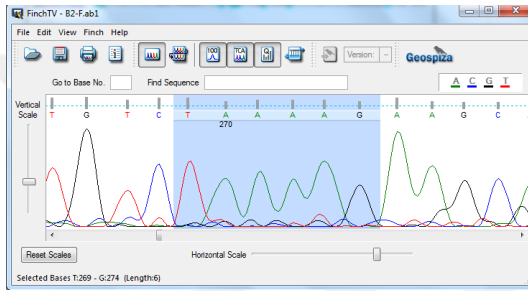


A

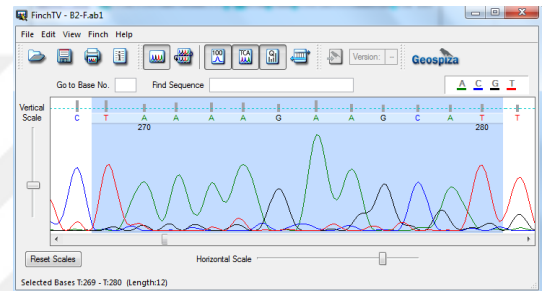


B

Şekil 4.28 A. PCR sekans ürünün primer F 229,243. – R 142,129. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 261. – R 111. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

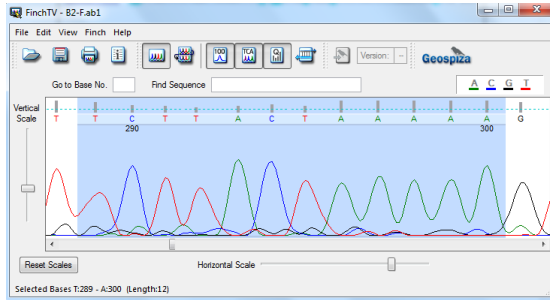


A

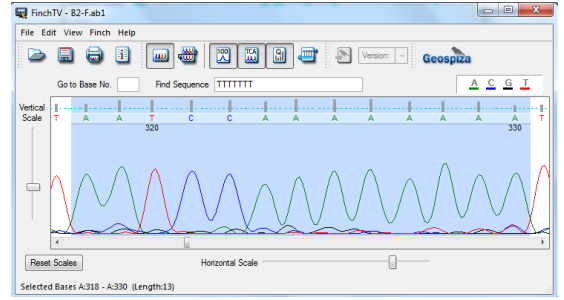


B

Şekil 4.29 A. PCR sekans ürünün primer F 270. – R 102. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 279. – R 93. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

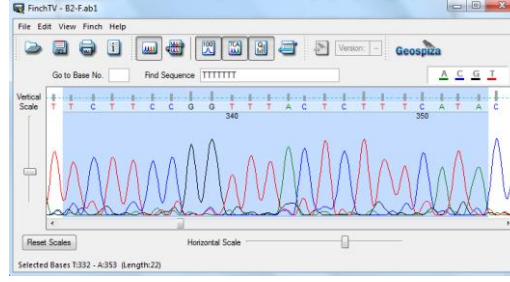


A



B

Şekil 4.30 A. PCR sekans ürünün primer F 289,290,298. – R 83,82,74. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 318,322,327. – R 53,49,44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.31 PCR sekans ürünün primer F 334,339,345,346,348,354. – R 37,32,26,25,23,17. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.18 B1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(347), Expect = 1e-137 Identities = 347/347(100%), Gaps = 0/347(0%) Strand=Plus/ Plus									
QUERY	10	ACCTTCCTTCTTAAAGGTTTTTG	GACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	69					
SBJCT	358	ACCTTCCTTCTTAAAGGTTTTTG	GACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	302					
QUERY	70	TCTCACTTGTCAATTAGAAGTTTCTCTGTGAATAAACTGTTATCCCTAAAGTAACCTTA	127						
SBJCT	301	AACTCACTTGTCAATTAGAAGTTTCTCTGTGAATAAACTGTTATCCCTAAAGTAACCTTA	243						
QUERY	128	TTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTT	187						
SBJCT	242	TTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGTGTAGTT	184						
QUERY	188	TTTTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAA	247						
SBJCT	183	TTTTTCTCTCCGCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTACAAAAATTAAAAATATAAA	125						
QUERY	248	GTTTATAGGGTCTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAATAAGTAAAA	306						
SBJCT	124	GTTTATAGGGTCTCTTGTCTCAAAGAAGCTTTTATAGCCTCTTACTAATAAGTAAAA	65						
QUERY	307	TTCATTTTTTTAATC-CAAAAAATCTTCC-GGTTTACTCTTTCATACC	355						
SBJCT	64	TTCATTTTTTTTATCAAAACAAAATTTTCCCGGTTTCTTTTTCATAACC	14						

B1 örneği, 304 bç (13–317) olan nükleotid dizisi, 5'

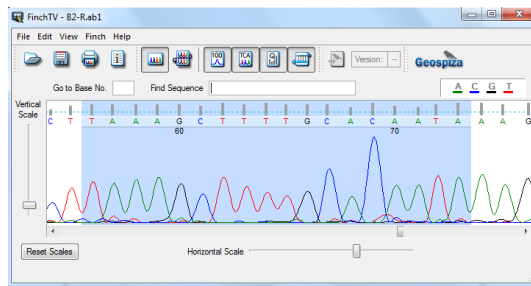
ACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA
AACTCACTTGTCAATTAGAAGTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAAC
TTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAA
AGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAA
AATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTA
AAAAGTAAAAATTCATTTTTTTAATCCAAAAAATTTCTTCCGGTTTACTCTTTCATA
CC 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.2.2 B2 Örneği

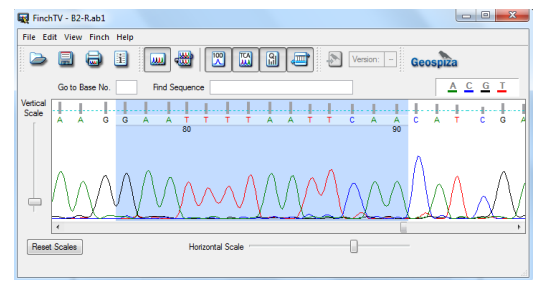
B2 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 343 nükleotidin, 329'i birbiri ile eşleşmiştir (% 98). (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.19. B2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 549 bits(297), Expect = 6e-161 Identities = 329/343(96%), Gaps = 7/343(2%) Strand= Plus/Minus					
QUERY	10	ACCTCCTTTTAAAGCTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	69		
SBJCT	358	ACCTCCTTTTAAAGCTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA	302		
QUERY	70	AACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTA	127		
SBJCT	301	AACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTA	243		
QUERY	128	TTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTT	187		
SBJCT	242	TTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTT	184		
QUERY	188	TTTTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTA AAAATATAAA	247		
SBJCT	183	TTTTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTA AAAATATAAA	125		
QUERY	248	GTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	306		
SBJCT	124	GTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	65		
QUERY	307	TTCATTTTTTTAATCCAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTTTCATACC	355		
SBJCT	64	TTCATTTTTTTTATCCAAACAAAATTTTCCGGTTTCTTTTTTCAAACC	14		

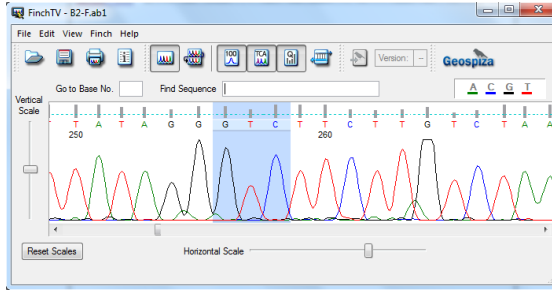


A

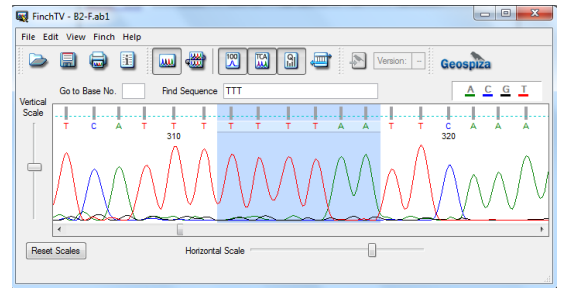


B

Şekil 4.32 A. PCR sekans ürününün primer F 21,26,34,38. – R 346,341,333,329. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 43,54. – R 324,313. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

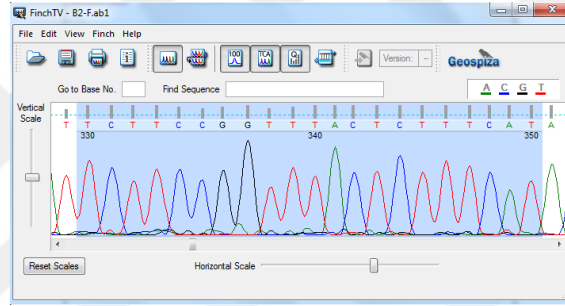


A



B

Şekil 4.33 A. PCR sekans ürünün primer F 257. – R 109. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 315. – R 51. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.34 PCR sekans ürünün primer F 330,336,338,344,350. – R 24,18,16,10,4. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.20 B2 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 341/341(100%), Gaps = 0/341(0%)											
Strand=Plus/ Plus											
Query	15	CCTCTTTAAGCTTTTTTGCA-AAT-AAGG-ATTTTAATTC	AAACATCGAGGTCATAAACTC	71							
Sbjct	352	CCTCTTTAAGC-TTTTGCACAATAAAGG-ATTTTAATTC	AAACATCGAGGTCATAAACTC	295							
Query	72	ACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCT	131								
Sbjct	294	ACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCT	235								
Query	132	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTT	191								
Sbjct	234	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTT	175								
Query	192	CTCACCGCCCCAGTGGAAATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	251								
Sbjct	174	CTCACCGCCCCAGTGGAAATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	115								

Çizelge 4.20 (devamı) B2 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 341/341(100%), Gaps = 0/341(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
Query	252	TAGGG	TCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	311	
Sbjct	114	TAGGG	CTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	55	
Query	312	TTT	AATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTTTTCATACC	353	
Sbjct	54	TTT	AATTCAAAACAAATTCTTCCGGTTACTTTTCAACC	1	

B2 örneği, 338 bç (15–353) olan nükleotid dizisi, 5’

CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCA
TAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA
AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTAT
TTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATA
ATCTAAAAAATTAATAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAA
GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAA
AATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC 3’ olarak belirlenmiştir.

4.8.3 C Grubuna (Şanlıurfa) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

C grubuna (Şanlıurfa) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.14’te verilmiştir.

Çizelge 4.21 C grubuna (Şanlıurfa) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
C1	F	ATTTGGGATACGTTCTTTCTTAAAGCTTTTGC AAATAAAAGGATTTTAATTCAACATCGAGGT CATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAA GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAAC AAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTTTAAAAT ATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTAT AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAG CCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTT AATTCAAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTT CATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGAT TATGCTACCTTTGCACAACA	399
	R	CTGGGAGGAAGGGTATGAAAAAGAACCAG AAGATTTGTTTGGAATTAAGAAAATGAATTT TACTTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTT TTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATAT TTTTAATTTTTTTAGAATATTTTAAAAATATTC CACTGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTCTT AAGAAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTA GAAATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAG GGATAACAGCTTTATTCACCTTAGAAAGTTCT AATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTT GAATTAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTT AAGAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAAATTT TCCATGATCTGAGTTCAAATCGAGGA	400
C2	F	TGAAAAAGAACCTTCCTTCTTAAAGCTTTTTG CAAATAAAGGGAATTTTAATTCAACATCGAA GGTCAATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC TAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAA CTTATTTCTTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTA ACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTT TTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTTTAAA ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTT ATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTT AGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTC TTAATTCAAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCT TTCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATG ATTATGCTACCTTTGCACAGCA	402

Çizelge 4.21(Devamı) C grubuna (Şanlıurfa) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
	R	GTTGAGAAAGGGGGTTGGAAGAGTAAACAG GAGATTTTTTTTGAATTAAGAAAATGAATTTT ACTTTTATAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTT TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATT TTTAATTTTTTGAATATTTTTAAAAATATTCC ACTGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTCTTA AGAAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAG AAATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGG GATAACAGCTTTATTCACCTAGAAAGTTCTA ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTG AATTAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTA AGAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTC CATGATCTGAGTTCAAATCGA	396
C3	F	GGTTTCCAACTTCCTCTTAAGCTTTGCACAA TAAAGGATTTTAATTCAACATCGAGGTCATA AACTCACTTGTCATTAGAACTTTCTAAGTG AATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGT ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCT CACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATATT CTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGG GTCCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTT CTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATT CAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATA CCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATG CTACCTTTGCACAACA	395
	R	CTTGGAACAGGGTTTGGAAAGAGGAACAGAA GAATTTTTTTTGATTAAGAAAATGAATTTTAC TTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTGAATATTTTTAAAAATATTCCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTCTTAAG AAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAGAA ATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGA TAACAGCTTTATTCACCTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAAT TAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGACGA	397

Çizelge 4.21(Devamı) C grubuna (Şanlıurfa) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

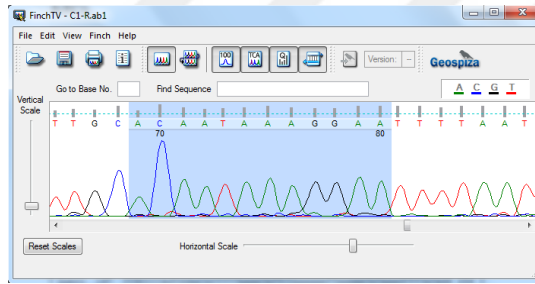
ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
C4	F	AGGATAAAAACTTCCGTTTTAAGCTTTTGC ACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGA GGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC TAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAA CTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTA AACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCT CTATTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTT AAAATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGT TTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATT TTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTT TCTTAATTTAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACT CTTTCATAACCAGTCCTCAATTAAGACTAA TGATTATGCTACCTTTGCACCACA	402
	R	CCAGGCCAAAGGGTTTGAAGGATTAACCAGG AAGATTTTTTTTTTAATTAATAAAAAATAAATTT ACTTTTGTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTT TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATT TTTAAATTTTTAGAATATTTTAAAAATATTCC ACTGGGGCGGTGAGGAAATAGAGCTTTTCTT AAGAAAATAAACGTACTTGTTTAAATACCTA GAAATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAG GGATAACAGCTTAATTCGCTTAGAAAGTTCT AATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTT GAATTAAAATTCCTTTATTTTGTGCAAAAGCT TTAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAATTTT TCCATGATCTGAGTTCAAATCGAA	401

4.8.3.1 C1 Örneği

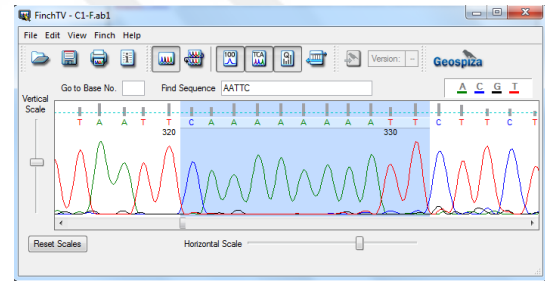
C1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 345 nükleotidin, 333'ü birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.22. C1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

Score = 568 bits(307), Expect = 2e-166 Identities = 333/345(97%), Gaps = 3/345(0%)					
Strand= Plus/Minus					
Query	18	TCTTAAAGCTTTTGCA	AATAAAAGG	ATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	76
Sbjct	347	TCTTAAAGCTTTTGCA	CAATAAAGGA	ATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	288
Query	77	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT			136
Sbjct	287	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT			228
Query	137	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA			196
Sbjct	227	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA			168
Query	197	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGG			256
Sbjct	167	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGG			108
Query	257	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT			316
Sbjct	107	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT			48
Query	317	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTC			361
Sbjct	47	AATTCAAAATAATCTTCTGGTTCTTTTCATACCCTTCCTC			5

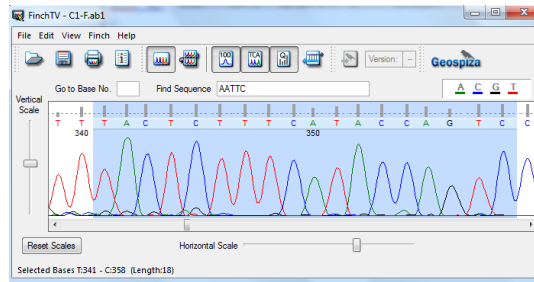


A



B

Şekil 4.35 A. PCR sekans ürünün primer F 34,41,43. – R 331,324,322. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 34,41,43. – R 331,324,322. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.36 PCR sekans ürünün primer F 341,342,343,345,355,356. – R 25,24,23,21,11,10. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.23 C1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 345/345(100%), Gaps = 0/345(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
Query	18	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	76		
Sbjct	347	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	288		
Query	77	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	136		
Sbjct	287	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	228		
Query	137	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	196		
Sbjct	227	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	168		
Query	197	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGG	256		
Sbjct	167	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGG	108		
Query	257	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	316		
Sbjct	107	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	48		
Query	317	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTC	361		
Sbjct	47	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTC	5		

C1 örneği, 345 bç (18–361) olan nükleotid dizisi, 5'

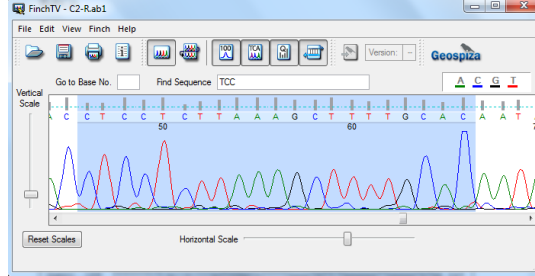
TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAA
 ACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAG
 TAACTTATTTCTTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTC
 TTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCT
 AAAAAATTAATAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCA
 TTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTTAATTCAAAAAAAT
 TCTTCTGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTC 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.3.2 C2 Örneği

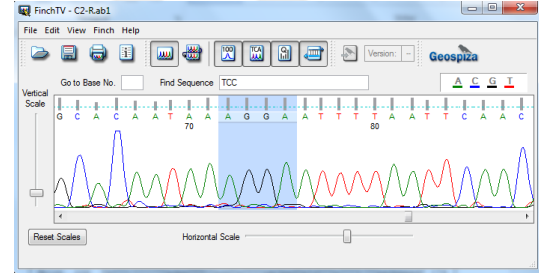
C2 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 345 nükleotidin, 333'ü birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.24. C2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

Score = 575 bits(311), Expect = 9e-169 Identities = 338/349(97%), Gaps = 9/349(2%)					
Strand= Plus/Minus					
Query	10	ACCTTCCCTCTTTAAAGCTTTTGTGCAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAAGGTCA	68		
Sbjct	353	ACCCTCCCTCTTTAAAGCTTTTGTGCAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAAGGTCA	299		
Query	69	TAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT	128		
Sbjct	298	TAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT	239		
Query	129	TATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGC	188		
Sbjct	238	TATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGC	179		
Query	189	TTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAA	248		
Sbjct	178	TTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAA	119		
Query	249	AGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	308		
Sbjct	118	AGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	59		
Query	309	TTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATCTTCTGGTTACTCTTTCATACC	357		
Sbjct	58	TTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATCTCTCTGTTACTCTTCCAACC	13		

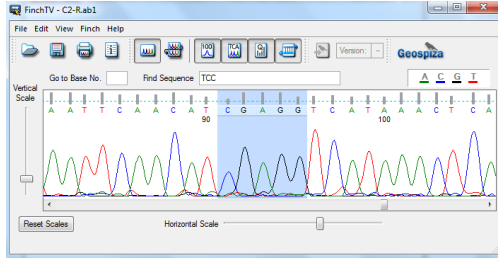


A

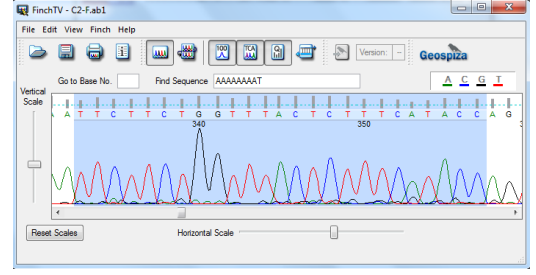


B

Şekil 4.37 A. PCR sekans ürününün primer F 13,17,27,35. – R 350,346,341,333. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 42. – R 326. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



A



B

Şekil 4.38 A. PCR sekans ürünün primer F 42. – R 326. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 354,351,340,337,334. – R 36,33,30,19,16. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.25 C2 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 344/344(100%), Gaps = 0/344(0%)				
Strand=Plus/ Plus				
Query	10	ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCA	68	
Sbjct	353	ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCA	299	
Query	69	TAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT	128	
Sbjct	298	TAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT	239	
Query	129	TATTTCTTTTTTGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGC	188	
Sbjct	238	TATTTCTTTTTTGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGC	179	
Query	189	TTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAA	248	
Sbjct	178	TTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAA	119	
Query	249	AGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAGAAGCATTCTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	308	
Sbjct	118	AGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAGAAGCATTCTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA	59	
Query	309	TTCATTTCTTAATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	357	
Sbjct	58	TTCATTTCTTAATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	13	

C2 örneği, 345 bç (18–361) olan nükleotid dizisi, 5'

ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAA

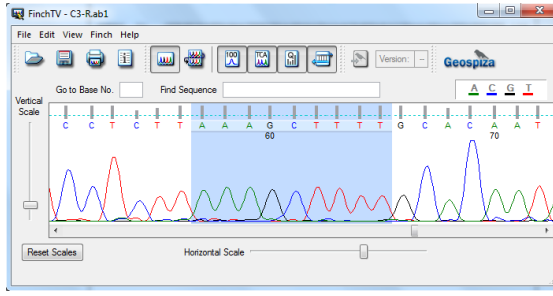
ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA
GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.3.3 C3 Örneği

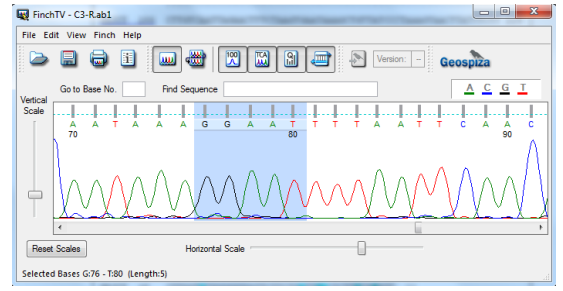
C3 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 341 nükleotidin, 332'si birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.26 C3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

Score = 575 bits(311), Expect = 9e-169 Identities = 332/341(97%), Gaps = 6/341(1%) Strand= Plus/Minus									
QUERY	13	TCCTCTT	AAGC	TTTGCACAATAAAGGA	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	69			
SBJCT	348	TCCTCTT	AAGC	TTTGCACAATAAAGGA	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	289			
QUERY	70	CTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	129					
SBJCT	288	CTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	229					
QUERY	130	TTT	TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	189					
SBJCT	228	TTT	TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	169					
QUERY	190	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTAT	249						
SBJCT	168	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTAT	109						
QUERY	250	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTT	309						
SBJCT	108	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTT	49						
QUERY	310	CTTAAT	CAAAAAAATTCTTCTGTTTACTCTTCA	TACC	350				
SBJCT	48	CTTAAT	CAAAAAAATTCTTCTGTTTCTCTTCA	TACC	11				

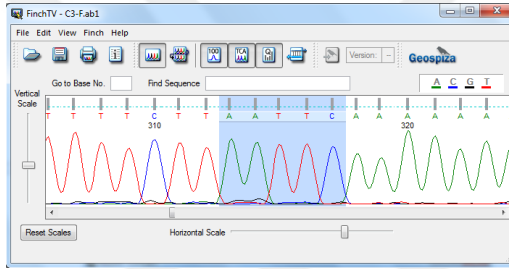


A

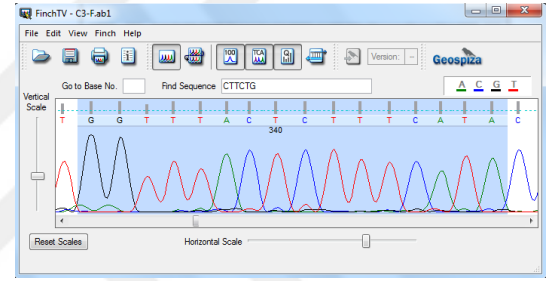


B

Şekil 4.39 A. PCR sekans ürünün primer F 20,25. – R 341,336. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 42. – R 319. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



A



B

Şekil 4.40 A. PCR sekans ürünün primer F 316. – R 42. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 334,337,338,344,347. – R 27,24,23,17,14. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.27 C3 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 341/341(100%), Gaps = 0/341(0%)				
Strand=Plus/ Plus				
QUERY	13	TCCTCTTAAAGCTTTTGACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	69	
SBJCT	348	TCCTCTTAAAGCTTTTGACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA	289	
QUERY	70	CTTGTCATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	129	
SBJCT	288	CTTGTCATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	229	
QUERY	130	TTTGTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	189	
SBJCT	228	TTTGTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	169	

Çizelge 4.27 (devamı) C3 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 341/341(100%), Gaps = 0/341(0%) Strand=Plus/ Plus					
QUERY	190	TCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	249		
SBJCT	168	TCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAT	109		
QUERY	250	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTT	309		
SBJCT	108	AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTT	49		
QUERY	310	CTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	350		
SBJCT	48	CTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	11		

C3 örneği, 341 bç (13–350) olan nükleotid dizisi, 5’

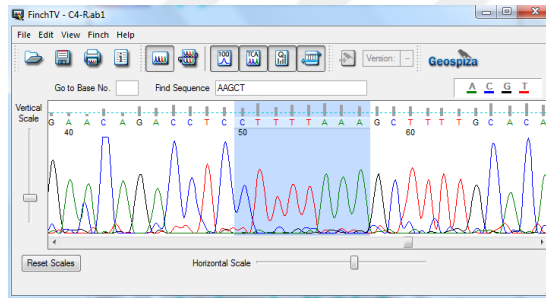
ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAA
ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA
GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC 3’ olarak belirlenmiştir.

