

**ÇİFTLİK HAYVANLARINDA YAPILAN MARKER
DESTEKLİ SELEKSİYON ÇALIŞMALARI**

ENFAL ÖNCÜ GÜL

OCAK 2026

DİYARBAKIR

DİCLE ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ÇİFTLİK HAYVANLARINDA YAPILAN MARKER
DESTEKLİ SELEKSİYON ÇALIŞMALARI**

ENFAL ÖNCÜ GÜL

DİCLE ÜNİVERSİTESİ LİSANSÜSTÜ EĞİTİM-ÖĞRETİM VE SINAV
YÖNETMELİĞİNİN BİR PARÇASI OLARAK
ZOOTEKNİ ANA BİLİM DALINDA
YÜKSEK LİSANS TEZİ
OLARAK HAZIRLANMIŞTIR

OCAK 2026

DİYARBAKIR

**ÇİFTLİK HAYVANLARINDA YAPILAN MARKER
DESTEKLİ SELEKSİYON ÇALIŞMASI**

Enfal ÖNCÜ GÜL tarafından Dicle Üniversitesi Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliği'nin bir parçası olarak hazırlanan bu çalışma, aşağıda bilgileri yazılı jüri üyeleri tarafından değerlendirilerek **Zootekni Ana Bilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Neslihan DALKILIÇ
Müdür, **Fen Bilimleri Enstitüsü**

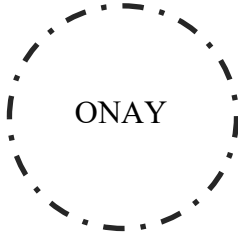
Dr. Öğr. Üyesi İlkay BARITCI
Danışman, **Zootekni Bölümü**
Dicle Üniversitesi

Sınav Jürisi:

Doç. Dr. Halit Deniz ŞİRELİ(*)
Zootekni Bölümü, Dicle Üniversitesi

Dr. Öğr. Üyesi İlkay BARITCI (**)
Zootekni Bölümü, Dicle Üniversitesi

Doç. Dr. Ferda KARAKUŞ
Zootekni Bölümü, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi



Savunma Tarihi: 21/01 /2026

(*) Jüri Başkanı.

(**) Tez Danışmanı.

Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırlanan bu tez çalışmasında yer alan tüm bilgilerin akademik kurallara ve etik ilkelere uygun olarak elde edildiğini ve sunulduğunu beyan ederim. Ayrıca, bahse konu bu kural ve ilkelerin gerektirdiği üzere, bu çalışmada özgün olmayan tüm bilimsel içerikleri kurallara uygun biçimde alıntılıyıp kaynak gösterdiğimi beyan ederim. Beyanımınla çelişen herhangi bir delil bulunduğu takdirde tüm sorumluluğu üstleneceğimi kabul ederim.

Ad, Soyad: Enfal ÖNCÜ GÜL

İmza:

TEŞEKKÜR

Yüksek lisans eğitimim süresince bilgi, deneyim ve desteğini esirgemeyen, tezimin her aşamasında yol gösterici tutumuyla bana rehberlik eden değerli danışmanım Dr. Öğr. Üyesi İlkey BARITCI'ya en içten teşekkürlerimi sunarım.

Eğitimim süresince bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım, katkılarını esirgemeyen Dicle Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı öğretim üyelerine teşekkür ederim.

Hayatımın her anında yanımda olan, sabır ve sevgisiyle beni motive eden değerli eşim Dr. Öğr. Üyesi Seçkin GÜL'e, dünyamı güzelleştiren oğlum Doruk'a ve daima yanımda olan, manevi destekleriyle her zorluğu aşmamı sağlayan aileme teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

TEŞEKKÜR.....	iv
İÇİNDEKİLER	v
ŞEKİLLER LİSTESİ	vi
TABLolar ve GRAFİK LİSTESİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR LİSTESİ	vii
ÖZET.....	x
ABSTRACT	xi
1. GİRİŞ	1
2. MATERYAL ve YÖNTEM.....	7
2.1 Materyal.....	7
2.2 Yöntem	7
3. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI VE ÖZETLERİ.....	8
3.1 Geleneksel Seleksiyon Yöntemleri.....	10
3.2 Marker Destekli Seleksiyon	11
3.2.1 PCR (Polimeraz zincir reaksiyonu).....	12
3.2.2 RFLP (Kesilmiş parça uzunluk polimorfizmi)	14
3.2.3 RAPD (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA)	20
3.2.4 AFLP (Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi).....	27
3.2.5 SSR (Basit dizi tekrarı, Mikrosatellit analizi).....	35
3.2.6 SNP (Tek nükleotid polimorfizmi).....	42
4. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	50
KAYNAKLAR	53
ÖZGEÇMİŞ	63

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 3.1 Dicle Üniversitesi Uygulama Laboratuvarı A) Gerçek Zamanlı PCR (Applied Biosystem- StepOnePlus), B) Termal Döngüleyici (Eppendorf-Mastercycler 6331), (Anonim 2025b)	12
--	----

TABLO ve GRAFİK LİSTESİ

Tablo 1.1 2024 TÜİK Sığır- Koyun-Keçi Hayvansal Üretim Verileri (TÜİK, 2024).....4

Grafik 1.1 2015-2024 TÜİK Sığır- Koyun-Keçi Hayvansal Üretim Verileri (TÜİK, 2024).....3



SİMGELER VE KISALTMALAR LİSTESİ

Simgeler	Açıklama
%	Yüzde
bp	Baz Çifti
B6	Vitamin B6 (Piridoksin)
B12	Vitamin B12 (Kobalamin)
°C	Santigrat Derece
µl/ng	Mikrolitre / Nanogram
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
χ ²	Ki-Kare Testi (<i>Chi-Square Test</i>)
F _{is}	Populasyon İçi Bireylerin Akrabalık Katsayısı

Kısaltmalar	Açıklama
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
MAS	Marker Destekli Seleksiyon
DNA	Deoksiriboz Nükleik Asit
QTL	Niceliksel Özellik Lokusları
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
AFLP	Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi
RFLP	Sınırlı Parça Uzunlukları Polimorfizmi
SSCP	Tek İplikli Konformasyon Polimorfizm
SNP	Tek Nükleotit Polimorfizmi
SSR	Tek Dizi Tekrarları
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
GTS	Genetik Farklılaşma Katsayısı
HS	Ortalama Heterozigotluk

HT	Toplam Heterozigotluk
UPGMA	Ağırlıksız Ortalama Bağlantı Yöntemi
n	Hayvan Örnek Sayısı
dNTP	Deoksinükleotid Trifosfatlar
HWE	Hardy-Weinberg Testi
PIC	Polimorfik Bilgi İçeriği
Csp6I	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
MspI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
XmnI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
EcoRI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
TaqI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
FoKI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
BsrBI	Restriksiyon Endonükleaz Enzimi
GAK	Güney Anadolu Kırmızısı
YK	Yerli Kara
DAK	Doğu Anadolu Kırmızısı
BI	Boz Irk
YGS	Yerli Güney Sarısı
SMM	Basamaklı (Stepwise) Mutasyon Modeli
TPM	İki Aşamalı Model
PCA	Temel Bileşen Analizi

ÖZET

ÇİFTLİK HAYVANLARINDA YAPILAN MARKER DESTEKLİ SELEKSİYON ÇALIŞMALARI

ÖNCÜ GÜL, Enfal

Yüksek Lisans, Zootečni Bölümü

Danışmanı: Dr. Öğr. Üyesi İlkay BARITCI

Ocak 2026, 75 Sayfa

Küresel nüfus artışı ve buna bağlı olarak hayvansal gıdalara yönelik talebin yükselmesi, çiftlik hayvanlarında verimlilik, ürün kalitesi ve hastalıklara direnç gibi ekonomik öneme sahip özelliklerin genetik olarak iyileştirilmesini zorunlu kılmıştır. Geleneksel seleksiyon yöntemleri fenotipik kayıtlara dayalı olmaları nedeniyle zaman alıcı ve çevresel faktörlerden etkilenebilirken, moleküler belirteç teknolojileri genotip düzeyinde bilgi sağlayarak seleksiyon doğruluğunu artırmaktadır. Bu derleme tezde, çiftlik hayvanlarında gerçekleştirilen marker destekli seleksiyon çalışmalarının gelişimi RAPD, AFLP, RFLP, SSR ve SNP belirteç sistemleri çerçevesinde kapsamlı biçimde değerlendirilmiştir. İncelenen çalışmalar, söz konusu moleküler belirteçlerin süt verimi, canlı ağırlık artışı, karkas özellikleri, döl verimi ve hastalıklara dayanıklılık gibi temel ekonomik karakterlerle ilişkili gen bölgelerinin belirlenmesinde etkili olduğunu ortaya koymaktadır. RAPD ve AFLP belirteçleri genetik çeşitlilik ve populasyon yapısının analizinde kullanılırken, RFLP yöntemi aday gen polimorfizmlerinin saptanmasında güvenilir sonuçlar sunmuştur. SSR belirteçlerinin yüksek polimorfizm düzeyi sayesinde genetik haritalama ve akrabalık analizlerinde önemli avantaj sağladığı; SNP belirteçlerinin ise yüksek yoğunluklu genotipleme ve genomik seleksiyon uygulamalarında en güçlü ve güncel yaklaşımı temsil ettiği belirlenmiştir. Elde edilen bulgular, marker destekli seleksiyonun generasyon aralığını kısalttığını, erken yaşta genetik üstün bireylerin belirlenmesini mümkün kıldığını ve ıslah programlarının etkinliğini artırdığını göstermektedir. Bununla birlikte, belirteç etkinliğinin populasyon yapısı ve fenotipik veri kalitesi ile doğrudan ilişkili olduğu anlaşılmıştır. Sonuç olarak, moleküler belirteçlerin geleneksel ıslah yöntemleriyle entegre edilmesi sürdürülebilir hayvancılık açısından önemli katkılar sağlamakta olup, özellikle SNP temelli genomik seleksiyon yaklaşımlarının gelecekte daha yaygın ve etkili biçimde kullanılacağı öngörülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Marker destekli seleksiyon, DNA belirteçler, genetik varyasyon

ABSTRACT

MARKER-ASSISTED SELECTION STUDIES CONDUCTED IN FARM ANIMALS

ÖNCÜ GÜL, Enfal

Master of Science in Department of Animal Science

Supervisor: Asst. Prof. Dr. İlkey BARITCI

January 2026, 75 pages

The rapid growth of the global population and the corresponding increase in demand for animal-derived foods have necessitated the genetic improvement of economically important traits in farm animals, including productivity, product quality, and disease resistance. Traditional selection methods, which rely primarily on phenotypic records, are time-consuming and susceptible to environmental influences, whereas molecular marker technologies enhance selection accuracy by providing information at the genotypic level. In this review thesis, studies on marker-assisted selection in farm animals were comprehensively evaluated within the framework of RAPD, AFLP, RFLP, SSR, and SNP marker systems. The reviewed literature indicates that these molecular markers are effective in identifying genomic regions associated with key economic traits such as milk yield, body weight gain, carcass characteristics, reproductive performance, and disease resistance. RAPD and AFLP markers have been widely used in the analysis of genetic diversity and population structure, while the RFLP method has provided reliable results in detecting candidate gene polymorphisms. SSR markers offer significant advantages in genetic mapping and kinship analysis due to their high level of polymorphism, whereas SNP markers represent the most powerful and up-to-date approach for high-density genotyping and genomic selection applications. The findings demonstrate that marker-assisted selection shortens the generation interval, enables the early identification of genetically superior individuals, and improves the efficiency of breeding programs. However, marker effectiveness is strongly influenced by population structure and the quality of phenotypic data. Consequently, the integration of molecular markers with conventional breeding methods contributes substantially to sustainable livestock production, and SNP-based genomic selection approaches are expected to become increasingly widespread and effective in the future.

Keywords: Marker-assisted selection, DNA markers, genetic variation

1. GİRİŞ

Ülkemiz, toprakları Asya ve Avrupa kıtalarına yayılan ve jeopolitik konumu nedeniyle doğal bir köprü niteliği taşıyan stratejik bir coğrafyaya sahiptir (Doğan ve Doğan, 2022). Türkiye, batı ile doğu, kuzey ile güney arasındaki geçiş noktasında bulunması ve Avrupa-Sibirya, İran-Turan ve Akdeniz olmak üzere üç farklı biyocoğrafik bölgeyi birleştirmesi bakımından eşsiz özelliklere sahiptir (Öz ve Aslantaş, 2015). Bu üç biyocoğrafik alanın kesişim noktasında yer alması, üç tarafının denizlerle çevrili olması, batıdan doğuya doğru yükseltinin artması, kuzey ve güney kıyılarının gerisinde yüksek dağlık kuşakların bulunması gibi topografik ve iklimsel faktörler, ülkemizdeki coğrafi çeşitliliği önemli ölçüde artırmıştır. Coğrafi çeşitliliğin artması, beraberinde bitki çeşitliliği ve genetik kaynak zenginliğinin de yükselmesine katkıda bulunmuştur. Tüm bu özellikleri nedeniyle Türkiye, biyolojik çeşitlilik açısından Orta Doğu ve Avrupa'nın en zengin ülkeleri arasında yer almakta; flora ve fauna çeşitliliği bakımından küresel ölçekte dikkat çeken bir konuma sahip bulunmaktadır (Demir, 2013).

Küresel çapta dünya nüfusunun 8 milyar 54 milyon olduğu ve bu oranın yıllık 80 milyon üzerinde artış gösterdiği belirtilmiştir (Anonim, 2023; Norrman, 2023). Buna paralel olarak artan nüfus beraberinde kentleşme, yoğun sanayileşme, erozyon, ormansızlaşma, çevre kirliliği ve kuraklık gibi küresel stres senaryolarına sebebiyet vermektedir. Bu etkiler düşünüldüğünde küresel nüfus için gıda güvenliği ve gıda talebi üzerinde olumsuz sonuçlar oluşturmaktadır. Özellikle artan nüfusun gıda ihtiyacını ve tarımsal üretimi artırmak için kullanılan gübrelerin, pestisitlerin ve herbisitlerin aşırı ve bilinçsiz bir şekilde kullanımı, düşük tarımsal üretkenliğe, düşük toprak verimliliğine, olumsuz ekonomik getirilerle beraber hem insan sağlığını hem hayvan sağlığını olumsuz bir şekilde etkileyen gıda zehirlenmesine, toprakta geri dönülmez hasara, biyolojik çeşitliliğin azalmasına ve ciddi çevresel sorunlara yol açmıştır (Altıkat vd., 2009; Alori vd., 2017; Koyuncu ve Akgün, 2018).

İnsan beslenmesinde et ve süt gibi hayvansal ürünler dünya nüfusu için hayati önem taşımaktadır. Küresel nüfus için yeterli ve dengeli beslenmede önemli rol oynayan hayvancılık sektörü, ülke bazında gelir ve istihdam, deri, tekstil, süt, et ve ilaç sanayi gibi birçok alanda ekonomik ve sosyal fonksiyonlara katkı sağlamaktadır. Ayrıca

hayvansal üretim sektörü; ülke ekonomisine sağladığı katma değer, bitkisel ve yan ürünlerin değerlendirilmesine olanak tanınması, işletme kârlılığını artırması, kırsal göçü azaltması, işgücü verimliliğini yükseltmesi ve doğal ya da ekonomik koşullardan kaynaklanan risk faktörlerini azaltması gibi önemli katkılar sağlayan bir sektördür (Ergün ve Bayram, 2021).

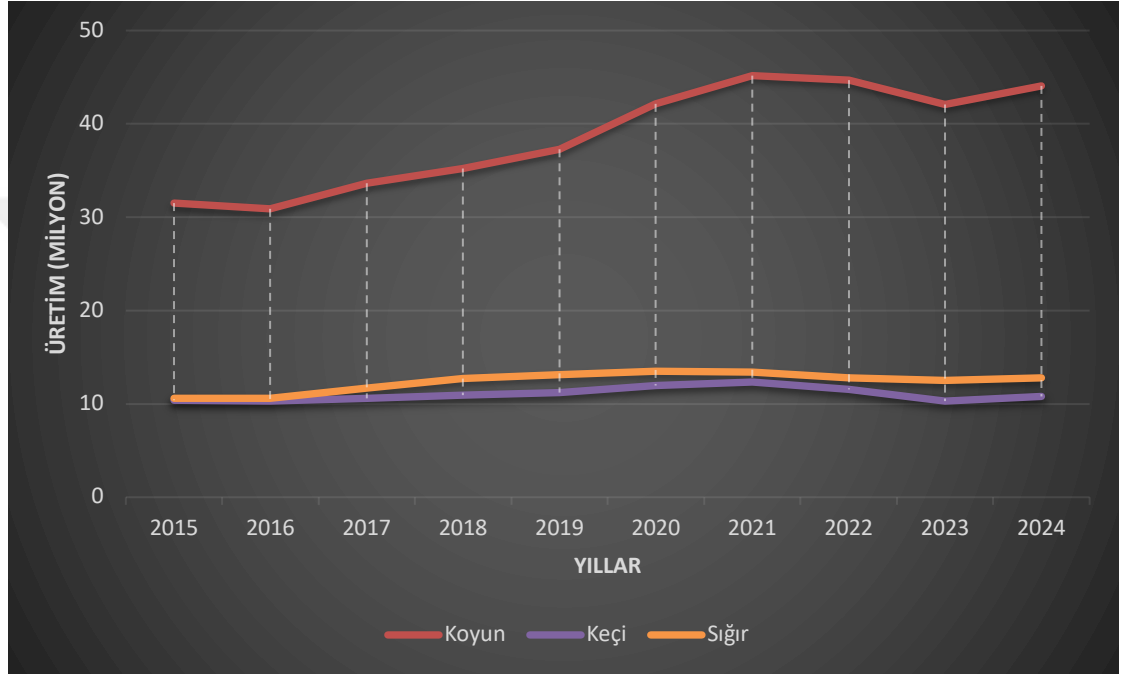
Küresel ölçekte hızla artan nüfusun gıda talebinin miktar ve besin değeri açısından yeterli düzeyde karşılanması, özellikle gelişmekte olan ülkeler için gıda ve tarım politikalarının başlıca öncelikleri arasında yer almaktadır. Toplumların fiziksel büyüme ve gelişimini, zihinsel kapasitesini ve genel sağlığını sürdürebilmesi için hayvansal kökenli ürünler (et, süt ve türevleri) temel besin grupları arasında ilk sırayı almaktadır. Bu ürünler, içerdiği yüksek biyolojik değerli proteinler, vitaminler ve mineraller sayesinde bireylerin sağlıklı bir yaşam sürdürebilmesi açısından kritik öneme sahiptir (Gürer, 2021). Özellikle koyun, keçi ve sığır gibi çiftlik hayvanlarının sahip olduğu kırmızı et insan sağlığı için gerekli olan yüksek protein, karbonhidrat, yağ içermesiyle beraber demir, B6 ve B12 vitaminleri, çinko, selenyum, niasin, riboflavin, potasyum, fosfor ve magnezyum gibi birçok temel besin öğelerini önemli miktarda içermektedir (Beltran ve Belles, 2019; Batu, 2024).

Küresel düzeyde artan gıda talebinin karşılanmasında, koyun, keçi ve sığır gibi çiftlik hayvanlarının yetiştiriciliği kritik bir role sahiptir. Güncel verilere göre dünya genelinde koyun sayısı 1,51 milyarın, keçi sayısı ise 1,25 milyarın üzerindedir. Yetiştiricilik bakımından koyun ve keçide ilk sırayı Çin, sığır popülasyonunda ise 942,6 milyon baş ile Hindistan almaktadır. Türkiye, dünya hayvansal üretimine koyunda %2,7, keçide %0,82, sığırdan ise %1,74 oranında katkı sağlamaktadır (Anonim, 2023; Anonim, 2025a). Öte yandan, dünya nüfusundaki artışın etkisiyle hayvansal gıda talebini karşılamak için her yıl yaklaşık 56 milyar kara hayvanının kesildiği bildirilmektedir (Koyuncu ve Akgün, 2018).

Ülkemizde son 10 yıllık zaman dilimi incelendiğinde yetiştirilen keçi, koyun ve sığır gibi kümes hayvanlarının sayısının düzenli bir artış eğiliminde olduğu görülmektedir (Grafik 1.1). Bunun sebebi olarak; 2000 yılından sonra kamu kurum ve kuruluşları tarafından üreticilere verilen teşviklerin artması, çeşitli projelerin uygulanması, hibe

destekleri verilmesi, 2007 yılında Koyun-Keçi Yetiştiriciliği Birliklerin kurulması ve şehirden kırsala göç yaşanması gibi faktörlerin etkili olduğu belirtilmiştir (Ergün ve Bayram, 2021; Barıt vd., 2025). Ayrıca bu artışta araştırmacıların yaptığı ıslah çalışmaları, üreticilerin bilinçlenmesi, teknolojinin gelişmesi, üretim alanlarının artması gibi etmenler etkili olmuştur.

Grafik 1.1 2015-2024 TÜİK Koyun-Keçi Hayvansal Üretim Verileri (TÜİK, 2024)



2024 üretim yılı verilerine göre Türkiye’de koyun varlığı 44 milyonun, keçi varlığı 10 milyonun, sığır varlığı ise 12 milyonun üzerinde seyretmektedir (Anonim, 2024). Ülke nüfusu 85 milyon 664 bin olup, kırsal bölgelerde yaşayan nüfusun %23’ünün hayvancılık, %76,3’ünün ise tarımsal faaliyetlerle uğraştığı bildirilmektedir (Karakuş, 2011). Türkiye’nin kırsal ekonomisinde önemli bir yere sahip olan hayvansal üretim içinde, koyun yetiştiriciliği gerek sayı bakımından gerekse geniş coğrafi yayılımı açısından diğer çiftlik hayvanlarına kıyasla daha belirgin bir ağırlığa sahiptir. (Tablo 1.1)

Ülkemiz, var olan gıda talebini karşılayabilecek birçok hayvan ırkının gen merkezi olarak önemli bir sosyo-kültürel ve ekonomik konuma sahiptir. Ülkemizde koyun genetik kaynakları arasında Akkaraman, İvesi, Morkaraman, Dağlıç, Kıvırcık, Karakaya, Sakız, Tuj ve Güney Karaman (Yakan vd., 2012), keçi genetik kaynakları

arasında Kıl keçisi, Tiftik keçisi, Honamlı, Norduz ve Kilis keçisi (Alızadehasl ve Ünal, 2011; Keskin vd., 2017) ve sığır genetik kaynakları arasında ise Anadolu Yerli Sığırı, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Boz ırk ve Kara gibi birçok yerli hayvan ırkı bulunmaktadır. (Kabasakal, 2014; Yüksel, 2019). 2024 TÜİK verilerine göre koyun, keçi ve sığır varlığının en yoğun olduğu bölgeler arasında ilk sırayı Güneydoğu Anadolu Bölgesi almakta, bunu İç Anadolu ve Ege bölgeleri izlemektedir. Ayrıca, ülkemizin 81 ilinde bu hayvanların yetiştiriciliği yapılmaktadır (TÜİK, 2024).

Tablo 1.1 2024 Türkiye Sığır-Koyun-Keçi Hayvansal Üretim Değerleri (TÜİK, 2024)

Sıra No	Şehir	Koyun Toplam Üretim	Sıra No	Şehir	Keçi Toplam Üretim	Sıra No	Şehir	Sığır Toplam Üretim
1	Van	3.040.146	1	Mersin	792294	1	Konya	694.623
2	Konya	2.931.323	2	Antalya	628303	2	İzmir	688.679
3	Şanlıurfa	2.364.954	3	Siirt	541325	3	Ankara	519.102
4	Diyarbakır	1.894.610	4	Şırnak	480747	4	Erzurum	517.985
5	Ankara	1.811.254	5	Mardin	429697	5	Diyarbakır	474.772
6	Ağrı	1.508.881	6	Adana	418099	6	Kars	468.482
7	Balıkesir	1.222.213	7	Diyarbakır	405717	7	Balıkesir	403.696
8	Eskişehir	1.088.552	8	Van	333392	8	Aydın	378.588
9	Iğdır	997.101	9	Kahramanmaraş	332964	9	Kayseri	340.519
10	Sivas	938.317	10	Bitlis	316736	10	Afyonkarahisar	287.687

Ülkemizin sahip olduğu ekolojik koşullar ve doğal kaynaklar dikkate alındığında hem büyükbaş hem de küçükbaş hayvan yetiştiriciliği bakımından uygun şartlara sahiptir (Turan vd., 2017). Ülkemizde coğrafi bölgelere göre hayvan varlığı incelendiğinde, sığır sayısında 2,167 milyon baş ile Ege Bölgesi ilk sırada yer almaktadır. Keçi ve koyun varlığında ise Güneydoğu Anadolu Bölgesi öne çıkmakta olup, bölgede 2,771 milyon keçi ve 8,037 milyonun üzerinde koyun bulunmaktadır. (TÜİK, 2024). Bu üretim değerleri düşünüldüğünde Güneydoğu bölgesi ülkemizin gıda talebi karşılaması ve ülke ekonomisine katkısı bakımından önemli bir konumdadır.

