

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

DENİZLİ VE GERZE TAVUK POPULASYONLARINDAKİ GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN BAZI MİKROSATELİT MARKÖRLER
KULLANILARAK BELİRLENMESİ

Muhammet KAYA

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ANKARA

2008

Her hakkı saklıdır

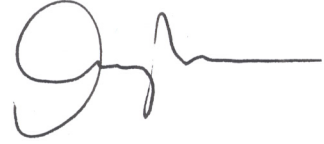
TEZ ONAYI

Doç. Dr. Mehmet Ali YILDIZ danışmanlığında, Muhammet KAYA tarafından hazırlanan “**Denizli ve Gerze Tavuk Populasyonlarındaki Genetik Çeşitliliğin Bazı Mikrosatelit Markörler Kullanılarak Belirlenmesi**” adlı tez çalışması 19 / 12 / 2008 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / ~~oy çokluğu~~ ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı’nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. Güldehen BİLGEN
(Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı)



Üye : Prof. Dr. Ceyhan ÖZBEYAZ
(Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı)



Üye : Doç. Dr. M. Muhip ÖZKAN
(Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı)



Üye : Doç. Dr. Mehmet Ali YILDIZ
(Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı)



Üye : Doç. Dr. Okan ELİBOL
(Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı)



Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Orhan ATAOL

Enstitü Müdürü

ÖZET

Doktora Tezi

DENİZLİ VE GERZE TAVUK POPULASYONLARINDAKİ GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BAZI MİKROSATELİT MARKÖRLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ

Muhammet KAYA

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootečni Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Mehmet Ali YILDIZ

Türkiye yerli gen kaynaklarından Denizli ve Gerze tavuk ırkları ADL0102, ADL0136, ADL0158, ADL0171, ADL0172, ADL0176, ADL0181, ADL0210, ADL0267 ve ADL0268 mikrosatelit lokusları bakımından tanımlanması amaçlanmıştır. Toplam 125 tavuk (75 adet Denizli, 50 adet Gerze) materyal olarak kullanılmıştır.

Denizli ve Gerze ırklarında sırasıyla ortalama allel sayısı ($N_a = 6.1$ ve 5.0), etkili allel sayısı ($N_e = 3.3$ ve 2.2), gözlenen heterozigotluk ($H_o = 0.508$ ve 0.380), beklenen heterozigotluk ($H_e = 0.656$ ve 0.475 ; $p < 0.05$), polimorfizm bilgi içeriği ($PIC = 0.599$ ve 0.426) ve akrabalı yetiştirme katsayısı ($F_{is} = 0.226$ ve 0.200) tespit edilmiştir.

Denizli ve Gerze ırklarında F-istatistikleri ($F_{IS} = 0.208$, $F_{IT} = 0.316$ ve $F_{ST} = 0.135$) belirlenmiştir. Toplam %31.6'lık genetik varyansın %20.8'si ırk içindeki, %13.5'i ise ırklar arasındaki farklılıktan kaynaklanmıştır. Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılık (*ikişerli* $F_{ST} = 0.224$) istatistik olarak önemli bulunmuştur ($p < 0.05$). Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılık (D_{ST}) 0.100, genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) 0.150 ve genetik uzaklık (D) değeri 0.476 olarak hesaplanmıştır.

Denizli ve Gerze ırkları arasında her iki generasyonda ortalama 1 adet tavuk ya da horozun göç ettiği tahmin edilmiştir. Hesaplanan toplam genetik varyansın (*AMOVA*) %19.1'ı Denizli ve Gerze ırkları arasında, %7.7'u ise populasyonlar arasındaki farklılıktan kaynaklanmıştır ($p < 0.001$).

İkişerli F_{ST} , genetik uzaklık (D), Faktöriyel uygunluk (*FCA*) ve genetik yapı (*structure*) analizleri kullanılarak yapılan kümeleme analizleri sonucunda Denizli ve Gerze tavuk populasyonları kökenlerine uygun olarak gruplanmıştır. Genetik varyasyonun Denizli ve Gerze tavuk ırklarında yüksek olduğu ve ırkların birbirlerinden oldukça farklı genetik yapılarında bulundukları tespit edilmiştir.

Aralık 2008, 139 sayfa

Anahtar Kelimeler: Türkiye yerli ırk, Denizli, Gerze, Genetik çeşitlilik, Mikrosatelit

ABSTRACT

Ph. D. Thesis

DETERMINATION OF GENETIC VARIATION BY USING SOME MICROSATELLITE MARKERS IN DENİZLİ AND GERZE POULTRY POPULATIONS

Muhammet KAYA

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Animal Science

Supervisor: Doç. Dr. Mehmet Ali YILDIZ

The objective of this research is to determine genetic diversity within the breeds and to compare the Denizli and Gerze Turkish native chicken breeds based on ADL0102, ADL0136, ADL0158, ADL0171, ADL0172, ADL0176, ADL0181, ADL0210, ADL0267 and ADL0268 microsatellite loci. A total of 125 individuals (75 Denizli and 50 Gerze) were genotyped.

The mean numbers of alleles (N_a) were 6.1 and 5.0, effective number of alleles (N_e) were 3.3 and 2.2, observed heterozygosity (H_o) were 0.508 and 0.380, expected heterozygosity (H_e) were 0.656 and 0.457 ($p < 0.05$), polymorphism information content (PIC) were 0.599 and 0.426 and fixation index (F_{is}) were 0.226 ve 0.200 within Denizli and Gerze breeds, respectively.

F-statistics ($F_{IS}=0.208$, $F_{IT}=0.316$ and $F_{ST}=0.135$) were determined among loci within Denizli and Gerze breeds. It was estimated that total genetic variations with 31.6 % resulted from diversity within populations (20.8 %) and among populations (13.5 %). Statistically significant genetic differentiation (*pairwise* F_{ST}) was obtained 0.224 among Denizli and Gerze breeds ($p < 0.05$). Coefficient of gene differentiation (G_{ST}) and genetic distance (D) between Denizli and Gerze breeds were estimated as 0.150 and 0.476, respectively.

Mean number of migration (N_m) between Denizli and Gerze breeds were estimated as 1 chicken per generation. *AMOVA* analysis conducted over all populations from the two breeds showed that 19.1 % of the total genetic variations was attributable to differences among breeds and 7.7 % was due to differences among populations within breeds.

A phylogenetic tree (*NJ*) was constructed using genetic distance (D) and *pairwise* F_{ST} . Its topology reflected general patterns of genetic differentiation among Denizli and Gerze breeds in consequence of *FCA*, *structure* and *NJ* cluster analysis. The study suggests Denizli and Gerze subpopulations have a rich genetic diversity and Denizli and Gerze breeds exhibit a large genetic differentiations.

December 2008, 139 pages

Key Words: Turkish native chicken, Denizli, Gerze, Genetic diversity, Microsatellites

TEŞEKKÜR

Bu çalışmada, Türkiye yerli tavuk ırkları olan Denizli ve Gerze tavuk ırkları on mikrosatelit lokus kullanılarak tanımlanmıştır. Bu araştırma projesi TÜBİTAK (TOVAG-105O446) tarafından desteklenmiş ve Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü Biyometri ve Genetik ABD Genetik Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

Laboratuvarında bana bu konuda çalışma imkanı sağlayan, çalışmalarımı yönlendiren, her konuda bilgi, öneri ve yardımlarını esirgemeyen, yazım aşamasındaki destek, sonsuz sabır ve özverilerinden dolayı danışman hocam sayın Doç. Dr. Mehmet Ali YILDIZ'a (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi) teşekkür ederim.

Tez çalışmam sırasında fikirleri ve hoşgörleriyle araştırmanın başarı ile tamamlanmasındaki yardımlarından dolayı TİK üyeleri sayın Prof. Dr. Ceyhan ÖZBEYAZ (Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi) ve Doç. Dr. Okan ELİBOL'a (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi), beni akademik çalışmaya teşvik eden sayın Prof. Dr. Sebahattin ÖZCAN'a (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi) ve son olarak tez taslağını okuyarak önemli katkılar sağlayan Prof. Dr. Numan AKMAN'a (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi) teşekkür ederim.

Çalışılan mikrosatelit lokusların belirlenmesinde, kendi laboratuvarında benim uygulama yapmama olanak sağlayan ve araştırma sonuçlarının makale haline getirilmesindeki büyük yardımlarından dolayı Michigan State University-USDA/ADOL'den Dr. H. H. CHENG'e teşekkür ederim.

Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'ndeki çalışma arkadaşlarıma ve Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü sürülerinden kan örneklerinin temin edilmesindeki yardımlarından dolayı Dr. Neval ÖZDOĞAN'a, Denizli Horoz Üretim İstasyonu sürülerinden kan örneklerinin temin edilmesindeki yardımlarından dolayı Zir. Müh. Mustafa ÜNAL'a, Denizli'deki özel işletmesinden kan örneklerinin temin edilmesindeki yardımlarından dolayı İsmail FIŞKIN'a, Sinop'taki özel işletmesinden kan örneklerinin temin edilmesindeki yardımlarından dolayı Halil KARADENİZ'e teşekkür ederim.

Araştırmanın yürütüldüğü laboratuvarında bana yardımcı olan Dr. Fulya ÖZDİL, Araş. Gör. Hasan MEYDAN ve Yasemin GEDİK ile projeye ekonomik destek sağlayan TÜBİTAK (TOVAG-105O446)'a teşekkür ederim.

Son olarak, çalışmamı sürdürürken bana sonsuz destek olan, sabırla birçok fedakarlıklar gösteren değerli eşim Hafize ve mutluluk kaynağımız kızım Fatma Zehra'ya minnettarlığımı özellikle belirtmek isterim.

Ankara, Aralık 2008

Muhammet KAYA

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
SİMGELER DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ÖZETLERİ	7
2.1 Evcil Tavuğun Sistematikteki Yeri ve Kökeni	7
2.2 Türkiye Yerli Tavuk Irkları.....	10
2.2.1 Denizli tavuk ırkı.....	12
2.2.2 Gerze tavuk ırkı	19
2.2.3 Çıplak boyun	21
2.2.4 Denizli ve Gerze tavuk ırklarının karşılaştırılması	21
2.3 Moleküler Genetik Çalışmalarda Kullanılan Yöntemler	24
2.4 Mikrosatelitler	27
2.4.1 Mikrosatelitlerin fonksiyonları	31
2.4.1.1 Kromatin organizasyonu	31
2.4.1.2 DNA molekülünün yapısı	31
2.4.1.3 Sentromer ve telomer.....	31
2.4.1.4 Yeni kombinasyon.....	31
2.4.1.5 DNA replikasyonu ve hücre döngüsü.....	32
2.4.1.6 DNA MMR sistemleri	32
2.4.1.7 Transkripsiyon	33
2.4.1.8 Translasyon.....	33
2.4.2 Mikrosatelit varyasyonun genetik temeli.....	33
2.4.2.1 Eşit olmayan parça değişimi	33
2.4.2.2 DNA eksen-kayması.....	34
2.4.3 Mikrosatelit mutasyon modelleri.....	37
2.5 Kaynak Araştırması.....	40

3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	49
3.1 Materyal.....	49
3.1.1 Canlı materyal ve örnekleme	49
3.1.2 Araç ve gereçler.....	50
3.1.3 Tampon çözeltiler.....	50
3.2 Yöntem	53
3.2.1 DNA molekülünün izole edilmesi.....	53
3.2.2 Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR).....	54
3.2.3 Mikrosatelit primerler	55
3.2.4 Genotiplerin belirlenmesi	55
3.3 İstatistik Analizler	60
3.3.1 Gen frekansları.....	60
3.3.2 Heterozigotluk değerleri.....	60
3.3.2.1 Allel genişlikleri (AG)	60
3.3.2.2 Allel sayısı (Na).....	61
3.3.2.3 Etkili allel sayısı (Ne)	61
3.3.2.4 Gözlenen heterozigotluk (Ho)	61
3.3.2.5 Beklenen heterozigotluk (He).....	62
3.3.2.6 Polimorfizm bilgi içeriği (PIC).....	62
3.3.3 Akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis) ve F-istatistikleri (F_{IT}, F_{IS} ve F_{ST}).....	63
3.3.3.1 Akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	64
3.3.3.2 F istatistikleri (F_{IT}, F_{IS} ve F_{ST}).....	65
3.3.4 Genetik farklılıklar	68
3.3.4.1 İkişerli F_{ST} değerleri	69
3.3.4.2 Gen akışı (Nm).....	69
3.3.4.3 Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}).....	70
3.3.4.4 Genetik uzaklık (D)	71
3.3.5 Moleküler varyans analizi (AMOVA).....	72
3.3.6 Kümeleme analizleri	73
3.3.6.1 İkişerli F_{ST} değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi.....	73
3.3.6.2 Genetik uzaklık (D) değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi	74
3.3.6.3 Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)	74

3.3.6.4 Genetik yapı analizi (structure)	74
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	77
4.1 Gen Frekansları.....	77
4.2 Heterozigotluk Değerleri	81
4.2.1 Allel genişlikleri (AG)	81
4.2.2 Allel sayısı (Na).....	83
4.2.3 Etkili allel sayısı (Ne)	85
4.2.4 Gözlenen heterozigotluk (Ho)	86
4.2.5 Beklenen heterozigotluk (He).....	87
4.2.6 Polimorfizm bilgi içeriği (PIC).....	88
4.3 Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (Fis) ve F-istatistikleri (F _{IT} , F _{IS} ve F _{ST})	91
4.3.1 Akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	91
4.3.2 F-istatistikleri (F _{IT} , F _{IS} ve F _{ST})	92
4.4 Genetik Farklılıklar	94
4.4.1 İkişerli F _{ST} değerleri ve gen akışı (Nm).....	94
4.4.2 Gen akışı (Nm).....	95
4.4.3 Genetik farklılaşma katsayısı (G _{ST}).....	97
4.4.4 Genetik uzaklık (D)	98
4.5 Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)	99
4.6 Kümeleme Analizleri	99
4.6.1 İkişerli F _{ST} değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi.....	100
4.6.2 Genetik uzaklık (D) değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi	100
4.6.3 Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)	101
4.6.4 Genetik yapı analizi (structure)	102
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	103
5.1 Sonuçlar	103
5.2 Öneriler	107
KAYNAKLAR	109
EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri	116
EK 2 Groenen <i>et al.</i> (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları	126
ÖZGEÇMİŞ.....	137

SİMGELER DİZİNİ

A	Adenin nükleotidi
AB	Avrupa Birliği
ADL	<i>Gallus gallus</i> microsatellite DNA
AFLP	Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi
AG	Allel genişlikleri
AMOVA	Moleküler varyans analizi
APS	Amonyum persulfat
ATP	Adenozin trifosfat
bç	Nükleotit çifti
bdH ₂ O	Bidestile su
C	Sitozin nükleotidi
C°	Santrigrat derece
cDNA	Komplementer DNA
cM	Santimorgan
cpDNA	Kloroplast DNA
CHK1	Candidate albicans histidine kinase (Aday histidin kinaz)
CPS1	Carbomoyl fosfat sentez
CR1	Tavuk tekrar elementleri
cyt b	Sitokrom b geni
D	Nei (1987)'nin genetik uzaklıklığı
dak	Dakika
DHUC	Denizli Horozu Üretme Çiftliği
DLHMAE	Denizli Horozu-Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü
DOI	Denizli Horozu, özel işletmeler
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksinükleotid trifosfat
EDTA	Etilen diamin tetra asetik asit
EELG	East Lansing Genetik Haritası
F	F istatistikleri
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
FCA	Faktöriyel uygunluk analizi
<i>F_{IS}</i> veya <i>F_{is}</i>	Populasyonların Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapması ya da Wrigth (1978)'in akrabalı yetiştirme katsayısı
<i>F_{IT}</i>	Toplam populasyonun Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapması
<i>F_{ST}</i>	Populasyonlar arasındaki farklılık
G	Guanin nükleotidi
g	Gram
Gb	Gigabite
GGA	<i>Gallus gallus</i> otozomal kromozomu
GLHMAE	Gerze tavuğu-Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü
GOI	Gerze tavuğu-özel işletmeler
gDNA	Genomik DNA
HCl	Hidroklorik asit
<i>He</i>	Beklenen heterozigotluk
<i>Ho</i>	Gözlenen heterozigotluk
IAM	Sonsuz allel modeli