4.8.3.4 C4 Örneği

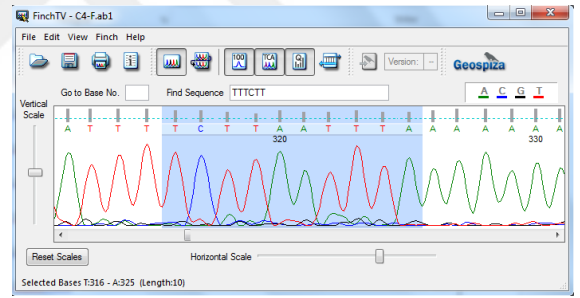
C4 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 344 nükleotidin, 334’si birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.28 C4 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 579 bits(313), Expect = 7e-170 Identities = 334/344(97%), Gaps = 1/344(0%)	
Strand= Plus/Minus	
Query 14	TCCGTTTAAAGCTTTTGACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT 73
Sbjct 354	TCCTTTTAAAGCTTTTGACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT 295
Query 74	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAAC TTATTC 133
Sbjct 294	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAAC TTATTC 235
Query 134	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATT 193
Sbjct 234	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATT 175
Query 194	TCCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTT 253
Sbjct 174	TCCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTT 115
Query 254	TATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTAT 313
Sbjct 114	TATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTAT 55
Query 314	TTTCTTAATTAAAAAAAATCTTCCGGTTTACTCTTCAATACC 357
Sbjct 54	TTTCTTAATTAAAAAAAATCTTCCGGTTTACTCTTCAATACC 12

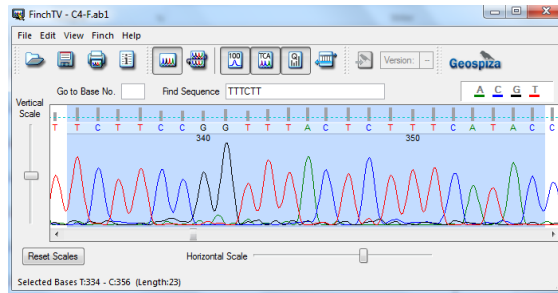


A



B

Şekil 4.41 A. PCR sekans ürünün primer F 17,21. – R 351,347. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 317,324. – R 51,44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



Şekil 4.42 PCR sekans ürünün primer F 334,340,342,346,349,354. – R 35,29,27,23,20,15. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.29 C4 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürününün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 344/344(100%), Gaps = 0/344(0%) Strand=Plus/ Plus					
Query	14	TCCTTTTAAAGCTTTTGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	73		
Sbjct	354	TCCTTTTAAAGCTTTTGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	295		
Query	74	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTTC	133		
Sbjct	294	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTTC	235		
Query	134	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATT	193		
Sbjct	234	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATT	175		
Query	194	TCCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTT	253		
Sbjct	174	TCCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTT	115		
Query	254	TATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTAT	313		
Sbjct	114	TATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTAT	55		
Query	314	TTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	357		
Sbjct	54	TTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	12		

C4 örneği, 341 bç (14–357) olan nükleotid dizisi, 5'

TCCTTTTAAAGCTTTTGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGT
CATAAACTCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCC
TAAAGTAACTTATTTCTTTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTT
ATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAA
AATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTAAA
AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAATTTAA
AAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.4 D Grubuna (Hatay) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

D grubuna (Hatay) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.30'te verilmiştir.

Çizelge 4.30 D grubuna (Hatay) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
D1	F	TGCCACCATTAAAAGGGAAATTTTAATTCCA ACATCCAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATT AGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAA GAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA ATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAA TATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAA AATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTC CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAA AAGACTAATGATTATGCTACCTTGCACCAA AAAT	381
	R	GACGGGGGCAAGCCGTCGCTTGTAGATACGG AGATTTTTTTTGATTAAAAAAATGAATTTTAC TTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTAGATTATTTTAAAAAATATTCCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAAGCTTTTCTTAAG AAAATAAACATACTTGTTAAAATACCTAGAA ATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGA TAACAGCTTTATTCACCTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAAT TAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGAAGAG	399

Çizelge 4.30 (Devamı) D grubuna (Hatay) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

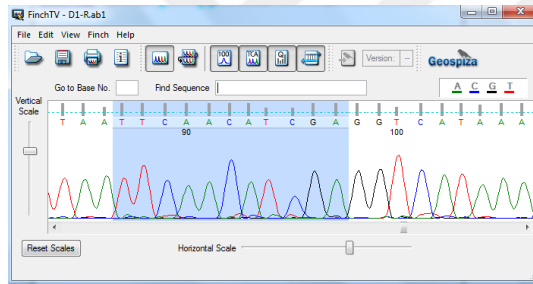
ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
D2	F	TTCCCAACAGGGACCTCCTTTTTTAAAGCTTTT GCACAATAAAGGAATTTAATTCAACATCGAG GTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAAC TTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAA CAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT TTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAA TAATCTAAAAAATTAATAATATAAAGTTTTA TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCT TAATTCAAAAAAAAATCTTCCGGTTTACTCTT TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGA TTATGCTACCTTTGCACAGCA	401
	R	AGGGGGGAAGGGGCAGAAAAAGAACCGGGA GAATTTGTTTTGATTAGGAAAAAAGTTTGAC TTTTTAGTAAGAGGCTAAAATGCTTCTTTTAG ACAAGAAGACGCTATAAACTTTATATTTTTTA ATTTTTGAGATTATTTTAAAAAATATTCCACTG GGGCGGTGAGAAAAAAAGCTTTTCTTAAGAA AATAAACATACTTGTTAGAATACCTAGAAAT TCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGATA ACAGCTTTATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGA CAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTA AAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAAAG GAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTTTCCATGA TCTGAGTTCAAATCGA	391

4.8.4.1 D1 Örneği

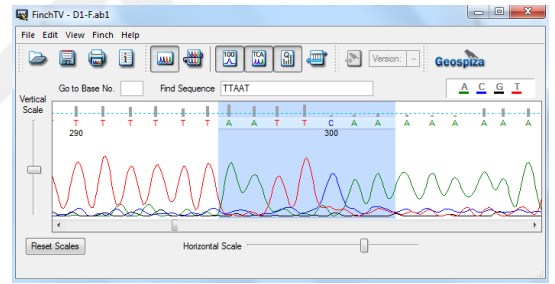
D1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 344 nükleotidin, 334'si birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.31).

Çizelge 4.31 D1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 512 bits(277), Expect = 7e-150 Identities = 287/291(99%), Gaps = 3/291(1%)									
Strand= Plus/Minus									
QUERY	19	AATTTTAATT	CCAACAT	CAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGA	78				
SBJCT	321	AATTTTAATT	CAACAT	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGA	264				
QUERY	79	ATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACA	138						
SBJCT	263	ATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACA	204						
QUERY	139	AGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAA	198						
SBJCT	203	AGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAA	144						
QUERY	199	AATAATCTAAAAAATTAATAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCAT	258						
SBJCT	143	AATAATCTAAAAAATTAATAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCAT	84						
QUERY	259	TTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAT	CAAAAAAAT	309					
SBJCT	83	TTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAT	CAAAAAAAT	34					



A



B

Şekil 4.43 A. PCR sekans ürünün primer F 29,36,38. – R 311,304,302. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 299. – R 44. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.32 D1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürününün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 289/289(100%), Gaps = 0/289(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
QUERY	19	AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGA	78		
SBJCT	321	AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGA	264		
QUERY	79	ATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACA	138		
SBJCT	263	ATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACA	204		
QUERY	139	AGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAA	198		
SBJCT	203	AGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAA	144		
QUERY	199	AATAATCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCAT	258		
SBJCT	143	AATAATCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCAT	84		
QUERY	259	TTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAT	309		
SBJCT	83	TTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAT	34		

D1 örneği, 289 bç (19–309) olan nükleotid dizisi, 5’

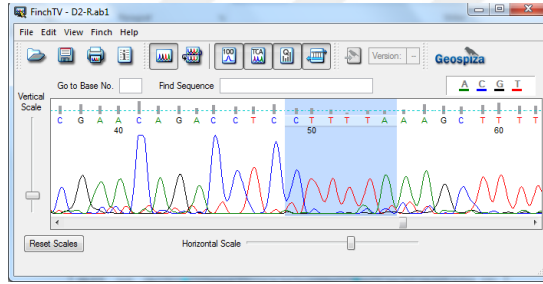
AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTG
AATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTA
ACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATAT
TTTTAAATAATCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTAA
AAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAA
AAT 3’ olarak belirlenmiştir.

4.8.4.2 D2 Örneği

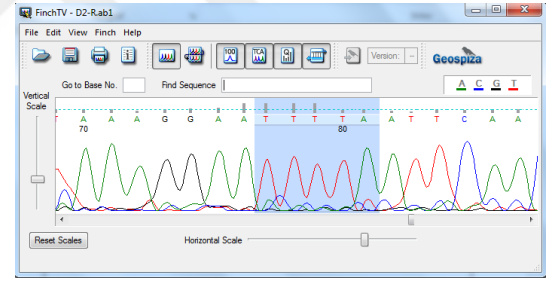
D2 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 344 nükleotidin, 334’si birbiri ile eşleşmiştir (% 97). (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.33 D2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 525 bits(284), Expect = 9e-154 Identities = 317/332(95%), Gaps = 6/332(1%)									
Strand= Plus/Minus									
QUERY	12	GACCTCC	TTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTT	AATTCAACATCGAGGTCATAA	70				
SBJCT	349	GACCTCC	TTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTT	AATTCAACATCGAGGTCATAA	291				
QUERY	71	ACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT	130						
SBJCT	290	ACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT	231						
QUERY	131	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	TTAACAAGTATGTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTT	190					
SBJCT	230	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	CTAACAAGTATGTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTT	171					
QUERY	191	TTTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATAATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGT	250					
SBJCT	170	TTTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATAATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGT	111					
QUERY	251	TTTATAGG	GTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT	TCTTACTAAAAAGT	AAAA	TTT	310		
SBJCT	110	TTATAG	CGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT	CTTACTAAAAAGT	CAAA	CTT	53		
QUERY	311	ATTTTCT	TAATTCAAAAA	AAAA	TCT	TCCGGTT	342		
SBJCT	52	TTTTCTAA	TCAAAAC	CAAA	TCT	CCCGGTT	23		

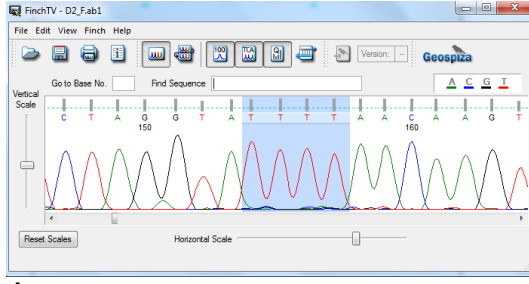


A

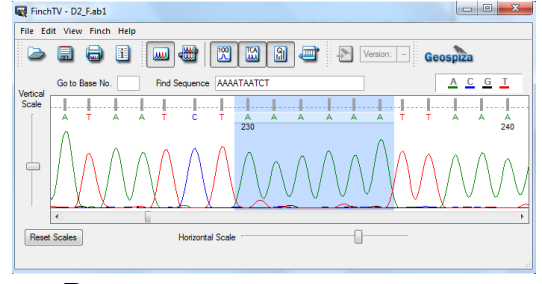


B

Şekil 4.44 A. PCR sekans ürünün primer F 19. – R 342. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 49. – R 312. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

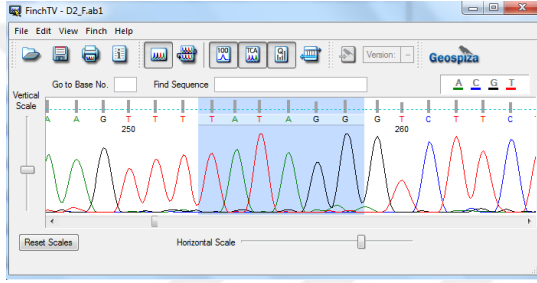


A

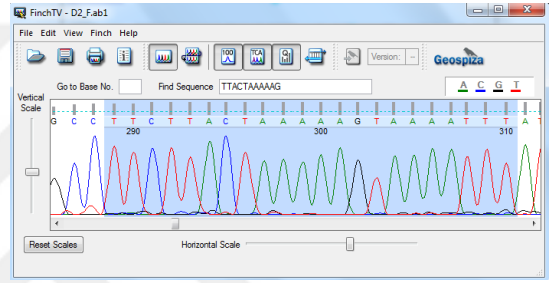


B

Şekil 4.45 A. PCR sekans ürününün primer F 156. – R 205. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 230. – R 131. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.

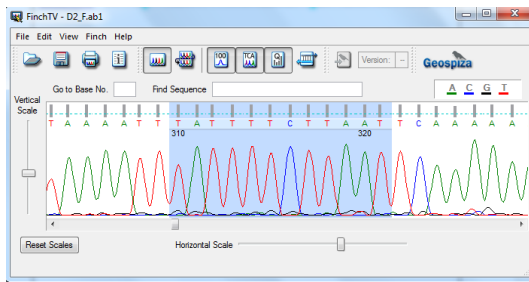


A

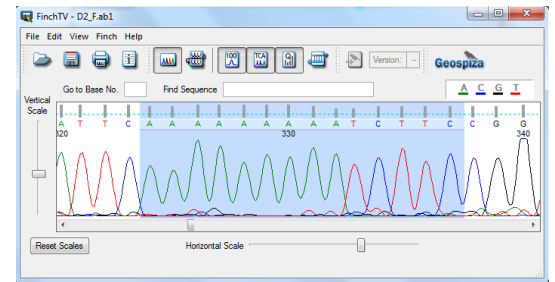


B

Şekil 4.46 A. PCR sekans ürününün primer F 253,258. – R 108,103. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 290,304,308. – R 73,59,55. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



A



B

Şekil 4.47 A. PCR sekans ürününün primer F 311,317,321. – R 52,58,62. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 328,332,336. – R 37,33,29. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.34 D2 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürününün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 331/331(100%), Gaps = 0/331(0%) Strand=Plus/ Plus					
QUERY	12	GACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAA	70		
SBJCT	349	GACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAA	291		
QUERY	71	ACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTTAT	130		
SBJCT	290	ACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTTAT	231		
QUERY	131	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTT	190		
SBJCT	230	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTT	171		
QUERY	191	TTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGT	250		
SBJCT	170	TTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGT	111		
QUERY	251	TTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTT	310		
SBJCT	110	TTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTT	53		
QUERY	311	ATTTTCTTAATTCAAAAAAAATCTTCCGGTT	342		
SBJCT	52	ATTTTCTTAATTCAAAAAAAATCTTCCGGTT	23		

D2 örneği, 289 bç (19–309) olan nükleotid dizisi, 5'

GACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCAT
AAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAA
CTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAA
AAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAATAATCTAAAAAATTAATA
AATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTA
AAAAGTAAAATTTATTTTCTTAATTCAAAAAAAATCTTCCGGTT 3' olarak
belirlenmiştir.

4.8.5 E Grubuna (Mardin) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

E grubuna (Mardin) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.35'te verilmiştir.

Çizelge 4.35 E grubuna (Mardin) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri

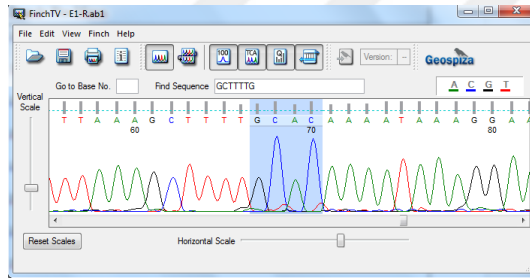
ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
E1	F	TGCCACCATTAAAAGGGAAATTTTAATTCCA ACATCCAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATT AGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAA GAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGA ATATTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAA TATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAA GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAA AATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTC CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAA AAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACCAA AAAT	381
	R	GACGGGGGCAAGCCGTCGCTTGTAGATACGG AGATTTTTTTTGATTAAAAAATGAATTTTAC TTTTTAGTAAGAAGGCTAAAATGCTTCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTT TAATTTTTTAGATTATTTTAAAAATATTCAC TGGGGCGGTGAGAAAAAAGCTTTTCTTAAG AAAATAAACATACTTGTTAAAAATACCTAGAA ATTCTAAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGA TAACAGCTTTATTCACCTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAAT TAAAATTCCTTTATTGTGCAAAAGCTTTAAG AGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTTTCCAT GATCTGAGTTCAAATCGAAGAG	399

4.8.5.1 E1 Örneği

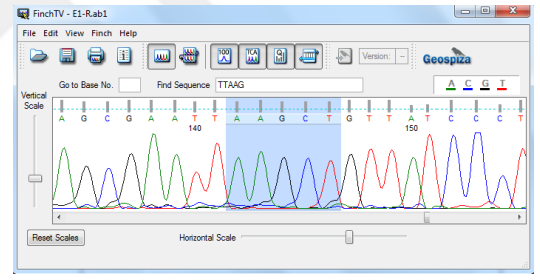
E1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 337 nükleotidin, 330'u birbiri ile eşleşmiştir (% 98). (Çizelge 4.36).

Çizelge 4.36 E1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 577 bits(312), Expect = 3e-169 Identities = 330/337(98%), Gaps = 7/337(2%)									
Strand= Plus/Minus									
Query	15	CCTTTTAAAGCTTTTG	GC	AAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	73				
Sbjct	351	CCTTTTAAAGCTTTTG	CA	AAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	293				
Query	74	CACTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAG	CTGTTATCCCTAAAGTA	133				
Sbjct	292	CACTTGTC	AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAG	CTGTTATCCCTAAAGTA	234				
Query	134	CTTTTTT	AGAACTTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	193					
Sbjct	233	CTTTTTT	AGAACTTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	174					
Query	194	TTCCTCACCGCCCCAGT	GGAATATTTTTTAAAAATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	253					
Sbjct	173	TTCCTCACCGCCCCAGT	GGAATATTTTTTAAAAATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	114					
Query	254	TTATAGGGTCTTCTTG	TCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTA	313					
Sbjct	113	TTATAGGGTCTTCTTG	TCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTA	54					
Query	314	TTTT	CTTAATTTAAAAAAAT	CTTCCGGTTT	ACTC	349			
Sbjct	53	TTTT	CTTAATTTAAAAAAAT	CT	CCGGTT	ACTC	20		

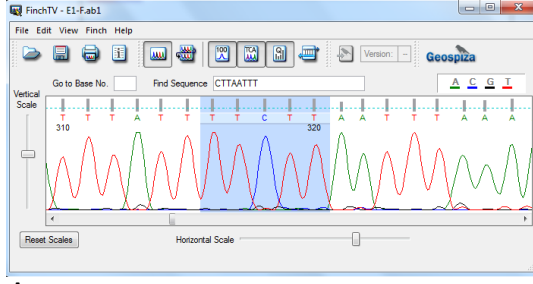


A

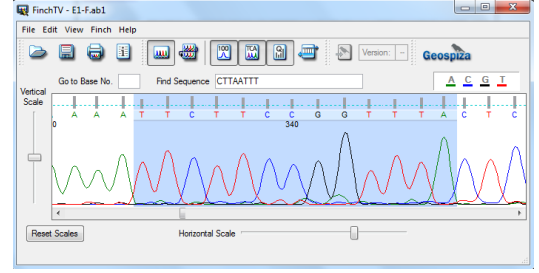


B

Şekil 4.48 A. PCR sekans ürünün primer F 31,34. – R 335,332. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 108. – R 259. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



A



B

Şekil 4.49 A. PCR sekans ürünün primer F 318. – R 49. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 335,338,345. – R 24,31,34. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.37 E1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 335/335(100%), Gaps = 0/335(0%) Strand=Plus/ Plus				
Query	15	CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	73	
Sbjct	351	CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	293	
Query	74	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	133	
Sbjct	292	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	234	
Query	134	CTTTTCTAGAACTTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	193	
Sbjct	233	CTTTTCTAGAACTTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	174	
Query	194	TTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	253	
Sbjct	173	TTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	114	
Query	254	TTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTTA	313	
Sbjct	113	TTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTTA	54	
Query	314	TTTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTC	349	
Sbjct	53	TTTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTAACTC	20	

E1 örneği, 289 bç (19–309) olan nükleotid dizisi, 5'

CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGT
CATAAACTCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCC
TAAAGTAACTTATTTCTTTTCTAGAACTTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTT
ATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAA
AATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAA

AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAATTTAA
AAAAAATTCTTCCGGTTTACTC 3' olarak belirlenmiştir.