Günümüzde birçok hayvan türü yetiştiriciliği hala geleneksel yöntemlerle yapılmaktadır. Bu geleneksel yöntemler yapılırken hayvanın fenotip (fiziki) özellikleri

dikkate alınarak üretim gerçekleştirilmektedir. Artan dünya nüfusunun oluşturacağı gıda talebini karşılamak için geleneksel hayvancılık yöntemleri yetersiz kalacak ve tüketici beklentilerini tam olarak karşılayamayacaktır. Birçok araştırmacı küresel çapta nüfusun hayvansal gıda ihtiyacını karşılayabilmesi için ıslah çalışmalarına öncelik verilerek modern hayvancılık üretimi yapılması gerektiğini vurgulamıştır (Gürbüz ve Özkan, 2019; Kaba ve Çanakcı, 2020). Islah çalışmaları sayesinde et ve süt verimi, östrus senkronizasyonu, döl verimi, yavru yaşama gücü, çoklu doğum oranı (ikizlik, üçüzlük vb.) ve hayvan başına düşen yavru sayısı gibi özellikler artırılabilen; böylece hem artan gıda talebinin karşılanması hem de üreticinin ekonomik kazancının yükseltilmesi mümkün olmaktadır (İbiş ve Ağaoğlu, 2016; Özmen ve Cirit, 2020).

Hayvan ıslahı, geleneksel ve modern ıslah teknikleri olmak üzere iki ana gruba ayrılmaktadır. Geleneksel yöntemler arasında seleksiyon, safkan yetiştirme, melezleme, akrabalı yetiştirme (inbreeding) ve çeşitli çaprazlama teknikleri yer almaktadır (Kaymakçı ve Taşkın, 2008; Thakur, 2022). Modern ıslah yöntemleri ise suni tohumlama, embriyo transferi, marker destekli seleksiyon (MAS), genomik seleksiyon ve transgenik yöntemler olarak gruplara ayrılmıştır (Varışlı, 2019; Say ve Altun, 2021).

Geleneksel ıslah yöntemleri, fenotipik özelliklere dayanmaktadır. Bu da araştırmacıların hangi değerlerin faydalı olduğuna karar vermesini gerektirir. Geleneksel ıslah metotların hayvan yetiştiriciliğine uygulanması, önemli özelliklerin pozitif ve negatif seçimine bağlıdır. Genellikle bir popülasyondaki genetik özellikleri seçmek ve stabilize etmek için nesillere ihtiyaç duyulabilmektedir. Buna karşılık, modern ıslah teknolojileri, gen fonksiyonlarının bilgisine dayalı olarak önceden belirlenmiş genetik ve fenotipik özelliklere sahip bir hayvanın tek adımda üretilmesini sağlar (Popova vd., 2023).

Modern ıslah teknikleri, hedef bölgeleri hassas bir şekilde düzenleme yetenekleri sayesinde, geleneksel ıslah yöntemlerine kıyasla daha hızlı ve daha verimli hayvancılık iyileştirmeleri sağlamaktadır (Khalil, 2025). Modern ve geleneksel ıslah tekniklerinde RFLP, RAPD, Mikrosatelit ve SNP gibi markerlar daha erken, daha doğru ve hedefe yönelik ıslah yapılmasını sağlamaktadır. Özellikle moleküler

markerlar DNA düzeyinde çeşitliliği ölçebilmektedir. Bu da ıslah çalışmasında başarıyı artırmaktadır (Gürses ve Bayraktar, 2014; Kepezkaya vd., 2024).

Son zamanlarda özellikle moleküler düzeyde yapılan çalışmalar ve gelişen teknolojilerle hayvancılık alanında önemli ilerlemeler kaydedilmiştir. Moleküler genetik başta olmak üzere genetik, ıslah-yetiştirme, besleme ve hastalıklar gibi konularda kullanılmak üzere özgün yöntemler geliştirilmiştir (Üstün ve Koyun, 2023). Bu derleme tezin amacı, çiftlik hayvanlarında son yıllarda uygulanan marker destekli seleksiyon çalışmalarının gelişimini incelemek ve moleküler markerların hayvan ıslahına sağladığı katkıları ortaya koymaktır.



2. MATERYAL VE YÖNTEM

2.1 Materyal

Araştırmanın materyalini Hayvan Yetiştirme ve Islahı kapsamında Marker Destekli Seleksiyon (MAS) çalışmalarının güncel gelişmelerini değerlendirmek amacıyla ulusal ve uluslararası hakemli dergilerde yayınlanmış bilimsel makaleler, kitaplar, tezler, raporlar ve resmi kurum verileri oluşturmuştur. Hayvan Yetiştirme ve Islahı alanı kapsamında, çiftlik hayvanlarında marker destekli genetik seleksiyon, biyoteknolojik ıslah yöntemleri, verim özelliklerinin geliştirilmesi ve modern hayvancılık uygulamalarına yönelik güncel bilimsel çalışmalar bu derlemenin konusunu oluşturmaktadır. Konuyla ilgili literatür çeşitli kaynaklardan elde edilerek değerlendirilmiştir.

Çiftlik hayvanları ıslahı konusunda ülkemizde ve dünyada çok sayıda araştırma yürütülmüştür. Bu çalışmada ele alınan ve değerlendirilen araştırmalar çiftlik hayvanlarının marker destekli seleksiyonları kapsamında yürütülen çalışmaları içermektedir.

2.2 Yöntem

Çalışmada uygulanan yöntem; çiftlik hayvanları üzerine ulusal ve uluslararası yürütülen çalışmalardan elde edilen verilerin niteliksel literatür incelemesidir.

Konuyla ilgili araştırmalar üniversitelerin Fen Bilimleri Enstitüsü, Fen Fakültesi, Ziraat Fakültesi ve Veteriner Fakültesi ile araştırma enstitüleri tarafından yürütülen çalışmalardan ve internet üzerinden yayınlanan ulusal ve uluslararası hakemli bilimsel kitaplardan ve dergilerden elde edilmiştir. Elde edilen çalışmalar içerik olarak değerlendirilmiş ve çalışmanın amacına uygun bir şekilde sınıflandırılmıştır.

3. LİTERATÜR ÇALIŞMALARI VE ÖZETLERİ

Hayvan yetiştiriciliğinin temel amacı, üstün genetik potansiyele sahip bireylerin bir sonraki nesil için ebeveyn olarak seçilmesidir. İslahın ilk dönemlerinde, belirli özelliklere sahip hayvanların seçimi fenotipik gözlemlere dayanmakta ve bu amaçla süt ve et verimi, tüy rengi, vücut yapısı, deri özellikleri gibi morfolojik belirteçler bir seçim aracı olarak kullanılmaktaydı (Saraçoğlu vd., 2020). Bu morfolojik belirteçler, farklı popülasyonların genetik yapısını tanımlamak, sınıflandırmak ve karakterize etmek için görsel değerlendirme ve ölçümlere dayanmaktadır. Ancak bu belirteçler, öznel yargılara ve dış görünüme bağlı değerlendirmelere dayandığından; koyun, keçi ve sığır gibi çiftlik hayvanlarında genetik ilerlemenin doğru şekilde tahmin edilmesini güçleştirmekte ve ıslah başarı oranını düşürmektedir (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

Hayvanların genetik kaynaklarını araştırmak için farklı belirteçler kullanılmaktadır. Bunlardan biri olan sitolojik belirteçler; kromozom karyotipleri, bantlar, tekrarlar, translokasyonlar, inversiyonlar ve delesyonlar gibi çeşitli kriterleri içeren kromozomal göstergelerdir (Bitgood ve Snoffner, 1990; Tüten Sevim ve Arat, 2018; Liehr, 2021). Bir diğer belirteçler kategorisinde olan izozimler ve kan grubu gibi biyokimyasal belirteçler, protein elektroforezi ile analiz edilebilen biyokimyasal özellikleri temsil eder. İzozimlerin ve çözünür proteinlerin amino asit bileşimlerindeki farklılıklar, türler içindeki genetik çeşitliliği ve türler arasındaki filogenetik ilişkileri araştırmak için kullanılmıştır (Tufan ve Aslan, 2009; Öner, 2010; Pekcan vd., 2013). Ancak proteinler ve izozimler genetik materyal olmamasına rağmen gen ifadesinin ürünleri olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu belirteçler çevresel etkilere ve bireysel büyüme farklılıklarına karşı hassas olduklarından uygulama alanlarını sınırlamaktadır. Bu nedenle, araştırmacıların ilgi odağı moleküler belirteçlere yönelmiştir. Moleküler belirteçler, bireyin genomundaki nükleotid dizisi mutasyonlarına dayanır ve mevcut en güvenilir belirteçlerdir (Yang vd., 2013).

Moleküler belirteç (işaretleyici), bir canlıya ait kromozom üzerinde konumu bilinen ve belirli bir gen ya da fenotipik özellik ile ilişkilendirilebilen DNA dizisi olarak tanımlanmaktadır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015). Bu belirteçler, uygun moleküler yöntemlerle tespit edilebilen, kararlı, kalıtsal ve ölçülebilir varyasyonlar olup, belirli genotiplerin veya fenotiplerin varlığının belirlenmesinde kullanılmaktadır. Moleküler

belirteçler, hayvan ıslahında bireylerin genetik olarak tanımlanmasına, performanslarının daha doğru tahmin edilmesine ve ıslah programlarının etkinliğinin artırılmasına katkı sağlayan önemli araçlar arasında yer almaktadır. Bu yönüyle, geleneksel ıslah yöntemlerini tamamlayan ve modern hayvan ıslahında geniş uygulama alanı bulan potansiyel bir yardımcı teknoloji niteliğindedir (Reshma ve Das, 2021).

1960'lı yılların ilk başlarına kadar DNA molekülü, bilim insanları tarafından incelenmesi zor bir alan olarak görülmüştür. DNA yapısının incelenmesinde, RNA dizilerini ve protein gibi bileşiklerin genetik analizlerini yapmak dolaylı yollar ile sağlanmaktaydı. Günümüzde moleküler biyolojinin gelişmesiyle bu durum tamamen değişmiştir. DNA dizisinin belli bir bölgesini enzimlerle kesip çıkarmak, kesilen bölgenin nükleotid dizilerini ve tüm genom dizisini kısa bir sürede elde edebilmek artık mümkün hale gelmiştir (Şafak vd., 2024). Özellikle moleküler genetik alanındaki gelişmeler farklı çiftlik hayvanlarının fenotipik ve genotipik özelliklerini etkileyen genlerin veya belirteçlerin tanımlanmasına olanak sağlamıştır (Eriş ve Elmacı, 2022).

Moleküler biyolojinin son 30 yıl içinde hızlı gelişimi ile hayvan ıslahında koyun, keçi ve sığır gibi çiftlik hayvanlarının seleksiyonu ve genetik ilerleme kaydedilmesi bakımından önemli yeni yaklaşımlar geliştirilmiştir (Gürses ve Bayraktar, 2014). Bu özelliklerle beraber moleküler belirteçler birçok alanda tercih edilmiştir. Bu tercihler arasında; genom bölgesine yayılmış olması, kodominant ve dominant özellik sağlaması, tekrarlanabilirlik, uygulanan metotların ekonomik açıdan ucuz ve kolay olması, polimorfik olmaları, cinsiyete bağlı kalmadan erken yaşlarda tespit edilmeleri, güvenilir olması, genetik çeşitliliği, genetik kaynakların tespiti ve tanımlanması gibi elde edilen bilgilerin ıslah çalışmalarına hız sağlaması, araştırmacılar ve kuruluşlar tarafından kullanım kolaylığı gibi faktörler yaygın bir şekilde kullanılmasına sebebiyet vermiştir (Özdemir ve Doğru, 2008).

Moleküler belirteçler, hayvan ıslahında geniş bir uygulama alanına sahiptir. Bu belirteçler; sürü veya birey düzeyinde genetik yapının belirlenmesi, hastalık taşıyıcılarının ve kalıtsal hastalıkların tespiti, ebeveyn tayini, DNA analizleri ve fiziksel gen haritalarının oluşturulması gibi amaçlarla kullanılmaktadır. Ayrıca

fremartinismus olgularının belirlenmesi, genetik mesafenin hesaplanması, yavru cinsiyetinin doğum öncesi tahmini, kantitatif özellik lokuslarının (QTL) haritalanması, transgenik hayvanların geliştirilmesi ve marker destekli seleksiyon (MAS) gibi modern yetiştirme programlarında da önemli bir rol oynamaktadır (Daş, 2015; Abaylı, 2018; Paraguison-Alili vd., 2024).

3.1 Geleneksel Seleksiyon Yöntemleri

Geleneksel seleksiyon, hayvan ıslahında genetik ilerlemenin sağlanması amacıyla fenotipik performans ve soy kütüğü kayıtlarına dayanarak üstün bireylerin damızlık olarak seçilmesini ifade eder. Bu yaklaşım, kantitatif genetik prensiplerine dayanmaktadır ve popülasyonda mevcut olan eklemeli genetik varyasyonun yönlendirilmesi esasına göre çalışır. Genetik ilerleme; seleksiyon yoğunluğu, seleksiyon doğruluğu, eklemeli genetik varyans ve jenerasyon aralığı gibi parametrelere bağlıdır. Bu nedenle geleneksel seleksiyon programları, özellikle kalıtım derecesi yüksek özelliklerde etkili sonuçlar vermektedir (Falconer & Mackay, 1996).

Geleneksel seleksiyon yöntemleri arasında fenotipe dayalı bireysel seleksiyon, soy kütüğüne dayalı seleksiyon, akraba performansına dayalı seleksiyon ve progeny test (döl kontrolü) yer almaktadır. Bireysel seleksiyon, doğrudan ölçülebilen özelliklerde pratik ve düşük maliyetli bir yöntemdir; ancak çevresel etkilerden önemli ölçüde etkilenebilmektedir. Pedigri ve akraba bilgisine dayalı seleksiyon ise seleksiyon doğruluğunu artırmayı amaçlamakta, özellikle geç ölçülen veya birey üzerinde değerlendirilemeyen özelliklerde avantaj sağlamaktadır (Van Vleck vd., 1987; Nicholas, 2010).

Çok özellikli ıslah programlarında ise indeks seleksiyonu ve BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) gibi istatistiksel yöntemler geliştirilmiştir. İndeks seleksiyonu, birden fazla özelliği ekonomik ağırlıkları doğrultusunda tek bir seleksiyon kriterine dönüştürürken, BLUP yöntemi akrabalık ilişkilerini ve çevresel faktörleri modele dahil ederek daha doğru damızlık değeri tahmini yapılmasını sağlar. Bu yöntemler, genomik seleksiyonun yaygınlaşmasına kadar modern ıslah programlarının temelini oluşturmuştur (Bognár vd., 2025).

Geleneksel seleksiyon yöntemleri bazı sınırlılıklara sahip olmakla birlikte, uzun yıllar boyunca sığır, koyun ve kanatlı populasyonlarında sürdürülebilir genetik ilerleme sağlamış ve günümüzde de birçok ıslah programında genomik yaklaşımlarla birlikte kullanılmaya devam etmektedir (Bourdon, 2000).

3.2 Marker Destekli Seleksiyon (MAS)

Marker destekli seleksiyon (MAS) çalışmaları hayvan ıslahında kullanılan modern, biyoteknolojik bir yöntemdir. MAS yöntemi, fenotipik analiz yerine hedef gene yakın bağlantılı DNA belirteçlerinin kullanılmasını içerir. Bu metotlarda, hedeflenen genetik markerlar (belirteçler) kullanılarak seçim (seleksiyon) yapılmaktadır. Hedef gene yakın bağlantılı belirteçler, fenotipi tahmin etmek için güvenilir bir araçtır. Hedef genin istenen alelinin seçimi, bitişik belirteç lokusunun bağlı aleline dayanır. Genin her iki tarafında bulunan bir çift belirteç (hedef geni çevreleyen belirteçler) kullanılarak yüksek düzeyde doğruluk elde edilir. Gen dizilimi yapıp bu genin farklı alellerinin nükleotit dizileri arasında farklılıklar tespit edilirse, gen içi bir belirteç geliştirmek mümkündür. Böyle bir belirtecin kullanımı, istenen genotiplerin en yüksek doğrulukla seçilmesini sağlayacaktır. Bu metot sayesinde doğrudan fenotipe (görsel özellikler) bakmak yerine DNA seviyesinde istenilen özelliğe sahip bireyler belirlenerek seçim yapılmaktadır (Khlestkina, 2014; Özkan ve Yakan, 2017).

Moleküler biyoteknolojideki gelişmeler, moleküler belirteçlerin kullanım alanlarını hızla genişletmiştir. Bu belirteçler, bireylerin genomundaki nükleotit diziliminde meydana gelen mutasyonlara dayanmaktadır ve günümüzde en güvenilir genetik analiz araçları arasında kabul edilmektedir. Moleküler belirteçler, farklı populasyonlar ve bireyler arasındaki genetik varyasyonların DNA düzeyinde incelenmesine olanak sağlamaktadır. Bu yöntemin başlıca avantajı, genetik farklılıkların hızlı, doğrudan ve yüksek doğrulukla tespit edilebilmesidir. Gelişen teknoloji ve artan araştırmalar sayesinde moleküler belirteçler sürekli olarak gelişmekte ve daha güçlü bilgi sağlayan araçlar hâline gelmektedir (Yang vd., 2013).

DNA polimorfizmlerini değerlendirmek için çeşitli tipte moleküler belirteçler bulunmaktadır. Yaygın olarak kullanılan belirteçler; RAPD (Rastgele çoğaltılmış

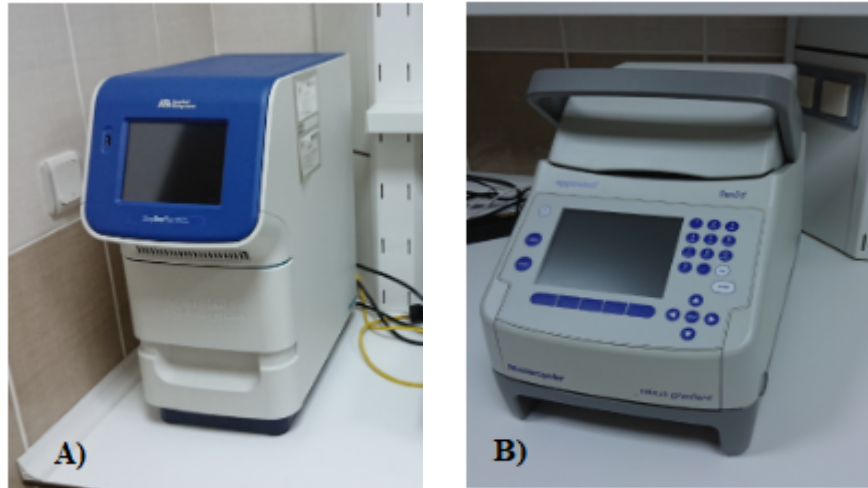
polimorfik DNA), AFLP (çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi), RFLP (Sınırlı parça uzunlukları polimorfizmi), Mikrosatellit (SSR, tek dizi tekrarları) ve SNP (tek nükleotit polimorfizmi) işaretleyiciler gibi farklı belirteçler bulunmaktadır (Üstün ve Koyun, 2023).

3.2.1 PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu, Polymerase Chain Reaction)

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), bir çift oligonükleotid veya primer ile belirlenen DNA segmentinin birden fazla kopyasını üreten yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir. Nobel ödüllü bu teknik ilk kez 1983 yılında Kary Mulis tarafından öne sürülmüş ve ardından 1985 yılında patentlenmiştir (Hassan ve Khan, 2024).

PCR, bir DNA örneğinden belirli bir DNA dizisinin büyük miktarlarını elde etmek için kullanılan bir tekniktir. Bu çoğaltma, çift sarmallı bir DNA şablonunun replikasyonuna dayanır. Üç faza ayrılır (Şekil 3.1).

- i. Denatürasyon fazı
- ii. Primerlerle hibridizasyon fazı
- iii. Uzama fazı



Şekil 3.1 Dicle Üniversitesi Uygulama Laboratuvarı A) Gerçek Zamanlı PCR (Applied Biosystem-StepOnePlus), B) Termal Döngüleyici (Eppendorf- Mastercycler 6331), (Anonim, 2025b)

İlk adım, denatürasyon sıcaklığı olarak adlandırılan bu fazda sıcaklığın yükseltilmesiyle (93-94 °C) DNA'nın iki zincirinin ayrılması sağlanır. İkinci adım, sıcaklığın düşürülmesiyle (40-70 °C) 2 sentetik oligonükleotid primerinin ve şablon DNA zincirinin 3'e bağlanmasıdır. Böylece hidrojen bağlarının yeniden oluşmasını

sağlayarak tamamlayıcı zincirlerin melezeleşmesini sağlar. Çoğaltılacak DNA'nın kenarlarındaki bölgelere tamamlayıcı olan kısa tek zincirli diziler olan primerler, uzun zincirli matris DNA'sından daha kolay melezeleşir. Son aşama; 72°C gerçekleşen uzama fazında Taq DNA polimerazı 5'→3' yönünde 4 çeşit dNTP'leri kullanarak yeni tamamlayıcı bir zincir oluşturmaktadır (Yu vd., 2017; Singh vd., 2023).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), DNA'yı içeren bir reaksiyon karışımında gerçekleştirilir. Yapılan her sentez işleminin ürünleri, sonraki adımlar için bir şablon görevi görerek üstel amplifikasyon elde edilir. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), izole edilmiş genomik DNA (şablon DNA), Taq polimeraz, primerler ve dNTP'ler bir tampon çözeltide bol miktarda içeren bir reaksiyon karışımında gerçekleştirilir. PCR cihazı, sıcaklık adımlarının döngülerinin süresinin ve ardışıklığının programlanmasına olanak tanır (Singh vd., 2023).

Polimeraz zincir reaksiyonu moleküler biyolojide önemli bir yer tutmaktadır. Tekniğin prensipleri basit olarak görünse de DNA sarmalının karmaşık yapısı veya uzun lokuslarını çoğaltmak zor olabilmektedir. Bununla beraber PCR'lerin performansını ve verimini artırmak için çeşitli PCR katkı maddeleri kullanılmaktadır. Her PCR katkı maddesinin kendine özgü özellikleri bulunmaktadır. Bu da PCR'yi farklı bir etki mekanizmasıyla geliştirir (Karunanathie vd., 2022). Ayrıca yapılan işlemlerde inhibe edici maddelerin bulunması, kontaminasyon riski, kullanılacak olan bileşenlerin miktarının yanlış kullanılması, tavlama sıcaklık değişkenlerinin ayarlanamaması gibi etmenler PCR yapılırken başarı şansını düşürebilecek faktörlerdir (Kahya vd., 2013).

Polimeraz zincir reaksiyonu moleküler biyolojide önemli bir yer tutmakla beraber günümüzde birçok araştırmacı tarafından farklı alanlarda kullanıldığı görülmektedir. Başlıca kullanım alanları olarak epidemiyolojik ve çevresel araştırmalarda, enfeksiyonların tanısı ve izleminde, genetik hastalık tanısında, adli tıp incelemelerinde, gıda mikrobiyolojisi ve güvenliğinde, veterinerlik ve tarım uygulamalarında, su ürünleri yetiştiriciliğinde, genom haritalarının çıkarılmasında, moleküler klonlama ve gen ekspresyonu gibi birçok alanda kullanılabilmektedir. Bu teknik, güçlü bir hassasiyet, doğruluk ve özgüllüğe sahiptir (Doğruer vd., 2022).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) hızlı bir şekilde tespit edilebildiği için araştırmacılar tarafından uygulama alanı sürekli genişlemektedir. PCR teknolojisinin gelişmesiyle birlikte, Extreme PCR, fotonik PCR, düşük denatürasyon sıcaklığında Cold PCR, Nanopartikül PCR gibi birçok yeni teknoloji ortaya çıkmıştır. Bunlar, geleneksel PCR teknolojileri temelinde geliştirilmekle beraber birçok yeni PCR teknolojisi geliştirilmiştir (Farrar ve Wittwer 2015; Blumenfeld vd.,2022; Nandar vd., 2022).

