

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

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**ŞANLIURFA YÖRESİ YERLİ TAVUKLARDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN
RAPD-PCR YÖNTEMİ İLE BELİRLENMESİ**

Mehmet Murat KONUK

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

**ŞANLIURFA
2016**

Yrd. Doç. Dr. Şahin ÇADIRCI danışmanlığında, Mehmet Murat KONUK'un hazırladığı “Şanlıurfa Yöresi Yerli Tavuklarda Genetik Çeşitliliğin RAPD-PCR Yöntemi İle Belirlenmesi” konulu bu çalışma 30/06/2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı'nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

İmza

Danışman : Yrd. Doç. Dr. Şahin ÇADIRCI

Üye : Doç. Dr. Seyrani KONCAGÜL

Üye : Yrd. Doç. Dr. Hasan KOYUN

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

Prof. Dr. Recep GÜNDOĞAN
Enstitü Müdürü

Bu Çalışma HÜBAK Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: 14193

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

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ	v
SİMGELER DİZİNİ	vi
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	4
2.1. Moleküler Teknikler (AFLP, RAPD, RFLP, Mikrosatelitler)	4
2.1.1. AFLP (Amlified Fragment Length Polymorphism)	4
2.1.2. PCR-RFLP (PCR-Restriction Fragment Leght Polymorphism)	4
2.1.3. Mikrosatelitler	5
2.1.4. RAPD-PCR (Randomly Amlified Polymorphic DNA-PCR)	5
2.1.4.1. Kanatılarda RAPD-PCR çalışmaları	6
3. MATERYAL ve YÖNTEM	9
3.1. DNA Materyali	9
3.2. Moleküler Çalışmalar	9
3.2.1. RAPD-PCR analizi	9
3.2.2. RAPD bantlarının değerlendirilmesi ve genetik analizler	10
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	12
4.1. Moleküler Analiz Bulguları	12
4.1.1. Genomik DNA izolasyonu	12
4.1.2. RAPD-PCR Sonuçları	12
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER	18
KAYNAKLAR	20
ÖZGEÇMİŞ	22

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

ŞANLIURFA YÖRESİ YERLİ TAVUKLARDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN RAPD-PCR YÖNTEMİ İLE BELİRLENMESİ

Mehmet Murat KONUK

Harran Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Şahin ÇADIRCI
Yıl: 2016, Sayfa: 22

Bu çalışmada, Şanlıurfa yöresindeki köy tavuklarının filogenetik yapıları moleküler tekniklerle belirlenmeye çalışılmıştır. Çalışmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen köy tavukları oluşturmuştur. Yerli çiftlik hayvanlarımıza ait DNA düzeyindeki varyasyonun belirlenmesi, ülkemiz hayvancılığında gen kaynaklarımızın tanınması, korunması ve geliştirilmesi açısından büyük bir önem taşımaktadır. Bu çalışma ile Şanlıurfa Yöresi Yerli Tavuklarda genetik çeşitliliğin RAPD-PCR yöntemi ile belirlenmesi, çiftlik hayvanlarımızdan yerli tavuklar ile ilgili moleküler genetik bilgi birikimine ve literatüre katkı sağlaması beklenmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Tavuk, mtDNA, filogenetik

ABSTRACT

MSc Thesis

**DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY OF INDIGENOUS CHICKEN
IN SANLIURFA REGION BY RAPD-PCR METHOD**

Mehmet Murat KONUK

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

**Supervisor: Assist. Prof. Dr. Şahin ÇADIRCI
Year: 2016, Page: 22**

Identification of DNA variations in Domestic livestock, animal identification and protection, is of great importance for the development of genetic resources in our country. In this study, Indigenous chicken genetic diversity in the region of Sanliurfa RAPD-PCR method to identify farm animals, our knowledge of molecular genetics related to domestic chickens and is expected to contribute to the literature.

KEY WORDS: chicken, mtDNA, phylogenetic

TEŐEKKÜR

Bilgi birikimlerinden yararlandıđım ve tez alıőmasının planlanması ve yazım aőamasında desteđini eksik etmeyen danıőman hocam Sayın Yrd. Do. Dr. Őahin ADIRCI'ya sonsuz teőekkür ederim. Bilgi ve tecrübelerinden yararlandıđım bۆlümümüzün öđretim üyelerinden hocam Sayın Yrd. Do. Dr. Selahattin KİRAZ'a teőekkür ederim. Yüksek Lisans tezimin savunmasında bulunan jüri üyelerinden, Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakóltesi, Zootekni Bۆlümü, öđretim üyesi Sayın Do. Dr. Seyrani KONCAGÜL'e ve Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakóltesi, Zootekni Bۆlümü, öđretim üyesi Sayın Yrd. Do. Dr. Hasan KOYUN'a teőekkür ederim. Ayrıca yüksek lisans eđitimim boyunca bana her konuda destek olan ve sabır gösteren aileme ok teőekkür ediyorum.



ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 4.1. Tavuklardan izole edilen (01-18) DNA'lar (1kb ladder)	12
Şekil 4.2. RAPD primerlere ait bantlar	14
Şekil 4.3. Tavuklarda UPGMA ağacı	17



ÇİZELGELER DİZİNİ

	Sayfa No
Çizelge 3.1. RAPD primerleri	9
Çizelge 3.2. PCR karışımı	10
Çizelge 3.3. PCR amplifikasyon şartları	10
Çizelge 4.1. Tavuklarda tüm lokuslar için allel frekansları	15
Çizelge 4.2. Tavuklarda tüm lokuslar için genetik çeşitlilik istatistiği	15
Çizelge 4.3. Tavuklar arasında genetik uzaklıklar	16



SİMGELER DİZİNİ

bç	Baz çifti
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dH ₂ O	Distile su
dNTP	Deoksi nükleotid trifosfat
EDTA	Ethylendinitrilotetraasetat
Et-Br	Etidium Bromür
GC	Guanin-Sitozin
HCl	Hidroklorik asit
kb	Kilobaz
lt	Litre
gr	Gram
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
U	Ünite
M	Molar
mM	Milimolar
mg/ml	Miligram/mililitre
NaCl	Sodyum klorür
NCBI	National Center for Biotechnology Institute
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
SDS	Sodium Dodesil Sülfat
TBE	Tris- Borik asit-EDTA
TE	Tris-EDTA
T _m	Erime sıcaklığı
UPGMA	Unweighed Pair Group Method of Aritmetic Averages
UV	Ultra viyole
V	Volt
w	Ağırlık

1. GİRİŞ

Ülkemizin tarımsal geliri içerisinde hayvancılık önemli bir yere sahiptir. Bu sahiplik havancılıktan elde edilen verimlerin artırılmasını gerektirmektedir. Yine ülkemizde hayvan varlığının sayısal olarak fazla olması karşısında elde edilen verimin az olması hayvancılık faaliyetlerinin tarım sektörüne ve ülkemiz ekonomisine katkısını azaltmaktadır. Birim hayvandan daha fazla yararlanma gereksinimi, bilgi birikimi ve gelişen teknolojiyle birleşince, yerli ırkların yerini büyük bir hızla gerek saf yetiştirme gerekse melezlemeler yoluyla oluşturulan yüksek verimli kültür ırkları almaya başlamıştır. Bu nedenlerden dolayı ruminant hayvanların ıslahıyla uğraşan araştırmacıların en önemli hedefi, var olan koşullar içerisinde yetiştiricilere en fazla gelir sağlayacak genotipleri geliştirmektir.