4.8.6 F Grubuna (Adıyaman) Ait Örneklerin DNA Dizi Eşleştirmeleri

F grubuna (Mardin) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 4.15'te verilmiştir.

Çizelge 4.38 F grubuna (Adıyaman) ait örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürün

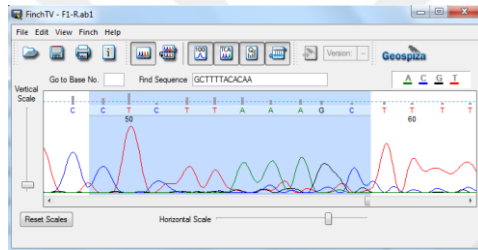
ÖRNEK	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
F1	F	CAATGTGGGGCCCTTCCTTCTTTAAAGGCTTT TACACAATGAAGGGAATTTTAATTCAACATC GAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA TTCTAAGTGAATAAAAGCTGTTATCCCTAAAG TAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTAT TTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAG CTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTT TAAAATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAG TTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCAT TTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATT TTCTTAATTCAAAAAAAATTCTTCTGGTTTAC TCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTA ATGATTATGCTACCTTTGCACCAC	403
	R	ATAAATTTTCTTAAAAATTTTTTTAAAGATAA TTTAAAAAAAATTCCTAAGGGCGGTGAG AAAAAAAAGCTTTTCTAAAGAAAAAAAACA TACTTGTTAAAATACCTAGAAATTCTAAAAA AGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTT ATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAAATTCCT TTATTGTGTAAAAGCTTTAAGAGGAGGTCTG TTCGACCTTTAAAATTTTCCATGATCTGAGTT CAGATCGA	289

4.8.6.1 F1 Örneği

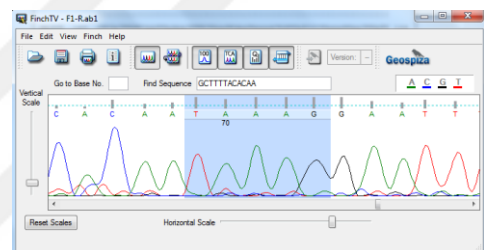
F1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 229 nükleotidin, 214'ü birbiri ile eşleşmiştir (% 93). (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.39 F1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 333 bits(180), Expect = 4e-96 Identities = 214/229(93%), Gaps = 8/229(3%)									
Strand= Plus/Minus									
QUERY	16	CCTTCTTTTAAAGCTTTTACACAATGAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	74						
SBJCT	245	CCTCCTCTTAAAGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	188						
QUERY	75	CTCACTTGTCGAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATT	134						
SBJCT	187	CTCACTTGTCGAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATT	128						
QUERY	135	TCTTTTTTTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTT	194						
SBJCT	127	TCTTTTTTTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTT	68						
QUERY	195	TTTCTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAATATCTAAAAAA	238						
SBJCT	67	TTTTCTCACC GCCCTTAGTGAATTTTTTAAATATCTTAAAAAA	19						

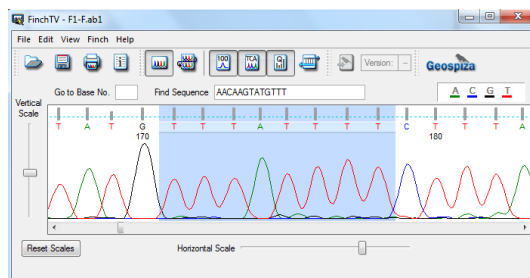


A

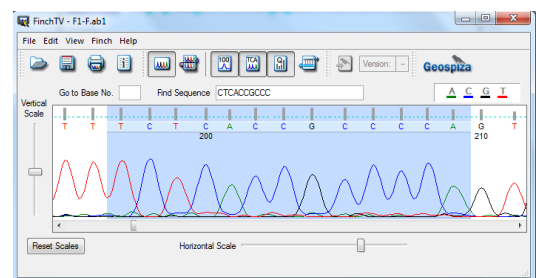


B

Şekil 4.50 A. PCR sekans ürününün primer F 19,22,28. – R 233,239,242. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü B. PCR sekans ürününün primer F 42,45. – R 216,219. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

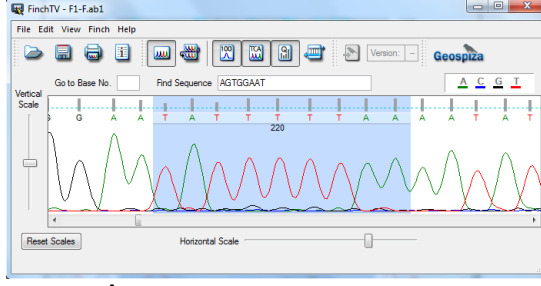


A

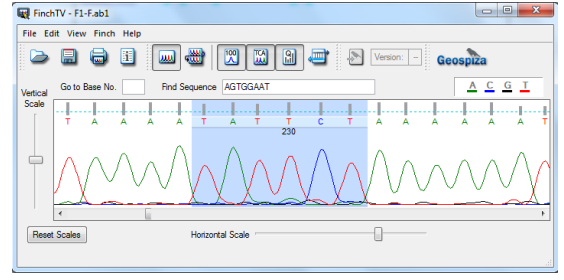


B

Şekil 4.51 A. PCR sekans ürününün primer F 174. – R 88. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürününün primer F 198,204,205. – R 53,54,64. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü



A



B

Şekil 4.52 A. PCR sekans ürünün primer F 214,220,221. – R 27,29,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü. B. PCR sekans ürünün primer F 226,229,231. – R 27,29,32. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü

Çizelge 4.40 F1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Score = 472 bits(341), Expect = 1e-137 Identities = 223/223(100%), Gaps = 0/223(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
QUERY	16	CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	74		
SBJCT	245	CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	188		
QUERY	75	CTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTTATT	134		
SBJCT	187	CTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTTATT	128		
QUERY	135	TCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTT	194		
SBJCT	127	TCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTT	68		
QUERY	195	TTTCTCACC GCCCAGTGGAAATTTTTTAAATATTCTAAAAA	238		
SBJCT	67	TTTCTCACC GCCCAGTGGAAATTTTTTAAATATTCTAAAAA	19		

F1 örneği, 223 bç (16–238) olan nükleotid dizisi, 5'

CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACCTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT
TATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAAATTTTTTAA
ATATTCTAAAAA 3' olarak belirlenmiştir.

4.9 Grup İçi Eşleştirme

4.9.1 A Grubu

A grubu örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak karşılaştırılmıştır ve A grubu ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir.

A1 ile A2 örneklerine (290 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.41 A1 (Query) ile A2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score = 536 bits(290), Expect = 3e-157 Identities = 290/290(100%), Gaps = 0/290(0%) Strand=Plus/Minus					
QUERY	44	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA	ACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA	103	
SBJCT	1	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA	ACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA	60	
QUERY	104	AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT	AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTA	163	
SBJCT	61	AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT	AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTA	120	
QUERY	164	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGT	GGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	223	
SBJCT	121	AGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGT	GGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAA	180	
QUERY	224	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTG	TCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAA	283	
SBJCT	181	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTG	TCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAA	240	
QUERY	284	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAA	AAATTCCTCCGGTTTACTCTT	333	
SBJCT	241	AAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAA	AAATTCCTCCGGTTTACTCTT	290	

Eşleştirme sonunda 290 bç % 100 uyum gösteren;5'-

CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA
ACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGT
TATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT
TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGT
ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT
TCTCACCGCCCCAGTGAATATTT
TTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAAT
ATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTC
TAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACT
AAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT
TCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTT
-3' nükleotid dizilimi A1-A2 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

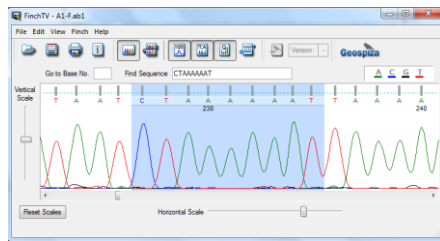
A1 ile A3 örneklerine (311 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.42 A1 (Query) ile A3 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

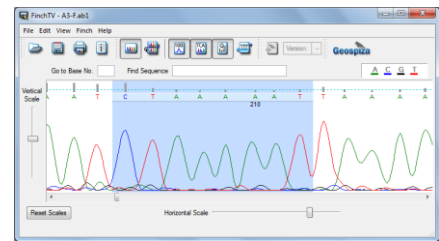
Score = 568 bits(307), Expect = 1e-166 Identities = 310/311(99%), Gaps = 1/311(0%) Strand= Plus/Plus					
QUERY	23	AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	82		
SBJCT	1	AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	60		
QUERY	83	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTAGAACTTCTAGGTATTTTA	142		
SBJCT	61	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTAGAACTTCTAGGTATTTTA	120		
QUERY	143	ACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	202		
SBJCT	121	ACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	180		
QUERY	203	TAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAG	262		
SBJCT	181	TAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAG	239		
QUERY	263	CATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATCTTCC	322		
SBJCT	240	CATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATCTTCC	299		
QUERY	323	GGTTTACTCTT	333		
SBJCT	300	GGTTTACTCTT	310		

A1 (333 bç) ile A3 (310 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. Bu eşleşmede, Çizelge 3.29’ de gösterildiği pozisyonda bulunan A1’deki “T” nükleotidine karşılık A3’de “BOŞLUK” karşılık gelmektedir.

Bu da A1’de “TAAAAAAT” pozisyonunda 6 adet “A” nükleotidine (Şekil 3.41-44) karşılık A3’ de aynı pozisyonda “TAAAAAT” 5 adet “A” nükleotidinin (Şekil 3.42-44) olmasından kaynaklanmıştır. Örneklere ait nükleotid dizi kromotogram görüntüleri ile nükleotid sinyalleri değerlendirilmiş ve bu farklılık doğrulanmıştır.



A



B

Şekil 4.53 A. A1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TAAAAAAT” pozisyonunda 6 adet “A” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A3 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TAAAAAT” pozisyonunda 5 adet “A” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Eşleştirme sonunda 290 bç % 100 uyum gösteren;5’-

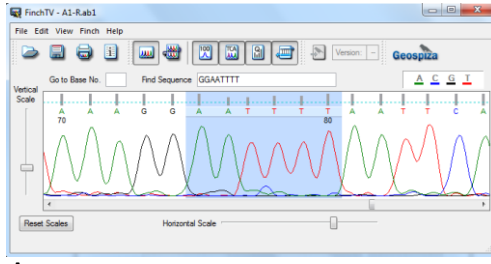
AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAAC
TTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA
TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCT
CACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAA
AGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAA
AAGTAAAATTCATTTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT -
3’ nükleotid dizilimi A1-A3 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A1 ile A4 örneklerine (327 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir (Çizelge 4.16).

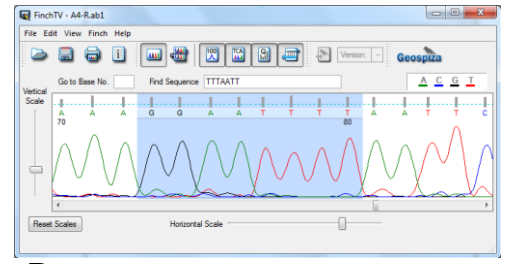
Çizelge 4.43 A1 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 592 bits(320), Expect = 6e-174 Identities = 325/327(99%), Gaps = 1/327(0%) Strand= Plus/Plus									
QUERY	8	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAA	T	TTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	67				
SBJCT	1	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAA	G	TTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA	60				
QUERY	68	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA			127				
SBJCT	61	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA			120				
QUERY	128	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGC		TTTTTTTCTCACC GC	186				
SBJCT	121	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGC		TTTTTTTCTCACC GC	180				
QUERY	187	CCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCT			246				
SBJCT	181	CCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCT			240				
QUERY	247	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT			306				
SBJCT	241	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT			300				
QUERY	307	CAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT			333				
SBJCT	301	CAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT			327				

A1 (333 bç) ile A4 (328 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. Bu eşleşmede, Çizelge 4.17’ de gösterildiği pozisyonda bulunan A1’deki “T” yerine A4’te “G” nükleotidi gelmiştir. Yine A4’deki “T” nükleotidine karşılık A1’de “BOŞLUK” karşılık gelmektedir.



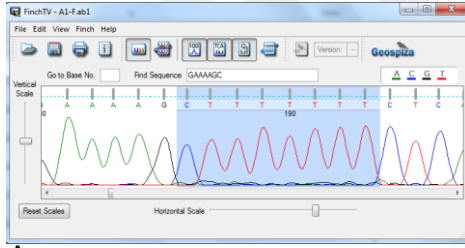
A



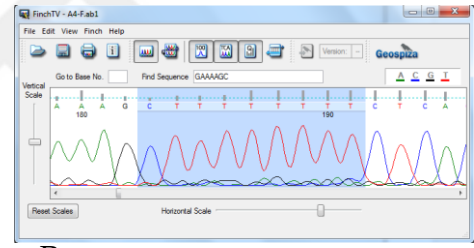
B

Şekil 4.54 A. A1 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “**AATTTT**” pozisyonunda 4 adet “**T**” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “**AATTTT**” pozisyonunda 4 adet “**T**” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Kromotogram görüntüleri incelendiğinde A4’teki “**GGAAGTTTAA**” nükleotid dizilimi yerine “**GGAATTTTAA**” dizilimi olması gerektiği belirlenmiştir.



A



B

Şekil 4.55 A. A1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “**CTTTTTTT**” pozisyonunda 7 adet “**T**” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “**CTTTTTTTT**” pozisyonunda 8 adet “**T**” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Eşleştirme sonunda 326 bç % 100 uyum gösteren 5’
AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCA
CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACT
TATTTCTTTTTTTAGAACTTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAA
GAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAA
AAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTT
AGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTT

CCGGTTTACTCTT 3'nükleotid dizilimi A1-A4 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir. Eşleştirme sonunda 327 bç % 100 uyum gösteren 5'

AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCAC
TTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT
TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAA
AGCTTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATT
AAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTT
CTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTA
CTCTT 3'nükleotid dizilimi A1-A4 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A1 ile A5 örneklerine (297 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.44 A1 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 549 bits(297), Expect = 3e-161 Identities = 297/297(100%), Gaps = 0/297(0%) Strand= Plus/Plus					
QUERY	30	TTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAA	89		
SBJCT	1	TTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAA	60		
QUERY	90	AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTA	149		
SBJCT	61	AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTA	120		
QUERY	150	TGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATA	209		
SBJCT	121	TGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATA	180		
QUERY	210	ATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA	269		
SBJCT	181	ATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA	240		
QUERY	270	GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTT	326		
SBJCT	241	GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTT	297		

Eşleştirme sonunda 297 bç % 100 uyum gösteren;5'-

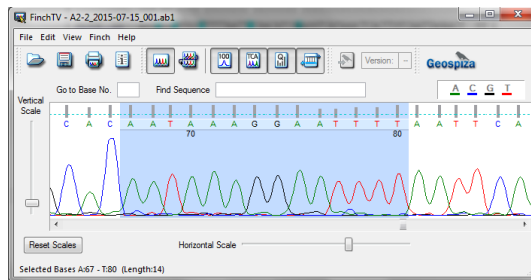
TTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAA
GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAG
GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCC
CCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTAT
AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA
TTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTT -3'nükleotid dizilimi A1-A5

gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir. A2 ile A3 örneklerine (368 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak eşleştirilmiştir (Çizelge 4.16).

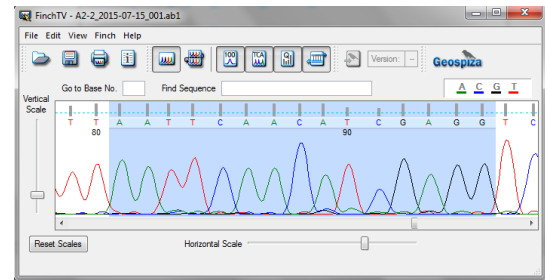
Çizelge 4.45 A2 (Query) ile A3 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 625 bits(338), Expect = 0.0 Identities = 359/368(98%), Gaps = 5/368(1%) Strand= Plus/Plus									
QUERY	33	AAATAAAGGAA	TTTAAATT	CAACATCG	AGGTCATAAACTCACTTGTC	CAATTAGAACT	89		
SBJCT	10	AAATAAGGGAAT	TTTAAATTC	CAACATCGA	AGGTCATAAACTCACTTGTC	CAATTAGAACT	69		
QUERY	90	TTCTAAGTGAAT	AAAGCTGTTATCCCTAAAGTA	ACTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGG	149				
SBJCT	70	TTCTAAGTGAAT	AAAGCTGTTATCCCTAAAGTA	ACTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGG	128				
QUERY	150	TATTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA	209						
SBJCT	129	TATTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA	188						
QUERY	210	ATATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTA	269						
SBJCT	189	ATATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTA	247						
QUERY	270	AAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAATTCAAAAAAAAA	329						
SBJCT	248	AAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAATTCAAAAAAAAA	307						
QUERY	330	TTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCT	389						
SBJCT	308	TTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCT	367						
QUERY	390	TTGCACAA	397						
SBJCT	368	TTGCACAA	375						

A2 (399 bç) ile A3 (378 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

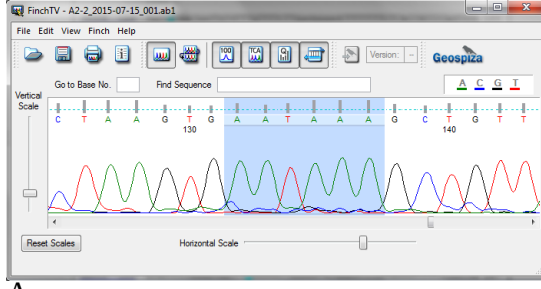


A

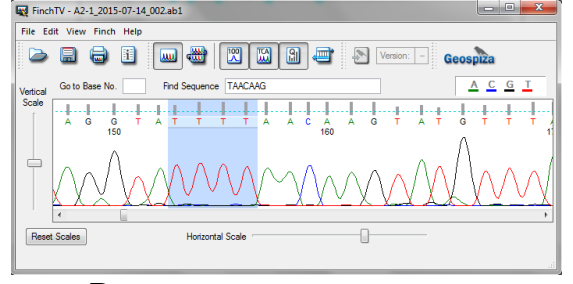


B

Şekil 4.56 A. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAATAAGGAATTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “-CAACATCG-” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

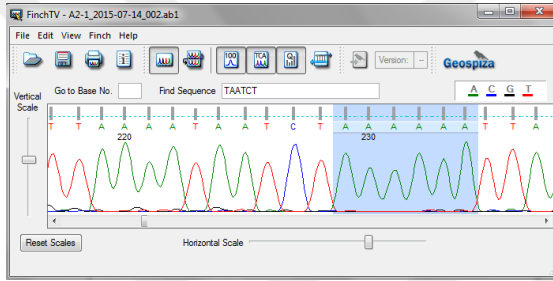


A

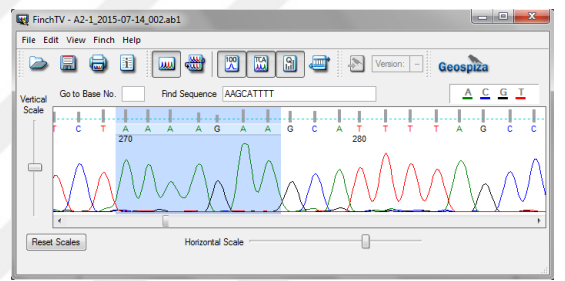


B

Şekil 4.57 A. A2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AATAAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



A



B

Şekil 4.58 A. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAAAAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAAAGAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.46 A2 (Query) ile A3 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 625 bits(366), Expect = 0.0 Identities = 366/366(100%), Gaps = 0/366(0%) Strand= Plus/Plus					
QUERY	33	AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA	89		
SBJCT	10	AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGA	69		
QUERY	90	TTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGG	149		
SBJCT	70	TTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGG	128		
QUERY	150	TATTTCTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA	209		
SBJCT	129	TATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGA	188		
QUERY	210	ATATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTA	269		
SBJCT	189	ATATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTA	247		
QUERY	270	AAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAA	329		
SBJCT	248	AAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAA	307		
QUERY	330	TTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCT	389		
SBJCT	308	TTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCT	367		
QUERY	390	TTGCACAA	397		
SBJCT	368	TTGCACAA	375		

Eşleştirme sonunda 366 bç % 100 uyum gösteren;5’-

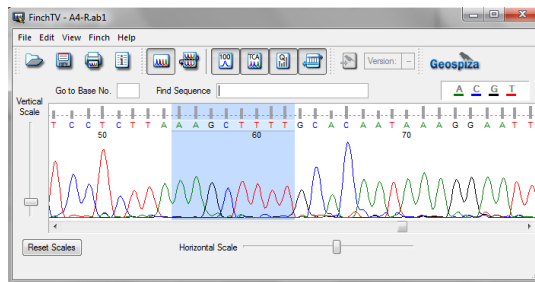
AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTA
GAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT
AGAATTTCTAGGTATTCTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT
TTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATA
TAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTA
AAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTT
CATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAA -
3’nükleotid dizilimi A2-A3 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A2 ile A4 örneklerine (375 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.16).