3.1.2 RFLP (Kesilmiş parça uzunluk polimorfizmi, Restriction fragment length polymorphism)

Moleküler belirteçlerin ilk nesli olan RFLP, farklı bireylerde aynı genomik bölgede tek bir restriksiyon enzimi tarafından üretilen parçaların uzunluklarındaki çeşitliliği ifade etmektedir. Bu yöntemde bakteriyel kökenli restriksiyon enzimleri sayesinde DNA dizilimini belirli nükleotid bölgesinden keser. Ardından hedef bölgede oluşabilecek mutasyon, bu tanıma bölgesinin ortadan kaldırabilmekle beraber yeni bir tanıma bölgesi oluşturabilir. Bu da DNA ait parça uzunluklarını farklılaştırarak polimorfizm olarak gözlenmektedir. Bu işlem, bir ekleme, silme, nükleotid ikamesi veya tek nükleotid polimorfizminin (SNP) varlığını gösteren çeşitli DNA parçalarının tanımlanmasını sağlar (Stres, 2006; Vural, 2014; Çakır, 2023).

DNA tabanlı haritalama ilk kez RFLP yöntemi sayesinde gerçekleşmiştir (Botstein vd., 1980). Bu teknik araştırmacılar tarafından 1980 ve 1990 yıllarına kadar yüksek talep gören yaygın belirteçlerdi. Bu yöntem, haritalama popülasyonunda çok sayıda RFLP lokusunun puanlanıp haritalanabilmesi, yüksek oranda tekrarlanabilir olmaları, kodominant olmaları ve RFLP haritalarının oluşturulmasında kullanılabilmeleri gibi çeşitli avantajlara sahiptir. Ancak bu belirteçlerin, emek ve zaman alıcı olmaları, pahalı olmaları, radyoaktif proplar kullanmaları, otomasyona ve yüksek verime uyum sağlayamamaları gibi sınırlamaları bulunmaktadır (Amom & Nongdam, 2017; Jajoriya vd., 2025).

Entegre moleküler teknolojideki büyük ölçekli ilerlemelerle eş zamanlı olarak, DNA analiz yöntemleri hızla gelişmektedir. Çiftlik hayvanlarının tür tanımlaması için DNA analizine dayalı birçok analiz geliştirilmiş, özellikle PCR tabanlı yöntemler ön plana

çıkıştır (Guan vd., 2018). Yapılan çalışmalarda PCR-RFLP (Polimeraz zincir reaksiyonu-Kesilmiş parça uzunluk polimorfizmi) hayvan ıslahında populasyonlar ve türler içindeki genetik çeşitliliği araştırmak, yakın ilişkili taksonların gen haritasını çıkarmak, gen akışını ve ilişkilerini analiz etmek, filogenetik çalışmalar yaparak hayvan türlerinin tanımlanması için kullanılmış ve daha da zenginleştirilmiştir. Bu çalışmalardan bazıları aşağıda sunulmuştur:

Yağcı (2010) yılında yaptığı çalışmada; Kahramanmaraş bölgesinde yetiştirilen farklı keçi ırklarından (27 baş Saanen melezi, 27 baş Kilis keçisi ve 27 baş Kıl keçisi) alınan kan örneklerinden gen ve genotipleri PCR-RFLP metoduyla belirlemeyi amaçlamıştır. Çalışmada; söz konusu gene ait allellerin belirlenmesinde PCR ürünleri XmnI endonükleaz enzimleri ile kesim gerçekleşmiştir. Kesme işleminden sonra A ve B iki allel, AA, AB ve BB olmak üzere üç genotip belirlenmiştir. Genotipler heterozigot ve homozigot olarak; AB genotipi 212, 151, 63 bp uzunluğunda, BB genotipi 151,63 bp uzunluğunda ve AA genotipi 212 bp uzunluğunda bantlar belirlenmiştir. Araştırma bulgularına göre, keçi populasyonunda mutasyon olasılığı 0.057 oranında olup bu durum AA genotipi ile ilişkilendirilmiştir. B allelinin frekansı Kıl keçilerinde (0.6316), Kilis keçilerinde (0,7391) ve Saanen melezi keçilerde (0.88) olmak üzere farklılık göstermiştir. Buna karşılık, A alleleline sahip heterozigot genotip frekansının Kıl keçilerinde, Kilis ve Saanen melezi keçilere kıyasla daha yüksek olduğu saptanmıştır. Sonuç olarak, incelenen keçi populasyonları arasında genetik benzerlik ve farklılık düzeyleri değerlendirilmiş; Kıl ve Kilis keçilerinin %99 oranında genetik benzerlik gösterdiği, Saanen melezi keçilerinin ise yerli ırklardan %1-7 oranında genetik farklılık sergilediği belirlenmiştir.

Amie Marini vd. (2012) yaptıkları çalışmada, Savanna ve Kalahari keçilerinde büyüme hormonu gen varyantlarını taramayı ve PCR-RFLP tekniğini kullanarak büyüme hormonu geninin polimorfizmini belirlemeyi amaçlamıştır. Çalışmada iki ırktan toplam 106 baş keçiden alınan kan örnekleri kullanılmıştır. Kan örneklerinden izole edilen genomik DNA sonra 50 ng örneklerinde NanoDrop ND-1000 spektrofotometre cihazı ile saflığı belirlenmiştir. Amplifikasyon işleminde iki farklı cihaz (normal PCR ve Touch Down PCR) kullanılmıştır. PCR ile çoğaltılan tüm büyüme hormonu gen bölgelerinde HaeIII enzimiyle kesme işlemi gerçekleştirilmiştir.

Sonuçlar, keçilerde büyüme hormonunda (GH1 ve GH5) iki varyasyonun mevcut olduğunu göstermiştir. H1 ve GH5 gen bölgelerinde polimorfizm gösterirken GH2, GH4 ve GH6 bölgeleri monomorfik (tek tip) belirlenmiştir. GH2 ve GH4 bölgelerinde, her iki ırk da sırasıyla CC ve FF genotipleri için homozigot olarak belirlenmiştir. 422 bp GH1 fragmanının analizi, üç genotiple (AA, AB ve BB) polimorfizm ortaya koymuştur. AB genotipi, Savanna ve Kalahari keçilerinde sırasıyla 0,88 ve 0,64 değerleriyle en yüksek frekansta tespit edilirken GH5 ve GH1'den desen olarak farklılık gösteren üç genotip (GH, GG ve HH) ortaya koymuştur. Savanna keçilerinde GH5'in en yüksek genotip frekansları, GG genotipi 0,57 ve GH genotipi için 0,37 saptanmıştır. Kalahari keçilerinde ise GH ve HH genotiplerinin en yüksek frekansları, sırasıyla 0,5 ve 0,36 değerleriyle belirlenmiştir. Daha ileri dizi analizi, GH2'de ekson 4'te amino asit kodlamasında değişikliğe neden olan iki tek nükleotid polimorfizminin (SNP) bulunduğunu göstermiştir.

Al-Barzinji vd. (2013), beş Irak koyun ırkında (Hamdani, Karadi, Arabi, Naeimi ve İvesi) doğum geni Booroola (FecB/BMPRIB) polimorfizmini RFLP-PCR tekniği kullanılarak belirlemeyi amaçlamıştır. Çalışmada her koyun ırkından 10'ar adet olmak üzere toplamda 50 yetişkin koyun kullanılmıştır. Her ırktan her 10 örnek birlikte karıştırılarak tek örnek haline getirilmiştir. Genomik DNA, kandan GFX kiti kullanılmış kadar -20°C'de saklanmıştır. İzole edilen DNA örneklerinin saflığı ve konsantrasyonu, UV-görünür bölge spektrofotometresi kullanılarak tahmin edilmiştir. PCR amplifikasyonundan önce DNA konsantrasyonu 50 ng/μl'ye ayarlanmıştır. Amplifikasyon işleminde PCR ile çoğaltılan tüm gen FecB geninde AvaII enzimiyle kesme işlemi gerçekleştirilmiştir. Çalışma kapsamında, AvaII enzimi ile kesilen PCR ürünlerinde homozigot taşıyıcılar 110 bp, heterozigotlar 110 ve 140 bp, taşıyıcı olmayanlar ise 140 bp uzunluğunda bant göstermiştir. PCR sonuçlarında beş Irak koyun ırkının tamamında (n:50) aynı 140 bp bant saptanmıştır. Bu sonuç, popülasyondaki ırkların FecB lokusunda mutasyon olmadığını göstermiştir. Ayrıca ırkların ikiz doğum kayıtlarına bakıldığında yavru sayısını etkileyen genetik faktörün, Booroola majör geninde bildirilen mutasyonla ilişkili olmadığı sonucuna varılmıştır. Bu durum yavru sayısının diğer bazı majör genler (FecX, FecH ve BMP-15 gibi) tarafından veya poligenik (çok genli) kantitatif bir özellik olarak kontrol edilebileceğini ortaya koymuştur.

Jalali vd. (2014), İran'ın güneybatısındaki tropikal bir alan olan Ahvaz ve çevresindeki koyunlarda *Theileria* ve *Babesia* enfeksiyonunun RFLP-PCR yöntemiyle belirlenmesini amaçlamıştır. Çalışmada 119 koyundan alınan kan örnekleri kullanılmıştır. Kan örneklerinden izole edilen genomik DNA'nın saflığı, 15-25 ng/μl arasında ölçülmüş ve Eppendorf Biyofotometresi kullanılarak belirlenmiştir. *Theileria* ve *Babesia*'yı ile koyunları enfekte eden çeşitli *Theileria* türlerini (*T. ovis* ve *T. lestoquardi*) ayırt etmek için 18S rRNA geninin PCR ürünlerinin RFLP analizi yapılmıştır. Çalışma sonucunda; 861 bp uzunluğunda fragmanlar tespit edilmiştir. HindII enziminin *Theileria* ve *Babesia* ayırt ederken VspI enziminin ise *T. ovis* ve *T. lestoquardi*'yi belirlemiştir. Kan yaymalarının mikroskopik incelemesinde %69,7 (83/119) oranında *Theileria spp.* enfekte bulunmuştur. PCR uygulanan tüm örneklerin %89'u (106/119) pozitif olarak belirlenmiştir. Ayrıca bu örneklerin tamamı HindII enzimi kullanılarak RFLP analizi ile *Theileria* olarak tanımlanmıştır. VspI ile enzimatik sindiriminde ise *Theileria* pozitif örneklerin %91,5'i (97/106) *T. ovis* olarak belirlenirken 9 örnekte karışık *Theileria* enfeksiyonları tespit edilmiştir. Çalışma kapsamında geliştirilen PCR-RFLP yönteminin, özellikle *T. ovis*'in enfeksiyonunun yaygın olduğu bölgelerde faydalı bir tanı aracı olarak kullanılabileceğini vurgulamıştır.

Bal ve Akyüz (2014) yaptıkları çalışmada, Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK, n:50), Yerli Kara Sığırı (n:50) ve Holştayn (n:100) sığır ırklarında süt verimini etkileyen DGAT1 genine ait allel yapısının RFLP yöntemi ile belirlenmesini amaçlamıştır. Allellerin tespitinde PCR ile çoğaltılan hedef bölge CfrI endonükleaz enzimi ile kesilmiştir. Kesim ürünleri incelendiğinde; KK genotipine sahip bireylerde 411 bp uzunluğunda tek bant, KA genotipinde 203, 208 ve 411 bp olmak üzere üç bant, AA genotipinde ise 203 ve 208 bp'lik iki bant oluştuğu belirlenmiştir. DGAT1 genotip dağılımları değerlendirildiğinde, AA genotipinin en yüksek frekansa Holştayn ırkında, KA ve KK genotiplerinin ise en yüksek frekansta Yerli Kara ırkında tespit edildiği raporlanmıştır. Çalışmada ayrıca, DAK ve Holştayn ırklarında K allelinin frekansının A alleleline kıyasla daha düşük olduğu; buna karşılık Yerli Kara ırkında K allel frekansının diğer üç ırka göre daha yüksek olduğu saptanmıştır. Analize tabi tutulan dört ırkta DGAT1 lokusu için Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu

görülmüştür. Araştırmacılar, süt verimiyle ilişkili değişkenlerin daha net ortaya konulabilmesi için DGAT1 genindeki varyasyonların farklı populasyonlarda ve daha geniş örneklem gruplarında incelenmesinin önemini vurgulamışlardır. Ayrıca, bu varyantların yetiştiricilik ve genetik çalışmalarda uygun test sistemlerin geliştirilmesi için de kullanılabileceği bildirilmiştir.

Çoşkun ve Akyüz (2016) yaptıkları çalışmada, farklı sığır ırklarında et kalitesinde rol oynayan Akirin 2 geninde bulunan c.*188G>A tek nokta polimorfizmini belirlemeyi amaçlamıştır. Çalışmada, İsveç Esmeri (n: 75), Simental (n: 75), Holstein (n: 100), Doğu Anadolu Kırmızısı (n: 40) ve Boz ırk (n: 40) olmak üzere toplam 330 sığır ırkından alınan kanlar kullanılmıştır. İncelenen kan örneklerinde Akirin 2 geninde bulunan c.*188G>A yönünden genotipleme için PCR-RFLP yöntemi ile FoKı endonükleaz enzimi tarafından kesilmiştir. Sonuç olarak çalışmada, A ve G olarak adlandırılan iki allel tespit edilmiştir. En yüksek allel frekansı Simental ırkında 0,27 olarak bulunurken G allelinde frekans olarak en yüksek Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında bulunmuştur. Ayrıca en yüksek AA ve AG yine aynı sığırlarda (Simental 0.07, Doğu Anadolu Kırmızısı 0.85) gözlenmiştir. İncelenen 5 sığır ırkında Ki-Kare testi sonucuna göre Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir. Araştırma kapsamında, Türkiye sınırları içinde yetiştirilen yerli ve Avrupa kökenli sığırlarda mermerleşme skoru et kalite özelliklerinin iyileştirilmesi konusunda Akirin 2 genindeki c.*188G>A polimorfizminin dikkate alınması gerektiği bildirilmiştir.

Kibar ve Aytekin (2021), Siyah Alaca sığırlarında meme bezlerinin yenilenmesi ve gelişiminde rol oynayan FGF-2F genine ait Csp6I polimorfizmini PCR-RFLP yöntemiyle karakterize etmeyi amaçlamıştır. Çalışma kapsamında 212 adet Siyah Alaca süt sığırından kan örnekleri toplanmış ve izole edilen genomik DNA'nın saflığı BioSpec-Nano spektrofotometre ile 4 µl'lik örneklerde değerlendirilmiştir. Polimorfizmin belirlenmesi için FGF-2F genine özgü Forward 5 ve Reverse 5 primerleri kullanılarak PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiştir. Amplifikasyon protokolü sırasıyla 94°C'de denatürasyon, 50°C'de bağlanma ve 72°C'de uzama basamaklarından oluşmuştur. PCR ürünleri daha sonra Csp6I restriksiyon enzimi ile sindirilerek RFLP paternleri oluşturulmuştur. Analizler sonucunda popülasyondaki bireylerde 37 adet AA, 107 adet AG ve 68 adet GG genotipi tespit edilmiştir. Allel

frekansları A aleli için 0.427, G aleli için 0.573 olarak hesaplanmış; genotip frekanslarının ise AA: 0.174, AG: 0.505, GG: 0.321 olduğu bildirilmiştir. Çalışmada ayrıca populasyonun ki-kare değeri (0.210) ve heterozigotluk oranı (0.489) belirlenmiş, elde edilen verilerin populasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu gösterdiği ifade edilmiştir. Araştırmacılar, elde edilen bulguların gelecekte yürütülecek çalışmalarda daha fazla aday genin incelenmesinin, farklı ırklarda süt ve döl verimi ile genetik varyasyonlar arasındaki ilişkilerin daha kapsamlı şekilde ortaya konulmasına katkı sağlayacağını vurgulamışlardır.

Dokgöz (2023) tarafından yapılan çalışmada, yerli ırklarımızdan olan Akkaraman ve İvesi koyun ırklarında CAST geni polimorfizmini, gen ile genotip frekanslarını PCR-RFLP yöntemiyle belirlemeyi amaçlamıştır. Osmaniye bölgesinde gerçekleştirilen çalışmada, 5 farklı işletmeden 20 baş İvesi koyun ırkı, 20 baş Akkaraman koyun ırkı olmak üzere 200 koyun üzerinde çalışmıştır. Akkaraman ve İvesi yerli koyun ırklarına ait genomik DNA örneklerinden amplifiye edilen CAST geni ampikonlarının (622 bp uzunluğunda), MspI restriksiyon enzimi kullanılarak kesimi gerçekleştirilmiştir. Çalışmada, heterozigot MN allelleri için (286, 336 ve 622 bp uzunluğunda) 3 bant ve homozigot NN alleli (622 bp uzunluğunda) tek bir bant belirlenmiştir. İvesi ırkında M ve N allellerinin frekansları 0.25-0.75, Akkaraman ırkında ise 0.18-0.82 olarak tespit edilmiştir. Hardy-Weinberg dengesinde Akkaraman koyun ırkı için sapma önemsizken İvesi koyun ırkında bu sapma önemli bulunmuştur. Araştırma kapsamında elde edilen bulgular İvesi ve Akkaraman koyun ıslah çalışmasında CAST genini dahil edilerek genetik ilerlemede avantaj sağlanacağı ortaya konmuştur.

İlhan (2024) tarafından yapılan çalışmada, Brown Swiss (54), Holstein (50) ve Simental (52) sığır ırklarından alınan kan örneklerinden CAST geninin polimorfizmlerini PCR-RFLP yöntemi kullanılarak belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada CAST geninin 622 bp bölgesi çoğaltılmış ve C⁶CGG dizisini tanımak için MspI enzimi kullanılmıştır. MspI enzimi sindirimi sonucunda MM 336, 286 bp, MN 622, 336, 286 bp ve NN 622 bp uzunluğunda bantlar olmak üzere 3 genotip belirlenmiştir. Çalışmaya konu olan sığır ırklarında, en düşük frekansa sahip genotip NN olmakla beraber MM genotipi ve M alelinin tüm ırklarda en yüksek frekansta olduğu tespit edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk değeri, Holstein ırkında (0,24),

Brown Swiss ırkına (0,13) göre daha yüksek olmakla beraber Simentalde çeşitlilik homozigot olarak tespit edilmiştir. Ki-kare sonuçları analiz edildiğinde, yalnızca Brown Swiss ırkının dengede olmadığı ($P<0,05$), Holstein ve Simental ırklarının dengede olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, et kalitesi ile ilişkili olduğu bilinen CAST geninin, hayvan ıslahında canlı ağırlık artışı, günlük kilo alımı, kesme kuvveti ve et yumuşaklığı gibi büyüme ve kalite parametrelerini hedefleyen marker destekli seleksiyon programlarında potansiyel bir belirteç gen olarak kullanılabileceği vurgulanmıştır.

Kavuzkoz (2025) tarafından yapılan çalışmada, Sakız koyun ırklarında doğuma etki eden majör genlere (GPR54, SHR ve LH β) bakılarak gen mutasyonlarını PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Kırşehir bölgesinde gerçekleştirilen çalışmada 60 baş Sakız koyunundan alınan kan örnekleri kullanılmıştır. PCR yöntemi ile gen bölgeleri çoğaltılmış ve 60 kan örneği genotiplemek amacıyla LH β için BsrBI, GPR54 için TaqI, FSHR için XmnI restriksiyon enzimleri kesim işlemine konulmuştur. Analiz sonuçlarına göre, LH β geninde g.727C>T mutasyon olduğu, LH β geni bakımından T ve C olmak üzere iki allel, CT ve CC olmak üzere iki genotip tespit edilmiştir. Genotip frekansları ve allel değerleri sırasıyla; CC ve CT allelleri için ise 0.38 ile 0.62, C ve T allelleri için 0.19 ve 0.81 olarak belirlenmiştir. Çalışmaya konu olan genlerden FSHR ve GPR54 genleri monomorfik karakter göstermekle beraber Sakız ırkı koyunlarına yapılan Ki-kare analizine göre koyunların LH β geni Hardy-Weinberg dengesinde olduğu tespit edilmiştir. Araştırma ışığında Sakız koyunu ırkında, döl verimi özellikleri ile LH β geni arasındaki ilişkilerin araştırılmasının gelecekte önemli olacağını vurgulanmıştır.

3.2.3 RAPD (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA, Random amplified polymorphic DNA)

Polimorfik DNA'nın rastgele çoğaltılması (RAPD), polimeraz zincir reaksiyonu (PCR-Polymerase chain reaction) tabanlı çok lokuslu bir DNA parmak izi tekniğidir. RAPD yöntemi ilk kez 1990 yılında, PCR kullanılarak nükleer DNA'nın anonim segmentlerini tek bir kısa PCR primeri (8-10 baz çifti uzunluğunda) ile rastgele çoğaltmak için geliştirilmiştir (Liu, 2007). RAPD tekniğinde kullanılan primerler 10 nükleoid uzunluğunda olan başlatıcı DNA'lar kullanılarak genom üzerinde DNA

bölgelerinin çoğaltılması esasına dayanmaktadır. Tek tip primer kullanımı, her iki DNA ipliğine de 5'→3' yönünde bağlanarak birbirine yakın iki bölgenin çoğaltılmasını sağlar. Böylece, primerin bağlanabildiği DNA üzerindeki komşu bölgelerin amplifikasyonu gerçekleştirilmiş olur (Jajoriya vd., 2025).

RAPD tekniğinin en büyük avantajlarından biri taksonun genleriyle alakalı herhangi bir ön bilgi gerektirmemesidir. Çoğaltma esnasında bütün organizmalar aynı oligonükleotid primer seti kullanılabilme özelliğine sahiptir. Bu oligonükleotid özgün bölgelere rastgele bağlanarak çoğaltma sağlanabilmektedir. Ayrıca bu tekniğin çabuk sonuç vermesi, ucuz olması ve az iş gücü gerektirmesi gibi avantajları bulunmaktadır. Bu metodun kullanım kolaylığının yanında belirteçlerin dominant olması heterozigotların teşhisini zorlaştırmaktadır. Araştırmalarda elde edilen bulguların tekrarlanabilirliği, reaksiyona giren değişkenlere bağlı kaldığından düşük veriler elde edilebilmektedir. Bu da güvenilirliğini sınırlı kılmaktadır. Bu sebepten bulgular diğer karşılaştırmalı analizlere girmeden önce RAPD yönteminin optimize edilmesi önem arz etmektedir (Aydın, 2004; Yorgancılar vd., 2015).

RAPD, PCR tabanlı bir teknik olup hayvan ıslahında genetik çeşitlilik çalışmaları, akrabalık düzeyleri, genom haritasının çıkartılması, genetik markerların tespiti ve hayvansal ürünlerin orijinlerinin belirlenmesi gibi birçok çalışmada kullanılmıştır (Şafak vd., 2024). Bu çalışmalardan bazıları aşağıda sunulmuştur:

Elmacı vd. (2007), yaptıkları çalışmada, ülkemizde yetiştiriciliği yapılan üç koyun (29 baş Kıvırcık, 38 baş Gökçeada ve 41 baş Sakız) ırkı üzerinde genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkileri RAPD analizi kullanarak incelenmiştir. Çalışmaya konu olan 108 baş koyunun 15 RAPD primer kullanılarak 250 ile 2500 bp uzunluğu arasında değişen 82 lokus çoğaltılmıştır. Sonuçlar bazında polimorfik lokus yüzdesi Kıvırcık koyununda %80,49, Gökçeada ırkında %78,05 ve Sakız ırkında %73,17 oranında bulunmuştur. Araştırma bulgularına göre genetik çeşitlilik ve populasyonlar içindeki genetik çeşitlilik sırasıyla 0,2265 ile 0,1997 olarak tespit edilmiştir. Ayrıca genetik farklılaşma katsayısı lokus bölgesinde 0,001 ile 0,3762 arasında değişirken genel ortalama (G_{ST}) 0,1181 olarak saptanmıştır. Bu veriler, genetik çeşitliliğin %11'inin populasyonlar arasında olduğunu ve %89'unun ise populasyonlar içinde olduğunu

ortaya koymuřtur. Rastgele primerin oęaltılmıř desenlerinden elde edilen populasyonlar arasındaki genetik kimlik, Kıvırcık ve Gökeada arasında 0,9351, Gökeada ve Sakız arasında 0,9775, Kıvırcık ve Sakız arasında ise 0,9398 olarak saptanmıřtır. Arařtırma kapsamında, alıřmaya konu olan koyun ırklarının arasında genetik eřitlilik bulunduęu tespit edilmiřtir. Ayrıca, farklı DNA marker sistemlerinin kullanılacağı alıřmaların bu ırklara yönelik genetik arařtırmaların doęruluęunu artıracacağı; yerli koyun ırkları arasındaki genetik akrabalığın daha ayrıntılı biimde ortaya konulabilmesi iin ise daha ileri düzey genetik analizlere ihtiya duyulduęu vurgulanmıřtır.