Son yıllarda farklı genotipler geliştirmek için moleküler genetik alanında ortaya atılan yöntemler, muhtelif çiftlik hayvanlarına ait popülasyonların DNA düzeyinde genetik yapılarının belirlenmesine ve bunlardan yararlanılmasına imkan sağlamıştır. DNA fragmentlerinin PCR (Polymerase Chain Reaction) kullanılarak çoğaltılması esasına dayanan birçok yöntem bulunmaktadır. Yöntemlerin hemen hepsi PCR esasına göre çalışmaktadır. Bu yöntemlerin daha yaygın bir şekilde kullanılanları; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism; Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism; Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi), Mikrosatelit (Microsatellite), SNP (Single nucleotide polymorphism; Tek Nükleotid Polimorfizmi) ve RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA; Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)'tır. Bu yöntemler gelişmiş ülkelerde hayvan ıslahı ve genetiği alanında da kullanılmaya başlanmış, hayvanlarda ırk içi ve ırklar arası genetik varyasyonlar belirlenmiştir.

DNA polimorfizm yöntemlerinden birisi olan çoğaltılmış polimorfik DNA (Randomoliy Amplified Polimorphic DNA-PCR; RAPD-PCR) yöntemi, nükleotid dizisi bilgisine gereksinim duyulmadan ve baz sıralanışında belirli bir ölçüt olmaksızın rastgele hazırlanan primerlerin (genelde 10 baz uzunluğunda), incelenen genomda simetriği olabilecek bölgelere yapışması ve bu bölgelerin PCR tekniğiyle çoğaltılması temeline dayanan RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA; Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA), Williams ve ark., (1990) tarafından türler arası ve türler içi genetik varyasyonu DNA düzeyinde belirlemek amacıyla geliştirilen, rastgele primerler kullanılarak, PCR'da özgün DNA fragmentlerinin çoğaltılması esasına dayanan bir yöntemdir. Diğer polimorfizm yöntemlerine göre daha basit, göreceli olarak daha ucuz ve daha az iş gücü gerektirdiğinden yaygın olarak kullanılmaktadır.

RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) yöntemi (Williams ve ark., 1990), sığır (Kantanen ve ark., 1995; Cerit, 2001), keçi (Li ve ark., 2002; Sahin, 2005), tavuk (Wei ve ark., 1997; Sharma ve ark., 2001), hindi (Smith ve ark., 1996), bildircin (Yeğenoğlu, 1999; Sharma ve ark., 2000) ve koyun (Kantanen ve ark., 1995; Cushwa ve ark., 1996; Tahmoorespur ve ark., 2003) gibi birçok çiftlik hayvanı türlerinde genetik marker olarak kullanılmıştır.

Türkiye, sahip olduğu gen kaynakları yönünden dünyanın en zengin ülkelerinden birisidir. Gen kaynaklarının tanımlanması, korunması ve geliştirilmesine yönelik moleküler genetik çalışmaların yoğunlaştırılması gerekmektedir. Bu bağlamda yerli tavuklarımıza ait DNA düzeyindeki varyasyonun belirlenmesi, ülkemiz tavukçuluğunda gen kaynaklarımızın tanınması, korunması ve geliştirilmesi yönünden büyük bir önem arz etmektedir.

Bu çalışmanın amacı; Şanlıurfa yöresindeki yerli tavukların genetik çeşitliliğini RAPD-PCR yöntemiyle araştırmak ve çiftlik hayvanlarımızdan yerli tavuklar ile ilgili moleküler genetik bilgi birikimine ve literatüre, gen kütüphanesine bilgi aktarımı yaparak katkı sağlamaktır. Köylerde çiftçiler tarafından ev ihtiyacını karşılamak için farklı renk ve yapıda fenotiplere sahip tavuklar bulunmaktadır. Genetik varyasyon gösterdiği tahmin edilen bu tavukların orijini tam olarak bilinmemektedir. Bu çalışma ile gen kaynağı olarak popülasyonun genetik yapısı değerlendirilmeye çalışılmıştır.



2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

1960'lardan itibaren yaygın olarak kullanılmaya başlayan protein polimorfizmi çalışmaları, rekombinant DNA teknolojinin gelişmesi ve PCR (polimeraz zincir reaksiyonu)'ın keşfiyle yerini moleküler tekniklere bırakmış durumdadır. Moleküler teknikler ile daha hızlı ve daha kesin sonuçlar alınmaktadır. Son yıllarda, çeşitli moleküler teknikler (AFLP, RAPD, RFLP, Mikrosatelitler) geliştirilmiştir.

Moleküler teknikler; biyoloji, ziraat, tıp, veteriner, ormancılık, balıkçılık gibi çalışma alanlarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Moleküler tekniklerle, popülasyonlarda genetik yapının tespiti, markör destekli seleksiyon (MAS) çalışmaları, genetik haritalar, filogenetik analizler, ebeveyn ve cinsiyet tayini, bazı hastalıkların tanısı v.s. yapılmaktadır.

2.1. Moleküler Teknikler (AFLP, RAPD, RFLP, Mikrosatelitler)

2.1.1. AFLP (Amlified Fragment Length Polymorphism)

Vos ve ark. (1995) tarafından geliştirilen AFLP tekniğinde, genomik DNA kesme enzimleri ile daha küçük fragmentlere bölünür. Kısa primerler dizayn edilerek bu fragmentlerden (adapter) PCR ile ön amplifikasyon yapılır. Daha sonra, bu ön amplifikasyon ürünlerinden, uzun primer kombinasyonları dizayn edilerek tekrar PCR ile amplifikasyon yapılır. Elde edilen PCR ürünleri jelde görüntülenerek değerlendirilir.