ISAG	Uluslararası Hayvan Genetiği Birliği
JF	Yabani tavuk
kb	Kilobaz
kg	Kilogram
LEI0234	<i>Gallus gallus</i> microsatellite DNA
M	Molarite
<i>m</i>	Göç
Mb	Megabite
MCW0103	G.gallus microsatellite DNA
MgCl ₂	Magnezyum klorür
MMR	Yanlış eşleşme onarımı
mtDNA	Mitokondriyel DNA
mM	Milimolarite
μM	Mikromolarite
μL	Mikrolitre
<i>Na</i>	Allel sayısı
NaCl	Sodyum klorür
<i>Ne</i>	Etkili allel sayısı
<i>Nm</i>	Gen akışı
nDNA	Çekirdek DNA
nM	Nanomolarite
Ort	Ortalama
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu
<i>PIC</i>	Polimorfizm bilgi içeriği
pM	Pikomolarite
RAPD	Rasgele çoğaltılmış polimorfik DNA
RFLP	Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi
RJF	Yabani kırmızı tavuk
rpm	Dakikadaki devir sayısı
QTL	Kantitatif özellik lokusu
sn	Saniye
SDS	Sodyum dodesil sülfat
<i>SMM</i>	Adım adım mutasyon modeli
SNPs	Tek nükleotid polimorfizmleri
SSM	Yanlış eşleşmiş eksen kayması
SSR	Basit dizilim tekrarları
STR	Ardışık basit tekrarlar
T	Timin nükleotidi
TAE	Tris-Asetik asit-EDTA tampon çözeltisi
TBE	Tris-Borik asit-EDTA tampon çözeltisi
TE	Tris-EDTA çözeltisi
U	Ünite
UCA	Eşit olmayan parça değişimleri
UK49-50	Roslin enstitüsü genetik haritası
VNTR	Değişken sayıda ardışık tekrarlar
W	Cinsiyet kromozomu
WL	Beyaz leghorn
yy	Yüzyıl

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 Dünya ve gelişmekte olan ülkelerde et üretimi ve tüketim tahminleri (FAO (2006) bölüm 3’deki Tablo 3.7’den değiştirilerek çizilmiştir)	3
Şekil 1.2 Bazı kanatlı türlerinin tehdit durumlarının değerlendirilmesi (FAO (2007) Bölüm 1’deki Şekil 13’den değiştirilerek çizilmiştir)	4
Şekil 2.1 Evcil tavuğun evcilleştirme yolları (Stevens 1991, Crawford 1995).....	8
Şekil 2.2 Asya kıtasında yabani tavuk türleri ile kırmızı yabani tavuk (RJF) alttürlerinin coğrafi dağılımı (West and Zhou (1989) ve Stevens (1991)’den değiştirilerek çizilmiştir)	8
Şekil 2.3 Denizli tavuk ırkı horoz varyeteleri ile Denizli tavuk ırkı civcivi, yarkası ve tavuğu (Dr. Neval ÖZDOĞAN, Zir. Müh. Mustafa ÜNAL)	17
Şekil 2.4 Gerze tavuk ırkı horoz ve tavuğu.....	21
Şekil 2.5 DNA molekülünde oluşan farklılıklar (Butler 2005’den değiştirilerek çizilmiştir)	25
Şekil 2.6 Tavuk ADL0102 (G01547) lokusu (EK 1). Ardışık tekrar birimi (gt)17.....	30
Şekil 2.7 Mikrosatelitlerin fonksiyonları (Li <i>et al.</i> 2002)	32
Şekil 2.8 Mikrosatelit lokustaki mutasyon mekanizmalarının modellenmesi (Goldstein and Schlötterer 2001)	35
Şekil 2.9 Mikrosatelit DNA eksen-kayması (<i>slippage</i>) modeli (MacHugh 1996).....	36
Şekil 2.10 Adım adım mutasyon (<i>SMM</i>) modeli (MacHugh 1996).....	39
Şekil 3.1 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından homozigot (176/176) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi	57
Şekil 3.2 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından heterozigot (176/182) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi	58
Şekil 3.3 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından homozigot (182/182) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi	59
Şekil 4.1 <i>İkişerli</i> F_{ST} değerleri kullanılarak Denizli ve Gerze popülasyonları arasındaki <i>NJ</i> dendogramı	100
Şekil 4.2 Genetik uzaklık (<i>D</i>) değerleri kullanılarak Denizli ve Gerze popülasyonları arasındaki <i>NJ</i> dendogramı	100
Şekil 4.3 Denizli ve Gerze popülasyonları arasındaki faktöriyel uygunluk analizi (<i>FCA</i>)	101
Şekil 4.4 Denizli ve Gerze popülasyonlarının genetik yapı analizi (<i>structure</i>)	102

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1 Denizli tavuk ırkı standardı.....	18
Çizelge 2.2 Gerze tavuk ırkı standardı.....	22
Çizelge 2.3 Denizli ve Gerze tavuk ırklarının bazı özellikler bakımından karşılaştırılması	23
Çizelge 2.4 Bazı moleküler genetik yöntemlerin karşılaştırılması (Avisé 2004)	26
Çizelge 2.5 Bazı moleküler genetik yöntemlerin ayırım gücü ve analiz hızı bakımından karşılaştırılması (Butler 2005'den değiştirilerek çizilmiştir)	27
Çizelge 2.6 İnsan ve tavuk kromozomalarındaki DNA dizi tekrarlarının özellikleri (Hughes and Piontkivska 2005)	29
Çizelge 2.7 Wageningen Üniversitesi (WAU), East Lansing (EL) ve Compton (C) genetik haritaları ile bilim insanlarının üzerinde anlaşma sağladıkları CCG-MAP bağlantı haritası (Groenen <i>et al.</i> 2000)	41
Çizelge 2.8 FAO'nun önerdiği 30 mikrosatelit lokusun tamamını ya da birkaç setini kullanan yedi araştırmanın özetlenmesi (Weigend and Groeneveld 2008).....	46
Çizelge 3.1 Kan örneklerinin alındığı il, işletme, ırk ve örnek genişliği	49
Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi	51
Çizelge 3.3 Elektroforez ve agaroz jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri.....	52
Çizelge 3.4 Elektroforez ve poliakrilamid jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri	52
Çizelge 3.5 Bir örnek başına 0.2 ml'lik PCR tüplerine konulan sarf malzemeleri ve miktarları	54
Çizelge 3.6 PCR programı	54
Çizelge 3.7 Mikrosatelit lokusların özellikleri (Cheng <i>et al.</i> 1995, Groenen <i>et al.</i> 2000, ISAG/FAO 2004).....	56
Çizelge 4.1 Denizli ve Gerze populasyonlarında mikrosatelit lokuslar ile gen frekansları.....	79
Çizelge 4.2 Denizli ve Gerze ırklarında mikrosatelit lokuslar, örnek sayısı (N), allel genişliği (AG), allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), heterozigot genotipte olan bireylerin sayısı (Hh), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He), PIC ve Wright (1978)'in homozigotlaşma indeksi (Fis) değerleri	84

Çizelge 4.3 Denizli ve Gerze ırklarında mikrosatelit lokuslar, örnek sayısı (N), allel genişliği (AG), allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), heterozigot genotipte olan bireylerin sayısı (Hh), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He), PIC ve Wright (1978)'in homozigotlaşma indeksi (Fis) değerleri.....	85
Çizelge 4.4 Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarının tanıtıcı istatistikleri.....	90
Çizelge 4.5 Populasyonların Wright (1978)'in akrabalı yetiştirme katsayıları (Fis).....	92
Çizelge 4.6 Denizli ve Gerze populasyonlarında F-istatistikleri ve gen akışı değerleri	93
Çizelge 4.7 Denizli ve Gerze ırkları arasındaki F-istatistikleri ve gen akışı değerleri	93
Çizelge 4.8 Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki <i>ikişerli</i> F_{ST} değerleri.....	94
Çizelge 4.9 Denizli ve Gerze populasyonlarındaki gen akışı (<i>ikişerli</i> Nm) değerleri.....	96
Çizelge 4.10 Denizli ve Gerze ırklarında hesaplanan heterozigotluklar (H_S , H_T), genetik farklılık (D_{ST}) ve genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}).....	97
Çizelge 4.11 Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki genetik uzaklıklar (D).....	98
Çizelge 4.12 Denizli ve Gerze populasyonlarında moleküler varyans analizi ($AMOVA$)	99
Çizelge 5.1 Denizli ve Gerze ırklarına özgün olabilecek alleller ve gen frekansları....	108

1. GİRİŞ

Hayvan türleri içinde var olan ırkların, ekonomi üzerine önemli roller oynadığı düşünülmekte ve bu olanağın kullanılmasına yönelik planlar yapılmaktadır. Yirminci yüzyılın ortalarında çeşitli ırklar lehine yapılan seleksiyon çalışmalarının artması sonucu pek çok ırk ve tür yok olma tehdidi altında bulunmaktadır. Hayvancılıkta yerel popülasyonların korunması, popülasyonlarda var olan genetik çeşitlilik yeterli değil ise bunun artırılması hem sosyo-ekonomik hem de ekolojik açıdan son derece gerekli görülmektedir.

Genel olarak yerli ırklar, çevre koşullarına uyum, hastalıklara dayanıklılık ve yaşama gücü gibi özellikler bakımından önemli üstünlüklere sahiptirler. Ancak elde edilen ürün miktarı ve kaliteye bağlı olarak bu tip popülasyonların ticari olarak sürdürülebilirlikleri giderek zorlaşmaktadır. Seleksiyon çalışmaları ile üzerinde durulan özellikler bakımından daha yüksek verimli ırk ve hat elde etme çalışmaları yoğun bir şekilde yürütülmektedir. Böyle bir durumda endüstriyel hayvancılık koşullarına daha uygun olan kültür ırklarının daha düşük verimli olan yerli ırklar ile yer değiştirmesi kaçınılmaz bir hal almaktadır. Bunun sonucunda yerli ırklar her geçen gün yok olma tehlikesi altında kalmaktadırlar.

Hayvansal üretimin artırılabilmesi için çeşitli hastalıklara ve zararlılara karşı dirençli, çevre koşullarına uyum sağlamış, yüksek verimli hatların geliştirilebilmesi gerekmektedir. Biyolojik zenginlikler ileride tarımsal amaçlı biyoteknoloji uygulamalarında gerekli olan ham materyali oluşturacaktır. Biyolojik zenginliklerin yeterince tanımlanmaması, bu kaynaklardan yararlanmada biyoteknoloji uygulamalarının sınırlı kalmasına ve bu alandaki yatırımların istenilen verimi sağlayamamasına sebep olabilecektir.

Genetik varyasyon bir türün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliği ve zenginliği olarak tanımlanabilir. Türkiye ve Dünya’da tavuk eti ve yumurtası üretiminde çok uluslu şirketler hakim durumda bulunmakta ve genetik yapı bakımından bir örnekliği yüksek olan hayvanları üreticilerin kullanımına materyal olarak sunmaktadırlar. Yıllar boyunca yürütülen ıslah çalışmaları sonucunda üretime konu olan ticari ırk ve hatlarda

genetik varyasyon aşamalı olarak azalmaktadır. Tavukçulukta yeni ticari hatların geliştirilmelerinde daha etkin bir şekilde yerli ırklardan yararlanılması için bu ırkların morfolojik ve genotipik karakterler bakımından tanımlanması gerekmektedir.

Kabul edilen hakim görüşe göre, evcil tavuk MÖ 2000 yıllarında kırmızı yabani tavuktan (RJF, *red jungle fowl or Gallus gallus*) köken alarak Asya'da evcilleştirilmiş ve buradan Doğu ve Batı'ya yayılmıştır (Crawford 1990; Crawford 1995). Uzun yıllar süren evcilleştirme ve ıslah faaliyetlerine bağlı olarak tavuklar çeşitli ülke, kıta ve kültürlerle dağılmıştır. Bunun sonucunda da bugün FAO (2007) tarafından kayıt altına alınmış olan 1273 tavuk ırkı mevcut bulunmaktadır. Ayrıca, tavuklar biyoloji ve tarımsal araştırmalarda model bir organizma olarak da yaygın biçimde kullanılmakta ve bu amaçla çok sayıda tavuk deney hatları geliştirilmiş bulunmaktadır (Weigend and Groeneveld 2008).

Tavukların morfolojik özellikler bakımından tanımlanmasına yönelik çalışmalar 20 yy. başlarına dayanmakta olup yüzlerce iyi tanımlanmış mutant ve ıslah hatları geliştirilmiştir. Tavuk karyotipi ($2n=78$) 38 çift otozom ve bir çift de cinsiyet kromozomundan oluşmaktadır (EK 2). Tavuk otozomal kromozomlarından beş adedi büyük (GGA 1-5), beş adedi orta büyüklükte (GGA 6-10) ve 28 adedi ise küçük kromozomdan (GGA11-38) oluşmaktadır (International Chicken Genome Sequencing Consortium 2004).

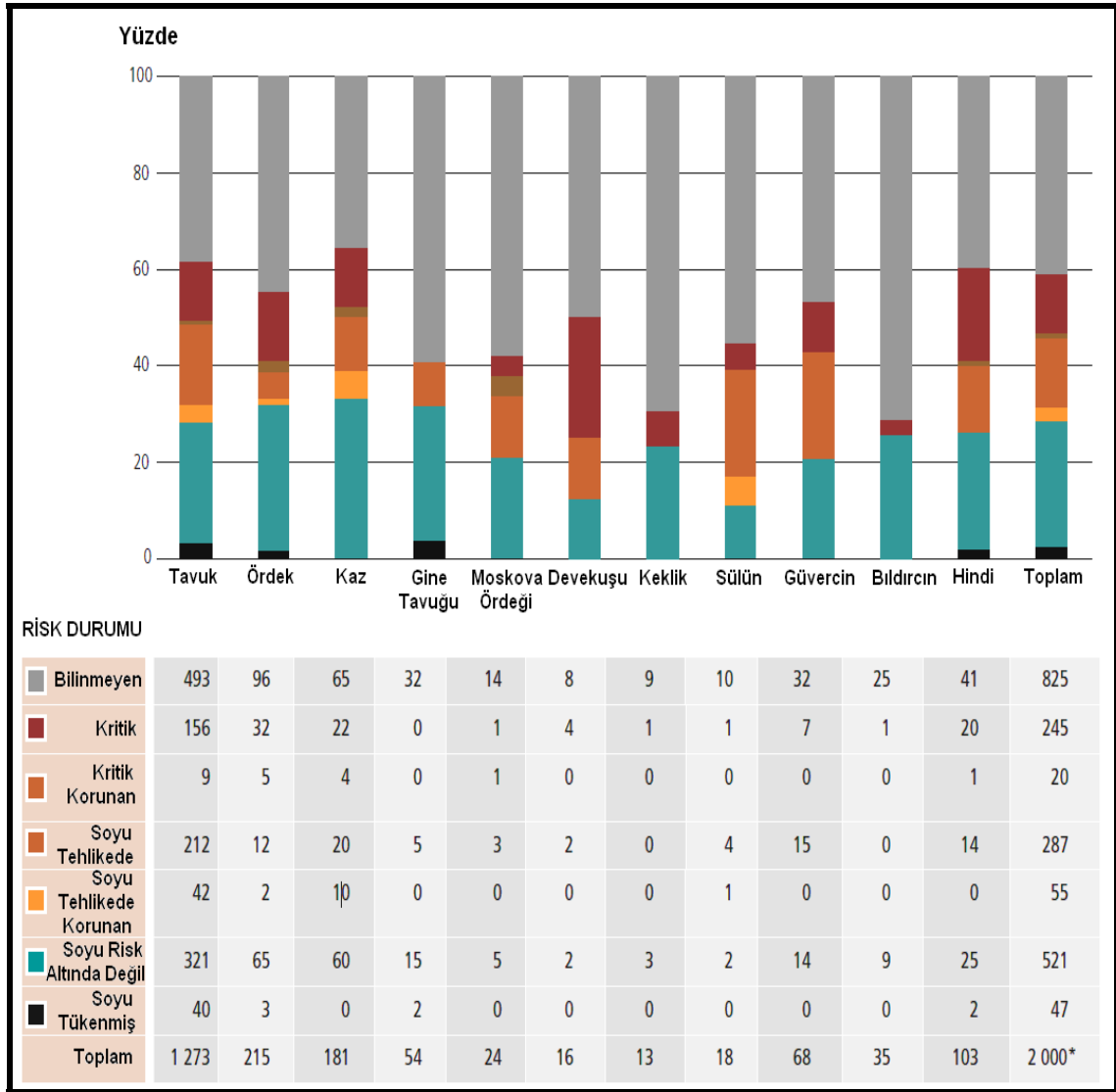
Günümüzde üretim şartları ve üretiminin standardizasyonundaki bazı zorunluluklar nedeniyle, tavuk eti ve yumurta üretiminde hatlar arası genetik çeşitlilik oldukça azalmış bulunmaktadır. Etçi ve yumurtacı tavuk üretiminde sınırlı sayıda uluslararası ıslah şirketi hakim durumda bulunmaktadır. Tavukçulukta birçok hat, 1950'lerde ticari ırkların test edilmesi ve büyük örnek genişliği ile çalışılması sonucunda geliştirilmişlerdir. Dolayısıyla bu hatlar arasındaki genetik benzerlikler yüksek seviyelere ulaşmış bulunmaktadır. Her bir ana ıslahçı işletme, ticari hibritlerin üretiminde kullandıkları hatların bazılarını kaynak popülasyonu olarak gelecekteki hatların gelişimine katkıda bulunabilir diye koruma altında tutmaktadırlar. Bununla birlikte, endüstriyel hatlar içinde ırk seviyesindeki genetik varyasyon tür içindekine göre düşük seviyede bulunmaktadır (Notter 1999).

