

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

**VAN İLİ BAZI BAL ARISI (*Apis mellifera* L.) POPULASYONLARININ
FİLOGENETİK YAPILARININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE BELİRLENMESİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**Feyza ALEV ÇETİN
(143107005)**

Zootekni Anabilim Dalı

**Tez Danışmanı: Yrd. Doç. Dr. Nazire MİKAIL
Ortak Danışman: Yrd. Doç. Dr. Hasan KOYUN**

**Ocak-2017
SİİRT**

TEZ KABUL VE ONAYI

Feyza ALEV ÇETİN tarafından hazırlanan “Van ili bazı bal arısı (*Apis mellifera* L.) populasyonlarının filogenetik yapılarının moleküler tekniklerle belirlenmesi” adlı tez çalışması 20/12/2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oybirliği ile Siirt Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı’nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

İmza

Başkan

Yrd. Doç. Dr. Cengiz ERKAN

Danışman

Yrd. Doç. Dr. Nazire MİKAIL

Üye

Yrd. Doç. Dr. Mustafa USTA



Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Doç. Dr. Koray ÖZRENK
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

Bu tez çalışması Siirt Üniversitesi tarafından 2016 SİÜFEB-14 nolu proje ile desteklenmiştir.

TEZ BİLDİRİMİ

Tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu tezin yazılmasında bilimsel ahlak kurallarına uyulduğunu, başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunulduğunu, tezin içeriği yenilik ve sonuçların başka bir yerden alınmadığını, kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapılmadığını, tezin herhangi bir kısmının bu üniversite veya başka bir üniversitedeki başka bir tez çalışması olarak sunulmadığını beyan ederim.

Feyza ALEV ÇETİN

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.

ÖN SÖZ

Van ilinde bazı bal arısı (*Apis mellifera* L.) populasyonlarının filogenetik yapılarının moleküler tekniklerle belirlenmesi adlı bu çalışma, Siirt Üniversitesi ve Yüzüncü Yıl Üniversitesi ortak programı ile Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi olarak hazırlanmıştır.

Yüksek Lisans Tez danışmanlığımı üstlenerek, gerek konu seçimi gerekse çalışmaların yürütülmesi ve değerlendirilmesi sırasında ilgi ve yardımlarını esirgemeyen hocalarım Yrd. Doç. Dr. Nazire MİKAİL ve Yrd. Doç. Dr. Hasan KOYUN hocama, tezin değerlendirilmesi ve geliştirilmesinde yardımcı olan değerli jüri üyeleri hocalarıma, laboratuvar çalışmalarım sırasında göstermiş oldukları ilgiden ötürü Yrd. Doç. Dr. Cengiz ERKAN, Yrd. Doç. Dr. Mustafa USTA ve Prof. Dr. Galip BAKIR'a teşekkür ederim. Mesai arkadaşlarım Arş. Gör. Aynur BİLMEZ ÖZÇINAR'a, Arş. Gör. Serdar ALTINTAŞ'a, Arş. Gör. Murat ŞAHİN'e desteklerinden ötürü teşekkür ederim.

Tez çalışmam sırasında desteklerini esirgemeyen aileme ve sevgili eşim Bilal ÇETİN'e minnet ve şükranlarımı sunarım.

Ayrıca tez çalışmamız Siirt Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri tarafından 2016 SİÜFEB-14 proje numarası ile desteklenmiştir.

Feyza ALEV ÇETİN
SİİRT-2017

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖN SÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	v
TABLolar LİSTESİ	vii
ŞEKİLLER LİSTESİ	ix
KISALTMALAR VE SİMGELER LİSTESİ.....	xi
ÖZET	xiii
ABSTRACT.....	xv
1. GİRİŞ	1
1.1. Bal Arısı (<i>Apis mellifera</i> L.) Biyolojisi	2
1.1.1. Sistematikteki yeri	2
1.1.2. Bal arılarında (<i>A. mellifera</i> L.) cinsiyet	3
1.1.3. Yaşam dönemleri	3
1.1.4. Arıların türlerinin sınıflandırılması.....	4
1.1.5. <i>Apis mellifera</i> alt türlerinin sınıflandırılması.....	5
1.1.6. Türkiye’deki bal arılarının yayılış alanları	7
1.1.7. Türkiye’de gezgin arıcılık.....	8
1.2. Bal Arılarının Mitokondriyal DNA (mtDNA) Molekülü	9
1.2.1. Mitokondri organeli	9
1.2.2. Mitokondriyal DNA molekülü.....	10
1.3. Filogeni ve Moleküler Filogenetik Analiz	13
1.4. Çalışmanın Amacı.....	14
2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI	15
2.1. Dünya Çapında Bal Arıları ile İlgili Yapılan Filogeni ve Varyasyon Çalışmaları	15
2.2. Türkiye’de Bal Arıları ile İlgili Yapılan Filogeni ve Varyasyon Çalışmaları	19
3. MATERYAL VE METOT	29
3.1. Materyalin Toplanması	29
3.2. Moleküler Analizler	31
3.2.1. DNA izolasyonu	31
3.2.2. PCR reaksiyonu	33
3.2.3. DNA dizi analizi	35
3.2.4. Filogenetik analiz.....	35
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	37
4.1. Moleküler Analiz Bulguları	37
4.1.1. Genomik DNA izolasyonu.....	37

4.1.2. PCR çalışması	37
4.2. Dizileme Analizi	39
4.3. Filogenetik Analiz Bulguları	40
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	51
5.1. Sonuçlar	51
5.2. Öneriler	52
6. KAYNAKLAR	53
EKLER	59
ÖZGEÇMİŞ	83

TABLolar LİSTESİ

	<u>Sayfa</u>
Tablo 3.1. İşletmeler ile ilgili bilgiler	29
Tablo 3.2. PCR işleminde kullanılan primerler	33
Tablo 3.3. PCR reaksiyonu	34
Tablo 3.4. PCR şartları.....	35
Tablo 4.1. Örneklerin COI lokusunun NCBI veri bankasındaki sıralarla karşılaştırılması.....	40
Tablo 4.2. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar42	
Tablo 4.3. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar44	
Tablo 4.4. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar47	

ŞEKİLLER LİSTESİ

Sayfa

Şekil 1.1. (a) MÖ. 3000’lerde yapılan arıcılık faaliyetlerini gösteren taş ve kil oymalar (Url-1) (b) Klasik ve Helenistik döneme ait Efes Sikkesi (Url-2)	1
Şekil 1.2. Arılarda kuluçka dönemi gün sayıları	3
Şekil 1.3. Morfolojik çalışmalara göre ayrılan bal arısı türleri (Gupta ve ark. 2014; Han ve ark., 2012).....	4
Şekil 1.4. Batı bal arısı ırkları arasında yapılan neighbor joining ağacı (Wallberg ve ark., 2014)	6
Şekil 1.5. Dünya üzerinde bazı <i>A. mellifera</i> ırklarının dağılımı (URL-4).....	6
Şekil 1.6. Türkiye’de bal arısı ırklarının dağılımı (Tozkar ve ark., 2015)	7
Şekil 1.7. Mitokondrinin yapısı (Url-5).....	8
Şekil 1.8. <i>A. mellifera</i> ’nın mtDNA dairesel genomunun haritası (Crozier ve Crozier, 1993).	11
Şekil 2.1. Sekans analizi (sırasıyla neighbor joining ve parsimony metodu) ile elde edilen <i>A. mellifera</i> mtDNA’ya göre filogenetik ağaçlar (Garnery ve ark., 1992)	15
Şekil 2.2. Neighbor joining metodu ile çizilen filogenetik ağaç (Arias ve Sheppard, 1996)	16
Şekil 2.3. Kanarya Adaları, İber Yarımadası ve Afrika populasyonları ile bal arısı filogenetik analizi (Rúa ve ark., 2001)	17
Şekil 2.4. C mtDNA soyuna bağlı altı bal arısı haplotipinin neighbor joining metoduna göre filogenisi (Kozmus ve ark., 2007).....	18
Şekil 2.5. Türkiye, İran, Suriye, Doğu ve Batı Kıbrıs populasyonları arasında yapılan neighbor joining ağacı (Kandemir ve ark., 2006b)	20
Şekil 2.6. Kandemir ve ark. (2006b) çalışmalarında iki örnekten elde ettikleri ND2 sekanslarının neighbor joining Dendrogramı	21
Şekil 2.7. Genetik uzaklığı gösteren UPGMA ağacı (Tunca ve Kence, 2011)	25
Şekil 2.8. Özdil ve İlhan (2012b) kullandıkları Türkiye bal arıları arasındaki ilişkileri gösteren COI dizisinin neighbor joining dendrogramı	26
Şekil 2.9. GenBankta ulaşılabilen ve çalışmada elde edilen (JF825878-JF825888) <i>A. mellifera</i> haplotiplerinin 16s rRNA sekanslarının filogenetik ilişkileri (Özdil ve İlhan, 2012c).....	27
Şekil 2.10. 5 farklı bölgeden alınan arılara ait neighbor joining ağacı.....	27
Şekil 3.1. Arı örneklerinin DNA izolasyonu için alkolün uzaklaştırılması.....	33
Şekil 3.2. Analizde kullanılan PCR cihazı	34
Şekil 4.1. Genomik DNA izolasyonu	37
Şekil 4.2. COI gen bölgesi elektroforez jel görüntüsü (M: Marker, 100-1500bp DNA ladder).....	38
Şekil 4.3. 16s rRNA gen bölgesi elektroforez jel görüntüsü (M: Marker, 100-1500 bp DNA ladder).....	38
Şekil 4.4. ND2 gen bölgesi elektroforez jel görüntüsü (M: Marker, 100-1500 bp DNA ladder).....	39
Şekil 4.5. DNA Dynamo Programında dizilerin görüntülenmesi.....	39
Şekil 4.6. Örneklerin 16s rRNA lokuslarına ait dizilerinin genetik uzaklıkları	41

Şekil 4.7. Elde edilen örnek dizilerin 16s rRNA lokusları ile elde edilen UPGMA ağacı	42
Şekil 4.8. Elde edilen örnek dizilerin 16s rRNA lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı.....	43
Şekil 4.9. Örnek dizilerin COI lokuslarının genetik uzaklıkları.....	44
Şekil 4.10. Elde edilen örnek dizilerin COI lokusları ile elde edilen UPGMA ağacı	44
Şekil 4.11. Elde edilen örnek dizilerin COI lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı	45
Şekil 4.12. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokusları ile elde edilen neighbor joining ağacı.....	46
Şekil 4.13. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı	48
Şekil 4.14. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacının halkasal gösterimi	49

KISALTMALAR VE SİMGELER LİSTESİ

<u>Kısaltma</u>	<u>Açıklama</u>
MÖ	: Milattan Önce
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
COI	: Sitokrom C Oksidaz I
COI-COII	: Sitokrom C Oksidaz I ve II Arası İntergenik Bölge
16s rRNA	: 16s Ribozomal RNA
ND2	: NADH Dehidrogenaz Sub-Unite 2
EtOH	: Ethanol
F	: Forward
R	: Reverse
TBE	: Tris, Borik asit, EDTA
NCBI	: National Center for Biotechnology Information
MEGA	: Molecular Evolutionary Genetics Analysis
NC	: Negatif Control
BIC	: Bayesian Information Criteria
bç	: Baz Çifti
RPM	: Revolutions Per Minute
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
<u>Simge</u>	<u>Açıklama</u>
µl	: Mikrolitre
nm	: Nanometre

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

VAN İLİ BAZI BAL ARISI (*Apis mellifera* L.) POPULASYONLARININ FİLOGENETİK YAPILARININ MOLEKÜLER TEKNİKLERLE BELİRLENMESİ

Feyza ALEV ÇETİN

Siirt Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı

Danışman : Yrd. Doç. Dr. Nazire MİKAİL

Ortak Danışman: Yrd. Doç. Dr. Hasan KOYUN

2016, 83 Sayfa

Van ili Bahçesaray ve Çatak ilçelerinden uzman görüşü alınarak toplanan bal arısı örnekleri ile yürütülen bu çalışma kapsamında mtDNA, COI, 16s rRNA, ND2 lokusları veri bankalarındaki diziler ile karşılaştırılarak filogenetik yapıları belirlenmeye çalışılmıştır. Bu kapsamda toplanan örnekler 6'sı yerli arıcılık yapan, 6'sı gezgin arıcılık yapan işletmeden alınmıştır.

Toplanan örnekler laboratuvara uygun koşullarda getirilip, genomik DNA izolasyonu ve PCR analizi yapıldıktan sonra dizi analizine gönderilmiştir. Gelen diziler DNA Dynamo Programında birleştirilmiş olup MEGA 7 Programında filogenetik analizleri yapılmıştır. Analizler sonucunda Van ilinde yetiştirilen hem gezgin hem yerli arı ırklarının aynı olduğu sonucuna varılmıştır. mtDNA'nın COI lokusu ve 16s rRNA lokusu için 12 işletmenin her birinden (COI için No: 1, 5, 13, 18, 25, 26, 32, 33, 42, 44, 45, 55 / 16s rRNA için No: 5, 8, 13, 18, 25, 26, 32, 33, 44, 45, 52, 55) alınan örneklerden DNA izolasyonu yapılmıştır. PCR ürünlerinin dizi analizi ile elde edilen filogenetik ağaçta her iki lokus için de örneklerin benzer ırklardan olduğu sonucuna varılmıştır. Veri bankasından elde edilen COI ve 16s rRNA lokusları için mevcut olan *Apis mellifera meda* dizileriyle yapılan karşılaştırmada, çalışılan arıların bu dizilerle farklı dallanmalar oluşturduğu ve bir kısmının benzerlik göstermediği belirlenmiştir. ND2 lokusu için de durum benzerlik göstermiş olup ırklar *Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera ligustica* olarak yoğunlaşmıştır.

Anahtar Kelimeler: Bal arısı (*Apis mellifera*), COI, filogenetik, mtDNA, ND2, 16s rRNA.

ABSTRACT

MS THESIS

DETERMINATION OF PHYLOGENETIC STRUCTURES OF SOME HONEY BEE (*Apis mellifera* L.) POPULATIONS IN VAN PROVINCE BY MOLECULAR TECHNIQS

Feyza ALEV ÇETİN

The Graduate School of Natural and Applied Science of Siirt University

Animal Science Department

Supervisor : Asst. Prof. Dr. Nazire MİKAIL

Co-Supervisor : Asst. Prof. Dr. Hasan KOYUN

2016, 83 Pages

Within the scope of this study honey bee specimens that collected from Van province Bahçesaray and Çatak districts have been studied to determine the phylogenetic structures, comparing MtDNA, COI, 16s rRNA, and ND2 loci with the samples in gene data banks. The collected samples were taken from the 6 domestic beekeepers and 6 migrating beekeepers.

The collected samples were brought to the Molecular Genetics laboratory under suitable conditions. DNA isolation was performed from samples taken from each of 12 operators for COI and 16s rRNA of mtDNA. After genomic DNA isolation and PCR analysis, PCR yields were sent to sequence analysis. The outcoming sequences were combined using gene analysis software, DNA Dynamo Program and phylogenetic analysis was performed using MEGA 7 Program. As a result of the analyzes, it was concluded that both immigrant and indigenous bee races grown in Van province were the same. The phylogenetic tree obtained by sequence analysis of the PCR products concluded that the samples were the similar for both loci. In comparison with the existing *Apis mellifera meda* sequences for COI and 16s rRNA loci obtained from the data bank, these sequence with bees in this study were determined to form different branches and did not display similarity parts of them. The situation was similar for the ND2 locus, races are concentrated as *Apis mellifera anatoliaca*, *Apis mellifera ligustica*.

Keywords: Honeybee (*Apis mellifera*), COI, phylogenetic, mtDNA, ND2, 16s rRNA.

1. GİRİŞ

Eski çağlardan beri bal arısı, dünya üzerinde gerek ürünleri gerekse yaşamı ile insanoğlunun dikkatini çekebilmiş bir organizma olmuştur (Şekil 1.1). Bal arılarının meydana getirdiği ürünlerin faydasından çok daha fazlasını kültür bitkilerini tozlayarak meydana getirmesi bal arılarının önemini daha da arttırmaktadır. Ayrıca arıcılık düşük yatırım ve iş gücü ile yüksek gelir olanakları sunan bir sektör olarak ülke ekonomisine katkı sağlamaktadır.



Şekil 1.1. (a) MÖ. 3000'lerde yapılan arıcılık faaliyetlerini gösteren taş ve kil oymalar (Url-1) (b) Klasik ve Helenistik döneme ait Efes Sikkesi (Url-2)

Arı ürünlerinin tedavi amaçlı kullanımı apiterapi ismini almaktadır. Bal arılarının esas ürünü bal olmakla beraber, ürettiği arı zehiri, arı sütü, propolis ve polen de destekleyici tıp olarak apiterapi adı ile dünyanın birçok yerinde kullanılmaktadır.

Türkiye coğrafi konumu ve yer şekilleri göz önüne alındığında farklı iklim kuşaklarına ve bu etkenlere bağlı çok geniş çeşit ve dağılışa sahip bitki örtüsüne sahip bir ülkedir. Bu nedenle geniş flora sahaları, yıl boyunca çiçeklenme için uygun mevsimleri, topografik yapısı, narenciye ve badem gibi yaygın meyve türleri, ayçiçeği ve pamuk gibi endüstriyel bitkileri, yüksek yaylaları, çayır-meraları, yem bitkileri ve bakliyat sahaları, kestane, akasya, ihlamur, iğde, okaliptüs, orman gülü gibi çok değişik türde ağaç ve muhtelif makilikleri ve çam ormanları sebebiyle arıcılık için gerekli olan doğal kaynaklar yönünden son derece zengin bir ülkedir (URL-3). Varlığı ve üretimi ile tamamiyle floraya bağlı olan arıcılık, toplanmadığında kaybolup giden nektarı değerli ve sağlıklı ürünlere çevirmesi nedeniyle önemli bir gelir kaynağı halindedir. Ayrıca toprağa bağımlı olmaması, yatırım işletme maliyetlerinin düşük olması, diğer tarım kollarına kıyasla az iş gücü kullanması, ürünlerinin saklanabilmesi ve değer fiyatla satılabilmesi gibi nedenlerle tarım toplumlarında, kırsal nüfusa istihdam, gelir ve sağlıklı beslenme olanağı sağlamak için önemli bir kaynaktır (Fıratlı ve Gençler, 1995).

Arıcılık Orta-Doğu'da ortaya çıkmış olup M.Ö. 1300 yıllarında hüküm sürmüş Hititlere ait Boğazköy'deki taş yazıtlarda arılardan bahsediliyor olması o dönemlerde Anadolu'da arıcılığın bilindiği hususunda fikir vermektedir (URL-3).

Anadolu'nun Asya, Avrupa ve Afrika kıtaları arasında kalan bir bölge olması, çeşitli iklim kuşaklarına ve bitki örtüsüne sahip olması ve coğrafi olarak bölgeler arası farklılığa sahip olması ile birçok hayvan türünün evriminde rol oynadığı bilinmektedir. Bal arıları geçirdikleri evrim sırasında yerel iklim koşullarına ve floraya uyum sağlamışlardır (Kence, 2006). Yine Kence'ye (2006) göre, Anadolu çeşitli ırk ve ekotipleri barındırmasına karşın henüz bu ırk ve ekotipler üzerinde tam bir bilimsel çalışma yapılmamıştır. Buna ek olarak ülkemizde yoğun olarak yapılan gezgin arıcılığın Türkiye'deki bal arısı gen havuzunu giderek tek türlü hale getirdiği düşüncesi ileri sürülmektedir. Gezgin arıcılık bir koloniden daha fazla ürün alabilmek ve bitkilerde tozlaşmayı sağlamak için bir yerden başka bir yere kovanların taşınması anlamına gelmektedir. Gezgin arıcılığın arı ırklarının karışmasına ne ölçüde katkıda bulunduğu, Anadolu arı popülasyonları arasında ne ölçüde farklılaşma olduğu araştırmaya açık bir konudur.

1.1. Bal Arısı (*Apis mellifera* L.) Biyolojisi

1.1.1. Sistematikteki yeri

Yeryüzünde bulunan yaklaşık iki milyon böcek türü dikkate alındığında, bunları daha iyi ayırt edebilmek için canlıların belli bir kurala göre adlandırılması ve sınıflandırılması gerekliliği ortaya çıkmaktadır. Sınıflandırma; canlıları ortak özelliklerine ve akrabalıklarına bakılarak yapılan bir adlandırmadır. Bal arıları (*Apis mellifera*) 'insecta' sınıfında yer alan 'Apis' cinsine ait bireylerdir.

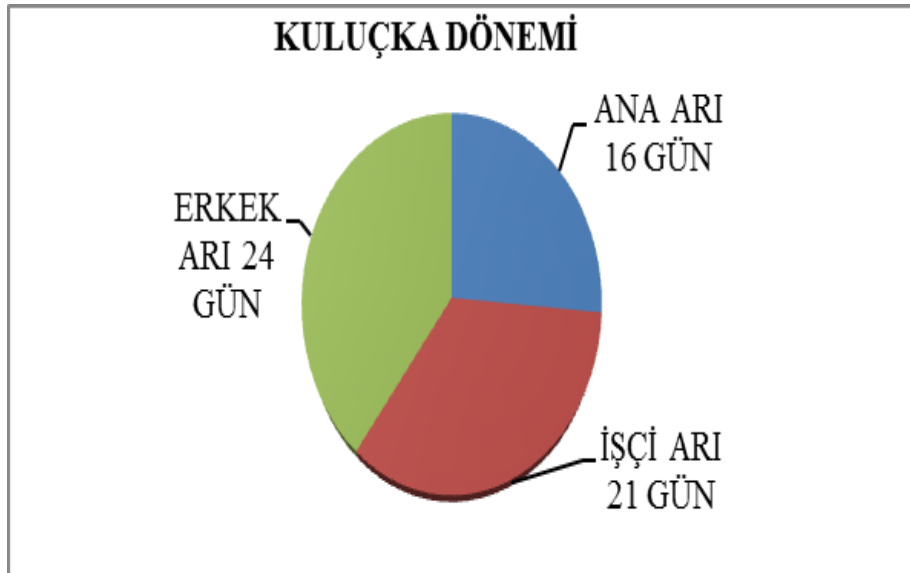
- Alem: Animalia
- Şube: Arthropoda
- Sınıf: Insecta
- Takım: Hymenoptera
- Aile: Apidae
- Cins: Apis
- Tür: *A. mellifera* (Linnaeus, 1758)

1.1.2. Bal arılarında (*A. mellifera* L.) cinsiyet

Bal arılarında bir kolonide ana arı, işçi arı ve erkek arı olmak üzere farklı yapıda üç birey bulunmaktadır. Ana arı ve erkek arı çiftleşmesi ile döllenmiş yumurtadan meydana gelen bireyler dişidir ve ana arı ya da işçi arıyı oluşturur. Erkek arılar ise döllenmemiş yumurtanın gelişimi ile meydana gelir ve genetik olarak ana arının özelliklerini taşırlar. Erkek arılarda görülen, döllenmemiş bir dişi gametin gelişip yeni bir birey meydana getirmesi olayına parteogenez adı verilir. Ana ve işçi arılar dişi oldukları halde farklılaşma, larva dönemindeki beslenme farklılığından meydana gelmektedir.

1.1.3. Yaşam dönemleri

Bal arılarının yaşam döngüsü 4 evreden oluşur. Bu evreler; yumurta, larva (kurtçuk), pupa ve ergin dönemleridir. Yumurta dönemi bütün bireylerde 3 gündür. Larva dönemi ana arıda 6 gün, işçi arıda 6-7 gün ve erkek arıda 8 gündür. Pupa dönemi ise ana arıda 7 gün, işçi arıda 11-12 gün ve erkek arıda 13 gündür (Doğaroğlu ve Doğaroğlu, 2015). Bu üç dönemin adı kuluçka dönemi olarak adlandırılmaktadır (Şekil 1.2).



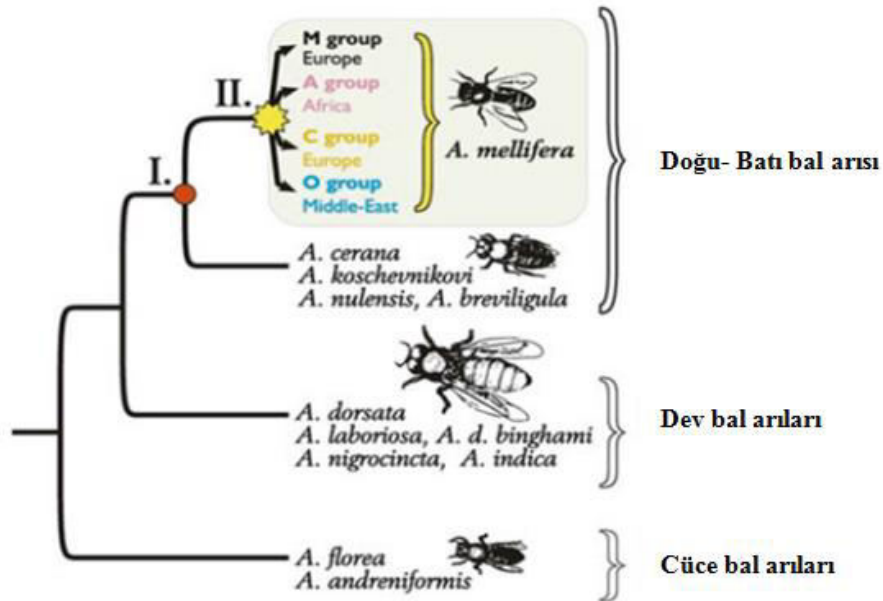
Şekil 1.2. Arılarda kuluçka dönemi gün sayıları

1.1.4. Arıların türlerinin sınıflandırılması

Bal arıları morfolojilerine göre dünyadaki tüm bal arıları 4 tür olarak incelenir (Şekil 1.3). Bal arısı türleri;

- 1) Batı bal arısı (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758),
- 2) Doğu bal arısı (*Apis cerana* Fabricius, 1793),
- 3) Dev arı (*Apis dorsata* Fabricius, 1793),
- 4) Cüce arı (*Apis florea* Fabricius, 1787) olarak sınıflandırılmıştır (Doğaroğlu ve Doğaroğlu, 2015).