2.1.2. PCR-RFLP (PCR-Restriction Fragment Leght Polymorphism)

RFLP analizi, önceleri radyoaktif olarak işaretlenmiş probalar kullanılarak (RFLPs) yapılırken günümüzde PCR'a dayalı olarak yapılmaktadır (PCR-RFLP). PCR ile çoğaltılan ilgili DNA molekülü, kesme enzimleri kullanılarak kesilir. Kesme enzimleri DNA'nın bilinen nükleotit dizilimlerini tanıyıp, spesifik olarak bu noktalardan keserler. Daha sonra kesilmiş DNA'nın agaroz jel üzerinde seperasyonu

yapılır. Kesme enzimleri tanıma sitelerinin bulunup bulunmamasına bağlı olarak allelik varyantlar agaros jelde görüntülenmekte ve genetik farklılık tespit edilebilmektedir (Özköse ve ark., 2002).

2.1.3. Mikrosatelitler

Mikrosatelitler (STR: short tandem repeat), kısa ardışık tekrarlanan dizinler olup genomda bulunan polimorf lokuslardır. Tekrarlanan bu baz dizileri 2-6 baz çifti uzunluğunda olup genom içerisinde mono, di, tetra nükleotid permütasyonların herhangi biri şeklinde ardışık olarak tekrarlanan kısa DNA segmentleridir (Bishop ve ark., 1994). Mikrosatelit DNA segmentlerin uzunluğu genel olarak 100-250 bp kadardır. Mikrosatelit markörler, nükleer genoma dayalı populasyonlarda genetik çeşitliliğin veya genetik ilişkilerin araştırılmasında, genetik haritalamada ve QTL haritalamada yaygın olarak kullanılmaktadır.

2.1.4. RAPD-PCR (Randomly Amplified Polymorphic DNA-PCR)

RAPD-PCR (random amplified polymorphic DNA), kısa oligonükleotidler (10 bp) dizayn edilerek polimeraz zincir reaksiyonu ile rasgele çoğaltılmış DNA fragmentleri elde edilen bir genetik analiz yöntemidir (Williams ve ark., 1990). Bir primerin bağlama bölgesi bir bireyde vardır, diğer bireyde yoktur (dominant-resesif) esasına dayalı olarak polimorfizm taranır. Çok sayıda üretilen DNA fragmentleriyle genetik varyasyon hızlı ve kolay şekilde belirlenebilir

RAPD tekniğinin temel prensibi, ilgili olan türe ait genomik DNA üzerinde, nükleotid sıralamasında belirli bir ölçü olmadan rastgele hazırlanan primerlerin, değişik bağlanma sıcaklığında tesadüfi olarak, komplementeri olan hedef bölgelere yapışması ve bu bölgelerin PCR tekniği ile çoğaltılması esasına dayanmaktadır (Bardakçı, 2001). PCR tekniğiyle çoğaltılmış bu DNA parçacıkları elektroforez tekniğiyle agaroz jelde birbirinden ayrılırlar, Elektriksel ortamda molekül büyüklüklerine göre sıralanan DNA parçacıkları daha sonra ethidium bromide ya da

radioaktif maddelerle boyanarak ultraviyole ışık altında görünür hale getirilir (Williams ve ark., 1990).

2.1.4.1. Kanatlılarda RAPD-PCR çalışmaları

Lee ve Chang (1994) insan, sığır, keçi, domuz, köpek, sıçan, tavşan, tavuk ve ördek gibi farklı türlerin tanımlanması amacıyla RAPD metodunu çalışmalarında kullanmışlardır. On nükleotidlik tek bir primer ve bir PCR programı kullanarak yaptıkları çalışmada bu türlere ait parmak izleri karşılaştırılarak tür tanımlanmasında basit, hızlı ve hassas bir metot olan RAPD-PCR yöntemini kullanmışlardır.

Smith ve ark. (1996), 4 tavuk ırkı (Araucana, Rhode Island Red, White Leghorn ve White Plymouth Rock) ile 2 hindi popülasyonunda (rastgele yetiştirilen hindi popülasyonu ve ticari hindi popülasyonu) genetik ilişkileri ve çeşitliliği belirlemek için RAPD metodunu kullanmışlardır. Çalışmada 60 primer kullanmışlar ve bu primerlerden 42 adet primeri, çalışmada materyal olarak kullandıkları popülasyonların en az birinde bir adet polimorfik bant verdikleri için tercih etmişlerdir. Kırk iki adet primerden 10 adedinin türe özgü fragment verdiklerini, 6 adedinin ise popülasyon içi ve arasında genetik ilişkiyi belirlemek amacıyla kullandıklarını bildirmişlerdir. 6 adet primer ile tavuk ırklarında bant paylaşım frekansından hesaplanan popülasyon içi genetik benzerliği 0.70-0.83 değerleri arasında tahmin ederlerken, hindi popülasyonlarında 0.73 ile 0.77 olarak bulmuşlardır. Türler arasındaki genetik uzaklığı türler içinden daha yüksek bulmuşlar ve RAPD tekniğinin farklı kanatlı popülasyonları içinde ve arasında genetik ilişkileri belirlemek için etkin bir yöntem olduğunu bildirmişlerdir.

Sharma ve ark. (2001) White Leghorn, Rhodes Island Red, Red Cornish, White Plymouth Rock tavuk ırkları ile yerli tavuk ırkı olan Kadaknath arasındaki genetik çeşitliliği tespit etmek amacıyla toplam 50 primeri çalışmada denemişler ve 12 primerin polimorfik bant verdiğini tespit etmişlerdir. Bu primerler ile hesaplanan popülasyon içi polimorfizm oranı ve genetik benzerlik değerlerini 0.81—0.96 arasında tahmin etmişlerdir. Bant paylaşım oranından hesaplanan popülasyon içi

genetik benzerlik değeri en düşük olan tavuk ırkı Kadaknath (0.81) olurken, diğer kültür ırklarında popülasyon içi genetik benzerlik değerleri daha yüksek bulunmuştur. En yüksek popülasyon içi genetik benzerlik değerini ise White Leghorn tavuk ırkında (0.96) tespit etmişlerdir. Çalışmada ırklar arasında genetik benzerlikleri en yüksek olan ırklar Rhodes Island Red ile Kadaknath et ırkları arasında (0.945), en düşük olan ırklar ise White Leghorn ile Red Cornish ırkları arasında (0.778) tespit edilmiştir. White Leghorn tavuk ırkı ise diğer ırklar ile genetik benzerliği en düşük olan ırk olmuştur. Dolayısıyla RAPD tekniğinin çeşitli tavuk ırkları arasında polimorfizmi belirlemek ve popülasyon çalışmalarında başarılı bir şekilde etkinliği olduğunu göstermişlerdir.