Mahfouz vd. (2008), Mısır’da yetiřtirilen beř koyun ırkında (Rahmani, Ossimi, Barki, Saidi ve Sohagi) genetik eřitlilięi belirlemek amacıyla RAPD-PCR yntemini kullanmıřtır. Arařtırmada, sz konusu ırklara ait toplam 51 bař koyundan alınan kan rnekleri analiz edilmiřtir. İzole edilen genomik DNA’nın amplifikasyonu iin beř rastgele primer (UBC 751, 771, 773, 775 ve 787) kullanılmıřtır. Bu primerler aracılığıyla toplam 57 bant elde edilmiř ve primer bařına dřen ortalama bant sayısının 11,4 olduęu belirlenmiřtir. Elde edilen bulgular, tm ırklar arasında ortak bant sayısının 5 ile 11 arasında deęiřtięini ve ortalama deęerin 8 olduęunu gstermiřtir. oęaltılan 57 DNA parasının 56’sının (%98,25) polimorfik lokuslardan oluřtuęu saptanmıř; bu durum RAPD belirtelerinin ırklar arası genetik varyasyonun ortaya konulmasında yksek ayırt edicilięe sahip olduęunu gstermiřtir. Ayrıca, altı bandın incelenen koyun ırklarına zg olduęu tespit edilmiřtir. Beř Mısır koyun ırkı arasındaki genetik benzerliğin 0,8332 ile 0,9750 arasında deęiřtięi belirlenmiřtir. UPGMA dendrogramı, incelenen genotipleri iki ana kmeye ayırmıřtır. Birinci kmede Ossimi ve Rahmani yer alırken, ikinci kme iki alt gruba ayrılmıř; bu alt gruplardan biri Barki’yi, dięeri ise Saidi ve Sohagi ırklarını iermiřtir. Arařtırma sonuları, RAPD ynteminin farklı koyun ırkları arasındaki genetik benzerlik ve eřitlilięin belirlenmesinde etkili ve yararlı bir ara olduęunu ortaya koymuřtur.

Gneren ve alıřma arkadaşları (2010), Trkiye’ye zg yerli sığır ırkları arasındaki ve her bir ırkın kendi iindeki genetik eřitlilik dzeylerini belirlemek amacıyla PCR-RAPD yntemine dayalı bir analiz gerekleřtirmiřtir. Arařtırma kapsamında Gney Anadolu Kırmızısı (GAK), Boz Irk (BI), Doęu Anadolu Kırmızısı (DAK) ve Yerli

Kara (YK) ırklarına ait toplam 77 baş sığırdan kan örnekleri alınmıştır. On farklı RAPD primerinin kullanılması sonucunda 150-950 bp aralığında toplam 210 bant elde edilmiştir. Irk içi genetik varyasyon değerlendirildiğinde, dişi hayvanlarda en yüksek varyasyonun GAK ırkında (0,809), en düşük varyasyonun ise BI ırkında (0,637) olduğu belirlenmiştir. Erkek hayvanlarda ise en yüksek genotipik varyasyonun P10 primeri ile BI ırkında (0,810), en düşük varyasyonun ise P08 primeri ile GAK ırkında (0,105) olduğu hesaplanmıştır. Irklar arası genetik ilişkiler incelendiğinde, dişilerde P01, P06, P09 ve P10 primerleriyle elde edilen bant paternleri DAK ve YK ırklarının birbirine en yakın genetik mesafeye sahip olduğunu göstermiştir. GAK ırkının DAK ve YK kümelerine göre daha uzak konumlandığı, BI ırkının ise diğer üç ırktan belirgin biçimde ayrıldığı rapor edilmiştir. Erkek hayvanlarda P04 primeri ile elde edilen bulgular GAK-BI ve DAK-YK olmak üzere iki genetik kümenin varlığını ortaya koyarken, P08 primeri bu kümelenmeyi BI-YK ve DAK-GAK grupları şeklinde desteklemiştir. P10 primeri ise GAK ırkının diğer ırklardan farklı olarak bağımsız bir grup oluşturduğunu göstermiştir. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda, RAPD belirteçlerinin Türkiye'deki yerli sığır ırklarında polimorfizmin belirlenmesi ve genetik mesafelerin tahmin edilmesinde etkili olduğu; ayrıca ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitliliğin ortaya konulması yoluyla genetik ilişkilerin değerlendirilmesinde önemli avantajlar sunduğu ifade edilmiştir.

Onuk vd. (2010), sığır karkaslarından izole edilen *Escherichia coli* O157 suşlarını genotiplendirmek, suşlar arasındaki genetik farklılıkları RAPD yöntemiyle ortaya koymak ve primer bağlanma sıcaklığının (32, 36, 38 ve 40°C) etkisini değerlendirmek amacıyla bir çalışma yürütmüştür. Araştırmada, Samsun ilindeki iki farklı mezbahada kesilen sığırlara ait karkaslardan izole edilen toplam 32 *E. coli* O157 suşu kullanılmıştır. DNA ekstraksiyonu, 100°C'de kaynatma yöntemiyle gerçekleştirilmiştir. RAPD paternlerinin belirlenmesinde M13 (5'-GAG GGT GGC GGT TCT-3') ve ERIC-2 (5'-AAG TAA GTG ACT GGG GTG AGC G-3') primerleri kullanılmıştır. Amplifikasyon sürecinde 94°C'de denatürasyon, 36°C'de bağlanma ve 72°C'de uzama basamakları uygulanmıştır. Ayrıca, RAPD patern çeşitliliği üzerindeki etkinin değerlendirilmesi amacıyla 32, 36, 38 ve 40°C primer bağlanma sıcaklıklarında amplifikasyon döngüleri gerçekleştirilmiş; genetik benzerlik oranları ise UPGMA yöntemiyle analiz edilmiştir. Elde edilen bulgular, amplifikasyon sırasında kullanılan

farklı primer bağlanma sıcaklıklarının M13 ve ERIC-2 primerleriyle elde edilen RAPD bant paternlerinin çeşitliliği üzerinde anlamlı bir etki oluşturmadığını göstermiştir. ERIC-2 primeri ile beş farklı bant paterni, M13 primeri ile ise yedi farklı bant paterni belirlenmiştir. ERIC-2 primeri kullanıldığında izolatların 28'inin (%87,5) baskın tip olan E1 genotipine ait olduğu; E2, E3, E4 ve E5 genotiplerinin her birinde ise birer izolatın (%3,125) bulunduğu saptanmıştır. M13 primeri ile yapılan analizde izolatların 22'si M1 (%68,5) genotipinde yoğunlaşırken, dört izolat M2 (%12,5), iki izolat M3 (%6,25) ve diğer genotiplerde birer izolat (%3,125) tespit edilmiştir. Tekrarlanabilirliğin değerlendirilmesi amacıyla her iki primerle ardışık olarak gerçekleştirilen üç RAPD analizi sonucunda aynı bant paternlerinin elde edildiği ve yöntemin tekrarlanabilirlik oranının %100 olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, M13 primerinin E. coli O157 izolatları arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde uygun olduğu ve epidemiyolojik araştırmalarda güvenle kullanılabileceği vurgulanmıştır.

Balcıoğlu vd. (2010), Türkiye'ye özgü bazı yerli koyun ırklarının (Tuj, Norduz, Morkaraman, Güney Karaman, Karakaş, Akkaraman, Dağlıç ve İvesi) genetik yapısını RAPD belirteçleri kullanarak ortaya koymayı amaçlamıştır. Araştırmada incelenen toplam 125 koyundan, 12 RAPD primeri aracılığıyla elde edilen 218 lokusun tamamının polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk 0,3636, beklenen ortalama heterozigotluk 0,1784, allel sayısı 2,000, ortalama etkili allel sayısı 1,6256, polimorfik lokus oranı %100 ve Shannon indeksi 0,5408 olarak hesaplanmıştır. Ayrıca genetik farklılaşma katsayısı (GTS) 0,5117, populasyon içi ortalama heterozigotluk (HS) 0,1784 ve toplam heterozigotluk (HT) 0,3654 olarak bulunmuştur. İncelenen koyun populasyonları arasındaki genetik mesafe değerlerinin ise 0,1349 ile 0,5563 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Kümelendirme analizi sonuçlarına göre Morkaraman, Karaman, Güney Karaman ve Akkaraman ırkları aynı kümede yer almış; Tuj ırkının bu kümeye yakın bir konumda olduğu ve İvesi ırkının da söz konusu ana kümeye dahil olduğu belirlenmiştir. Buna karşılık Karakaş ve Dağlıç ırkları ayrı bir küme oluştururken, Norduz ırkının diğer koyun ırklarından belirgin biçimde ayrılarak farklı bir konumda yer aldığı saptanmıştır. Elde edilen bulgular doğrultusunda, RAPD yönteminin yerli koyun

ırklarının genetik varyasyonunun belirlenmesinde etkili ve güvenilir bir moleküler araç olduğu ortaya konmuştur.

Tariq vd. (2012), Pakistan'ın Belucistan bölgesindeki farklı lokasyonlardan (Mengali, Balochi, Beverigh ve Harnai) temin edilen koyun ırklarının genetik çeşitliliğini RAPD tekniği kullanarak belirlemeyi amaçlamıştır. Araştırma kapsamında dört farklı ırktan (n=12) toplam 48 kan örneği alınmıştır. DNA izolasyonunun ardından 17 farklı RAPD primeri ile analizler gerçekleştirilmiştir. Yapılan değerlendirmeler sonucunda 17 RAPD belirteci ile toplam 92 lokus saptanmış; bu lokusların %60,87'sinin (56 lokus) polimorfik, %39,13'ünün (36 lokus) ise monomorfik olduğu belirlenmiştir. İncelenen dört ırkta elde edilen bant sayısının 2 ile 10 arasında değiştiği bildirilmiştir. Polimorfizm düzeyleri karşılaştırıldığında, en düşük polimorfik lokus sayısının Balochi ırkında (20 lokus), en yüksek polimorfik lokus sayısının ise Mengali ırkında (40 lokus) olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Beverigh ırkında 33, Harnai ırkında ise 31 polimorfik lokus belirlenmiştir. Genetik çeşitlilik değerleri bakımından Mengali ırkı 0,1474 ile en yüksek çeşitliliği gösterirken, Balochi ırkı 0,0998 değeri ile en düşük genetik çeşitliliğe sahip bulunmuştur. Irklar arası genetik yakınlık analizleri, Balochi-Harnai (0,992), Beverigh-Harnai (0,996) ve Balochi-Beverigh (0,992) ırk çiftlerinin birbirine daha yüksek benzerlik gösterdiğini ortaya koymuştur. Araştırmacılar, Harnai, Beverigh ve Balochi ırkları arasındaki bu genetik yakınlığın, aynı coğrafi bölgede yetiştirilmeleri sonucunda paylaşılan çevresel koşullardan kaynaklanabileceğini ileri sürmüştür. Sonuç olarak çalışma, RAPD-PCR analizlerinin koyun ırkları arasındaki genetik mesafelerin belirlenmesinde etkili ve kullanışlı bir moleküler yöntem olduğunu göstermiştir.

Vural (2014), Diyarbakır ili Karacadağ bölgesinde farklı sürülerden temin edilen 18 baş yerli Zom koyununa ait kan örneklerini kullanarak bireylerin genetik yapısını ve genetik varyasyon düzeylerini RAPD-PCR yöntemiyle incelemiştir. Çalışmada sekiz RAPD primeri kullanılmış ve 300-3000 bp aralığında toplam 899 RAPD-PCR bandı elde edilmiştir. Kullanılan primerler aracılığıyla 54 lokus tespit edilmiş; bu lokusların 15'inin polimorfik, 39'unun ise monomorfik olduğu belirlenmiştir. Polimorfizm oranı %27,8 olarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklık değerlerinin en düşük 4 ve 5 numaralı örnekler arasında (0,019), en yüksek ise 3 ve 6 numaralı örnekler arasında (0,189)

olduğu saptanmıştır. Buna paralel olarak genetik benzerlik oranının en yüksek 4 ve 5 numaralı örneklerde (0,981), en düşük ise 3 ve 6 numaralı örnekler arasında olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ortalama heterozigotluk değeri 0,1253 olarak hesaplanmıştır. Elde edilen bulgular, Zom koyun ırkına ait genetik benzerlik, polimorfizm, genetik uzaklık ve heterozigotluk gibi parametrelerin RAPD-PCR yöntemiyle DNA düzeyinde ortaya konulabildiğini göstermiştir. Bununla birlikte bireylerin heterojen bir genetik yapıya sahip olduğu ve mevcut genetik çeşitliliğin ıslah programlarında değerlendirilebilecek önemli bir potansiyel sunduğu vurgulanmıştır.

Stefańska vd. (2022), hayvanlarda fırsatçı bir patojen olan *Trueperella pyogenes* izolatları arasındaki genetik farklılıkları incelemek amacıyla RAPD-PCR tabanlı bir parmak izi (fingerprinting) yöntemi geliştirmeyi hedeflemiştir. Çalışmada sığır, domuz, keçi, koyun ve Avrupa bizonundan elde edilen toplam 37 farklı *T. pyogenes* suşu kullanılmıştır. Optimizasyon aşamasında çeşitli primerler test edilmiş ve en uygun RAPD profillerini sağlayan M13 primeri çalışma için seçilmiştir. Reaksiyon bileşenleri olan $MgCl_2$, dNTP, primer ve DNA konsantrasyonları, optimal koşulların belirlenmesi amacıyla Taguchi optimizasyon yöntemi kullanılarak ayarlanmıştır. Elde edilen RAPD-PCR bulguları, izolatlar arasında belirgin bir genetik çeşitlilik bulunduğunu ortaya koymuş ve toplam 31 farklı genotip tanımlanmıştır. Epidemiyolojik olarak ilişkili izolatların aynı RAPD genotipine sahip olduğunun belirlenmesi, geliştirilen yöntemin yüksek ayırım gücüne sahip olduğunu desteklemiştir. Tüm suşlar için hesaplanan diskriminasyon gücü 0,985 olarak bulunmuş ve yöntemin oldukça ayırt edici olduğu gösterilmiştir. Araştırmacılar, RAPD-PCR temelli bu parmak izi tekniğinin *T. pyogenes* kaynaklı enfeksiyonların epidemiyolojisi ve patogenezinin daha iyi anlaşılmasına katkı sağlayabileceğini ifade etmişlerdir.

Rehman vd. (2023), on yerli sığır ırkının genetik çeşitliliğini ve akrabalık ilişkilerini RAPD belirteçleri kullanarak ortaya koymayı amaçlamıştır. DNA'nın PCR ile çoğaltılması için toplam 80 RAPD primeri kullanılmış, PCR ürünleri agaroz jel elektroforezi ile analiz edilmiştir. Bu primerlerden 73'ünün başarılı amplifikasyon sağlaması sonucunda primer başına ortalama 8,2 bant olmak üzere toplam 604 amplifiye bant elde edilmiştir. Sığır ırkları arasında ortalama %11,25 polimorfizm

oranına karşılık gelen toplam 68 polimorfik bant belirlenmiştir. Bulgular, incelenen sığır ırkları arasında genel olarak düşük düzeyde genetik çeşitlilik bulunduğunu göstermiştir. Filogenetik analiz sonuçları, on sığır ırkının %83,85 ile %89,62 arasında değişen yüksek benzerlik indekslerine sahip olduğunu ortaya koymuştur. En yüksek genetik benzerlik Dhanni ve Lohani (%89,62) ile Sahiwal ve Red Sindhi (%89,44) ırkları arasında belirlenirken, en düşük benzerlik Cholistani ve Tharparkar (%83,85) ırkları arasında tespit edilmiştir. UPGMA kümeleme analizi sonucunda Hissar ve Haryana ırklarının 0,87 benzerlik katsayısı ile A kümesini oluşturduğu ve bu kümeye Tharparkar ırkının da dahil olduğu görülmüştür. Dajal ve Rojhan ırkları ise 0,88 benzerlik katsayısı ile B kümesini meydana getirmiş ve bu kümenin Dhanni ve Lohani ile birlikte gruplandığı belirlenmiştir. Ayrıca Cholistani ırkının da Dajal ve Rojhan ile aynı kümede yer aldığı saptanmıştır. Sahiwal ırkının ise 0,89 benzerlik katsayısı ile Red Sindhi ırkı ile birlikte kümelendiği tespit edilmiştir. Sonuç olarak, incelenen sığır ırkları arasında yakın genetik ilişkilerin bulunduğu ortaya konulmuştur. Araştırmacılar ayrıca, yerli sığır ırklarının evrimi ve evcilleştirilme süreçlerinin daha kapsamlı biçimde anlaşılabilmesi için yeni nesil genomik araçların kullanıldığı ileri düzey çalışmalara ihtiyaç duyulduğunu vurgulamışlardır.

3.2.4 AFLP (Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi, Amplified fragment length polymorphism)

AFLP yöntemi, ilk olarak 1995 yılında geliştirilmiş olup, RFLP'nin yüksek güvenilirliğini PCR temelli markerların zaman açısından sağladığı üstünlükle birleştiren yeni bir moleküler belirteç yöntemidir (Vos vd., 1995). AFLP, seçici primer kombinasyonlarının kullanımıyla genomdan geniş çapta bilgi elde edilmesine imkân tanıyan ve çok sayıda polimorfik bantın tespit edilmesini sağlayan bir tekniktir (Malik vd., 2022). Yöntem üç temel basamaktan oluşmaktadır. İlk aşamada, genomik DNA uygun restriksiyon enzimleri ile kesilmekte, ardından oluşan fragmanların her iki ucuna “adaptör” olarak adlandırılan kısa DNA dizileri ligate edilmektedir. Bu adaptörler, daha sonraki PCR aşamasında primerlerin bağlanabileceği özgün sekans bölgelerini oluşturur. Böylece, PCR sırasında primerler yalnızca hedeflenen DNA fragmanlarını seçici olarak çoğaltabilmektedir. Son aşamada ise amplifiye edilen DNA fragmanları jel elektroforezi ile ayrıştırılarak görüntülenmektedir (Hailu ve Asfere, 2020).

AFLP tekniğinin en önemli avantajı, hedef DNA dizisine ilişkin ön bilgi gerektirmeksizin PCR temelli olarak genetik polimorfizmin ortaya konulabilmesidir. Yöntem; yüksek düzeyde tekrarlanabilirlik, kısa sürede sonuç elde edilebilmesi, geniş çapta polimorfizm tespiti ve çok sayıda marker üretme kapasitesi gibi özellikleri nedeniyle genetik çeşitliliğin belirlenmesinde, bağlantı haritalarının oluşturulmasında ve ayrışma populasyonlarında bağlantı analizlerinin yapılmasında yaygın olarak kullanılmaktadır. Buna karşın AFLP'nin bazı sınırlılıkları da bulunmaktadır. Baskın kalıtım gösteren bir marker yapısına sahip olduğundan, homozigot bireyler ile heterozigot bireyler arasında ayırım yapılmasına olanak tanımaz ve lokus başına aktarılan bilgi miktarı sınırlıdır. Ayrıca AFLP profillerinde çok sayıda bantın, yoğunlukları değişken şekilde ortaya çıkması, bant değerlendirme sürecinin öznel kriterlere dayanmasını zorunlu kılmaktadır. Yöntemin bir diğer dezavantajı ise güvenilir sonuç elde edilebilmesi için yüksek moleküler ağırlığa sahip, saf ve bozulmamış DNA örneklerine ihtiyaç duymasıdır (Hailu ve Asfere, 2020; Al-Hadeithi vd., 2021; Amiteye, 2021).

AFLP yöntemi, hayvan ıslahında, moleküler haritalama, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi, parmak izi teknolojisi, genetik haritalama, QTL haritalarının oluşturulması, akrabalık düzeyi, populasyon genetik parametrelerinin değerlendirilmesi ve hayvanlarda genetik havuzların korunması gibi birçok alanda kullanılmaktadır (Teneva ve Dimitrova, 2021). Bu çalışmalardan bazıları aşağıda sunulmuştur:

Ajmone-Marsan vd. (2001), yedi İtalyan keçi ırkı arasındaki genetik çeşitliliği ve akrabalık ilişkilerini AFLP belirteçleri kullanarak değerlendirmeyi amaçlamıştır. Araştırma kapsamında Bionda dell'Adamello, Frisa, Orobica, Verzaschese, Val di Livo, Sarda ve Saanen ırklarına ait toplam 210 dişi süt keçisinden kan örnekleri alınmıştır. EcoRI/TaqI restriksiyon enzim çiftine dayalı yedi primer kombinasyonu uygulanmış ve bu analizler sonucunda 219 polimorfik bant elde edilmiştir. AFLP belirteçlerinin bilgi içeriğini belirlemek amacıyla primer çifti başına tanımlanan polimorfizm sayısı, ırk içi beklenen ortalama heterozigotluk değerleri ve ırklar arasında gözlenen farklılıkların istatistiksel anlamlılığı ANOVA ile

değerlendirilmiştir. Bulgulara göre, ırk içinde gözlenen polimorfizm sayısı Val di Livo'da 144 ile en düşük, Sarda'da ise 176 ile en yüksek değer olarak belirlenmiş; primer çifti başına ortalama polimorfizm sayısının 20,6 ile 25,1 arasında değiştiği saptanmıştır. Belirteçler arasındaki ortalama genetik farklılık değeri 0,11 olarak hesaplanmış; bu durum toplam genetik çeşitliliğin yalnızca %11'inin ırklar arasında, %89'unun ise ırk içi varyasyondan kaynaklandığını göstermiştir. Heterozigotluk değerlerinin Orobica, Saanen, Val di Livo ve Verzaschese ırklarında yaklaşık 0,21, Sarda ırkında ise 0,24 olduğu belirlenmiştir. ırklar arasındaki standart genetik mesafeler incelendiğinde, en düşük mesafenin Bionda ve Frisa (0,10) arasında, en yüksek mesafenin ise Sarda ve Orobica (0,61) arasında olduğu tespit edilmiştir. Standart genetik mesafeye dayalı UPGMA dendrogramı, Sarda ırkının incelenen ırklar içinde en uzak konumda yer aldığını; Bionda ve Frisa ırklarının ise en yakın akraba olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca Frisa ve Bionda'nın, Val di Livo ve Verzaschese'nin oluşturduğu bir alt kümeyle birleşerek daha geniş bir grup meydana getirdiği belirlenmiştir. Sonuç olarak çalışma, keçi ırkları arasındaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde AFLP belirteçlerinin etkili, yüksek çözünürlüklü ve güvenilir bir moleküler yöntem olduğunu göstermiştir.