Morfolojik özellikler kullanılarak yapılan istatistik analizler (temel bileşenler analizi) sonucunda bal arısı ırklarının A (Africa), M (Mellifera) ve C (Carnica) olmak üzere üç ana genetik soy içerisinde sınıflandırılabilirliği belirtilmiştir (Ruttner ve ark., 1978). Ayrıca Garnery ve ark. (1992) yaptıkları çalışmada, *BcII5-BcII6* fragmentlerinin uzunluğunun kolonilerde 3 grup gösterdiğini açıklamış ve Q, P₀(Q)_n ve P(Q)_n intergenik dizilerinin C, A ve M soylarına özgü olduğunu ortaya koymuşlardır. Kauhausen Keller ve ark. (1997) yılında yaptıkları bir çalışmada temel bileşenler analizi sonucuna göre, A soyu Afrika örneklerini, C soyu Güney Doğu Avrupa ve Akdeniz merkezi örneklerini, M soyu Batı Akdeniz ve Kuzey Afrikadan örnekleri ve O soyu Kafkas ve Yakın Doğu örneklerini temsil etmektedir (Şekil 1.3).



Şekil 1.3. Morfolojik çalışmalara göre ayrılan bal arısı türleri (Gupta ve ark. 2014; Han ve ark., 2012)

1.1.5. *Apis mellifera* alt türlerinin sınıflandırılması

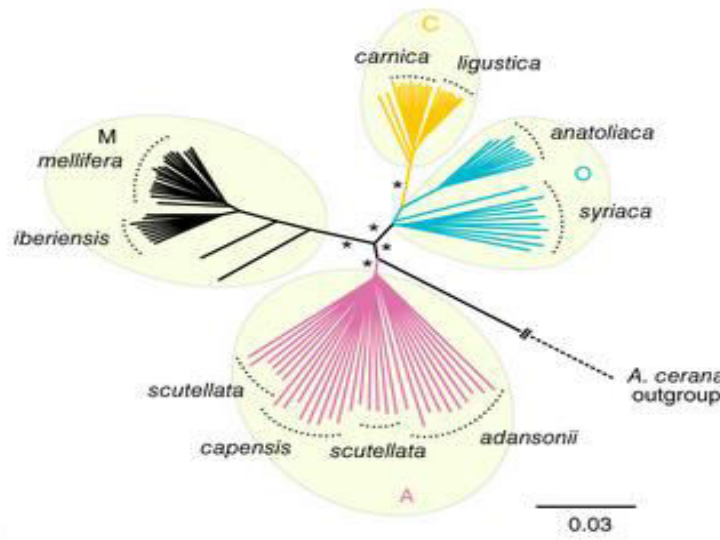
A. mellifera ırkları A (Afrika), C (Güney Doğu Avrupa ve Akdeniz), M (Batı Akdeniz), O (Kafkas ve Yakın doğu) soylarına göre dünya çapında değerlendirildiğinde (Şekil1.5);

- A soyuna ait ırklar: *A. mellifera scutellata* (Lepeletier, 1835)
A. mellifera unicolor (Latreille, 1804)
A. mellifera lamarckii (Cockerell, 1906)
A. mellifera litorea (Smith, 1961)
A. mellifera adansonii (Latreille, 1804)
A. mellifera monticola (Smith, 1961)
A. mellifera capensis (Escholtz, 1821)
A. mellifera yemenitica (Ruttner, 1975)
- C soyuna ait türler: *A. mellifera ligustica*, (Spinola,1806)
A. mellifera carnica (Pollmann, 1879)
A. mellifera cecropia (Kiesnweiter, 1860)
A. mellifera macedonica (Ruttner, 1987)
A. mellifera sicula (Montagano, 1911)
- M soyuna ait türler: *A. mellifera mellifera* (Linnaeus, 1758)
A. mellifera iberica (Goetze, 1964)
A. mellifera intermissa (Buttel-Reepen, 1906)
A. mellifera sahariensis (Baldensperger, 1924)
A. mellifera major (Ruttner, 1976)
- O soyuna ait türler: *A. mellifera armeniaca* (Skorikov, 1929)
A. mellifera meda (Skorikov, 1929)
A. mellifera cypria (Pollmann, 1879)
A. mellifera adami (Ruttner, 1975)
A. mellifera anatoliaca (Maa, 1953)
A. mellifera syriaca (Buttel-Reepen, 1907)

Franck ve ark. (2001) tarafından yapılan moleküler çalışmada, Etiyopya'dan alınan örnekler ayrı bir beşinci soy (Y soyu) olarak değerlendirilmiştir. Aynı moleküler

çalışma sonucunda *A. mellifera yemenitica* ‘Y’ soyu, *A. mellifera lamarckii* ‘O’ soyunda değerlendirilmiştir.

Sheppard ve Meixner (2003) tarafından yapılan çalışmada, morfolojik analizler sonucunda *A. mellifera pomonella* hem C soyu ve hem O soyunda değerlendirilmesine karşın, mtDNA sekans analizine göre C soyu içinde yer aldığı bildirilmiştir. Ayrıca Sheppard ve ark. (1997), *A. mellifera ruttneri*’yi Malta’dan yeni bir ırk olarak bildirmişlerdir.



Şekil 1.4. Batı bal arısı ırkları arasında yapılan neighbor joining ağacı (Wallberg ve ark., 2014)



Şekil 1.5. Dünya üzerinde bazı *A. mellifera* ırklarının dağılımı (URL-4)

1.1.6. Türkiye’deki bal arılarının yayılış alanları

Kandemir ve ark.’na (2000) göre, Türkiye’de Anadolu, Ege, Akdeniz ve Doğu Karadeniz’in bir kısmında *A. m. anatolica*, Güney Doğu Anadolu’da *A. m. meda*, Kuzey Doğu Anadolu’da *A. m. caucasica*, Trakya bölgesinde *A. m. carnica* ve yine Güney Doğu Anadolu Bölgesi’nde *A. m. syriaca* yayılış göstermektedir. Ayrıca Kıbrıs’ta *A. m. cypria* da Türkiye bal arıları arasında yer almaktadır.



Şekil 1.6. Türkiye’de bal arısı ırklarının dağılımı (Tozkar ve ark., 2015)

1.1.7. Türkiye’de gezgin arıcılık

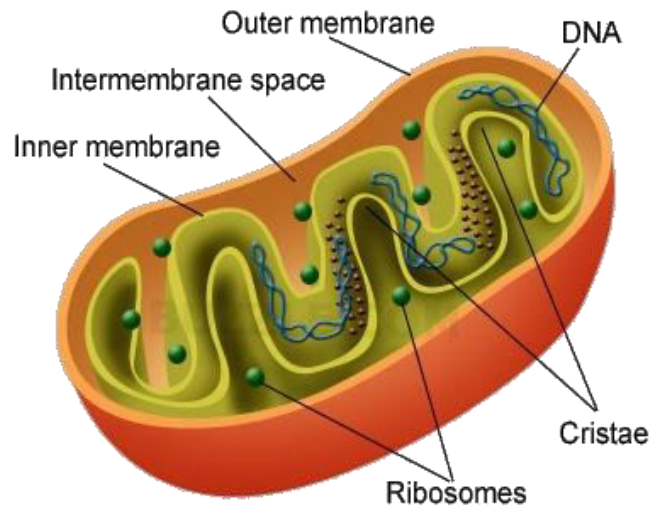
Gezgin arıcılık yapan işletmelerde koloni sayısı 100-300 arasında değişebilmektedir. Daha fazla kolonilerle arıcılık yapan işletmeler de olmasına karşın sayısı pek fazla değildir. Gezgin arıcıların büyük bir kısmı tüm gelirlerini arıcılıktan elde etmektedir ve ayrıca koloni başına verimi 10-50 kg arasında değişmekle birlikte ortalama 24 kg kadardır. Genellikle gezgin arıcılar süzme bal üretimi yapmakta ve ürettikleri balın büyük bir kısmını kooperatifler kanalı ile veya toptan olarak satmaktadırlar (Silici, 2011).

Gezgin arıcalar kolonilerini genellikle ılıman bölgelerde (Ege ve Akdeniz Bölgeleri'nde) kışlatmakta, buralardaki narenciye bitkilerinden yararlanarak kolonilerini güçlendirmekte ve Mayıs ayından itibaren çiçek örtüsünü takip ederek kolonilerini İç Anadolu veya Güney-Doğu Anadolu bölgelerine taşımaktadırlar. Bu bölgelerdeki çiçeklerden yararlanarak bal hasadı yapan arıcalar kolonilerini yüksek yaylalara veya Doğu Anadolu Bölgesi'ne taşımakta ve bir hasat da burada yapmaktadır. Gezgin arıcılık yapan bazı işletmeler bal üretiminden başka ana arı, oğul ve diğer arı ürünleri üretimi de yapmakta olup bu üretim yeterli miktarda değildir (Silici, 2011).

Erkan ve Aşkın'ın (2001) yaptıkları bir anket çalışmasında, Van ilinde gezgin arıcılık faaliyeti yapan yetiştiricilerin Kafkas, İran ve Muğla ırkı arıları kullandıkları belirlenmiştir. Bu arıların içinden % 66'sı Kafkas arısını kullanmakta ve arıların ifadesi doğrultusunda bölgede varlığı söz konusu olan İran arısının kullanımını % 20 civarındadır. Uzun zaman diliminde gezgin arıcılığın bal arısı gen havuzunu homojen hale getirdiği düşünülmektedir. Van ilinde yapılan gezgin arıcılık faaliyetinde kullanılan farklı arı ırkları yerel gen havuzu için farklılaşma kaynağı olmaktadır. Bu farklılaşmanın hangi düzeyde olduğu veya olacağı araştırmaya açık bir konudur.

1.2. Bal Arılarının Mitokondriyal DNA (mtDNA) Molekülü

1.2.1. Mitokondri organeli



Şekil 1.7. Mitokondrinin yapısı (Url-5)

Mitokondriler çubuk, küre ve ipliksi şekilli, hücrenin sitoplazması içinde, memeli eritrositi, bakteri ve mavi-yeşil algler dışında tüm hücrelerde bulunan organeldir. Mitokondrilerin elektron mikroskopunda görüntüleri daha kompleks olup aralarında 6-8 nanometre (nm) mesafe bulunan iki zar ile çevrilmişlerdir. Dıştaki zar genellikle düzgün ve pürüzsüz bir yapıya sahiptir. İçteki zar ise iç kısma doğru katlanarak krista denilen çıkıntıları meydana getirir. Böylece bu tip katlanmalarla mitokondrinin solunum yüzeyi genişletilmiş olur. Mitokondri içerisinde mitokondriyal matriks denilen, çoğunlukla çözülebilir proteinlerden ve küçük moleküllerden oluşmuş bir madde vardır (Kadioğlu ve ark., 2005)

Mitokondriler % 65-70 oranında protein, % 25-30 oranında lipid, az miktarda da RNA ve DNA molekülleri ihtiva ederler. DNA ve ribozomlar iç zara tutunurlar. Ribozomal RNA dizileme teknolojisi kullanılarak, mitokondrilerin Bacteria'nın özgül soy hatlarının yüksek oranda türemiş ataları olduğu gösterilmiştir. Böylece mitokondriler bir zamanlar serbest yaşayan hücrelerken, çok uzun zaman önce korunma veya diğer nedenlerle Eukarya hücrelerinde kararlı bir yerleşim oluşturmuştur. Bu kararlı düzenlemenin geliştiği proses, endosimbiyoz olarak bilinir. Ayrıca bu kalıcı ortam hücreye korunmuş bir ortamda enerji değiş tokuşu ve hazır bir besin kaynağı sağlamıştır. Bu simbiyont, modern mitokondrinin öncüsü olmuştur. Prokaryotik hücreler ve ilkel eukaryotik hücreler arasında yaygın bir şekilde gerçekleşen bu olayda, kararlı olmayan ve zararlı birliktelikler yaşamını sürdüremezken yararlı birliktelikler devamlılık göstermiştir. Seleksiyon yararlı birlikteliklerin seçilmesine yardımcı olmuştur (Madigan ve Martinko, 2010).

Endosimbiyont hipotezini pek çok kanıt destekler. Örneğin; mitokondriler prokaryotik tipte ribozomlara sahiptirler ve bakterilere özgü 16S ribozomal RNA dizileri içerirler. Ayrıca mitokondrilerin ribozom fonksiyonu, serbest yaşayan bakterileri etkileyen aynı antibiyotikler (70S ribozomun işlevini etkileyen) tarafından inhibe olur. Mitokondriler aynı zamanda prokaryotlara özgü kapalı halkasal formda düzenlenmiş DNA içerirler. Her ne kadar işlevlerinin çoğu nükleer DNA tarafından kodlansa da, birkaç organel bileşiği mitokondrilerin içinde bulunan DNA tarafından kodlanır. Bunlara bazı ribozomal RNA'lar, transfer RNA'lar ve solunum zincirinin bazı proteinleri dahildir (Madigan ve Martinko, 2010).

Birçok hücre aktivitesi için gerekli enerjiyi sağlayan mitokondrilerin oksidasyon merkezlerine sahip oldukları bilinmektedir. Ayrıca mitokondriler DNA taşıdıklarından dolayı nukleusa bağımlı olmadan çoğalabilirler.

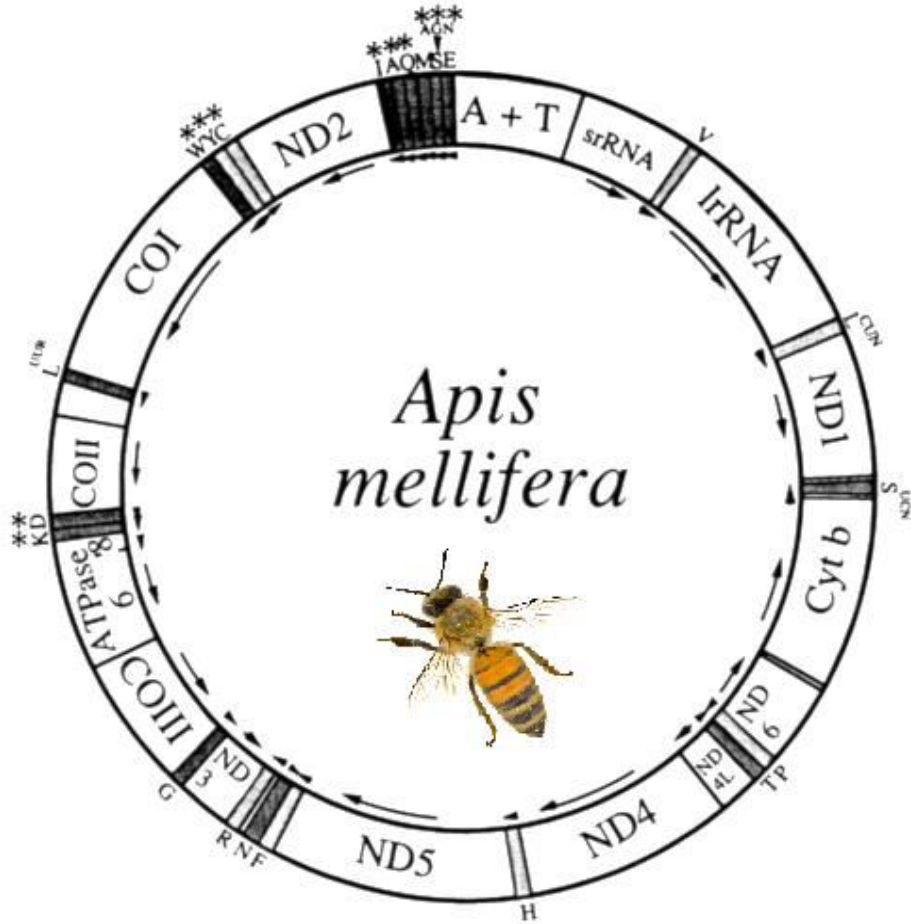
1.2.2. Mitokondriyal DNA molekülü

Hücrelerin enerji üreten mitokondrileri çift iplikli kapalı halkasal yapıda mitokondriyal DNA taşırlar. Bu DNA'lar yarı saklı replike olurlar. Mitokondri DNA'sı bireyler arasındaki ilişkileri anlamak için kullanılabilen polimorfizmleri içerir, bu nedenle mitokondri DNA'sı bir tek aile grubundakiler gibi çok yakın akraba bireyler arasındaki yakınlık çalışmaları için ender olarak kullanılmaktadır. Ayrıca mtDNA, babanın mtDNA'sı döllenme esnasında kaybolduğu ve oğul veya kızın DNA içeriğine katılmadığından, yalnızca dişi hattı boyunca kalıtılıyor olma özelliğine sahiptir (Brown, 2013). Bu nedenle mtDNA dizileri her nesilde ana ve babaya ait çekirdek genlerinin rekombinasyonunun olduğu mayotik crossing overin etkisinde kalmadığı için, anadan gelen özelliklerin izlerinin sürülmesinde kullanılabilir. Buna ilave olarak mtDNA küçüktür (16300-17000 bp) ve her hücrede 500-1000 adet bulunur. Bu nedenle, çekirdek DNA'sına nazaran daha kolay bir şekilde, bozulmadan izole edilebilir.

mtDNA'larda intronlar (çekirdek DNA'sına özgü, kodlamayan DNA dizileri) mitokondri genlerinde yoktur ve gen tekrarlarında nadiren bulunur. 13 mesajcı RNA (mRNA), 2 ribozomal RNA (rRNA) ve 22 transfer RNA (tRNA) ile sıkıca paketlenmiştir. Bu 37 gene ek olarak adenin ve timince (A+T) zengin bölge mtDNA replikasyon ve RNA transkripsiyon kontrol bölgesi olarak ortaya çıkar (Avisé ve ark., 1987). Ayrıca mtDNA mutasyonlara karşı özellikle duyarlıdır. Bu durumun iki olası nedeni vardır: İlki, mtDNA hasarının tamir edilme yeteneği çekirdek DNA'nınki ile aynı olmayabilir. İkinci olarak, hücre solunumu sonucunda oluşan yüksek mutajenik özellikteki serbest radikaller oldukça küçük alanda birikerek mtDNA'da mutasyon oranını arttırabilir (Klug ve ark., 2011). Ayrıca nükleer DNA'nın (nDNA) aksine farklı bireylerde ortaya çıkan mtDNA mutasyonları eşeyli üreme sırasında birleştirilmiş değildir. Bunun da sebebi mtDNA kalıtımının anneye bağlı olmasıdır (Avisé ve ark., 1987).

Aşağıdaki şekilde tRNA genleri ilgili olduğu amino asitlerin baş harfi ile ifade edilmiştir. Yıldızla işaretlenen tRNA genleri *D. yakuba*'da farklı pozisyonda

bulunmaktadır. COI, COII ve COIII sitokrom C oksidaz (Cytochrome C oxidase) 1, 2, 3'ün alt üniteleri olarak gösterilmiştir, sitokrom b (cytochrome b) proteinlerini ifade etmektedir. ND1-6 ve ND4L, NADH dehidrogenaz (NADH dehydrogenase) sisteminin 4L ve 1- 6 alt ünitelerini göstermektedir. A+T olarak gösterilen bölge replikasyon orijini içeren A+T bakımından zengin bölgeyi göstermektedir. Her kodlayan bölge için oklar transkripsiyon yönünü ifade etmiştir (Şekil 1.8) (Crozier ve Crozier, 1993).



Şekil 1.8. *A. mellifera*'nın mtDNA dairesel genomunun haritası(Crozier ve Crozier, 1993)

COI-COII intergenik bölge üzerinde yapılan yoğun çalışmalar sonucunda bu bölgenin farklı nükleotid kompozisyonuna sahip olan P ve Q bölgelerinden meydana geldiği belirlenmiştir. COI-COII intergenik bölgede tRNA^{Leu} lokusundan sonra sadece A+T bazlarından oluşan ve 54 ile 69 bp uzunluğunda P/Po bölgesi yer almaktadır. P bölgesinde farklı bal arısı ırklarına özgü olan çeşitli nükleotid eksilmeleri tespit edilmiş

ve bu nedenle P bölgesi için Po/P/P1/P2 vs. şeklinde gösterimler yapılmıştır. Diğer bütün genetik soylarda P bölgesinin belirtilen formları bulunurken, Doğu Avrupa ve Akdeniz genetik soyuna ait bal arılarında bu bölge tespit edilememiştir (Özdil ve Yıldız, 2008).

Bal arısı ırklarında P ve Q bölgelerinin farklı dizileri ile çeşitli farklılıkların tespit edileceği ve ayrıca bu farklılıklarla ırkların karşılaştırılabileceği bildirilmiştir (Garnery ve ark., 1992). Bal arılarının tamamında Q bölgesinin en azından bir set (kopya) halinde bulunduğu, buna karşılık P bölgesinin sadece C genetik soyuna ait bal arılarında bulunmadığı tespit edilmiştir. P₀ bölgesi A soyu ile P bölgesi M soyu ile P ve P₀ bölgesinin yokluğu ise C soyunu tanımlamaktadır (Garnery ve ark., 1993)

Q1 bölgesi: tRNA^{Leu} geninin devamındaki 48 bç'lik uzunluğa sahip bir bölgedir. Q1 bölgesi ile 3'-COI bölgesinin nükleotid içerikleri arasındaki benzerlikten dolayı Q1 bölgesinin 3'-COI bölgesinin çoğalması sonucu meydana geldiği ve evrim sürecinde de bu bölgeden farklılaşarak bugünkü nükleotid içeriğine sahip olduğu ileri sürülmektedir.

Q2 bölgesi: Q1 bölgesinin devamı olup 79 bç'lik uzunluğa sahip bir bölgedir. Q2 bölgesi ile tRNA^{Leu} molekülünün 3' ucu arasında büyük bir nükleotid benzerliği bulunmaktadır.

Q3 bölgesi: Q2 bölgesinin devamı olup 5'-COII geni arasında kalan 67 bç'lik uzunluğa sahip bir bölgedir. Q3 bölgesi Po bölgesi ile hemen hemen aynı nükleotid içeriğine sahip bulunmaktadır (Özdil ve Yıldız, 2008).

1.3. Filogeni ve Moleküler Filogenetik Analiz

Canlıların herhangi bir grubunun evrimsel öyküsüne filogeni denir (Demirsoy, 1989). Filogenetik analiz, evrimsel ilişkilerin tahmini ya da sonuç çıkarımıdır. Moleküler yöntemler kullanılarak DNA dizilerinin analizi sonucu evrimsel ilişkilerin ortaya konulması moleküler filogeni olarak tanımlanabilir. Biyolojik dizilerin filogenetik analizlerinin yaygın, kolaylıkla uygulanabilir ve yorumlanabilir metotlar olması filogenetik çalışmalara avantaj sağlamaktadır (Brinkman ve Leipe, 2001). Filogenetik analizde DNA ya da protein dizileri kullanılarak genom benzerlikleri bulunur. Bu dizilere ait bilginin özetlenmesi ve görsel olarak anlaşılabilmesi için filogenetik ağaçlar oluşturulur ve kullanılır.

Filogenetik veri analizi dizi kümesi oluşturma, dizilerin hizalanması, filogenetik ağaç çizimi ve ağacın yorumlanması basamaklarından oluşmaktadır. Dizi kümesi moleküler çalışmalardan sonra elde edilen DNA dizileridir. Materyal elde edildikten sonra çalışılacak DNA bölgelerinin polimeraz zincir reaksiyonu (PCR, Polymerase Chain Reaction) yöntemi ile çoğaltılıp, dizi analizlerinin yapılması moleküler çalışmaları oluşturmaktadır. Sonraki adım dizilerin hizalanmasıdır. Hizalama işlemi iki veya daha fazla dizinin örtüşen karakterlerini belirlemek amacıyla yapılan karşılaştırma işlemidir. Çeşitli bilgisayar programları ile bu işlem yapılmakta olup en yaygın kullanılanı Clustal W programıdır. Diziler hizalandıktan sonra ağaç çizimine geçilir. Filogenetik analizlerin yapıldığı kullanım kolaylığına ve sonuç çıkarımına göre çeşitli ağaç tipleri vardır. Ağaç çiziminde mesafe temelli yöntemler ve karakter temelli yöntemler olmak üzere iki çeşit yöntem kullanılır. Mesafe temelli yöntemlerde en sık kullanılan metotlar: aritmetik ortalamayı kullanarak ağırlıklı olmayan çift grup yöntemi UPGMA (unweighted pair group mean arithmetic) ve komşu birleştirme yöntemidir (neighbor joining). Karakter temelli yöntemlerde en sık kullanılan metotlar: maksimum parsimony yöntemi, maksimum olasılık (maximum likelihood) yöntemi, bayes metodudur (bayesian inference). Metot seçiminde diziler arasında güçlü benzerlikler mevcutsa ve örnek sayısı az ise (~20) parsimony metodu, eğer varyasyon az ve örnek sayısı fazla ise neighbor joining metodu, benzerlikler az ise maksimum olasılık metodu tercih edilmelidir. Ağaç çizildikten sonra oluşan dallanmaya ve dizilerin gruplanmasına göre ağaç evrimsel olarak değerlendirilir.

1.4. Çalışmanın Amacı

Van ilinde farklı bölgelerden toplanan bal arısı (*A. mellifera* L.) populasyonlarının filogenetik yapılarını moleküler tekniklerle belirleyerek mevcut bal arısı populasyonlarının gezgin arıcılıktan etkilenip etkilenmediği belirlenecek olup önemli bir bal arısı gen kaynağı olan ülkemizin gezgin arıcılıkta ilk sıralarda gelen Van ilindeki güncel populasyon potansiyeli belirlenecektir.

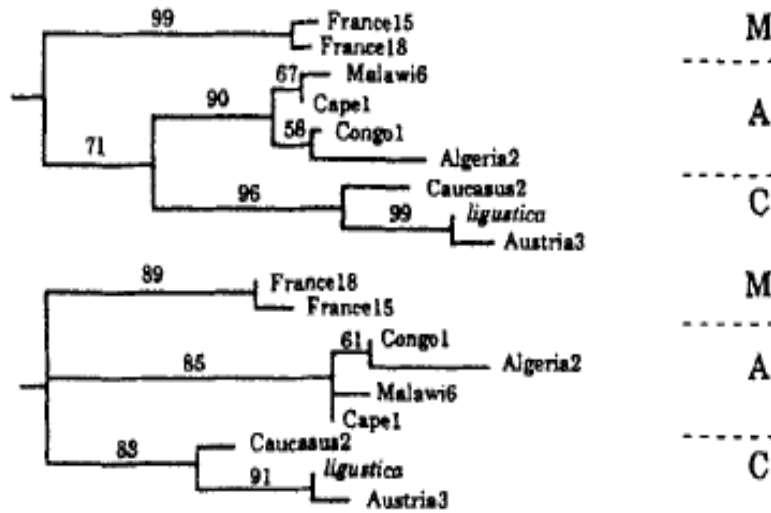
Bu çalışma ile bal arısı (*A. mellifera* L.) populasyonlarının filogenetik yapıları ve mtDNA soyları arasındaki filogenetik ilişkiler belirlenmiş olacaktır. Ayrıca bu çalışmanın Van yöresi bal arısı (*A. mellifera* L.) gen dizi bilgilerinin Gen Bankasında depolanması, bal arıları üzerinde yapılan filogenetik çalışmalara, arılarda yapılacak

ıslah alıřmalarına, biyoeřitlilik ve ulusal gen koruma alıřmalarına katkı saęlaması amalanmaktadır.