Romanov ve Weigend (2001), RAPD markerleri kullanarak: Ukrayna ve Almanya'da bulunan 5 tavuk ırkına ait genetik polimorfizm araştırmışlardır. Ukrayna popülasyonunun orta düzeyde genetik varyasyona, Almanya popülasyonunun ise daha basit bir düzeyde genetik varyasyona sahip olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak bu çalışmada da RAPD markerlerinin basit ve hızlı bir moleküler araç olduğu belirtilmiştir.

İvgin ve Bilgen (2002), yaptıkları çalışmada, RAPD tekniğini kullanarak kanatlı saf hatları arasındaki genetik benzerlikleri ve uzaklıkları araştırmışlardır. Çalışmalarında 4 yumurtacı 3 etçi saf hat kullanmışlardır. RAPD analizlerinde toplam 35 primer kullandıkları ve bunlardan 23 primer ile elde edilen bantlarla genetik benzerlikleri hatlar arasında 0.644 ile 0.853 olarak hesaplamışlardır.

Ahmed Ali ve ark. (2003) RAPD tekniği ile 5 Mısır yerli tavuk hattında (Anshas, Silver Montazah, Mandarah, Baheij ve El-Salam) yumurta ve et verim özellikleri ile genetik benzerlik arasındaki ilişkileri tespit etmek amacıyla 6 oligonükleotit primer kullanarak çalışmışlardır. Çalışmada yumurta verim yönlü hatlar (Anshas, Silver Montazah, Mandarah) arasındaki genetik benzerliği 0.724-0.854 değerleri arasında, et verim yönlü hatlar arasındaki genetik benzerliği ise 0.869 olarak tespit etmişler ve RAPD metodunun tavuk hatları arasındaki genetik

benzerliği ve ilişkileri belirlemek için kullanılabilir potansiyel bir araç olduğunu bildirmişlerdir.

Okumus and Kaya (2005), yaptıkları çalışmada, Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'ndeki 10 tavuk hattında (RIR I, RIR II, Barred I, Barred II, Colombian Rock, Line-54, Blue Line, Maroon Line, Black Line and Brown Line), 12 primer kullanarak RAPD-PCR yöntemiyle genetik benzerliği araştırmışlardır. Genetik benzerlikleri en yüksek ve en düşük sırasıyla, Barred I ve Maroon Line hatları arasında 0.3773 olarak, Colombian Rock ve Barred II arasında ise 0.0899 olarak bulmuşlardır.

Yeğenoğlu (1999), RAPD yöntemi ile Japon bıldırcınlarının (*Coturnix coturnix japonica*) DNA parmak izlerini çıkarmak amacıyla 8 primer kullanarak yaptığı çalışmada, bıldırcın popülasyonu içindeki bu primerler bakımından genetik benzerliği 0.35, polimorfizm oranını ise 0.65 olarak tespit etmiştir.

Sharma ve ark. (2000), RAPD yöntemi ile 6 bıldırcın hattında (HBW-yüksek canlı ağırlığa sahip bıldırcın hattı, WES-beyaz yumurta kabuğuna sahip bıldırcın hattı, KLQ, MTQ, JLQ ve SLQ) popülasyon içi ve arası genetik çeşitliliği tespit edebilmek için toplam 6 primer kullanmışlar ve bu primerlerden 60 adet bant elde etmişlerdir. Altmış bandın 19'unun polimorfik olduğunu (polimorfizm oranı %31.7) bildirmişlerdir. Popülasyon içi genetik benzerlik değerlerinin 0.749-0.815 arasında, popülasyonlar arası genetik benzerlik değerlerinin ise 0.709-0.808 arasında değişiklik gösterdiğini bildirmişler ve RAPD metodunun genetik ilişkileri belirlemek için etkili bir yöntem olduğunu belirtmişlerdir.

Huang ve ark. (2003), hayvanların tür tanımlamasında RAPD parmak izini temel alarak: yaptıkları çalışmada, devekuşu, Tayvan tavukları, Aboracres broyleri, leghorn, bıldırcın, kumru, Belville ırkı hindiler, sülün, kaz, ördek, Holstein ve Landrace domuzların genomik DNA örnekleri, rastgele primerler yardımıyla çoğaltılmıştır. Aynı türler aynı primer ile çalışılmıştır, temel bantların tümü benzer sonuçlar göstermiştir.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. DNA materyali

Bu çalışmada DNA materyalini, Şanlıurfa Yöresindeki yerli köy tavuklardan izole edilen ve Hayvansal Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda muhafaza edilen DNA örnekleri oluşturmuştur.

Tavuklardan DNA izolasyon kiti (GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit #K0781, Thermo) kullanılarak genomik DNA izole edilmiştir.

3.2. Moleküler Çalışmalar

3.2.1. RAPD-PCR analizi

Çalışmada kullanılacak primerler ili ilgili bilgiler Çizelge 3.1.'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. RAPD primerleri

Sıra	Adı	Sekans (5' to 3')	bp	Tm (°C)	GC oranı (%)
1	RAPD-OPE-01	CCCAAGGTCC	10	34	70
2	RAPD-OPE-02	GGTGCGGGAA	10	34	70
3	RAPD-OPE-05	TCAGGGAGGT	10	32	60
4	RAPD-OPE-06	AAGACCCCTC	10	32	60
5	RAPD-OPA-16	AGCCAGCGAA	10	32	60
6	RAPD-OPA-18	AGGTGACCGT	10	32	60
7	RAPD-OPA-19	CAAACGTCGG	10	32	60
8	RAPD-OPA-20	GTTGCGATCC	10	32	60

Polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılacak PCR karışımı Çizelge 3.2.'de gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda kuru buz üzerindeki 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpleri içerisinde hazırlandıktan sonra, PCR şartları önceden programlanmış PCR cihazına yerleştirilmiştir. Çalışılan gen bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan PCR amplifikasyon şartları Çizelge 3.3.'de verilmiştir. PCR çalışmaları gradient özelliğe sahip Boeco (Germany) marka thermocycler cihazda yapılmıştır.

Çizelge 3.2. PCR karışımı

Bileşenler	Konsantrasyon	Miktar
Kalıp DNA	20-30 ng/μl	1.0 μl
PCR Buffer	10X	2.0 μl
RAPD Primer	20 pmol/μl	1.0 μl
dNTP mix	1.0 nM	1.0 μl
Taq DNA polimeraz	5U/μl	0.5 μl
dH ₂ O		15.0 μl
Toplam		20.0 μl

Çizelge 3.3. PCR amplifikasyon şartları

Döngü işlemi	Sıcaklık (°C)	Döngü sayısı	Süre
Ön denaturasyon	95	1	4 dakika
Denatürasyon	94	}35	60 saniye
Yapışma (T _m)	32-35		60 saniye
Sentez	72		2 dakika
Son uzama	72	1	10 dakika
Bekleme	4	∞	∞

Çoğaltılacak PCR ürünlerinin görüntülenmesinde %2'lik agaroz jel kullanılmıştır (2 g agarose/100 ml 1XTBE). PCR jellerinin koşturulmasında marker olarak 100 bp'lik ladder (Fermentas) kullanılmıştır.