Hoda vd. (2010), Arnavutluk'a özgü üç yerli koyun ırkı (Bardhoka, Ruda ve Shkodrane) arasındaki genetik çeşitlilik düzeyini ve populasyonlar arası genetik ilişkileri belirlemek amacıyla AFLP tekniğini kullanmıştır. Araştırma kapsamında akrabalık ilişkisi bulunmayan toplam 93 koyun örneklenmiş ve EcoRI/TaqI restriksiyon enzim çiftine dayalı primer kombinasyonları uygulanarak 92 AFLP belirteci elde edilmiştir. ırklar arası ve ırk içi genetik çeşitliliğin dağılımını değerlendirmek amacıyla Nei'nin gen farklılaşma indeksi hesaplanmıştır. Söz konusu indeksin ortalama değeri 0,039 olarak bulunmuş; toplam genetik çeşitliliğin yalnızca %4'ünün ırklar arası farklılıklardan, %96'sının ise ırk içindeki bireyler arasındaki varyasyondan kaynaklandığı belirlenmiştir. Tüm koyunlar için beklenen ortalama heterozigotluk değeri 0,259, Shannon indeks değeri ise 0,384 olarak saptanmıştır. AFLP analizleri, Arnavut yerli koyun populasyonlarında genel olarak yüksek düzeyde genetik çeşitlilik bulunduğunu, buna karşın ırklar arasındaki genetik uzaklıkların düşük olduğunu ortaya koymuştur. Elde edilen bulgular, söz konusu koyun ırkları arasında yoğun gen akışına olanak tanıyan geleneksel yetiştirme ve sürü yönetim

uygulamalarının varlığına işaret etmektedir. Ayrıca AFLP verilerinin, Arnavut koyunlarında mevcut genetik varyasyonun korunmasına yönelik etkili ıslah stratejilerinin ve sürdürülebilir üreme programlarının planlanması açısından önemli bir bilimsel temel oluşturduğu vurgulanmıştır.

Khaleghzadegan vd. (2010), İran'ın farklı bölgelerinde yetiştirilen sekiz yerli koyun ırkının genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla AFLP tekniğini kullanmıştır. Araştırmada, toplam 309 koyundan alınan kan örneklerinden genomik DNA izole edilmiş ve EcoRI/TaqI enzim çiftine dayalı primer kombinasyonları ile DNA fragmanları çoğaltılmıştır. Analiz sonucunda 235 bant elde edilmiş, bunların 100-500 bp aralığında bulunan 121'inin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışma bulgularına göre, ırk içi ortalama heterozigotluk değeri 0.2795 olarak saptanmış ve bu değer yüksek düzeyde genetik varyasyonun varlığına işaret etmiştir. Buna karşın, ırklar arası ortalama heterozigotluk değerinin 0.0184 olması, populasyonlar arasında genetik farklılaşmanın düşük seviyede olduğunu göstermiştir. Genetik mesafenin en yüksek olduğu ırk çifti Lori Bakhtiari-Makuei, en düşük olduğu çift ise Lori Bakhtiari-Taleshi olarak hesaplanmıştır. Jaccard benzerlik katsayısına dayalı UPGMA analizi, koyun ırkları arasında belirgin genetik ilişkilerin bulunduğunu ortaya koyarken, Temel Bileşen Analizi (PCA) sonuçları farklı ırkların belirli kümeler hâlinde gruplaşma eğilimi gösterdiğini ortaya koymuştur. Nei'nin tarafsız genetik uzaklık ölçütlerine dayalı filogenetik ağaç ise ırklar arasındaki genetik ilişkilerin biyocoğrafik dağılım ve fenotipik özelliklerle büyük ölçüde uyumlu olduğunu göstermiştir. Ayrıca, analizler kayıtlara geçmemiş hayvan hareketlerinin ve olası gen akışlarının izlenmesine de olanak sağlamıştır. Araştırmacılar, AFLP tekniğinden elde edilen verilerin yerel koyun ırklarının genetik kaynaklarının korunması, ıslah programlarının planlanması ve sürdürülebilir hayvancılık stratejilerinin geliştirilmesi açısından önemli bir temel oluşturduğunu vurgulamıştır.

Negrini vd. (2007) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Avrupa'da yetiştirilen bazı sığır ırkları arasındaki genetik mesafelerin tahmininde AFLP parmak izi yönteminin etkinliği ortaya konulmuştur. Araştırmada 47 Avrupa ırkının yanı sıra bir Afrika ırkı (N'Dama) ve üç Hint zebu ırkından elde edilen kan veya sperm örnekleri kullanılmıştır. EcoRI/TaqI enzim çiftine dayalı üç primer kombinasyonu, Keygene ve

Piacenza olmak üzere iki farklı laboratuvarda uygulanmış; ayrıca 30 mikrosatellit lokusu ayrı olarak genotiplendirilmiştir. Elde edilen veriler sonucunda her iki laboratuvardaki analizlerde toplam 81 polimorfik bant belirlenmiştir. Veri kümeleri arasındaki uyum, Fransız ve İtalyan Limuzin sığır popülasyonlarının bağımsız olarak örneklenmesi ve parmak izi analizlerinin karşılaştırılmasıyla test edilmiştir. İki kez genotiplenen 162 İtalyan örneğinde, 81 ortak belirteç için hata oranı %2 olarak saptanmıştır. Avrupa Taurin ırkları arasındaki genetik mesafeler 0,008-0,040 aralığında bulunurken, iki laboratuvarda analiz edilen aynı ırk için bu değer 0,00005 veya daha düşük olarak hesaplanmıştır. Fransız ve İtalyan Limuzin popülasyonları arasındaki genetik mesafe ise 0,0035 olarak belirlenmiştir. Tüm veri seti için FST değerinin 0,15 olduğu, Podolian ırkları hariç tutulduğunda ise Avrupa içindeki değer biraz daha düşük (0,089) olduğu tespit edilmiştir. AFLP verileri, Taurin ve İndike sığırların Avrupa ırklarıyla karşılaştırıldığında belirgin bir genetik farklılık gösterdiğini ortaya koymuş; ayrıca İtalyan ve Macar Podolian ırklarında Doğu etkisinin varlığına işaret etmiştir. Bu durumun, sığırların Avrupa'ya ilk girişinden sonra Doğu'dan gerçekleştirilen ithalatlarla ilişkili olabileceği düşünülmektedir. Sonuç olarak, elde edilen bulgular İtalyan sığır ırklarının DNA dizisi düzeyinde görece yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğunu göstermektedir.

Mirhoseini vd. (2012) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, İran'da yetiştirilen 366 baş koyun ve 237 baş keçi genomunda cinsiyete özgü DNA belirteçlerini tanımlamak amacıyla AFLP yöntemi kullanılmıştır. Araştırma kapsamında 10 farklı koyun ve 6 keçi ırkına ait popülasyonlardan kan örnekleri alınmış, genomik DNA izole edilerek TaqI ve EcoRI restriksiyon enzimleri ile kesim işlemi gerçekleştirilmiştir. Çalışmada kullanılan yedi AFLP primer kombinasyonu, koyun ve keçi popülasyonlarında sırasıyla 50-600 bp uzunluğunda 235 ve 299 bant üretmiştir. Bu bantların 121'i koyun popülasyonunda, 78'i ise keçi popülasyonunda polimorfik olarak belirlenmiştir. Ayrıca koyunlarda 114 bant, keçilerde ise 221 bant homojen (monomorfik) özellik göstermiştir. Elde edilen bulgular doğrultusunda araştırmacılar, E42/T32 primerlerinin söz konusu popülasyonlarda PCR tabanlı cinsiyet belirleme tekniği için kullanılabileceğini önermiştir. Çalışma sonuçları, İran koyun ve keçi popülasyonlarında AFLP parmak izi analizi ile yeni erkek-spesifik DNA dizilerinin

tanımlanabildiğini ortaya koymuş; ayrıca cinsiyet belirlemenin PCR temelli yöntemlerle hızlı, güvenilir ve uygulanabilir olduğunu vurgulamıştır.

Hoda vd. (2012) tarafından yürütülen çalışmada, altı yerel Arnavut keçi ırkı (Muzhake, Capore, Liqenasi, Mati, Hasi ve Dukati) arasındaki genetik çeşitlilik ve ilişkilerin belirlenmesi amacıyla AFLP belirteçleri kullanılmıştır. Araştırmada, akrabalık ilişkisi bulunmayan toplam 185 keçiden alınan kan örnekleri analiz edilmiş ve EcoRI/TaqI enzim çiftine dayalı üç primer kombinasyonu uygulanarak 107 polimorfik bant elde edilmiştir. Irklar arası ve ırk içi genetik çeşitliliğin dağılımını değerlendirmek amacıyla Wright'ın F_{ST} indeksi ile Nei'nin tarafsız ve Reynolds genetik mesafe ölçütleri hesaplanmıştır. Elde edilen bulgulara göre ortalama gen çeşitliliği (Nei'nin heterozigotluk değeri) 0,156 olarak belirlenmiştir. En düşük genetik çeşitlilik Mati ırkında (0,145), en yüksek ise Dukati ırkında (0,176) saptanmış olup, bu değerler genel olarak düşük düzeyde heterozigotluğa işaret etmektedir. Shannon indeksinin ortalama değeri ise 0,249 olarak bulunmuştur. Populasyonlar arası genetik farklılık 0,019-0,047 aralığında değişmiş ve ortalama F_{ST} değeri 0,031 olarak hesaplanmıştır. Bu düşük F_{ST} değeri, Arnavut keçi ırkları arasında sınırlı düzeyde genetik ayrışma bulunduğunu ve genetik çeşitliliğin büyük ölçüde bireyler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığını göstermektedir. Reynolds genetik mesafesine dayalı PCA sonuçları ile Jaccard benzerlik indeksine dayalı bireysel UPGMA dendrogramı, farklı ırklara ait bireylerin aynı kümelerde yer alabildiğini ve ırklar arasında yüksek düzeyde gen akışı veya karışım olabileceğini ortaya koymuştur. Sonuç olarak çalışma, farklı keçi ırklarının genetik çeşitliliğinin AFLP yöntemi kullanılarak güvenilir biçimde belirlenebileceğini göstermiştir.

Baccouche vd. (2014), Tunus'un Bizerte, Béja ve Jendouba bölgelerindeki sekiz farklı lokasyondan elde edilen 154 sığır genotipinin genetik çeşitliliğini ve populasyon yapısını AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) yöntemi ile incelemiştir. Bu kapsamda genomik DNA, EcoRI/MseI enzim-primer kombinasyonları kullanılarak AFLP protokolüne uygun biçimde çoğaltılmıştır. Analizler sonucunda toplam 314 bant elde edilmiş ve bunların 247'sinin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Nei'ye göre hesaplanan genetik uzaklık değerleri, Béja ve Jendouba populasyonlarının birbirine en yakın genetik mesafeye sahip olduğunu (0.0182), buna karşılık Jendouba ile Cap Bon

populasyonları arasında daha yüksek bir genetik uzaklık bulunduğunu (0.346) göstermiştir. Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma katsayısı (FST) 0.059 olarak hesaplanmış; genetik varyasyonun %94.1'inin populasyon içi farklılıklardan kaynaklandığı tespit edilmiştir. Araştırmacılar, bireyler arasındaki yüksek benzerlik düzeyinin kümeleme analizlerinde coğrafi dağılıma dayalı belirgin bir sınıflandırma oluşturmadığını ifade etmiştir. Gözlenen farklılıkların belirli bir ırk veya ekotipe bağlı olmaktan ziyade yüksek gen akışı değeri ($N_m = 7.56$) ile açıklanabileceği belirtilmiştir. Sonuç olarak, AFLP tekniğiyle elde edilen moleküler verilerin Tunus'a özgü yerli sığır populasyonlarının genetik yapısının anlaşılmasına katkı sağladığı ve ıslah programlarının geliştirilmesi açısından önemli bir temel oluşturabileceği vurgulanmıştır.

Liu vd. (2014) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Çin'in Sichuan bölgesinde yetiştirilen sekiz farklı keçi ırkının ($n=261$) genetik çeşitliliği AFLP belirteçleri kullanılarak analiz edilmiştir. Araştırmada 261 keçiden alınan kan örnekleri değerlendirilmiş; genomik DNA izolasyonunun ardından MseI ve EcoRI restriksiyon enzimleri ile kesim işlemi gerçekleştirilmiştir. Adaptör ligasyonu ile ön ve seçici amplifikasyon adımlarını takiben 100-1.200 bp uzunluğunda polimorfik bantlar elde edilmiş ve sekiz marker geliştirilmiştir. Çalışmada söz konusu markerlar toplam 174 bant üretmiş, bunların 80'inin polimorfik olduğu belirlenmiştir. Shannon Çeşitlilik İndeksi ile hesaplanan genetik çeşitlilik değerlerinin sekiz keçi ırkı arasında 0,0750-0,2600 aralığında değiştiği saptanmıştır. En yüksek genetik çeşitlilik indeksinin Yingshan Siyah keçisinde (0,2289), en düşük değerin ise Baiyu Siyah keçisinde (0,0888) olduğu belirlenmiştir. Sistemik ağaçlar, aritmetik ortalamalı UPGMA ve komşu birleştirme (Neighbor-Joining) yöntemleri kullanılarak oluşturulmuştur. Kümeleme analizleri sonucunda incelenen sekiz keçi ırkının iki ana gruba ayrıldığı, bu gruplardan birinin ise iki alt küme içerdiği tespit edilmiştir. Kümeleme sonuçlarının ırkların kökeni ve coğrafi dağılımları ile uyumlu olması, populasyonlar arasındaki genetik ilişkilerin coğrafi yapı ile paralellik gösterdiğini ortaya koymuştur. Elde edilen bulgular, AFLP tabanlı genetik çeşitlilik çalışmalarının yerli keçi populasyonlarının genetik yapısının anlaşılması ve genetik kaynakların korunmasına yönelik stratejilerin geliştirilmesi açısından önemli bilgiler sağlayabileceğini göstermektedir.

Zhao vd. (2018) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Çin pazarında gıda sahtekârlığını önlemek amacıyla altı yaygın sığır ırkına ait etlerin tanımlanabilirliği AFLP yöntemi kullanılarak araştırılmıştır. Bu kapsamda Luxi Sarısı, Jiaxian Kırmızısı, Nanyang Sarısı, Limousin, Japon Siyahı ve Anduo yak ırklarına ait toplam 97 hayvandan kan ve doku örnekleri toplanmıştır. İzole edilen genomik DNA'nın saflığı NanoDrop 2000c spektrofotometre ile değerlendirilmiş, ardından DNA EcoRI ve MseI restriksiyon enzimleri kullanılarak kesilmiştir. Amplifikasyon süreci 95 °C'de denatürasyon, 56 °C'de bağlanma ve 72 °C'de uzama basamaklarını içermiştir. Analizler sonucunda, on iki seçici amplifikasyon primeri arasından sekiz primer çifti (E04M06, E04M44, E04M49, E33M48, E33M49, E39M06, E39M44 ve E39M49) AFLP değerlendirmesi için uygun bulunmuştur. Bu primer çiftleri ile gerçekleştirilen amplifikasyonlar sonucunda 50-500 bp aralığında toplam 2058 bant elde edilmiş ve bunların 1095'inin (%53) polimorfik olduğu belirlenmiştir. İlk aşamada E04M06 primer çifti ile oluşturulan benzerlik matrisi kullanılarak popülasyondaki bireylere ait dendrogram oluşturulmuş ve tüm bireylerin birbirinden net biçimde ayrılabilirdiği gözlenmiştir. Araştırmacılar, yalnızca bu primer çiftinin dahi test edilen tüm örnekleri ayırt edebildiğini özellikle vurgulamıştır. Ayrıca Anduo yak, Japon Siyahı ve Limousin ırklarına ait ürünlerde her primer tarafından farklı sayıda benzersiz bant tespit edilirken, Luxi Sarısı, Jiaxian Kırmızısı ve Nanyang Sarısı ırklarına ait örneklerde benzersiz bant oluşmadığı bildirilmiştir. Bu durum, bazı ırkların tanımlanabilirliğinin AFLP profilleri aracılığıyla daha belirgin hale geldiğini göstermektedir. Araştırma bulguları, moleküler belirteçlerin kullanımının etiket sahteciliği ve gıda aldatmacalarının önlenmesine katkı sağlayabileceğini ve böylece tüketicilerin gıda güvenliğine yönelik güvenini artırabileceğini ortaya koymuştur. Sonuç olarak çalışma, AFLP tekniğinin hem bireylerin hem de ırkların tanımlanmasında etkili bir yöntem olduğunu ve bu ayrımın tek bir primer kombinasyonu ile dahi gerçekleştirilebileceğini göstermiştir.

Malik vd. (2022) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Red Sindhi sığır ırkının melez popülasyonlardan ayrılması ve genetik olarak tanımlanması amacıyla AFLP belirteçleri kullanılmıştır. Araştırmada Kırmızı Sindhi (n=50) ve Holstein Friesian × Red Sindhi melezi (n=48) sığırlardan elde edilen kan örnekleri analiz edilmiştir. Genomik DNA ilk aşamada TaqI ve EcoRI restriksiyon enzimleri ile sindirilmiş;

ardından adaptör ligasyonu, ön amplifikasyon ve seçici amplifikasyon basamakları uygulanmıştır. Bu işlemler sonucunda 99-570 bp uzunluklarında polimorfik bantlar elde edilmiş ve toplam 11 moleküler marker geliştirilmiştir. Elde edilen bulgulara göre alel frekansları Red Sindhi ırkında 0.2-1.0, melez bireylerde ise 0.083-1.0 aralığında belirlenmiştir. Test edilen lokusların hiçbirinin $P < 0.05$ düzeyinde Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir sapma göstermediği saptanmıştır. Heterozigotluk düzeyleri Red Sindhi ırkında LABG10 (0.321) ve LABG8 (0.488) markerleri için daha düşük bulunurken, melez bireylerde aynı markerlar için değerlerin sırasıyla LABG10 (0.430) ve LABG8 (0.500) ile daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Marker panelinin ayırt edicilik gücü değerlendirildiğinde, yalnızca üç marker kullanılarak Red Sindhi ırkının %94 doğrulukla, tek bir marker ile ise %80 doğrulukla tanımlanabildiği ortaya konulmuştur. Araştırmacılar, geliştirdikleri PCR-RFLP tabanlı marker panelinin Pakistan'da yetiştirilen Red Sindhi sığırlarının melez bireylerden ayrılmasında ve ırk saflığının korunmasında etkili bir araç olabileceğini vurgulamıştır.

3.2.5 SSR (Basit dizi tekrarı, Simple sequence repeat, Mikrosatellit analizi)

SSR'ler (Simple sequence repeats), kısa nükleotid motiflerinin ardışık ve değişken sayıda tekrarından oluşan DNA dizileri olup, yüksek düzeyde polimorfizm göstermeleri ile karakterize edilmektedir. Kodominant kalıtım özelliğine sahip olmaları, bireylerdeki homozigot ve heterozigot genotiplerin güvenilir biçimde ayırt edilmesine olanak tanımaktadır. SSR'ler, diğer adıyla STR'ler (Short tandem repeats - Kısa ardışık tekrarlar), hem hayvan hem de bitki genomlarında yaygın olarak bulunmakta ve genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde önemli moleküler belirteçler arasında yer almaktadır. Bu belirteçler; aynı tür içerisindeki bireyler arasındaki kalıtsal ilişkilerin incelenmesi, populasyon yapısının belirlenmesi ve genetik farklılıkların ortaya konulması amacıyla yaygın biçimde kullanılmaktadır (Zhanbaev, 2018; Hailu ve Asfere, 2020; Şafak vd., 2024).

Mikrosatellit lokusları, çoğunlukla ökaryotik canlıların nükleer genomlarında, daha sınırlı ölçüde ise prokaryotlarda bulunan kısa tekrar bölgeleridir. Bu diziler genellikle bir ila altı baz çifti uzunluğundaki motiflerin ardışık tekrarlarından oluşmaktadır. Genom boyunca en az 12 baz çifti uzunluğunda olan bu tekrarlar çoğunlukla 5-20 kez yinelenmekte; tekrar sayısındaki farklılıklara bağlı olarak mikrosatellit uzunlukları

değişebilmektedir. Bu durum, hem populasyonlar arasında hem de aynı bireyin iki alleli arasında önemli düzeyde genetik varyasyonun ortaya çıkmasına neden olmaktadır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015). Mikrosatellit belirteçleri, RFLP, RAPD ve AFLP gibi diğer moleküler markerlarla karşılaştırıldığında daha yüksek değişkenlik, daha fazla bilgi içeriği ve daha güvenilir sonuçlar sunmaları nedeniyle yaygın olarak tercih edilmektedir (He vd., 2003). Bu belirteçler; düşük miktarda şablon DNA ile çalışılabilmesi, yüksek polimorfizm göstermesi, kodominant kalıtım özelliğine sahip olması, yüksek doğruluk ve tekrarlanabilirlik sağlaması gibi önemli avantajlara sahiptir. Ayrıca mikrosatellitler, ebeveyn tayini, akrabalık derecelerinin belirlenmesi ile birey ve populasyon düzeyinde genetik yapı analizlerinde etkili ve kullanışlı araçlar olarak öne çıkmaktadır (Yang vd., 2013; Idrees ve Irshad, 2014).

Mikrosatellit belirteçler (SSR/STR), hayvan ıslahı çalışmalarında geniş bir kullanım alanına sahiptir. Bu belirteçler; DNA mutasyonlarının belirlenmesi, genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi, akrabalık düzeylerinin ortaya konulması, genom haritalarının oluşturulması ve genetik markerların tespit edilmesi gibi temel araştırma alanlarında etkin biçimde kullanılmaktadır. Ayrıca somatik hücre sayısının izlenmesi, hayvansal ürünlerin orijinlerinin belirlenmesi, ebeveyn seçimi ile döl verimi ve süt verimi gibi ekonomik açıdan önemli özelliklerin iyileştirilmesine yönelik seleksiyon programlarında da önemli bir araç olarak değerlendirilmektedir (Üstün ve Koyun, 2023). Bu çalışmalardan bazıları aşağıda sunulmuştur:

Bulut vd. (2014) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Türkiye’de yetiştirilen sekiz yerli keçi ırkında ebeveyn tayininin mikrosatellit yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında Honamlı, Yayladağ, Kilis, Ankara, Kıl, Alpin, Saanen ve Malta ırklarına ait toplam 248 baş keçiden kan örnekleri alınmıştır. DNA izolasyonunun ardından analizlerde kullanılmak üzere 11 mikrosatellit primeri tercih edilmiştir. Çalışma sonucunda toplam 160 alel gözlemlenmiş ve ortalama alel sayısı 14,25 olarak hesaplanmıştır. Beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.601-0.861 aralığında, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.357-0.856 arasında değiştiği belirlenmiştir. Ayrıca incelenen populasyonların genel olarak Hardy-Weinberg dengesine uygunluk gösterdiği tespit edilmiştir. Genetik bilgi sağlayan 11 mikrosatellit lokusunun kullanımıyla hesaplanan dışlama gücü (exclusion power)

değerinin Malta keçi ırkında 0,998, diğer ırklarda ise 0,999 olduğu belirlenmiştir. Araştırmacılar, elde edilen bulguların keçi ırklarının kimliklendirilmesinde mikrosatellit belirteçlerinin etkili ve güvenilir bir şekilde kullanılabileceğini ortaya koyduğunu vurgulamışlardır.

Vajed Ebrahimi vd. (2017) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, İran'daki 14 koyun ırkına ait genetik çeşitliliğin mikrosatellit yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu kapsamda 14 koyun ırkından toplam 565 baş koyundan kan örnekleri alınmış ve izole edilen genomik DNA'nın saflığı spektrofotometrik yöntemle değerlendirilmiştir. DNA izolasyonunun ardından beş mikrosatellit lokusu (McMA2, BM6444, McMA26, HSC ve OarHH35) analiz edilmiştir. Mikrosatellit analizleri sonucunda, incelenen tüm koyun ırklarında yüksek düzeyde alel çeşitliliği ve genetik varyasyon tespit edilmiş; toplam 65 farklı alel belirlenmiştir. En yüksek ortalama alel sayısı Pakistan (11.8) ve Arap (11) ırklarında gözlenmiş, polimorfik bilgi içeriği (PIC) bakımından en yüksek değer Arap ırkı için 0.88 olarak hesaplanmıştır. PIC değerlerinin genel olarak 0.84 (HSC) ile 0.92 (BM6444) arasında değiştiği ve tüm lokuslar için ortalama PIC değerinin 0.87 olduğu saptanmıştır. Çalışmadaki tüm ırklarda beklenen ortalama heterozigotluk 0.85, tüm lokus ve genotipler için genel ortalama ise 0.86 olarak belirlenmiştir. Hardy-Weinberg dengesi (HWE) analizi, bazı ırklar ve lokuslarda %41.4 oranında anlamlı sapma bulunduğunu, geri kalan %58.6'lık bölümde ise dengenin korunduğunu ortaya koymuştur. Nei'nin genetik mesafe analizine göre ırklar arası mesafeler Kermani-Kermani-Pakistani arasında 0.04, Kermani-Lori-Bahtiar-Pakistani arasında ise 0.25 olarak hesaplanmıştır. Bu mesafelere dayanarak oluşturulan UPGMA dendrogramı, popülasyondaki ırkların Arap, Pakistan ve diğer ırklar olmak üzere üç ana kümeye ayrıldığını göstermiştir. Shannon indeksi ve PIC değerleri sırasıyla McMA2 (2.31-0.88), BM6444 (2.17-0.92), McMA26 (2.27-0.87), HSC (2.04-0.84) ve OarHH35 (2.18-0.86) olarak belirlenmiştir. Elde edilen bulgular, incelenen koyun tipleri arasında yüksek düzeyde genetik varyasyon bulunduğunu ortaya koymakta ve bu popülasyonların korunması gereken önemli genetik çeşitlilik rezervuarları taşıdığını göstermektedir.