2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI

2.1. Dünya Çapında Bal Arıları ile İlgili Yapılan Filogeni ve Varyasyon Çalışmaları

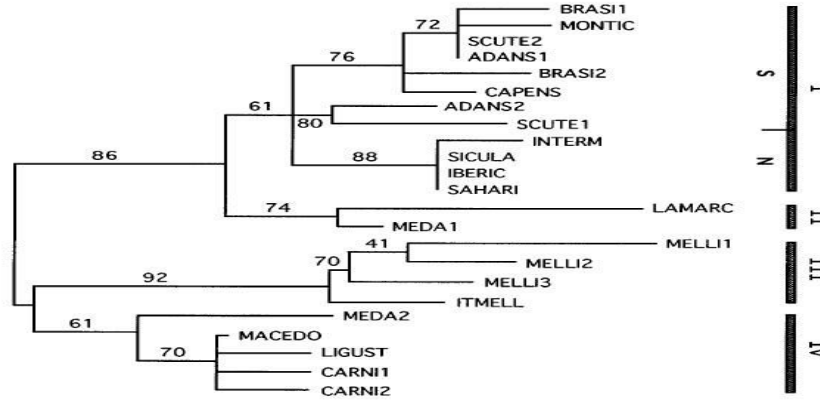
A. mellifera'nın evrimsel tarihini inceleyen Garnery ve ark. (1992) araştırmalarında mtDNA'da on farklı ırka ait 68 koloninin örneklerini restriksiyon ve sekans analizi ile belirlemeye çalışılmış ve filogenetik bağlantılarla 19 mtDNA tipi belirlenmiştir (Şekil 2.1). Afrika orjinli kolonilerden alınan örneklerin mtDNA çalışmaları sonucunda örneklerin A soyuna bağlı olduğu tespit edilmiş olup Fransa popülasyonlarından alınan örneklerde ise Batı Akdeniz bağlantısı yani M soyu görülmüştür. Kuzey Akdeniz ve Kafkas bağlantılı C soyuna ise, İtalya, Avusturya ve Kafkas'lardan elde edilen örneklerde rastlanmıştır. Çalışmada görülen en önemli farklılık Kuzey Afrika popülasyonlarının A soyu yerine M soyu içerisinde yer almasıdır. Ayrıca aynı cinse ait türlerin diğer coğrafik alanlara göre dağılım merkezinin Orta Doğu olduğu bildirilmiştir.



Şekil 2.1. Sekans analizi (sırasıyla neighbor joining ve parsimony metodu) ile elde edilen *A. mellifera* mtDNA'ya göre filogenetik ağaçlar (Garnery ve ark., 1992)

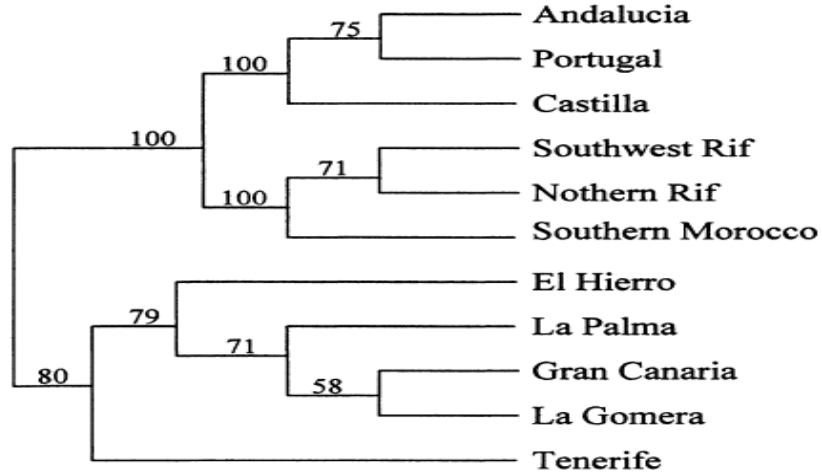
Garnery ve ark. (1993) çalışmalarında, *DraI* restriksiyon enzimini mtDNA'nın COI-COII bölgesine uygulayarak, 12 ırka sahip 302 koloninin örnekleri içinden 21 haplotip tespit etmişlerdir. C soyuna ait kolonilerin hepsi aynı bant modeli (C1) göstermiştir. A ve M soylarından farklı 10 haplotip elde edilmiştir.

Arias ve Sheppard (1996) yaptıkları araştırmada, NADH dehidrogenaz altbirim 2 ve izolösin transfer RNA genlerinin bir kısmını kapsayan mtDNA bölgesi PCR ile çoğaltılmış, klonlanmış ve morfometrik olarak belirlenen 14 ırk ve Yeni Dünya bal arısı dizileri sekanslanmıştır. 20 farklı haploit belirlenmiş ve filogenetik analizlerle 3 ya da 4 ırkın varlığı desteklenmiş olup bazı ırkların grup kompozisyonu ile ilgili farklılıklar kaydedilmiştir. tRNA ILE ve ND2 geninin bir kısmını kapsayan mtDNA'nın 688bç'lik kısmını saflaştırmak için PCR analizi kullanılmıştır. Filogenetik analizlerle çizilen neighbor-joining ağacında ilk grup Güney ve Kuzey Afrika bal arıları olarak kendi içinde iki gruba ayrılmıştır. *A. m. lamarckii* ve bazı *A. m. meda* ırkları ikinci gruba, *A. m. mellifera* ve Itmell örnekleri üçüncü gruba, bazı *A. m. meda* örnekleri, kuzey Akdeniz örnekleri (*A. m. macedonica*, *A. m. ligustica*, *A. m. carnica*) dördüncü gruba oluşturularak ağaç yapılanmıştır (Şekil 2.2.).



Şekil 2.2. Neighbor joining metodu ile çizilen filogenetik ağaç (Arias ve Sheppard, 1996)

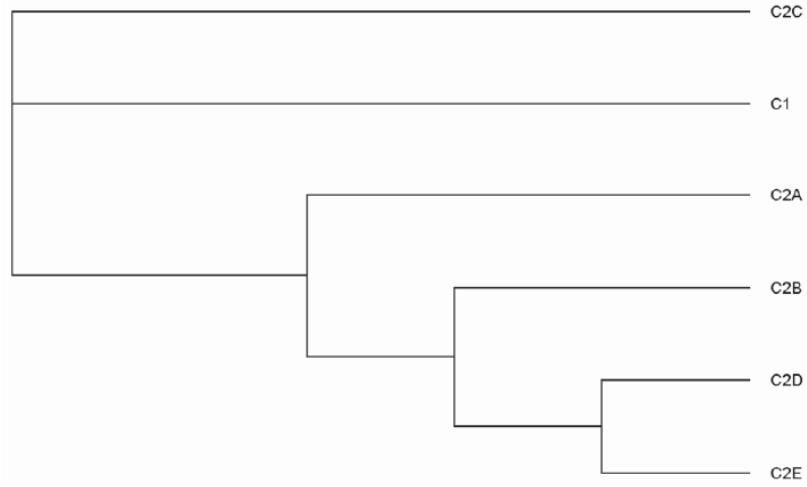
Kanarya Adalarından toplanan *A. mellifera* populasyonlarının genetik yapılarını belirlemek amacıyla Rúa ve ark. (2001) yaptıkları çalışmada, mitokondrial DNA'da intergenik tRNA^{Leu}-COII bölgesini RFLP (restriksiyon fragment uzunluk polimorfizmi) analizi ile değerlendirmeye çalışmışlardır. Kanarya Adalarında iki mitokondriyal haplotip karakteristik olarak bulunmuştur. Filogenetik analizler Kanarya Adaları bal arılarının Afrika orjinli olduğunu genetik olarak kanıtlarken diğer soylardan farklı olduğunu göstermişlerdir (Şekil 2.3).



Şekil 2.3. Kanarya Adaları, İber Yarımadası ve Afrika populasyonları ile bal arısı filogenetik analizi (Rúa ve ark., 2001)

İran'ın kuzey ve kuzey batısından beş ayrı yerden toplanan bal arısı örneklerinin morfolojik ölçümlerini ve mtDNA analizlerini yapan Farhoud ve Kence (2005), çalışmalarında *DraI* restriksiyon enzimini kullanmışlardır. Çalışma sonucunda 422, 64, 47 ve 41 bp uzunluğunda C1 soyu 4 bant elde edilmiştir. Morfolojik gözlemlerle yapılan analiz ile beş İran populasyonu dört ayrı küme olarak tespit edilmiştir.

Kozmus ve ark. (2007), Sırbistan'ın üç ayrı bölgesi Sjenika, Banat ve Timok'tan elde edilen örneklerin mtDNA'larının tRNA^{Leu}, COI-COII intergenik bölgesi ve COII geninin 5' ucu bölgelerini araştırmışlardır. COII geninin 5' ucu sekansı 44 farklı haplotiple ClustalX paket programı kullanılarak hizalanmış olup BioEdit 7.0.5. paket programı kullanılarak neighbor joining analizi yapılmıştır (Şekil 2.4). Çalışmada kullanılan tüm türler C genetik soyuna ait bulunmuştur ve üç yeni polimorfik bölge belirlenmiştir.



Şekil 2.4. C mtDNA soyuna bağlı altı bal arısı haplotipinin neighbor joining metoduna göre filogenisi (Kozmus ve ark., 2007)

PCR-RFLP ve DNA dizi analizi yöntemlerinden yararlanılarak farklı İran bal arısı (*Apis mellifera meda*) populasyonları arasındaki genetik varyasyonu belirlemeyi amaçlayan Fakhri (2008)'in çalışmasında, mtDNA COI-COII arasındaki bölge bakımından *DraI* ve *HinfI* enzimleri kullanılmıştır. Tüm örneklerde *DraI* enzim kesimi sonucunda 420, 64, 47 ve 41 bp'lik tek bir bant modeli, *HinfI* enzimi kullanılarak kesilmesi sonucunda iki farklı haplotip elde edilmiş olup Karaj, Ardabil ve Hamadan örnekleri 292, 260 ve 26 bp'lik bant modeli veren birinci tip haplotipi (COIII/*HinfI*-C1), diğer tüm örnekler 292, 240, 26 ve 20 bp'lik bant modeli veren ikinci tip haplotipi (COI-II/*HinfI*-C2) meydana getirmişlerdir. *DraI* enzim kesimi sonucunda İran bal arısı populasyonlarının mtDNA C genetik soyu içerisinde değerlendirilebileceği ortaya konmuştur.

Yunan bal arılarının filogenetik ilişkilerini bulabilmek, gezgin yetiştiricilik ve ticari yetiştiriciliğin sonucu oluşan gen akışını tespit edebilmek amacıyla Martimianakis ve ark. (2011), bal arılarının mtDNA'larının ND5 ve COI genleri üzerinde araştırma yapmışlardır. Kıbrıs, Yunanistan, Türkiye (Osmaniye, Bartın), İtalya, Bulgaristan, Slovenya ve Arnavutluğun çeşitli bölgelerindeki populasyonlardan alınan örneklerde yedi farklı haplotip COI genine bağlı, sekiz farklı haplotip ND5 genine bağlı olarak tespit edilmiştir. İki çalışılan gen arasında en fazla genetik açılım değerleri COI'de gözlenmiştir. Filogenetik ağaç için neighbor joining analizi MEGA 4 programı kullanılarak çizilmiştir ve ağaçta dış grup olarak Genbank'tan sekansı alınan *Bombus ignitus* (Ulaşım numarası: DQ870926.1) kullanılmıştır. Bu çalışmanın Yunanistan'daki

bal arısı populasyonlarının ilk karşılaştırmalı dizi analizi olduğu ve yine ilk defa mtDNA'nın ND5 gen bölgesinden sekans verisi elde edildiği vurgulanmıştır. Ayrıca daha önce Yunanistan'da yapılan çalışmalara göre bal arısı populasyonlarındaki genetik çeşitliliğin azaldığı söylenmiş olup bunun ticari yetiştiricilik faaliyetlerinin bir sonucu olduğuna değinilmiştir.

mtDNA COI-COII arasındaki intergenik bölge bakımından PCR-RFLP yöntemlerinden yararlanılarak Irak bal arısı (*A. mellifera*) populasyonları arasındaki genetik varyasyonu *HinfI* enzimi kullanılarak belirlemeyi amaçlayan Hamzah (2013)'ün çalışmasında, 2 farklı haplotip ya da enzim kesim modeli belirlenmiştir. Irak'ın 35 farklı yöresini temsil eden toplam 118 işçi arı örneği materyal olarak kullanılmıştır. Bu haplotiplerden birincisinde *HinfI* enzimi COI-COII intergenik bölgesini 2 farklı noktadan kesmiş ve 292, 260 ve 26 bp'lik 3 farklı banttı oluşturmuş bir model elde edilmiştir. İkinci haplotipte ise *HinfI* enzimi COI-COII intergenik bölgesini 3 farklı noktadan kesmiş ve 292, 240, 26 ve 20 bp'lik 4 farklı banttı oluşturmuş bir model tespit edilmiştir.

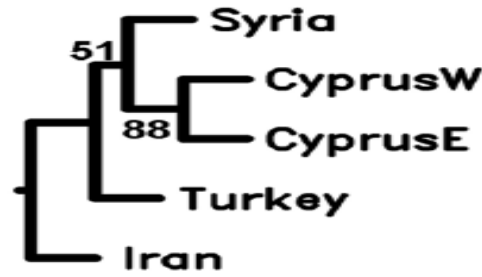
İran'ın kuzey bölgesi bal arıları genetik varyasyonunu araştıran Rahimi (2015) mtDNA'nın COI-II intergenik bölgesini PCR-RFLP tekniği kullanarak tespit etmiştir. *DraI* restriksiyon enzimi kullanılarak yapılan çalışmada 6 şehirden 60 işçi arı örneği alınmıştır. Bu inceleme sonucunda İran'ın kuzeyindeki bal arısı populasyonlarının C soyuna ait olduğu ve örnekler arasında genetik varyasyon olmadığı belirlenmiştir.

Techer ve ark. (2015) çalışmalarında, Rodrigues Adaları'ndan toplanan bal arılarını RFLP analizine tabi tutmuşlardır ve örneklerin %30'unun COI-COII bölgesini (570 bp) sekanslamışlardır. Bu çalışmada elde edilen tüm sekansların C genetik soyuna ait olduğu sonucuna varılmıştır.

2.2. Türkiye'de Bal Arıları ile İlgili Yapılan Filogeni ve Varyasyon Çalışmaları

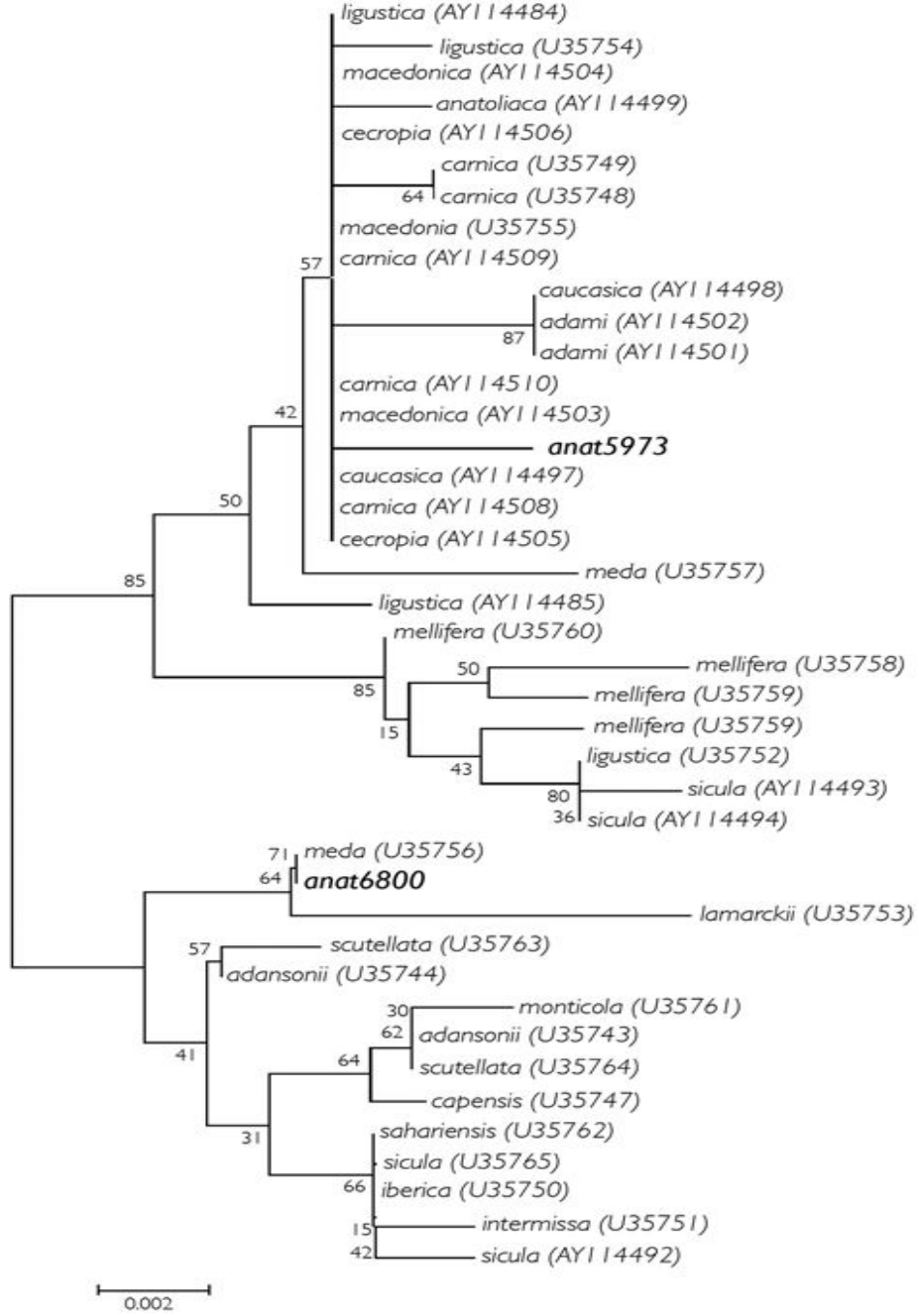
Türkiye bal arılarındaki genetik farklılığı araştıran Smith (2002) yaptığı çalışmada enzim ve mtDNA incelemelerinin önemli olduğunu ve Erzurum'da toplanan arı numularının % 29, Muş, Bitlis ve Van da %25 Kafkas ırkını temsil ettiğine değinmiş olup, Hatay'dan alınan örneklerde %57 sinin Suriye arısına ait olduğu görüşünü vurgulamıştır. Trakya bölgesinde toplanan Anadolu ırkı numularının yaklaşık %86'sı Karniyol arısının genetik karakterlerini taşıdığı bildirilmiştir.

Kuzey Kıbrıs bal arılarının genetik çeşitliliğini morfometrik, mtDNA ve satellit çalışmaları ile belirlemek amacıyla Kandemir ve ark. (2006a), mtDNA kullanarak restriksiyon ve sekans analizi yapmışlardır (Şekil 2.5). Analiz sonuçlarına göre, Kıbrıs bal arılarının büyük çoğunluğunun C soyuna, küçük bir kısmının ise kesim şekillerinin O soyuna ait olduğunu belirlemişlerdir. Kıbrısın doğu parçasından elde edilen iki bal arısının O1b haplotipi olduğu restriksiyon analizi ile belirlenmiş olup C2 ve O1b haplotiplerinden elde edilen ND2 sekansları filogenetik analize tabi tutulmuştur. C2 örnekleri C soyu ile bağlantı kurarken, O1b soyu Mısır ve Suriye ile bağlantı oluşturmuştur.



Şekil 2.5. Türkiye, İran, Suriye, Doğu ve Batı Kıbrıs populasyonları arasında yapılan neighbor joining ağacı (Kandemir ve ark., 2006b)

Kandemir ve ark. (2006b) yürüttükleri çalışmada, Türkiye'nin yedi farklı coğrafi bölgesinden temin edilen 334 bal arısı örneğinde mtDNA'larının COI-COII intergenik bölgesinin *Dra I* restriksiyon şekillerini, COI geninde *HinfI* ve *TaqI* restriksiyon şekillerini ve tüm mtDNA'da *EcoRI* restriksiyon şekillerini belirlemeyi amaçlamışlardır. *EcoRI* ile üç farklı mtDNA şekli, *Dra I* restriksiyon analizi ile COI-COII intergenik bölgesinde yedi haplotip tespit edilmiştir. Türkiye'de en yaygın haplotip I (TrDraI) olarak belirlenirken, Doğu Anadolu'da en yaygın haplotip 2 olarak bulunmuştur. Ayrıca Ankara ve Hatay'dan alınan iki örnekten mtDNA'nın ND2 bölgesi (660 bç) sekanslanmıştır. Ankara'dan alınan örnek C soyu ile bağlantı kurarken, Hatay'dan alınan örnek *A. m. lamarckii* ve *A. m. meda* ile gruplanmıştır (Şekil 2.6).



Şekil 2.6. Kandemir ve ark. (2006b) çalışmalarında iki örnekten elde ettikleri ND2 sekanslarının neighbor joining dendrogramı

Türkiye bal arıları genetik varyasyonunu araştıran Kekeçoğlu (2007) çalışmasında hem morfometrik gözlemlerden hem de mtDNA COI ve 16s rRNA lokusundan PCR-RFLP yöntemi ile yararlanmıştır. Çalışma materyali Türkiye'nin 7 farklı bölgesinden temin edilerek 55 farklı yerleşimden toplanmıştır. COI ve 16s rRNA gen bölgelerinin sırasıyla sekiz ve yedi restriksiyon enzimi ile kesilmesi sonucu

Türkiye’de iki yeni mtDNA haplotip grubunun bulunduğu, buna göre *A. m. caucasica*, *A. m. meda* ve *A. m. anatoliaca* birbirlerine çok yakın ırklar olarak tespit edildiği belirtilmiştir. Bu durumun Türkiye’de *A.mellifera*’nın doğudan gen merkezi olması veya gen merkezine çok yakın olmasının bir sonucu olabileceği vurgulanmıştır.

Özdil ve Yıldız (2008) yaptıkları çalışmada mitokondriyal genomun COI ve II arasındaki intergenik bölgesini kullanarak Türkiye bal arısı popülasyonlarını tanımlamışlardır. Belirtilen bölge tRNA^{Leu} geni ile COII genleri arasında yer almakta olup mtDNA molekülünde en çok genetik varyasyonun tespit edildiği bölgedir. Türkiye’de 20 farklı bölgeden 244 işçi arı materyal olarak kullanılmış olup RFLP ve DNA dizi analizi yöntemlerinden yararlanılmıştır. COI-COII intergenik bölgenin *DraI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucu dört banttıan oluşan kesim modeli oluşmuş ve beş haplotip elde edilmiştir. Bu haplotipler DNA dizi analizi ile de belirlenmişlerdir. Bunlardan üçü (47/41/64/420 bç-C1; 47/40/64/420 bç-C2 ve 47/39/64/420 bç) daha önceki çalışmalarda bildirilmiş, diğer ikisi ise (47/41/64/419 bç ve 47/39/64/418 bç) ilk kez bu çalışma ile ortaya konmuştur. Çalışılan tüm örneklerde COI-COII intergenik bölgede *DraI* restriksiyon enzimi ile kesim sonucu literatürde C genetik soyu için bildirilen ve 4 banttıan oluşan model elde edilmiştir. Bu sonuçla Türkiye bal arısı popülasyonlarının Doğu Avrupa ve Akdeniz (C) genetik soyu içerisinde yer aldığı tespit edilmiştir.

Türkiye bal arılarının genetik çeşitliliğini araştıran İvgin Tunca (2009), 26 ilden 390 kolonide, koloni başına 2 örnek olacak şekilde toplam 760 işçi arı örneği, 10 RAPD öncül DNA’ sı ve 6 mikrosatelit lokusu kullanılarak analizlerini yürütmüştür. Çalışma sonuçları Hatay ve Şanlıurfa popülasyonlarının dışında Anadolu bal arılarının C soy hattına ait olduğunu göstermektedir. Sonuçlar ışığında yabancı kökenli arıların girişi ve ana arıların bir merkezden bütün ülkeye dağıtılması, toplumların gen havuzunu tekdüzeleştireceği için engellenmesi gerektiği vurgulanmaktadır.

Türkiye’nin yedi coğrafi bölgesinden 54 farklı ilden ve 2 Ege Ada’sından bal arısı örneği alınarak genetik yapıyı ve filogenetik ilişkileri saptamaya çalışan Kekeçoğlu ve ark. (2009) mtDNA’nın COI ve 16s rRNA bölgeleri üzerinde SspI restriksiyon enzimi kullanarak RFLP analizi yapmışlardır. COI geninin RFLP sonucuna göre 2 farklı mitotip belirlenmiş olup, bir mitotip yalnızca merkezi Anadolu olarak tespit edilmiştir. Çalışma sonuçları Yunanistan bal arıları ile yapılan diğer çalışmalarla karşılaştırılarak

16s rRNA/*Dra*I varlığının sadece Türkiye bal arılarına özgü olduğu sonucu çıkarılmıştır. Komşu ülkelerin bal arılarının yerel populasyonların genetik yapılarını değiştirebileceğinden çalışmanın önemi belirtilmiştir.

Sırbistan'daki bal arısı ırkı *A. m. carnica*'nın moleküler karakterizasyonunu araştıran Nedıć ve ark. (2009), ülkedeki dört farklı coğrafik bölgeden aldıkları örneklerin mtDNA'larının COI-COII bölgesinin dizilerini analiz etmişlerdir. C2 filogenetik grubunda iki yeni haplotip tanımlamışlardır. C2I haplotipi ile Türkiye'den *A. m. cypria* örneği arasındaki yüksek benzerlik derecesi Genbank'tan alınan sekanslarla yapılan karşılaştırmalı dizi analizi ile belirlenmiştir. Filogenetik analiz için C2 filogenetik bağlantısına ait ulaşılabilen sekanslarla öncelikle Türkiye'den ve Sırbistan'dan elde edilen örneklerin sekansları neighbor joining analizi ile karşılaştırılmıştır.