Tavukçuluk sektörü çok dinamik bir hayvancılık sektörüdür. FAO (2006) verilerine göre 1999-2001 yılları arasında Dünya tavuk eti üretimi 68.331 milyon ton olarak tahmin edilirken, tavuk eti tüketimi ise 67.447 milyon ton olarak belirtilmiştir. Yine FAO (2006) verilerine göre, Dünya’da tavuk eti tüketiminin 2030 yılına kadar her yıl % 2.5 artarak oransal olarak diğer türleri geçeceği tahmin edilmektedir (Şekil 1.1). İslah, besleme ve barınak yapımındaki gelişmeler üretimde ve verimlilikte yeni artışlar meydana getirmektedir. İslah, hayvan başına et ve yumurta üretimindeki yıllık artışa en çok katkı sağlayan ana faktördür. Dünya tavuk eti üretiminin % 67’si, yumurta üretiminin ise % 50’si geçen yüzyılda Avrupa ve Kuzey Amerika’da bulunan sınırlı sayıdaki ırklardan ıslah edilerek geliştirilen ticari hatlardan sağlanmaktadır. Az gelişmiş ülkelerde toplam tavuk eti ve üretiminin % 90’ı küçük ölçekli ve aile işletmelerinden sağlanmaktadır (Hoffmann 2008).

Üretim								Tüketim						
	1999/ 2001	1961/ 2001	1971 -2001	1981 -2001	1991 -2001	1999/01 -2030	2030 -2050	1999/ 2001	1961 -2001	1971 -2001	1981 -2001	1991 -2001	1999/01 -2030	2030 -2050
	Bin Ton	Yıllık % Büyüme Hızı						Bin Ton	Yıllık % Büyüme Hızı					
Dünya														
Sığır	59378	1.7	1.3	1.1	0.7	1.3	0.9	58549	1.7	1.3	1.1	0.7	1.4	0.9
Koyun	11337	1.7	2.0	2.1	1.6	1.7	1.2	11187	1.7	2.0	2.1	1.6	1.7	1.2
Domuz	90666	3.3	3.1	2.9	2.5	1.2	0.4	90818	3.3	3.1	2.9	2.6	1.2	0.4
Tavuk	68331	5.4	5.2	5.2	5.3	2.5	1.5	67447	5.3	5.1	5.1	5.1	2.6	1.5
Toplam Et	229713	3.0	2.9	2.9	2.7	1.7	1.0	228000	3.0	2.9	2.8	2.7	1.7	1.0
Dünya, Geçişler Hariç	213026	3.4	3.5	3.7	3.6	1.8	1.0	209574	3.3	3.4	3.6	3.6	1.9	1.0
Gelişmekte Olan Ülkeler														
Sığır	29364	2.9	3.2	3.4	3.5	2.2	1.4	29239	3.2	3.5	3.6	3.6	2.2	1.3
Koyun	7865	3.0	3.5	3.8	3.7	2.1	1.4	8102	3.2	3.6	3.7	3.6	2.2	1.4
Domuz	52646	6.0	6.1	5.8	4.5	1.7	0.6	53053	6.0	6.1	5.9	4.7	1.7	0.6
- Çin Hariç	12133	4.0	4.0	3.7	2.0	2.4	1.5	12777	3.9	4.0	3.8	2.4	2.3	1.4
Tavuk	35591	7.6	8.0	8.4	8.2	3.4	1.8	36053	7.6	7.9	8.2	8.2	3.4	1.8
Toplam Et	125466	4.9	5.3	5.6	5.1	2.4	1.3	126447	5.1	5.5	5.6	5.3	2.4	1.3
- Çin Hariç	65168	3.7	3.9	3.9	3.5	2.8	1.8	66857	3.9	4.1	3.9	3.6	2.8	1.8
- Çin ve Brezilya Hariç	49805	3.3	3.5	3.3	3.0	3.0	2.0	53314	3.7	3.8	3.4	3.3	3.0	1.9

Şekil 1.1 Dünya ve gelişmekte olan ülkelerde et üretimi ve tüketim tahminleri (FAO (2006) bölüm 3’deki Tablo 3.7’den değiştirilerek çizilmiştir)

FAO (2007) *global databank* kayıtlarında 182 ülkeden 17 kanatlı türüne ait 3505 ırk içinden 11 türü içeren 2000 ırk hakkında bazı tanımlayıcı bilgiler Şekil 1.2’de özetlenmiştir. Mevcut kanatlı türlerinin çeşitli seviyelerde tehdit altında olup olmadıklarının değerlendirildiği FAO (2007) verilerine göre, 2006 Ocak ayına kadar kayıt altına alınmış olan 1273 tavuk ırkından 156’sının (% 12.3) kritik, 9’unun kritik ve koruma altında olduğu, 212’sinin (% 16.6) soyunun tükenmekte olduğu, 42’sinin (% 3.2) soyunun tükenmekte ve koruma altında olduğu, 321’inin (% 25.2) herhangi bir tehdit altında olmadığı, 40’nın ((% 3.1) tamamen yok olduğu ve 493’ü (% 38.7) ü hakkında herhangi bir bilginin bulunmadığı tahmin edilmektedir (Şekil 1.2). Tehdit altında olan tavuk ırklarının çoğunluğu Avrupa ırklarıdır (Hoffmann 2008).



Şekil 1.2 Bazı kanatlı türlerinin tehdit durumlarının değerlendirilmesi (FAO (2007) Bölüm 1’deki Şekil 13’den değiştirilerek çizilmiştir)

Lokal tavuk ırkları her geçen gün yok olma tehdidi altındadır ve böylece değerli genotipler ile çeşitli özellikler kaybedilme tehdidi altında bulunmaktadır. Genetik varyasyonu korumak için mevcut tavuk ırklarının a) populasyon büyüklüğü, b) coğrafi bölgeleri, c) uyum sağladıkları yetiştirme sistemleri, d) ıslah sürecindeki tarihi geçmişleri ve e) fenotipik özelliklerinin fenotipik değerleri bakımından kapsamlı bir şekilde tanımlanmasını zorunlu kılmaktadır. a) Populasyon büyüklüklerinin farklı olması, b) populasyonların çok geniş bir coğrafyaya yayılmış bulunması, c) üzerinde durulan özellikler bakımından fenotipik varyasyonun çok fazla olması ve d) populasyonların genetik yapıları hakkında güvenilir bilgilerin olmaması gibi nedenlerden dolayı, tavuk türü içindeki genetik kayıpların etkin bir şekilde belirlenmesi oldukça zorlaşmaktadır. Bu sınırlayıcı faktörlerin aşılması için moleküler markerlerden yararlanılabilir (Romanov and Weigend 2001).

Sürdürülebilir tarım kavramı çerçevesinde yerel ırkların belirli bir populasyon büyüklüğünde koruma altına alınarak saf olarak yetiştirilebilmesi ve ırklara özgü biyoinformatik altyapının oluşturulabilmesi için morfolojik, biyokimyasal ve moleküler genetik markerlere dayalı genetik veri tabanlarının oluşturulması son derece önemlidir. Bu amaçla, Türkiye yerli tavuk gen kaynaklarına yönelik uygun koruma stratejilerinin oluşturulmasında ve sürdürülebilir tarım kavramı çerçevesinde ileriye yönelik projelerin tartışılmasında genetik veri tabanlarından yararlanılması kaçınılmaz bir hal almıştır. Populasyonlarda belirtilen biyoinformatik altyapıyı oluşturmak ve daha etkin koruma stratejilerinin moleküler genetik veriler temelinde desteklemek amaçlarıyla kullanılabilecek etkili yöntemlerden birisi de mikrosatelit markerlerden yararlanmaktır. Bu amaca yönelik yapılan çalışmalarda tavuklarda birçok mikrosatelit lokus tespit edilmiştir. Lokuslara ait genom haritaları (EK 2) yapılarak kontrol populasyonlarının oluşturulması yönünde de yoğun araştırmalar yürütülmektedir (Hillel *et al.* 2003).

Çeşitli kıta ve bölgelerden tavuk ırklarındaki genetik varyasyonu tahmin etmeye yönelik olarak AB tarafından desteklenen AVIANDIV (*development of strategy and application of molecular tools to assess biodiversity in chicken genetic resources*, proje numarası, BIO4CT980342) projesini de içeren farklı çalışmalarda mikrosatelitler başarılı bir şekilde kullanılmıştır. Genel olarak, yabani tavuk populasyonları ile seleksiyona tabi tutulmamış geleneksel lokal ırkların genetik yapı bakımından bir örneklikten uzak

olduğu ve bunların çalışılan toplam 62 tavuk ırkı populasyonundaki genetik varyasyonun büyük bir kısmını barındırdıkları tespit edilmiştir. Ticari tavuklar içerisinde, etçi hatların yumurtacı hatlara oranla çok az olsa da daha fazla genetik varyasyona sahip oldukları bildirilmektedir. Yumurtacı hatlar arasında, kahverengi yumurtacı hatların beyaz yumurtacı hatlara oranla daha fazla genetik varyasyona sahip oldukları tespit edilmiştir. Beyaz ticari yumurtacı hatlardaki bu genetik varyasyonun düşük seviyede olmasının nedeninin, son yıllarda ticari beyaz yumurtacı hatların geliştirilmesinde köken olarak sadece beyaz leghorn (*single comb white leghorn*)’nun kullanılmış olmasının etkili olabileceği ifade edilmektedir. Bu düşünce AVIANDIV projesindeki bulgularla da desteklenmiş olmasına rağmen, ticari hatlar hala mikrosatelit lokuslar bakımından dikkate değer oranda yüksek genetik varyasyona sahip bulunmaktadır.

Mikrosatelitler genomda herhangi bir ürünü belirlemeyen (*non-coding*) bölgelerde yaygın olarak bulunmakta olup, dolayısıyla yapılan yetiştirme ve seleksiyon faaliyetlerinden etkilenmemektedir. Böylece populasyonlar arasında allel frekansları bakımından gözlenen farklılıklar şans (*genetic drift*) ve populasyonun başlangıcındaki birey sayısının sınırlı sayıda az (*founder effect*) olmasından kaynaklanmaktadır.

Bu tez çalışmasında, Türkiye Denizli ve Gerze yerli tavuk ırklarına ait populasyonların DNA düzeyinde tanımlanması amaçlanmıştır. Araştırmada ADL0102, ADL0136, ADL0158, ADL0171, ADL0172, ADL0176, ADL0181, ADL0210, ADL0267 ve ADL0268 mikrosatelit lokuslarındaki DNA polimorfizminden yararlanılarak;

- a) Denizli ve Gerze tavuk ırklarında genotip ve gen frekanslarının hesaplanması,
- b) Denizli ve Gerze populasyonlarındaki genetik varyasyonun tespit edilmesi,
- c) Denizli ve Gerze tavuk ırkları arasındaki genetik benzerlik / farklılıkların ortaya konulması,
- d) Denizli ve Gerze ırklarının tanımlanmasında etkin bir şekilde kullanılabilecek özgün allel / allellerin belirlenmesi,
- e) Denizli ve Gerze tavuk ırklarının hazırlanmış olan ırk standartlarında eksik bulunan genetik özelliklerin giderilmesine katkı sağlanması,
- f) Denizli ve Gerze tavuk ırklarının tescil edilmesinde kullanılabilecek mikrosatelit markerlerin belirlenmesi ve
- g) Denizli ve Gerze tavuk ırklarının gen kaynağı olarak korunmasına yönelik yürütülmekte olan koruma projesine katkı sağlanması amaçlanmıştır.

2. KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ÖZETLERİ

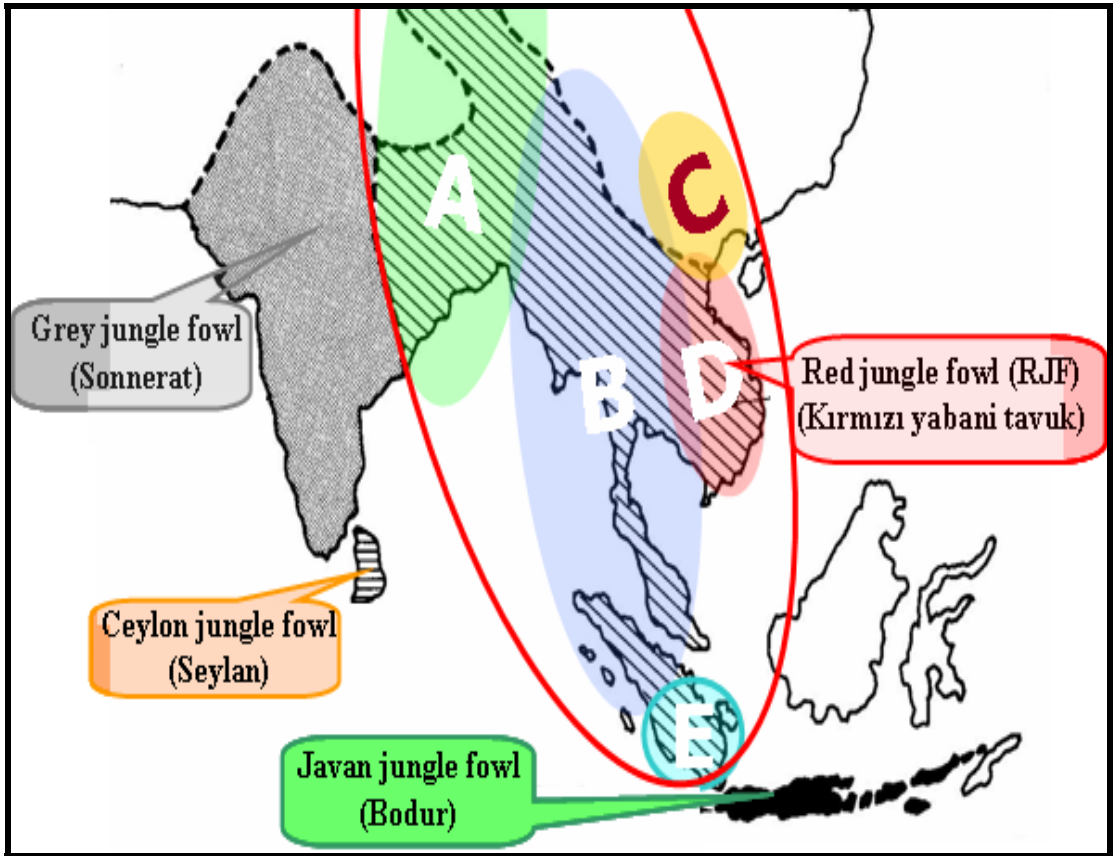
2.1 Evcil Tavuğun Sistematikteki Yeri ve Kökeni

Tavukların Asya'da evcilleştirildiği konusunda tüm bilim insanları hemfikirdir (Crawford 1995). Ancak evcilleştirmenin ne zaman meydana geldiği konusunda bazı tartışmalar hala sürmektedir. Kabul gören hakim görüşe göre, evcil tavuk MÖ 2000 yıllarında kırmızı yabani tavuktan (RJF, *red jungle fowl*, *Gallus gallus*) köken alarak Asya'da evcilleştirilmiş ve buradan Doğu ve Batı'ya yayılmıştır (Şekil 2.1). Tavukların tüm yabani formlarının doğada mevcut bulunmasına rağmen, evcil tavuğun hangi kökenden geldiği konusundaki tartışmalar henüz tam olarak açıklığa kavuşturulmuş değildir. Tavukların evcilleştirme kökenlerine ait iki temel hipotez bulunmakta ve bu amaçla tavuklar için iki bilimsel isim kullanılmaktadır. Bunlar *Gallus gallus* ve *Gallus domesticus* isimleridir. *Gallus gallus* ismi tavukların sadece kırmızı yabani tavuktan evcilleştirildiğini belirtmek için kullanılmaktadır. *Gallus domesticus* ismi ise evcil tavuğun birden fazla yabani tavuktan köken alarak evcilleştirildiğini vurgulamak için kullanılan bir terimdir. Günümüzde evcil tavuğa oldukça benzeyen ve de tamamı Güney Asya'da yaşayan 4 farklı yabani tavuk türü bulunmaktadır (Şekil 2.2). Bu tür ve alttürler (Crawford 1990, Crawford 1995);

- 1) Kırmızı yabani tavuk (RJF, *red jungle fowl*, *Gallus gallus* Linneacus 1758) (bu türün kendi içinde beş farklı alt türü bulunmaktadır),
 - a) Doğu Hindistan-Batı Çin bölgesinde, Hindistan kırmızısı (*Indian red*, *G. g. murghi* Robinson and Kloss),
 - b) Orta Çin bölgesinde, Burma kırmızısı (*Burmese red*, *G. g. spadiceus* Bonnatere),
 - c) Çin'in Kuzey-Batı bölgesinde, Tonkinez kırmızısı (*Tonkinese red*, *G. g. jabouillei* Delacour and Kinneer),
 - d) Batı Çin bölgesinde, Koşin (*Cochin-Chinese red jungle fowl*, *G. g. gallus* Linnacus) ve
 - e) Sumatra adasında, Bankiva (Bilgemre 1950, Batu 1959) veya Java kırmızısı (*Javan red*, *G. g. bankiva* Temminck) yabani alttürleridir.
- 2) Hindistan yarımadasında, Sonnerat (*grey*, *G. sonnerati* Temminck 1831),
- 3) Seylan adasında, Seylan (*Ceylon*, *G. lafayettei* Lesson 1831) ve
- 4) Java adasında, Çatal kuyruk (Bilgemre 1950) ya da Bodur (Bilgemre 1950, Batu 1959) (*green*, *G. varies* Shaw and Nodder 1798) yabani tavuk türleridir.