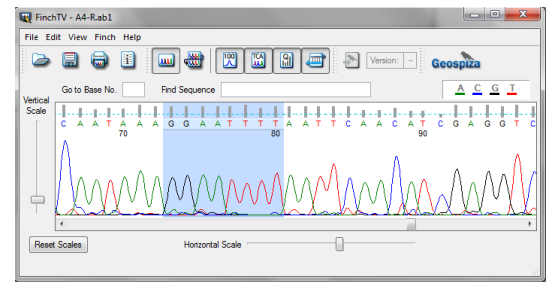
Çizelge 4.47 A2 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 651 bits(352), Expect = 0.0 Identities = 368/375(98%), Gaps = 3/375(0%)																																																
Strand= Plus/Plus																																																
QUERY	23	AAGCTTTT	G	C	A	A	T	A	A	G	G	A	A	T	T	T	A	A	T	T	C	A	A	C	T	C	A	A	A	C	T	T	G	T	C	A	A	81										
SBJCT	21	AAGCTTTT	G	G	A	A	A	T	A	A	G	G	A	G	A	G	T	T	A	A	T	T	C	A	A	C	T	C	A	A	A	C	T	T	G	T	C	A	A	79								
QUERY	82	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA																												141																		
SBJCT	80	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA																												139																		
QUERY	142	TTTCTAGGTATT	C	T	A	C	A	A	G	T	A	T	G	T	T	A	T	T	T	T	C	T	T	A	A	G	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	T	T	T	C	A	C	C	G	C	200		
SBJCT	140	TTTCTAGGTATT	T	T	A	C	A	A	G	T	A	T	G	T	T	A	T	T	T	T	C	T	T	A	A	G	A	A	A	A	A	G	C	T	T	T	T	T	T	T	T	C	A	C	C	G	C	199
QUERY	201	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT																												260																		
SBJCT	200	CCCAGTGGAAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT																												259																		
QUERY	261	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT																												320																		
SBJCT	260	TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT																												319																		
QUERY	321	CAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATT																												380																		
SBJCT	320	CAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATT																												379																		
QUERY	381	ATGCTACCTTTGCAC																												395																		
SBJCT	380	ATGCTACCTTTGCAC																												394																		

A2 (399 bç) ile A4 (394 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

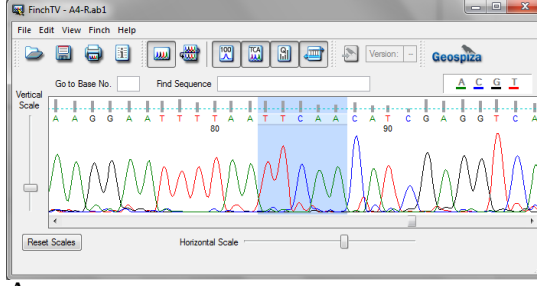


A

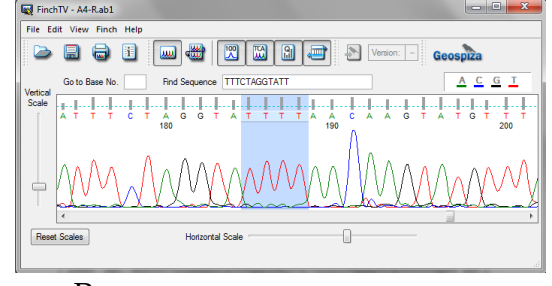


B

Şekil 4.59 A. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “AAGCTTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “GGAATTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

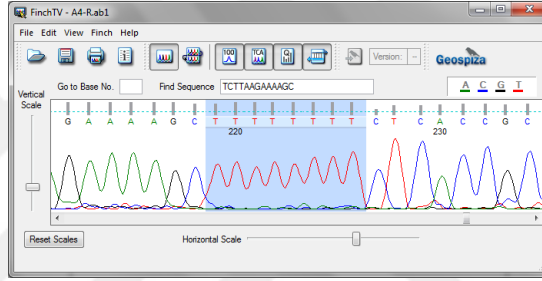


A



B

Şekil 4.60 A. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTCAA” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü. B. A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 4.61 A4 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TTTTTTTT” pozisyonunda nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Çizelge 4.48 A2 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score = 651 bits(352), Expect = 0.0 Identities = 375/375(100%), Gaps = 0/375(0%) Strand= Plus/Plus									
QUERY	23	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	81						
SBJCT	21	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	79						
QUERY	82	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA	141						
SBJCT	80	TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAA	139						
QUERY	142	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGC	200						
SBJCT	140	TTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGC	199						
QUERY	201	CCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	260						
SBJCT	200	CCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCT	259						
QUERY	261	TCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT	320						
SBJCT	260	TCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATT	319						

Çizelge 4.48 (Devamı) A2 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

QUERY	321	CAAAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATT	380
SBJCT	320	CAAAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATT	379
QUERY	381	ATGCTACCTTTGCAC	395
SBJCT	380	ATGCTACCTTTGCAC	394

Eşleştirme sonunda 375 bç % 100 uyum gösteren;5'-

AAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGT
CAATTAGAACTTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT
TTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTT
CTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGT
TTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA
TTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAA
TTAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC -3'nükleotid dizilimi A2-A4
gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A2 ile A5 örneklerine (362 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2
sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.16).

Çizelge 4.49 A2 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 612 bits(331), Expect = 7e-180 Identities = 353/362(98%), Gaps = 8/362(2%) Strand= Plus/Plus				
QUERY	44	TTTT-AA-TT-CAACAT-CG-AGGTCAT-AAACTCACTT-GTCAATTAGAACTTTCTAAG		96
SBJCT	13	TTTTAAATTTACAACATACGAAGGTCATAAAACTCACTTGGTCAATTAGAACTTTCTAAG		72
QUERY	97	TG-AATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTCTAGGTATTTCT		155
SBJCT	73	TG-AATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTCTAGGTATTTCT		132
QUERY	156	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTT		215
SBJCT	133	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTT		192
QUERY	216	TTAAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA		275
SBJCT	193	TTAAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA		252
QUERY	276	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC		335
SBJCT	253	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC		312
QUERY	336	CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC		395
SBJCT	313	CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC		372
QUERY	396	AA		397
SBJCT	373	AA		374

A2 (399 bç) ile A5 (376 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 4.50 A2 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score = 651 bits(354), Expect = 0.0 Identities = 354/354(100%), Gaps = 0/354(0%) Strand= Plus/Plus					
QUERY	44	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	96		
SBJCT	13	TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG	72		
QUERY	97	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTT	155		
SBJCT	73	TGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTT	132		
QUERY	156	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTT	215		
SBJCT	133	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTT	192		
QUERY	216	TTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	275		
SBJCT	193	TTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAA	252		
QUERY	276	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC	335		
SBJCT	253	GCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTC	312		
QUERY	336	CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	395		
SBJCT	313	CGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	372		
QUERY	396	AA 397			
SBJCT	373	AA 374			

Eşleştirme sonunda 354 bç % 100 uyum gösteren;5’-

TTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAG
 GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAG
 GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCC
 CCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTAT
 AGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA
 TTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTC
 CTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAA -3’nükleotid dizilimi
 A2-A5 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A3 ile A4 örneklerine (368 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.16).

Çizelge 4.51 A3 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 610 bits(330), Expect = 2e-179 Identities = 357/368(97%), Gaps = 9/368(2%)					
Strand= Plus/Plus					
QUERY	10	AAA-AAAGGGAATTTTTAATTCCAACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTC AATTAGAAC	68		
SBJCT	32	AAA-AAAGGGAATTTTTAATTCCAACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTC AATTAGAAC	86		
QUERY	69	TTTCTAAGTGAA-AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTT TAGAATTTCTAG	127		
SBJCT	87	TTTCTAAGTGAA-AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTT TAGAATTTCTAG	146		
QUERY	128	GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCCAGTG	186		
SBJCT	147	GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCCAGTG	206		
QUERY	187	GAATATTTTAAAAATAATCTAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTC	245		
SBJCT	207	GAATATTTTAAAAATAATCTAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTC	266		
QUERY	246	TAAAAAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAATTCAAAAAA	305		
SBJCT	267	TAAAAAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAATTCAAAAAA	326		
QUERY	306	AATTCTTCCGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTAC	365		
SBJCT	327	AATTCTTCCGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTAC	386		
QUERY	366	CTTTGCAC	373		
SBJCT	387	CTTTGCAC	394		

A3 (378 bç) ile A4 (394 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 4.52 A3 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 610 bits(365), Expect = 2e-179 Identities = 365/365(97%), Gaps = 0/365(0%)					
Strand= Plus/Plus					
QUERY	10	AAATAAAGGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC AATTAGAAC	68		
SBJCT	32	AAATAAAGGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC AATTAGAAC	86		
QUERY	69	TTTCTAAGTGAAATAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTT TAGAATTTCTAG	127		
SBJCT	87	TTTCTAAGTGAAATAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTT TAGAATTTCTAG	146		
QUERY	128	GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCCAGTG	186		
SBJCT	147	GTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCCAGTG	206		
QUERY	187	GAATATTTTAAAAATAATCTAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTC	245		
SBJCT	207	GAATATTTTAAAAATAATCTAAAAATAAAAATATAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTC	266		
QUERY	246	TAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTAAATTCAAAAAA	305		

Çizelge 4.52 (devam) A3 (Query) ile A4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 610 bits(365), Expect = 2e-179 Identities = 365/365(97%), Gaps = 0/365(0%) Strand= Plus/Plus				
SBJCT	267	TAAAAGAAGCATTCTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAA	326	
QUERY	306	AATTCTTCCGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTAC	365	
SBJCT	327	AATTCTTCCGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTAC	386	
QUERY	366	CTTTGCAC	373	
SBJCT	387	CTTTGCAC	394	

A3 (378 bç) ile A4 (394 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir. Eşleştirme sonunda 365 bç % 100 uyum gösteren;5'-AAATAAAGGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT TTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAA TATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTAC TAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTC TTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC - 3'nükleotid dizilimi A3-A4 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A3 ile A5 örneklerine (365 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.53).

Çizelge 4.53 A3 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 612 bits(331), Expect = 6e-180 Identities = 355/365(97%), Gaps = 8/365(2%) Strand= Plus/Plus				
QUERY	21	TTTTT-AA-TTCCAACAT-CGAAGGTCAT-AACTCACTT-GTCAATTAGAACTTTCTAA	75	
SBJCT	12	TTTTTAAATTTACAACATA-CGAAGGTCATA-AACTCACTTG-GTCAATTAGAACTTTCTAA	71	
QUERY	76	GTGAA-AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	133	
SBJCT	72	GTGAAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	131	
QUERY	134	TAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATT	193	
SBJCT	132	TAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATT	191	

Çizelge 4.53 A3 (devam) (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 612 bits(331), Expect = 6e-180 Identities = 355/365(97%), Gaps = 8/365(2%)					
Strand= Plus/Plus					
QUERY	194	TTTAAAATAATCT	AAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAA	252	
SBJCT	192	TTTAAAATAATCT	AAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAA	251	
QUERY	253	AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTT	312		
SBJCT	252	AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTT	311		
QUERY	313	CCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCA	372		
SBJCT	312	CCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCA	371		
QUERY	373	CAAAA	377		
SBJCT	372	CAAAA	376		

A3 (378 bç) ile A5 (376 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 4.54 A3 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 610 bits(365), Expect = 2e-179 Identities = 365/365(100%), Gaps = 0/365(0%)					
Strand= Plus/Plus					
QUERY	21	TTTTTAATTCAACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTCATTAGAACTTTCTAA	75		
SBJCT	12	TTTTTAATTCAACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTCATTAGAACTTTCTAA	71		
QUERY	76	GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	133		
SBJCT	72	GTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	131		
QUERY	134	TAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATT	193		
SBJCT	132	TAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATT	191		
QUERY	194	TTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGA	252		
SBJCT	192	TTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGA	251		
QUERY	253	AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTT	312		
SBJCT	252	AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTT	311		
QUERY	313	CCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCA	372		
SBJCT	312	CCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCA	371		
QUERY	373	CAAAA	377		
SBJCT	372	CAAAA	376		

A3 (378 bç) ile A5 (376 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir. Eşleştirme sonunda 357 bç % 100 uyum gösteren;5’-

TTTTTAATTCAACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT
AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCT
AGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCG
CCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTTAA
TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAA
ATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGT
CCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAAAA -3’nükleotid
dizilimi A3-A5 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A4 ile A5 örneklerine (348 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.55).

Çizelge 4.55 A4 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score = 604 bits(327), Expect = 1e-177 Identities = 342/348(98%), Gaps = 6/348(1%) Strand= Plus/Plus									
QUERY	52	ACATCGAGGTCATAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTG	106						
SBJCT	26	ACATCGAAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTG	85						
QUERY	107	TTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAACAAGTATGTTT	166						
SBJCT	86	TTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAACAAGTATGTTT	145						
QUERY	167	ATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCT	226						
SBJCT	146	ATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATAATCT	204						
QUERY	227	AAAAAATTAATAAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTAGCCT	286						
SBJCT	205	AAAAAATTAATAAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTAGCCT	264						
QUERY	287	TCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTCCGGTTTACTCTT	346						
SBJCT	265	TCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTCCGGTTTACTCTT	324						
QUERY	347	TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	394						
SBJCT	325	TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	372						

A4 (394 bç) ile A5 (376 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 4.56 A4 (Query) ile A5 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score = 610 bits(365), Expect = 2e-179 Identities = 365/365(100%), Gaps = 0/365(0%) Strand= Plus/Plus					
QUERY	52	ACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTG	106		
SBJCT	26	ACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTG	85		
QUERY	107	TTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTT	166		
SBJCT	86	TTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTT	145		
QUERY	167	ATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAAATATTTTAAAATAATCT	226		
SBJCT	146	ATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAAATATTTTAAAATAATCT	204		
QUERY	227	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT	286		
SBJCT	205	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT	264		
QUERY	287	TCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT	346		
SBJCT	265	TCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT	324		
QUERY	347	TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	394		
SBJCT	325	TCATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC	372		

A3 (378 bç) ile A5 (376 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilmiştir. Eşleştirme sonunda 357 bç % 100 uyum gösteren;5’-

ACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAG
CTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAAC
AAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAA
TATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGGGTCTTC
TTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTT
TTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACCAGTCCTCAATTA
AAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCAC -3’nükleotid dizilimi A4-A5 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

A grubuna ait A1,A2,A3,A4,A5 örneklerin eşleştirme verilerine göre; Eşleştirme sonunda 365 bç % 100 uyum gösteren; 5’-

AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTA
GAACCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT
AGAATTTCTAGGTATTCTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT
TTCTCACC GCCCAGTGGAAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATTAATAA

TAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTA
AAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTT
CATACCAGTCCTCAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACAA -3’
nükleotid dizilimi A gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

4.9.2 B Grubu

B grubu örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak karşılaştırılmıştır ve B grubu ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir.

B1 ile B2 örneklerine (342) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.57).

Çizelge 4.57 B1 (Query) ile B2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 597 bit (323), Expect= 1e-175 Identities= 336/342 (% 98), Gaps= 2/342 (% 0) Strand=Plus/Minus					
QUERY	5	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCATAAACTCA	63		
SBJCT	1	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCATAAACTCA	60		
QUERY	64	CTTGTC AATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	123		
SBJCT	61	CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	120		
QUERY	124	TTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	183		
SBJCT	121	TTT TAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	180		
QUERY	184	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAGTTTTTA	243		
SBJCT	181	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAGTTTTTA	239		
QUERY	244	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATT	303		
SBJCT	240	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATT	299		
QUERY	304	TTT TAATCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	345		
SBJCT	300	TTT TAATCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	341		

B1 (397 bç) ile B2 (398 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. Bu eşleşmede, nükleotid dizilimlerinde B1’de “CTAAAAAAT” pozisyonunda 7 adet “A” nükleotid olması ile, B1’de “ATCCA” ve B2’de “ATTCA” nükleotidleri olması B grubu örneklerinden iki farklı ortak sekans elde edilmiştir. B grubuna ait örneklerin eşleştirme verilerine göre; Eşleştirme sonunda 342 bç % 100 uyum gösteren; 5’-

CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCA
TAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTA
AAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTAT
TTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATA
ATCTAAAAAAATTAATAAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGA
AGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATCCAAAAA
AAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC -3' nükleotid dizilimi B1-B2 gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

4.9.3 C Grubu

C grubu örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak karşılaştırılmıştır ve C grubu ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir.

C1 ile C2 örneklerine (342) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.58).

Çizelge 4.58 C1 (Query) ile C2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 625 bits(338), Expect= 0.0 Identities= 338/338(100%), Gaps= 0/338(0%) Strand=Plus/ Plus					
QUERY	1	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCA	TAAACTCACTT	60	
SBJCT	7	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCA	TAAACTCACTT	66	
QUERY	61	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT		120	
SBJCT	67	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT		126	
QUERY	121	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA		180	
SBJCT	127	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA		186	
QUERY	181	CCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGG		240	
SBJCT	187	CCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTTTATAGG		246	
QUERY	241	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTT		300	
SBJCT	247	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTT		306	
QUERY	301	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC		338	
SBJCT	307	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC		344	

Eşleştirme sonunda 338 bç % 100 uyum gösteren; 5’-

ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAA
ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA
GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC -3’ nükleotid dizilimi C1-C2

gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

C1 ile C3 örneklerine (342) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.59).

Çizelge 4.59 C1 (Query) ile C3 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 625 bits(338), Expect= 0.0 Identities= 338/338(100%), Gaps= 0/338(0%) Strand=Plus/ Plus				
QUERY	1	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	60	
SBJCT	4	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	63	
QUERY	61	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	120	
SBJCT	64	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	123	
QUERY	121	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	180	
SBJCT	124	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	183	
QUERY	181	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTTATAGG	240	
SBJCT	184	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTTATAGG	243	
QUERY	241	GTCTTCTTGTCTAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	300	
SBJCT	244	GTCTTCTTGTCTAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	303	
QUERY	301	AATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	338	
SBJCT	304	AATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	341	

Eşleştirme sonunda 338 bç % 100 uyum gösteren;5’-

ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTTAGAAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAA
ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA

GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC -3' nükleotid dizilimi C1-C3

gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

C1 ile C4 örneklerine (342) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.60).

Çizelge 4.60 C1 (Query) ile C4 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 551 bits(298), Expect= 1e-161Identities= 326/339(96%), Gaps= 3/339(0%) Strand=Plus/ Plus									
QUERY	3	T	T	A	A	G	C	T	60
SBJCT	6	T	T	A	A	G	C	T	65
QUERY	61	G	T	C	A	A	T	T	120
SBJCT	66	G	T	C	A	A	T	T	125
QUERY	121	T	A	G	A	A	T	T	179
SBJCT	126	T	A	G	A	A	T	T	185
QUERY	180	A	C	C	G	C	C	C	239
SBJCT	186	A	C	C	G	C	C	C	245
QUERY	240	G	G	T	C	T	C	T	299
SBJCT	246	G	G	T	C	T	C	T	305
QUERY	300	T	A	A	T	T	C	A	338
SBJCT	306	T	A	A	T	T	C	A	344

Eşleştirme sonunda 339 bç % 100 uyum gösteren;5'-

TCCTTTTAAAGCTTTTGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGT
CATAAACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCC
TAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTT
ATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAA
AATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAA
AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAATTTAA
AAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC -3' nükleotid dizilimi C1-C4

gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

C1, C2,C3 ve C4 sekans verisinde;5’-

ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAA
ATATTCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA
GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC -3’ nükleotid dizilimi C grubunun
ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

4.9.4 D Grubu

D grubu örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak karşılaştırılmıştır ve D grubu ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. D1 ile D2 örneklerine (342) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.61).

Çizelge 4.61 D1 (Query) ile D2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 625 bits(338), Expect= 0.0 Identities= 338/338(100%), Gaps= 0/338(0%) Strand=Plus/ Plus				
QUERY	1	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	60	
SBJCT	7	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTT	66	
QUERY	61	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	120	
SBJCT	67	GTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTT	126	
QUERY	121	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	180	
SBJCT	127	TAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCA	186	
QUERY	181	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTATAGG	240	
SBJCT	187	CCGCCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAATAAAAATATAAAGTTTATAGG	246	
QUERY	241	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	300	
SBJCT	247	GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTT	306	
QUERY	301	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	338	
SBJCT	307	AATTCAAAAAAATCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	344	

Eşleştirme sonunda 338 bç % 100 uyum gösteren; 5’-
ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG

TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTTAGAACTTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTT
TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAAA
ATATTCTAAAAAATTAATAAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA
GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAAA
AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC -3'nükleotid dizilimi D1-D2
gruplarının ortak sekans verisi olarak değerlendirilmiştir.

4.9.5 E Grubu

E grubuna ait yapılan çalışmada tek örnek kullanıldığından bu örneğe ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak nükleotid dizilimi belirlenmiştir(Çizelge 4.62).

Çizelge 4.62 E1 (Query) ile E1 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi

Score= 625 bits(338), Expect= 0.0 Identities= 338/338(100%), Gaps= 0/338(0%) Strand=Plus/ Plus					
Query	15	CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	73		
Sbjct	351	CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	293		
Query	74	CACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	133		
Sbjct	292	CACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	234		
Query	134	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	193		
Sbjct	233	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	174		
Query	194	TTCCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	253		
Sbjct	173	TTCCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTAAATATTTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTT	114		
Query	254	TTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTTA	313		
Sbjct	113	TTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTTA	54		
Query	314	TTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTC	349		
Sbjct	53	TTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTAACTC	20		

E grubunu temsil eden E1 örneğine ait sekans verisi;5'-

CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGT
CATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCC
TAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACGTTT
ATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAA

AATATTCTAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAA
AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAATTTAA
AAAAAATTCTTCCGGTTTACTC-3' olarak belirlenmiştir.

4.9.6 F Grubu

F grubuna ait yapılan çalışmada tek örnek kullanıldığından bu örneğe ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 4.63).

Çizelge 4.63 F1 (Query) ile F1 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score= 625 bits(338), Expect= 0.0 Identities= 338/338(100%), Gaps= 0/338(0%) Strand=Plus/ Plus					
QUERY	16	CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	74		
SBJCT	245	CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAA	88		
QUERY	75	CTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT	134		
SBJCT	187	CTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTAT	128		
QUERY	135	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTATTTTCTTTAGAAAAGCT	194		
SBJCT	127	TTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTATTTTCTTTAGAAAAGCT	68		
QUERY	195	TTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAA	238		
SBJCT	67	TTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAA	19		

F grubunu temsil eden F1 örneğine ait sekans verisi;5'-

CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGG
TCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCC
CTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTT
TATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAA
ATATTCTAAAAAA -3' olarak belirlenmiştir.

4.10 Gruplar Arası Dizi Eşleşmesi

Çalışmada kullanılan gruplardaki örneklere ait nükleotid dizilimlerinin eşleştirilme sonuçları Çizelge 4.64-78' de verilmiştir.