Faid-Allah vd. (2018) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Mısır'a özgü yerli sığır ırkları olan Menufi ve Saidi ile Fransız Tarentaise ırkı arasında elde edilen melezlerin

(Bal-Tar) genetik varyasyonu ve populasyon yapısı mikrosatellit belirteçleri kullanılarak incelenmiştir. Araştırma kapsamında, genetik açıdan akrabalık ilişkisi bulunmayan 97 baş sığırdan kan örnekleri alınmıştır. İzole edilen genomik DNA'nın saflığı Eppendorf biyofotometre ile spektrofotometrik olarak değerlendirildikten sonra analizlerde sekiz mikrosatellit lokusu (ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, SPS115, TGLA53 ve TGLA126) kullanılmıştır. Mikrosatellit analizleri, incelenen üç populasyonun tamamında belirgin düzeyde polimorfizm ve bireyler arasında yüksek genetik çeşitlilik bulunduğunu göstermiştir. En yüksek allel sayısı TGLA53 lokusunda (16), en düşük ise SPS115 lokusunda (6) tespit edilmiştir. Irklar arasında en fazla toplam allel sayısının Bal-Tar melezi için rapor edilmesi, melez populasyonda artan genetik çeşitliliğe işaret etmektedir. Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değerleri, belirteçlerin yüksek allelik çeşitlilik taşıdığını ortaya koymuş; sekiz lokusun yedisinde PIC değerinin 0.5'in üzerinde olduğu belirlenmiştir. TGLA53 lokusu için PIC değerleri Saidi'de 0.898, Menufi'de 0.866 ve Bal-Tar melezi için 0.873 olarak hesaplanmıştır. Populasyon genelinde beklenen heterozigotluk ortalaması 0.75 olarak belirlenirken, Bal-Tar melezinde beklenen heterozigotluk 0.77 ve gözlenen heterozigotluk 0.86 olarak saptanmıştır. Bu yüksek değerlerin, F₁ melezlerinde görülen rekombinasyonun bir sonucu olduğu ifade edilmiştir. Hardy-Weinberg dengesinden sapma iki Mısır populasyonunda anlamlı bulunurken, Bal-Tar melezinde anlamlı bir sapma tespit edilmemiştir. Yerli ırklarda ortalama heterozigotluk değerinin Saidi'de (0.72), Menufi'ye (0.62) kıyasla daha yüksek olduğu belirlenmiş; Menufi populasyonunun incelenen gruplar arasında en düşük genetik çeşitliliğe ve en yüksek akraba çiftleşme katsayısına sahip olduğu ortaya konmuştur. Sonuç olarak, kullanılan SSR markerları ile Mısır yerli sığır populasyonları ve melez bireyler üzerinde gerçekleştirilen analizler, gruplar arasında yüksek düzeyde genetik varyasyon bulunduğunu göstermiştir. Bulgular, iki Mısır ırkı ile Fransız Tarentaise ırkı arasında gerçekleştirilen melezlemelerin hem coğrafi farklılıklar hem de melezleme süreçleri doğrultusunda populasyonların genetik olarak ayırt edilebilir hale gelmesine katkı sağladığını ortaya koymakta; bu durum ilgili populasyonların genetik yapısının belirlenmesi ve korunmasına yönelik çalışmalar için önemli bir bilimsel temel oluşturmaktadır.

Akay vd. (2020) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, yerli ırklarımızdan Güney Karaman koyununun genetik çeşitliliğinin mikrosatellit yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında Konya’da bulunan Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü’nden temin edilen 119 baş Güney Karaman koyunundan kan örnekleri alınmıştır. DNA izolasyonunun ardından analizlerde toplam 16 mikrosatellit primeri kullanılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, incelenen 16 mikrosatellit lokusunda toplam 277 farklı alel belirlenmiş; ortalama alel sayısı 17.31 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigotluk değeri 0.81, polimorfik bilgi içeriği (PIC) ise 0.82 olarak bulunmuştur. Bu değerler, çalışılan populasyonun yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip olduğunu göstermektedir. Uygulanan 16 mikrosatellit markerın 10’unda bireyler arasındaki ortalama akrabalık katsayısı 0.042 olarak hesaplanmış ve bu düşük akrabalık düzeyinin populasyonun genetik sağlığının korunması açısından olumlu bir gösterge olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar, elde edilen bulguların Güney Karaman koyununun korunmasına yönelik genetik yönetim stratejilerinin geliştirilmesine katkı sağlayabileceğini vurgulamıştır. Genel olarak çalışma, mikrosatellit markerlarının yerli koyun ırklarında genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde etkili ve güvenilir moleküler araçlar olduğunu ortaya koymuştur.

Kurar vd. (2012) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Kangal Akkaraman koyun ırkında genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve ebeveyn seçimi olasılığının mikrosatellit belirteçleri aracılığıyla değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında, aralarında akrabalık ilişkisi bulunduğu düşünülen 13 koçtan kan örnekleri alınmış ve toplam 20 mikrosatellit lokusu kullanılarak PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile hedef genomik bölgeler çoğaltılmıştır. Analizler sonucunda toplam 99 farklı alel tespit edilmiş ve lokus başına düşen alel sayısının 1 ile 8 arasında değiştiği belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk değerleri 0.000-0.871, gözlenen heterozigotluk değerleri ise 0.000-0.923 aralığında bulunmuş; polimorfik bilgi içeriği (PIC) değerlerinin 0.000-0.818 arasında değiştiği saptanmıştır. Uygulanan 20 lokus için toplam dışlama gücü 0.999975 olarak hesaplanmıştır. Bununla birlikte, ebeveynlik testlerinde kullanılabilecek 12 bilgilendirici lokustan oluşturulacak bir DNA panelinin toplam dışlama gücünün 0.999828 olacağı belirtilmiştir. Araştırmacılar, bu yüksek dışlama gücünün Kangal Akkaraman koyunu sürülerinde yürütülecek ıslah programlarında

ebeveyn seçiminin doğruluğunu ve etkinliğini önemli ölçüde artırabileceğini ifade etmişlerdir.

Cemal vd. (2024) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, yerli ırklarımızdan Kıl keçisinin genetik çeşitliliği ve populasyon yapısı mikrosatellit DNA belirteçleri kullanılarak değerlendirilmiştir. Araştırma kapsamında Aydın ve Denizli illerinden toplam 411 baş Kıl keçisine ait kan örnekleri toplanmış ve DNA izolasyonunun ardından analizlerde 18 mikrosatellit primeri kullanılmıştır. Elde edilen bulgulara göre, incelenen 18 mikrosatellit lokusunda toplam 341 farklı alel tespit edilmiştir. En yüksek alel sayısı (26) ve en yüksek etkili alel sayısı (10.18) INRA005 ve HSC lokuslarında belirlenmiştir. Populasyonda hesaplanan beklenen heterozigotluk değerinin (0.83), gözlenen ortalama heterozigotluk değerinden (0.73) yüksek olması, populasyonda belirli düzeyde heterozigotluk kaybı olabileceğine işaret etmektedir. Faktöriyel ilişki analizi, populasyondaki bireyleri iki ana gruba ayırmış ve bu gruplar arasında genetik karışımın varlığını ortaya koymuştur. Ayrıca yapı (STRUCTURE) analizi, Kıl keçisi populasyonunun üç ana genetik kaynaktan oluştuğunu ve üçüncü grupta gözlenen bireysel karışımın bu genetik yapıyı desteklediğini göstermiştir. Genel olarak çalışma, kullanılan mikrosatellit belirteçlerinin yüksek polimorfizm düzeyine sahip olduğunu ve yerli Kıl keçisi populasyonlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde etkili ve güvenilir bir araç olarak kullanılabileceğini ortaya koymaktadır.

Karaca vd. (2024) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, yerli ırklarımızdan Kıl keçisi populasyonlarında ebeveyn seçimi amacıyla mikrosatellit tabanlı babalık test panellerinin geliştirilmesi hedeflenmiştir. Araştırma kapsamında Aydın ve Denizli bölgelerinden 247 Kıl keçisinden alınan kan örnekleri analiz edilmiş ve DNA izolasyonunun ardından toplam 18 mikrosatellit primeri kullanılmıştır. İncelenen 18 mikrosatellit lokusunda toplam 306 farklı alel tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.72-0.92, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.39-0.95 aralığında değişmesi, populasyonda geniş bir genetik varyasyon bulunduğunu göstermektedir. Ebeveynlik (babalık) testi için geliştirilen panellerde bireysel dışlanma olasılığı 0.316-0.719, birleşik dışlanma olasılığı ise 0.7188-0.9999 arasında hesaplanmıştır. Özellikle Panel-7 ve sonraki panellerin birleşik dışlanma değerlerinin

literatürde kabul edilen eşik değerin üzerinde olması, bu panellerin yüksek ayırt edicilik gücüne sahip olduğunu ortaya koymuştur. Araştırmacılar, Panel-7 ve Panel-8'in daha az sayıda mikrosatellit marker kullanmasına rağmen yerli Kıl keçisi ırkında babalık tayini için uygun maliyetli ve pratik bir seçenek sunduğunu vurgulamıştır. Ayrıca bu yaklaşımın, geleneksel yöntemlerden biri olan elle çiftleşme uygulamalarında ebeveyn seçiminin doğruluğunu artırarak önemli bir avantaj sağlayabileceği ifade edilmiştir.

Dako vd. (2025) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Endonezya'nın Gorontalo bölgesindeki üç farklı lokasyondan elde edilen yerli Diiti sığırlarının genetik durumunun mikrosatellit yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmada söz konusu lokasyonlardan alınan 117 bireye ait kan örnekleri kullanılmış ve DNA izolasyonunun ardından popülasyondaki sığırlar üç mikrosatellit primeri (ILSTS017, HEL13 ve BM1818) ile analiz edilmiştir. Elde edilen bulgular, tüm mikrosatellit lokuslarının popülasyon içinde yüksek düzeyde polimorfizm sergilediğini ve bu üç lokusta toplam 26 farklı alelin tanımlandığını göstermiştir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri sırasıyla ILSTS017 için 0.686-0.512, HEL13 için 0.610-0.351 ve BM1818 için 0.818-0.721 olarak hesaplanmıştır. Heterozigotluk aralığının (0.351-0.721), popülasyondaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi açısından kabul edilebilir düzeyde olduğu belirtilmiştir. Polimorfik Bilgi İçeriği (PIC) değerleri ILSTS017 için 0.645, HEL13 için 0.540 ve BM1818 için 0.791 olarak belirlenmiş; bu sonuçlar kullanılan belirteçlerin yüksek bilgilendiriciliğe ve güçlü polimorfizm düzeyine sahip olduğunu ortaya koymuştur. Araştırma sonuçları, mikrosatellit markerlarının Gorontalo yerel sığır popülasyonunun genetik çeşitliliğinin analizinde etkili bir araç olduğunu göstermektedir. Elde edilen verilerin, bölge için önemli bir genetik kaynak olarak kabul edilen Diiti sığırlarının korunması ve geliştirilmesine yönelik gelecekteki çalışmalar için temel bir genetik veri altyapısı sağlayabileceği vurgulanmıştır.

Ünlüsoy (2022) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Türkiye'de Holstein inek popülasyonlarının tohumlanmasında kullanılan ithal damızlık Holstein boğalarının genetik çeşitliliğin azalmasına ve genetik sürüklenmeye bağlı darboğaz etkisine katkı düzeyi mikrosatellit markerları aracılığıyla değerlendirilmiştir. Araştırmada üç farklı coğrafi bölgeden temin edilen toplam 300 Holstein boğasına ait sperma örnekleri kullanılmıştır. DNA izolasyonunun ardından 10 mikrosatellit lokusu analiz edilmiş ve

değerlendirmeler SMM (Stepwise Mutation Model) ile TPM (Two-Phase Model) mutasyon modellerine göre gerçekleştirilmiştir. TPM modeline göre beklenen heterozigotluk değerleri 0.811-0.314, gözlenen heterozigotluk değerleri ise 0.855-0.378 aralığında belirlenmiştir. SMM modelinde ise beklenen heterozigotluk 0.453-0.099, gözlenen heterozigotluk değerleri 0.868-0.421 arasında değişmiştir. Heterozigotluk fazlalığı TPM modeline göre 10 lokusun tamamında, SMM modeline göre ise yalnızca iki lokusta gözlenmiş ve bu bulgu istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur. Araştırmacılar, elde edilen verilerin farklı coğrafyalardan getirilen Holstein boğalarının geçmişte genetik bir darboğaz etkisine maruz kaldığını gösterdiğini ifade etmiştir. Ayrıca mod-kayması analizinde gözlenen normal L-şekilli dağılım, darboğaz etkisinin daha eski dönemlere dayandığını desteklemiştir.

3.2.6 SNP (Tek nükleotid polimorfizmi, Single nucleotide polymorphism)

SNP'ler (Tek nükleotid polimorfizmleri), ilk kez 1996 yılında tanımlanmış olup DNA dizisinde belirli bir lokusta meydana gelen tek bir nükleotid değişiminin neden olduğu polimorfizmi ifade etmektedir. Bir varyantın SNP olarak kabul edilebilmesi için popülasyonun en az %1'inde görülmesi gerekmektedir. SNP'ler; baz geçişleri, transversiyonlar, eklemeler ve delesyonlar gibi tek baz düzeyindeki değişimleri kapsamakta olup nadir nokta mutasyonlarından ayırt edilebilmeleri sayesinde genetik belirteç olarak önemli bir avantaj sağlamaktadır (Lander, 1996; Allemailem vd., 2021).

Günümüzde SNP belirteçleri, genomda yaklaşık 500-1000 baz çifti aralıklarla yüksek sıklıkta bulunmaları, genetik açıdan oldukça kararlı olmaları ve yüksek verimli otomasyon sistemleriyle uyumlu yapıları sayesinde yaygın olarak kullanılan genotipleme araçları hâline gelmiştir. SNP'ler, popülasyonlardaki genetik varyasyonun incelenmesinde ve türlerin evrimsel süreçlerinin anlaşılmasında önemli bir rol oynamaktadır (Zengin Sunay, 2010; Sönmezoğlu vd., 2010).

Günümüzde SNP analizlerinde endonükleaz sindirimi, DNA çip teknolojileri, alel-spesifik PCR, dinamik alel-spesifik hibridizasyon ve TaqMan tabanlı genotipleme gibi çeşitli modern moleküler teknikler yaygın olarak kullanılmaktadır (Zhao vd., 2018). SNP'ler, farklı türler ve ırklar arasındaki genetik çeşitliliğin araştırılmasında başarıyla

kullanılan önemli moleküler belirteçler arasında yer almaktadır. Diğer genetik markerlarla karşılaştırıldığında SNP'ler; genom boyunca geniş ve yoğun bir dağılım göstermeleri, yüksek genetik stabiliteye sahip olmaları, güçlü tekrarlanabilirlik sunmaları ve yüksek doğrulukla genotipleme imkânı sağlamaları gibi belirgin avantajlara sahiptir. Bu özellikleri sayesinde SNP'ler, hızlı ve yüksek verimli genotiplendirme çalışmalarının yürütülmesine olanak tanımaktadır. Ayrıca eş baskın (kodominant) kalıtım göstermeleri, heterozigot genotiplerin homozigot bireylerden güvenilir biçimde ayırt edilmesini mümkün kılmaktadır. Modern genomik uygulamalarda karşılaşılan temel zorluklardan biri, tüm genom dizilemesi sonucunda elde edilen büyük veri kümelerinin analizine yönelik yüksek verimli ve güvenilir biyoinformatik platformların geliştirilmesidir. Bu tür platformlar; çiftlik hayvanlarının genetik kaynaklarının korunması, hastalık direnci ile ilişkili genlerin belirlenmesi ve bu genlerin etkin biçimde kullanılmasına yönelik araştırmalar açısından kritik öneme sahiptir (Koopae vd., 2014).

SNP belirteçleri hayvan ıslahında, genetik çeşitlilik çalışmaları, akrabalık düzeyleri, genom haritasının çıkartılması, genetik markerlarının tespiti ve ebeveyn seçimi gibi birçok çalışmada kullanılmaktadır (Özşensoy ve Kurar, 2012). Bu çalışmalardan bazıları aşağıda sunulmuştur:

Karakaş (2017) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, iki farklı sığır ırkında süt ve üreme özellikleriyle ilişkilendirilen belirli SNP'lerin değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında Yerli Kara (n=80) ve Siyah Alaca (n=80) ırklarına ait bireylerden kan örnekleri alınmış, genomik DNA izole edilerek spektrofotometrik yöntemle saflığı belirlenmiştir. Çalışmada süt ve üreme özelliklerinde rol oynadığı bilinen 33 gen incelenmiş, bunlardan daha önce bu özelliklerle ilişkilendirilmiş olan 21 gen detaylı analizlere dahil edilmiştir. Her iki ırkta toplam 58 SNP lokusu genotiplendirilmiş; her bir SNP için alel ve genotip frekansları hesaplanmış ve ırklar arasındaki farklılıklar ki-kare testi ile istatistiksel olarak karşılaştırılmıştır. Sonuçlar, genotiplendirilen 58 SNP lokusunun 31'inin (%53,4) polimorfik olduğunu göstermiştir. Bu lokusların 21'inde alel ($\chi^2=6.635$) ve genotip ($\chi^2=9.210$) frekansları bakımından iki ırk arasında anlamlı farklılıklar tespit edilmiştir. Yerli Kara ve Siyah Alaca ırklarında belirlenen SNP'lerin sekizi süt verimiyle ilişkili CSN1S1, DGAT1,

CSN1S2, PRL, LALBA ve LTF genlerinde, üçü ise üreme ve büyüme ile ilişkili GH1, IGF1 ve LHCGR genlerinde yer almaktadır. En dikkat çekici farklılık, LHCGR genindeki rs41256848 kodlu SNP lokusunda gözlenmiştir. Yerli Kara ırkında tüm bireyler homozigot TT genotipine sahipken, Siyah Alaca ırkında TT (0.368), GG (0.132) ve GT (0.500) genotipleri belirlenmiştir. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) her iki ırk için 0.37 olarak hesaplanmıştır. Genotiplendirilen polimorfik lokuslar için Fis değerleri Yerli Kara'da 0.005, Siyah Alaca'da ise 0.009 olarak bulunmuş; gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerlerinin birbirine yakın olması, populasyonların genetik dengeye sahip olduğunu ve akrabalık düzeyinin düşük olduğunu göstermiştir. Araştırmacılar, ırklar arasındaki verim farklılıklarının incelenen genlerdeki polimorfizmlerden kaynaklanabileceğini ve daha önce çeşitli verim özellikleriyle ilişkilendirilmiş olan bu polimorfizmlerin elde edilen bulgularla kısmen doğrulandığını vurgulamıştır. Ayrıca SNP'lerin 31'inin polimorfik olması ve bunların 17'sinde genotip frekansları açısından farklılık tespit edilmesi, seçilen belirteçlerin ekonomik açıdan önemli özelliklerin genetik temellerinin anlaşılmasına katkı sağlayabileceğini ortaya koymuştur.

Kılıç (2018) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde yoğun olarak yetiştirilen İvesi koyun ırkının genotipik ve fenotipik özelliklerinin SNP yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında İvesi koyunlarından alınan kan örnekleri üzerinde GDF9 geninin ekzon 2 bölgesi incelenmiştir. Genomik DNA izolasyonunun ardından PCR reaksiyonlarında 20-30 ng DNA kullanılmış ve ilgili gen bölgesi (815 bp) primerler aracılığıyla çoğaltılmıştır. Analizler sonucunda GDF9 geninin ekzon 2 bölgesinde G/C (SNP1), G/A (SNP2), A/G (SNP3) ve T/C (SNP4) olmak üzere dört tek nükleotid polimorfizmi tespit edilmiştir. Ancak SNP2, SNP3 ve SNP4 genotipleri ile doğum ağırlığı arasında istatistiksel olarak anlamlı bir farklılık bulunmadığı belirlenmiştir. Araştırmacılar, yerli koyun ırklarında SNP varyasyonlarının araştırılmasının, GDF9 geninin ekonomik özelliklerle ilişkisinin ortaya konulması hâlinde bu özelliklerin iyileştirilmesine yönelik seleksiyon stratejilerine önemli katkılar sağlayabileceğini vurgulamıştır.

Berihulay vd., (2019) yaptıkları çalışmada Çin'de yetiştiriciliği yapılan keçi populasyonunun genetik çeşitliliği ve populasyon yapısını SNP yöntemiyle

belirlemeyi amaçlamıştır. Çalışmada altı yerli keçi ırkına ait toplam 193 bireyden kan örnekleri toplanmıştır. İzole edilen genomik DNA'lar, GeneSeek/Neogen firması tarafından Illumina Goat SNP 50K BeadChip platformu kullanılarak genotiplendirilmiştir. Yapılan analizler sonucunda toplam 47.401 otozomal SNP belirlenmiştir. Irklarda tespit edilen ortalama SNP oranı %84,7 olup, bu oran Luoping Yellow ırkında %69,5 ile en düşük, Jining Grey ırkında ise %93,9 ile en yüksek düzeyde bulunmuştur. Beklenen heterozigotluk (He) değerleri Luoping Yellow popülasyonunda 0,371, Jining Grey popülasyonunda ise 0,405 olarak hesaplanmıştır. Popülasyondaki keçiler arasındaki tahmini ortalama çift bazlı genetik farklılaşma %8,6 olup, değerlerin %0,2 ile %16 arasında değiştiği belirlenmiştir; bu bulgular popülasyonlar arasında düşük ila orta düzeyde genetik farklılaşma olduğunu göstermektedir. Elde edilen sonuçlar, çalışma kapsamındaki keçi popülasyonlarının değerli genetik bilgilere sahip olduğunu ortaya koymakta ve Çin'deki keçi genetik kaynaklarının sürdürülebilir yönetimi ve ıslah programlarının geliştirilmesi açısından önemli bir fırsat sunduğunu göstermektedir.

Gao vd. (2020) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Şangay bölgesinde yetiştirilen Chongming White keçi ırkının genetik çeşitliliğinin belirlenmesi ve dokuz farklı keçi ırkı ile karşılaştırılması SNP yöntemi kullanılarak amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında 100 keçiden alınan kan örnekleri havuzlama yöntemiyle tüm genom yeniden dizileme (14-20× derinlik) analizine tabi tutulmuştur. Genetik farklılıkların ortaya konulması için FST ve birleştirilmiş heterozigotluk (ZH_p) analizleri uygulanmıştır. Analizler sonucunda Chongming White keçi ırkında 23.503.551 tek nükleotid polimorfizmi (SNP) ve 2.830.800 indel (ekleme/silme mutasyonu) tespit edilmiştir. Diğer dokuz keçi ırkı ile karşılaştırıldığında, bu ırka özgü %1,2 oranında SNP (271.713) ve %0,9 oranında indel (24.843) belirlenmiştir. Filogenetik analizler, Chongming White ırkının Haimen keçisi ile en yakın genetik ilişkiye, Boer ırkı ile ise en uzak genetik ilişkiye sahip olduğunu göstermiştir. Ayrıca Chongming White ırkının 183 protein kodlayan gende özgün varyantlar taşıdığı ve bu genlerden 36'sının sinir sistemi, kısa boy, iskelet kası morfolojisi ve kulak yapısı gibi fenotipik özelliklerle ilişkili olduğu belirlenmiştir. Genom çapında FST ve birleştirilmiş heterozigotluk analizleri, Chongming White ile diğer dokuz keçi ırkı arasında ortak genlerin varlığını da ortaya koymuştur. Bu genler arasında sinir sistemi ile ilişkili DNAB13, UCP2,

ZMYND11, CEP126, SCAPER ve TSHR; büyüme ile ilişkili UCP2, UCP3, TSHR, FGFR1, ERLIN2 ve ZNF703; tüy rengi ile ilişkili KITLG, ASIP, AHCY, RALY ve MC1R genleri yer almaktadır. Araştırmacılar, elde edilen bulguların Chongming White keçi ırkının özellikle sinir sistemiyle ilişkili özellikler bakımından doğal veya yapay seçilim süreçleri sonucunda diğer keçi ırklarından genetik olarak farklılaşmış olabileceğini gösterdiğini vurgulamıştır. Çalışma ayrıca, tüm genom analizi yaklaşımının bu yerli ırkın genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi ve fenotipik özelliklerin ortaya konulması açısından önemli bir bilimsel temel sunduğunu ortaya koymuştur.