Şekil 2.1 Evcil tavuğun evcilleştirme yolları (Stevens 1991, Crawford 1995)



Şekil 2.2 Asya kıtasında yabani tavuk türleri ile kırmızı yabani tavuk (RJF) alttürlerinin coğrafi dağılımı (West and Zhou (1989) ve Stevens (1991)'den değiştirilerek çizilmiştir)

A: Hindistan kırmızısı, B: Burma kırmızısı, C: Tonkinez kırmızısı, D: Koşin ve E: Bankiva.

Tavuk türlerinin / alttürlerinin isimlendirilmesinde zaman içinde bazı değişiklikler yapılmıştır. Kırmızı yabani tavuk (*G. gallus*) daha önceleri *G. bankiva* ve *G. ferrugineus* olarak isimlendirilmiştir. Yine Seylan (*G. lafayettei*) tavuk türü daha önceleri *G. stanleyi* olarak isimlendirilmiştir. Benzer şekilde Bodur (*G. varies*) tavuk türü *G. furcatus* olarak literatüre geçmiştir. Belirtilen açıklamalar ışığı altında Crawford (1990)'e göre, evcil tavuğun sistematikteki yeri şu şekildedir.

Şube	:	Vertabrates
Sınıf	:	Aves
Takım	:	Galliformes
Alt takım	:	Galli
Familya	:	Phasianidae
Alt familya	:	Phasianinae
Tribus	:	Phasianini
Cins	:	<i>Gallus</i>
Tür	:	<i>Gallus gallus</i>

Darwin (1868), evcil tavukların tek bir kökene bağlı olarak evcilleştirildiğini ve kırmızı yabani tavuk (RJF, *red jungle fowl*) ların evcil tavukların en yakın atası olabileceğini ileri sürmüştür (Stevens 1991). Stevens (1991)'in bildirdiğine göre, Darwin (1868)'nin hipotezindeki düşünceleri; a) evcil tavuğun kırmızı yabani tavuk ile serbestçe çiftleşmesine, b) elde edilen döllerin dölverme kabiliyetlerinin yüksek olmasına, c) ötüşlerinin benzemesine ve d) akrabalı yetiştirmenin arttığı evcil tavuklarda tüy rengi bakımından RJF'a benzeyen kırmızı-siyah tüylü döllerin meydana geliyor olmasına dayanmaktadır. Kırmızı yabani tavuk, Güney-Doğu Asya'da Pakistan'dan Çin'e, Güney Doğu Hindistan, Burma ve İndo-Çin'in büyük bir bölümü ile Sumatra, Java ve Bali adalarını da içine alan çok geniş bir coğrafyaya yayılmıştır (Şekil 2.2). Weigend and Groeneveld (2008)'in bildirdiklerine göre moleküler genetik markerler yardımıyla evcil tavuğun Darwin (1868)'nin belirttiği gibi tek bir kökenden ziyade farklı kökenlere bağlı olarak evcilleştirildiği de düşünülmektedir. Bu düşünce, mtDNA analizleri (Fumihito *et al.* 1994) ve Güney Asya'daki evcil tavukların farklı kökenlere sahip olduğu teorisiyle de desteklenmektedir (Oka *et al.* 2007). Uzun yıllar süren evcilleştirme ve ıslah faaliyetlerine bağlı olarak tavuklar çeşitli ülke, kıta ve kültürlerle dağılmıştır. Bunun sonucunda da bugün çok fazla sayıda tavuk ırkı mevcut bulunmaktadır (Crawford 1995).

2.2 Türkiye Yerli Tavuk Irkları

Türkiye yerli tavuk ırklarına ait ilk gözlemler Ekimci (1931), Bilgemre (1939, 1950) ve Karaesmen (1944) tarafından bildirilmiştir. Tavukçuluk Enstitüsünde Denizli ırkı tavuklarının 1933-1936 yılları arasında yumurta ağırlığı ve yumurta verimlerinin ilk kez kışlık ve yazlık olmak üzere yılda iki defa tespit edildiğini ve bu verim özelliklerine ait eğrilerin oluşturulduğunu yine Bilgemre (1939)'nin bildirişi ile öğrenmekteyiz.

Âli Ticaret Mektebi Müderrislerinden, İstanbul Ziraat Odası Reisi ve Ziraat, Ticaret Gazetesi Sahibi Salih Zeki EKİMCİ, 1931 yılında yazmış olduğu ve memleketimizdeki tavuk merakının ve tavukçuluğun kısa bir tarihçesinin de bahsedildiği “Asri TAVUKÇULUK” isimli eserinin “Müellifin birkaç sözü ve Memleketimizde Tavukçuluğun Tarihçesi” başlıklı giriş bölümünde tavukçuluğun mevcut durumunu şu cümleler ile anlatmaktadır. “*Vaktile İstanbulda pek meşhur olan ve fakat bugün misli bulunmayan ‘Süslü’ ve ‘Timurlenk’ tavukları ‘Padu’ ırkının yakışıklı bir nevi olarak İstanbulda yetiştirilmişti. Maateessüf bugün nesilleri kesilen hakiki ‘Gerze’ ve ‘Mısri’ tavuklarıyla, tepeli Fizan, paçalı Nemse ırklarının pek çok meraklıları vardı. Yakışıklı ve nefis etli Hacıkadın tavuklarını uzun ve kalın öten ‘Denizli’ ince ve uzun sesli ‘Berat’ horozlarını zevk için besleyenler çoktu. Saraylar ve bazı zenginler; Avrupa’dan muhtelif nevilerde süslü tavuklar getirerek beslerlerdi.*” Türkiye’de yetiştirilen çeşitli kabiliyetlerde tavukların bulunduğu ve bunlar hakkında esaslı bir malumatın alınamadığını belirten Ekimci (1931)’ye göre, “*yerli tavuk nesilleri içinde horozlarının kalın ve uzun sesleriyle maruf (Denizli), diğeri de etlerinin nefaseti ve şekillerinin zerafeti ile meşhur (Hacıkadın)*” iki ırk safiyetlerini muhafaza etmektedirler.

Yüksek Ziraat Enstitüsü Genel ve Özel Zootečni Profesörü ve Tavukçuluk Enstitüsü Direktörü Ord. Prof. Dr. Kadri BİLGEMRE (1939)’ye göre, Anadolu da bulunan yerli tavuk ırkları çeşitli sebeplerden dolayı kendi içlerinde ve başka ülkelerden getirilen ırklara ait tavuklarla karışmış ve melezlenmiştir. Anadolu çok eski zamandan beri çeşitli kavimlere geçit teşkil ettiğinden bu karışma ve melezleşme durumunun ne zaman başladığı tahmin edilememektedir. Kocaelinde yetiştirilen yerli tavukların renklerinin İtalyan tavuğuna benzedikleri ifade edilmiştir. 1930’lu yıllarda saf olduğu iddia edilen yerli tavuk ve horozların hemen hepsinin kültür ırklarıyla (özellikle de Plymouth tavuk ırkı ile) melezlenmiş olabileceği bildirilmektedir. Bu düşünce Karaesmen (1944)

tarafından da paylaşılmaktadır. 1930'lu yıllarda doğu ve batıda mevcut hemen hemen tüm tavuk ırklarının İstanbul'a getirildiği, buradan çeşitli yollarla tekrar Anadolu'ya gelişi güzel bırakıldığı ve bunun sonucunda da farklı genotiplerin melezlenmesiyle karışık bir durumun ortaya çıktığı vurgulanmıştır (Bilgemre 1939, 1950).

Türkiye'de düzenli işletmelerde yetiştirilenler dışında kalan bütün tavuklara "Yerli" dendiğini, Türkiye'nin her köyünde, ev avlusunda veya köy meydan ve sokaklarında dolaşarak yiyecek arayan bu tavukların var olduğunu bildiren Düzgüneş (1990) bunların, farklı zamanlarda Türkiye'ye getirilmiş çeşitli ırkların karışımı olduğunu bildirmiştir. Düzgüneş (1990), Türkiye'ye ne zaman geldikleri bilinmeyen "Denizli", "Gerze" ve "Çıplak Boyun" olmak üzere üç yerli ırkın saf olarak korunduğunu ve bunların en tanınmış olanının ise "Denizli" olduğunu bildirmektedir.

Türkiye yerli tavuk ırkları içinde diğer ırklara oranla Denizli tavuk ırkı ayrı bir önem taşımakta olup çalışmalar bu ırkın tanımlanması üzerine yoğunlaşmıştır. Denizli tavuğunun tanımlanmasına yönelik olarak yapılan çalışmalar kronolojik sırayla şu şekilde özetlenebilir. Çağdaş anlamda kapsamlı ilk bilimsel veriler Şekeroğlu (1994)'nın bildirdiğine göre Tatman (1971) tarafından elde edilmiştir. Çeşitli özellikler bakımından Denizli ve Gerze tavuk ırklarına ait karşılaştırılmalı ve tanımlayıcı ilk veriler ise Şekeroğlu (1994) tarafından yapılmıştır. Bazı verim özelliklerinin belirlenmesi (Nazlıgül *et al.* 1995), ergin canlı ağırlık ile yumurta ağırlığı arasındaki ilişkinin tespit edilmesi (Atasoy ve Gürcan 2000), kan gruplarının ortaya konması (Aksoy *vd.* 2000), yumurta kalite özelliklerinin tespit edilmesi (Atasoy ve Gürcan 2001), tüylenme özelliklerinden yararlanılarak günlük civcivlerde cinsiyetin belirlenmesi (Aksoy *vd.* 2002), farklı yerleşim sıklığı ve kafes konumlarının bazı verim özellikleri ile dış görünüş üzerine etkileri (Yener 2003) ve teleklenme ve telek özelliklerinin incelenmesi ile değişik haftalardaki canlı ağırlıkların tespit edilmesi ve erkek ve dişi piliçlerin ayak derilerine göre ayrılabilirliklerinin araştırılmasına (Kaplan 2004) yönelik yapılmış olan münferit araştırmalar ve tez çalışmaları mevcut bulunmaktadır.

Ayrıca, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde (TAGEM/97/17/01/003, Türkiye Yerli Tavuk Gen Kaynaklarının Korunması Projesi) koruma altına alınmış olan Denizli ve Gerze tavuk ırklarında elde edilen ve mevcut sürülerin tanımlanmasında

kullanılabilecek ilk veriler de yayınlanmaya başlanmıştır. Bu amaçla, Denizli ve Gerze sürülerinde yumurta verimi ve yumurta ağırlığı özelliklerinin belirlenmesine (Özdoğan ve Gürcan 2006) ve yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki fenotipik korelasyonların tespit edilmesi ile yumurta ağırlığının tekrarlanma derecesinin tahmin edilmesine (Özdoğan vd. (2007) yönelik araştırmalar tamamlanmıştır.

Türkiye yerli tavuk ırkları olarak Denizli, Gerze, Hacı Kadın ve Sultan ırklarının olduğu düşünülmektedir. Mevcut durumda Denizli ve Gerze ırkları Tarım ve Köyişleri Bakanlığı tarafından Denizli Horozu Üretim İstasyonu (Denizli) ve Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü (Ankara) birimlerinde gen kaynaklarını koruma, çeşitli özel işletmelerde ise merak ya da hobi amaçlı olarak yetiştirilmektedir. Denizli ve Gerze tavuk ırkları Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü tarafından yürütülen TAGEM/97/17/01/003 proje numaralı ve “Türkiye Yerli Tavuk Gen Kaynaklarının Korunması Projesi” başlıklı proje ile koruma altına alınmış Türkiye yerli gen kaynaklarından sadece ikisidir.

2.2.1 Denizli tavuk ırkı

Ekimci (1931), Denizli ile Leghorn ırklarını karşılaştırmıştır. Buna göre;

- a) Denizli tavuklarının cüsselerinin (2.5-3.0 kg) Leghorn tavuklarına (1,5 kg) oranla büyük ve semirmelerinin kolay olduğu,
- b) Denizli tavuklarının yumurtalarının (60-65 g bazan 70 g) Leghorn tavuklarına (50-52 g) oranla daha ağır olduğu ve,
- c) Denizli tavuklarının senede ne kadar yumurtladıklarının henüz hiçbir yerde kontrol ve tecrübe edilmediğini ancak gösterdikleri bütün evsafın yumurtacı tavukların gösterdiği evsafın aynısı olduğu bildirilmiştir (Çizelge 2.3).

Bilgemre (1939), Tavukçuluk Enstitüsünde Denizli ırkı tavuklarının 1933-1936 yılları arasında kışlık ve yazlık olmak üzere yumurta ağırlığı ve yumurta verimlerinin tespit edildiğini ve bu verim özelliklerine ait eğrilerin oluşturulduğunu bildirmektedir. Yerli ırklar içerisinde saflığını en fazla muhafaza eden ırkın Denizli olduğunu bildiren Bilgemre (1939), Denizli tavuklarının beyaz ve diğer renklerde olduğunu ve tamamının vücut yapılışı itibarıyla yumurtacı tipte olduğunu belirtmektedir. Beyaz Denizli tavuklarının renkli Denizli tavuklarından daha yüksek vücut yapılışı, daha büyük kuyruklu ve daha az verimli olduğunu bildirilmiştir. Uzun zaman seleksiyon yapılan

Denizli tavuklarında siyah renkli tavukların meydana çıktığı gibi renkli Denizli tavuklarında da çeşitli renk açılmalarının görüldüğü, beyaz Denizli tavukları renklilere oranla küçük yumurta verdikleri ve civcivlerin geç tüylendikleri bildirilmektedir. Ayrıca, 1935 ve 1936 yıllarında Ankara’da Tavukçuluk Enstitüsünde Denizli ırkı tavukların ıslah edilmesine yönelik olarak biri siyah diğeri beyaz olmak üzere hafif cüsseli iki yerli tipin geliştirilme çalışmaları da başlatılmıştır (Bilgemre 1939, 1950).

Karaesmen (1944) Denizli ırkı tavukların esas olarak Ege bölgesinde yetiştirilmekle beraber diğer bazı bölgelerde de bu ırka rastlandığını bildirmektedir. Karaesmen (1944)’e göre; Denizli tavukları çeşitli özellikler bakımından farklı renklerde (İtalyan tavuğuna benzeyen al renkte olanları da mevcuttur), balta ve gül ibikli, çıplak kırmızı yanaklı, ufak beyaz kulaklı, orta büyüklükte sakallı, uzun ve kalkık kuyruklu, kül renkli bacaklı, soğuk ve neme karşı dayanıklı olarak tanımlanmıştır. Denizli ırkı tavuklarının yumurtacı tipte bir vücut şekline sahip oldukları, yumurta verimlerinin kesin olarak bilinmediği, etlerinin lezzetli ve kuvvetli olduğu ve 120 sayısını sayıncaya kadar uzun öten horozların varolduğu bildirilmiştir.