3.2.2. RAPD bantlarının değerlendirilmesi ve genetik analizler

Jeldeki bantların uzunlukları boy markörüne göre (100 bp) belirlenmiş ve jeldeki bantların varlığına göre bant varsa 1 yoksa 0 verilerek veri matrisi oluşturularak değerlendirme yapılmıştır.

Hesaplamalar, POPGEN32 Ver. 1.33 (Yeh, 1999) paket programında yapılmıştır. Popülasyonlar için UPGMA (Unweighted pair method with arithmetic mean) metoduna göre dendrogram oluşturulmuştur. Genetik dendrogram ve örnekler arasındaki genetik uzaklık değerleri web tabanlı Dendro-UPGMA programıyla belirlenmiştir.

Bireyler arasındaki genetik benzerlik (F_{xy}) eşitlik 3.1’de verilmiştir (Nei ve Li, 1979).

$$F_{xy} = \frac{2 M_{xy}}{(M_x + M_y)} \quad (3.1)$$

Formüldeki;

F_{xy} : Genetik benzerlik

M_{xy} : İki birey arasında ortak RAPD bant sayısı,

M_x : Birinci bireyin toplam RAPD bant sayısı,

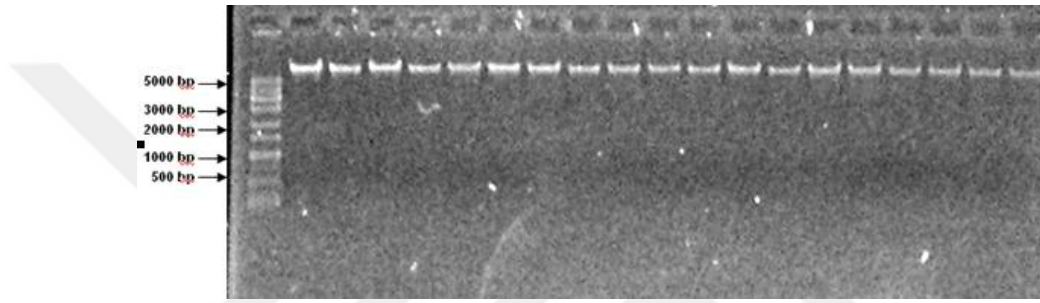
M_y : İkinci bireyin toplam RAPD bant sayısı olmaktadır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. Moleküler Analiz Bulguları

4.1.1. Genomik DNA izolasyonu

Şanlıurfa yöresindeki yerli tavuklardan genomik DNA izole edilmiştir. İzole edilen DNA'ların agaroz jel görüntüsü sırasıyla Şekil 4.1.'de verilmiştir.



Şekil 4.1. Tavuklardan izole edilen (01-18) DNA'lar (1kb ladder)

4.1.2. RAPD-PCR Sonuçları

İzole edilen DNA örneklerinden RAPD primerler kullanılarak PCR amplifikasyon çalışmaları yürütülmüştür. Tavuk DNA örneklerinde tespit edilen RAPD bantlar Şekil 4.2.'de verilmiştir. RAPD primerlerden OPE-01, OPA-16, OPE-06 ve OPA-20 polimorfik bantlar elde edilmiştir. OPE-05 primeri ile tüm örneklerde benzer bant paternleri görüldüğünden polimorfizm tespit edilememiştir. Diğer primerlerden OPE-02, OPA-018 ve OPA-19 tüm örneklerde üretilen bantlar değerlendirmeye alınacak şekilde yeterli bantlar görülmemiştir.

OPE-01 primeri ile yaklaşık 400-1200 bp aralığında 3 allel (OPE-01-1, OPE-01-2, OPE-01-3) ve toplam 47 bant tespit edilmiştir. OPE-01 primeri allel frekansları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Burada OPE-01-1'in 0 allel frekansı 0.6236, 1 allel frekansı 0.3764 olarak hesaplanmıştır.

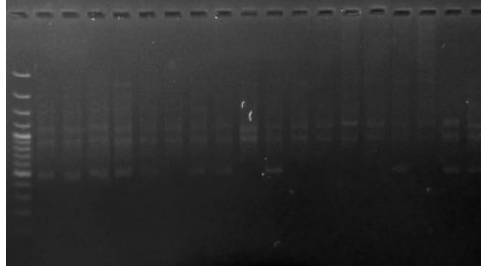
OPA-016 primeri ile yaklaşık 200-1500 bp aralığında 4 allel (OPA-16-1, OPA-16-2, OPA-16-3, OPA-16-4) ve toplam 63 bant tespit edilmiştir. OPA-016 primeri allel frekansları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Burada OPA-16-3 ve OPA-16-4'nın 0 allel frekansları sırasıyla 0.5774 ve 0.4226, 1 allel frekansları ise 0.4082 ve 0.5918 olarak hesaplanmıştır.

OPE-06 primeri ile yaklaşık 800-1500 bp aralığında 3 allel (OPE-06-1, OPE-06-2, OPE-06-3) ve toplam 28 bant tespit edilmiştir. OPE-06 primeri allel frekansları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Burada OPE-06-3'nin 0 allel frekansı 0.2357, 1 allel frekansı ise 0.7043 olarak hesaplanmıştır.

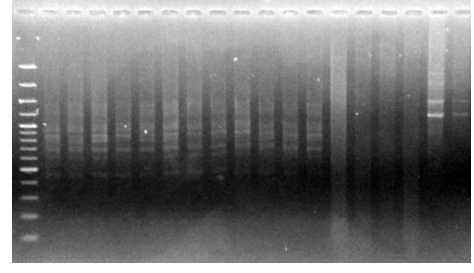
OPA-020 primeri ile yaklaşık 500-1200 bp aralığında 3 allel (OPA-020-1, OPA-020-2, OPA-020-3) ve toplam 40 bant tespit edilmiştir. OPA-20 primeri allel frekansları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Burada OPA-020-1, OPA-020-2, OPA-020-3'nin 0 allel frekansları sırasıyla; 0.5270, 0.6667 ve 0.6236, 1 allel frekansları ise 0.4730, 0.3333 ve 0.3764 olarak hesaplanmıştır.