Demir (2023) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Türkiye’de yetiştirilen yerli sığır ırklarında genetik çeşitlilik ve seleksiyon izlerinin SNP yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında altı yerli ırk (Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), Yerli Kara (YK), Yerli Güney Sarısı (YGS), Güney Anadolu Kırmızısı (GAK), Zavot ve Boz) ile iki kültür ırkından (İsveç Esmeri ve Siyah Alaca) toplam 160 bireyden alınan kan örnekleri kullanılmıştır. İzole edilen genomik DNA’lar, 8 ng/μl’nin altında olacak şekilde ddRADseq yöntemi ile analiz edilmiştir. Analizler sonucunda sığır ırklarında toplam 1.786.253 SNP tespit edilmiş, bunlardan 211.119’unun belirlenen kalite kriterlerini karşıladığı belirlenmiştir. Sekiz ırk genelinde ortalama gözlenen heterozigotluk değeri 0.380 olarak hesaplanmış ve yerli ırklarda kültür ırklarına kıyasla daha yüksek genetik çeşitlilik bulunduğu gözlenmiştir. Yerli ırklar arasındaki genetik mesafenin genel olarak düşük olduğu, en yüksek genetik mesafe değerinin (0.064) Yerli Güney Sarısı ile İsveç Esmeri sığırları arasında olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca beklenen (0.456) ve gözlenen (0.400) heterozigotluk değerlerinin en yüksek olduğu ırkın Yerli Güney Sarısı olduğu belirlenmiştir. Araştırma bulguları, yerli sığır ırklarında seleksiyona uğramış gen sayısının YGS ve YK ırklarında 6, DAK ırkında ise 55 olmak üzere geniş bir aralıkta değiştiğini göstermiştir. Seleksiyondan etkilenen genlerin; üreme (CAMK4), büyüme ve gelişme (GDF11, GHR), ısı stresine tolerans (XCL1, PEX14, CORT), mikobakteriyel enfeksiyonlara karşı direnç (HEBP1, ST32B), paraziter hastalıklara dayanıklılık (DDX59, CAMSAP2), kanama bozukluklarına direnç (P2RY12) ve hematolojik kanserlerle ilişkili süreçler (AP4B1, BCL2L15, PHTF1) gibi çeşitli biyolojik işlevler ve çevresel adaptasyon mekanizmalarıyla bağlantılı olduğunu ortaya koymuştur. Elde edilen sonuçlar,

Türkiye'nin yerli sığır populasyonlarının önemli bir genetik çeşitlilik potansiyeline sahip olduğunu ve bu genetik kaynakların korunması ile etkin ıslah stratejilerinin geliştirilmesi açısından SNP tabanlı analizlerin güçlü bir bilimsel temel sunduğunu göstermektedir.

Aymaz vd. (2024) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, yedi farklı yerli koyun ırkında doğurganlıkla ilişkili genlerin moleküler karakterizasyonunun SNP yöntemi ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında İvesi, Karakaçan, Kıvırcık, Sakız, Karacabey Merinos, Gökçeada ve Çine Çaparı ırklarına ait toplam 311 koyun BMP15 gen bölgesi açısından incelenmiştir. Ayrıca bu populasyondan seçilen üç ırka (Karacabey Merinos, Kıvırcık ve Sakız) ait 260 bireyde GDF9 gen bölgesi de analiz edilmiştir. Genomik DNA izolasyonunun ardından PCR reaksiyonlarında 20-30 ng DNA kullanılmış ve primerler NCBI Primer-BLAST aracı ile doğrulanmıştır. Analiz sonuçlarına göre, BMP15 geninin ekzon bölgesinde biri eş anlamlı P248P (prolin/prolin), diğeri eş anlamlı olmayan L251P (lösin/prolin) olmak üzere iki varyant tespit edilmiştir. GDF9 geninde ise ekzon 1 bölgesinde eş anlamlı olmayan R87H (arginin/histidin) varyantı belirlenmiştir. Genin ikinci ekzonunda iki eş anlamlı olmayan [V332I (valin/izolösin) ve E241K (glutamat/lizin)] ile iki eş anlamlı [E326E (glutamat/glutamat) ve L159L (lösin/lösin)] olmak üzere toplam dört SNP tanımlanmıştır. V332I ve E326E varyantları bakımından heterozigotluk oranlarının Sakız koyunlarında 0.46 ile Kıvırcık (0.08) ve Karacabey Merinos (0.13) ırklarından daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu durum, Sakız ırkında gözlenen yüksek genetik çeşitlilik frekansının, bilinen yüksek doğurganlık özellikleri (ikizlik, üçüzlük vb.) ile ilişkili olabileceğini düşündürmektedir. Sonuç olarak, belirlenen SNP'lerin daha geniş populasyonlarda incelenmesi, doğurganlık özellikleri, yavru sayısı ve tekizlik-ikizlik oranları gibi parametrelerle ilişkilendirilmesi ve bu doğrultuda kapsamlı ilişki çalışmalarının yürütülmesi önerilmiştir.

Özdemir (2024) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Siyah Alaca sığır ırkında görülen metabolik hastalıklar ile tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) arasındaki olası ilişkilerin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu kapsamda, Siyah Alaca ırkına ait 1494 bireyden kan örnekleri toplanmış ve moleküler analizler için genomik DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. İzole edilen DNA örnekleri, her birinde 8.7 µL

hacimde 150 ng DNA olacak şekilde Affymetrix Thermo Fisher Axiom platformu kullanılarak değerlendirilmiştir. Uygulanan genotipleme ve kalite kontrol aşamalarının ardından analizlerde kullanılmak üzere toplam 31.944 SNP uygun bulunmuştur. SNP kalite kontrol ve imputasyon işlemleri, R programında statgenGWAS paketinin codeMarkers fonksiyonu kullanılarak gerçekleştirilmiştir. SNP'lerin istatistiksel anlamlılık düzeyleri Bonferroni ve False Discovery Rate (FDR) düzeltmeleri esas alınarak değerlendirilmiştir. Elde edilen bulgulara göre: Abomasum deplasmanı ile ilişkili olarak BTA1 ve BTA6 üzerinde toplam 15 SNP belirlenmiştir. Asidozis ile ilişkili SNP'ler BTA5, BTA6, BTA10, BTA13, BTA23 ve BTA29 kromozomlarında yer almakta olup toplam 13 SNP tespit edilmiştir. Ketozis ile ilişkili olarak BTA5, BTA11, BTA14, BTA19, BTA23 ve BTA24 üzerinde toplam 16 SNP tanımlanmıştır. Laminitis için BTA6, BTA20, BTA23, BTA25 ve BTA26 üzerinde 11 SNP saptanmıştır. Mastitis ile ilişkili varyantlar BTA4, BTA13, BTA15, BTA16, BTA17, BTA21 ve BTA24 üzerinde yer almakta ve toplam 15 SNP içermektedir. Metritis ile ilişkili olarak BTA7, BTA11 ve BTA28 üzerinde 3 SNP belirlenmiştir. Distosi ile ilişkili SNP'ler ise BTA3, BTA12, BTA15, BTA19 ve BTA27 kromozomlarında bulunmakta olup toplam 9 SNP tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda, Siyah Alaca sığır ırkında metabolik hastalıklara karşı dirençle ilişkili önemli SNP'lerin tanımlandığı bildirilmiştir. Araştırmacılar, bu varyantların genomik seleksiyon programlarında aday gen bölgeleri olarak değerlendirilebileceğini ve hastalıklara daha dirençli populasyonların geliştirilmesinde önemli bir potansiyel taşıdığını vurgulamışlardır.

Hasan (2025) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, İvesi koyunlarında süt verimi ve süt kalitesi ile ilişkili olduğu bilinen sitokin sinyal iletimini baskılayan SOCS2 geninde yer alan rs868996547 SNP'sinin varlığının belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırma kapsamında 210 İvesi koyununa ait süt verim kayıtları ve kan örnekleri toplanmıştır. Süt verimi Fleishman yöntemi kullanılarak Milkana Multi Test Air cihazı ile analiz edilmiş; kan örneklerinden elde edilen genomik DNA'nın saflığı ise 0.5-2 µL örnek hacminde spektrofotometrik olarak değerlendirilmiştir. SNP'nin doğrulanması amacıyla özel olarak tasarlanmış TaqMan genotipleme testi uygulanmıştır. Analizler sonucunda SOCS2 genine ait C/T, T/T ve C/C olmak üzere üç farklı genotip belirlenmiş ve mutasyona uğramış T allelinin varlığı doğrulanmıştır. Çalışmada süt

veriminin 0.091, yağ oranının 0.003 ve yağ/protein oranının 0.037 düzeyinde olduğu; ayrıca log10SCC (somatik hücre sayısı) değerinin $P<0.015$ düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğu tespit edilmiştir. Buna karşın mutant ve yabani tip genotiplere sahip bireyler arasında laktoz, protein ve toplam kuru madde oranları bakımından anlamlı bir farklılık bulunmamıştır ($P>0.05$). Öte yandan yaş ve paritenin süt verimi üzerinde önemli etkiler gösterdiği belirlenmiştir ($P<0.001$). Sonuç olarak, SOCS2 geninde üç farklı genotipin varlığı doğrulanmış; somatik hücre sayısı ve somatik hücre skoru gibi mastitis göstergelerinin süt verimi ve süt bileşimi üzerinde önemli etkilere sahip olduğu ortaya konulmuştur. Araştırmacılar ayrıca, SOCS2 genindeki rs868996547 SNP'sini taşıyan bireylerde süt ve yağ bileşenlerindeki artışın altında yatan biyolojik mekanizmanın daha kapsamlı çalışmalarla açıklığa kavuşturulması gerektiğini vurgulamıştır.

4. SONUÇ VE ÖNERİLER

Dünya nüfusunun 8 milyarın üzerine çıkması ve bu artışın hızlı şekilde devam etmesi, gelecekte gıda güvenliği ve gıda talebi üzerinde ciddi baskılar oluşturacaktır. Hayvansal kökenli gıdalar, içerdiği yüksek biyolojik değerli proteinler, vitaminler ve çeşitli besin bileşenleri nedeniyle insan beslenmesinde temel bir konuma sahiptir. Bu küresel stres koşulları göz önünde bulundurulduğunda, özellikle gelişmekte olan ülkelerde hayvansal üretim, nüfusun yeterli ve dengeli beslenmesi, sürdürülebilir bir geçim kaynağı sağlanması ve artan gıda ihtiyacının karşılanması açısından kritik önem taşımaktadır.

Bu nedenle, dünya genelinde hızla artan gıda talebine cevap verebilmek ve hayvansal üretimde sürdürülebilirliği sağlamak için genetik temelli ıslah stratejilerinin uygulanması kaçınılmaz hale gelmiştir. Bu noktada, moleküler belirteçler hayvan ıslahında genetik ilerlemeyi hızlandıran, doğruluk düzeyi yüksek ve gelecek vaat eden bir araç olarak öne çıkmaktadır.

Marker destekli seleksiyonun genomik temelli yaklaşımı, hayvan ırklarının belirli çevresel koşullara adaptasyonunun altında yatan genetik ve genomik mekanizmaların ortaya çıkarılmasında önemli bir potansiyel sunmaktadır. Moleküler belirteçler, hayvancılıkta genetik kaynakların korunması ve bu kaynakların doğru şekilde tanımlanması açısından kritik olup, küresel iklim değişikliği koşulları altında fenotipik ve genotipik verilerin birlikte değerlendirilmesine olanak sağlamaktadır. Bu bütüncül yaklaşım, yerel ırklarda yürütülen genetik iyileştirme programlarında adaptasyon kabiliyetinin korunmasını desteklerken, yüksek verimli endüstriyel ırklarda çevresel stres faktörlerine karşı adaptasyonun artırılması için yeni ve işlevsel moleküler araçların geliştirilmesine de zemin hazırlamaktadır.

Yaptığımız tez çalışmasında, moleküler destekli markerların hem geleneksel hem de modern ıslah yöntemleriyle entegre edilmesinin, hayvan ıslahında genetik çeşitliliğin korunması, verim ve kalite özelliklerinin geliştirilmesi ve hastalıklara karşı direnç sağlayan genlerin belirlenmesi açısından yenilikçi ve son derece umut verici bir yaklaşım olduğu ortaya konulmuştur. Bu çalışma kapsamında, hayvan ıslahında yaygın olarak kullanılan önemli moleküler ve DNA belirteçlerinin temel kavramları,

metodolojik yaklaşımları ve uygulama alanları ayrıntılı biçimde ele alınmıştır. Moleküler belirteç tekniklerinin genel prensipleri açıklanmış; belirteç uygulamalarına yönelik kritik kavramlar kapsamlı bir şekilde tartışılmıştır.

İncelenen araştırmalar, moleküler belirteçlerin hayvan ıslahı süreçlerinde çok sayıda avantaj sunduğunu ve seleksiyon programlarının etkinliğini artırmada önemli katkılar sağladığını göstermektedir. Bunlar;

- ✓ Zaman tasarrufu sağlaması
- ✓ Daha hassas ve daha doğru seçim yapılması
- ✓ Çevre koşullarından etkilenmeyen sonuçlar vermesi
- ✓ Özellikle çok sayıda genin kontrol ettiği karmaşık özelliklerde avantajlar sağlaması
- ✓ Hayvan ıslahında yeni çeşitlerin geliştirilme olanak sağlaması
- ✓ Birçok alanda (veterinerlik, su ürünleri, tıp vb.) entegre edilerek başarılar sağlanmasıdır.

Araştırmacılar tarafından daha önce yürütülen çalışmalar, çiftlik hayvanları genetiği alanında dikkate değer bilimsel ilerlemeler sağlamıştır. Bu araştırmalar, büyüme hızı, süt ve et verimi, yavru sayısı, genetik çeşitlilik ve genetik haritalama gibi birçok önemli özelliğin çok faktörlü yapıya sahip olduğunu hem genetik hem de çevresel etmenlerin bu özellikler üzerinde belirleyici rol oynadığını ortaya koymuştur. Ayrıca elde edilen bulgular, koyun, keçi ve sığır gibi çiftlik hayvanı popülasyonlarında seleksiyon yanıtını en üst düzeye çıkaracak yöntemlerin geliştirilmesine ve uygulanacak protokollerin oluşturulmasına önemli katkılar sunmuştur.

Bir moleküler belirtecin kullanılması, istenilen özelliklerin ortaya çıkmasında rol oynayan genomik bölgeleri taşıyan hayvanların seçimini ifade eden marker destekli seleksiyon kavramının temelini oluşturmaktadır. Marker destekli seleksiyonun, geleneksel ıslah yöntemlerine kıyasla seleksiyon hızını ve doğruluğunu artırması, bu yaklaşımı hayvansal biyoteknoloji alanında önemli bir dönüm noktası hâline getirmiştir.

Bir lokusta birden fazla genin tanımlanabilmesi, bu genlerin fonksiyonlarının belirlenmesi ve aralarındaki etkileşimlerin anlaşılması gibi faktörler, marker destekli seleksiyonun uygulama alanlarını daha da değerli kılan unsurlar arasında yer almaktadır. Bununla birlikte, ilgili belirteçlerin gerçek potansiyelinin ortaya çıkabilmesi için, yöntemlerin fizibilitesi göz önünde bulundurularak fenotipik seleksiyon ile uyumlu şekilde entegre edilebilecek stratejilerin geliştirilmesi gerekmektedir. Bu tür stratejiler, moleküler teknolojilerin sunduğu olanaklardan tam anlamıyla yararlanmak ve ıslah programlarının etkinliğini artırmak açısından kritik öneme sahiptir.



KAYNAKLAR

- Abaylı, F. N. (2018). Çiftlik hayvanlarında markör destekli seleksiyon. *Black Sea Journal of Agriculture*, 1(3), 94-101.
- Ajmone-Marsan, P., Negrini, R., Crepaldi, P., Milanesi, E., Gorni, C., Valentini, A., & Cicogna, M. (2001). Assessing genetic diversity in Italian goat populations using AFLP® markers. *Animal Genetics*, 32(5), 281-288.
- Akay, N., Canatan, T., Yılmaz, O., Ata, N., Karaca, O., & Cemal, İ. (2020). Yok olma tehlikesi altındaki Güney Karaman koyunlarda genetik çeşitlilik ve genetik darboğaz analizleri. *Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi*, 3(2), 143–154.
- Al-Barzinji, Y. M. S., & Othman, G. U. (2013). Genetic polymorphism in FecB gene in Iraqi sheep breeds using RFLP-PCR technique. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 2(4), 46-48.
- Al-Hadeithi, Z. S., & Jasim, S. A. (2021). Study of plant genetic variation through molecular markers: An overview. *J. Pharm. Res. Int*, 33(45B), 464-473.
- Alızadehasl, M., & Ünal, N. (2011). Some morphological traits of Kilis, Norduz and Honamlı indigenous goats breeds. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 51(2), 81-92.
- Allemailem, KS, Almatroudi, A., Alrumaihi, F., Almansour, NM, Aldakheel, FM, Rather, RA ve Rah, B. (2021). Prostat kanserinde tek nükleotid polimorfizmleri (SNP'ler): tanı ve tedavideki etkileri. *Amerikan translasyonel araştırma dergisi*, 13 (4), 3868.
- Alori, E. T., Dare, M. O., & Babalola, O. O. (2017). Microbial inoculants for soil quality and plant health. *Sustainable Agriculture Reviews*, 281-307
- Al-Samarai, F. R., & Al-Kazaz, A. A. (2015). Molecular markers: an introduction and applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*, 9(3), 118-130.
- Altıkat, A., Turan, T., Torun, F. E., & Bingöl, Z. (2009). Türkiye’de pestisit kullanımı ve çevreye olan etkileri. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 40(2), 87-92.
- Amie Marini, A. B., Aslinda, K., Mohd. Hifzan, R., Muhd. Faisal, A. B., & Musaddin, K. (2012). HaeIII-RFLP polymorphism of growth hormone gene in Savanna and Kalahari goats. *Malaysian Journal of Animal Science*, 15, 13-19.
- Amiteye, S. (2021). Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 7(10).
- Amom, T., & Nongdam, P. (2017). The use of molecular marker methods in plants: a review. *International Journal of Current Research and Review*, 9(17), 1-7.
- Anonim, 2023. <https://www.fao.org/faostat/en/#data> Erişim Tarihi: 07.07.2025.
- Anonim, 2024. <https://data.tuik.gov.tr/> Erişim Tarihi: 19.02.2026.

- Anonim 2025a. https://en.wikipedia.org/wiki/Cattle?utm_source=chatgpt.com Erişim Tarihi: 28.09.2025.
- Anonim, 2025b. <https://www.dicle.edu.tr/tr/birimler/saglik-bilimleri-uygulama-ve-arastirma-merkezi/sayfalar/cihazlarimiz-2389> Erişim Tarihi: 30.09.2025.
- Aydın, S. Ö. (2004). RAPD (Rastgele arttırılmış polimorfik DNA) belirleyicileri ve bitki sistematiği. *Journal of Science and Technology of Dumlupınar University*, (6), 113-130.
- Aymaz, R., Özdil, F., & Yaman, Y. (2024). Türkiye'nin bazı yerli koyun ırklarında doğurganlık ile ilgili gen Türkiye'nin bazı yerli koyun ırklarında doğurganlık ile ilgili gen bölgelerinin moleküler karakterizasyonu. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 48, 33-40.
- Baccouche, R., Bedhief, S., Jemmali, B., Sellami, S., & Tounsi, S. (2014). Study of the genetic diversity of the local cattle population in Tunisia by the AFLP method. *Journal of New Sciences*, 12, Article 4.
- Bal, O., & Akyüz, B. (2014). Halk elinde yetiştirilen Holştayn, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara sığır ırklarında diacylglycerol O-acyltransferase 1 (DGAT1) gen polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(1), 7-13.
- Balcıoğlu, M. S., Şahin, E., Karabağ, K., Karşlı, T., & Alkan, S. (2010). Türkiye yağlı kuyruklu koyun ırklarında DNA parmak izinin RAPD-PCR yöntemi kullanılarak saptanması. *Tarım Bilimleri Dergisi (Journal of Agricultural Sciences)*, 16(1), 55-61.
- Barıt, B., Cengiz, B. N., Belgemen, F., Has, B., Varalan, A., & Çevrimli, M. B. (2025). Türkiye’de planlamanın evrimi ve hayvancılık sektöründe planlamalar-ulaşılın hedefler. *Veteriner Farmakoloji ve Toksikoloji Derneği Bülteni*, 16(1), 9-21.
- Batu, A. (2024). Hayvan Besleme ve kesim Yöntemlerinin Etin Helallığı, Kalitesi ve İnsan Sağlığı Üzerine Etkileri. *Helal ve Etik Araştırmalar Dergisi*, 6(1), 22-43.
- Beltran, J. A., & Belles, M. (2019). Effect of freezing on the quality of meat. In *Encyclopedia of Food Security and Sustainability* (Vol. 2, pp. 493-497).
- Berihulay, H., Li, Y., Liu, X., Gebreselassie, G., Islam, R., Liu, W., Ma, Y. (2019). Genetic diversity and population structure in multiple Chinese goat populations using a SNP panel. *Animal Genetics*, 50(3), 242-249.
- Bitgood, J. J., & Shoffner, R. N. (1990). Cytology and cytogenetics. In *Developments in Animal and Veterinary Sciences* (Vol. 22).
- Blumenfeld, N. R., Bolene, M. A. E., Jaspan, M., Ayers, A. G., Zarrandikoetxea, S., Freudman, J., ... Sia, S. K. (2022). Multiplexed reverse-transcriptase quantitative polymerase chain reaction using plasmonic nanoparticles for point-of-care COVID-19 diagnosis. *Nature Nanotechnology*, 17(9), 984-992.
- Bognár, L., Körösi, Z. J., Anton, I., Bene, S., & Szabó, F. (2025). Different breeding values under uniform environmental condition for milk production yield traits in

- Holstein-Friesian cows. *Animals*, 15(1), 51.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32, 314-331.
- Bourdon, R. M. (2000). *Understanding animal breeding* (2nd ed.). Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall.
- Bulut, Z., Kurar, E., Özşensoy, Y. U. S. U. F., Altunok, V., & Nizamlioğlu, M. (2014). Usefulness of microsatellite DNA markers for parentage testing for some goat populations in Turkey Türkiye’de bulunan bazı keçi ırklarında mikrosatellit DNA markörlerinin kimliklendirme çalışmalarında kullanılabilirliğinin araştırılması. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 12.
- Cemal, İ., Ata, N., Yılmaz, O., & Karaca, O. (2024). Molecular assessment of genetic diversity and bottleneck in Hair goat reared in Türkiye. *Journal of Animal Production*, 65(1), 49-58.
- Coşkun, G., & Akyüz, B. (2016). Türkiye’de yetiştirilen bazı sığır ırklarında akirin 2 gen polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi. *Van Veterinary Journal*, 27(3), 123-127.
- Çakır, E. (2023). Molecular markers from past to present and their application areas. In V. Aydın (Ed.), *Regenerative Agriculture* (pp. 19-44). Ankara, Türkiye: Iksad Publishing House.
- Dako, S., Laya, N. K., Syahrudin, S., Ardiantoro, A., & Wulandari, D. (2025). Allele diversity of Diiti cattle using microsatellite loci. *Animal Production*, 27(2), 77-84.
- Daş, H. (2015). QTL tespiti için hayvanlarda kullanılan popülasyonlar ve istatistiksel metodlar. *Gümüşhane Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi*, 4(2), 270-291.
- Demir, A. (2013). Sürdürülebilir gelişmede yükselen değer: biyolojik çeşitlilik açısından Türkiye değerlendirmesi. *İstanbul Ticaret Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 12(24), 67-74.
- Demir, E. (2023). Türkiye yerli sığır ırklarında genetik çeşitlilik ve seleksiyon izlerinin yüksek yoğunlukta SNP verilerle değerlendirilmesi (Doktora tezi). Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya.
- Doğan, M., & Doğan, Ö. S. (2022). Türkiye’nin jeopolitiği. *Uluslararası Yönetim Akademisi Dergisi*, 5(2), 320-339.
- Doğruer, Y., Telli, A. E., Telli, N., & Biçer, Y. (2022). Dondurulmuş deniz ürünlerinde *Vibrio* spp.’nin ilmiğe dayalı izotermal amplifikasyon (loop mediated isothermal amplification, LAMP) yöntemiyle belirlenmesi. *Dicle Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 15(1), 14-19.
- Dokgöz, M. (2023). Osmaniye ilinde halk elinde yetiştirilen İvesi ve Akkaraman koyunlarında kalpastatin gen polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi (Yüksek lisans tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü,

Adana.