Türkiye'den yedi farklı bölgeden alınan *A. mellifera* örneklerinin filocoğrafik yapısını ve populasyon genetiğini belirlemeye çalışan Solorzano ve ark. (2009), mtDNA genomlarının COI-COII intergenik bölgesinin DNA dizilerini analiz etmişlerdir. DNA dizileri içinde 132 bal arısı örneğinden yalnızca biri C13 mitotipi olup toplamda 12 tane C soyuna ait mitotip elde edilmiştir. En yaygın mitotip ise C12 olarak bulunmuştur. C soyuna ait dört mitotip ile en büyük miktarda genetik çeşitlilik Bursa'da gözlenmiştir. *A. m. syriaca*'ya ait iki örnek Hatay'da tespit edilmiştir. Bu çalışmanın genetik koruma stratejilerini geliştirmek için kullanılabilir, Türkiye'nin C soyuna ait genetik uzaklığı fazla *A. mellifera* kaynağı olabileceğini desteklediği vurgulanmıştır.

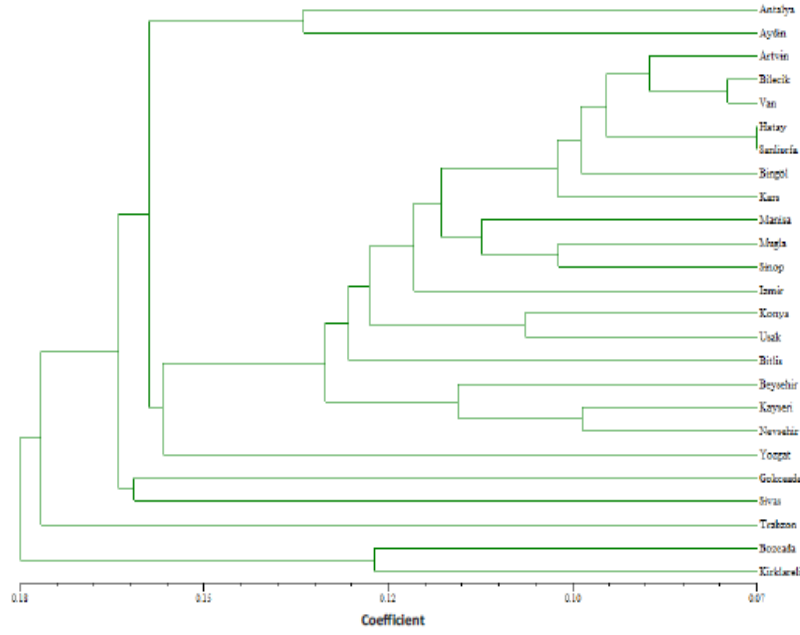
Türkiye ve İran bal arıları arasında CoxI-CoxII intergenik bölgesindeki mitokondriyal DNA varyasyonları araştıran Özdil ve ark. (2009a) yaptıkları çalışmada, bal arısı mitokondriyal genomunun CoxI-CoxII intergenik bölgesi ile ırk gruplarında ve farklı evrimsel bağlantıları tespit için RFLP analizini kullanmışlardır. Bal arıları Türkiye'de 20 bölgede 244 koloniden, İran'da 15 bölgede 94 koloniden toplanmıştır. CoxI-CoxII intergenik bölgesinin *Hinf*I restriksiyon analizi için tüm örnekler kullanılmıştır. İran ve Türkiye'deki 37 koloni örnekleri içinden her 3 örnekten biri bu mitokondriyal bölgenin dizileme analizi için kullanılmıştır. İki *A. m. ligustica* ve iki Buckfast bal arısı dış grup olarak filogenetik ağaca eklenmiştir. mtDNA genomunun 3380-3958 dizi aralığından 578 baz çifti saflaştırılmıştır ve iki haplotip tespit edilmiştir. *Hinf*I ile iki bölgeden kesilmiş, 294, 260 ve 26 baz çiftlik üç bölge, Türkiye'de Bolu

ilinden alınan örneklerde, İran'da ise 4 ayrı bölgeden alınan örneklerde ve ayrıca *A. m. ligustica*, Buckfast bal arısında gözlenmiş olup bu haplotipler CoxI-II/HinfI-I olarak belirlenmiştir. Diğer tüm Türkiye ve İran örneklerinde üç kesim bölgesi 294, 240, 26 ve 20 bç.'lik dört bölge oluşmuş olup bu haplotipler CoxI-II/HinfI-II olarak değerlendirilmiştir. Ayrıca CoxI-II/Hinf I-II haplotipinde 3632. pozisyonda Timin yerine Sitozin varlığına dikkat çekilmiştir.

Türkiye'deki bal arılarının evrimsel bağlantılarını ortaya koymak amacıyla Özdil ve ark. (2009b), 20 bölgeden alınan 244 örneğin mtDNA'larını analiz etmişlerdir. C soyuna ait olan bal arılarından sekiz haplotip belirlenmiştir. rRNA genindeki *EcoRI* restriksiyon bölgesi, CoxI geni içindeki *XbaI* bölgesi ve Cyt-b geninde *BglIII* bölgesi Türkiye'den toplanan bal arıları örneklerinin tümünde var olduğu belirtilmiş olup CoxI geninin içinde *HincII* restriksiyon bölgesinin olmadığı bildirilmiştir. Bu restriksiyon bölgelerinin varlığı ve yokluğunun C Akdeniz soyunun karakteristik özelliği olduğuna dikkat çekilmiştir.

Bulgaristan'ın 9 farklı bölgesine ait bal arısı popülasyonlarının genetik varyasyonunu araştıran Ivanova ve ark. (2010) PCR-RFLP analizi ile mtDNA'nın 16S rRNA, COI ve ND5 lokusunu çalışmışlardır. Bulgaristan bal arıları neighbor joining ve UPGMA ağacında 3 grup olarak kümelenebilir olup Pomorie ve Slivovik popülasyonları iki grubu, diğer tüm arılar birlikte gruplanarak üçüncü grubu oluşturmuşlardır. Ayrıca Yunanistan ve Türkiye'nin komşu şehirlerindeki bal arılarını da karşılaştırmaya eklendiğinde bu arıların *A. m. macedonica* ırkına ait olabileceği vurgusu yapılmıştır.

Tunca ve Kence (2011) Türkiye'de 25 ilden toplanan 360 koloniden 720 işçi arı ile yürüttükleri çalışmada, 20 RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) primerleri ile genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Çalışma sonucunda Trakya bölgesi bal arıları kısa mesafedeki bir ada ile kümeleme meydana getirdiği tespit edildi. Güneydoğu Anadolu'daya ait diğer iki popülasyon Afrika kökenli mitokondriyal DNA bir küme oluşturmuş, geri kalan popülasyonlar Kuzey Akdeniz'e (C soyu) ait olan üçüncü küme oluşturmuştur (Şekil 2.7).

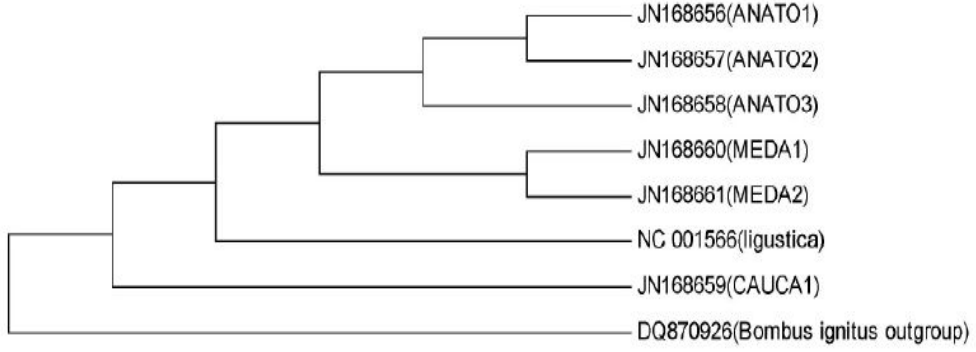


Şekil 2.7. Genetik uzaklığı gösteren UPGMA ağacı (Tunca ve Kence, 2011)

Türkiye bal arılarında genetik varyasyonu belirlemeye yönelik Özdil ve ark. (2012a) çalışmalarında daha çok İç Anadolu Bölgesinden elde edilen *A. m. anatolica*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* ırklarının mtDNA'larının üç farklı bölgesini (16s rRNA-COI-ND5) RFLP analizi ile araştırmışlardır. Farklı lokasyonlardan ve farklı popülasyonlardan toplam 165 işçi arı üzerinde yürütülen araştırma mitokondriyal 16S ribozomal RNA (16s rRNA), sitokrom C oksidaz I (COI) ve NADH dehidrogenaz 5 (ND5) gen bölgelerinin PCR ile saflaştırılması ve RFLP analizi esasına dayanmaktadır. Çalışma sonucunda, Türkiye bal arılarında altı yeni genotip (haplotip) belirlenmiş olup en yaygın haplotip (Tip 1) tüm örneklerin % 85.5'i olarak tespit edilmiştir. Genetik uzaklık (D) Türkiye bal arısı popülasyonlarında (0.0-0.0112) düşük, popülasyonlar arasında ortalama haplotip çeşitliliği (h) 0.082 olarak bulunmuştur.

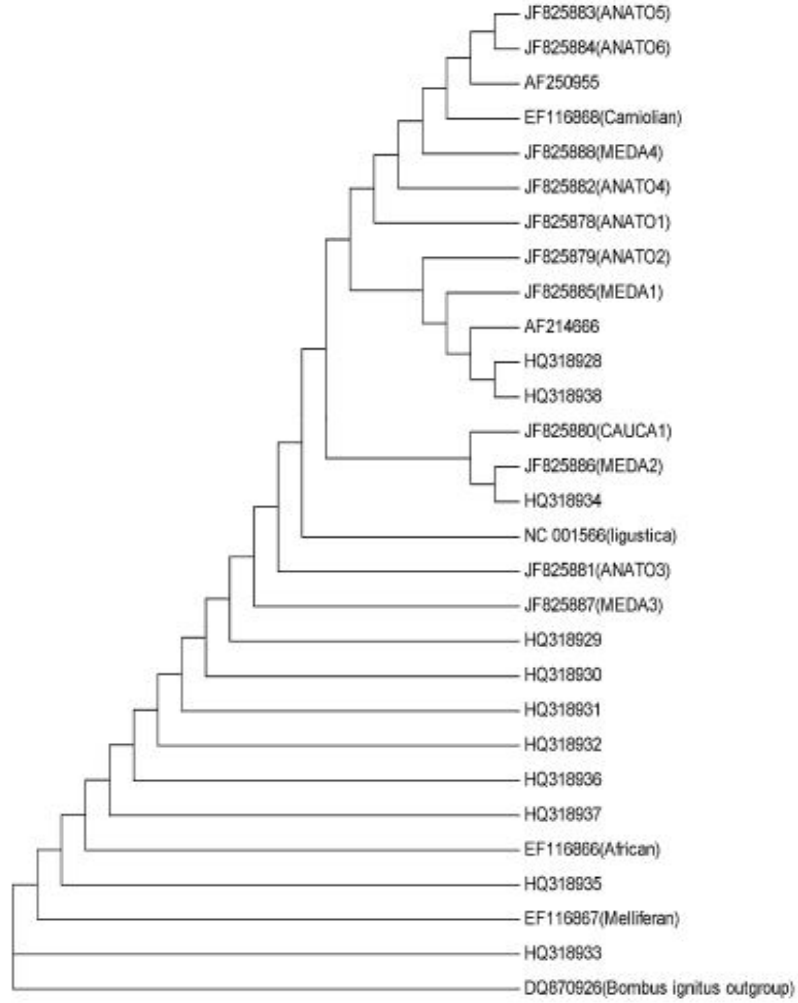
Özdil ve İlhan (2012b), Türkiye'de 15 farklı bölgeden 112 bal arısı örneğindeki mitokondriyal DNA genomunun sitokrom C oksidaz I (COI ya da CoxI) genindeki DNA sekans çeşitliliğini araştırmışlardır. DNA sekansları arasında evrimsel uzaklığı ve benzerlik indeksini tahmin etmek için MEGA5 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis 5) programı kullanılarak, altı yeni haplotip bulmuşlardır. Filogenetik ağacın yapımında ağaç köklerinde dış grup olarak GenBanktan elde edilen *Bombus ignitus* sekansı kullanılmıştır (Şekil 2.8). Dizileme sonuçları NCBI veri tabanından elde edilen

COI geni sekansları ile karşılaştırılmıştır. Bu çalışmada bulunan haplotipler NCBI Genbank veri tabanında bulunan Yunan bal arılarının bazıları ve *A. m. ligustica* ile birlikte kümelenmiştir.



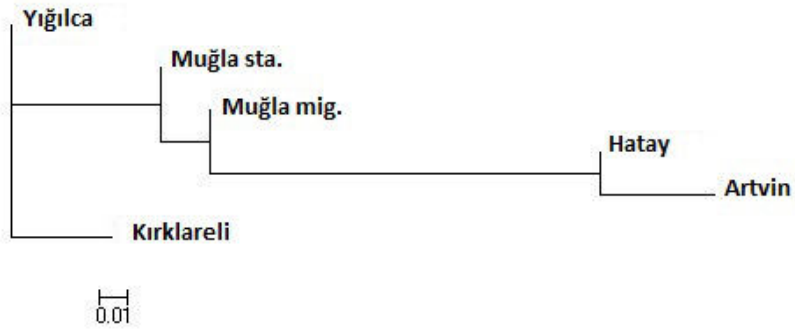
Şekil 2.8. Özdil ve İlhan (2012b) kullandıkları Türkiye bal arıları arasındaki ilişkileri gösteren COI dizisinin neighbor joining dendrogramı

Özdil ve İlhan (2012c) bal arılarının evrim ilişkilerini belirlemek ve mitokondrial DNA sekansı farklılıklarını araştırmak için yapılan çalışmada, Türkiye'deki farklı 15 bölgeden toplanan (başlıca populasyonlar; *A. m. meda*, *A. m. anatoliaca*, *A. m. caucasica*) 112 bal arısı örneğinde mitokondrial 16s rRNA bölgesine göre karşılaştırma yaparak 11 haplotip belirlemişlerdir. Ancak GenBankta ulaşılabilen 16s rRNA dizileri ile yapılan Neighbor-Joining dendrogramında haplotiplerin ayrımı olmamıştır. Bu haplotipler dendrogramda *A. mellifera*, *A. m. ligustica* ve GenBank kayıtlarında olan bazı haplotiplerle kümelenmiştir (Şekil 2.9).



Şekil 2.9. GenBankta ulaşılabilen ve çalışmada elde edilen (JF825878-JF825888) *A. mellifera* haplotiplerinin 16s rRNA sekanslarının filogenetik ilişkileri (Özdil ve İlhan, 2012c)

Türkiye'nin 5 bölgesine (Kırklareli, Yığılca, Muğla, Hatay ve Artvin) ait 24 koloniden 237 işçi arı örneği incelenerek Türkiye'deki sabit ve gezgin bal arısı (*A. mellifera* L.) populasyonları arasındaki genetik çeşitliliği inceleyen Karakaş (2013), incelenen bal arılarının populasyon yapısının korunduğunu göstermiştir (Şekil 2.10).



Şekil 2.10. 5 farklı bölgeden alınan arılara ait neighbor joining ağacı (Karakaş, 2013)

Türkiye’de 6 bölgeden alınan 250 bal arısı örneği ile yürütülen çalışmada Kükrer (2013) 29 mikrosatellit işaretleyici kullanarak gezgin ve sabit arılıklar ile yalıtılmış bölgeler ve gezgin arıcılığa açık bölgeler arasında bir karşılaştırma yapmıştır. Çalışmanın sonucunda, genetik yapıda kümeler arasında gen akışının arttığına dair veriler olsa da, hala büyük oranda korunmakta olduğu yargısına varılmıştır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyalin Toplanması

Van ilinin Bahçesaray ilçesinden alınan örnekler Ünlüce ve İslam, Çatak ilçesinden alınan örnekler Sak, Kaçit, Korlu olmak üzere toplamda 5 farklı köyden örnekler alınmıştır (Tablo 3.1). Örnek alınan işletmelerin altısı yerli, altısı gezgin arıcılık yapmaktadır. Örnek alımında rastgele olmayan amaçlı örnekleme yöntemi kullanılmıştır (Düzgüneş ve ark., 1993). Bu amaçla uzman görüşü alınarak, uzun yıllar arıcılık yapan gezgin ve yerli işletmeler seçilmiş, örnekler toplanmıştır. Her işletmeden 5 ayrı kovandan örnek toplanmış olup 60 örnek %96'lık alkol içeren taşıma (cam) şişelerine konulup laboratuvara taşınmıştır. Analiz safhasında tüm örnekler kullanılmayıp, Tablo 3.1'de gösterilen DNA izolasyonu yapılmış örnekler moleküler analizlerde kullanılmıştır.

Tablo 3.1. İşletmeler ile ilgili bilgiler

İşletmecisi Numarası	İlçe Adı	Köy Adı	Yerli-Gezgin İşletme Durumu	DNA izolasyonunda Verilen No
1	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	3
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	12
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	8
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	1
2	Bahçesaray	İslam	Gezgin işletme	13
	Bahçesaray	İslam	Gezgin işletme	2
	Bahçesaray	İslam	Gezgin işletme	6
	Bahçesaray	İslam	Gezgin işletme	14
	Bahçesaray	İslam	Gezgin işletme	11
3	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	4
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	9
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	7
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	10
	Bahçesaray	Ünlüce	Gezgin işletme	5
4	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	28
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	29
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	26
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	27
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	23

5	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	25
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	22
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	21
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	24
	Bahçesaray	Ünlüce	Yerli işletme	20
6	Bahçesaray	İslam	Yerli işletme	16
	Bahçesaray	İslam	Yerli işletme	15
	Bahçesaray	İslam	Yerli işletme	17
	Bahçesaray	İslam	Yerli işletme	19
	Bahçesaray	İslam	Yerli işletme	18
7	Çatak	Sak	Yerli işletme	30
	Çatak	Sak	Yerli işletme	31
	Çatak	Sak	Yerli işletme	32
	Çatak	Sak	Yerli işletme	39
	Çatak	Sak	Yerli işletme	40
8	Çatak	Sak	Gezgin işletme	33
	Çatak	Sak	Gezgin işletme	34
	Çatak	Sak	Gezgin işletme	35
	Çatak	Sak	Gezgin işletme	41
9	Çatak	kaçit	Yerli işletme	37
	Çatak	Kaçit	Yerli işletme	38
	Çatak	Kaçit	Yerli işletme	44
	Çatak	Kaçit	Yerli işletme	49
10	Çatak	Kaçit	Gezgin işletme	36
	Çatak	Kaçit	Gezgin işletme	53
	Çatak	Kaçit	Gezgin işletme	42
	Çatak	Kaçit	Gezgin işletme	43
	Çatak	Kaçit	Gezgin işletme	52
11	Çatak	Korlu	Yerli işletme	50
	Çatak	Korlu	Yerli işletme	54
	Çatak	Korlu	Yerli işletme	55
	Çatak	Korlu	Yerli işletme	56
12	Çatak	Korlu	Gezgin işletme	45
	Çatak	Korlu	Gezgin işletme	46
	Çatak	Korlu	Gezgin işletme	47
	Çatak	Korlu	Gezgin işletme	48
	Çatak	Korlu	Gezgin işletme	51

Her işletmeden her kovandan 5'er örnek alınmış olup, sadece DNA izolasyonları yapılanlara DNA izolasyon numarası verilmiştir.

3.2. Moleküler Analizler

Moleküler çalışma, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Moleküler Genetik Laboratuvarında yapılmıştır.

3.2.1. DNA izolasyonu

İzolasyon için öncelikle arılardan alkolün uzaklaşması sağlanmıştır. Daha sonra izolasyon işlemine geçilmiştir (Şekil 3.1).

Arı örneklerinden DNA izolasyonu için kit (Peqlab Doku Kiti:12-3496-01) kullanılarak yapılmıştır. Kit protokolüne göre;

✓ Çözücü proteinaz K -20°C 'de, RNase A 4°C 'de depolanmalıdır. Kit içeriğindeki diğer malzemeler oda sıcaklığında saklanmalıdır.

✓ Düşük oda sıcaklıklarında, DNA bağlama tamponu (Binding Buffer)'da çökteller olabilir, 37°C 'de ısıtılarak çözülmesi gerekir.

✓ Her bir Perfect Bind DNA kolonu yaklaşık 30 μg DNA bağlayabilir. 40 mg dokudan fazlası tavsiye edilmemektedir.

✓ DNA yıkama tamponu Yıkama tamponu (Wash Buffer) konsantre olarak teslim edilir, kullanmadan önce Ethanol ile seyreltilmesi gerekir. 60ml %100 EtOH ile 40 ml DNA Yıkama tamponu (Wash Buffer) karıştırılır. Oda sıcaklığında depolanır.

✓ Proteinaz K toz halinde teslim edilir. Kullanmadan önce TE Buffer'da vortekslenerek çözülmesi gerekir. 1,5 ml TE Buffer'da 30 mg Proteinaz K çözülür. Çözölmüş Proteinaz K 25 μl , 50 μl ya da 100 μl olarak ayrılarak -20°C 'de depolanabilir ve kullanmadan önce taze bir şekilde eriyerek kullanılır.

✓ Tüm santrifüjleme aşamaları $22-25^{\circ}\text{C}$ 'de gerçekleştirilmelidir.

✓ %100 Ethanol, steril pipet uçları ve santrifüj tüpleri kullanımdan önce hazırlanmalıdır.

✓ 40 mg dokudan küçük parçalar kesilir, 1.5 ml tüp içine örnekler yerleştirilir veya bir pipet ile reaksiyon tüpünün içinde örnekler ezilir. Mekanik homojenizasyon gerekmez.

✓ 400 μl DNA Lysis Buffer, 20 μl Proteinaz K ve 15 μl RNase A (20 mg/ml) tüpe eklenir ve 10 saniye vortekslenir.

✓ Isıtıcı sallayıcıda en az 50°C’de örnekler inkübe edilir. İnkübasyon süresi dokunun miktarına ve tipine bağlı olarak en az 3 saattir. Lizis zamanı uzatılabilir, fakat materyalin tamamı lizis olduğunda zaman uzatılmamalıdır. Bu genomik DNA’nın degradasyonuna sebep olabilir. Eğer ısıtıcı sallayıcı yoksa, inkübasyon boyunca 10 saniye vorteksenerek 3-4 kez karıştırılmalıdır.

✓ Lizis olmayan kısmın pellet olması için 30 saniye 10,000 rpm lizis solüsyonu santrifüj edilir. Pellete dokunmadan, yeni 1.5 ml’lik tüpe üst sıvı (süpernatant) dikkatli bir şekilde alınır.

✓ Her 400 µl DNA Lysis Buffer T için 200 µl DNA bağlama tamponu bağlama tamponu (Binding Buffer) eklenir ve pipetlenerek karıştırılır.

✓ DNA bağlama tamponu (Binding Buffer) eklendikten sonra DNA izolasyonuna bir etkisi olmayan çökelti olabilir. 2 ml toplama tüpünde Perfect Bind DNA kolonlarına yerleştirilir ve kolona tüm hazırlanan çözelti 750 µl yüklenir. Toplama tüpü ile Perfect Bind DNA kolonları 2 dakika 10,000 rpm’de santrifüj edilir. Akan miktar atılır. Tüm çözelti toplama tüpüne akana kadar bu adım tekrarlanır, toplama tüpü atılır.

✓ Kolonlara 650 µl seyreltilmiş DNA yıkama tamponu (Wash Buffer) eklenir. 1 dakika 10,000 rpm’de toplama tüpü ile Perfect Bind DNA kolonları santrifüj edilir. Dibe çöken çözelti atılıp, toplama tüpü tutulur.

✓ 650 µl DNA yıkama tamponu (Wash Buffer) ile yıkama tekrarlanır ve toplama tüpü uzaklaştırılır.

✓ Perfect Bind DNA kolonu toplama tüpü içine yerleştirilir ve 2 dakika 10,000 rpm’de santrifüjlenerek kolonlar kurutulur. Bu adım önemlidir. Santrifüj zamanı azaltılmamalıdır.

✓ 1,5 ml yeni bir tüp içine Perfect Bind DNA kolonları yerleştirilir. 200 µl Elution Buffer doğrudan membran içine pipetlenir. 3 dakika oda sıcaklığında bekletilir ve 1 dakika 6,000 rpm’de santrifüj edilir. Eğer gerekirse, 200 µl ilave edilerek Elution adımı tekrarlanır.



Şekil 3.1. Arı örneklerinin DNA izolasyonu için alkolün uzaklaştırılması

3.2.2. PCR reaksiyonu

PCR reaksiyonunda mtDNA'nın sitokrom C oksidaz I-II (COI-COII) intergenik bölgesi, sitokrom C oksidaz I (COI) bölgesi, 16s rRNA bölgesi ve NADH dehidrogenaz (ND2) bölgesi PCR protokolü kullanılarak çoğaltılmıştır. Bu amaçla kullanılan primerler aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo 3.2).

Tablo 3.2. PCR işleminde kullanılan primerler

Primerler	Dizi (5→3)	Uzunluk (bp)	T _m (°C)
COI (F)	5' GAT TAC TTC CTC CCT CAT TA 3	20	49
COI (R)	5' AAT CTG GAT AGT CTG AAT AA 3'	20	53
16s rRNA (F)	5' CAA CAT CGA GGT CGC AAA CATC 3'	22	60
16s rRNA (R)	5' GTA CCT TTT GTA TCA GGG TTG A 3'	22	57
ND2 ILE	5' TGA TAA AAG AAA TAT TTT GA-3'	20	37
ND2 L1	5' GAA TCT AAT TAA TAA AAA A-3'	19	34

PCR işlemi için kullanılan primerler sitokrom C oksidaz I-II (COI-COII) intergenik bölgesi (Hall ve Smith,1991), sitokrom C oksidaz I (COI) bölgesi (Crozier ve Garnery, 1991 and Hall ve Smith, 1991), 16s rRNA bölgesi (Collet ve ark., 2007; Tanaka ve ark. 2001) ve NADH dehidrogenaz (ND2) bölgesi (Arias ve Sheppard, 1996; Crozier ve Crozier, 1993) literatür taraması sonucu belirlenmiştir.

PCR reaksiyonu bileşenleri toplam hacim 25 µl olacak şekilde hesaplanmıştır (Tablo 3.3).

Tablo 3.3. PCR reaksiyonu

PCR reaksiyon bileşenleri	Kullanılan miktar
10X PCR Buffer	2.5 µl
MgCl ₂	1.5 µl
DMSO	0.32 µl
dNTP	0.5 µl
dH ₂ O	15.18 µl
İleri Primer	1.5 µl
Geri Primer	1.5 µl
Taq DNA Polimeraz	0.14 µl
Genomik DNA	2 µl
Toplam	25 µl

Bu PCR bileşenleri buz içerisinde 0.2 ml'lik PCR tüplerinde hazırlandıktan sonra programlanmış sıcaklık döngü cihazına (MyGenie96 Thermal Block, Bioneer) konulmuştur (Şekil 3.2., Tablo 3.4).