Tatman (1971), Çizelge 2.3’de özetlenen araştırmasında Denizli tavuklarında cinsi olgunluk yaşının yaklaşık 8 ay, Denizli horozlarının ilk ötüşe gelmelerinin 6-7 ay, ergin horozların ötüş süresinin ise 15-16 saniye olduğunu ifade etmiştir (Şekeroğlu 1994).

Düzgüneş (1990)’e göre, Denizli ili ve civarında küçük üniteler halinde yetiştirilen Denizli tavuğu ırkında horozlarda meydana gelen tüy rengi farklılıkları bakımından, demir-kırı, pamuk-kırı, pekmez-kefi, şarabi (al) ve siyah olmak üzere beş farklı varyetesinin bulunduğu bildirilmektedir (Şekil 2.3). Bu varyetelerin özel işletmelerde saf olarak korunmasının tamamen yetiştiricilerin bilgi düzeyine bağlı kaldığı, iri beyaz yumurta yumurtladıkları, balta ibikli, beyaz kulakçıklı, siyah gagalı, koyu boynuz renkli ayaklara sahip bulundukları, sürmeli gözlerin bütün varyetelerin ortak özelliği olduğu, ayak renginin cinsiyete bağlı resesif bir kalıtım modeli gösterdiği, bu özelliğin çıkıştan üç hafta sonra tespit edilebildiği, iri ve yüksek vücut yapılı oldukları, cinsi olgunluğa geç eriştikleri (200 gün), civcivlerin geç tüylenmelerinden dolayı ölüm oranının yüksek olduğu ve farklı çevre şartlarına uyum sağlama yeteneğinin zayıf olduğu ifade edilmektedir. Denizli tavuklarının doğal yetiştirme koşullarından uzaklaştırıldığında, özellikle sıcaklık ve nem değişikliklerine uyum sağlamada büyük güçlük çektikleri ve

nemli bölgelerde yetiştirilen Denizli horozlarının ötüş sürelerinin kısaldığı bildirilmektedir (Çizelge 2.3).

Sinop Tavukçuluk Üretim İstasyonu'nda yapılan çalışmalarda bu ırkın standartlarda belirtilen verim özelliklerinden önemli bir farklılık göstermediği ortaya konmuştur. Çizelge 2.3'de özetlenen çalışmada kullanılan Gerze tavukları, 1985 yılında Sinop'un çeşitli köylerinden toplanmıştır. Denizli ırkı tavukları ise 1986 yılında Denizli Üretim İstasyonundan sağlanan yumurtalardan üretilmiştir. Çalışmada ele alınan hemen hemen tüm özellikler bakımından Gerze ırkı tavuklarından elde edilen veriler Denizli ırkı tavuklardan elde edilen verilere oranla daha yüksek tespit edilmiştir (Şekeroğlu 1994, Şekeroğlu ve Özen 1997).

Denizli ırkına ilave olarak 3 farklı yumurtacı genotipe ait civcivlerin materyal olarak kullanıldığı araştırmada Nazlıgül *et al.* (1995), yumurta verimi, yumurta ağırlığı, yumurta sarısı ağırlığı, canlı ağırlık, bacak uzunluğu ve yem tüketimleri bakımından Denizli ırkının tanımlayıcı değerleri elde edilmiştir (Çizelge 2.3).

Bir Denizli tavuğu sürüsünde ergin canlı ağırlık, yumurta ağırlığı ve bu özellikler arasındaki ilişkilerin incelendiği araştırmada Atasoy ve Gürcan (2000), yumurta ağırlığının tekrarlanma derecesini 0.68 olarak tespit etmiştir. Yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki korelasyon katsayısı 0.20, yumurta ağırlığı ile yumurta sayısı arasındaki korelasyon katsayısı ise 0.28 olarak tahmin edilmiştir (Çizelge 2.3).

Kan grupları bakımından Denizli tavuğu ırkının tanımlanmasına yönelik yapılan çalışmada, Denizli tavuğu popülasyonunda A, B, C, D, E ve L kan grubu sistemlerine ait allel genleri tespit edilmiş ve D kan grubu sistemi içerisinde yeni bir allelin (D7) belirlendiği bildirilmiştir (Aksoy *vd.* 2000).

Denizli ve bir ticari sürüde yumurta ağırlığı, şekil indeksi, kırılma direnci, kabuk kalınlığı, sarı indeksi, ak indeksi, Haugh birimi ve yumurta sarı rengi özellikleri üzerinde durularak karşılaştırmalı bir araştırma yapılmıştır (Atasoy ve Gürcan 2001). Çalışmada üzerinde durulan özellikler bakımından Denizli ırkında yüksek varyasyonun bulunduğu ve bundan ıslah faaliyetinde yararlanılabileceği ifade edilmiştir (Çizelge 2.3).

Aksoy *vd.* (2002), Denizli ırkı bir tavuk sürüsünde, günlük civcivlerin kanat teleklerinin çabuk ve yavaş büyüme özelliklerinden yararlanılarak cinsiyetin belirlenmesi olanaklarını araştırmışlardır. Araştırma sonucunda, Denizli tavuklarının kanat teleklerindeki farklılıktan yararlanılarak veya ayak derisi rengine göre cinsiyet ayrımı yapılabilen otoseks civcivler üretilbileceği kanaatine varılmıştır.

Yener (2003), Denizli ırkı sürüsü ile bir ticari sürüde farklı yerleşim sıklığı ve kafes konumlarının canlı ağırlık, yumurta verimi, yumurta ağırlığı ve yaşama gücü ile dış görünüş (tüylenme kondisyonu, ayak sağlığı, tırnak uzunluğu ve yaşama gücü) üzerine etkilerini araştırmıştır. Söz konusu çalışmada, Denizli tavuklarının daha ürkek, kafes koşullarına daha yabancı oldukları gözlenmiş ve bu durum Denizli ırkı üzerinde önemli bir ıslah çalışmasının yapılmamış olması ile açıklanmıştır. Kafes konumunun dış görünüş özellikleri üzerine etkili olmadığı, yerleşim sıklığının yumurta verimi ile tüylenme kondisyonunu etkilediği ve tavuk başına en uygun kafes taban alanını 984 cm³ (2 tavuk / kafes başına) olduğu sonucuna varılmıştır. Ayrıca, yumurta ağırlığı ortalama 64.4 g olarak bildirilmiştir.

Kaplan (2004), Denizli ırkı bir sürüde telek gelişimi, telek rengi ve ayak derisi özellikleri üzerinde durarak erkek ve dişi piliçlerde cinsiyet ayrımının yapılabilirliğini araştırmıştır. Telek rengi ve ayak derisi rengi özellikleri bakımından Denizli ırkında cinsiyet ayrımının yapılabileceği sonucuna varılmıştır. Ayrıca, araştırmada canlı ağırlık ortalamaları 22. hafta sonunda dişilerde ve erkeklerde sırasıyla 1423.73 g ve 2060.14 g olarak tespit edilmiştir.

Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde (TAGEM/97/17/01/003, Türkiye Yerli Tavuk Gen Kaynaklarının Korunması Projesi) koruma altına alınmış olan Denizli ırkında yapılan çalışmalarda mevcut populasyonun tanımlayıcı ilk verileri elde edilmiştir (Özdoğan ve Gürcan 2006, Özdoğan *vd.* 2007).

Özdoğan ve Gürcan (2006) tarafından yapılan araştırmada, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bulunan koruma altına alınmış olan Denizli ırkına ait sürüden rastgele seçilmiş toplam 235 adet Denizli tavuğu materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada 24-52. haftalar arasında Denizli ırkında toplam yumurta verimi (% HH) % 55.48±0.58, ortalama yumurta sayısı 112.59±3.06 adet ve ortalama yumurta ağırlığı

52.94±0.36 g olarak tespit edilmiştir. Ayrıca, araştırmada Denizli sürüsünde yumurta sayısı bakımından varyasyonun yüksek olduğu ifade edilmiştir (Çizelge 2.3).

Özdoğan vd. (2007) tarafından yapılan araştırmada, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bulunan koruma altına alınmış olan Denizli ırkına ait sürüden rastgele seçilmiş toplam 235 adet Denizli tavuğu materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada 24-52. haftalar arasında yumurta ağırlığı artışı, yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki fenotipik korelasyonlar ve yumurta ağırlığının tekrarlamaya derecesi tespit edilmiştir. Yumurta ağırlığının tekrarlamaya derecesi 0.46±0.01 olarak tahmin edilmiştir. Ayrıca, yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki fenotipik korelasyon katsayısı 0.29 olarak hesaplanmış olup bu değer istatistik olarak önemli bulunmuştur ($P<0.001$) (Çizelge 2.3).

Denizli tavuk ırkının morfolojik, performans, davranış özelliklerini, ırkın özel yeteneklerini, yetiştirme şartları ile bazı özelliklerini ortaya koyan bir standart hazırlanmış ve resmi gazetede ([http://rega.basbakanlik.gov.tr/Eskiler/2004/12/20041212 .htm](http://rega.basbakanlik.gov.tr/Eskiler/2004/12/20041212.htm) EK-18:Yerli Hayvan Irk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (No: 2004/39), 12 Aralık 2004 tarihli 25668 sayılı Resmi Gazete) yayınlanmıştır (Çizelge 2.1). Hazırlanan Denizli tavuk ırkı standardına bakıldığında ırkın genetik özellikleri başlığı altında sadece kan gruplarına ait sınırlı sayıda veriler sunulmuş bulunmaktadır. Diğer moleküler genetik markerlere ait herhangi bir veriye rastlanılmamıştır.



Şekil 2.3 Denizli tavuk ırkı horoz varyeteleri ile Denizli tavuk ırkı civcivi, yarkası ve tavuğu (Dr. Neval ÖZDOĞAN, Zir. Müh. Mustafa ÜNAL)

Çizelge 2.1 Denizli tavuk ırkı standardı

EK-18. Yerli Hayvan İrk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (No: 2004/39) 12 Aralık 2004 Tarihli 25668 Sayılı Resmi Gazete http://rega.basbakanlik.gov.tr/Eskiler/2004/12/20041212.htm							
Türü	Evcil tavuk (<i>Gallus domesticus</i>).						
İrki	Denizli.						
Varyetesi	Yok.						
Yayılma Alanı	Denizli ve yöresinden köken almıştır. Anadolu'nun pek çok yerinde görülebilir.						
Yetiştirme Amacı	Yumurta, özel merak.						
MORFOLOJİK ÖZELLİKLERİ							
Genel Tanımı							
	Erkek				Dişi		
Baş Yapısı	Normal büyüklüktedir.				Normal büyüklüktedir.		
İbik Yapısı	Balta ibiktir.				Balta ibiktir.		
Gaga Yapısı	Genellikle uzun, kalın ve üst gaga aşağı doğru eğimli, gaga rengi koyu gridir.				Erkekler göre kalınlığı ve eğimi daha az, gaga rengi koyu gridir.		
Burun Delikleri	Küçüktür.				Küçüktür.		
Yüz Yapısı	Uzun ve hafif tüylüdür.				Belirgin ve hafif tüylüdür.		
Göz Yapısı	Orta büyüklükte, yuvarlak, kahverengi ve sürmelidir.				Yuvarlak, orta büyüklükte ve kahverengidir.		
Gerdan	Yoktur.				Yoktur.		
Kulak ve Lopları	Kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulak lopları belirgin, kırmızı renkte ya da kırmızı üzerinde beyazlık olabilir.				Kulakları kısa tüylerle kaplı,kulak lopları erkekler göre küçük, kırmızı renkte ya da üzerinde hafif beyazlık olabilir.		
Kakül	Yoktur.				Yoktur.		
Sakal	Geniş ve kısa ya da orta uzunluktadır.				Geniş ve erkekler göre kısadır.		
Boyun Yapısı	Uzun ve tüylüdür.				Orta uzunlukta ve tüylüdür.		
Ense Yapısı	Orta uzunlukta, kalın ve tüylüdür.				Kısa, kalın ve tüylüdür.		
Kuyruk Yapısı	Sağlam yapılı, gösterişli, vücuda bağlantısı dik ve, veya yatay şekildedir.				Sağlam yapılı, orta boyda yukarı kalkık ve diktir.		
Kanat Yapısı	Büyük, güçlü ve tüylü kanatları vardır.				Büyük ve tüylüdür.		
Göğüs Yapısı	Orta derinliktedir.				Orta derinliktedir.		
Ayak ve Tırnak Yapısı	Bacaklar yüksek, sağlam yapılı, düz duruşlu, incik, ayak derisi ve pulları açık ya da koyu gri renkte, tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzludur.				Bacaklar erkekler göre daha kısa, incik, ayak derisi ve pulları açık ya da koyu gri renkte, tüysüz, dört parmaklıdır.		
Telek Rengi	Vücudu örten tüy ve telekler siyahtır, boyun sırt ve kanatta renkli telekler bulunur. Bunlar renklerine göre demir kır, pamuk kır, kefi sarı, al ve siyah olmak üzere beş şekilde adlandırılır.				Bazılarının boynunda görülebilen eser miktardaki renk dışında tamamen siyahtır.		
Deri Rengi	Beyazdır.				Beyazdır.		
Yumurta Kabuk Rengi	Beyazdır.						
PERFORMANS ÖZELLİKLERİ							
	Erkek				Dişi		
	Min.	Max.	Ort.	Min.		Max.	Ort.
Ergin Canlı Ağırlıkları, g			2000				1500
Cinsel Olgunluk Yaşı, hafta			24				24-25
Yıllık Yumurta Verimi, adet	Ort.: 110						
Yumurta Büyüklüğü	Orta ağırlıktadır.						
DAVRANIŞ ÖZELLİKLERİ							
Erkekler ergin dönemle birlikte saldırgan özellik sergileyebilmektedir. Dişilerin özellikle kafeste ürkek davranış gösterdikleri görülmektedir.							
İRKİN ÖZEL YETENEKLERİ							
Erkekler uzun ötüşleri ile ünlüdür (yaklaşık 15-16 sn).							
YETİŞTİRME ŞARTLARI							
Ekstansif ve yarı entansif ortamlarda yetiştirilmektedir.							
GENETİK ÖZELLİKLERİ							
A,B,C,D,E,L kan grubu sistemlerine ait allel genler belirlenmiştir.							
Kanat ucu telekleri uzunluk farklılıklarından yararlanarak otoseks civcivler üretilebileceği ve ayak derisi rengine göre otoseks sürüler üretilebileceği belirlenmiştir.							
DİĞER ÖZELLİKLERİ							

2.2.2 Gerze tavuk ırkı

Özdoğan ve Gürcan (2006)'nın yapmış olduğu derlemeye göre, Gerze tavuk ırkı şu şekilde tanımlanmıştır. Gerze tavuk ırkı, Sinop'un Gerze bölgesinin lokal bir ırkıdır. Çatal ibikli, yüz yapısı orta uzunlukta ve hafif tüylüdür. Orta büyüklükte olan gözler yuvarlak ve kahve rengidir. Burun delikleri büyük ve gaga üzerinde çıkıntılı, gaga gri renk tonlarında ve orta uzunluktadır. Kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulak lopları erkeklerde çok belirgin her iki tarafta beyazdır. Sakal geniş yada orta genişlikte ve erkeklerde uzundur. Boyun yapısı erkeklerde uzun ve tüylü, dişilerde orta uzunlukta ve tüylüdür. Kuyruk sağlam yapılı, erkeklerde gösterişlidir. Kanat büyük ve geniştir. Göğüs orta derinliktedir. Vücut siyah tüylerle kaplıdır. Erkeklerde kuyruk tüyleri ışık altında yeşilsiyah bir görünüm verir. Deri rengi beyazdır. İncik, ayak derisi ve pulları gri renk tonlarında, tüsüz, dört parmaklı ve mahmuzludur. Bacaklar erkeklerde sağlam yapılı, yüksek ve sağlam duruşlu, dişilerde daha kısadır. Yumurta kabuk rengi beyazdır.

Gerze tavuğunu Hacıkadın tavuğu olarak ta isimlendiren Ekimci (1931)'ye göre bu tavukların Fransız Fileş (*La Fleshe*) ırkından çok az farklılıklar gösterdiğini bildirmektedir. Ekimci (1931), ayrıca Hacıkadın tavuklarının et tavuğu olarak ıslah edilmesinde başarı sağlanabileceğini de ifade etmektedir.