- Elmacı, C., Öner, Y., Özış, S., & Tuncel, E. (2007). RAPD analysis of DNA polymorphism in Turkish sheep breeds. *Biochemical Genetics*, 45(9-10), 691-696.
- Ergün, O. F., & Bayram, B. (2021). Türkiye'de hayvancılık sektöründe yaşanan değişimler. *Bahri Dağdaş Hayvancılık Araştırma Dergisi*, 10(2), 158-175.
- Eriş, C., & Elmacı, C. (2022). Türkiye'de yetiştirilen Pekin ördeklerinde büyüme hormonu geni polimorfizmi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(4), 798-806.
- Faid-Allah, E., Ghoneim, E., Elbetagy, A. R., & El-Dabour, M. (2018). Genetic diversity and structure of native Egyptian cattle populations and French-Egyptian cross via DNA-microsatellite. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner*, 23(1), 1-10.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Harlow, UK: Longman.
- Farrar, J. S., & Wittwer, C. T. (2015). Extreme PCR: Efficient and specific DNA amplification in 15-60 seconds. *Clinical Chemistry*, 61(1), 145-153.
- Gao, J., Lyu, Y., Zhang, D., Reddi, K. K., Sun, F., Yi, J., Xu, F. (2020). Genomic characteristics and selection signatures in indigenous Chongming white goat (*Capra hircus*). *Frontiers in Genetics*, 11, 901.
- Guan, F., Jin, Y. T., Zhao, J., Xu, A. C., & Luo, Y. Y. (2018). A PCR method that can be further developed into PCR-RFLP assay for eight animal species identification. *Journal of Analytical Methods in Chemistry*, 2018, Article 5890140.
- Güneren, G., Akyüz, B., & Ertuğrul, O. (2010). Use of RAPD-PCR for genetic analyses on the native cattle breeds in Turkey. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 57(3), 167-172.
- Gürbüz, İ. B., & Özkan, G. (2019, October). Hayvancılığın geleceğine eleştirel bir bakış: Geleneksel ve modern hayvancılığın karbon ayak izi karşılaştırması. In XIII International Balkan and Near Eastern Congress Series on Economics, Business and Management (pp. 5-6). Tekirdağ, Türkiye.
- Gürer, B. (2021). Türkiye’de nüfusun yeterli ve dengeli beslenmesi açısından hayvansal gıda arz ve talebinin değerlendirilmesi. *Gıda*, 46(6), 1450-1466.
- Gürses, M., & Bayraktar, M. (2014). Moleküler markerlerin hayvan yetiştiriciliği ve genetiğinde kullanımı. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Veteriner Dergisi*, 28(2), 99-106.
- Hailu, G., & Asfere, Y. (2020). The role of molecular markers in crop improvement and plant breeding programs. *Agricultural Journal*, 15, 171-175.
- Hasan, N. (2025). Association of SNP in SOCS2 gene with milk composition, quality, and somatic cell count in Awassi sheep (Doktora tezi). Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Niğde.

- Hassan, Z., & Khan, G. (2024). PCR-based techniques. In *Molecular techniques for studying viruses: Practical notes* (pp. 25-31). Singapore: Springer Nature Singapore.
- He, G., Meng, R., Newman, M., Gao, G., Pittman, R. N., & Prakash, C. (2003). Microsatellites as DNA markers in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). *BMC Plant Biology*, 3(1), Article 3.
- Hoda, A., Ajmone-Marsan, P., Hyka, G., & European Consortium. (2010). Genetic diversity in Albanian sheep breeds estimated by AFLP markers. *Albanian Journal of Agricultural Sciences*, 9(2), 23-29.
- Hoda, A., Sena, L., & Hykaj, G. (2012). Genetic diversity revealed by AFLP markers in Albanian goat breeds. *Archives of Biological Sciences*, 64(2), 799-807.
- Idrees, M., & Irshad, M. (2014). Molecular markers in plants for analysis of genetic diversity: A review. *European Academic Research*, 2(1), 1513-1540.
- İbiş, M., & Ağaoğlu, A. R. (2016). Koyun ve keçilerde üremenin senkronizasyonu. *Veterinary Journal of Mehmet Akif Ersoy University*, 1(2), 47-53.
- İlhan, F. (2024). Determination of CAST/MspI polymorphism in cattle by PCR-RFLP method. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 38(2), 231-236.
- Jajoriya, R., Sharma, R., Meena, V. K., Vadithya, A. S., Singh, K., Kumar, P., Nathawat, T. S. (2025). Emergence of molecular marker from RFLP to SNP: A review. *Plant Archives*, 25(1), 2062-2074.
- Jalali, S. M., Khaki, Z., Kazemi, B., Rahbari, S., Shayan, P., Bandehpour, M., & Yasini, S. P. (2014). Molecular detection and identification of *Theileria* species by PCR-RFLP method in sheep from Ahvaz, southern Iran. *Iranian Journal of Parasitology*, 9(1), 99-104.
- Kaba, H., & Çanakcı, M. (2020). Geleneksel ve modern büyükbaş hayvancılık işletmelerinin tarımsal yapı ve mekanizasyon özelliklerinin kıyaslanması: Çankırı ili örneği. *ÇOMÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 8(2), 367-378.
- Kabasakal, A. (2014). Boz ırk sığırlarda süt ve et verimi ile ilişkili genlerin analizi (Doktora tezi). Balıkesir Üniversitesi, Balıkesir.
- Kahya, S., Büyükcangaz, E., & Carlı, K. T. (2013). Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) optimizasyonu. *Uludağ Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 32(1), 31-38.
- Karaca, O., Yılmaz, O., Ata, N., Sevim, S., & Cemal, İ. (2024). Accuracy in pedigree records in Hair goats: New microsatellite-based paternity test panels. *Journal of Animal Production*, 65(2), 100-108.
- Karakaş, V. (2017). Bazı süt ve üreme özellikleri ile ilişkilendirilmiş belirli SNP'lerin iki farklı sığır ırkı için değerlendirilmesi (Doktora tezi). Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü, Ankara.
- Karakuş, K. (2011). Türkiye'nin canlı hayvan ve kırmızı et ithaline genel bir bakış. *İğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 1(1), 75-79.

- Karunanathie, H., Kee, P. S., Ng, S. F., Kennedy, M. A., & Chua, E. W. (2022). PCR enhancers: Types, mechanisms, and applications in long-range PCR. *Biochimie*, 197, 130-143.
- Kavuzkoz, M. (2025). Sakız ırkı koyunlarından FSHR, LH β ve GPR54 gen mutasyonlarının PCR-RFLP yöntemi ile araştırılması (Yüksek lisans tezi). Ahi Evran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kırşehir.
- Kaymakçı, M., & Taşkın, T. (2008). Türkiye koyuncululuğunda melezleme çalışmaları. *Journal of Animal Production*, 49(2), 1-8.
- Kepezkaya, A., Boğa, Y. E., & Çimen, Ö. (2024). Çiftlik hayvanlarında markör destekli seleksiyon uygulamaları. *MAS Journal of Applied Sciences*, 9(3), 627-635.
- Keskin, M., Gül, S., Biçer, O., & Gündüz, Z. (2017). Kıl keçisi yetiştiriciliğinin organik üretim bakımından uygunluğu. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 5(13), 1700-1704.
- Khaleghzadegan, A., Hosseini Moghaddam, S. H., Vahidi, S. M. F., Dalirsefat, S. B., & Zare, H. (2010). Assessing genetic diversity in eight indigenous Iranian sheep breeds (*Ovis aries*) using AFLP markers. *Iranian Journal of Animal Science Research*, 2(2), 171-178.
- Khalil, A. M. (2025). Traditional strategies and cutting-edge technologies used for animal breeding: A comprehensive review. *Sustainable Food Connect*, 1(1), 1-10.
- Khlestkina, E. K. (2014). Molecular markers in genetic studies and breeding. *Russian Journal of Genetics: Applied Research*, 4(3), 236-244.
- Kılıç, N. (2018). İvesi koyunlarında doğum ağırlığı üzerine GDF9 geni tek nükleotid polimorfizmlerin (SNP) etkisinin araştırılması (Yüksek lisans tezi). Harran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Şanlıurfa.
- Kibar, M., & Aytekin, İ. (2021, November). Siyah Alaca süt sığırlarında FGF-2 geni CSP6I polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi. *Conference on Animal Genetics*, Turkey.
- Koopae, H. K., & Koshkoiyeh, A. E. (2014). SNP genotyping technologies and their applications in farm animals breeding programs. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 57, 87-95.
- Koyuncu, M., & Akgün, H. (2018). Çiftlik hayvanları ve küresel iklim değişikliği arasındaki etkileşim. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 32(1), 151-164.
- Kurar, E., Bulut, Z., Çağlayan, T., Garip, M., Yılmaz, A., & Nizamoğlu, M. (2012). Kangal Akkaraman koçlarında genetik çeşitlilik ve ebeveyn testinin uygulanabilirliğinin mikrosatellit belirteçler kullanılarak araştırılması. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 18(6), 963-969.
- Lander, E. S. (1996). The new genomics: Global views of biology. *Science*, 274(5287),

536-539.

- Liehr, T. (2021). Molecular cytogenetics in the era of chromosomics and cytogenomic approaches. *Frontiers in Genetics*, 12, Article 720507.
- Liu, Y. L., Cheng, M., Jiang, M. F., Wang, Y., Wang, J., & Fu, X. H. (2014). Genetic diversity analysis of eight indigenous goat breeds (groups) in China using AFLP markers. *Russian Journal of Genetics*, 50(12), 1294-1301.
- Liu, Z. (2007). Randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). In Z. Liu (Ed.), *Aquaculture genome technologies* (pp. 21-28). Blackwell Publishing.
- Mahfouz, E. R., Othman, O. E., El Nahas, S. M., & El Barody, M. A. (2008). Genetic variation between some Egyptian sheep breeds using RAPD-PCR. *Research Journal of Cell and Molecular Biology*, 2(2), 46-52.
- Malik, M. H., Moaen-ud-Din, M., Bilal, G., Raja, G. K., Saeed, S., Asad, M. J., Muner, R. D. (2022). The use of AFLP-PCR markers to discriminate between Red Sindhi and crossbred dairy cattle of Pakistan. *Journal of Animal and Plant Sciences*, 32(1).
- Mirhoseini, S. Z., Badbarin, N., & Khaleghzadegan, A. (2012). An AFLP male-specific marker detected in 15 Iranian sheep and goats populations. *Life Science Journal*, 9(3), 2048-2052.
- Nandar, Y. M., Duangmano, S., Luck Siri, A., Sirikul, C., Palacajornsuk, P., & Anukul, N. (2022). Introduction of a novel alternative pipeline using multiplex fast COLD-PCR coupled with a sequencing approach emphasizing pharmacoeconomics via detection of CYP variants. *Biomedical Reports*, 17(6), Article 99.
- Negrini, R., Nijman, I. J., Milanese, E., Moazami-Goudarzi, K., Williams, J. L., Erhardt, G., ... Lenstra, J. A. (2007). Differentiation of European cattle by AFLP fingerprinting. *Animal Genetics*, 38(1), 60-66.
- Nicholas, F. W. (2010). *Introduction to veterinary genetics* (3rd ed.). Oxford, UK: Wiley-Blackwell.
- Norrman, K. E. (2023). World population growth: A once and future global concern. *World*, 4(4), 684-697.
- Onuk, E. E., İnat, G., Fındık, A., Çelikel, İ. Ü., & Çiftci, A. (2010). Sığır karkas orijinli *Escherichia coli* O157 izolatlarının rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA-polimeraz zincir reaksiyonu ile genotiplendirilmesi. *Etlik Veteriner Mikrobiyoloji Dergisi*, 21(2), 79-84.
- Öner, Y. (2010). Türkiye koyun ırklarındaki genetik çeşitliliğin mtDNA ve Y kromozomal belirteçleri kullanılarak belirlenmesi (Doktora tezi). Uludağ Üniversitesi, Bursa.
- Öz, M. H., & Aslantaş, R. (2015). Doğu Anadolu bölgesi armut genotiplerinin morfolojik karakterizasyonu. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 46(2), 93-106.

- Özdemir, A. (2024). Siyah Alaca ırkı süt sığırlarında metabolik hastalıklar ile ilişkili SNP bölgelerinin belirlenmesi (Doktora tezi). Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Özdemir, M., & Doğru, Ü. (2008). Sığırların verim özellikleri üzerine etkili önemli moleküler markörler. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 39(1), 127–135.
- Özkan, H., & Yakan, A. (2017). Hayvan yetiştiriciliğinde genomik seleksiyon: Dünü, bugünü. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 57(2), 112-117.
- Özmen, M. F., & Cirit, Ü. (2020). İvesi koyunlarında servikal mukus miktarı ile fertilité arasındaki ilişki (Relationship between the amount of cervical mucus and fertility in Awassi sheep). *Dicle Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 13(2), 83-86.
- Özşensoy, Y., & Kurar, E. (2012). Markör sistemleri ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanımları. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 10(2), 13-21.
- Paraguison-Alili, R., Cacho-Rubia, R. G., Flores, E. B., & Mingala, C. N. (2024). Cross-species genetic marker adaptation: Enhancing genetic defect screening in water buffaloes using cattle genetic markers. *Animals*, 14(5), Article 742.
- Pekcan, M., Nalbantoğlu, S., Fidancı, U. R., & Sel, T. (2013). Türkiye’de *Theileria annulata* suşlarının karakterizasyonu ve tür identifikasyonunda glukoz fosfat izomeraz izoenzim elektroforezi. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 19(2), 231-236.
- Popova, J., Bets, V., & Kozhevnikova, E. (2023). Perspectives in genome-editing techniques for livestock. *Animals*, 13(6), Article 1012.
- Rehman, M. S. U., Hassan, F. U., & Khan, M. S. (2023). Phylogenetic relationship among indigenous cattle breeds of Pakistan based on RAPD markers. *Pakistan Journal of Zoology*, 55(2), 915-922.
- Reshma, R. S., & Das, D. N. (2021). Molecular markers and its application in animal breeding. In M. D. Kumar (Ed.), *Advances in animal genomics* (pp. 123-140). Academic Press.
- Saraçoğlu, M., Kiraz, Ö. Ü., & Kırar, N. (2020). Keçilerde morfolojik özellikler. In 8. Uluslararası Bilimsel Araştırmalar Kongresi - Fen ve Mühendislik Bilimleri (p. 49).
- Say, E., & Altun, E. (2021). Sığırlarda genomik seleksiyon. *International Journal of Eastern Mediterranean Agricultural Research*, 4(1), 60-67.
- Singh, Y., Anand, K. J., Singh, M., Ambawat, S., & Tiwari, G. (2023). Recent developments in PCR technology. *Biological Sciences*, 77, 79-86.
- Sönmezoğlu, Ö. A., Yıldırım, A., & Güleç, T. E. (2010). Tek nükleotid farklılıkları (SNP) ve buğdayda kullanımı. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(2), 55-66.

- Stefańska, I., Kwiecień, E., Górczyńska, M., Sałamaszyńska-Guz, A., & Rzewuska, M. (2022). RAPD-PCR-based fingerprinting method as a tool for epidemiological analysis of *Trueperella pyogenes* infections. *Pathogens*, 11(5), Article 562.
- Stres, B. (2006). The first decade of terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP) in microbial ecology. *Acta Agriculturae Slovenica*, 88(2), 65-73.
- Şafak, Z., Sağlam, M., & Özkul, B. Y. (2024). Nükleik asit temelli moleküler yöntemler: Köpeklerde genetik markerlar. *Journal of Turkish Veterinary Medical Society*, 95(1), 83-95.
- Tariq, M. M., Bajwa, M. A., Jawasreh, K., Awan, M. A., Abbas, F., Waheed, A., Bukhari, F. A. (2012). Characterization of four indigenous sheep breeds of Balochistan, Pakistan by random amplified polymorphic DNAs. *African Journal of Biotechnology*, 11(10), 2581-2586.
- Teneva, A., & Dimitrova, I. (2021). Application of DNA markers for the assessment and characterization of genetic resources in sheep breeding. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 27(6), 1238-1247.
- Thakur, M. S. (2022). Basic animal breeding methods. In *Animal husbandry*. London: IntechOpen.
- Tufan, E., & Aslan, Ö. (2009). Doğal akut babesiosisli koyunlarda bazı kan parametrelerinin belirlenmesi. *Sağlık Bilimleri Dergisi*, 18(1), 33-37.
- Turan, Z., Şanver, D., & Öztürk, K. (2017). Türkiye’de hayvancılık sektöründen süt inekçiliğinin önemi ve yurtiçi hasılaya katkısı ve de dış ülkelerle karşılaştırılması. *Ömer Halisdemir Üniversitesi İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi Dergisi*, 10(3), 60-74.
- Tüten Sevim, E., & Arat, S. (2018). Klon hayvanların mtDNA analizlerinde farklı yöntemler ve bunların sonuçlarının karşılaştırılması. *Academia Journal of Engineering and Applied Sciences*, ICAE 2018 Special Issue, 121-127.
- Ünlüsoy, İ. (2022). Türkiye’de damızlık olarak kullanılan siyah alaca (holstein) ırkı boğalarda gözlenen genetik darboğaz. *Osmaniye Korkut Ata Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 5(3), 1647-1655.
- Üstün, M. F., & Koyun, H. (2023). Genetik belirteçler ve hayvan yetiştiriciliğinde uygulamaları. *Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi*, 7(2), 166-184.
- Vajed Ebrahimi, M. T., Mohammadabadi, M., & Esmailizadeh, A. (2017). Using microsatellite markers to analyze genetic diversity in 14 sheep types in Iran. *Archives of Animal Breeding*, 60(3), 183-189.
- Van Vleck, L. D., Pollak, E. J., & Oltenacu, P. A. (1987). *Genetics for the animal sciences*. New York, NY: W. H. Freeman.
- Varışlı, Ö. (2019). Koyun ve keçilerde süperovulasyon. *Türkiye Klinikleri Reproduction and Artificial Insemination - Special Topics*, 5(1), 6-11.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Van de Lee, T., Hornes, M., Friters, A.,

- Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M., & Zabeau, M. (1995). AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23(21), 4407-4414.
- Vural, E. (2014). Zom koyunlarının RAPD-PCR metodu ile moleküler genetik analizi (Yüksek lisans tezi). Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Van.
- Yağcı, S. (2010). Üç farklı keçi popülasyonunda α -S1 kazein (CSN1S1) polimorfizminin PCR-RFLP ile belirlenmesi (Yüksek lisans tezi). Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kahramanmaraş.
- Yakan, A., Ünal, N., & Taşkın, D. (2012). Ankara şartlarında Akkaraman, İvesi ve Kıvırcık ırklarında döl verimi, büyüme ve yaşama gücü. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*.
- Yang, W., Kang, X., Yang, Q., Lin, Y., & Fang, M. (2013). Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 4(1), Article 2.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., & Erkoyuncu, M. T. (2015). Moleküler markörlerin bitki ıslahında kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4(2), 1-12.
- Yu, M., Cao, Y., & Ji, Y. (2017). The principle and application of new PCR technologies. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* (Vol. 100, No. 1, Article 012065). IOP Publishing.
- Yüksel, S. (2019). Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) sığır ırkının yöresel durumu ve yetiştirme yöntemlerinin bazı ırk karakterlerine etkisi üzerine bir çalışma. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 59(2), 64-71.
- Zengin Sunay, S. (2010). Paraoksonaz polimorfizminin ve paraoksonaz enzim aktivitesinin pestisitlere maruz kalan bireylerde araştırılması (Doktora tezi). Ankara Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Zhanbaev, M. (2018). Antepfıstığı (*Pistacia vera* L.) çeşitlerinin genomik SSR ve EST-SSR markerleri ile karakterizasyonu (Yüksek lisans tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- Zhao, J., Li, T., Xu, Z., Wang, Z., Yang, S., & Chen, A. (2018). AFLP markers for meat traceability of cattle in the Chinese market. *Food Control*, 91, 421-426.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Soyad, Ad

ÖNCÜ GÜL, Enfal

Web sayfası

(Research Gate, Academia, vs.)

Eğitim Bilgileri

Derece	Kurum	Mezuniyet Yılı
Yüksek Lisans	Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü	Devam
Lisans	Dicle Üniversitesi Ziraat Fakültesi/Zootekni	2023
Lise	Selahaddin Eyyubi Anadolu Lisesi	2013

İş Deneyimi

Dönem (Yıl)	Şirket, Kurum	Görev

Yabancı Dil

İngilizce

Yayınlar

- Gül, E. Ö., & İpçak, H. H. (2023). Jumbo Brown and Golden Italian Japanese Quail: A Comparative Examination of Egg Quality, Egg Yolk Lipid Peroxidation and Fatty Acid Profiles. Black Sea Journal of Agriculture, 6(5), 584-593.
- Gül, E. Ö., & Barıtcı, İ. (2025) Çiftlik Hayvanlarında Moleküler Markerların Uygulama Alanları. DUFEBLAS, Diyarbakır-Türkiye

Özel İlgiler

DİCLE ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TEZ BENZERLİK BİLDİRİMİ FORMU

Öğrencinin Adı, Soyadı	Enfal ÖNCÜ GÜL		
Öğrenci No	23812001		
Ana Bilim Dalı	Zootečni		
Program Türü	Proje ☐	Yüksek Lisans ☒	Doktora ☐
Tez Danışmanı (Ünvanı, Adı, Soyadı)	Dr. Öğr. Üyesi İlkay BARITCI		
Tez Başlığı	Çiftlik Hayvanlarında Yapılan Marker Destekli Seleksiyon Çalışmaları		
RAPOR BİLGİLERİ			
Raporlama Aşaması	Tez Savunma Sınavı Sonrası		
Sayfa Sayısı	75		
Raporlama Tarihi	19/02/2026		
Benzerlik Oranı (%)	24		

Yukarıda bilgileri verilen tez çalışmamın toplam 75 sayfalık kısmına ilişkin, 19/02/2026 tarihinde şahsım/tez danışmanım tarafından Turnitin isimli intihal tespit programından aşağıda belirtilen filtrelemeler uygulanarak alınmış olan intihal raporuna göre, tezimin benzerlik oranı % 23 olarak tespit edilmiştir.

Uygulanan filtrelemeler:

- ☐ Başlangıç Bölümleri (Kabul ve Onay sayfası, Teşekkür sayfası, Özet/Abstract) hariç
- ☐ Kaynaklar hariç
- ☐ Alıntılar hariç/dâhil
- ☒ Diğer (Her şey dahil)

Tezimin benzerlik oranı, Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü İntihal Raporu Uygulama Esaslarında belirtilen üst sınır benzerlik oranını aşmamaktadır. Tez benzerlik oranı üst sınır benzerlik oranının altında olsa dahi aksinin tespit edilmesi durumunda her türlü yasal sorumluluğu kabul ettiğimi ve hukuki sonuçlarına razı olduğumu bildirir, gereğini arz ederim.

Öğrencinin Adı, Soyadı: Enfal ÖNCÜ GÜL

Tarih: 20/02/2026

İmza:

Danışman Adı, Soyadı: Dr. Öğr. Üyesi İlkay BARITCI

İmza:

Tarih: 20/02/2026

Ana Bilim Dalı Başkanı Adı, Soyadı: Prof. Dr. Nihat TEKEL

İmza:

Tarih: 20/02/2026