Çizelge 4.64 A (Query) ile B (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score=523 bits(283), Expect= 2e-153 Identities= 294/299(98%), Gaps= 2/299(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
QUERY	1	TTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	AATTAGAACTTTCT	AAGTGAATA 59
SBJCT	30	TTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	AATTAGAACTTTCT	CTGTGAATA 89
QUERY	60	AAGCTGTTATCCCTAAAGTA	AACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGT		119
SBJCT	90	AAGCTGTTATCCCTAAAGTA	AACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGT		149
QUERY	120	ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAT			179
SBJCT	150	ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAT			209
QUERY	180	AATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATT		238
SBJCT	210	AATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATT		269
QUERY	239	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT		CAAAAAAATTCTTCCGGTT	297
SBJCT	270	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT		CAAAAAAATTCTTCCGGTT	328

Eşleştirme neticesinde beş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A grubuna ait sekansta “TTCAA” gelirken B grubuna ait sekansta “TTCAA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TCTAAG” gelirken B grubuna ait sekansta “TCTCTG” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TCTAAAAA” gelirken B grubuna ait sekansta “TCTAAAAA” gelmiştir. Burda bir A nükleotidi B grubunda fazla bulunmaktadır. Burda A grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. A grubuna ait sekansta “AATTCA” gelirken B grubuna ait sekansta “AATCCA” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.65 A (Query) ile C (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score=523 bits(283), Expect= 2e-153 Identities= 294/299(98%), Gaps= 2/299(0%)					
Strand=Plus/ Plus					
QUERY	1	TTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	AATTAGAACTTTCT	AAGTGAATA 59
SBJCT	30	TTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC	AATTAGAACTTTCT	CTGTGAATA 89
QUERY	60	AAGCTGTTATCCCTAAAGTA	AACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGT		119
SBJCT	90	AAGCTGTTATCCCTAAAGTA	AACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGT		149
QUERY	120	ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAT			179
SBJCT	150	ATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAT			209
QUERY	180	AATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATT		238
SBJCT	210	AATCT	AAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATT		269
QUERY	239	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT		CAAAAAAATTCTTCCGGTT	297
SBJCT	270	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAAT		CAAAAAAATTCTTCCGGTT	328

Eşleştirme neticesinde beş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A grubuna ait sekansta “TTCAA” gelirken C grubuna ait sekansta “TTCAA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TCTAAG” gelirken C grubuna ait sekansta “TCTCTG” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TCTAAAAA” gelirken C grubuna ait sekansta “TCTAAAAA” gelmiştir. Burda bir A nükleotidi B grubunda fazla bulunmaktadır. Burda A grubunda delesyon veya C grubunda insertion olmuş olabilir. A grubuna ait sekansta “AATTCA” gelirken C grubuna ait sekansta “AATCCA” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir. Bu verilerle B ve C grubu sekans verileri birbiriyle benzerlik göstermektedir.

Çizelge 4.66 A (Query) ile D (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
571 bits(309)	9e-168	317/321(99%)	0/321(0%)	Plus/Plus	
QUERY 2	AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	61			
SBJCT 24	AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	83			
QUERY 62	AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	121			
SBJCT 84	AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	143			
QUERY 122	CTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATAT	181			
SBJCT 144	TTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATAT	203			
QUERY 182	TTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAG	241			
SBJCT 204	TTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAG	263			
QUERY 242	AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATTCT	301			
SBJCT 264	AAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATTCT	323			
QUERY 302	TCCGGTTTACTCTTTCATACC	322			
SBJCT 324	TCTGGTTTACTCTTTCATACC	344			

Eşleştirme neticesinde dört nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A grubuna ait sekansta “CTAA” gelirken D grubuna ait sekansta “TTAA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TAAT” gelirken D grubuna ait sekansta “TATT” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TTTTTTT” gelirken D grubuna ait sekansta “TTTTCTT” gelmiştir. Burda bir A nükleotidi B grubunda fazla bulunmaktadır. A grubuna ait sekansta “TCCG” gelirken D grubuna ait sekansta “TCTG” gelmiştir. Buralarda substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.67 A (Query) ile E (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
507 bits(274)	3e-148	301/314(96%)	1/314(0%)	Plus/Plus	
QUERY 1	AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	60			
SBJCT 22	AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	81			
QUERY 61	TAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTAT	120			
SBJCT 82	TAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTAT	141			
QUERY 121	CTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAAGAAAGCTTTTCTCACC GCCCAGTGGAAT	179			
SBJCT 142	TTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAAGAAAGCTTTTCTCACC GCCCAGTGGAAT	201			
QUERY 180	ATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAATATAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAA	239			
SBJCT 202	ATTTTAAATAATCTAAAAAATTAATAATATAAGTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAA	261			
QUERY 240	AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATT	299			
SBJCT 262	AGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCTTAATTCAAAAAAATT	321			
QUERY 300	CTTCCGGTTTACTC	313			
SBJCT 322	CTTCCGGTTTACTC	335			

Eşleştirme neticesinde oniki nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A grubuna ait sekansta “AGTGAATAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “AGCGAATTAA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TCTAAC” gelirken E grubuna ait sekansta “TTAAAC” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TATGT” gelirken E grubuna ait sekansta “TACGT” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir. A grubuna ait sekansta “CTTTTTTT” gelirken C grubuna ait sekansta “CTCTATTT” gelmiştir. Burda bir E nükleotidi A grubunda fazla bulunmaktadır. Burda A grubunda delesyon veya E grubunda insertion olmuş olabilir.

Çizelge 4.68 A (Query) ile F (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score=523 bits(283), Expect= 2e-153	Identities= 294/299(98%), Gaps= 2/299(0%)	Strand=Plus/ Plus
QUERY 2	AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	61
SBJCT 24	AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	83
QUERY 62	AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	121
SBJCT 84	AAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATT	143
QUERY 122	CTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATAT	181
SBJCT 144	TTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCAGTGGAATAT	203
QUERY 182	TTTTAAATAATCTAAAAA	201
SBJCT 204	TTTTAAATAATCTAAAAA	223

Eşleştirme neticesinde üç nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A grubuna ait sekansta “CTAA” gelirken F grubuna ait sekansta “TTAA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TTAA” gelirken F grubuna ait sekansta “TTTA” gelmiştir. A grubuna ait sekansta “TAAT” gelirken F grubuna ait sekansta “TATT” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.69 B (Query) ile C (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
580 bits(314)	1e-170	333/342(97%)	2/342(0%)	Plus/Plus	
QUERY 1	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCA	60		
SBJCT 5	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTCA	63		
QUERY 61	CTTGTC AATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	120			
SBJCT 64	CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	123			
QUERY 121	TTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTC	180			
SBJCT 124	TTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTC	183			
QUERY 181	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAAATAATCTTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	240			
SBJCT 184	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAAATAATCTTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	242			
QUERY 241	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	300			
SBJCT 243	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	302			
QUERY 301	TTTAAATCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	342			
SBJCT 303	TCTTAATCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	344			

Eşleştirme neticesinde dokuz nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. B grubuna ait sekansta “TTTT” gelirken C grubuna ait sekansta “TCTT” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TCAAA” gelirken C grubuna ait sekansta “TC-AA” gelmiştir. Burda bir B nükleotidi C grubunda fazla bulunmaktadır. Burda C grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “CTCTGT” gelirken C grubuna ait sekansta “CTAAGT” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TAATCTAAAAAAA” gelirken C grubuna ait sekansta “TATTCT-AAAAAA” gelmiştir. Burda bir B nükleotidi C grubunda fazla bulunmaktadır. Burda C grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “TTTTAATC” gelirken C grubuna ait sekansta “TCTTAATT”

gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TCCG” gelirken C grubuna ait sekansta “TCTG” gelmiştir. Buralarda da substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.70 B (Query) ile D (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
580 bits(314)	1e-170	333/342(97%)	2/342(0%)	Plus/Plus	
QUERY 1	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTC	AAACATCGAGGTCATAAACTCA	60		
SBJCT 5	CCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTC	AAACATCGAGGTCATAAACTCA	63		
QUERY 61	CTTGTC AATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	120			
SBJCT 64	CTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTT	123			
QUERY 121	TTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	180			
SBJCT 124	TTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTC	183			
QUERY 181	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	240			
SBJCT 184	TCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTAAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTTA	242			
QUERY 241	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	300			
SBJCT 243	TAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTT	302			
QUERY 301	TTTAAATCAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	342			
SBJCT 303	TCTTAATCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	344			

Eşleştirme neticesinde dokuz nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. B grubuna ait sekansta “TTTT” gelirken D grubuna ait sekansta “TCTT” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TCAA” gelirken D grubuna ait sekansta “TC-AA” gelmiştir. Burda bir B nükleotidi D grubunda fazla bulunmaktadır. Burda D grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “CTCTGT” gelirken D grubuna ait sekansta “CTAAGT” gelmiştir. Burda substitution olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TAATCTAAAAAA” gelirken D grubuna ait sekansta “TATTCT-AAAAAA” gelmiştir. Burada bir B nükleotidi D grubunda fazla bulunmaktadır. Burda D grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “TTTTAATC” gelirken D grubuna ait sekansta “TCTTAATT” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TCCG” gelirken D grubuna ait sekansta “TCTG” gelmiştir. Buralarda da substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.71 B (Query) ile E (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
507 bits(274)	2e-148	317/337(94%)	6/337(1%)	Plus/Plus	
QUERY 1	CCTTTTAAAGCTTTTG	CAC--AATAAAGGAATTTTAATTC	AAACATCGAGGTCATAAAC	57	
SBJCT 1	CCTTTTAAAGCTTTTGG	CACAAAATAAAGGAATTTTAATTC	AACATCGAGGTCATAAAC	59	
QUERY 58	TCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	CTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	117		
SBJCT 60	TCACTTGTCAATTAGAACTTTCT	AAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	119		
QUERY 118	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCT-TTT	176		
SBJCT 120	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT	AACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	179		
QUERY 177	TTTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCTA	AAAAAATTAATAAAGT	236		
SBJCT 180	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAATAATCT	AAAAAATTAATAAAGT	238		
QUERY 237	TTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTC	296			
SBJCT 239	TTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTT	298			
QUERY 297	ATTTT-TTAATCCAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTC	333			
SBJCT 299	ATTTTCTTAATTTAAAAAAATTCCTCCGGTTTACTC	33			

Eşleştirme neticesinde yirmi nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. B grubuna ait sekansta “TG-CAC--AA” gelirken E grubuna ait sekansta “TGGCACAAAA” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TCAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “TC-AA” gelmiştir. Burda bir B nükleotidi E grubunda fazla bulunmaktadır. Burda E grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “CTCTGTGAATAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “CTAAGCGAATTAA” gelmiştir. Burada substitution olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TTTTAACAAGTAT” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTAAACAAGTAC” gelmiştir. Burada substitution olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “T-TTT” gelirken E grubuna ait sekansta “TCTAT” gelmiştir. Burda B grubunda delesyon veya E grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “TTTC” gelirken E grubuna ait sekansta “TTCC” gelmiştir. Buralarda da substitution olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TAATCTAAAAAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “TATTCT-AAAAAT” gelmiştir. Buralarda da substitution, insertion veya delesyon olduğu görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TTC” gelirken E grubuna ait sekansta “TTT” gelmiştir. Buralarda da substitution olduğu görülmektedir. B grubuna

ait sekansta “TTTTTTTAATCC” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTTCTTAATTT” gelmiştir. Buralarda da substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.72 B (Query) ile F (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
363 bits(196)	4e-105	213/221(96%)	2/221(0%)	Plus/Plus
QUERY 1	CCTTTTAAA-GCTTTTG	CACAATAAAGGAATTTTAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTC	59
SBJCT 4	CCTTTTAAA-GCTTTTG	CACAATAAAGGAATTTTAATTC	AACATCGAGGTCATAAACTC	62
QUERY 60	ACTTGTC AATTAGAACTTTCT	CTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCT		119
SBJCT 63	ACTTGTC AATTAGAACTTTCT	CTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCT		122
QUERY 120	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTT	AAGAAAAGCTTTTTTTT		179
SBJCT 123	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTT	AAGAAAAGCTTTTTTTT		182
QUERY 180	CTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAAATA	TTCTAAAAAA	220	
SBJCT 183	CTCACC GCCCAGTGAATATTTTAAAATA	TTCTAAAAAA	223	

Eşleştirme neticesinde sekiz nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. B grubuna ait sekansta “TTTTAAA-GCTTTTG” gelirken F grubuna ait sekansta “TCTTAAAGGCTTTTA” gelmiştir. Burda bir F nükleotidi B grubunda fazla bulunmaktadır. Burda B grubunda delesyon veya F grubunda insertion olmuş olabilir. Aynı zamanda substitution olduğu da görülmektedir. B grubuna ait sekansta “TCAAA” gelirken F grubuna ait sekansta “TC-AA” gelmiştir. Burda bir B nükleotidi F grubunda fazla bulunmaktadır. Burda F grubunda delesyon veya B grubunda insertion olmuş olabilir. B grubuna ait sekansta “CTCTGT” gelirken F grubuna ait sekansta “CTAAGT” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TTAA” gelirken F grubuna ait sekansta “TTTA” gelmiştir. B grubuna ait sekansta “TAAT” gelirken F grubuna ait sekansta “TATT” gelmiştir. Burda substitution olduğu da görülmektedir.

Çizelge 4.73 C (Query) ile D (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
636 bits(344)	0.0	344/344(100%)	0/344(0%)	Plus/Plus	
QUERY 1	ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC	60			
SBJCT 1	ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC	60			
QUERY 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	120			
SBJCT 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	120			
QUERY 121	CTTTTCTAG AATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT	180			
SBJCT 121	CTTTTCTAG AATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT	180			
QUERY 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTT	240			
SBJCT 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTT	240			
QUERY 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCAT	300			
SBJCT 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCAT	300			
QUERY 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	344			
SBJCT 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACC	344			

Eşleştirme neticesinde hiçbir nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmemiştir. Bu da C ve D gruplarının %100 uyumlu olmasından kaynaklanmaktadır.

Çizelge 4.74 C (Query) ile E (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
532 bits(288)	4e-156	320/335(96%)	4/335(1%)	Plus/Plus	
QUERY 5	CCTCTTAAAGCTTTTG-CAC--AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	61			
SBJCT 1	CCTCTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	60			
QUERY 62	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	121			
SBJCT 61	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	120			
QUERY 122	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCT-TTTT	180			
SBJCT 121	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATT	180			
QUERY 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTT	240			
SBJCT 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTTAAAATATTCTAAAAAATTAATAAAGTTT	240			
QUERY 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCAT	300			
SBJCT 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCAT	300			
QUERY 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTC	335			
SBJCT 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTC	335			

Eşleştirme neticesinde onbeş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. C grubuna ait sekansta “TCTT” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTT” gelmiştir. Burda bir substitution olduğu görülmektedir. C grubuna ait sekansta “G-CAC--” gelirken E grubuna ait sekansta “GGCACCAA” gelmiştir. Burda üç E nükleotidi C grubunda fazla bulunmaktadır. Burda C grubunda delesyon veya E grubunda insertion olmuş olabilir. C grubuna ait sekansta “GTGAATAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “GCGAATTAA” gelmiştir. Burada substitution olduğu da görülmektedir. C grubuna ait sekansta “TAACAAGTAT” gelirken E grubuna ait sekansta “TAAACAAGTAC” gelmiştir. Burada substitution olduğu da görülmektedir. C grubuna ait sekansta “CT-TTTT” gelirken E grubuna ait sekansta “CTCTATT” gelmiştir. Burada substitution, insertion veya delesyon olduğu da görülmektedir. C grubuna ait sekansta “AAAAAA” gelirken E grubuna ait sekansta “AAAAAT” gelmiştir. C grubuna ait sekansta “TTCAT” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTAT” gelmiştir. C grubuna ait sekansta “TTCA” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTA” gelmiştir. C grubuna ait sekansta “TTCAT” gelirken E grubuna ait sekansta “TTTAT” gelmiştir. C grubuna ait sekansta “TCTG” gelirken E grubuna ait sekansta “TCCG” gelmiştir. Buralarda substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.75 C (Query) ile F (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
394 bits(213)	1e-114	220/223(99%)	1/223(0%)	Plus/Plus
QUERY 2	CCTCCTCTTAAA	GCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC		60
SBJCT 1	CCTCCTCTTAAA	GGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC		60
QUERY 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			120
SBJCT 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			120
QUERY 121	CTTTTCTAGAACTTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTT			180
SBJCT 121	CTTTTCTAGAACTTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTT			180
QUERY 181	TTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAA		223	
SBJCT 181	TTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAAAATATTCTAAAAAA		223	

Eşleştirme neticesinde üç nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. C grubuna ait sekansta “-GC” gelirken F grubuna ait sekansta “GGC” gelmiştir. Burda C grubunda delesyon veya E grubunda insertion olmuş olabilir. C grubuna ait sekansta “TTGC” gelirken F grubuna ait sekansta “TTAC” gelmiştir. C grubuna ait sekansta

“TTAA” gelirken F grubuna ait sekansta “TTTA” gelmiştir. Burada substitution olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.76 D (Query) ile E (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
532 bits(288)	4e-156	320/335(96%)	4/335(1%)	Plus/Plus	
QUERY 5	CCTCTTAAAGCTTTTG	CAC--AATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT			61
SBJCT 1	CCTCTTAAAGCTTTTG	CACAAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT			60
QUERY 62	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGT	GAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTT			121
SBJCT 61	CACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGT	GAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTT			120
QUERY 122	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTT	TAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT			180
SBJCT 121	TTTTTTAG AATTTCTAGGTATTTT	TAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT			180
QUERY 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	TAAAAATATTCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTT			240
SBJCT 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	TAAAAATATTCTAAAAATTAAAAATATAAAGTTT			240
QUERY 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTT	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTAT			300
SBJCT 241	TATAGGGTCTTCTTGCTAAAAGAAGCATTTT	TAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTAT			300
QUERY 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCT	GGTTTACTC	335		
SBJCT 301	TTTCTTAATTCAAAAAAATTCTTCT	GGTTTACTC	335		

Eşleştirme neticesinde onbeş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. D ve E gruplarına ait sekans karşılaştırmasındaki farklılıklar substitution, delesyon veya insertion olmuş olabilir.

Çizelge 4.77 D (Query) ile F (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
394 bits(213)	1e-114	220/223(99%)	1/223(0%)	Plus/Plus	
QUERY 2	CCTCCTCTTAAA	GCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC			60
SBJCT 1	CCTCCTCTTAAA	GCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC			60
QUERY 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGT	GAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			120
SBJCT 61	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGT	GAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			120
QUERY 121	CTTTTTTGA AATTTCTAGGTATTTT	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT			180
SBJCT 121	CTTTTTTGA AATTTCTAGGTATTTT	AACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTT			180
QUERY 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	TAAAAATATTCTAAAA	223		
SBJCT 181	TTCTCACCGCCCCAGTGAATATTTT	TAAAAATATTCTAAAA	223		

Eşleştirme neticesinde onbeş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. D ve E gruplarına ait sekans karşılaştırmasındaki farklılıklar substitution, delesyon veya insertion olmuş olabilir.

Çizelge 4.78 E (Query) ile F (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşletirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
329 bits(178)	4e-95	209/223(94%)	5/223(2%)	Plus/Plus
Query 1	CCTTTTAAAGGCTTTTGGCACAAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC	59		
Sbjct 4	CCTTTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC	60		
Query 60	TCACCTGTCAATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	119		
Sbjct 61	TCACCTGTCAATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT	120		
Query 120	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAACAAGTACGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTAT	179		
Sbjct 121	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTT	180		
Query 180	TTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAA	222		
Sbjct 181	TTCTCACC GCCCAGTGGAATATTTTAAATATTCTAAAAA	222		

4.11 *Leiurus quinquestriatus*'un (Gen Bank Acc. Number AY226174.2) Nükleotid Dizisi ile Eşleştirme

Bu çalışmada örneklerden elde edilen nükleotid dizileri ile GenBank'da *Leiurus quinquestriatus*'a ait sekans verisi (Çizelge 4.79) 389 bp ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 4.79 *Leiurus quinquestriatus*'un nükleotid dizisi.

<i>Leiurus quinquestriatus</i> (Gen Bank Acc. AY226174.2) SEKANS VERİSİ
1 TAGTCTTTTA ATTGAGGACT GGAATGAAAG AGTAAACCAA AAGAATTTTT TTAAAGTTAA
61 GAAAATGAAT TTTACTTTTT AGTAAGAAGG CTAATGAA TCTTTCAGAC AAGAAGACCC
121 TATAAACTT TATATTTTTC AGTTAGTAAA GATAATTGAG AGATATTTTCG CTGGGGCGGC
181 GAGAGAAAAC TCTTCTCTTA TAGGAAAAAA CAATTCTTGT TAAATACCT AGAAGTTCTA
241 AAAAAGAAAT AAGTTACTTT AGGGATAACA GCTTAATTTA CTTTAAAGC TCTAATTGAC
301 AAGTAAGTTT ATGACCTCGA TGTTGAATTA AAATACCTTT TTTGTGCAAA AGCTTTAATA
361 AGGGGGTCTG TNCGCACCTT TAANTGNTC

Eşleştirme sonucunda tespit edilen nükleotid eksilmesi (deletion), ilave edilmesi (insertion) veya dönüşümleri (substitution) gibi genetik varyasyonlar, örnekler ait kromotogram görüntülerinden nükleotid(ler)in pikleri değerlendirilerek, genetik varyasyon(lar) doğrulama işlemi yapılmıştır.