Şekil 3.2. Analizde kullanılan PCR cihazı

Tablo 3.4. PCR şartları

Döngü	Sıcaklık (°C)	Döngü sayısı	Süre (dk)
Ön denaturasyon	95	1	10.00
Denaturasyon	96	30	00.40
Yapışma	COI için 51 16s rRNA için 58.5 ND2 için 34.5		00.35
Sentez	72		00.45
Son Uzama	72	1	10.00
Bekleme	4	∞	∞

PCR reaksiyonu sonucu örneklerin görüntülenmesi için agaroz jel (%1'lik-1g agaroz/100 ml 1X TBE) elektroforezi yapılmıştır ve jel için marker olarak 100-1500 bp'lik ladder kullanılmıştır.

3.2.3. DNA dizi analizi

DNA dizi analizi (sekanslama) için Sanger dizi analizi yöntemi uygulanmıştır. Bu kapsamda PCR ürünü başlangıç materyali olarak ele alınmıştır. Analiz ABI Prism 3130 Analyzer kullanılarak yapılmıştır. Dizi analizi Macrogen (Ankara) ve Sentegen (Ankara) firmasına yaptırılmıştır.

3.2.4. Filogenetik analiz

Dizi analizi yapılan örneklerin ileri ve geri dizi bilgilerini içeren dosyalar DNA Dynamo Programında görüntülenmiştir. Çift yönlü analiz yapılan dizilerin dosyaları Dynamo Programında birleştirilmiştir. NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri bankasında diziler analiz edilmiş ve MEGA7.0.21 Programında filogenetik analizler yapılmıştır. Ayrıca önceki yapılan çalışmalarda elde edilen diziler NCBI veri bankasından temin edilerek analizler geliştirilmiştir. BLAST analizi ile dizilerin doğruluğu kontrol edilmiştir. Dizilerin en benzer dizi ile benzerlik oranı belirlenmiştir. Filogenetik analizler için, UPGMA ve neighbor joining ağacı çizilmiştir.

Ayrıca ağacın güvenilirliğinin test edilmesi için Bootstrap değeri 1000 olarak ayarlanmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

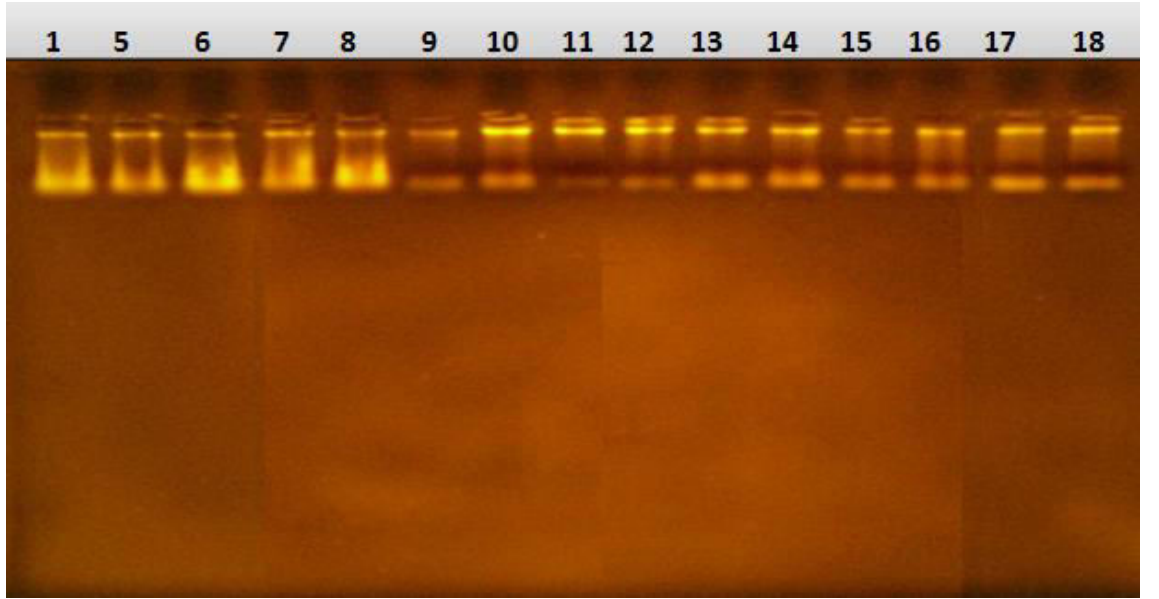
Yapılan çalışmada elde edilen bulgular moleküler analizler, dizileme analizleri ve filogenetik analizler ile elde edilmiştir.

4.1. Moleküler Analiz Bulguları

Moleküler analiz kapsamında DNA izolasyonu ve PCR çalışması yapılmış olup dizi analizi sonucu elde edilen dizilimler filogenetik analize tabi tutulmuştur.

4.1.1. Genomik DNA izolasyonu

Van ili Bahçesaray ve Çatak ilçelerinden alınan arı örneklerinden kit kullanılarak genomik DNA izolasyonu yapılmıştır. İzole edilen DNA'ların agaroz jel elektroforezi ile izolasyonu doğrulanıp, genomik DNA görüntüleme cihazı ile elde edilmiştir (Şekil 4.1).



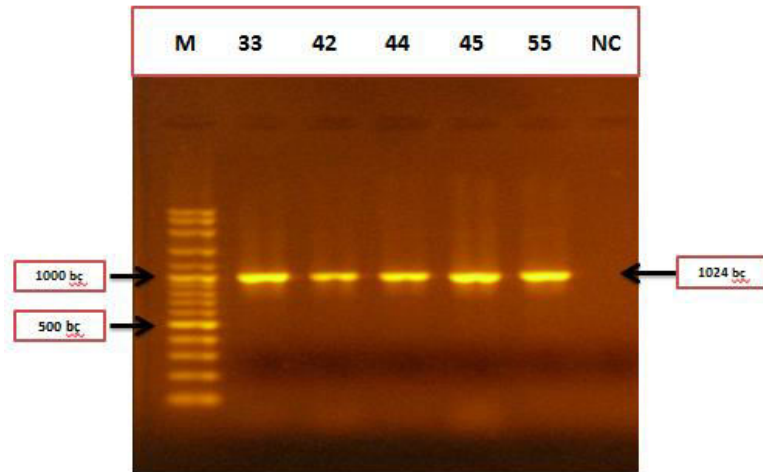
Şekil 4.1. Genomik DNA izolasyonu jel görüntüsü (1,5-18 nolu örnekler)

4.1.2. PCR çalışması

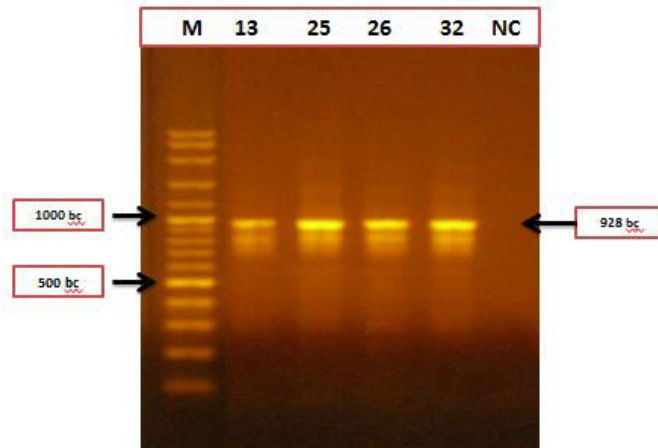
Çalışma kapsamında üç farklı lokusun (COI, 16s rRNA, ND2) çoğaltılması için PCR işlemi yapılmıştır. Ayrıca mtDNA'nın çalışmada olduğu gibi bal arıları ırkları arasındaki filogenetik ilişkiyi ve çeşitliliği ortaya çıkarmak için 16s rRNA lokusu

(Tanaka ve ark., 2001; Bouga ve ark., 2005; Kekeçođlu ve ark., 2009), COI lokusu (Bouga ve ark., 2005; Kekeçođlu ve ark., 2009; Martimianakis ve ark., 2011), ND2 lokusu (Arias ve Sheppard, 1996) deęerlendirilmiřtir.

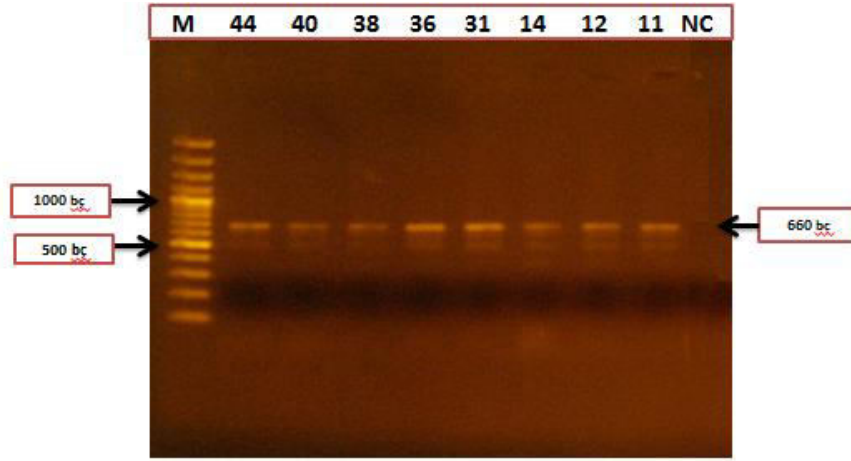
COI gen blgesi 1024 b uzunluęunda 12 rneęin (No: 1, 5, 13, 18, 25, 26, 32, 33, 42, 44, 45, 55) PCR analizi yapılıřtır (řekil 4.2). 16s rRNA gen blgesi 928 b uzunluęunda 12 rneęin (No: 5, 8, 13, 18, 25, 26, 32, 33, 44, 45, 52, 55) PCR analizi yapılıřtır (řekil 4.3). 34 rneęin (No: 3, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 21, 25, 27, 31, 32, 33, 34, 38, 39, 40, 43, 44, 45, 46, 48, 49, 50, 52, 53, 54, 55) ND2 gen blgesi 660 b uzunluęunda PCR analizi ile oęaltılıřtır (řekil 4.4). Tm PCR rnleri dizi analizine gnderilmesi iin hazırlanmıřtır.



řekil 4.2. COI gen blgesi elektroforez jel grnts (M: Marker, 100-1500 bp DNA ladder)



řekil 4.3. 16s rRNA gen blgesi elektroforez jel grnts (M: Marker, 100-1500 bp DNA ladder)



Şekil 4.4. ND2 gen bölgesi elektroforez jel görüntüsü (M: Marker, 100-1500 bp DNA ladder)

4.2. Dizileme Analizi

PCR ile çoğaltılan örnekler elektroforez yapıldıktan sonra PCR tüplerinin kapakları parafilm ile sarılarak 50 ml'lik santrifüj tüplerine pamukla sabitlenerek konulmuştur ve dizilemenin yapılacağı firmalara gönderilmiştir. Dizi analizi ABI Prism 3130 Analyzer cihazı kullanılarak dizi bilgileri Sanger yöntemi ile elde edilmiştir. COI bölgesi ve 16s rRNA bölgesi için çift yönlü dizi analizi yapılmıştır. ND2 bölgesi için tek yönlü dizi analizi yapılmıştır. Diziler DNA Dynamo programı ile görüntülenmiştir (Şekil 4.5).



Şekil 4.5. DNA Dynamo programında dizilerin görüntülenmesi

4.3. Filogenetik Analiz Bulguları

DNA Dynamo programında birleştirilen çift yönlü diziler NCBI veri bankasına girilerek diziler her lokus için karşılaştırmalı olarak incelenmiştir (Tablo 4.1).

Tablo 4.1. Örneklerin COI lokusunun NCBI veri bankasındaki sıralarla karşılaştırılması

Örnek Numarası	Irklar	Benzerlik Oranı	Ulaşım Numarası
1	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
	<i>Apis mellifera sicula</i>	99%	AY114482.1
	<i>Apis mellifera caucasica</i>	99%	AY114471.1
5	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
	<i>Apis mellifera sicula</i>	99%	AY114482.1
	<i>Apis mellifera macedonica</i>	99%	AY114473.1
13	<i>Apis mellifera carnica</i>	97%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	97%	AY114452.1
18	<i>Apis mellifera caucasica</i>	99%	AY114467.1
	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
25	<i>Apis mellifera caucasica</i>	99%	AY114467.1
	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
26	<i>Apis mellifera carnica</i>	100%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	100%	AY114452.1
32	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
	<i>Apis mellifera macedonica</i>	99%	AY114473.1
33	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
	<i>Apis mellifera sicula</i>	99%	AY114482.1
	<i>Apis mellifera caucasica</i>	99%	AY114471.1
42	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
	<i>Apis mellifera macedonica</i>	99%	AY114473.1
44	<i>Apis mellifera carnica</i>	100%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	100%	AY114452.1
45	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera ligustica</i>	99%	AY114452.1
55	<i>Apis mellifera carnica</i>	99%	AY114462.1
	<i>Apis mellifera anatoliaca</i>	99%	AY114470.1
	<i>Apis mellifera macedonica</i>	99%	AY114473.1

16s rRNA örneklerinin dizilerinin BLAST analizi sonucu örnekler *A. m. carnica*'ya benzerlik oranları %97-100 olarak bulunmuştur. COI bölgesinin çalışıldığı diziler ile 16s rRNA dizi sonuçları benzerlik göstermektedir.

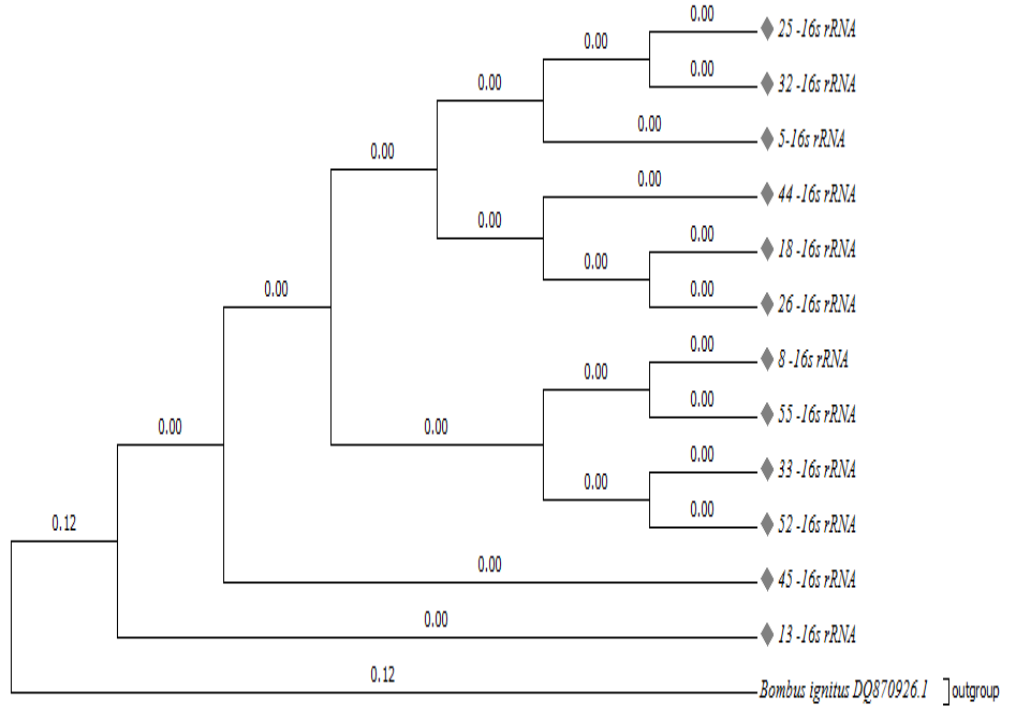
Mitokondriyal genom bal arılarının populasyon genetiği çalışmalarında çok sık rastlanmaktadır. Çeşitli kaynaklarda da belirtildiği gibi mt DNA lokuslarındaki genetik çeşitlilik ve boyutlarındaki farklılıklar ırkların ya da soy bağlantılarının belirlenmesinde önemli yer tuttuğu bilinmektedir (Hall ve Smith 1991; Garnery ve ark., 1992, 1993; Palmer ve ark., 2000).

Çalışılan lokuslar içinden 16s rRNA bölgesi ile yapılan analizlerde yer değiştirme (substitution) modeli olarak Tamura3 parametre (T92) modeli en küçük BIC (Bayesian Information Criteria) skoruna göre en uygun olarak belirlenmiştir (Kumar ve ark., 2016). Genetik uzaklıklar Şekil 4.6'da verilmiştir. Şekilden de anlaşılacağı gibi işletmelerden elde edilen bal arılarının 16s rRNA bölgeleri arasındaki genetik uzaklık çok küçüktür. Analizde dış grup olarak kullanılan *Bombus ignitus* ile elde edilen diziler arasındaki genetik uzaklıklar 30.404 birim ile çok belirgin bir şekilde ayrılmıştır. Şekil 4.7'de UPGMA yöntemi Tamura 3 parametre modeli ile filogenetik ağaç çizilmiştir. Orta düzeyli varyasyonlarda uzaklık temelli yaklaşımlar daha etkili sonuç vermektedirler.

Bu ağaçta oluşan dallanmalar incelendiğinde 8 nolu örnek ile 55 nolu örnek çok yakın akraba olarak değerlendirilmiştir ve bu yakın değerlendirilen örneklerin biri gezgin arıcı işletmesinden diğeri yerli arıcı işletmesinden alınmıştır. Buradan çıkacak sonuç yerli arıcılar ile gezgin arıcılarda aynı ırk arı mevcut olması söz konusu olabilir.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. 5-16s rRNA													
2. 8 -16s rRNA	0.000												
3. 13 -16s rRNA	0.002	0.002											
4. 18 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002										
5. 25 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000									
6. 26 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000								
7. 32 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000							
8. 33 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000					
9. 44 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000				
10. 45 -16s rRNA	0.002	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002			
11. 52 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.002		
12. 55 -16s rRNA	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	
13. <i>Bombus ignitus</i> DQ870926.1	30.404	30.404	30.404	30.404	30.404	30.404	30.404	30.404	30.404	30.394	30.404	30.404	30.404

Şekil 4.6. Örneklerin 16s rRNA lokuslarına ait dizilerinin genetik uzaklıkları

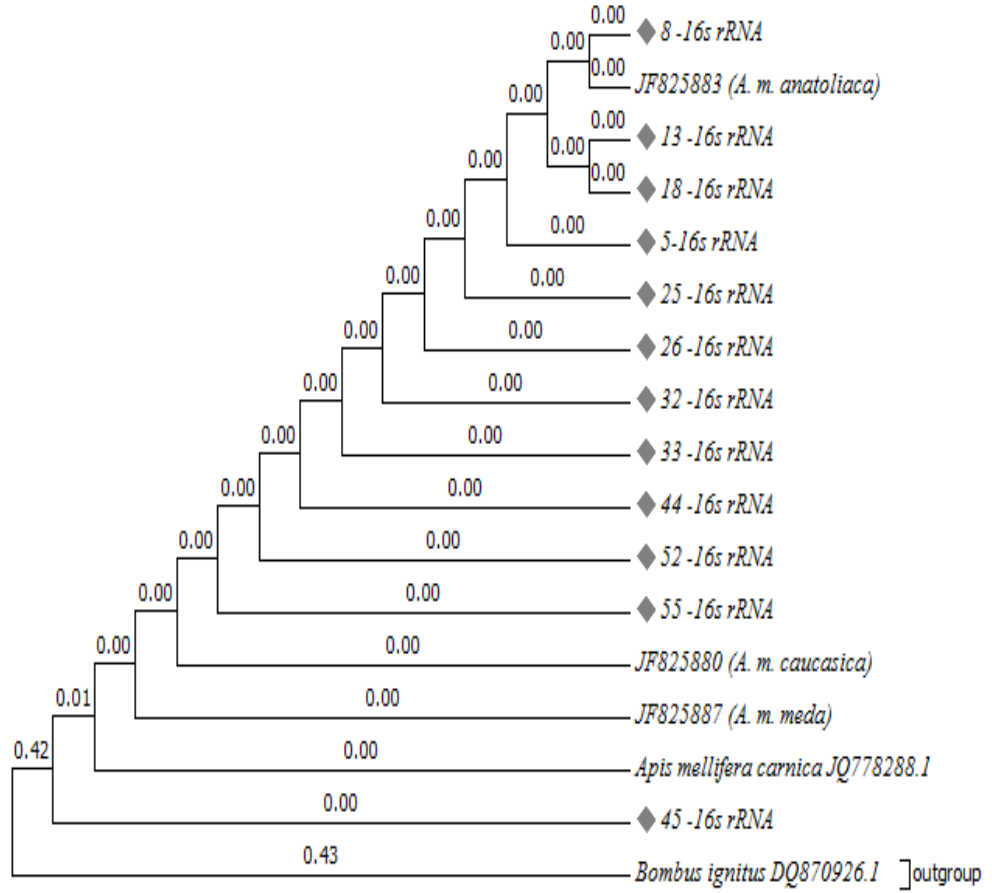


Şekil 4.7. Elde edilen örnek dizilerin 16s rRNA lokusları ile elde edilen UPGMA Ağacı

Bu değerlendirmeyi daha ayrıntılı inceleyebilmek için NCBI veri bankasından alınan farklı ırk arılar karşılaştırmaya dahil edilmiştir (Tablo 4.2). Gezgin arıcılık yaptığı belirlenen 8 nolu örneğin neighbor joining ağacında *A. m. anatolica* ile yakın benzerlik oluşturduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.8). Diğer örnekler ve ırklar arasında analiz edilen lokus açısından değerlendirme yapmak mümkün olmamıştır.

Tablo 4.2. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar

İrk adı	Ulaşım Numarası	bç	Gen bölgesi	Referans
<i>A. m. anatoliaca</i>	JF825883.1	947	16s rRNA	Özdil, F., İlhan, F.,2012
<i>A. m. caucasica</i>	JF825880.1	947	16s rRNA	Özdil, F., İlhan, F.,2012
<i>A. m. carnica</i>	JQ778288.1	1058	16s rRNA	Georgijev, A.S. ve ark., 2012
<i>A. m. meda</i>	JF825888	947	16s rRNA	Özdil, F., İlhan, F.,2012



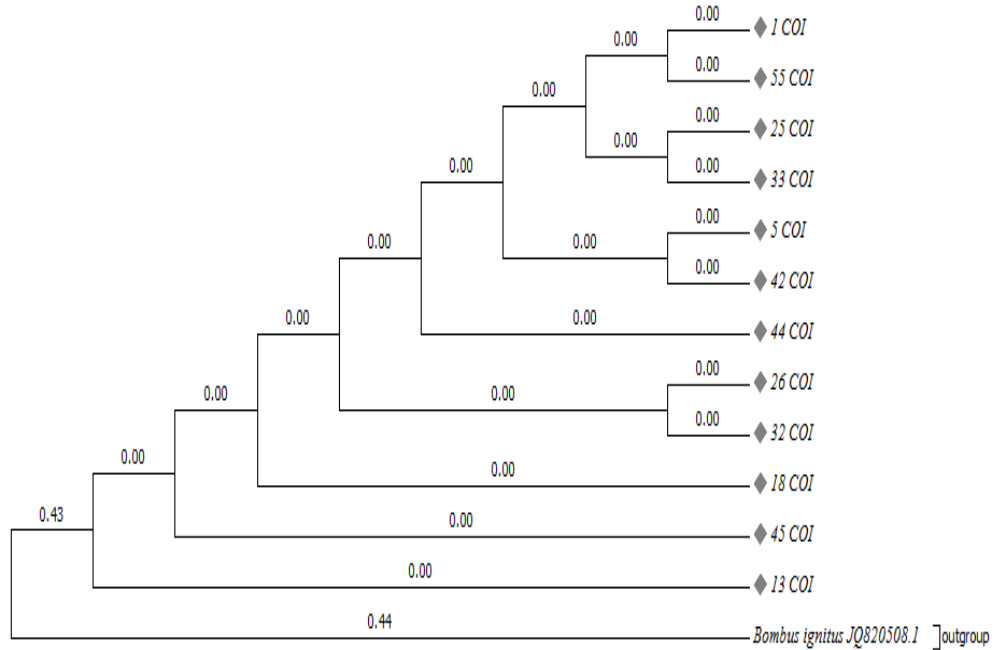
Şekil 4.8. Elde edilen örnek dizilerin 16s rRNA lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı

Örneklerin analizinde çalışılan diğer bir lokus COI bölgesidir. 12 işletmenin her birinden birer bal arısı örneği kullanılarak COI bölgesi filogenetik analiz ile değerlendirilmiştir. Yapılan analizlerde yer değiştirme (substitution) modeli olarak Tamura 3 parametre (T92) modeli en küçük BIC (Bayesian Information Criteria) skoruna göre en uygun olarak belirlenmiştir. Örneklerin COI lokusunun genetik uzaklıkları Şekil 4.9’da verilmiştir. 16s rRNA bölgesine göre COI lokusundaki genetik çeşitliliğin daha fazla olduğu tespit edilmiştir.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. 1 COI													
2. 5 COI	0.000												
3. 13 COI	0.003	0.003											
4. 18 COI	0.001	0.001	0.004										
5. 25 COI	0.000	0.000	0.003	0.001									
6. 26 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000								
7. 32 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000							
8. 33 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000	0.000						
9. 42 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000					
10. 44 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000				
11. 45 COI	0.001	0.001	0.004	0.003	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001			
12. 55 COI	0.000	0.000	0.003	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001		
13. <i>Bombus ignitus</i> JQ820508.1	108.761	108.761	108.810	108.782	108.761	108.761	108.761	108.761	108.761	108.761	108.740	108.761	

Şekil 4.9. Örnek dizilerin COI lokuslarının genetik uzaklıkları

Şekil 4.10’da COI lokusu için UPGMA yöntemi ile filogenetik ağaç çizilmiştir. *Bombus ignitus* dış grup olarak kullanılmıştır. 16s rRNA lokusunda olduğu gibi bu ağaçta da yerli işletmelerden alınan örnekler ile gezgin arıcılık işletmelerinden alınan örnekler çok yakın olarak dallanmışlardır. Örneğin analizde birlikte dallanan 55 ve 33 nolu örnekler yerli arıcılık yapan işletmeden alınırken, 1 ve 25 nolu örnekler gezgin arıcılık yapan işletmeden alınmıştır.