OPE-05 primeri ile yaklaşık 600-2000 bp aralığında 4 allel (OPE-05-1, OPE-05-2, OPE-05-3, OPE-05-4) ve toplam 72 bant tespit edilmiştir. Tüm örneklerde benzer bantlar görüldüğünden OPE-05 primeri ile polimorfizm tespit edilememiştir.

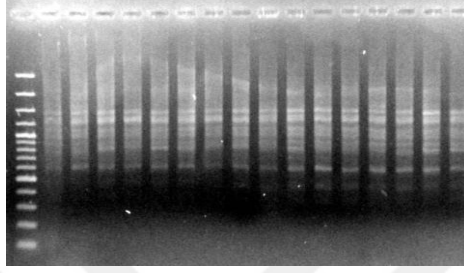
Tavuklarda genetik hesaplamalar için OPE-01, OPA-16, OPE-06 ve OPA-20 primerlerine ait polimorfik bantlar ile veri matrisi oluşturulmuştur. İlgili primerlere ait allellerin; gözlenen allel sayısı (n_a), allellerin etkili sayısı (n_e), gen çeşitliliği (h) ve Shannon bilgi indeksi (I) değerleri hesaplanmış ve Çizelge 4.2.'de verilmiştir. Tavuk popülasyonu için, gözlenen allel sayısı (n_a), allellerin etkili sayısı (n_e), gen çeşitliliği (h) ve Shannon bilgi indeksi (I) ortalama değerleri sırasıyla; 1.5385 ± 0.1224 , 1.4627 ± 0.1079 , 0.2472 ± 0.0567 ve 0.0827 olarak bulunmuştur.



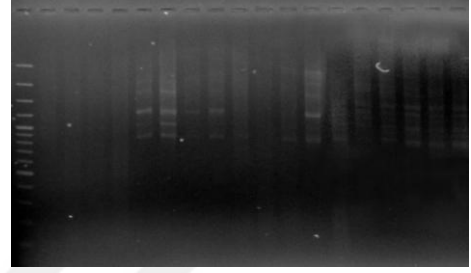
RAPD-OPE-01



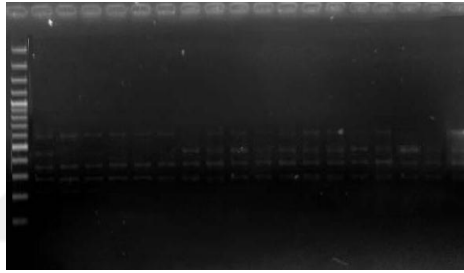
RAPD-OPE-02



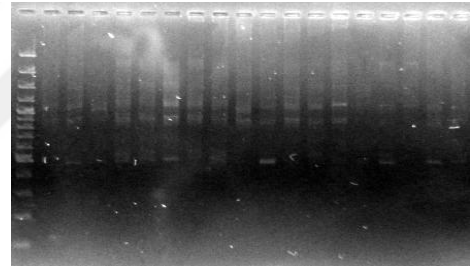
RAPD-OPE-05



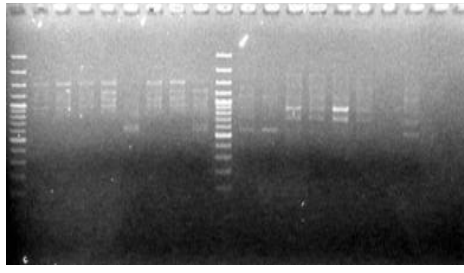
Şekil 4.2. RAPD-OPE-06



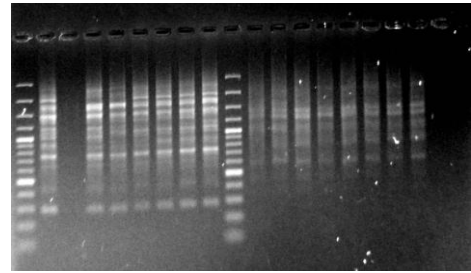
RAPD-OPA-016



RAPD-OPA-020



RAPD-OPA-018



RAPD-OPA-019

§

Şekil4.2. RAPD primerlere ait bantlar

Çizelge 4.1. Tavuklarda tüm lokuslar için allel frekansları

Primerler	Bant Sayısı	Frekanslar	
		Allel 0	Allel1
OPE-01	OPE-01-1	0.6236	0.3764
	OPE-01-2	-	1.0000
	OPE-01-3	-	1.0000
OPA-16	OPA-16-1	-	1.0000
	OPA-16-2	-	1.0000
	OPA-16-3	0.5774	0.4082
	OPA-16-4	0.4226	0.5918
OPE-06	OPE-06-1	-	1.0000
	OPE-06-2	-	1.0000
	OPE-06-3	0.2357	0.7643
OPA-20	OPA-20-1	0.5270	0.4730
	OPA-20-2	0.6667	0.3333
	OPA-20-3	0.6236	0.3764

Çizelge 4.2. Tavuklarda tüm lokuslar için genetik çeşitlilik istatistiği

Lokus	n	na	ne	h	I
OPE-01-1	18	2.0000	1.8848	0.4694	0.6623
OPE-01-2	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPE-01-3	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPA-16-1	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPA-16-2	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPA-16-3	18	2.0000	1.9533	0.4880	0.6811
OPA-16-4	18	2.0000	1.9348	0.4832	0.6762
OPE-06-1	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPE-06-2	18	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000
OPE-06-3	18	2.0000	1.5632	0.3603	0.5461
OPA-20-1	18	2.0000	1.9942	0.4985	0.6917
OPA-20-2	18	2.0000	1.8000	0.4444	0.6365
OPA-20-3	18	2.0000	1.8848	0.4694	0.6623
Ort.	18	1.5385	1.4627	0.2472	0.3505
St. Sap.		0.5189	0.4574	0.2405	0.3395

(na: gözlenen allel sayısı, ne: allellerin etkili sayısı, h: gen çeşitliliği, I: Shannon bilgi indeksi)