Gerze ırkı tavuklarının (Şekil 2.4) esas olarak Orta Karadeniz bölgesinde yayılmış olduğunu belirten Karaesmen (1944)'e göre Gerze tavuklarının göze çarpan en önemli özelliklerinin burun üzerinde iki deliğinin bulunmasıdır. Bu özelliğinden dolayı Gerze tavuğunun yılan başı görünümünde olduğu yine aynı araştırmacı tarafından belirtilmiştir.

1960'lı yıllarda Sinop Küçük Evcil Hayvanlar İstasyonu'nda kurulan küçük bir Gerze tavuk ırkı sürüsünün verim düşüklüğü sebebiyle elden çıkarıldığı, bu ırkın parlak siyah tüylü, uzunca beyaz kulakçıklı ve çatal ibikli olduğu; yumurtalarının beyaz, iri ve yıllık verimlerinin 60-70 adet olduğu ve ergin tavukların 2.7-3.2 kg. horozların ise 3.4-4.0 kg ağırlığında bulundukları bildirilmektedir (Düzgüneş 1990) (Çizelge 2.3).

Sinop Tavukçuluk Üretim İstasyonu'nda yapılan bir çalışmada 52. hafta yumurta verimleri 93.95 adet, yumurta ağırlıkları 47.60 g, ergin canlı ağırlıkları horozlarda 2317.86 g, tavuklarda 1706.32 g olarak belirlenmiştir (Şekeroğlu 1994) (Çizelge 2.3).

Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde (TAGEM/97/17/01/003, Türkiye Yerli Tavuk Gen Kaynaklarının Korunması Projesi) koruma altına alınmış olan Gerze tavuk ırkında yapılan çalışmalarda mevcut populasyonun tanımlayıcı ilk verileri elde edilmiştir (Özdoğan ve Gürcan 2006, Özdoğan vd. 2007).

Özdoğan ve Gürcan (2006) tarafından yapılan araştırmada, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bulunan koruma altına alınmış olan Gerze ırkına ait sürüden rastgele seçilmiş toplam 59 adet Gerze tavuğu materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada 24-52. haftalar arasında Gerze ırkında toplam yumurta verimi (% HH) % 46.52 ± 2.75 , ortalama yumurta sayısı 94.06 ± 4.37 adet ve ortalama yumurta ağırlığı 47.85 ± 0.59 g olarak tespit edilmiştir. Araştırmada Gerze sürüsünde yumurta sayısı bakımından varyasyonun yüksek olduğu ifade edilmiştir (Çizelge 2.3).

Özdoğan vd. (2007) tarafından yapılan araştırmada, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bulunan koruma altına alınmış olan Gerze ırkına ait sürüden rastgele seçilmiş toplam 59 adet Gerze tavuğu materyal olarak kullanılmıştır. Araştırmada 52. hafta arasındaki yumurta ağırlığı artışı, yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki fenotipik korelasyonlar ve yumurta ağırlığının tekrarlamaya derecesi tespit edilmiştir. Araştırmada 52. haftadaki ortalama yumurta ağırlığı 47.84 ± 0.59 g olarak tespit edilmiştir. Yumurta ağırlığının tekrarlamaya derecesi 0.35 ± 0.03 olarak tahmin edilmiştir. Ayrıca, yumurta ağırlığı ile canlı ağırlık arasındaki fenotipik korelasyon katsayısı (0.46) istatistik olarak önemli bulunmuştur ($P < 0.001$) (Çizelge 2.3).

Gerze tavuk ırkının morfolojik, performans, davranış özellikleri, yetiştirme şartları ile bazı özelliklerini ortaya koyan bir standart hazırlanmış ve 12 Aralık 2004 tarihli 25668 sayılı resmi gazetede (<http://rega.basbakanlik.gov.tr/Eskiler/2004/12/20041212.htm>, EK-19: Yerli Hayvan İrk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (No: 2004/39) 12 Aralık 2004 tarihli 25668 Sayılı Resmi Gazete) yayınlanmıştır (Çizelge 2.2). Hazırlanan Gerze tavuk ırkı standardına bakıldığında ırkın özel yetenekleri ve genetik özellikleri başlıkları altında herhangi bir veriye rastlanılmamıştır.



Şekil 2.4 Gerze tavuk ırkı horoz ve tavuğu

2.2.3 Çıplak boyun

Düzgüneş (1990)'e göre, çoğunlukla Güney Ege (Muğla) köylerinde tutulan bu tavuk, kirli sarı ve koyu kahverengi tüy rengine sahiptir. Ergin tavuklar 2.8-3.5 kg ağırlığındadır. Yumurta verimleri diğer yerlilere oranla yüksektir (100-120). Yumurta beyaz ve kirli beyazdır. Herhangi bir devlet kuruluşunda denenmemiştir.

2.2.4 Denizli ve Gerze tavuk ırklarının karşılaştırılması

Çeşitli özellikler bakımından Denizli ve Gerze tavuk ırklarına ait tanımlayıcı veriler esas olarak, Ekimci (1931), Bilgemre (1939), Tatman (1971), Düzgüneş (1990), Şekeroğlu (1994), Nazlıgül *et al.* (1995), Atasoy ve Gürcan (2000), Atasoy ve Gürcan (2001), Hazırlanmış olan ve Çizelge 2.1 ve 2.2'de verilen ırk standartları, Özdoğan ve Gürcan (2006) ve Özdoğan *vd.* (2007) tarafından yapılan çalışmalar sonucunda elde edilmiştir. Bu araştırma sonuçları karşılaştırılmalı olarak Çizelge 2.3'de özetlenmiştir.

Çizelge 2.2 Gerze tavuk ırkı standardı

EK-19. Yerli Hayvan İrk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (No: 2004/39) 12 Aralık 2004 Tarihli 25668 Sayılı Resmi Gazete http://rega.basbakanlik.gov.tr/Eskiler/2004/12/20041212.htm						
Türü	Evcil tavuk (<i>Gallus domesticus</i>).					
İrki	Gerze.					
Varyetesi	Yok.					
Yayılma Alanı	Sinop'un Gerze ilçesi ve çevresi.					
Yetiştirme Amacı	Yumurta, özel merak.					
MORFOLOJİK ÖZELLİKLERİ						
Genel Tanımı						
	Erkek			Dişi		
Baş Yapısı	Küçüktür.			Orta büyüklüktedir.		
İbik Yapısı	Büyük,çatal ibiktir.			Küçük, çatal ibiktir.		
Gaga Yapısı	Orta uzunlukta, güçlü, gaga rengi gri tonlarındadır.			Orta uzunlukta, gaga rengi gri tonlarındadır.		
Burun Delikleri	Büyük ve gaga üzerinde çıkıntılıdır.			Büyük ve gaga üzerinde çıkıntılıdır.		
Yüz Yapısı	Orta uzunlukta ve hafif tüylüdür.			Orta uzunlukta ve hafif tüylüdür.		
Göz Yapısı	Orta büyüklükte, yuvarlak ve kahverengidir.			Orta büyüklükte, yuvarlak ve kahverengidir.		
Gerdan	Yoktur.			Yoktur.		
Kulak ve Lopları	Kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulakların altında her iki tarafta çok belirgin beyaz kulak küpesi vardır.			Kulaklar kısa tüylerle kaplı, kulakların altında her iki tarafta erkeklere göre oldukça küçük, belirgin beyaz kulak küpesi vardır.		
Kakül	Yoktur.			Yoktur.		
Sakal	Orta genişlikte ve oldukça uzundur.			Orta genişlikte ve kısadır.		
Boyun Yapısı	Uzun ve tüylüdür.			Orta uzunlukta ve tüylüdür.		
Ense Yapısı	Kısa, kalın ve tüylüdür.			Kısa, kalın ve tüylüdür.		
Kuyruk Yapısı	Sağlam yapılı ve gösterişli, kuyruk tüyleri çoğunlukla dik ve yatay açılarla bağlantılıdır.			Sağlam yapılı, orta boyda yukarı kalkıktır.		
Kanat Yapısı	Büyük ve geniştir.			Büyük ve geniştir.		
Göğüs Yapısı	Orta derinliktedir.			Orta derinliktedir.		
Ayak ve Tırnak Yapısı	Bacaklar yüksek, sağlam yapılı, düz duruşlu, incik, ayak derisi ve pulları gri renk tonlarında, tüysüz, dört parmaklı ve mahmuzludur.			Bacaklar erkeklere göre daha kısa, incik, ayak derisi ve pulları gri renk tonlarında, tüysüz,dört parmaklıdır.		
Telek Rengi	Vücut siyah tüylerle kaplıdır. Parlak kuyruk tüyleri ışık altında yeşil-siyah bir görünüm verir.			Vücut siyah tüylerle kaplıdır.		
Deri Rengi	Beyazdır.			Beyazdır.		
Yumurta Kabuk Rengi	Beyazdır.					
PERFORMANS ÖZELLİKLERİ						
	Erkek			Dişi		
	Min.	Max.	Ort.	Min.	Max.	Ort.
Ergin Canlı Ağırlıkları, g			1850			1400
Cinsel Olgunluk Yaşı, hafta			24			24-25
Yıllık Yumurta Verimi, adet	Ort.: 90					
Yumurta Büyüklüğü	Küçüktür.					
DAVRANIŞ ÖZELLİKLERİ						
Erkekler boğuk ve kalın bir sese sahiptir. Erkekler ve dişiler oldukça ürkektir.						
İRKİN ÖZEL YETENEKLERİ						
YETİŞTİRME ŞARTLARI						
Ekstansif ve yarı entansif ortamlarda yetiştirilmektedir.						
GENETİK ÖZELLİKLERİ						
DİĞER ÖZELLİKLERİ						

Çizelge 2.3 Denizli ve Gerze tavuk ırklarının bazı özellikler bakımından karşılaştırılması

Özellik	İrk	Ekimeci (1931)	Bilgemre (1939)	Tatman (1971)	Düzgüneş (1990)	Şekeroğlu (1994)	Nazlıgil <i>et al.</i> (1995)	Atasoy ve Gürcan (2000)	Atasoy ve Gürcan (2001)	İrk standartları (Çizelge 2.1-2.2)	Özdoğan ve Gürcan (2006)	Özdoğan vd. (2007)
Yaşama gücü (%)	Denizli	Tavuk				85.88						
	Gerze	Horoz				90.00						
	Denizli	Tavuk	2.5-3 kg	2.5-3 kg		1914.57	2279	2597		1500		
	Gerze	Horoz			2.7-3.2 kg	2420.37				2000		
Canlı ağırlık (g)	Denizli	Tavuk			3.4-4.0 kg	1706.32				1400		
	Gerze	Horoz				2317.86				1850		
Toplam yem tüketimi (g/hayvan)	Denizli	Tavuk				23998						
	Gerze	Horoz				26918						
Günlük yem tüketimi (g)	Denizli	Tavuk				22706						
	Gerze	Horoz				27335						
% 50 verim yaşı (gün)	Denizli					121.0						
	Gerze											
% 50 verim ağırlığı (g)	Denizli					178						
	Gerze					186						
Yumurta verimi (adet)	Denizli		80-100		80-100	1500						
	Gerze				60-70	1436						
Yumurta ağırlığı (g)	Denizli		60-65	60-70		105.55				110	112.59	
	Gerze					93.95				90	94.06	
Döllülük oranı (%)	Denizli					44.00	55.4	56.47	55.15		52.94	52.94
	Gerze					47.60					47.85	47.85
Çıkış gücü (%)	Denizli					76.30						
	Gerze					95.93						
Kuluçka randımanı (%)	Denizli					87.62						
	Gerze					93.04						
Yumurta şekil indeksi	Denizli					67.04						
	Gerze					89.92						
Yumurta özgül ağırlığı (g/cm ³)	Denizli					75.98			74.30			
	Gerze					75.07						
Yumurta kabuk kalınlığı (mm)	Denizli					1.091						
	Gerze					1.089						
Yumurta kırılma mukavemeti (kg/cm ²)	Denizli					0.336	0.37		0.368			
	Gerze					0.330						
Yumurta sarı indeksi	Denizli					1.29	1.7		2.88			
	Gerze					1.40						
Yumurta akı indeksi	Denizli					44.63			45.34			
	Gerze					44.86						
Yumurta sarı renk ıskası	Denizli					7.27			5.48			
	Gerze					11.01						
Haugh birimi	Denizli					9.18	11.5		10.75			
	Gerze					8.11						
Yumurta sarısı ağırlığı (g)	Denizli					77.48			62.41			
	Gerze					90.27						
Yumurta sarısı yüksekliği (mm)	Denizli					14.7						
	Gerze					29.2						
Yumurta kabuk ağırlığı (g)	Denizli					16.8						
	Gerze											
Shank kemiği uzunluğu (mm)	Denizli					4.5						
	Gerze					4.9						
Yumurta ağırlığının tekrarlanma derecesi (R)	Denizli					110.9						
	Gerze											
Yum. ağır.-canlı ağır. arasındaki korr. kat. (r)	Denizli						0.68					0.46
	Gerze											0.35
Yum. ağır.-yum. say. arasındaki korr. kat. (r)	Denizli						0.20					0.29
	Gerze											0.46
Cinsi olgunluk yaşı	Denizli			8 ay	200 gün			0.28		24 haf		

2.3 Moleküler Genetik Çalışmalarda Kullanılan Yöntemler

Canlılarda ele alınan özellik / özellikler bakımından fenotipik varyasyonun çevre ve genotip olmak üzere başlıca iki kaynağı bulunmaktadır. Canlılar arasındaki genetik varyasyon ise üzerinde durulan özellik / özellikler bakımından genotipik yapıdaki farklılıkları ifade etmektedir. Genetik materyal çeşitli faktörlere bağlı olarak değişikliğe uğrayabilir. Bunun sonucunda da bireyler arasındaki genotipik farklılıklar meydana gelmektedir. Genetik materyalde meydana gelen farklılıkların temel kaynağı mutasyondur. Mutasyon (*mutation*) genetik materyalde meydana gelen ani ve kararlı değişiklikler olup, esas olarak nükleotit (nokta veya gen) ve kromozom seviyesinde meydana gelen farklılıkları ifade etmektedir. Belirtilen mutasyonlara ilave olarak homolog olmayan kromozomlar arasındaki parça değişimleri (*translocation*) ile eşeyli çoğalan canlılarda homolog kromozomlar arasında meydana gelen parça değişimleri (*crossing-over*) de canlılar arasındaki genetik farklılıkların temel nedenleri arasında yer almaktadır. Mutasyona ilave olarak şans, seleksiyon ve göçün de birlikte etkisiyle populasyonların gen ve genotip frekansları değişikliğe uğrayarak Hardy-Weinberg genetik dengesinde olan bir populasyon, uzun yıllar sonra köken aldığı populasyonun genetik yapısından çok daha farklı bir yapıya sahip olabilmektedir.

DNA seviyesindeki varyasyon belirli bir lokusta farklı allellerin (veya farklı nükleotitlerin) bulunmaları ile ortaya çıkmaktadır. DNA seviyesinde meydana gelen varyasyon esas olarak iki tipte meydana gelmektedir. Bu farklılıklar belirli bir lokusta nükleotit seviyesindeki farklılıklar ve parça uzunluk farklılıkları olarak ortaya çıkmaktadır (Şekil 2.5). DNA'nın bu değişken bölgelerindeki farklılıklardan yararlanarak bireyleri tanımlamak ve bireyler arasındaki farklılıkları ortaya koymak mümkün olmaktadır. Bu amaçla genomda var olan farklılıkları tespit etmek için çeşitli metotlar geliştirilmiştir (Butler 2005).