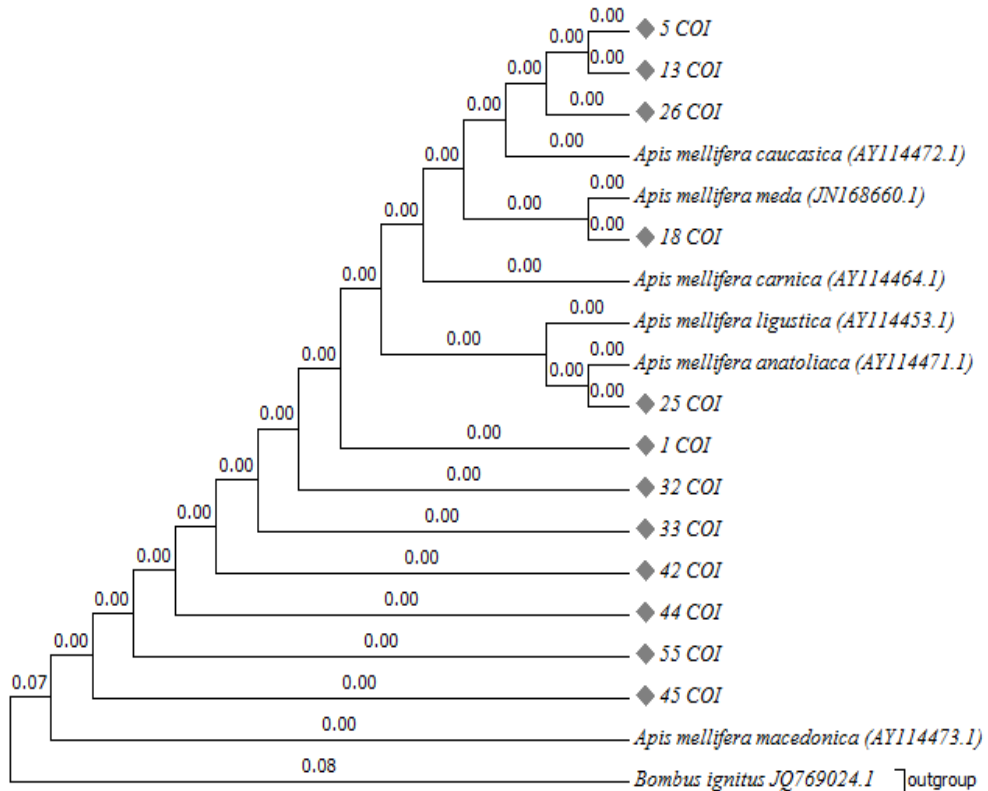


Şekil 4.10. Elde edilen örnek dizilerin COI lokusları ile elde edilen UPGMA ağacı

Analize NCBI veri bankasındaki bal arısı ırkları (Tablo 4.3) dizileri de eklendiğinde Şekil 4.11'deki ağaç elde edilmiştir. Bu ağaçta COI lokusuna göre 25 nolu örnek *A. m. anatoliaca*, 18 nolu örnek *A. m. meda* ırkı olarak tespit edilmiştir. 5, 13, 26 nolu örnekler *A. m. caucasica* ile ortak atadan gelerek yakın akrabalıklar oluşturmuşlardır.

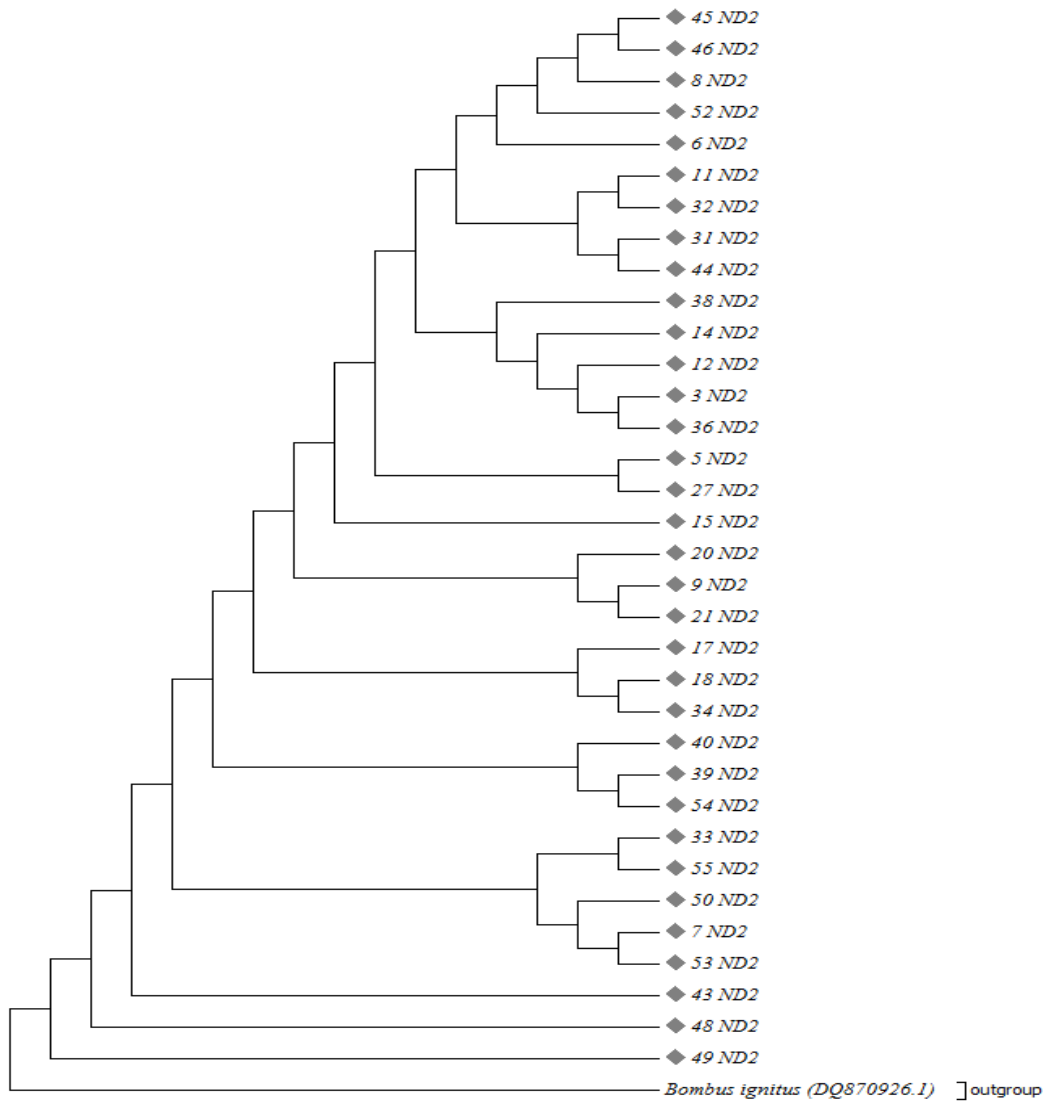
Tablo 4.3. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar

İrk adı	Ulaşım Numarası	bç	Gen bölgesi	Referans
<i>A. m. caucasica</i>	AY114472	1246	COI	Marino ve ark., 2002
<i>A. m. meda</i>	JN168660	988	COI	Özdil, F. ve İlhan ,F., 2012
<i>A. m. carnica</i>	AY114464.1	1246	COI	Marino ve ark., 2002
<i>A. m. ligustica</i>	AY114453.1	1246	COI	Özdil, F. ve İlhan, F., 2012
<i>A. m. anatoliaca</i>	AY114471.1	1246	COI	Marino ve ark., 2002
<i>A. m. macedoniaca</i>	AY114473.1	1246	COI	Marino ve ark., 2002



Şekil 4.11. Elde edilen örnek dizilerin COI lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı

Bir diğer çalışılan lokus ND2 bölgesidir. Analizde yer değiştirme modeli olarak Tamura 3 parametre modeli (T92+G+I) en küçük BIC (Bayesian Information Criteria) skoruna göre belirlenmiştir. Şekil 4.12’de örneklerin ND2 lokusları 8 gruba ayrılmış bulunmaktadır. 9 ve 21 nolu örneklerde olduğu gibi yerli arıcılardan alınan örnekler ile gezgin arıcılardan alınan örnekler birlikte dallanıp yakınlık göstermektedirler. 34 işletmeden alınan bal arısı örnekleri ND2 lokusu açısından değerlendirildiğinde Van ilinde gezgin ve yerli arıcıların isteklerine bağlı farklı ırklardan arı yetiştirdikleri sonucu çıkmaktadır (Şekil 4.12).

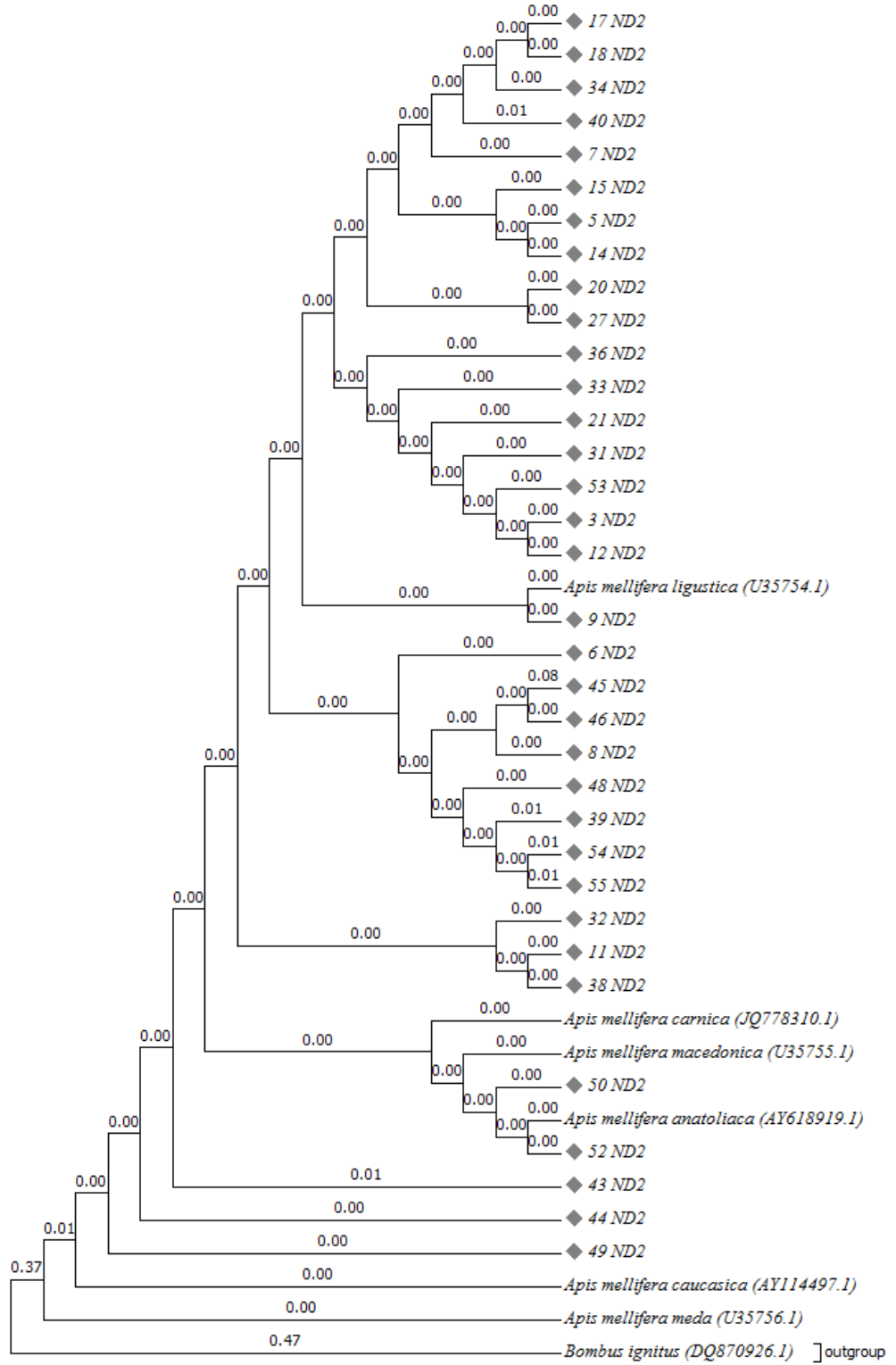


Şekil 4.12. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokusları ile elde edilen neighbor joining ağacı

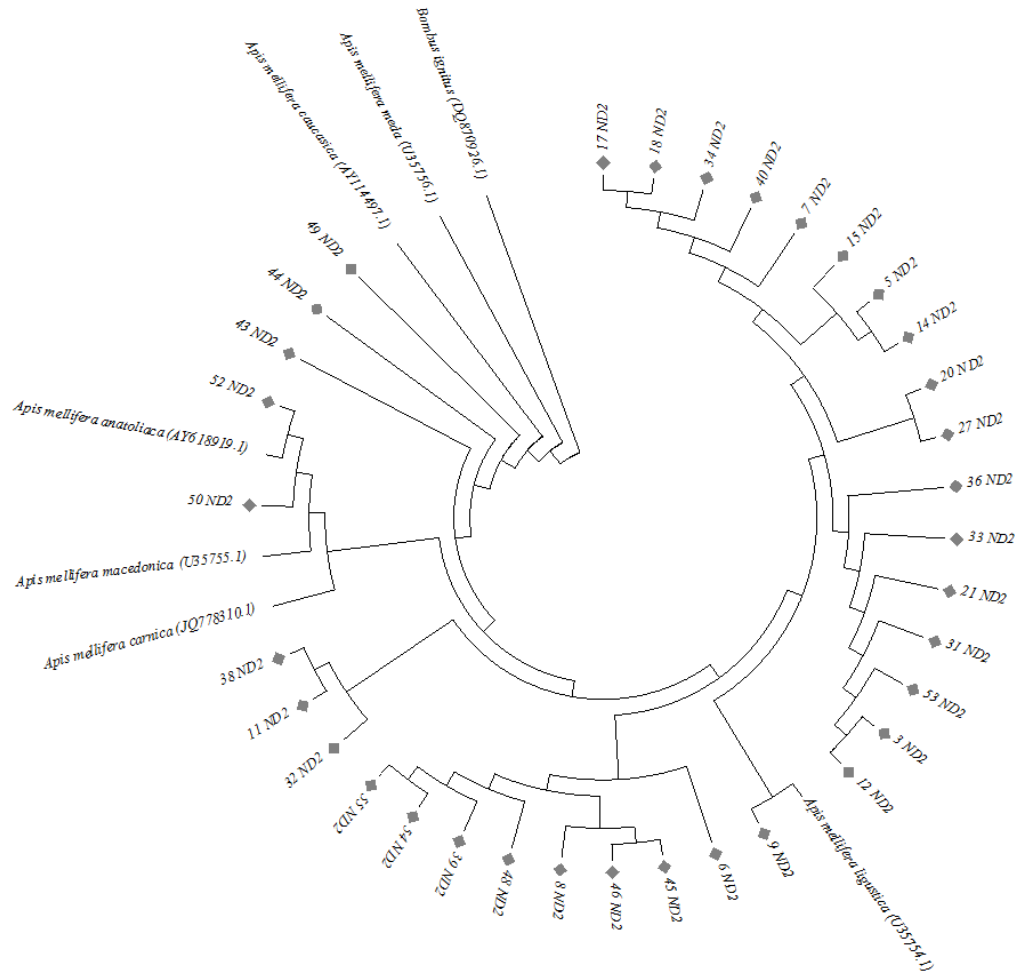
Analize NCBI'dan alınan ND2 lokusuna ait dizilerde (Tablo 4.4) ilave edilip Şekil 4.13'deki filogenetik ağaç elde edilmiştir. Neighbor joining ağacının oluşması için Tamura 3 parametre (T92+G) modeli kullanılmıştır. Bu ağaçta 52 nolu örnek *A. m. anatoliaca*, 9 nolu örnek *A. m. ligustica* ile yakın benzerlik göstermektedir (Şekil 4.14).

Tablo 4.4. Filogenetik analiz (16s rRNA) için NCBI veri bankasından alınan ırklar

İrk adı	Ulaşım Numarası	bç	Gen bölgesi	Referans
<i>A. m. caucasica</i>	AY114497.1	606	ND2	Marino ve ark.,2002
<i>A. m. meda</i>	U35756.1	657	ND2	Arias, M.C., Sheppard, W.S., 1996
<i>A. m. carnica</i>	JQ778310.1	668	ND2	Georgijev, ve ark., 2012
<i>A. m. ligustica</i>	U35754.1	656	ND2	Arias, M.C., Sheppard, W.S., 1996
<i>A. m. anatoliaca</i>	AY618919.1	652	ND2	Kandemir ve ark., 2004
<i>A. m. macedoniaca</i>	U35755.1	657	ND2	Arias, M.C., Sheppard, W.S., 1996



Şekil 4.13. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacı



Şekil 4.14. Elde edilen örnek dizilerin ND2 lokuslarının daha önceki çalışmalarda elde edilen diziler ile karşılaştırılarak çizilen neighbor joining ağacının halkasal gösterimi

Van ili bal arıları ile ilgili şimdiye dek yapılmış çalışmalarda arıların *A. m. meda* ırkına ait olduğu bilgisine ulaşılmıştı. Ruttner (1988)'in Türkiye'yi bal arısı ırk morfolojilerine göre yaptığı sınıflandırmada, Türkiye'nin kuzeydoğusu *A. m. caucasica*, güney doğusu *A. m. meda* olarak belirlenmiştir. Diğer yapılan çalışmalarda bu bilgiyi destekleyici nitelikte bulunmuştur (Özdil ve İlhan, 2012b). Çalışmada elde edilen veriler ışığında Van ili bazı bal arısı popülasyonlarında *A. m. meda* ırkının azaldığı gözlenmiştir. Ayrıca gezgin arıcıların kullandığı bal arısı ırklarının yerli arıcılar tarafından da kullanıldığı belirlenmiştir.

Yapılan filogenetik analizlerde çalışma kapsamında toplanan arılar çeşitli lokuslarda farklı gruplar oluşturmuş olmakla birlikte, genellikle ırklar arasında bir fark gözlenmemiştir. 1 nolu örnek gezgin arıcılardan alınmışken, 25 nolu örnek yerli arıcılık

yapan işletmelerden alınmıştır (Şekil 4.10). Buradan çıkarılan sonuç gezgin arıcılık yapan işletmelerdeki arılar ile yerli arıcılık yapan işletmelerden alınan arılar ırk yönünden benzerlik göstermektedir. Aynı tespit COI lokusu ile de doğrulanmıştır.

Ayrıca yapılan analizlerde NCBI veri bankasından elde edilen diziler ile çalışma kapsamında elde edilen diziler karşılaştırılmıştır. Özdil ve İlhan (2012b, c) yaptıkları çalışmalarında, hem 16s rRNA, hemde COI lokusu için Van ilinden alınan örnekleri *A. m. meda* olarak değerlendirilmiştir. Literatürlerde tespit edilen çalışma ile dizi analizi sonuçları karşılaştırıldığında farklılıklar mevcut bulunmuştur. Çalışma kapsamında elde edilen diziler *A. m. meda*'dan daha çok diğer ırklar ile ortak grup oluşturmuşlardır.

Van ili üzerine yapılan araştırmalardan elde edilen bilgiler ışığında *A. m. meda* ırkının zaman içinde bölgede azaldığı görüşünü yapılan çalışma destekler niteliktedir (Erkan ve Aşkın, 2001). Bu azalmada, arıcıların ana arıları ihtiyaçlarını ülke geneline satış yapan farklı ticari işletmelerden karşılayabilmelerinin etkili olduğu düşünülmektedir. Söz konusu ana arı satışları, genetik varyasyonu ciddi anlamda değiştirmektedir. Benzer şekilde boyutu ve denetim gücü her geçen gün artan gezgin arıcılık da ileride yürütülecek ıslah çalışmalarında kullanılmaları kaçınılmaz olan yerel genotiplerin elden çıkmasına neden olmaktadır. Bu bağlamda çalışma yöresi bal arısı populasyonlarının önceki çalışmalardan farklılık göstermesi kaçınılmazdır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1. Sonuçlar

Tez çalışması kapsamında Van ili Bahçesaray ve Çatak ilçelerine bağlı beş köyden toplam 12 farklı işletmeden temin edilen bal arılarının filogenetik analizleri yapılmış olup gezgin arıcılık yapan işletmelerdeki arı ırkları ile yerli arıcılık yapan işletmelerdeki arı ırkları karşılaştırılmıştır. Bu analizler kapsamında elde edilen sonuçlar aşağıdaki gibidir:

1. Van ilinde örnek alınan gezgin arıcılık yapan işletmeler ile yerli arıcılık yapan işletmelerdeki arı ırkları arasında bir farklılık gözlenmemiştir.
2. NCBI veri bankasından elde edilen farklı *A. mellifera* ırklarının dizileri ile yapılan karşılaştırmalı analizlerde akrabalık yönünden kesin bir yakınlık yargısı çıkarılamamıştır.
3. Yapılan filogenetik analizlerde neighbor- joining ve UPGMA ağacı 3 farklı lokusa göre ayrı ayrı çizilmiştir. NCBI veri bankasında COI lokusu ve ND2 lokusu için araştırmalar sonucu birçok ırkın dizisi olmasına karşın, 16s rRNA lokusu bu konuda yetersiz kalmıştır. Yeterli dizi olmaması analizlerin de verdiği sonucun doğruluğunu etkilemektedir.
4. Genel kanıya göre, Van ili bal arılarının ırkı *A. m. meda* olarak değerlendirilmektedir. Araştırma bulgularına göre, incelenen ilçelerdeki işletmelerde *A. m. meda* ırkında büyük miktarda azalma olduğu görülmüştür.
5. 3 ayrı lokusla gerçekleştirilen bu çalışmada lokuslar birbirleri ile karşılaştırıldığında en az bilgi 16s rRNA bölgesinden alınmıştır.
6. Arı ırklarında meydana gelen bu değişim işletmecilerin ana arı tercihlerinden ve gezgin arıcılığın etkilerinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Ana arı kolay ve ucuz temin ediliş yeri İran iken, şimdilerde durum değişmiştir. Ayrıca işletmeler gezgin arıcılık yaparak ta ana arı değişimi yapmaktadırlar.
7. Sonuç itibarıyla kontrolsüz ana arı satışları ve gezgin arıcılık yöre arı popülasyonları ile gezgin arı popülasyonlarının bir birlerine benzerliklerini artırmıştır.

5.2. Öneriler

Van ilinin bal arısı ırklarının çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla yapılan bu çalışmanın sonucundan hareketle gelecek çalışmalara yönelik belirlenen sonuçlar aşağıdaki gibidir:

1. NCBI gen bankasının çalışılan 3 lokus (COI, 16s rRNA, ND2) açısından zenginleştirilmesi gerekmektedir.
2. ND2 lokusunun çalışılması ileride yapılacak çalışmalarda daha bilgi verici olacağı, 16s rRNA lokusu ile filogenetik karşılaştırmanın yetersiz olduğu tespit edilmiştir.
3. Bu üç lokus açısından veri bankasından alınan çeşitli *A. mellifera* ırkları ile değerlendirme yapılabilmesine karşın, ırk bazında kesin tespit için morfolojik gözlemlerle de deneyler desteklenmelidir.
4. Veri bankalarında Türkiye geneli bal arısı ırkı dizilerinin tür seviyesi için yeteri kadar bilgi olmasına karşın, ırk bazında analiz için gerekli dizi bilgisinde eksiklikler mevcuttur.
5. Yapılan analizlerin doğru bir şekilde değerlendirilebilmesi için çalışmalarda toplanan materyallerin temsil niteliğinde olup olmadığına dikkat edilmelidir. Bunun içinde popülasyon düzeyinde örnek alımının yapıldığı değişik ve birbirinden uzak bölgelerin saptanıp örnekleme varyasyonun artırılmasına çalışılmalıdır.
6. Moleküler düzeyde ise çalışmada kullanılan MTOCH lokuslarına ek olarak diğer polimorfik lokusların da eklenip uygun PCR koşullarında çoğaltım ve dizileme işlemlerinden sonra elde edilen verilere eklenerek tekrardan ileri bir filogenetik analiz ile tekrardan değerlendirilmesi gerekir. Bunda amaç ise MTOCH polimorfik gen dizi bilgilerine göre MTOCH haplotip, haplogruplar ile haplotipler ve diğer *A. mellifera* ırkları arasındaki genetik uzaklık-yakınlıkların belirlenmesidir.
7. Böylece elde edilecek yeni gen dizi bilgilerinin Genetik Veri Bankası'na (NCBI) girilerek gerek uluslararası gerekse de ulusal düzeylerde olacak yerli gen kaynaklarının korunumu, biyoçeşitlilik ve genomik düzeydeki çiftlik hayvanları araştırma çalışmalarına olası katkı yapması düşünülebilir.

6. KAYNAKLAR

- Arias, M.C., Sheppard, W.S., 1996. Molecular phylogenetics of honey bee subspecies (*Apis mellifera* L.) inferred from mitochondrial DNA sequence, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 5(3), 557-566.
- Avise, J.C., Arnold, J., Ball, R.M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J.E., Reeb, C.A., Saunders, N.C., 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics, *Annual reviews ecology systems*, 18: 489-522.
- Bouga, M., Harizanis, P.C., Kiliyas, G., Alahiotis, S., 2005. Genetic divergence and phylogenetic relationships of honey bee *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) populations from Greece and Cyprus using PCR-RFLP analysis of three mtDNA segments. *Apidologie*, 36: 335-344.
- Brinkman, F.S.L., Leipe, D.D., 2001. Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of gene and proteins, Second Edition, 14. chapter, 323-357.
- Brown, T.A., 2013. Gene cloning & DNA analysis, 5. Basım, Bardakçı F., Yenidünya A. F., Yılmaz N., *Blackwell Publishing*, İngiltere, 351.
- Collet T, Arias M.C., Del Lama, M.A., 2007. 16S mtDNA variation in *Apis mellifera* detected by PCRRFLP, *Apidologie*, 38:47-54.
- Croizer, R.H., Croizer, Y.C., 1993. The mitochondrial genome of the honey bee *Apis mellifera*: complete sequence and genome organization, *Genetics*, 133, 97-117.
- Demirsoy, A., 1989. Yaşamın temel kuralları Genel Zooloji, *Hacettepe Üniversitesi Yayınları*, Meteksan Basım evi, Cilt 1, kısım 1.
- Doğaroğlu, M., Doğaroğlu, O.K., 2015. Modern arıcılık teknikleri, 6. Basım, *Anadolu Matbaa*, Tekirdağ, 3.
- Düzgüneş, O., Kesici, T., Gürbüz, F., 1993. İstatistik metodları, *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, Ankara.
- Erkan, C., Aşkın, Y., 2001. Van ili Bahçesaray ilçesi'nde arıcılığın yapısı ve Arıcılık Faaliyetleri, *Tarım Bilimleri Dergisi*, 11(1): 19-28.
- Fakhri, B., 2008. Farklı İran Bal Arısı (*A. mellifera* meda) Populasyonlarında COI COII Mitokondriyel DNA Lokusları Arasında Yer Alan Bölgedeki Genetik Varyasyonun PCR-RFLP Yöntemi İle Belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Ankara, 42-45.
- Farhoud, H.J., Kence, M., 2005. Morphometric and mtDNA Analysis in Honeybee Populations (*Apis mellifera* L.) of North and Northwest Iran, *Proceedings of the Balkan Scientific Conference of Biology*, Plovdiv, Bulgaria, 594-597.
- Fıratlı, Ç., Gençer, H.V., 1995. Dünya Arıcılığı ve Türkiye'nin Yeri. *Türkiye II. Teknik Arıcılık Kongresi* (8-9 Şubat 1994), T.C. Ziraat Bankası Kültür Yayınları No: 28: 20-28, Ankara.