Polimorfik lokus sayısı : 7

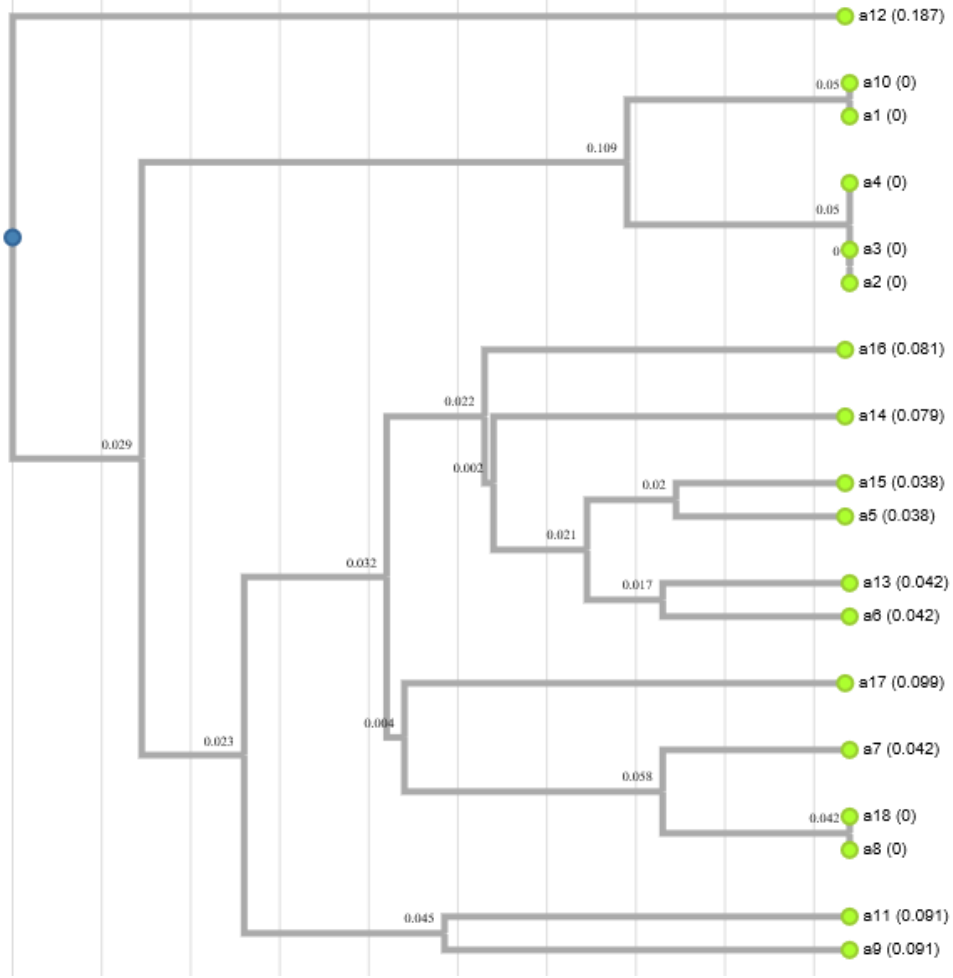
Polimorfik lokus : %53.85

Tavuk popülasyonuna ait genetik uzaklık değerleri Çizelge 4.3.'te verilmiştir. Genetik uzaklıklar 0.000-0.615 arasında hesaplanmıştır. Çizelge 4.3. incelendiğinde, Genetik uzaklıklar bakımından tavuklar arasında genetik varyasyon olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.3. Tavuklar arasında genetik uzaklıklar

	a1	a2	a3	a4	a5	a6	a7	a8	a9	a10	a11	a12	a13	a14	a15	a16	a17	a18
a1	0	0.100	0.100	0.100	0.308	0.385	0.250	0.167	0.333	0.000	0.182	0.300	0.308	0.250	0.231	0.385	0.385	0.167
a2		0	0.000	0.000	0.250	0.333	0.333	0.250	0.417	0.100	0.273	0.400	0.385	0.333	0.308	0.462	0.333	0.250
a3			0	0.000	0.250	0.333	0.333	0.250	0.417	0.100	0.273	0.400	0.385	0.333	0.308	0.462	0.333	0.250
a4				0	0.250	0.333	0.333	0.250	0.417	0.100	0.273	0.400	0.385	0.333	0.308	0.462	0.333	0.250
a5					0	0.083	0.231	0.154	0.308	0.308	0.308	0.538	0.154	0.231	0.077	0.231	0.083	0.154
a6						0	0.308	0.231	0.250	0.385	0.250	0.500	0.083	0.167	0.154	0.167	0.167	0.231
a7							0	0.083	0.250	0.250	0.250	0.500	0.231	0.308	0.154	0.167	0.167	0.083
a8								0	0.167	0.167	0.167	0.417	0.154	0.231	0.077	0.231	0.231	0.000
a9									0	0.333	0.182	0.300	0.167	0.250	0.231	0.250	0.385	0.167
a10										0	0.182	0.300	0.308	0.250	0.231	0.385	0.385	0.167
a11											0	0.300	0.167	0.250	0.231	0.250	0.385	0.167
a12												0	0.417	0.364	0.462	0.500	0.615	0.417
a13													0	0.083	0.077	0.083	0.231	0.154
a14														0	0.154	0.167	0.308	0.231
a15															0	0.154	0.154	0.077
a16																0	0.167	0.231
a17																	0	0.231
a18																		0

Tavuk popülasyonuna ait genetik uzaklık değerleri ile oluşturulan UPGMA genetik ağacı Şekil 4.2.'de verilmiştir. Şekil 4.2. incelendiğinde; {a12}, {a2-a3-a4-a1-a10}, {a16-a14-a15-a5-a13-a6}, {a17-a7-a18-a8}, {a11-a9} şeklinde 5 kümeye ayrıldığı görülmektedir.



Şekil 4.3. Tavuklarda UPGMA ağacı

5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

Bu çalışmada, Şanlıurfa yöresindeki köy tavuklarının genetik yapıları RAPD-PCR tekniği belirlenmeye çalışılmıştır. Çalışmanın hayvan materyalini, Şanlıurfa ve yöresinde yetiştirilen köy tavukları oluşturmuştur. Tavuklardan genomik DNA izolasyonu için kan örnekleri toplanmış ve tüm örneklerden genomik DNA izole edilmiştir. Tavuk DNA örneklerinde RAPD primerleri, polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmıştır. RAPD primerlerinin bant paternine göre veri seti oluşturulmuştur. İlgili primerlere ait allellerin; gözlenen allel sayısı (n_a), allellerin etkili sayısı (n_e), gen çeşitliliği (h) ve Shannon bilgi indeksi (I) değerleri hesaplanmıştır. Tavuk popülasyonu için, gözlenen allel sayısı (n_a), allellerin etkili sayısı (n_e), gen çeşitliliği (h) ve Shannon bilgi indeksi (I) ortalama değerleri sırasıyla; 1.5385 ± 0.1224 , 1.4627 ± 0.1079 , 0.2472 ± 0.0567 ve 0.0827 olarak bulunmuştur.

Tavuklarda genetik yapının araştırılmasında RAPD primerlerinin polimorfizmine göre genetik analizler yapılmıştır. Temel genetik analizler; genetik ilişkileri göstermek amacıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) yöntemi kullanılarak yapılmıştır.