Nükleotit farklılığı (AB genotipi)

A alleli ----- AGA**C**TAGACATT -----

B alleli ----- AGA**T**TAGACATT -----

Parça uzunluk farklılığı (AB genotipi)

A alleli ----- **AATG** **AATG** **AATG** ----- 3 mikrosatelit tekrarı (**AATG**)₃

B alleli ----- **AATG** **AATG** ----- 2 mikrosatelit tekrarı (**AATG**)₂

Şekil 2.5 DNA molekülünde oluşan farklılıklar (Butler 2005'den değiştirilerek çizilmiştir)

Son 40 yıl içerisinde biyolojik organizmaların genetik yapıları ve bunların evrimi hakkında önemli bilgilerin elde edilmesinde enzim polimorfizmi ile diğer biyokimyasal markerlerden etkin bir şekilde yararlanılmıştır. İnsanlarda ABO kan grubu sisteminde olduğu gibi başarılı öncü çalışmalara rağmen, biyokimyasal genetik çalışmaları ve bunların canlıların evrimi araştırmalarında kullanımı esas olarak 1960 yıllarından sonra hız kazanmıştır. Bu tip çalışmalar 1990'lı yıllara kadar standart protokoller halinde yaygın bir şekilde uygulanmıştır. Biyokimyasal genetik çalışmaların doğasından kaynaklanan kimi zorluklarını gidermek amacıyla DNA molekülü seviyesinde daha duyarlı yeni yöntemlerin geliştirilme zorunluluğu ortaya çıkmıştır. Bu amaçla geliştirilen ve yaygın olarak kullanılan yöntemler arasında DNA-DNA hibridizasyonu (*DNA-DNA hybridization*), Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR, *Polymerase Chain Reaction*), Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD, *Random Amplified Polymorphic DNA*), Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP, *Amplified Fragment Length Polymorphism*), Tek Nükleotit Polimorfizmi (SNP, *Single Nucleotide Polymorphism*), Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP, *Restriction Fragment Length Polymorphism*), Basit Dizilim Tekrarları (SSR, *Simple Sequence Repeats*), Ardışık Basit Tekrarlar (STR, *Short Tandem Repeat* ya da *Simple Tandem Repeats*) ya da mikrosatelitler (*microsatellites*) ve DNA dizi (*DNA sequencing*) analizi gibi yöntemler yer almaktadır.

Yürütülen çalışmanın amacına, çalışılacak organizmanın türüne ve araştırmanın yürütüleceği laboratuvar olanakları gibi çeşitli nedenlere bağlı olarak, moleküler genetik çalışmalarda daha duyarlı sonuçların elde edilebilmesi için kullanılacak yöntemin belirlenmesi son derece önemlidir. Araştırmanın planlanma aşamasında kullanılacak olan yöntemin belirlenmesi araştırmanın yürütülmesi, araştırma maliyetinin belirlenmesi, elde edilecek sonuçların daha duyarlı olması ve çıktıların yorumlanması aşamalarını doğrudan etkileyen ana faktördür. Bu tip nedenlerden dolayı moleküler genetik çalışmalarında yararlanılan güncel yöntemlerin birbirlerinden olan farklılıklarının belirlenmesi ve bu farklılıklar doğrultusunda araştırma projelerinin tasarlanmasına dikkat edilmesi son derece önemlidir. Yaygın olarak kullanılan moleküler genetik yöntemlerin çeşitli kriterler bakımından karşılaştırılması Çizelge 2.4 (Avisé 2004)'de verilirken, bazı yöntemlerin ayırım gücü ve hızı bakımından farklı bir şekilde değerlendirilmesi ise Çizelge 2.5 (Butler 2005)'de yapılmıştır.

Çizelge 2.4 Bazı moleküler genetik yöntemlerin karşılaştırılması (Avisé 2004)

Ele Alınan Kriter	AFLP	RAPD	SNP	STR	nRFLP	mtRFLP	Allozim
Aynı anda çalışılan lokus say.	Çok	Çok	Birkaç	Birkaç	Az	Bir	Çok
Lokus başına allel sayısı	Az	Az	2	Çok	Çok	Çok	Çok
Sonuçların tekrarlanabilirliği	Yüksek	Az	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Varyasyon belirlenme oranı	Yüksek	Orta	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Yüksek	Orta
Markerin kalıtım modeli	Dominant	Dominant		Kodominant	Kodominant	Anaya ait	Kodominant
Uygulanma kolaylığı	Orta	Kolay	Zor	Zor	Zor	Orta	Kolay
Uygulanma süresi	Kısa	Kısa	Uzun	Uzun	Uzun	Kısa	Kısa

AFLP : Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi

RAPD : Rasgele çoğaltılmış polimorfik DNA

STR : Basit dizilim tekrarları (short tandem repeat), ardışık basit tekrarlar (SSR, short simple repeat) ya da mikrosatelit

nRFLP : Southern emdirim yöntemi kullanılarak belirlenen restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi

mtRFLP : Mitokondriyel genomda belirlenen restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi

Allozim : Enzim polimorfizmi

SNP : Tek nükleotit polimorfizmi

Çizelge 2.5 Bazı moleküler genetik yöntemlerin ayırım gücü ve analiz hızı bakımından karşılaştırılması (Butler 2005’den değiştirilerek çizilmiştir)

Yöntemin ayırım gücü	Yüksek	RFLP Çok lokus sondası	Çoklu (multiplex) mikrosatelit (SSR veya STR) lokusları
		RFLP Tek lokus sondası	
Düşük		mtDNA	Tekli mikrosatelit (SSR veya STR) lokusları
			ABO Kan grubu
		Yavaş	Hızlı
		Analiz hızı	

Çizelge 2.5’te örnek olarak verilen ABO kan grubu analizleri birkaç dakikada yapılabilen ve bireyleri ayırmada kullanılan ilk genetik marker olmasına rağmen, insanlar arasındaki farklılıkları ortaya koymada son derece yetersizdir. Buna karşılık çok lokus sondalarının kullanıldığı RFLP yönteminin ayırım gücü yüksek olmasına rağmen yüksek işgücü, zaman ve ileri düzeyde uzmanlık istemesi nedeniyle pek kullanım alanına sahip değildir. Çizelge 2.5’e göre moleküler DNA çalışmalarında kullanılması en elverişli yöntem olarak, bir PCR işleminde çok sayıda lokusun (primerin) aynı anda çoğaltılmasına olanak sağlayan çoklu mikrosatelit yöntemidir. Bir PCR işleminde sadece tek bir lokusunun (primerin) çoğaltıldığı birkaç mikrosatelit lokusu da araştırmalarda etkin bir şekilde kullanılmaktadır (Butler 2005).

2.4 Mikrosatelitler

Ökaryotik canlı genomlarında çok sayıda ardışık tekrar DNA dizileri bulunmaktadır. Satelit ya da mikrosatelit olarak ifade edilen bu ardışık tekrar DNA dizileri belirli bir nükleotit biriminin çok sayıda tekrarlarından oluşmaktadır. Bu bölgeler satelit (uydu) DNA olarak adlandırılmakta olup bunlar kromozomun sentromer ve telomer (uç) bölgelerinde yaygın olarak bulunmaktadır. Satelit terimi yoğunluk gradient santrifuj deneylerinde DNA molekülünün bir veya daha fazla küçük satelit bandları şeklinde gözlenmesi sonucunda kullanılmış bir terimdir. Yedi ve daha fazla nükleotit çiftinden

oluşan ardışık tekrar eden birimler minisatelit yada VNTR (*Variable Number of Tandem Repeat*) olarak ifade edilmektedir (Butler 2005).

Mikrosatelitler ya da ardışık basit tekrarlar (STR-SSR) ökaryotik genomda yinelenen tekrar bölgeleridir. Bunlar iki ila altı nükleotit tekrarlarından oluşan tekdüze motiflerden meydana gelmektedir. Şu zamana kadar en çok çalışılan (dC-dA)_n- (dG-dT)_n tekrarlarıdır. Mikrosatelitler PCR ile kolay bir şekilde çoğaltılabildiği için popüler DNA markerleri olarak değerlendirilmektedir.

Ökaryotik genomlarda ardışık basit tekrarların varlığı 1970'li yıllardan beri bilinmekte ancak ökaryotların genetik materyalinde bu dizilerin her yerde dağılımı ve çok sayıda olması ilk kez Hamada *et al.* (1982) tarafından bildirilmiştir. Aynı kişi (dC-dA)_n tekrarlarının yüzlercesini mayalarda, binlercesini de omurgalılarda bulmuştur (MacHugh 1996).

1984 yılında Tautz and Renz tarafından yapılan araştırmalarda farklı organizmalardan elde edilen genomik DNA'lar ile farklı basit dizi tekrarları hibridize edilmiş ve birçok farklı dizi tekrarları teyid edilmiştir (MacHugh 1996). Yapılan hesaplamalar sonucunda mikrosatelit yoğunluğu kanatlı genomunda (her 20-39 kb'da bir tane ve her 136-150 kb'da bir (CA)₁₀ tekrar), insan genomuna (her 6 kb'da bir tane ve her 30 kb'da bir (CA)₁₀ tekrar) nazaran daha azdır. Yaygın olan mikrosatelit tekrarları türlere göre değişir. (CT)_n sineklerde (CA)_n dan daha yaygındır. Bitkilerde (AT)_n tekrarları çokça yaygın olmasına rağmen memelilerde nadirdir. Buna karşın bitkilerde (CA) nadir bulunmasına karşılık memelilerde yaygındır. Kuşlarda ise (CA)_n ve (CT)_n motifleri memelilere göre 10-15 kat daha azdır (Primmer *et al.* 1997). Hughes and Piontkivska (2005) yaptıkları çalışmada insan ve tavuk kromozomlarını incelemişler ve kromozomlardaki tekrar dizilerin özellikleri Çizelge 2.6'da kısaca gösterilmiştir. Butler (2005)'ın bildirdiğine göre insan DNA molekülü bir milyondan fazla polimorfik mikrosatelit lokusu içermektedir. Bu mikrosatelitler insan genomu boyunca ortalama her 10.000 nükleotide bir mikrosatelit olacak şekilde dağılmış bulunmaktadır. İnsan genomunun yaklaşık % 3'ü mikrosatelitlerden oluşmaktadır.

Son yıllarda mikrosatelit markerler, tavukların moleküler genetik özelliklerini ve genom haritalaması için standart tekniklerden biri haline gelmiştir. Çekirdek DNA seviyesinde

geliştirilen diğer bir genetik marker yöntemi SSR yöntemi olup, STR ya da mikrosatelitler olarak da ifade edilmektedir. Mikrosatelit lokuslardaki farklı alleller PCR ile çoğaltılan DNA parçacığındaki farklı nükleotit dizisi motiflerinin belirlenmesiyle ortaya konmaktadır. Her bir allelde tekrar eden birimlerin sayıları birbirlerinden farklılık göstermektedir. Mikrosatelitler, lokus başına 10^{-3} ile 10^{-4} gibi yüksek mutasyon oranlarına sahiptirler ve buna bağlı olarak da bir lokusta allel sayısı oldukça fazla olabilmektedir. Bu üstünlüklerinden dolayı mikrosatelitler, bağlantı (*linkage*) analizlerinde, birey ve ırkların tanımlanmasında, ırklar arasındaki farklılıkların ortaya konmasında, populasyonların tanımlanmasında, genom haritalaması araştırmalarında ve evrim çalışmalarında oldukça güvenilir genetik markerler olarak kabul edilmekte ve de yaygın olarak kullanılmaktadırlar. Ayrıca allel sayısının fazla olması, kodominant markerler vermesi ve PCR ile kolaylıkla çalışılabilmesi mikrosatelitlerin kullanım oranını artıran diğer faktörler arasında yer almaktadır (MacHugh 1996, Groenen *et al.* 2000, Avise 2004).

Çizelge 2.6 İnsan ve tavuk kromozomlarındaki DNA dizi tekrarlarının özellikleri (Hughes and Piontkivska 2005)

	İnsan	Tavuk
İncelenen kromozom sayısı	22	28
Toplam dizi uzunluğu	2.864.255.932	901.598.378
Tekrar dizi sayısı	4.698.717	1.160.319
Toplam tekrar bç uzunluğu (%)	1.287.381.310 (% 44.9)	92.440.122 (% 10.3)
Ortalama tekrar dizisi bç uzunluğu [ort] (sınırlar)	274.0 [188.0] (7-160.603)	79.7 [25.0] (6-7.096)
Her kromozomdaki ort tekrar dizi sayısı. [ort] (sınırlar)	213.578 [219.247] (57.109-409.783)	41.440 [14.860] (319-283.761)

Moleküler DNA analizlerde mikrosatelit lokusların üç temel özelliği bulunmaktadır (Şekil 2.6). Mikrosatelit lokusun ana bileşeni ardışık tekrar eden birimdir ((gt)¹⁷). Bu ardışık tekrar eden temel bileşenin 5' ucunda bulunan belirli uzunluktaki nükleotit

2.4.1 Mikrosatelitlerin fonksiyonları

Proteinlerin % 14'ü tekrar dizileri içerir ve ökaryotlar ile prokaryotlar karşılaştırıldığında ökaryotlarda 3 kat daha fazla tekrar ünitesi vardır. Prokaryotik ve ökaryotik tekrar aileleri homolog olmayan aileler olarak gruplandırılmıştır. Ökaryotların daha fazla tekrar bölgesi içermeleri, bunların yeni fonksiyonlara hızlı uyum için bir avantaj olduğunu akla getirmektedir. Mikrosatelitlerin çeşitli biyolojik olaylarda önemli fonksiyonları olduğu ispatlanmış ve bunlar Şekil 2.7'de gösterilmiştir (Li *et al.* 2002).

2.4.1.1 Kromatin organizasyonu

Mikrosatelit dağılımının bazı görünümüleri özel kromozom yapılarında bunların muhtemel rollerini göstermektedir (Li *et al.* 2002).

2.4.1.2 DNA molekülünün yapısı

Mikrosatelit DNA dizileri basit ve kompleks halka yapıları ile çok çeşitli sıra dışı DNA yapılarının yapımına neden olmaktadır. İnsan sentromer tekrarlarından olan (AATGG)_n çift kıvrılmış atnalı şeklindeki DNA yapısını meydana getirmektedir (Li *et al.* 2002).

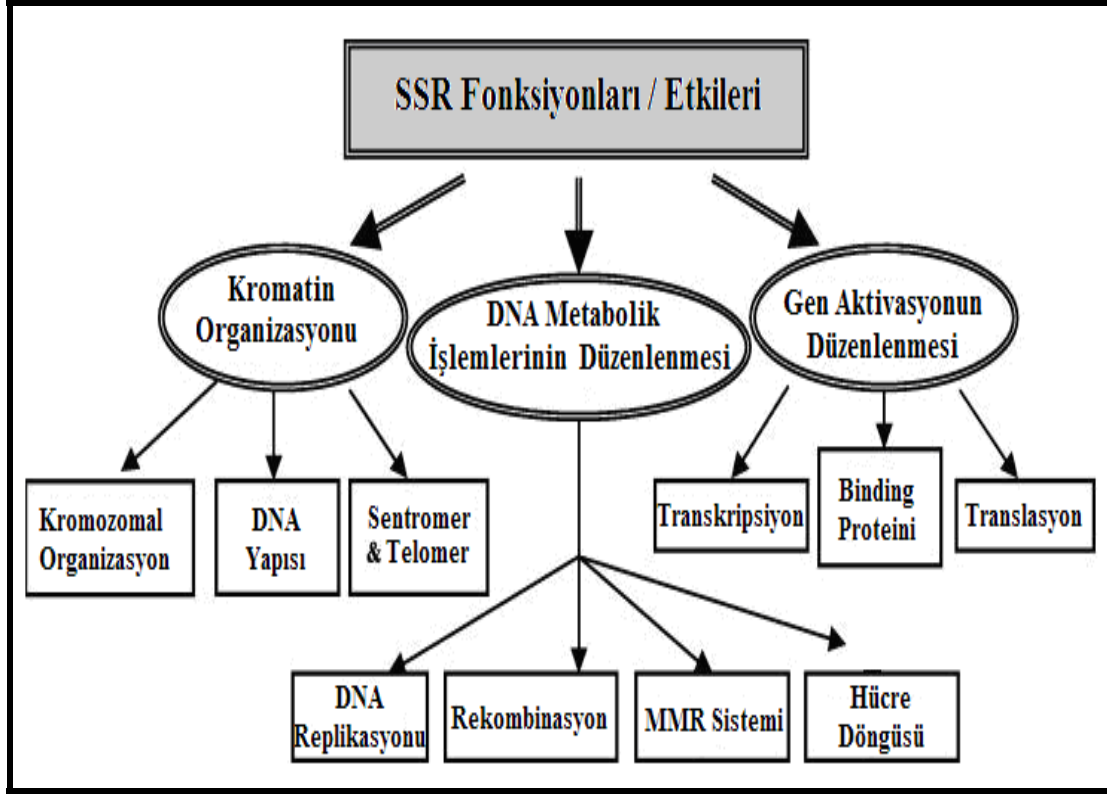
2.4.1.3 Sentromer ve telomer

Birçok türde kromozomların sentromer bölgesi sentromer organizasyonunu etkileyen çok sayıda ardışık tekrar birimlerinden oluşmaktadır. Domates ve şeker kamışının sentromerik bölgelerinde tekli-ikili-üçlü ve dört nükleotit uzunluğundaki mikrosatelitler sınıflandırılmıştır (Li *et al.* 2002).