- Franck, P., Garnery, L., Loiseau, A., Oldroyd, B. P., Hepburn, H. R., Solignac, M., Cornuet, J. M., 2001. Genetic diversity of the honeybee in Africa: microsatellite and mitochondrial data, *Heredity*, 86, 420-430.
- Garnery, L., Cornuet, J.M., Solignac, M., 1992. Evolutionary history of the honey bee *Apis mellifera* inferred from mitochondrial DNA analysis. *Molecular Ecology*, 1: 145-154.
- Garnery, L., Solignac, M., Celebrano, G., Cornuet, J.M., 1993. A simple test using restricted PCR amplified mitochondrial DNA to study the genetic structure of *Apis mellifera*. *Experientia*, 49: 1016-1021.
- Gupta, R.K., Reybroeck, W., Van Veen, J.W., Gupta, A., 2014. Beekeeping for Poverty Alleviation and Livelihood Security, *Springer*, 1, 68.
- Hall, H.G., Smith, D.R., 1991. Distinguishing African and European honey bee matrilineages using amplified mitochondrial DNA. *Proceedings of the national Academy of science*, 88: 4548-4552.
- Hamzah, A.J.H., 2013. Irak Bal Arısı Populasyonlarında mtDNA Genetik Varyasyonunun Belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 36-39.
- Han, F., Wallberg, A., Webster, M. T., 2012. From where did the Western honeybee (*Apis mellifera*) originate?, *Ecology and Evolution*, 2(8), 1949–1957.
- Ivanova, E.N., Petrov, P., Bouga, M., Emmanouel, N.G., İvgin Tunca, R., Kence, M., 2010. Genetic Variation in Honey Bee (*Apis mellifera* L.) Populations from Bulgaria, *Journal of Apicultural Science*, 54(2), 51-62.
- İvgin Tunca, R., 2009. Türkiye Bal Arısı (*Apis mellifera* L.) Populasyonlarının Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD) ve Mikrosatellit Analizleri ile Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi ve Karşılaştırılması, Doktora Tezi, *Orta Doğu Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 51-74.
- İvgin Tunca, R., Kence, M., 2011. Genetic Diversity of Honey Bee (*Apis mellifera* L.:Hymenoptera: Apidae) Populations in Turkey Revealed by RAPD Markers, *African Journal of Agricultural Research*, 6(29), 6217-6225.
- Kadıoğlu, A., Demirbağ, Z., Şahin, B., 2005. Temel Biyoloji, 2. Baskı, Trabzon.
- Kandemir, İ., Kence, M., Kence, A., 2000. Genetic and morphometric variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations in Turkey, *Apidologie*, 31, 343-356.
- Kandemir, İ., Meixner, M.D., Özkan, A., Sheppard, W.S., 2006a. Genetic characterization of honey bee (*Apis mellifera cypria*) populations in northern Cyprus, *Apidologie*, 37, 547-55.
- Kandemir, İ., Kence, M., Sheppard, W.S., Kence, A., 2006b. Mitochondrial DNA variation in honey bee (*Apis mellifera* L.) populations from Turkey, *Journal of Apicultural Research*, 45:1, 33-38.
- Karakaş, E.G., 2013. Genetic Impact of Migratory Beekeeping: Genetic Variation Between Stationary and Migratory Populations of Honey Bee (*Apis mellifera* L.) in Turkey, Yüksek Lisans Tezi, *Orta Doğu Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 29.

- Kauhausen- Keller, D., Ruttner, F., Keller, R., 1997. Morphometric studies on the microtaxonomy of the species *Apis mellifera* L., *Apidologie*, 28 (5), 295-307.
- Kekeçođlu, M., 2007. Türkiye Bal Arılarının mtDNA ve Bazı Morfolojik Özellikleri Bakımından Karşılaştırılmasına Yönelik Bir Araştırma, Doktora Tezi, *Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 113-118.
- Kekeçođlu, M., Bouga, M., Soysal, M.I., Harizanis, P., 2009. Genetic divergence and phylogenetic relationships of honey bee populations from Turkey using PCR-RFLP analysis of two mtDNA segments. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 15, 589–597.
- Kekeçođlu, M., Bouga, M., Sosyal, M.I., Harizanis, P., 2009. Genetic Divergence and Phylogenetic Relationships of Honey Bee Populations from Turkey Using PCR-RFLP's Analysis of Two mtDNA Segments, *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 15 (6), 589-597.
- Kence, A., 2006. Türkiye balarılarında genetik çeşitlilik ve korunmasının önemi, *Uludağ arıcılık dergisi*, 25-32.
- Klug, W.S., Cummings, M.R., Spencer, C. A., 2011. Concepts of genetics, 8. Baskı, Öner C., Sümer S., Öner R., Öğüş, A., Açık, L., *Pearson education*, Amerika, 220-226.
- Kozmus, P., Jevrosima, S., Stanimirovic, Z., Stojic, V., Kulisic, Z., Meglic, V., 2007. Analysis of mitochondrial DNA in honey bees (*Apis mellifera*) from Serbia, *Acta Veterinaria*, 57(5-6), 465-476.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. MEGA: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33,1870-1874.
- Kükre, M., 2013. Mikrosatelit İşaretleyiciler Temelinde Türkiye Bal Arısı Toplumlarının Genetik Çeşitliliđi: Göçer ve Sabit Arılıklar ile Yalıtılmış Bölgeler ve Göçer Arıcılıđa Açık Bölgeler Arasında Bir Karşılaştırma, Yüksek Lisans Tezi, *Orta Dođu Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 21-38.
- Madigan, M. T., Martinko, J.M., 2010. Brock biology of microorganisms, Cumhur Çökmüş, 11. Baskı, *Pearson education*, Amerika, 27, 307, 452.
- Martimianakis, S., Klossa-Kilia, E., Bouga, M., Kiliyas, G., 2011. Phylogenetics relationships of Greek *Apis mellifera* subspecies based on sequencing of mtDNA segments (COI and ND5), *Journal of Apicultural Research*, 50(1), 42-50.
- Nedić, N., Stanisavljević, L., Mladenović, M., Stanisavljević, J., 2009. Molecular characterization of the honeybee *Apis mellifera carnica* in Serbia, *Archives of Biological Science Belgrade*, 61(4), 587-598.
- Özdil, F., Yıldız, M.,A., 2008. Mitokondriyal DNA sitokrom c oksidaz I ile II arasındaki intergenik bölge (COI-COII intergenik bölge) bakımından Türkiye bal arısı popülasyonlarının tanımlanması, *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22(45), 46-51.

- Özgül, F., Fakhri, B., Meydan, H., Yıldız, M. A., Hall, H.G., 2009a. Mitochondrial DNA variation in the CoxI-CoxII intergenic Region among Turkish and Iranian Honey Bees (*Apis mellifera* L.), *Biochemical genetics*, 47, 717-721.
- Özgül, F., Yıldız, M.,A., Hall, H.G., 2009b. Molecular characterization of Turkish honey bee populations (*Apis mellifera*) inferred from mitochondrial DNA RFLP and sequence results, *Apidologie*, 40, 570-576.
- Özgül, F., Aytekin, İ., İlhan, F., Boztepe, S., 2012a. Genetic variation in Turkish honeybees *Apis mellifera anatoliaca*, *A. m. caucasica*, *A. m. meda* (Hymenoptera: Apidae) inferred from RFLP analysis of three mtDNA regions (16s rRNA-COI-ND5), *European Journal of Entomology*, 109, 161-167.
- Özgül, F., İlhan, F., 2012b. Phylogenetic relationship of Turkish *Apis mellifera* subspecies based on sequencing of mitochondrial cytochrome C oxidase I region, *Genetics and Molecular Research*, 11(2), 1130-1141.
- Özgül, F., İlhan, F., 2012c. Diversity of *Apis mellifera* subspecies from Turkey revealed by sequence analysis of mitochondrial 16s rRNA region, *Biochemical genetics*, 50, 748-760.
- Palmer, M.R., Smith, D.R., Kaftanoğlu, O., 2000. Turkish honeybees: genetic variation and evidence for a fourth lineage of *Apis mellifera* mtDNA, *Journal Heredity*, 91(1), 42-46.
- Rahimi, A., 2015. Study of the Genetic Diversity of Iranian Honey Bee (*Apis mellifera meda* Skorikow, 1829) Populations Using the mtDNA COI-COII Intergenic Region, *Biologija*, 61(2), 54-59.
- Rúa, P.D.L., Galián, J., Serrano, J., Moritz, R.F.A., 2001. Genetic structure and distinctness of *Apis mellifera* L. Populations from the Canary Islands, *Molecular Ecology*, 10, 1733-1742.
- Ruttner, F., Tassencourt, L., ve Louveaux, J., 1978. Biometrical statistical analysis of the geographic variability of *Apis mellifera* L., *Apidologie*, 9 (4), 363-381.
- Ruttner, F., 1988. Biogeography and taxonomy of honeybee, *Spriger-Verlag*, Berlin, 284.
- Sheppard, W.S., Arias, M.C., Grech, A., Meixner, M.D., 1997. *Apis mellifera ruttneri*, a new honey bee subspecies from Malta. *Apidologie*, *Springer Verlag*, 28 (5) 287-293.
- Sheppard, W.S., Meixner, D., 2003. *Apis mellifera pomonella* a new honey bee subspecies from Central Asia, *Apidologie*, 34, 367-375.
- Silici, S., 2011. Bal arısı biyolojisi ve yetiştiriciliği, *Efil Yayınevi*, Kayseri, 152.
- Smith, D.R., 2002. Genetic Diversity in Turkish Honey Bees, *Apicultural Research*, 10-17.
- Solorzano, C.D., Szalanski, A.L., Kence, M., McKern, J.A., Austin, J.W., Kence, A., 2009. Phylogeography and population genetics of honey bees (*Apis mellifera*) from Turkey based on COI-COII sequence data, *Sociobiology*, 53(1), 237-246.

- Tanaka, H., Roubik, D.W., Kato, M., Liew, F., Gunsalam, G., 2001. Phylogenetic position of *Apis nuluensis* of northern Borneo and phylogeography of *A. cerana* as inferred from mitochondrial DNA sequences. *Insect Sociaux*, 48, 44–51.
- Techer, M.A., Clémencet, J., Turpin, P., Volbert, N., Reynaud, B., Delatte, H., 2015. Genetic characterization of the honeybee (*Apis mellifera*) population of Rodrigues Island, based on microsatellite and mitochondrial DNA, *Apidologie*, 46:445-454.
- Tozkar, C. Ö., Kence, M., Kence, A., Huang, Q., Evans, J.D., 2015. Metatranscriptomic analyses of honey bee colonies, *Frontiers in genetics*, 6(100), 1-12.
- Wallberg, A., Han, F., Wellhagen, H., Dahle, B., Kawata, M., Haddad, N., Simões, Z. L. P., Allsopp, M. H., Kandemir, I., De la Rúa, P., Pirk C. V., Webster, M. T., 2014. A worldwide survey of genome sequence variation provides insight into the evolutionary history of the honeybee *Apis mellifera*, *Nature genetics*, 46(10), 1081-1088.
- Url-1 BAYBİR, <<http://www.baybir.org/icerik/20/ariciligin-tarihcesi.html>>, [Ziyaret tarihi: 12 08 2015].
- Url-2 Antik Sikkeler, <http://antikparalar.blogspot.com.tr/2015/04/efes-sikkeleri-klasik-ve-helenistik_29.html>, [Ziyaret tarihi: 12 08 2015].
- Url-3 Ordu Ticaret Borsası, <[http://www.ordutb.org.tr/pdf/aricilik_son\(_2013\)\(1\).pdf](http://www.ordutb.org.tr/pdf/aricilik_son(_2013)(1).pdf)>, [Ziyaret tarihi: 6 12 2016].
- Url-4 Scientific Beekeeping, <<http://scientificbeekeeping.com/whats-happening-to-the-bees-part-3>>, [Ziyaret tarihi: 25 08 2015].
- Url-5 Mitochondria: Understanding its Structure and Functions [Online], <<http://www.buzzle.com/articles/mitochondria-structure-and-functions.html>>, [Ziyaret tarihi: 31 08 2015].

EKLER

EK-1 Örneklerin Dizi Bilgileri (COI lokusu)

1 COI:

ATNTAGTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAA
TATTATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTA
ATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTA
TTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAA
TAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGT
AAATAGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATATTTAATTTAAT
TTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTTGGTA
CAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAA
TCCGACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAAT
TCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTCTC
TTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAATTA
ATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAATTGG
ATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAATTTTCGATCAAAT
AATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAA
ATTGCTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTA
TAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAAGTTAATGATCCTATA
ATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTACTGAA
GGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTTCATCCA
GTTCTGGTCTTGGATAAAATAAA

5 COI:

ATTTTATTTCTTCCGGGTTTTTATTATATATAATTTTTTTGTTGCTAAGTGTG
TATAGNTNAGTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCA
ATAAATATTATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATC
CAGTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTG
CACCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCAN
GAAGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACC
AATAGTAAATAGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATATTTAA
TTTTAATTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTG
TTGGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAAC
ATCTAATCCGACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAA
TCCAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTT
TTCTCTTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAAT
TAAATATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAG
AATTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAATTTCGA
TCAAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTA
ATAAAATTGCTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCAT
AATTTATAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAAGTTAATGAT
CCTATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCT
ACTGAAGGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTT

CATCCAGTTCCTGGTCTTGGATAAANNAANTTNTTAATAAAGTATAATATGA
GGGGGAAAATAATAAAAGGGGGGGGGG

13 COI:

TAGANTGTAGTCTTAAAAAATGTTGAGGAAAGANAGTTAGATTTACTCCAA
TAAATATTATAATAAATTGAANTTTTAATCATNTAATATTTNATAATAATCC
AGTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGC
ACCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATG
AAGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCA
ATAGTAAATAGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAAATTGAAATATTTAATT
TTAATTTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAAACTTTAATTCCTGTT
GGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACAT
CTAATCCGACTGTAAATATATGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATC
CAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTT
CCTCTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAATAA
AAATATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAA
TTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAAATTTTCGATC
AAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAAT
AAAATTGCTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAA
TTANAGAAAAATTTNNTATTANNNTANNNNNACTATTAAGTNTAATGNT
CCTATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAANTTGCAAAATCT
ANNGAAGGNGANGANTGATATAAATATGNNNATAANGGTGNANATACTGT
TCATANCAGNNCNGGTNNNGGNNANAATAAANTNCTNANTAA

18 COI:

TCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAATATTAT
AATAAATTGAATTTTAAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTAATTAAT
GGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTATTGAA
AGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAATAATA
TCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGTAAATA
GTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAAATTGAAATATTTAATTTTAAATTTTGA
ACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAAACTTTAATTCCTGTTGGTACAGCA
ATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAATCCGA
CTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAATTCCTA
ATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTTCCTCTTTCA
TTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAATAAATAAATATAG
ACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAATTGGATCT
CCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAAATTTTCGATCAAATAATA
GTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAAATTGC
TGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTATAGA
AAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACCTATTAAGTTAATGATCCTATAATTG
AGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAATTGCAAAATCTACTGAAGGTG
AAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTTCATCCAGTTCC
TGGTCTNGGATAAAAATAAA

25 COI:

ATTTAATTTTTTAAAATTTTTTTTTTATATATATGGGTGTAATATTGTAAGNG
NGNNNAGATNTAGNNCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTC
CAATAAATATTATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAA
TCCAGTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACT
GCACCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCA
TGAAGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCAC
CAATAGTAAATAGTATAATAAAAACCTAGTGATCATAAAAATTGAAATATTTA
ATTTAATTTTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCT
GTTGGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAA
CATCTAATCCGACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAAACCTAGAA
ATCCAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTT
TTTCCTCTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAA
TTAAATATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAA
GAATTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAATTTTCG
ATCAAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATT
AATAAAATTGCTGTAATAAAAACCTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCA
TAATTTATAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAAGTTTAATGA
TCCTATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATC
TACTGAAGGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGT
TCATCCAGTTCCTGGTCTTGGATAAAAATAAATTTCTTAATNAAAGTATAATT
ATGAGGGGGGAGGAATAACAAACACGGGGGAAGGGGGGCGAA

26 COI:

AGGGGAATTTTTAAAATTGGGGTTTTATATATATTTGGGTATAGGGGTCTAAG
TNGNGGTATAGATATTAGTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATT
TACTCCAATAAATATTATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATA
ATAATCCAGTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAA
ATACTGCACCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATG
TATCATGAAGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAA
TCCACCAATAGTAAATAGTATAATAAAAACCTAGTGATCATAAAAATTGAAAT
ATTTAATTTTTAATTTTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTA
ATTCCTGTTGGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAG
TATCAACATCTAATCCGACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAAACC
TAGAAATCCAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATT
TCTTTTTTTCCTCTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGG
TAAAATTAATAAATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTG
ATAAAGAATTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTA
ATTTTCGATCAAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGAT
ATAATTAATAAAAATTGCTGTAATAAAAACCTGATCATGGAAATAATGAAATT
TGGTCATAATTTATAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAAGTT
TAATGATCCTATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGC
AAAATCTACTGAAGGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATA
TACTGTTTCATCCAGTTCCTGGTCTTGGATAAAAATAAATNNNTNATNNAATA
TAATATGGGGGGGGGGGAAAATACACAAAAAACCAAAACATTTAAAA

32 COI:

TTAAAAGTTTTTTTTATATTGTGGGGGTTGCTGATAGTNGNGNATAGAATNT
AGNNCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAATATT
ATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTAATTA
ATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTATTGA
AAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAATAAT
ATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGTAAAT
AGTATAATAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATATTTAATTTTTAATTTTG
AACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTTGGTACAGC
AATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAATCCG
ACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAATTCCT
AATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTTCTCTTTTC
ATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAATTTAAAATATA
AACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAATTGGATC
TCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGATCAAATAAT
AGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAAAATTG
CTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTATAG
AAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACCTATTAAGTTTAATGATCCTATAATT
GAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTACTGAAGGT
GAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTTCATCCAGTTC
CTGGTCTTGATAAAAATAANTTTCTNAANAAAAGTATAATATGAGGGGGGG
GAGGTAATATACAAAGGGGAACTGTAAATAAAAAAATTATGGTT

33 COI:

ATCGCGGTTTTTTTTATATTGTGGGGGTTGCTATAGTCGTGTATANATNTAGT
CCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAATATTATA
ATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTAATTAATG
GATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTATTGAAA
GAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAATAATAT
CAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGTAAATAG
TATAATAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATATTTAATTTTTAATTTTGAA
CCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTTGGTACAGCAA
TGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAATCCGAC
TGTAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAATTCCTAAT
ATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTTCTCTTTTCATT
ATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAATTTAAAATATAAACT
TCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAATTGGATCTCCA
CCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGATCAAATAATAGTA
TAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAAAATTGCTGT
AATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTATAGAAAA
ATTTTTTATTATTATAATTGTAACCTATTAAGTTTAATGATCCTATAATTGAGG
AAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTACTGAAGGTGAAG
AATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTTCATCCAGTTCCTGG
TCTTGGATAAAAATAAATNTNTNAANNAAGTATAATATGAGAGGGGGGGG
ATATACACAAGGGGGGAGTGGTTTGATTAGGGAGGTGGAGTGT

42 COI:

AATTGTTTTTTATTTATTTTATTTTTTAAAAATTAAAGNNNGGTATAGATATT
AGTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAATATT
ATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTAATTA
ATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTATTGA
AAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAATAAT
ATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGTAAAT
AGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATATTTAATTTTTAATTTTG
AACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTTGGTACAGC
AATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAATCCG
ACTGTAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAATTCCT
AATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTTCTCTTTC
ATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTA AAAATTA AAAATATA
AACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGATAAAGAATTGGATC
TCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTA AAAATTT CGATCAAATAAT
AGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAAAATTG
CTGTAATAAAAACCTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTATAG
AAAAATTTTTTATTATTATAATTGTA ACTATTAAGTTAATGATCCTATAATT
GAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTACTGAAGGT
GAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTT CATCCAGTTC
CTGGTCTTGGATAAAAATAAATNTNNAATNNAAGTATAATTATGAGGAGGG
GAAATTATCAAAGGGGGGGTTAGAGAAGTGAGGGA

44 COI:

GCCGGGGGCGGCCCGCCCCCCTTTTTATATGTGGGGGATTGTGATAAGTC
GTGGTANANANATTAGTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTA
CTCCAATAAATATTATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAAT
AATCCAGTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAAT
ACTGCACCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTA
TCATGAAGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATC
CACCAATAGTAAATAGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAATTGAAATAT
TTAATTTTTAATTTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATT
CCTGTTGGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTAT
CAACATCTAATCCGACTGTAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTA
GAAATCCAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCT
TTTTTTCTCTTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTA
AAATTA AAAATATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAATAAATGTTGAT
AAAGAATTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTA AAAAT
TTCGATCAAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATAT
AATTAATAAAAATTGCTGTAATAAAAACCTGATCATGGAAATAATGAAATTTG
GTCATAATTTATAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTA ACTATTAAGTTTA
ATGATCCTATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAA
AATCTACTGAAGGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATA
CTGTT CATCCAGTTCCTGGTCTTGGATAAAAATAANTNCTTAANAAAAGTATA
TATGGAGGGGGGGTTATATATAAAAACCAAAATTTCCGTCTCTAAGAAAA
ACTTAAA

45 COI:

TCTCTTTTTGCGTCTTTTTTTTTATATGGTGGGGGAGGTGATACGTTCGTGTATA
GATNNTAGTTCCTAAAAAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAAT
AAATATTATAATAAATTGAATTTTTANTCATTTAATATTTAATAATAATCCA
GTAATTAATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCA
CCTATTGAAAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGA
AGAATAATATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAA
TAGTAAATAGTATAATAAAACCTAATGATCATAAAAATTGAAATATTTAATTT
TAATTTTGAACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTT
GGTACAGCAATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACAT
CTAATCCGACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATC
CAATTCCTAATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTT
CCTCTTTCATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAATTA
AAATATAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAAATAAATGTTGATAAAGAA
TTGGATCTCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAATTCGATC
AAATAATAGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAAT
AAAATTGCTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAA
TTTATAGAAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAATTTAATGATCC
TATAATTGAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTAC
TGAAGGTGAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTCA
TCCAGTTCCTGGTCTTGGATAAAANAAANTTCTTAATTAAGTATAATTATG
AGGAGGGGAAGTTACAAAGGGGGGGGAGGGGGGGGAAACCCAAGTG

55 COI:

TTTCCCCTTTTTTATATTGGGGGGGATTGTGAAACGTCGTGGTATANATATT
AGNNCTAANAATGTTGAGGAAAGAAAGTTAGATTTACTCCAATAAATATT
ATAATAAATTGAATTTTTAATCATTTAATATTTAATAATAATCCAGTAATTA
ATGGATATCAATGAATAAATCTTGAAATAATTGCAAATACTGCACCTATTGA
AAGAACATAATGAAAATGTCCAACAACGTAATATGTATCATGAAGAATAAT
ATCAATAGAAGAATTTGATAATATAATTCCTGTTAATCCACCAATAGTAAAT
AGTATAATAAAACCTAGTGATCATAAAAATTGAAATATTTAATTTTAATTTG
AACCATGATAAGTTGCTAATCATCTAAAACTTTAATTCCTGTTGGTACAGC
AATGATTATTGTTGCTGAAGTAAAATATGCTCGAGTATCAACATCTAATCCG
ACTGTAAATATGTGATGTGCTCAAACAATAAAACCTAGAAATCCAATTCCT
AATATTGCATAAATTATTCTTAAATTACCAAAAATTTCTTTTTTTCTCTTTC
ATTTATTACAATATGAGAGATTAATCCAAATCCAGGTAAAATTAATAATA
AACTTCTGGATGACCAAAAAATCAAAATAAATGTTGATAAAGAATTGGATC
TCCACCTCCTATAGGATCGAAAAATGATGTATTAATAATTTTCGATCAAATAAT
AGTATAGTAATTGCTCCAGCTAATACAGGTAATGATATAATTAATAAAAATTG
CTGTAATAAAAACTGATCATGGAAATAATGAAATTTGGTCATAATTTATAG
AAAAATTTTTTATTATTATAATTGTAACTATTAAGTTTAATGATCCTATAATT
GAGGAAATTCCTGATATATGAAGAGAAAAAATTGCAAATCTACTGAAGGT
GAAGAATGATATAAATATGCTGATAATGGTGGATATACTGTTTCATCCAGTTC
CTGGTCTTGGATAAAATAANTNNNTAATAAAAAGTATAATATGAGAGGGGA
AGGATATACACAAAGGTAGGTGGGGTTGTGTAAAGGGAAAAGGAGGGTGG
TAT

EK-2 Örneklerin Dizi Bilgileri (16s rRNA lokusu)

5-16s rRNA:

ATGAGTATATTCCCCCACACACCGGGGGGGGGTCGACATTTTATCTATATGG
TCNATCAAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAATTA
CAATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAATTAATCTTAAATAAA
GTTTATTAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTTAT
TAAAATTATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGGGTCTTATCG
TCCCATAATTAATTTTAGAATTTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAATAA
TTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTCATACAATTCTTCAATTAATA
GACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAAAA
TAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTTTG
ATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATAACA
AATATCATTATAAAATATAACTTTTACTAATCTAATCATTATTTCTATATT
TTATTAATTAATAATAAATTTTATAGAAAAATAAAATATAAATTTAAATC
ATTATTAATTTATAAATATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAAGAAAAAT
ATTATCTCTATAACATTAATAAATTAATAAATTTTATCTTAAATTTATAG
ATTATCCCATAAATTTTAAATATAAAATTAATAAATTAATAAATTTAA
TTTACTAAAATAATTATATCTAAATTAATTTATTTCTAAAAAACTAGATA
TTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTATTG
CTACAAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTNAAAA
TCATTAATAATTTTATCACTAGAAGAAAAGGGGAGAGAACAAAAGGGGGT
GGGGGGGGGGGGGGGGGGT