Çizelge 4.80 A Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
388 bits(210)	1e-112	302/346(87%)	7/346(2%)	Plus/Minus
QUERY 1	AAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTC	60		
SBJCT 343	AAA-AAAGGTATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTTACTTGTCAATTAGAGCTTTA	285		
QUERY 61	TAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTCTTTTTTAGAATTCTTAGGTAT	120		
SBJCT 284	AAAGTAAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTCTTTTTTAGAAGCTTCTAGGTAT	225		
QUERY 121	TCTAACAAGTAT-GTTTATTTTCT-TAAGAAAAGCTTTTTTCTCACC GCCCCAGTGGAA	178		
SBJCT 224	TTAACAAGAATTGTTT-TTTCCTATAAGAAGAGTTTTCTCTCGCCGCCCCAGCGAAA	166		
QUERY 179	TATTTTAAAATAATCTAAAA-AATT-AAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTCT	236		
SBJCT 165	TATCTCTCAATTA-TCTTTACTAACTGAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGCTCT	107		
QUERY 237	AAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAA	296		
SBJCT 106	GAAAGATTCAATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTTCTAACTTTAAAAAA	47		
QUERY 297	ATTCTTCCGGTTTACTCTTTTCATACCAGTCCTCAATTAAAGACTA	342		
SBJCT 46	ATTCTTTTGGTTTACTCTTTTCATTCAGTCCTCAATTAAAGACTA	1		

Çizelge 4.81 B Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
366 bits(198)	5e-106	296/343(86%)	7/343(2%)	Plus/Minus
QUERY 1	CCTT-TTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAAACATCGAGGTCATAAACTC	59		
SBJCT 363	CCTTATTAAGCTTTTGCACAAAAGGTATTTTAATTCAA-CATCGAGGTCATAAACTT	305		
QUERY 60	ACTTGTCAATTAGAACTTTCTCTGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTCT	119		
SBJCT 304	ACTTGTCAATTAGAGCTTTAAAAAGTAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTCT	245		
QUERY 120	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTAT-GTTTATTTTCT-TAAGAAAAGCTTTTT	177		
SBJCT 244	TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGAATTGTTT-TTTCCTATAAGAGAAGAGTTTT	186		
QUERY 178	TTCTCAACGCCCCAGTGGAAATATTTTAAAATAATCTAAAAAATT-AAAAATATAAAGT	236		
SBJCT 185	CTCTCGCCGCCCCAGCGAAATATCTCTCAATTA-TCTTTACTAACTGAAAAATATAAAGT	127		
QUERY 237	TTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTC	296		
SBJCT 126	TTTATAGGGTCTTCTGTCTGAAAGATTCAATTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTC	67		
QUERY 297	ATTTTTTTAATCCAAAAAAATTCCTTCCGGTTTACTCTTTCAT	339		
SBJCT 66	ATTTTCTTAACCTTTAAAAAAATTCCTTTGGTTTACTCTTTCAT	24		

Çizelge 4.82 C Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
401 bits(217)	1e-116	297/336(88%)	4/336(1%)	Plus/Minus	
QUERY 9	TTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGT	68			
SBJCT 358	TTAAAGCTTTTGCACAAAAGGTTATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTTACTTGT	299			
QUERY 69	CAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTTTTA	128			
SBJCT 298	CAATTAGAGCTTTTAAAGTAAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTTTTA	239			
QUERY 129	GAAATTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAGCTTTTTTCTCTCA	186			
SBJCT 238	GAAATTCTAGGTATTTTAAACAAGAAATGTTT-TTTCCTATAAGAGAAGAGTTTTCTCTCG	180			
QUERY 187	CCGCCCCAGTGAATATTTTAAAAATATCTATAAAATTAATAAATATAAAGTTTTATAG	245			
SBJCT 179	CCGCCCCAGCGAATATCTCTCAATATCTTTACTAACTGAAAAATATAAAGTTTTATAG	120			
QUERY 246	GGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCT	305			
SBJCT 119	GGTCTTCTTGTCTGAAAGATTATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCT	60			
QUERY 306	TAAATCAAAAAAATTCCTTCTGGTTTACTCTTTCAT	341			
SBJCT 59	TAACTTTAAAAAATTCCTTTGGTTTACTCTTTCAT	24			

Çizelge 4.83 D Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
401 bits(217)	1e-116	297/336(88%)	4/336(1%)	Plus/Minus	
QUERY 9	TTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGT	68			
SBJCT 358	TTAAAGCTTTTGCACAAAAGGTTATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTTACTTGT	299			
QUERY 69	CAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTTTTA	128			
SBJCT 298	CAATTAGAGCTTTTAAAGTAAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACCTATTTCTTTTTTA	239			
QUERY 129	GAAATTCTAGGTATTTTAAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAGCTTTTTTCTCTCA	186			
SBJCT 238	GAAATTCTAGGTATTTTAAACAAGAAATGTTT-TTTCCTATAAGAGAAGAGTTTTCTCTCG	180			
QUERY 187	CCGCCCCAGTGAATATTTTAAAAATATCTATAAAATTAATAAATATAAAGTTTTATAG	245			
SBJCT 179	CCGCCCCAGCGAATATCTCTCAATATCTTTACTAACTGAAAAATATAAAGTTTTATAG	120			
QUERY 246	GGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCT	305			
SBJCT 119	GGTCTTCTTGTCTGAAAGATTATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAATTCATTTTCT	60			
QUERY 306	TAAATCAAAAAAATTCCTTCTGGTTTACTCTTTCAT	341			
SBJCT 59	TAACTTTAAAAAATTCCTTTGGTTTACTCTTTCAT	24			

Çizelge 4.84 E Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
368 bits(199)	1e-106	295/340(87%)	11/340(3%)	Plus/Minus	
QUERY	1	CCTT-TTAAAGCTTTTGGCACA-AAA-TAAAGGAATTTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAAC			59
SBJCT	363	CCTTATTAAAGCTTTT-GCAC-AAA-AAAGGTATTTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAAC			307
QUERY	60	TCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGCGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			119
SBJCT	306	TTACTTGTC AATTAGAGCTTTAAAAGTAAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTT			247
QUERY	120	CTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTAC-GTTTATTTTCT-TAAGAAAAGCTCT			177
SBJCT	246	CTTTTTTAGAACTTCTAGGTATTTAAACAAGAAATTGTTT-TTTCCTATAAGAGAAGAG-T			189
QUERY	178	ATTTCTCTACCGCCCCAGTGG AATATTTTAAAAATAT-TCTAAAAATTTAAAAATATAA			235
SBJCT	188	-TTTCTCTCGCGCCCCAGCG AATATCTCTCAATTATCTTTACTAACTGAAAAATATAA			130
QUERY	236	AGTTTTATAGGTCCTTCTTGCTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA			295
SBJCT	129	AGTTTTATAGGTCCTTCTTGCTCTGAAAGATT CATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAAA			70
QUERY	296	TTTATTTTCTTAATTTAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTC	335		
SBJCT	69	TTCATTTTCTTAACCTTTAAAAAAATTCTTTGGTTTACTC	30		

Çizelge 4.85 F Grubu (Query) ile AY226174.2 (Sbjct) örneklerinin sekans verilerinin eşleştirilmesi.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
329 bits(178)	4e-95	209/223(94%)	5/223(2%)	Plus/Plus	
QUERY 8	TTAAAGGCCTTTT	ACACAATAAAGGA	ATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	CACTTG	67
SBJCT 358	TTAAAGCTTTT	GCACAAAAGGT	ATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACT	TACTTG	300
QUERY 68	TCAATTAGAACTTT	CTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT			127
SBJCT 299	TCAATTAGAGCTTT	AAAAGTAAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT			240
QUERY 128	AGAATTTCTAGGTATTT	TAACAAGTATGTTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTTTCTCTC			185
SBJCT 239	AGAACTTCTAGGTATTT	TAACAAGAAATTGTTTCTTCTATAAGAGAAGAGTTTTCTCTC			181
QUERY 186	ACCGCCCCAGTGG	AATAT			203
SBJCT 180	GCCGCCCCAGCG	AATAT			163

Özetle, bu çalışmada dizi analizi yapılan örnekler ile GenBank (AY226174.2) sekans verisi ile yapılan eşleştirmede tespit edilen ve doğrulanan ciddi genetik varyasyonlar belirlenmiştir. Bu varyasyonlar ile bu tür için ilk defa filogenetik ağaç

oluşturularak akrabalık dereceleri ve farklılıklar ortaya konulacaktır. Çalışılan örneklerin referans tür olan *Leiurus quinquestriatus* iale alignment edildiğinde A grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %87 benzerlik, B grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %86 benzerlik, C grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %88 benzerlik, D grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %88 benzerlik, E grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %87 benzerlik, F grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %94 benzerlik elde edilmiştir.

4.12 Filogenetik Analiz

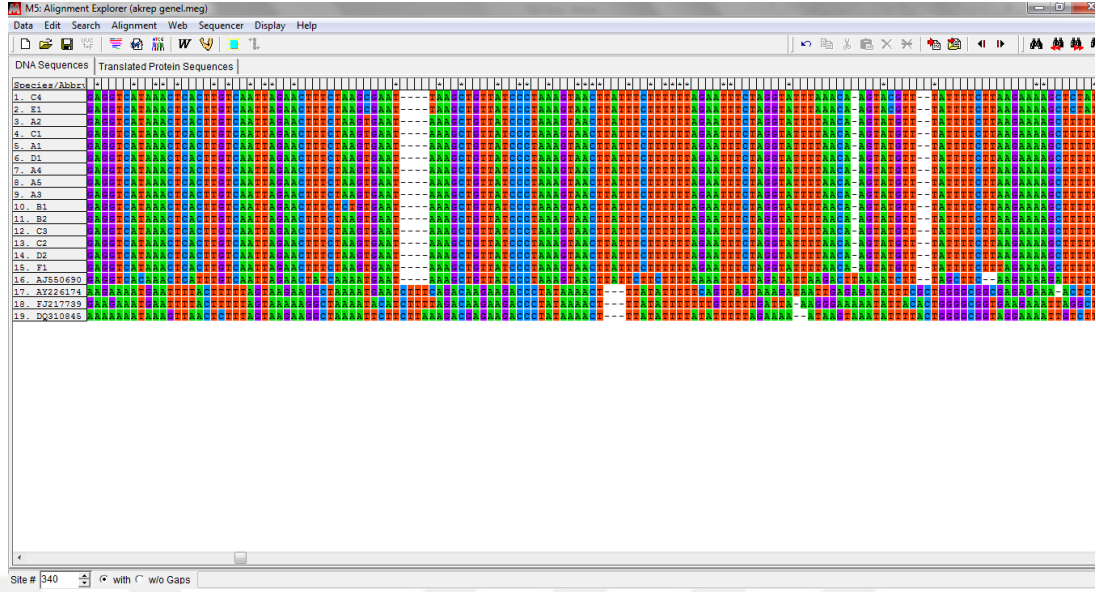
DNA dizilerinin hizalanmasında yaygın olarak CLUSTALW kullanılmaktadır. Bu çalışmada da MEGA 5.1 programı (Tamura ve ark., 2007) ile filogenetik analiz için örneklerin nükleotid dizisi çift ve çok yönlü olarak hizalanmıştır (Şekil 3.79).

Hizalanan nükleotidlerin eşleşen ve boşluk kalan kısımları görülecek şekilde nükleotidlere ait renk kodları ile belirlenerek gösterilmiştir (Şekil 3.80).

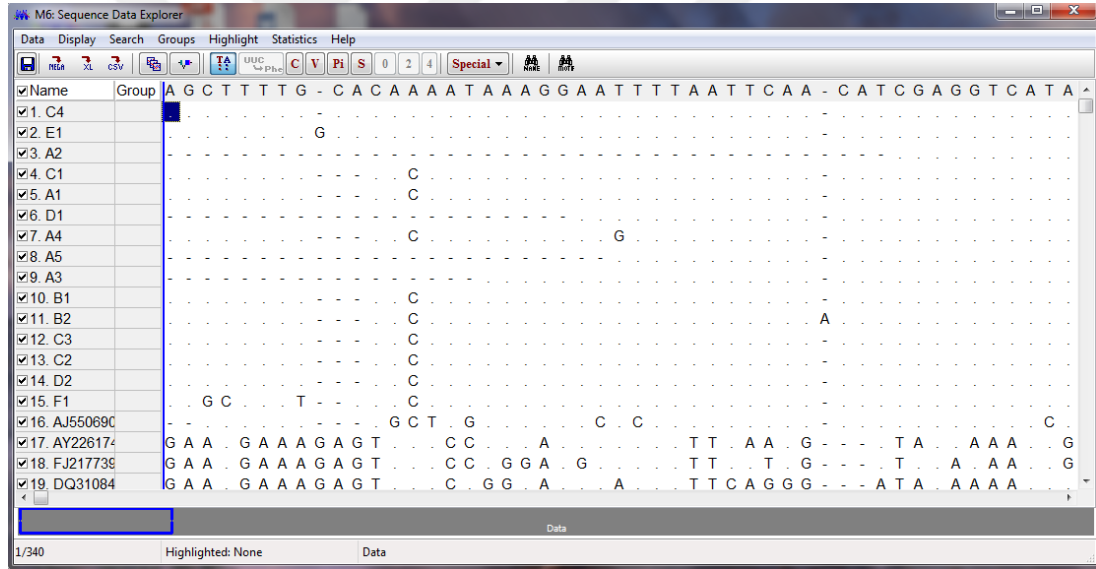


Şekil 4.62 Hizalanma öncesinde tüm dizilerin görüntüleri.

Hizalandıktan sonra diziler filogenetik analizler için temel veriler oluşturulmuştur.



Şekil 4.63 Hizalanmış dizilerde filogenetik analiz



Şekil 4.64 Filogenetik analiz verisi.

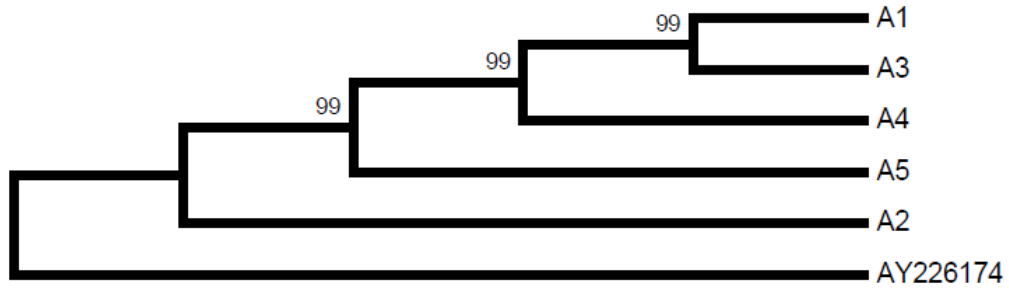
4.12.1 Grup İçi Filogenetik Analiz

Örnekler arasındaki genetik farklılıkların ortaya konulması amacıyla, DNA dizi analiz verileri kullanılarak, MEGA 5 programı ile ortaya konmuştur (Tamura ve ark., 2007). Filogenetik analizler teknikleri ile DNA dizilerinin karşılaştırılması Neighbor-Joining (NJ) ve Unweighted Pair Group Method with Arithmetic (UPGMA) metotları, “Pairwise Distance” (ikili mesafe) hesaplaması ile çalışmada kullanılan örneklerin

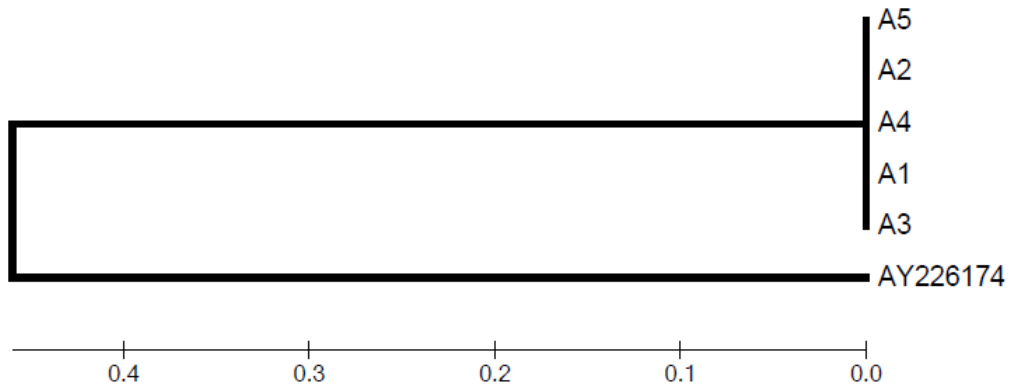
moleküler sistematikteki akrabalık ilişkileri ortaya konulmuştur. Oluşturulan filogenetik ağacın (dendogram) güvenilirliği için “bootstrap” ve “ interior branch lenght” testleri kullanılmıştır. Grup içindeki örnekler arasındaki moleküler sistematikteki ilişkiyi göstermek için grup dışı olarak *L. quinquestriatus* (Gen Bank Acc. AY226174.2) akrep türüne ait sekans verisi kullanılmıştır.

4.12.1.1 A Grubunun Filogenetik Analizi

A grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan soy ağacına (Şekil 4.114) göre % 99 oranında A1 ve A3 örnekleri birbirine en yakın örnek olarak görülmektedir.



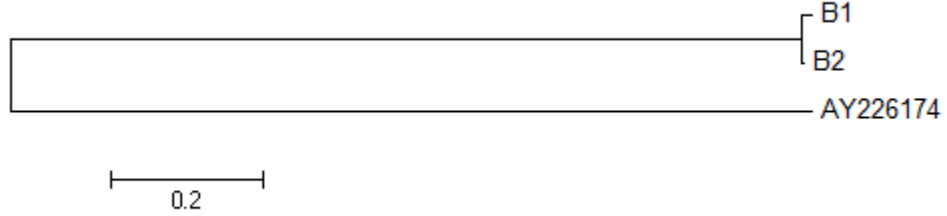
Şekil 4.65 NJ metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.



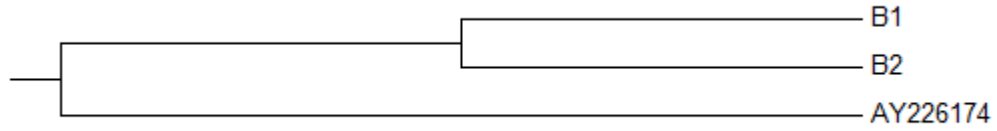
Şekil 4.66 UPGMA metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.

4.12.1.2 B Grubunun Filogenetik Analizi

B grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan soy ağacına (Şekil 4.116) göre % 98 oranında B1 ve B2 örnekleri görülmektedir.



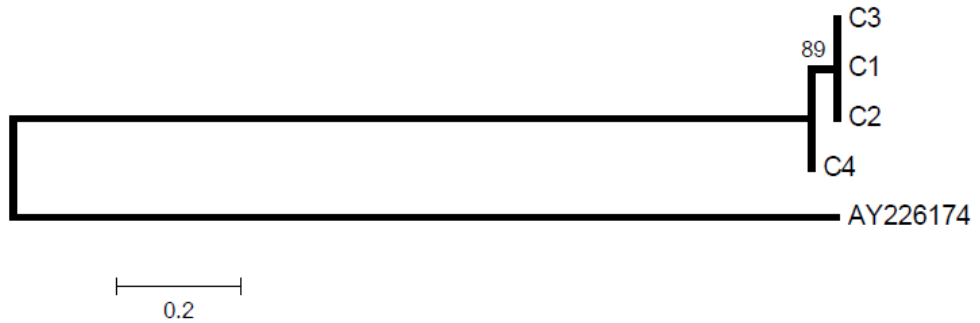
Şekil 4.67 NJ metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.



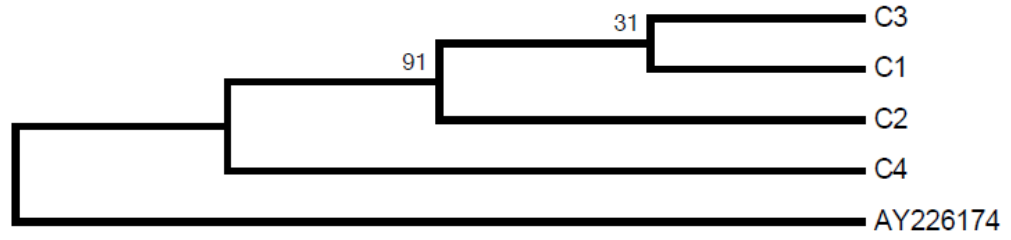
Şekil 4.68 UPGMA metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.

4.12.1.3 C Grubunun Filogenetik Analizi

C grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan soy ağacına (Şekil 4.118) göre % 100 oranında C1 ve C3 örnekleri birbirine en yakın örnek olarak görülmektedir.



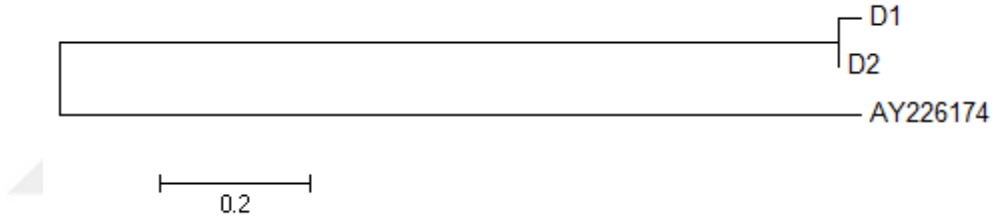
Şekil 4.69 NJ metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.



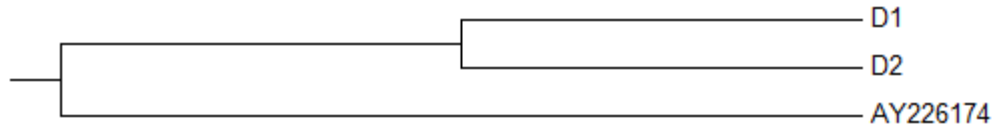
Şekil 4.70 UPGMA metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.

4.12.1.4 D Grubunun Filogenetik Analizi

D grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan soy ağacına (Şekil 4.120) göre % 100 oranında D1 ve D2 örnekleri görülmektedir.



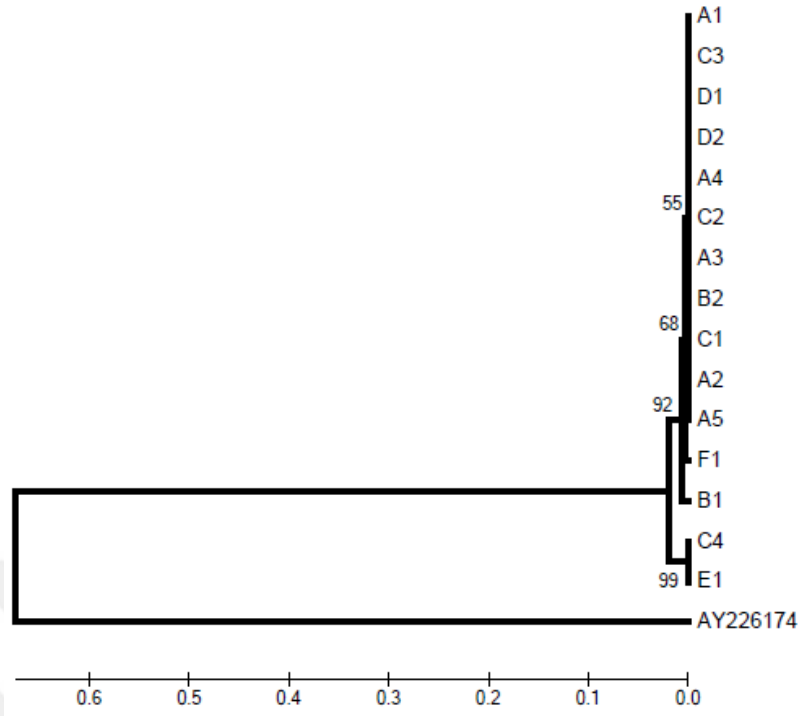
Şekil 4.71 NJ metodu ile oluşturulan D grubunun soy ağacı.



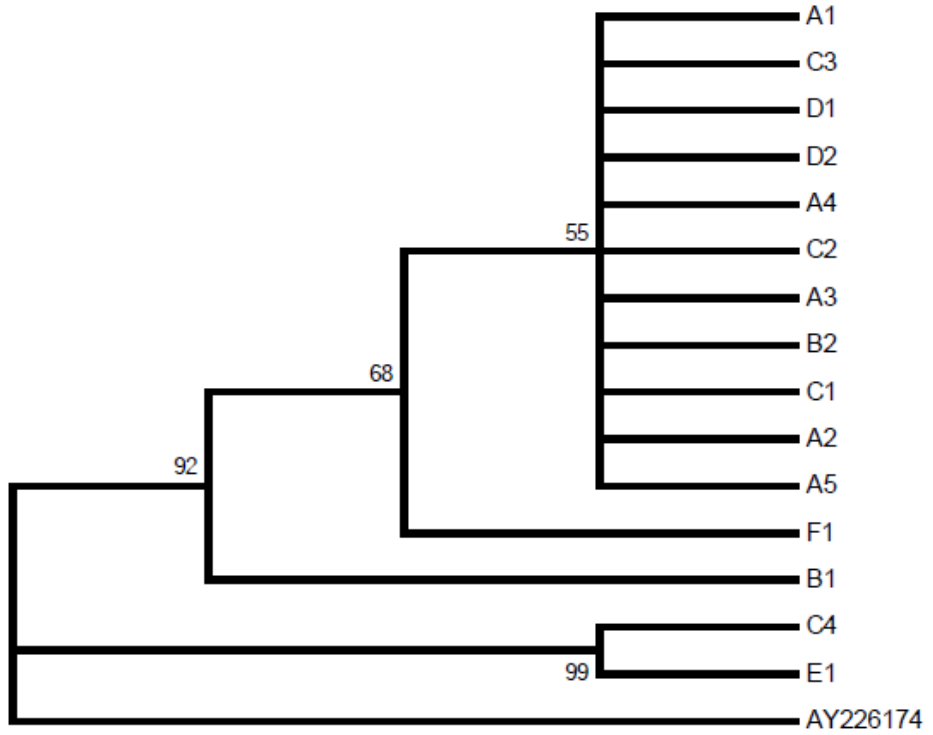
Şekil 4.72 UPGMA metodu ile oluşturulan D grubunun soy ağacı.