Tavuklar arasında genetik uzaklıklar 0.000-0.615 arasında hesaplanmıştır. UPGMA genetik ağaçta, RAPD tekniğine göre tavuklar arasında genetik ilişkiler bakımından beş farklı küme görülmüştür.

Sonuç olarak, Şanlıurfa yöresi yerli tavuklarda RAPD-PCR tekniği ile polimorfizm ve genetik ilişkiler belirlenmiştir. Araştırma sonuçlarının, tavuklar üzerinde yapılan genetik çalışmalara katkı sağlaması beklenmektedir. Ayrıca, çalışma sonuçlarının genetik polimorfizm ve biyoçeşitlilik çalışmaları ile ulusal genetik kaynakları koruma stratejilerine katkı sağlaması düşünülmektedir.

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



KAYNAKLAR

- AHMED ALI, B., 2003. Genetics similarity among four breeds of sheep in Egypt detected by RAPD markers. *African Journal of Biotechnology*, 2 (7): 194-197.
- AHMED ALI, B., MOHAMED AHMED, M. M. and MAHMOUD ALY, O. M., 2003. Relationship between genetic similarity and some productive traits in local chicken strains. *African Journal of Biotechnology*, 2 (2): 46-47.
- BARDAKÇI, F., 2001. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Turk. J. Biol.*, 25: 185.
- BISHOP, M. D., KAPPES, S. M., KEELE, J. W., STONE, R. T., SUNDEN, S. L., HAWKINS, G. A., TOLDO, S. S., FRİES, R., GROSZ, M. D. and YOO, J., 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, 136(2): 619-639.
- CERİT, H., 2001. Bir holştayn sığır popülasyonunda bazı genomik lokusların allel frekanslarının belirlenmesi ve birey tanımlanmasındaki önemi. *Turk J. Vet. Anim. Sci.*, 27: 81-91.
- CUSHWA, W. T., DODDS, K. G., CRAWFORD, A. M. and MEDRANO, J. F., 1996. Identification and genetic mapping of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to the sheep genome. *Mammalian Genome*, 7: 580-585.
- HUANG, M. C., HORNG, Y. M., HUANG, H. L., SIN, Y. L. and CHEN, M. J., 2003. RAPD Fingerprinting for the Species Identification of Animals. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 16: 1406-1410.
- İVGİN, R. and BİLGEN, G., 2002. Estimation of genetic distance in meat and layer pure lines using randomly amplified polymorphic DNA. *Turk J. Vet. Anim. Sci.*, 26: 1117-1120.
- KANTANEN, J., VILKKI, J., ELO, K. and MAKI-TANILA, A., 1995. Random amplified polymorphic DNA in cattle and sheep: application for detecting genetic variation. *Animal Genetics*, 26: 315-320.
- LEE, J. C. and CHANG, J. G., 1994. RAPD-PCR fingerprints in forensic species identification. *Forensic Science International*, 67: 103-107.
- LI, B., DU, M., GUO, X. and ZHOU, Z., 2002. Genetic analysis of Shanxi native goats using RAPD markers. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, Montpellier, France. Session 26: 1-3.
- NEI, M. and LI, W. H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA.*, 76: 5269-5273.
- OKUMUŞ, A. and KAYA, M., 2005. Genetic similarity by RAPD between pure lines of chickens. *J. Biological Sci.*, 5: 424-426.
- OZKOSE, E., DAVIES, D. R., EKINCI, M. S., THEODOROU, M. K. and GRIFFITH, G. W., 2002. Molecular ecology of anaerobic fungi. *Reproduction Nutrition Development*, 42: 83.
- ROMANOV, M. N. and WEIGEND, S., 2001. Using RAPD markers for assessment genetic diversity in chickens. *Arch. Geflugelk.*, 65 (4): 145-148.
- SHARMA, D., APPA RAO, K. B. C. and TOTEY, S. M., 2000. Measurement of within and between population genetic variability in quails. *British Poultry Science*, 41: 29-32.

- SHARMA, D., APPA RAO, K. B. C., SINGH, R. V. and TOTEY, S. M., 2001. Genetic diversity among chicken breeds estimated through randomly amplified polymorphic DNA. *Animal Biotechnology*, 12(2): 111–120.
- SHARMA, B. S., JANSEN, G. B., KARROW, N. A., KELTON, D. and JIANG, Z., 2006. Detection and characterization of amplified fragment length polymorphism markers for clinical mastitis in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 89(9): 3653-3663.
- SMITH, E. J., JONES, C. P., BARTLETT, J. and NESTOR, K. E., 1996. Use of randomly amplified polymorphic DNA markers for the genetic analysis of relatedness and diversity in chickens and turkey. *Poultry Science*, 75: 579-584.
- ŞAHİN, E., 2005. Antalya yöresi kıl keçilerinde genetik polimorfizmin RAPD-PCR yöntemiyle belirlenmesi. Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Antalya, 48s.
- TAHMOORESPUR, M., NASSIRY, M. R. and MOHAMMADY, A., 2003. The use of 17 RAPD primers in some of Iranian sheep breeds. *Proceeding of British Society of Animal Science*, 144.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M. and VAN DE LEE, T., 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.*, 23: 4407-4414.
- WEI, R., DENTINE, M. R. and BITGOOD, J. J., 1997. Random amplified polymorphic DNA markers in crosses between inbred lines of Rhode Island Red and White Leghorn chickens. *Animal Genetics*, 28: 291–294.
- WILLIAMS, J. G. K., KUBELIK, A. R., LIVAK, K. J., RAFALSKI, J. A. and TINGEY, S. V., 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers is useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.*, 18: 6531-6535.
- YEĞENOĞLU, E. D., 1999. Japon bildircinlarında (*Coturnix Coturnix Japonica*) DNA izolasyonu ve DNA parmakizlerinin çıkarılması. Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi , İzmir, 57s.
- YEH, F., YANG, R. C. and BOYLE, T., 1999. POPGENE, the User-friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Center. University of Alberta. Edmonton, AB, Canada.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Mehmet Murat KONUK
Uyruğu : T.C.
Doğum Yeri ve Tarihi : Şanlıurfa, 01.07.1989
Telefon : 0542 339 78 74
e-mail : murat_19_konuk@hotmail.com

EĞİTİM

Derece	Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	: İMKB Çok Programlı Lisesi, Merkez, Şanlıurfa	2006
Üniversite	: Harran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Merkez, Şanlıurfa	2012
Yüksek Lisans:	Harran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Anabilim Dalı, Merkez, Şanlıurfa	2016

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	Kurum	Görevi
2013-devam ediyor	Adıyaman Sincik İlçe Tarım Müdürlüğü	Ziraat Mühendisi

UZMANLIK ALANI: Zootečni Bilimi

YABANCI DİLLER: İngilizce