8 -16s rRNA:

GCGTTTCGGCTATTTTTCTTTCTACACTGGGGGGGGTCACATCTTATCTATAN
GGTCTATCAAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTAAT
TACAATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAATTAATNTTAAATA
AAGTTTATTAAATTTACCCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATA
TTTATTAATAAATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGGGTCT
TATCGTCCCATAATTAATTTTAGAATTTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTA
ATAATTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTCATACAATTCTTCAAT
AAAAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTT
AAAATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGT
TTTTGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAA
TACAAAATATCATTATAAAATATAACTTTTACTAATCTAATCATTATTTCT
ATATTTTATTAATTAATAAATAAATTTTATAGAAAAATAAAATATAAATTT
AAATCATTATTAATTTATAAATATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAAGA
AAAATATTATCTCTATAACATTAATAAATTAATAAATTTTATCTTAAAT
TTATAGATTATCCCATAAATTTTAAATATAAAATTAATAAATTTAAATAAA
ATTTAATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTAATTTATTTCTAAAAAAC
TAGATATTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATT
TTATTGCTACAAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATAT
TNAAAATCATTAAATAAATTTAATCACCTACAGCAAAAGAGAGACAAAAA
GAAAGGGGGGGGGGGTGGGGGGGGGGCGGG

13 -16s rRNA:

GTCTATCAAAAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAATT
ACAATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTAATCTTAAATAA
AGTTTATTAAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTTA
TTAAAATTATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGGGTCTTATC
GTCCATAATTAATTTTAGAATTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAATA
ATTTAGAGACAGTTATTATTTCATTAAATTCCTTTCATACAATTCTTCAATTA
AGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAAA
ATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTTT
GATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATACA
AAATATTATTATAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATAT
TTTATTAATTAATAAATAAATTTTATAGAAAAATAAATAAATAAATTTAAAT
CATTATTAATTTATAAATATTAATTTAAATTTAAATTTAAAGAAAA
TATTATCTCTATAACATTAAAAATTAATTTAAATTTTATCTTAAATTTATA
GATTATCCATAAATTTTAAATATAAAAAATTAATAAATTAATAAATAAATTTA
ATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTAATTTATTTCTAAAAAACTAGAT
ATTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTATT
GCTACAAAAAAATAAATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAAA
ATCAT

18 -16s rRNA:

AAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAATTACAATTTA
TAANTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTAATCTTAAATAAAGTTTATT
AAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTTATTAAAAT
TATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGGGTCTTATCGTCCCAT
AATTAATTTTAGAATTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAATAATTTAGA
GACAGTTATTATTTCATTAAATTCCTTTCATACAATTCTTCAATTAAGACAAT
TTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAAAATAATTC
ATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTTTGATAAA
CAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATACAAAATAT
CATTATAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATATTTTATT
AATTAATAAATAAATTTTATAGAAAAATAAATAAATAAATTTAAATCATTAT
TAATTTATAAATATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAAGAAAAATATTAT
CTCTATAACATTAAAAATTAATTTAAATTTTATCTTAAATTTATAGATTAT
CCCATAAATTTTAAATATAAAAAATTAATAAATTAATAAATAAATTTAATTTAC
TAAAATAATTATATCTAAATTAATTTATTTCTAAAAAACTAGATATTAAT
AAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTATTGCTACA
AAAAAAATAAATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATAT

25 -16s rRNA:

AAAAGATATTACGCTGTTATNNCTAAGGTAATTTATTCTTTTAATTACAATT
TATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTANATCTTAAATAAAGTTTA
TTAAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATNTTTATTAAA
ATTATAAATAAATTTAAAAATTAANTTAATTTCTATAGGGTCTTATCNTCCC
ATAATTAATTTTAGAATTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAATAATTTA

GAGACNGTTATTATTTTCATTAATTCTTTTCATACAATTCTTCAATTA AAAAGAC
AATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAAAATAA
TTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTTTGATA
AACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATACNAAAT
ATCANTATAAAAANATAACTTTATTACTAATCTAATCATTANTTCTATATNTT
ATTAATTA AAAATATAAAATTTTTATAGANAAAATAAAAATATAAAATTTAAATCAT
TATTAATTTATAAAATATTA AATTATTA AATTATTA AAAATTA AAGANAAATAT
TATCTCTATAACATTA AAAAATTA AAAATTA AATTTTTATCTTAAATTTATAGAT
TATCCCATAAATTTTTAATATAAAAATTANTA

26 -16s rRNA:

GGTCTATCAAAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAAT
TACAATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTA AATCTTAAATA
AAGTTTATTAAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTT
ATTA AAAATTATAAAATAAATTTAAA AATTA AATTA AATTTCTATAGGGTCTTAT
CGTCCCATAATTA AATTTTAGAATTTTAACTAAA AATTTAAATTCATTTAAT
AATTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTTCATACAATTCTTCAATTA
AAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAA
AATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACNGGACATGTTTT
TGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATAC
AAAATATCATTATAAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATA
TTTTATTAATTA AAAATATAAATTTTTATAGAAA AATAAAAATATAAATTTAAA
TCATTATTAATTTATAAAATATTA AATTATTA AATTTAA AATTA AAGAAAA
ATATTATCTCTATAACATTA AAAAATTA AAAATTA AATTTTTATCTTAAATTTAT
AGATNATCCCATAAATTTTTAATATAAAA AATTA AATAAATTA AAAATAAAAATTT
AATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTA AATTTATTTCTAAAA AACTAGA
TNTTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTAT
TGCTACAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAA
AATCAT

32 -16s rRNA:

ATCAAAAGATATTNCGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAATTACA
ATTTATAATTCAAAAAATTATCTTTATATCAAAATTA AATCTTAAATAAAGT
TTATTAAATTTACCCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATTTAT
TAAAATTATAAATAAATTTAAA AATTA AATTA AATTTCTATAGGGTCTTATCG
TCCCATAATTA AATTTTAGAATTTTAACTAAA AATTTAAATTCATTTAATAA
TTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTTCATACAATTCTTCAATTA AAA
GACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAAA
TAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTTTG
ATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATACAA
AATATCATTATAAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATATT
TTATTAATTA AAAATATAAATTTTTATAGAAA AATAAAAATATAAATTTAAATC
ATTATTAATTTATAAATATTA AATTATTA AATTTAA AATTA AAGAAAAAT
ATTATCTCTATAACATTA AAAAATTA AAAATTA AATTTTTATCTTAAATTTATAG
ATTATCCCATAAATTTTTAATATAAAA AATTA AATAAATTA AAAATAAAAATTTAA
TTACTAAAATAATTATATCTAAATTA AATTTATTTCTAAAA AACTAGATA

TTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTATTG
CTACAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAAAA
TCATTAATAAA

33 -16s rRNA:

AAATTTATCCCCTTGGGGCCTTCCCTCCACACAGGGGGGGGGTTCGACTCTT
ATCTANNTGNTNANNANNAGATNNTNCGNGTGNTATNCNNANCGGTANTT
TATTCTTTTAATTACNATTNATAATTCAAAAAATTATCNTTATNNCANAATT
ANATCTTANATAANGTTTATTANATTTACNNTCCTCCCAATCANATTTAAT
CTTAAATNTNTTTATTA AAAATNATNNATAANTTTANNNATTAANTTANATTC
TANAGGGTCTTNNNGTCCCNTAANTANNTTTTANAATTTTAACTANNAATTT
NNNTTCNTTTAANAATTTAGAGACNGTTNTNATTTTCANTAATTCTTTCATAC
AATTCTTCAATTA AAAAGACNNTTTATTATGCTACCTTTGTNCNGTCAACATA
CTGCAGCTNTTTAANATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAANATTATAATCA
ACAGGACATGTTTTTGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTT
AAATTATATAATACANAATATCATTATAAAAATATANCTTTATNACTAATCTA
ATCATTATTTCTATANNTTATTAATTA AAAATATAAATTTTTATAGAANAATA
AAANATAAATTTAAATCATTATTAATTTATAAATATTA AATTATTA AATTAT
TAAAATTAAGANNAANATTATCTCTATNACATTA AAAAATNNNATTA AAT
TTTTATCNNAATTTATAGANNATCCCATAAATTTTTAATATA AAAAATTAAT
AAATTA AAAATA AAAATTTAATTTACTAAAATAATTATATCTNAATTANATTTA
TNTCTAANANA ACTAGATATNANNAAGTTCGTNTAACATTTAANTTCTAAA
NCNATATTTATAANTTTATNGCTACANAAAANAANANTATNAATTTNGCTCC
NNTATTTTCGAGANNTTAANANCATAANNAATNAGATCAACCGGATAGAAG
GTACAGGGCGGGGGGGGGTGGCCGGCGGGCGGGGGGGCGGCTGCGCGGC
CGGGGGGGGGCGGGCGGGGTGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGT

44 -16s rRNA:

GGTCTATCAAAGATATTACGCTGTTATCCCTAAGGTAATTTATTCTTTTAAT
TACAATTTATAATTCAAAAAATCATCTTTATATCAA AATTAAATCTTAAATA
AAGTTTATTA AATTTACCCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATT
TATTA A AATTATAAATAAATTTAAAAATTA AATTAAATCTATAGGGTCTTA
TCGTCCCATAATTA AATTTTAGAATTTTAACTAAA AATTTA AATTCATTTAAT
AATTTAGAGACAGTTATTATTTCAATTAATTCTTTCATACAATTCTTCAATTA
AAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAA
AATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAA AATTATAATCAACAGGACATGTTTT
TGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATTCCTTTA AATTATATAATAC
AAAATATCATTATA AAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATA
TTTTATTA AATTA AAAATATAAATTTTTATAGAAA AATA AAAATATA AATTTAAA
TCATTATTA AATTTATAAATATTA AATTTA AATTTA AATTTA AATTTA AAGAAAA
ATATTATCTCTATAACATTA AAAAATTA AAAATTA AATTTTTATCTTAAATTTAT
AGATTATCCCATAAATTTTTAATATA AAAAATTA AATA AATTA AAAAATA AATTT
AATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTA AATTTATTTCTAAAAA AACTAGA
TATTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTAT
TGCTACAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAA
AATCATTA

45 -16s rRNA:

AATAAAGTTTATTTAAATTTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAA
TATATTTATTTAAAATTATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGG
GTCTTATCGTCCATAATTAATTTTAGAATTTTAACTAAAAATTTAAATTC
ATTTAATAATTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTCATACAATTCTT
CAATTAAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGC
TATTTAAAATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAATAGGAC
ATGTTTTTGATAAACAGGTGAATAATATAATTTGCCGAATTCCTTTAAATTAT
ATAATACAAAATATCATTATAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATT
TTTCTATATTTTATTAATTTAAAATATAAATTTTTATAGAAAAATAAAATATA
AATTTAAATCATTATTAATTTATAAATATTAATTTAATTTAATTTAATTTAAAT
AAAGAAAAATATTATCTCTATAACATTAAAAATTTAAAATTTAATTTTTATCT
TAAATTTATAGATTATCCATAAATTTTTAATATAAAAATTAATAAATTTAAA
ATAAAATTTAATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTTAATTTATTTCTAAA
AAAAGTAGATATTAATAAGTTCGTTAACATTTAATTTCTAAATCTATATTT
ATAATTTTATTGCTACAAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCG
AGATATTTAAAATCATNAAATAAATTTTTAATCAACCCTGAACCGAAAAGTA
AAACGGGAGGTGGTTGGGGGGGGGGGCGCTGG

52 -16s rRNA:

AAGTTTATTTAAANNTACCAATCCTCCCAATCAAATTTAATCTTAAATATATT
TATTAATTTATAAATAAATTTAAAAATTAATTAATTTCTATAGGGTCTTA
TCGTCCATAATTAATTTTAGAATTTTAACTAAAAATTTAAATTCATTTAAT
AATTTAGAGACAGTTATTATTTTCATTAATTCTTTCATACAATTCTTCAATTAA
AAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCAACATACTGCAGCTATTTAA
AATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTATAATCAACAGGACATGTTTT
TGATAAACAGGTGAATAATATAATTTGCCGAATTCCTTTAAATTATATAATAC
AAAATATCATTATAAAATATAACTTTATTACTAATCTAATCATTATTTCTATA
TTTTATTAATTTAAAATATAAATTTTTATAGAAAAATAAAATATAAATTTAAA
TCATTATTAATTTATAAATATTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAGAAAA
ATATTATCTCTATAACATTAAAAATTTAAAATTTAATTTTTATCTTAAATTTAT
AGATTATCCATAAATTTTTAATATAAAAATTAATAAATTTAAAATTTAATTT
AATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTTAATTTATTTCTAAAAAACTAGA
TATTAATAAGTTCGTNTAACATTTAATTTCTAAATCTATATTTATAATTTTAT
TGCTACAAAAAAATAATATAAATTTAGCTCCCTTATTTTCGAGATATTTAA
AATCATTAAANTNATTTTATCACCGAAAGGAGAGGGGAGAGACACAAGGGA
GGTTGGGGAGAGAAAAAGTTT

55 -16s rRNA:

GGTCTATCAAAAAGATATCTACGCTGTTATTCCCCTAAGGGTAATTTATTTT
TTTTAATTACAAAATTTATAAATTCAAAAAATTATCTTTTATATCAAAA
TTAAATCTTTAAATAAAGTTTATTAAAATTTACCAATCCTCCCAATCAA
TTAATCTTAAATATATTTATTAAAATTATAAATAAATTTAAAAATTAATTT
AAATTTCTATAGGGTCTTATCGTCCATAATTAATTTTAGAATTTTAACTAA

AAATTTAAATTCATTTAATAATTTAGAGACAGTTATTATTTCATTAATTCCTTT
CATACAATTCTTCAATTTAAAAGACAATTTATTATGCTACCTTTGTACAGTCA
ACATACTGCAGCTATTTAAAATAATTCATTGAGCAGATCGACCTAAAATTAT
AATCAACAGGACATGTTTTTGATAAACAGGTGAATAATATATTTGCCGAATT
CCTTTAAATTATATAATACAAAATATCATTATAAAAATATAACTTTATTACTA
ATCTAATCATTATTTCTATATTTTATTAATTTAAAATATAAATTTTTATAGAAA
AATAAAAATATAAATTTAAATCATTATTAATTTATAAATATTAATTATTTAAA
TTATTTAAAATTAAGAAAAATATTATCTCTATAACATTTAAAATTTAAAATTA
AATTTTTATCTTAAATTTATAGATTATCCCATAAATTTTTAATATAAAAATTA
ATAAATTTAAAATAAAATTTAATTTACTAAAATAATTATATCTAAATTTAAATT
TATTTCTAAAAAACTAGATATTAATAAGTTCGTTTAAACATTTAATTTCTAA
ATCTATATTTATAATTTTATTGCTACAAAAAAAATAATATAAATTTAGCTCC
CTTATTTTCGAGATATTTAAAATCAT

EK-3 Örneklerin Dizi Bilgileri (ND2 lokusu)

3-ND2:

ATAATTAATTTTTATATATACTATTACTTATTTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTGTATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTAAAATTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTA
TTTTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTAAGAGATTCA

5-ND2:

AGTCTTTATTTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAAT
ACCACTGATTTATTTATCTTTTAAGGACGATTTTTGTATTAATAATAAATTCC
AATAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAA
TTAGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTA
TTCAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACT
TATCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAAT
AATATTTTTTTTAAAATTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATT
CTTATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTA
ATTTATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACA
TTATATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATT
TTACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATT
TTATTTTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAAATTATTTA
TATTCATTTAATTATTTTTTATAAATTAGGATCCA

6-ND2:

CTATTAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAATTACTAATTTTGTATTAATAATAAATTCCAATA
ATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT

TTTATTTTGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATAAATTTAAAATCAAAA

7-ND2:

ATTATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTCGTATTAATAATAAATTCCAATA
ATATTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTATTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT
TTTATTTTGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTAAAATTTAAGTTCACCA

8- ND2:

ATATTATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCAC
TGATTTATTTATCTTTTAATTACTAAATTTGTATTAATAATAAATTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTATTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATTATAT
TTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATTT
TTATTTTGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
TTTAATTATTTTTTATAAATTTAAAATCCCA

9-ND2:

AGTTATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATTTTTTAAATAACAATTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT

TTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATAATTTAAAATTACA

11-ND2:

AGTCTTATTGTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAAAACCTATTTTTGTATTAATAATAAATTTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAATTTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATAT
TTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCTAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTATT
TTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTCA
TTTAATTATTTTTTAAATTTAAAATTCACAA

12-ND2:

AGTATTAATTTTTATATATACTATTACTTATTTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAAATTAATAAATTTTTGTATTAATAATAAATTTCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTTAAAATTTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTA
TTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTTAGATTCCA

14-ND2:

CGAATTAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTATATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAAAGAAGATTTTTGTATTAATAATAAATTTCCAATA
ATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGCATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTATT

TTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATAAATTAGGGATACA

15-ND2:

AGCCCTAACTTTTATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAAAACGATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTATTTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT
TTTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATAATTAAAAATTCTAAA

17-ND2:

AATTATTTATTTAATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAAATAACGATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTATTTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT
TTTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATAATTAAAAATTACA

18-ND2:

AATCATTATTTTATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAAATAACGATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTATTTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT

TTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTAAAATTTAAAGATAACA

20-ND2:

AGATATTATTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAATAACAATTTTGTATTAATAATAAATTC CAAT
AATATTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTAAAATTTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT
TTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATAATTTAAAATCAA

21-ND2:

AGTTATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAATAACAATTTTGTATTAATAATAAATTC CA
TAATATTTTATTTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTAAAATTTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTA
TTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTTAAATTCACA

27-ND2:

CTTTTTATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTAATGACGATTTTTGTATTAATAATAAATTC CAATA
ATATTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT

TTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTATGATTTAAAGATCT

31-ND2:

ATTTATAATTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAATA
ATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT
TTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATGATTTAGAATCACA

32-ND2:

ATTTTAAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAAAACATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAATA
ATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT
TTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATAATTAAGATCACA

33-ND2:

AAAGATAATTTTAAATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAAATAACAATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACTCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTAT

TTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATTAATTTAGAATTTAC

34-ND2:

AACTTTATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAATA
ATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTATTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTTAAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT
TTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATAAAAAATAAGGATAACA

36-ND2:

AATAATAAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTTAAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTA
TTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTTAGATTCCA

38-ND2:

ATTTAATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAAT
ACCACTGATTTATTTATCTTTTAAAAACTATTTTTGTATTAATAATAAATTCC
AATAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAA
TTAGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTA
TTCAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAAATTATTGTATACT
TATCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAAT
AATATTTTTTTTTAAAAATTGGAACCTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATT
CTTATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTA
ATTCATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACA
TTATATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATT
TTACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATT

TTATTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTA
TATTCATTTAATTATTTTTTATAAATTAGAATTCA

39-ND2:

ATGAAAATTTTTATGAATACTATTTACTTATCTGTCTTCATAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAAAACAAAATTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTT
ACACTCTAAAAAAAATTACTAGCATGTTCCAACAATTTTAAATTCATTCTAT
TTTATTTTTTATTTTAGAATTAAAAAAAAAAATATATTTATTGCTATAATTAT
TTTATATTCCATTTTAATTATTTTTTTTATTATTTAGATTCACACTA

40-ND2:

CGTAATTATTTTTAAAATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATA
CCACTGATTTATTTATCTTTTAAATAACAATTTTGTATTAATAATAAATTCCA
ATAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAAT
TAGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTAT
TCAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTT
ATCATCCATTAGATTTATTAAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATA
ATATTTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCT
TATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAAT
TTATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATT
ATATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTT
TACACTCTAAAAAAAATTACTAGCATGTTTCAACAATTTTAAATTCATTCTA
TTTTATTTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAAAAAAATATATTTATTGCTATAAT
TATTTTTATAATTCATTTTAATTATTTTTTTTTATTAATTAGAATTCAAAC

43-ND2:

ATTTAAATTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCAC
TGATTTATTTATCTTTTAAATTACTATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCGTGAACATTATAT
TTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTAAATTCATTCTATTTTATTT

TTATTTTAGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTCA
TTTAATTATTTTAAAA

44-ND2:

AGTCATAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAAATTACTATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTACTTTAT
TTTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATGATTTTGAATCAA

45-ND2:

AGTTTTAATTATATATACTATTACTTATCCTCCTCCAAATTTTAAATACCACT
GGTTTATTTATCTTTTAAATTAATAAAAATTGGAATAATAATAAATTCCAATAA
TAATTTTATTCATGGATAATAATAGAATTTGGGACCATCCTTAAAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCCCAATAAAACCCCAAGAATAATTTATTATTCCG
TATCCGTAATTTCCAGAATTTTTTTATTCTTATAATTATTGGATACCTATCA
TCCATTAATTTACTAAAACCGAACTTTTAAATTTTATAGTTCAAATAATAT
TTTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCCCTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCCACCTTAATTAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCCATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACCAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCCAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAAATTACTAGCATGGTCCACCATTTTTAATTCATTCCAATTTAA
TTTTAATTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGGTATAATTAATTTAAAT
CATTTAATTAATTTTTTATAAATTAATTTCAA

46-ND2:

ATTTAATTTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAAATTAATAAAAATTTGTATTAATAATAAATTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATAT
TTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATTT

TTATTTTAGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTCA
TTTAATTATTTTTTATAATTTTAGGATTCA

48-ND2:

AGATAAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCA
CTGATTTATTTATCTTTTAATTAATAAATTTGTATTAATAATAAATTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAATTTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATAT
TTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCAAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTATT
TTATTTTAGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTCA
TTTAATTATTTTTTATAATTAGGGATCACA

49-ND2:

ATTATAAATTTTAAATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAATTAATTTTGTATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTTAAAATTTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTTCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTACTTTA
TTTTTATTTTAGAATTAAATAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTAGATTCCA

50-ND2:

CAAATTTAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATAC
CACTGATTTATTTATCTTTTAATTAATTTTGTATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTTAAAATTTGGAACCTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTTCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTTATGCTAATAAATTTTA
CACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTA

TTTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATAT
TCATTTAATTATTTTTTATAATTAAGTTTACA

52-ND2:

ATTTTTAATTTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAATTACTATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAAT
AATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTA
GATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTC
AGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTAT
CATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAAT
ATTTTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTA
TGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
ATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTAT
ATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTAC
ACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTAT
TTTTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATT
CATTTAATTATTTTTTATAATTTTAAAAATCCCA

53-ND2:

ATTATAATTTATATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACCAC
TGATTTATTTATCTTTTAATTACAATTTTTGTATTAATAATAAATTCCAATAA
TATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAGA
TTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATTTCAG
TATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATCA
TCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATATT
TTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTTATG
AAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTTAT
TCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATAT
TTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTTACAC
TCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTTATTT
TTATTTTAGAATTAATAAAAAATATATTTATTGCTATAATTATTTTATATTCA
TTAATTATTTTTTATAAATATTAAGTTTCA

54-ND2:

AGTTAAATTTTAAAAATACCTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAATTATAAAAAGGATATTAATAATAAATTCCAA
TAATATTTTTATTCAATGAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATT
AGATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACCCCAAGATTAATTTATTATT
CAGTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTA
TCATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAA
TATTTTTTTTAAAAATTGGAACTTTCCCCTTTCATTTTTGAATAATTTATTCTT
ATGAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAATTT
TATTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTA
TATTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCATTTTATGCTAATAAATTTT
ACACTCTAAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATGT

TATTTTTTATTTTAGAATTA AAAATAAAAAAATATTTATTGCTATAAATTATT
TTAAATTCATTTTAATTAGTTTTTTATTAATTAGAATACACA

55 ND2:

AAATTAAAATTTAAATATACTATTACTTATCTTCTTCATAAATTTTAAATACC
ACTGATTTATTTATCTTTTAATTA AAAAATTTATATTAATAATAAATTTCCAATA
ATATTTTTATTCAATTAATATTAATAGAATTTGGTACAATCATTAGAATTAG
ATTAATTAATATTAATCCACAAATAAAACTCCAAGATTAATTTATTATTCA
GTATCAGTAATTTCAAGAATTTTTTTTATTCTTTATAATTATTGTATACTTATC
ATCCATTAGATTTACTAAAACAGATACTTTTAATTTTATAGTTCAAATAATA
TTTTTTTTAAAATTGGAACTTTCCCCTTTTCAATTTTGAATAATTTATTCTTAT
GAAATAATAAATTGAAAGCAAATTTTTTTAATATCAACATTAATTAAATTTA
TTCCAATTTATATAATAGTTTCAATAACTAAAATTAATTCATGAACATTATA
TTTTTTAATTACAAATAGATTATATATTTTCAATTTATGCTAATAAATTTTACA
CTCTAAAAAATTACTAGCATGTTCAACAATTTTTAATTCATTCTATTTTATT
TTTATTTTAGAATTAATAAAAATATATTTATTGCTATAAATTATTTTATATTC
ATTTAATTATTTTTTATTAATTTAGGATTC

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : FEYZA ALEV ÇETİN
Doğum Yeri ve Tarihi : FATİH – 03.10.1987
Telefon : 0545-551-75-61
E-posta : cetin_f.a@siirt.edu.tr

EĞİTİM

Derece	Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	: Davutpaşa lise, Fatih, İstanbul	2004
Üniversite	: Ordu Üniversitesi, Merkez, Ordu	2010
Yüksek Lisans	Karadeniz Teknik Üniversitesi, TRABZON	2014

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	Kurum	Görevi
2013-Devam ediyor	Siirt Üniversitesi	Araştırma Görevlisi

UZMANLIK ALANI

Moleküler genetik

YABANCI DİLLER

İngilizce YDS:68.75

BELİRTMEK İSTEDİĞİNİZ DİĞER ÖZELLİKLER

YAYINLAR

Alev Çetin, F., Mikail, N., 2016. Hayvancılıkta Veri Madenciliği Uygulamaları, Türkiye Tarımsal Araştırmalar Dergisi, 3 (1):79-88. DOI: 10.19159/tutad.30179.

N. Mikail, Bakır, G., Alev Çetin, F., 2016. Regression Tree Analysis of Factors Affecting First Lactation Milk of Dairy Cattle, International Agriculture Congress, Belgrad, Sırbistan.