4.12.2 Gruplar Arası Filogenetik Analiz

Gruplar arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining (Şekil 4.122) ve UPGMA (Şekil 4.123) metotları ile birbirlerine paralel soy ağaçları oluşturulmuştur.



Şekil 4.73 NJ metodu ile gruplar arasında oluşturulan soy ağacı



Şekil 4.74 UPGMA metodu ile gruplar arasında oluşturulan soy ağacı

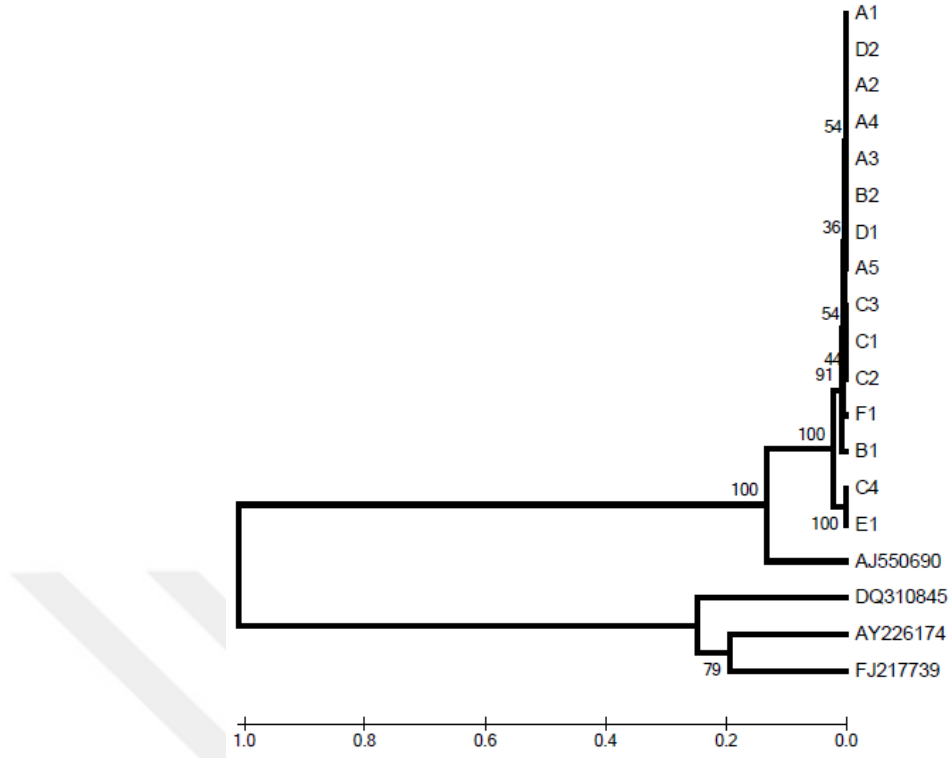
4.12.3 *Leiurus abdullahbayrami*'nin Türkiye Akrep Faunasında Bulunan Türlerle Olan Filogenetik Konumu

Bu çalışmada *Leiurus abdullahbayrami*'nin Türkiye akrep faunasında bulunan DNA dizi analizi yapılan diğer türler ve *Leiurus quinquestriatus* ile filogenetik analiz teknikleri ile moleküler sistematikteki evrimsel ilişkileri ortaya konulmuştur. Çalışmada, *Leiurus quinquestriatus*, *Androctonus crassicauda*, *Mesobuthus* soyuna bağlı olan *Mesobuthus eupeus* ve *Mesobuthus gibbosus* türlerinin GenBank'daki sekans verileri (Çizelge 4.84) kullanılmıştır.

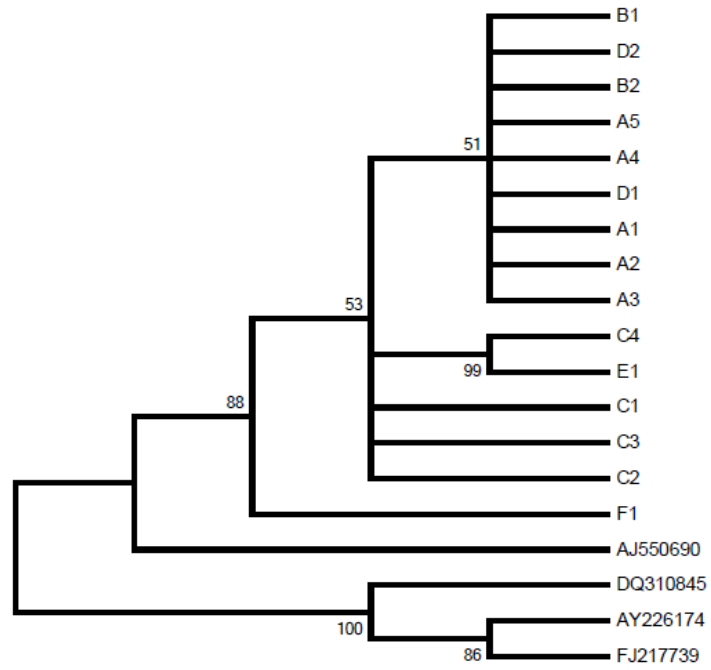
Filogenetik aniliz neticesinde, Neighbor-Joining metotları (Şekil 4.124) ve UPGMA (Şekil 4.125) ile oluşturulan soy ağaçlarında çalışılan örneklerin filogenetik konumu ortaya konmuştur. Oluşturulan filogenetik ağaç güvenilirliği için "bootstrap" ve "interior branch lenght" testleri uygulanmış ve soyağacı bulgularını desteklemiştir (Şekil 4.126).

Çizelge 4.86 Türkiye akrep faunasında bulunan türlerin ve *L. quinquestriatus* türünün GenBank kayıt verileri (a: Gantenbein ve ark., 2002. b: Gantenbein ve Keightley, 2004. c:Gantenbein ve ark., 2003)

Türkiye Faunasında bulunan akrep türleri ve <i>L. quinquestriatus</i> 'a ait GenBank verileri					
Akrep	Acc. Number	Lokalite	DNA	Gen Bölgesi	Uzunluk (bç)
<i>L. quinquestriatus</i>	AY226174	Umman	mt	16S rRNA	389
<i>A. crassicauda</i>	FJ217739	Ş.Urfa, Türkiye	mt	16S rRNA	359
<i>M. eupeus</i>	AJ550690	Nevşehir, Türkiye	mt	16S rRNA	335
<i>M. gibbosus</i>	DQ310845	Adana, Türkiye	mt	16S rRNA	331



Şekil 4.75 GenBank’da sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle NJ metodu ile oluşturulan soy ağacı



Şekil 4.76 GenBank’da sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1. C4	0.0000	0.0000	0.0178	0.0160	0.0178	0.0178	0.0178	0.0178	0.0178	0.0204	0.0178	0.0160	0.0160	0.0178	0.0174	0.6436	4.0518	4.0570	4.5997
2. E1	0.0000		0.0178	0.0160	0.0178	0.0178	0.0178	0.0178	0.0178	0.0204	0.0178	0.0160	0.0160	0.0178	0.0174	0.6436	4.0518	4.0570	4.5997
3. A2	0.0442	0.0442		0.0061	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
4. C1	0.0377	0.0377	0.0062		0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0114	0.0061	0.0000	0.0000	0.0061	0.0063	0.6334	4.0230	3.9795	4.5299
5. A1	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
6. D1	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000		0.0000	0.0000	0.0000	0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
7. A4	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000		0.0000	0.0000	0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
8. A5	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000		0.0000	0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
9. A3	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000		0.0088	0.0000	0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
10. B1	0.0574	0.0574	0.0124	0.0187	0.0124	0.0124	0.0124	0.0124	0.0124		0.0088	0.0114	0.0114	0.0088	0.0131	0.6323	4.0376	4.0030	4.5298
11. B2	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0124		0.0061	0.0061	0.0000	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
12. C3	0.0377	0.0377	0.0062	0.0000	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0187	0.0062		0.0000	0.0061	0.0063	0.6334	4.0230	3.9795	4.5299
13. C2	0.0377	0.0377	0.0062	0.0000	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0062	0.0187	0.0062	0.0000	0.0062	0.0061	0.0063	0.6334	4.0230	3.9795	4.5299
14. D2	0.0442	0.0442	0.0000	0.0062	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0124	0.0000	0.0062	0.0062	0.0061	0.0088	0.6331	4.0278	3.9882	4.5283
15. F1	0.0442	0.0442	0.0124	0.0062	0.0124	0.0124	0.0124	0.0124	0.0124	0.0250	0.0124	0.0062	0.0062	0.0124		0.6329	3.9964	3.9501	4.5291
16. AJ550690	0.2894	0.2894	0.2628	0.2535	0.2628	0.2628	0.2628	0.2628	0.2628	0.2818	0.2628	0.2535	0.2535	0.2628	0.2628		3.4557	3.7109	3.4730
17. AY226174	2.3859	2.3859	2.2327	2.2587	2.2327	2.2327	2.2327	2.2327	2.2327	2.3326	2.2327	2.2587	2.2587	2.2327	2.2098	1.6843		1.0858	1.2805
18. FJ217739	2.3871	2.3871	2.2346	2.2607	2.2346	2.2346	2.2346	2.2346	2.2346	2.3345	2.2346	2.2607	2.2607	2.2346	2.2112	2.3634	0.3877		1.3407
19. DQ310845	1.8219	1.8219	1.5471	1.4949	1.5471	1.5471	1.5471	1.5471	1.5471	1.6635	1.5471	1.4949	1.4949	1.5471	1.5471	1.2493	0.4971	0.4882	

Şekil 4.77 DNA dizilerinin genetik mesafe değerleri

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Ehrenberg (1828) tarafından *Androctonus*'un bir alt cinsi olarak tanımlanan *Leiurus quinquestriatus*'u, daha sonra Vachon (1949), *Leiurus* cinsi içerisinde tek tür şeklinde tanımlamıştır (Yağmur, 2005). *L. quinquestriatus*, Türkiye akrep faunasında, Adıyaman (Tulga, 1964), ve Gaziantep (Yağmur, 2005) illerinde bildirilmiştir. 2009 yılında Yağmur ve ark. yaptıkları sistematik çalışmalarla Türkiyede bulunan ve *L. quinquestriatus* olarak bilinen türü *L. abduallahbayrami* olarak yayınlamışlardır. Bu çalışmada grup içi ve gruplar arası oluşturulan soyağaçlarında *L. quinquestriatus* grup dışı kullanılmıştır. Oluşturulan soy ağaçları içerisinde örneklerden farklı olarak konumlanmıştır. Yapılan filogenetik analizlerle *L. abduallahbayrami*'nin *L. quinquestriatus* türünden morfolojik farklılıklarının yanında genetik açıdan da farklı olduğu ortaya konulmuştur.

Leiurus abduallahbayrami, türünün Türkiye'de farklı iklimsel, biyocoğrafik ve biyoekolojik ortam koşullarına göre uyum kazanmış alt tür ve varyetelerinin de olabileceği düşünülerek genotiplendirilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi amaçlanmıştır. Toplanan örneklerin mitokondriyal DNA'ları izole edilerek 16S bölgesi genetik identifikasyonu belirlemek ve filogenetik analiz uygulanması, Türkiye akrep faunasında bulunan türlerle filogenetik ilişkisini belirlenmesi ve sekans verileri karşılaştırılarak filogenetik ağaç oluşturulması amaçlanmıştır. Bu sebeple ülkemizde özellikle Güney Doğu Anadolu Bölgesinde ve çevresindeki illerde yayılış gösteren bu tür, renk varyetelerinin mtDNA baz dizisine göre olabileceği düşünülmektedir. Bununla ilgili olarak ileriki çalışmalarda bu baz dizilerindeki farklılıkların hangi amino asitleri kodladığı ve sonuçta farklı proteinlerin oluşabileceği bu bağlamda morfolojik renk varyetelerini nasıl etkilediği araştırılacaktır. Böylece, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ve DNA sekans verileri ile *Leiurus abduallahbayrami* tanımlandı. Bu çalışmada *Leiurus abduallahbayrami* türüne ait mitokondriyal DNA 16S sekans verisi ilk defa ortaya konulmuştur ve diğer türlerle bu sekans verileri karşılaştırılmıştır. Böylece bu morfolojik renk varyetelerinin genetiksel bir dayanağı olduğu ortaya konmuştur. Böylelikle *Leiurus abduallahbayrami* türüne ait yeni alttürlerin olabileceği ortaya konmuş olmaktadır.

Akreplerin filogenetik pozisyonu tartışmalıdır. Filogenetik ve filoğrafik çalışmalarda, Mitokondriyal DNA yaygın olarak kullanılmaktadır (Gantenbein ve ark.,

2005). Bu da mtDNA molekülünde yeni kombinasyonların oluşmaması ve maternal kalıtım modeline sahip olmasından (Avisé 2004) kaynaklanmaktadır. mtDNA korunaklı olmasına rağmen tamir mekanizması zayıftır ve bu yüzden mutasyon oranı nükleer genomdan yaklaşık 10 kat yüksektir. Akrebin mitokondrial genleri tam olarak henüz açıklanmamıştır. Hatay, Kilis, Gaziantep, Şanlıurfa, Adıyaman ve Mardin illerinde yapılan arazi çalışmaları sonucunda toplanan *Leiurus abdullahbayrami* türüne ait bireylerin farklı lokalitelerde farklı morfolojik renklere sahip olduğu belirlenmiştir. Stereo-mikroskop altında ve çıplak göz ile incelenen örneklerin renk varyetesinin bulunduğu illere göre değiştiği gözlemlenmiştir.

Bu tez çalışmasında *Leiurus abdullahbayrami*, türünün Türkiye'de farklı iklimsel, biyocoğrafik ve biyoeolojik ortam koşullarına göre uyum kazanmış alt tür ve varyetelerinin de olabileceği düşünülerek genotiplendirilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu amaçla ülkemizde özellikle Güney Doğu Anadolu Bölgesinde ve çevresindeki illerde yayılış gösteren bu tür, tez araştırma konusu olarak seçilmiştir. Bu bağlamda bu illerden toplanan örneklerin mitokondriyal DNA'ları izole edilerek 16S bölgesi genetik identifikasyonu belirlemek ve filogenetik analiz uygulanması, Türkiye akrep faunasında bulunan türlerle filogenetik ilişkisini belirlenmesi ve sekans verileri karşılaştırılarak filogenetik ağaç oluşturulması amaçlanmıştır. Bu çalışmada *Leiurus abdullahbayrami* akrep türünün morfolojik karakterlerle fenotip özelliklerinin belirlenmesi ve fenotipleri tanımlanan gruplar içerisinde ve arasındaki farklılıkların/benzerliklerin ya da yeni alttürün belirlenmesi ile Türkiye akrep faunasındaki filogenetik konumunun tespit edilmesi amacıyla mtDNA'nın büyük alt birimi olan 16S gen bölgesinde yararlanılarak PCR yöntemi ile DNA dizi analizi yapılmıştır. Bu çalışmada incelenen örneklerden; A grubu (Gaziantep) ve B grubu (Kilis), D grubu (Hatay) ve C grubu (Şanlıurfa), E grubu (Mardin), F grubu (Adıyaman) olmak üzere morfolojik renk bakımından üç gruba ayrılmıştır.

Bu çalışmada *Leiurus abdullahbayrami* türünden elde edilen DNA dizi analizleri neticesinde, A grubu ile B grubu alignment edildiğinde %98'lik bir benzerlik, A grubu ile C grubu alignment edildiğinde %98'lik bir benzerlik, A grubu ile D grubu alignment edildiğinde %99'luk bir benzerlik, A grubu ile E grubu alignment edildiğinde %96'lık bir benzerlik, A grubu ile F grubu alignment edildiğinde %98'lik bir benzerlik elde edilmiştir. B grubu ile C grubu alignment edildiğinde %97'lik bir benzerlik, B grubu ile

D grubu alignment edildiğinde %97'lik bir benzerlik, B grubu ile E grubu alignment edildiğinde %94'lük bir benzerlik, B grubu ile F grubu alignment edildiğinde %96'luk bir benzerlik elde edilmiştir. C grubu ile D grubu alignment edildiğinde %100'lük bir benzerlik, C grubu ile E grubu alignment edildiğinde %96'luk bir benzerlik, C grubu ile F grubu alignment edildiğinde %99'luk bir benzerlik elde edilmiştir. D grubu ile E grubu alignment edildiğinde %96'luk bir benzerlik, D grubu ile F grubu alignment edildiğinde %99'luk bir benzerlik elde edilmiştir. E grubu ile F grubu alignment edildiğinde %94'lük bir benzerlik elde edilmiştir. Çalışılan örneklerin referans tür olan *Leiurus quinquestriatus* iale alignment edildiğinde A grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %87 benzerlik, B grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %86 benzerlik, C grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %88 benzerlik, D grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %88 benzerlik, E grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %87 benzerlik, F grubu ile *L. quinquestriatus* arasında %94 benzerlik elde edilmiştir. Daha sonra yapılan filogenetik ağaçarlada bu veriler paralellik göstererek ortaya konulmuş oldu. Gruplar arasında var olan bu farklılıklar DNA diziliminde bazı bazlarda meydana gelebilecek bir mutasyondan kaynaklanmış olabilir. Bu sonucu doğrulamak ve bu farklılıkların alttür düzeyinde olup olmadığına daha sonraki çalışmalarda yapılabilecek farklı gen bölgelerinin çalışması ışı tutacaktır.

Bu araştırmada, aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir;

- a. İlk defa *Leiurus abduallahbayrami*'ye ait 16S rRNA dizilim verisi (Çizelge 5.1) bu çalışma ile elde edilmiştir.
- b. Son zamanlarda *Leiurus abduallahbayrami* üzerine yapılan morfolojik çalışmalar bu araştırmanın sonuçlarıyla da desteklenmiştir.
- c. Sekanslar GenBank veri sistemine kaydedilmiştir. Genbank tarafından çalışılan 15 örneğin herbiri için ayrı ayrı 16S rRNA verileri numaralandırılarak kabul edilmiştir. Bu numaralar çizelge 5.1'de belirtilmiştir.
- d. *L. abduallahbayrami*'nin *L. quinquestriatus* türünden morfolojik farklılıklarının yanında genetik açıdan (16S rRNA) da farklı olduğu ortaya konulmuştur.
- e. Örnekler sert bir kitin tabakasına sahip olduğundan DNA izolasyonunda zorluklar yaşanmıştır. Bu zorluğun aşılmasında sıvı azot ve zirkonium bilyeler kullanılması etkili bir çözüm oluşturmaktadır.
- h. Bu çalışmada uygulanan 16S rRNA sonuçlarını karşılaştırmak ve desteklemek amacıyla yine mtDNA'da farklı gen bölgeleri çalışmaları yapılabilir.

1. *Leiurus abduhbayrami* türünün ülkemizde var olan türler arasında mtDNA'nın 16S rRNA gen bölgesine göre *Mesobuthus eupeus*'a filogenetik yönden yakın olduğu ortaya konmuştur.

Çizelge 5.1 Örneklerin sekansları

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNL UK (BÇ)
A1	KU318423	CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTT TAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGT CAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTT ATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATT TCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTCTT AAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCCCCAGTGG AATATTTTTTAAAATAATCTAAAAAATTAAAAA TATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAA GAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAGTAAA ATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCTTCC GGTTTACTCTT	333
A2	KU318424	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAAGT TTCTAAGTGAATAAAGCTGTTATCCCTAAAGT AACTTATTTCTTTTTTAGAATTTCTAGGTATTT TAACAAGTATGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCT TTTTTCTCACCGCCCCAGTGGAATATTTTTAA AATAATCTAAAAAATTAAAAATATAAAGTTTT ATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTA GCCTTCTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTT TAATTCAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTT TCATACCAGTCCTCAA	306
A3	KU318425	AAAGGAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAA ACTCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAAT AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGCC CCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAATT AAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCT AAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAAAAAG TAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAAAATTCT TCCGGTTTACTCTT	310

Çizelge 5.1 (devam) Örneklerin sekansları

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNL UK (BÇ)
A4	KU318426	AAGCTTTTGCACAATAAAGGAAGTTTAATT CAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAA TTAGAACTTTCTAAGTGAATAAAGCTGTTAT CCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTAGAATT TCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTATTTTC TTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCGCCCCA GTGGAATATTTTTAAAATAATCTAAAAAAT TAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTG TCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTACTAA AAAGTAAAATTCATTTTTTTAATTCAAAAAA AATTCTTCCGGTTTACTCTTT	328
A5	KU318427	TTTAAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCAC TTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAA GCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT TTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGT TTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCAC CGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTA AAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGT CTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTC TACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT CAAAAAAAATTCTTCCGGTT	297
B1	KU318428	ACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGG AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTCAATTAGAACTTTCTCTGTGAATAA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT TTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTT TATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCACCG CCCCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTAAA AAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCT TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTA CTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATCCAA AAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCATACC	345
B2	KU318429	CCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATT TTAATTCAAACATCGAGGTCATAAACTCAC TTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATAAA GCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTT TTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGT TTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTTTCTCAC CGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATAATCTA AAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGT CTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTC TACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT CAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTCAT ACC	341

Çizelge 5.1 (devam) Örneklerin sekansları

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNL UK (BÇ)
C1	KU318430	TCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAATTTT AATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTG TCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAGCT GTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTTA GAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTTA TTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCGC CCCAGTGGAATATTTTTAAAATATTCTAAAA AATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTC TTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTTAC TAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCAAA AAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATACCA GTCCTC	345
C2	KU318431	ACCTCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGG AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATG TTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCAC CGCCCCAGTGGAATATTTTTAAAATATTCTA AAAAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGT CTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTC TTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATT CAAAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCAT ACC	344
C3	KU318432	TCCTCTTAAAGCTTTTGCACAATAAAGGAAT TTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCACT TGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAAAG CTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTTTTT AGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATGTTT ATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCACCG CCCCAGTGGAATATTTTTAAAATATTCTAAA AAATTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGTCT TCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTCTT ACTAAAAAGTAAAATTCATTTTCTTAATTCA AAAAAATTCTTCTGGTTTACTCTTTCATAC C	340

Çizelge 5.1 (devam) Örneklerin sekansları

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNL UK (BÇ)
C4	KU318433	TCCTTTTAAAGCTTTTGCACAAAATAAAGG AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGCGAATTA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACG TTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTCCCTC ACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATATTC TAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTTATAGG GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT TCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAA TTTAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTCTTTC ATACC	344
D1	KU318434	AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAATAA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATG TTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTCAC CGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAATCTA AAAAATTTAAAAATATAAAGTTTTATAGGGT CTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCTTC TTACTAAAAAGTAAAATTCATTTTTTTAATT CAAAAAAAAT	289
D2	KU318435	GACCTCCTTTTAAAGCTTTTGCACAATAAAG GAATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAAC TCACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGTGAAT AAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCT TTTTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTA TGTTTATTTTCTTAAGAAAAGCTTTTTTCTC ACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATAAT CTAAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTTATAG GGTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCC TTCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTA ATTCAAAAAAAAATCTTCCGGTT	331
E1	KU318436	CCTTTTAAAGCTTTTGGCACAAAATAAAGG AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTCAATTAGAAGCTTTCTAAGCGAATTA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTAAACAAGTACG TTTATTTTCTTAAGAAAAGCTCTATTTCCCTC ACCGCCCCAGTGGAATATTTTTTAAAATATTC TAAAAATTTAAAAATATAAAGTTTTATAGG GTCTTCTTGTCTAAAAGAAGCATTTTAGCCT TCTTACTAAAAAGTAAAATTTATTTTCTTAA TTTAAAAAAAATTCTTCCGGTTTACTC	335

Çizelge 5.1 (devam) Örneklerin sekansları

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNL UK (BÇ)
F1	KU318437	CCTCCTCTTAAAGGCTTTTACACAATAAAGG AATTTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTC ACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATAA AGCTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTTT TTTAGAATTTCTAGGTATTTTAACAAGTATG TTTATTTTCTTTAGAAAAGCTTTTTTCTCAC CGCCCCAGTGGAATATTTTAAAATATTCTA AAAAA	223

KAYNAKLAR

- Adıgüzel, İ., 2013. *Leirus abdullahbayrami* akrep zehrinin sıçanlarda lethal doz (LD50) seviyesinin belirlenmesi. **Gaziantep Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü, Yüksek Lisans Tezi**. Gaziantep, 45 s.
- Al-Atiyat, R.M., Aljumaah, R.S., 2014. Genetic distances and phylogenetic trees of different Awassi sheep populations based on DNA sequencing. **Genetics and Molecular Research**, 13 (3): 6557-6568
- Altınışik, M., 2008. Nükleotidler ve nükleik asitler. Anonim [www.mustafaaltinisik.org.uk/891-12.pdf] Erişim Tarihi, 2008.
- Atalay, I., 1997. Türkiye, Toros dağlarının bazı karstik bölgelerde Kırmızı Akdeniz toprakları. **Catena**, Cilt: 28(3-4): sayfa 247-260.
- Avise, J.C., 2004. Molecular Markers, **Natural History and Evolution**, 2nd Edition. Sinauer, MA. 684 s, Sunderland.
- Azghadia, S., Mirshamsiab, O., Navidpourc, S., Aliabadian, M., 2014. Scorpions of the genus *Odontobuthus* Vachon, 1950 (Scorpiones: Buthidae) from Iran: Phylogenetic relationships inferred from mitochondrial DNA sequence data. **Zoology in the Middle East**, 60 (2): 169-179
- Bardakçı, F., Karataş, M., 2005. Moleküler Belirteçler ve Sistematikte Kullanım Alanları. **Nobel Yayınları** No: 1170, Bölüm (15); 425-434. Ankara.
- Birula, A.A., 1917. Arthrogastic Arachnids of Caucasia, I: Scorpions, Ann. Caucasian Museum, Tiflis, A 5, 253 pp. [in Russian], English translated by J. Salkind, Edited by E. Rabinovitz. **Israel Program for Scientific Translation**, 1206 Jerusalem, 1964, v+170.
- Birula, A.A., 1917. Fauna of Russia and Adjacent Countries: Arachnoidea, Vol. I, Scorpions, No. 1, in: Petrograd, xx+224 pp. [in Russian], English translated by B. Munitz, Edited by E. Rabinovitz. **Israel Program for Scientific Translation**, Jerusalem, 1965, xix+154.
- Clary, D.O., Wolstenholme, D.R., 1985. The ribosomal RNA genes of *Drosophila* mitochondrial DNA. **Nucleic Acids Research**, 13 (11): 4029-4045
- Crucitti, P., 1999. The scorpions of Anatolia: Bio-geographical patterns, **Biogeology**, 20; 81-94.
- Crucitti, P. (2000). Scorpioni e escorpionismo nella provincia di Adıyaman (Turchia sudorientale) (Scorpiones). **Biology Italy**, (6): 17-20.
- Demirsoy, A., 1998. Yaşamın Temel Kuralı, Omurgasızlar, Cilt II, Kısım I, 2.Baskı, Ankara. 734-739.
- Demirsoy, A., Durmuş, Y., Akbulut, A., 2001. **Türkiye scorpiones (akrep) faunasının sistematik ve biyolojik yönden incelenmesi**. Çevre Bakanlığı Çevre Koruma Genel Müdürlüğü Hayvanları Koruma Dairesi Başkanlığı. Ankara. Proje No: 1998 K 1001 40. 118.
- Ergüden, D., 2007. Türkiye denizlerindeki tirsilerin (*Alosa* Spp.) moleküler sistematigi. **Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi Su Ürünleri Anabilim Dalı**, 2007. 94, Adana.

- Fet, V. 1985., Notes on some *Euscorpius* (Scorpiones: Chactidae) from Greece and Turkey, **Rivista Museo Bergamo**, (9): 3-11.
- Fet, V., M. Barker B., Gantenbein, B., 1999. Species-level variation of the mitochondrial 16S rRNA gene sequence: use in molecular systematics and biogeography. **Proceedings of the West Virginia Academy of Science**, 71 (1): 15.
- Fet, V., Sissom, W.D., Lowe, G., Braunwalder, M.E., 2000. Catalog of the scorpions of the world (1758–1998). **The New York Entomology Society**, 690. New York.
- Fet, V., Soleglad, M.E., 2002. Morphology analysis supports presence of more than one species in the “*Euscorpius carpathicus*” complex (Scorpiones: Euscorpiidae). **Euscorpius**, (3): 1–51
- Fet V., Gantenbein B., Gromov A.V., Lowe G., Lourenço W. R., 2003. The First Molecular Phylogeny of Buthidae (Scorpiones) **Euscorpius**, (4): 1–12.
- Fet, V., Karataş, AY., Fet, E.V., Karataş, A., 2003. First data on the molecular phylogeny of *Euscorpius* (Scorpiones: Euscorpiidae) from Turkey. **Zoology Zhurnal** (Moscow), 82 (12): 1518-1521 [in Russian; English summary; English translation published in: *Entomol Rev.*, 2003, 83 (Suppl. 2): 249-252].
- Fet, V., Gantenbein, B., Karatas, Ay., Karatas, Ah., 2005. An extremely low genetic divergence across the range of *Euscorpius italicus* (Scorpiones, Euscorpiidae). **The Journal of Arachnology**, (34): 248–253.
- Gantenbein B., Fet V., Largiadèr C.R., Scholl, A., 1999. First DNA phylogeny of the genus *Euscorpius* Thorell 1876 (Scorpiones, Euscorpiidae) and its bearing on the taxonomy and biogeography of this genus. **Biogeographica**, 75(3): 59–72.
- Gantenbein, B., Kropf, C., Largiadèr, C. R., Scholl, A. 2000. Molecular and morphological evidence for the presence of a new Buthid taxon (Scorpiones: Buthidae) on the island of Cyprus. **Revue suisse de Zoologie**, 107(1): 213-232.
- Gantenbein, B., Fet, V., Barker, M.D., 2001. Mitochondrial DNA markers reveal a deep, divergent phylogeny in *Centruroides exilicauda* (Wood) (Scorpiones: Buthidae). **In memoriam Gary Allan Polis**, 235–244. Virginia.
- Gantenbein, B., Largiadèr, C.R., 2002. *Mesobuthus gibbosus* (Scorpiones: Buthidae) on the island of Rhodes - hybridization between Ulysses’ stowaways and native scorpions. **Molecular Ecology**, (11): 925–938.
- Gantenbein, B., Fet, V., Gromov, A.V., 2003. The first DNA phylogeny of four species of *Mesobuthus* (Scorpiones, Buthidae) from Eurasia, **Journal of Arachnology**, (31): 412-420.
- Gantenbein, B., Keightley, D.P., 2004. Rates of molecular evolution in nuclear genes of east Mediterranean scorpions. **International Journal of Organic Evolution**, (58): 2486-2497.
- Gantenbein, B., Fet, V., Gantenbein-Ritter, I. A., Balloux, F., 2005. Evidence for recombination in scorpion mitochondrial DNA (Scorpiones: Buthidae). **Proceedings of the Royal Society Biological Sciences**, 272(1564): 697–704.
- Giribet, G., Gregory, D., Edgecombe, W., Wheeler, W.C., 2001. Arthropod phylogeny based on eight molecular loci and morphology. **Nature**, 413(13): 157-161.
- Graeme L., Yağmur, E.A., Kovařík, F., 2014. A Review of the Genus *Leiurus* Ehrenberg, 1828 (Scorpiones: Buthidae) with Description of Four New Species from the Arabian Peninsula. **Euscorpius**, (191) 1-131.

- Hadorn, E., Wehner, R., 1974. **Allgemeine zoologie**. Georg Thime Verlag. 533. Stuttgart.
- Harrison, R.G., 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **Trends Ecology& Evolution**, (4): 6-11.
- Huber, D., Gantenbein, B., Fet, V., Scherabon, B., 2001. Euscorpius carpathicus (L.) from Austria (Scorpiones: Euscorpiidae): phylogenetic position clarified by mitochondrial DNA analysis. **In memoriam Gary Allan Polis**, (273):
- Karataş, A., 2001. Doğu Akdeniz akrep (Scorpiones) faunası, **Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi. 93.**
- Kence, A., 2006. Türkiye balarılarında genetik çeşitlilik ve korunmasının önemi. **Uludağ Arıcılık Dergisi**, Şubat, 25-32.
- Khalil, N., Yağmur, E.A., 2010. "Leiurus abdullahbayrami (Scorpiones: Buthidae), a new species for the scorpion fauna of Syria." **Serket**, 12(1): 1-6.
- Kinzelbach, R., 1975. Die skorpione der ägäis: Beiträge zur systematik, phylogenie und biogeographie, -the Aegean scorpions, **Zoologische Jahrbuecher Systematik**, (102): 12-50.
- Kocataş, A., 2003. Ekoloji ve Çevre Biyolojisi. **Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi yayınları**, No: 51, Bornova, İzmir, 597.
- Kocher, T.D., Thomas, W.K., Meyer, A., Edwards, S.V., Paabo, S., Villablanca, F.X., Wilson, A.C., 1989. Dynamics of Mitochondrial DNA Evolution in Animals: Amplification and Sequencing with Conserved Primers. **Proceedings of the national academy of science of the United states of america**, (86):6196-6200
- Koç H., 2004. Manisa İli ve Civarının Akrep (Scorpiones) Faunasının Araştırılması, **Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi**, İzmir, 68 s.
- Koç, H. ve Yağmur, E.A., 2007. Dilek Yarımadası Milli Parkı (Söke-Kuşadası, Aydın) Akrep Faunası, **Ekoloji Dergisi**, (65): 52-59.
- Kovařík, F., Fet, V., Soleglad, M.E., Yağmur, E.A., 2010. "Etudes on iurids, III. Revision of the genus Iurus Thorell, 1876 (Scorpiones: Iuridae), with a description of two new species from Turkey." **Euscorpius**, (95): 1-212.
- Kovařík, F., Yağmur, E.A., Fet, V., Navidpour, S., 2011. "On two subspecies of Mesobuthus eupeus (C. L. Koch, 1839) in Turkey (Scorpiones: Buthidae)." **Euscorpius**, (109): 1-15.
- Kumar, S., Tamura, K., Nei, M., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, 30(12): 2725-2729.
- Kühn, A., 1964. **Grundriss der allgemeinen zoologie**. Georg Thieme Verlag. 15-309. Stuttgart.
- Levy, G., Amitai, P., 1980. Scorpiones, In: Fauna Palaestina, **Arachnida Israel Academy Science Human**, 130. Jerusalem.
- Linnaeus, C. Von., 1758. **Systema naturae**. per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis, Tomus I, Editio decima, reformata, L. Salvii, Holmiae, 824. Stockholm.
- Logan, I., 2005. The medical implications of complete mitochondrial DNA sequencing. [<http://www.jogg.info/12/Logan.htm>]. **Erişim Tarihi:2008.**

- Lourenço, W.R., 2003. Compléments a la faune de scorpions (Arachnida) de l’afrique du nord, avec des considérations sur le genre Buthus Leach, 1815. **Revue Suisse de Zoologie**, 110(4); 875–912.
- Marr, J.C., 1957. The problem of defining and recognising subpopulations of fishes. **U.S. Fish Wild Service Specific Science**, (208): 1-6.
- Mcpherson, M.J., Møller, S.G., 2001. PCR: The basics from background to bench. **BIOS Scientific Publishers Limited**, 276. Oxford.
- Mirshamsiab, O., Saria, A., Elahiac, E., Hosseinied, S., 2010. Phylogenetic relationships of Mesobuthus eupeus (C.L. Koch, 1839) inferred from COI sequences (Scorpiones: Buthidae). **Journal of Natural History**, (44): 47-48.
- Olgun, G., 2007. Türkiye’de yayılıs gösteren kayalık faresi, Apodemus mystacinus (Danford and Alston, 1877) (Mammalia: Rodentia) populasyonlarının RAPD-PCR analizi. **Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi**, Biyoloji Anabilim Dalı.65s, Ankara.
- Özdil, F., 2007. Mitokondriyel DNA PCR-RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk polimorfizmi markerleri kullanılarak türkiye’nin farklı yörelerine ait bal arılarının tanımlanması. **Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı**, Doktora Tezi. 141. Ankara.
- Özkan, Ö., Karaer, Z., 2003. Türkiye akrepleri. **Türk Hijyen Deneysel Biyoloji Dergisi**, 60(2); 55 – 62.
- Özkan, Ö., Karaer, Z., 2004. Body structures of scorpions. **Acta Parasitology Turcica**. (28): 54–58.
- Özkan, Ö., Yaman, N., 2004. Akrepler. **Ankara Bölgesi Veteriner Hekimler Odası Bülteni**, Kasım, 15-18. Ankara.
- Özkan, Ö., Karaer, Z., 2007. Akreplerin biyolojisi. . **Türk Hijyen Deneysel Biyoloji Dergisi**, 64(1): 51-60.
- Özkan, Ö., 2009. *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807; Scorpiones: Buthidae)’nın genotiplendirilmesi ve filogenetik konumu **Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Parazitoloji Anabilim Dalı**, Doktora Tezi. 258. Ankara.
- Parmakelis, A., P. Kotsakiozi, G. Tropea, E.A. Yağmur, I. Stathi, V. Fet & M. E. Soleglad. 2013. DNA markers confirm presence of Euscorpis avcii Tropea et al., 2012 (Scorpiones: Euscorpiidae) on Samos Island, Greece. **Euscorpis**, (161): 1–6.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B., Erlich, H.A., 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science**, (239): 487-491.
- Saiki, R.K., Scharf, S., Faloona, F. Mullis, K.B. Horn, G.T., Erlich, H.A., Arnheim, N., 1985. Enzymatic amplification of l-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, (230): 1350-1354.
- Sambrook, J., Fritschi, E.F., Maniatis, T., 1989. Molecular cloning: **A laboratory manual**, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sanger, F., Nicklen, S., Coulson, A.R., 1977. DNA sequencing with chainterminating inhibitors. **Proceedings of the national academy of science of the United states of america**, 74(12): 5463-5467.

- Schenkel, E., 1947. Einige Mitteilungen über Spinnentiere. **Revue Suisse de Zoologie**, 54(1): 13-16.
- Shi, C. M., Ji, Y. J., Liu, L., Wang, L., Zhang D. X., 2013. Impact of climate changes from Middle Miocene onwards on evolutionary diversification in Eurasia: Insights from the mesobuthid scorpions. **Molecular Ecology**, 22(6): 1700–1716
- Simon, C., F. Frati, A. Beckenbach, B., Crespi, H., Flook, P., 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. **Entomology Society of America**, (87): 651–701.
- Soleglad, M.E., Fet, V., 2003a. High-level systematics and phylogeny of the extant scorpions (Scorpiones: Orthosterni). **Euscorpius**, (11): 1–175.
- Soleglad, M.E., Fet V., 2003b. The scorpion sternum: structure and phylogeny (Scorpiones: Orthosterni). **Euscorpius**, (5): 1–34.
- Stahlavsky, F., Koç, H., Yağmur, E.A., 2014. “The first record of karyotype in *Leiurus abdullahbayrami* and *Compsobuthus matthiesseni* (Scorpiones: Buthidae) from Turkey” **North – Western Journal of Zoology**, 10 (2): 355-358
- Stathi, I., 1998. **Distribution of Scorpions in the Central and Eastern Mediterranean Region and Preliminary Results on the Ecology of the Scorpions of Crete. MSc. Thesis**, University of Crete, Department of Biology, Irakleio. [in Greek with English summary].
- Talal, S., Tesler, I., Sivan, J., Shlomo, R.B., Tahir, H.M., Prendini, L., Snir, S., Gefen, E., 2015. Scorpion speciation in the Holy Land: Multilocus phylogeography corroborates diagnostic differences in morphology and burrowing behavior among *Scorpio* subspecies and justifies recognition as phylogenetic, ecological and biological species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, (91): 226-237
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., Kumar, S., 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. **Molecular Biology Evolution**, (24): 1596-1599.
- Taylor, R. Ve ark., 2005. Mitochondrial dna mutations in human disease. **Nature reviews genetics**, (6): 390.
- Tatiana, A.T., Thomas L.M., 1999. "Blast 2 sequences - a new tool for comparing protein and nucleotide sequences". **FEMS Microbiol Lett**, (174): 247-250
- Togan, İ., Soysal, İ., Berkmen, C.C., Koban, E., 2005. Irkların korunmasında moleküler işaretler. **Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi**, 2(1): 43-49.
- TUBİTAK., 2008. **TUBİTAK Bilim ve Teknik Dergisi**. Erişim: [http://www.biltek.tubitak.gov.tr/merak_etikleriniz/index.php?kategori_id=7&soru_id=3956]. Erişim tarihi: 2008.
- Tulga, T., 1960. Türkiyede varlığı ilk defa tespit edilen bir akrep türü (*Buthus quinquestriatus*) ile *Prionurus crassicauda* ya karşı hazırladığımız akrep serumları arasında çapraz proteksiyon deneyleri. **Türk Hijyen ve Deneyisel Biyoloji Dergisi**, 20 (1): 191-203.

- Tulga, T., 1964. Türkiye akrepleri ve Türkiye’de hazırlanmış anti-Androctonus crassicauda akrep serumunun paraspesifik etkisi. **Türk Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi**, 29(2): 146–155.
- Turan, C., 2000. Stok ve tür tespitinde kullanılan moleküller, IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 151-152. Erzurum.
- Turan, C., 2002. Genetik. **Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı**, Yayın No: (2); Hatay, 169.
- Vachon, M., 1949. Etudes sur les Scorpions. III (suite). Description des Scorpions du Nord de l’Afrique, **Archives de l’Institut Pasteur d’Algerie**, 27 (1): 66-100.
- Vanfleteren, J., 2004. Homepage: **Working on ageing of Caenorhabditis elegans and phylogeny of nematodes**. Erişim: [<http://users.ugent.be/~avierstr/index.html>]. Erişim Tarihi 2007.
- Varol, İ., Yağmur, E.A., Özaslan, M. ve Yalçın, M., 2006. A scorpion Compsobuthus schmiedeknechti (Scorpions: Buthidae) New to the Turkish fauna. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, 9 (8): 1559-1562.
- Vierstraete A., 1999 <http://users.ugent.be/~avierstr/principles/pcr.html> Erişim Tarihi 2015.
- Wilson, A.C., Cann, R.L., Carr, S.M., George, M., Gyllenstein, U.B., Helmychowski, K.M., Higuchi, R.G., Palumbi, S.R., Prager, E.M., Sage, R.D., Stoneking, M. (1985). Mitochondrial-DNA and two perspectives on evolutionary genetics. **Biology Journal of Linnaeus Society**, (26): 375-400.
- Yağmur, E.A., 2005. Gaziantep Akrepleri (Ordo: Scorpiones) ve Zoocoğrafik Dağılımları. **Gaziantep Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi**. Gaziantep, 136 s.
- Yağmur, E.A., Koç, H., Kesmezoğlu S., Yalçın M., 2007. “Scorpions of Kilis Province, Turkey (Arachnida: Scorpiones).” **Serket**, 10 (3): 91-105.
- Yağmur, E.A., Yalçın, M., Çalışır, G., 2008. “Distribution of Androctonus crassicauda (Olivier, 1807) and Buthacus macrocentrus (Ehrenberg, 1828) (Scorpiones: Buthidae) in Turkey.” **Serket**, 11(1): 13-18.
- Yağmur, E.A., Koç, H., Kunt, K.B., 2009. “Description of a New Species of Leiurus Ehrenberg, 1828 (Scorpiones: Buthidae) from Southeastern Turkey.” **Euscorpius**, (85): 1-20.
- Yağmur, E.A., 2010. First Orthochirus Karsch, 1892 (Scorpiones, Buthidae) Record From Turkey, **Anatolian Journal of Natural Sciences**, 1 (1): 15-19.
- Yağmur, E.A., 2011. Güneydoğu Anadolu akrep (arachnida: scorpiones) faunası: sistematiği ve zoocoğrafyası. **Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi**. İzmir, 249 s.
- Yağmur, E. A., F. Kovařík, V. Fet, M. E. Soleglad & F. Yeşilyurt. 2015. Etudes on iurids, IX. Further analysis of a rare species Protoiurus kadleci (Scorpiones: Iuridae) from Turkey, based on adult males. **Euscorpius**, (201). 1–18
- Yağmur, E. A., M. E. Soleglad, V. Fet & F. Kovařík., 2015. Etudes on iurids, VIII. A new Protoiurus species from the Hidirellez Cave in Antalya, Turkey (Scorpiones: Iuridae). **Euscorpius**, (200). 1–25

ÖZGEÇMİŞ

Yazar, 1978 yılında Hatay'ın İskenderun ilçesinde'de doğdu. İlkokul, Ortaokul ve Lise eğitimini İskenderun'da tamamladı. Selçuk Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü'nü 1996 yılında kazandı. Üniversiteden 2001 yılında mezun oldu. Aynı yıl Niğde Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde Yüksek Lisans'a başladı. 2004 yılında Yüksek Lisans Derecesi alarak mezun oldu. 2009 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Anabilim Dalında doktora başladı. M.E.B.' na bağlı özel bir eğitim kurumunda halen görevine devam etmektedir. Evli ve iki çocuk babasıdır.