2.4.1.4 Yeni kombinasyon

Çok sayıda mikrosatelit ve minisatelit DNA'sının rekombinasyon için uygun bölgeler gibi davrandığı belirtilmiştir. Bunu destekleyen araştırmalar memeli hücrelerinde ve mayalarda gösterilmiştir. İki nükleotitli tekrar dizileri rekombinasyon enzimlerinin yüksek ilgisinden dolayı rekombinasyon için tercih edilen bölgelerdir. Bazı mikrosatelit dizileri DNA yapısındaki etkileri ile rekombinasyonu direkt olarak etkileyebilirler. Aynı zamanda tekrar sayıları da rekombinasyonu etkilemektedir. Rec-A bağımlı homolog

rekombinasyonlardaki GT/GC SSR bölgelerinin etkilerinin *in vitro*'da yapılan kontrollerinde (GT) 7, 16 ve 37 tekrarlarını içeren DNA'da tamamlayıcı zincir değişiminde molekül sayısının sırasıyla %100, %80 ve %30 azaldığı tespit edilmiştir (Li *et al.* 2002).



Şekil 2.7 Mikrosatelitlerin fonksiyonları (Li *et al.* 2002)

2.4.1.5 DNA replikasyonu ve hücre döngüsü

İnsan CHK1 geninin hücre döngüsünü kontrol eden bir rolü bulunmaktadır. Bu genin kodlayıcı bölgeleri (A)₉ tekrarını içermektedir. Bu tekrarlar tümörlerde mutasyon için potansiyel bölgelerdir. İnsan kalın bağırsak ve endometrial kanserlerindeki CHK1 genindeki değişiklikler uzun (A) tekrarlarının kararsızlığı ile ilişkilidir. A tekrarlarındaki her bir A nükleotitin eklemesi ya da eksilmesi protein sentezinde çeşitli eksilmelere neden olmaktadır (Li *et al.* 2002).

2.4.1.6 DNA MMR sistemleri

DNA MMR (*mismatch repair*-yanlış eşleşme onarımı) proteinleri replikasyon hatalarını düzeltir ve birbirinden ayrı diziler arasındaki rekombinasyonu engeller. Küçük MMR

genlerini kodlayan bölgelerde (A)_n tekrarları bulunmuştur. Bunlardaki değişimler sentezlenecek protein miktarını etkilemektedir (Li *et al.* 2002).

2.4.1.7 Transkripsiyon

Genlerin çalışmasını etkileyen promotor bölgelerde mikrosatelit varlığını gösteren birçok araştırma bulunmaktadır. *Drosophila* sıcaklık-şok protein geni (hsp26) için promotor bölgedeki (TC)_n tekrarlarının transkripsiyonu etkileyen elementler olarak görev yaptığı tespit edilmiştir. İkili-üçlü ve dördü mikrosatelit tekrarlarındaki azalmalar transkripsiyon faaliyetini değiştirmektedir (Li *et al.* 2002).

2.4.1.8 Translasyon

Mikrosatelitler gen translasyonunu etkilemektedir. Örneğin mikrosatelitler *Escherichia coli*'deki mRNA'ların translasyonunu (CA)_n artırmaktadır (Li *et al.* 2002).

2.4.2 Mikrosatelit varyasyonun genetik temeli

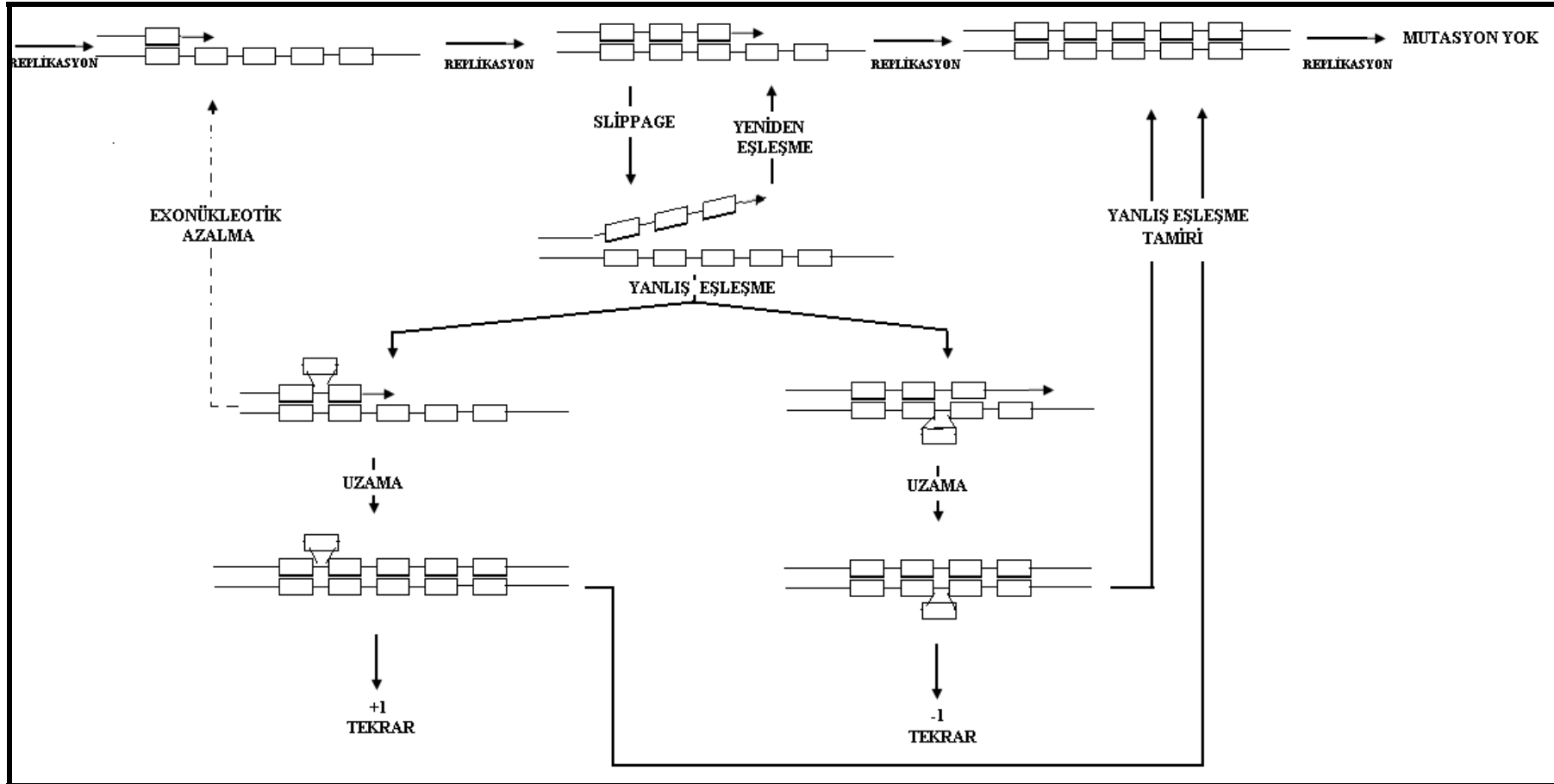
Genomik mikrosatelitlerin çokluğu, çeşitli fonksiyon ve etkileri onun mutasyon oranı ile ilişkilidir. Mikrosatelit lokuslardaki mutasyon oranı çeşitli türlere göre değişmekle birlikte her generasyonda her lokusta yaklaşık olarak 10^{-2} – 10^{-6} arasında değişmektedir. Mikrosatelit lokuslardaki mutasyon hızı genetik bilgi taşıyan herhangi bir gen bölgesindeki (*exon*) nokta mutasyonlarıyla karşılaştırıldığında çok yüksek olduğu söylenebilir. Mikrosatelit lokuslardaki mutasyonu açıklamak için iki temel genetik model üzerinde yoğun bir şekilde durulmaktadır (Şekil 2.8). Bu modeller eşit olmayan parça değişimleri (*UCA*, *unequal crossing-over*) ve DNA eksen-kayması (*SSM*, *slip-strand mispairing* ya da *slippage*) modelleridir (Goldstein and Schlötterer 2001).

2.4.2.1 Eşit olmayan parça değişimi

Eşit olmayan parça değişimleri (*UCA*, *unequal crossing-over*) modeline göre, mikrosatelit lokuslardaki farklılıkların kaynağı esas olarak homolog kromozomlar arasında meydana gelen eşit olmayan parça değişimleri sonucunda oluşan yeni kombinasyonlardır.

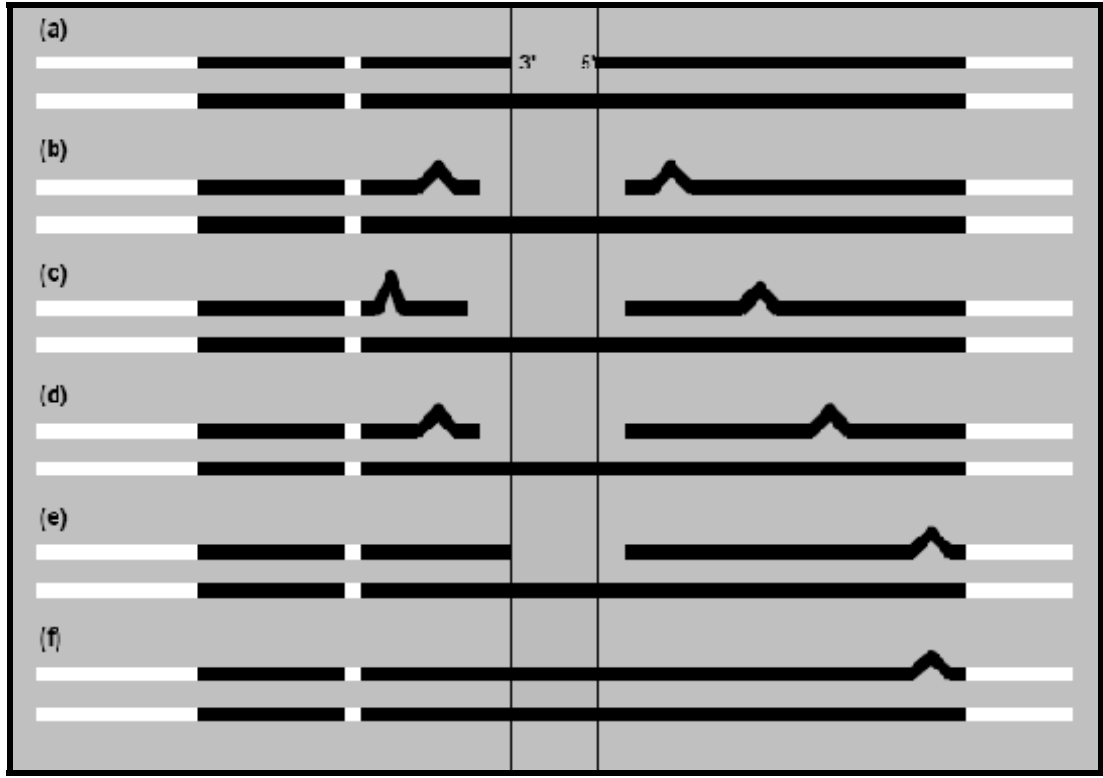
2.4.2.2 DNA eksen-kayması

Mikrosatelit lokuslardaki mutasyonu açıklamak için geliştirilen ikinci model DNA molekülünün sentezlenmesi sırasında meydana gelen DNA eksen-kaymalarıdır (*SSM*, *slip-strand mispairing* ya da *slippage*). DNA eksen-kayması şeklinde ortaya çıkan bu mutasyon mekanizması ilk kez 1960'lı yıllarda bir DNA molekülündeki nükleotit ya da kodon kayması (*frameshift*) mutasyonlarını açıklamak üzere geliştirilmiştir. DNA molekülünün sentezlenmesi sırasında DNA polimeraz enzimi kalıp DNA ekseninde atlamalara neden olmaktadır. Yeni DNA ekseninin sentezlenmesi sırasında DNA polimeraz enzimi replikasyonu kesintiye uğratmakta ve kalıp DNA ekseninden ayrılmaktadır. Replikasyonun tekrar devam etmesiyle kalıp DNA ekseninde belirli bir bölgenin atlanmasına neden olan bir durum ortaya çıkmaktadır. Bunun sonucunda da sentezlenmekte olan yeni DNA ekseninde geçici nükleotit kaymaları meydana gelmektedir. Eksen-kayması, kısa tekrarlı bir nükleotit dizi bölgesindeki komplementer kısımların yanlış eşleşmesinden kaynaklanan denatüre parçalarının yer değişimini ifade eder (Şekil 2.8). Tekrarlar kendilerine daha fazla üniteler kazanırken daha fazla uzama veya kısalma için daha etkili yapı sağlarlar. Oligonükleotitler ve polimeraz çeşitleri kullanılarak yapılan *in vitro* çalışmalar göstermiştir ki eksen-kayması oranı tekrar ünitesinin (iki nükleotitlerde en çok) büyüklüğüne ve onun dizi sırasına (dC-dG'ce zengin dizilerde yavaş) bağlıdır. Şekil 2.9'daki resim mikrosatelitlerde eksen-kayması uzunluğunun oluşumunu anlatan bir modeldir. Yapılan çalışmalar sonucunda açıklanan bu iki modelden DNA eksen-kayması modelinin mikrosatelit lokusların oluşmasına neden olan temel genetik mekanizma olduğu belirlenmiştir. Ancak, DNA eksen-kayması modeli de tek başına mikrosatelit varyasyonu açıklamada yetersiz kalmaktadır. Çünkü DNA sentezi sırasındaki bazı hatalar düzeltilebilmektedir. DNA molekülünün sentezi sırasında oluşan hataları düzeltmek için iki önemli (*exonucleolytic proofreading* ve *post-replication mismatch repair*) tamir mekanizması bulunmaktadır. Bu tamir yöntemleri vasıtasıyla meydana gelen bir çok hata düzeltilirken birçoğu tamir edilememekte ve genomda kalıcı olarak korunmaktadır (Goldstein and Schlötterer 2001).



Şekil 2.8 Mikrosatelit lokustaki mutasyon mekanizmalarının modellenmesi (Goldstein and Schlötterer 2001)

Modelde, bir mikrosatelit tekrarı içeren çift sarmallı DNA'nın replikasyon ve mutasyon işlemindeki farklı aşamaları gösterilmiştir. DNA zincirleri ince çizgi, mikrosatelit tekrarları kutular ve devam eden replikasyon işlemi de okla işaretlenmiştir



Şekil 2.9 Mikrosatelit DNA eksen-kayması (*slippage*) modeli (MacHugh 1996)

- Şekil 2.9’da verilen modelde DNA sentezi sırasında ardışık basit dizi motifinde (siyah bölge) bulunan geçici bir aralığı ifade etmektedir.
- Boşluğun her iki kısmında eksen-kayması meydana gelir. Bu eksen-kaymasının tek bir birimin kayıt dışı olarak bir çıkıntı şeklinde oluştuğu varsayılır.
- Çıkıntı mikrosatelit basit dizi boyunca hareket eder. Boşluğun sol kısmında çıkıntı tek bir nükleotit ile karşılaşır (beyaz küçük pozisyon) bu karşılaşma mikrosatelit basit dizi tekrarını kesintiye uğratır.
- Bu engelleme daha fazla eksen-kayması oluşumunu durdurur ve çıkıntı zıt yön boyunca hareket eder.
- Boşluğun sağ kısmında çıkıntının hareketi gizli kalmakta olup, işlem eksen-kaymasını kesintiye uğratacak olan tek bir nükleotitle (beyaz bölge) karşılaşana kadar devam eder.
- Çıkıntı uzama bölgesinden geriye doğru gidecek olsa da bu arada ki boşluk kapanır ve üst zincir bir tekrar daha uzun olur. Çoğu kez yanlış eşleşmeyi düzelten onarma mekanizmaları bu yapıyı tamir edebilirler. Fakat şartlara bağlı olarak bazen uzunluk değişikliği onarım mekanizmalarından etkilenmeyerek genomunda kararlı hale geçebilir. Bu model *in vitro* ortamda basit dizilerin eksen-kayması ile uyumlu olmakla birlikte, bu sıra dışı çıkıntının basit dizi motifini boyunca hareket edebileceğini göstermektedir.

2.4.3 Mikrosatelit mutasyon modelleri

Canlıların evrimi ve moleküler polimorfizmin nasıl ortaya çıktığı hakkında çeşitli tartışmalar bulunmaktadır. Bu tartışmaların son bulması amacıyla Kimura (1968) nötral (yansız) teoriyi (*neutral theory*) geliştirmiştir. Bu hipotezde, meydana gelen genetik varyasyonun mutasyon ve şansın (*random genetic drift*) birlikte etkileri sonucunda nötral allellerle muhafaza edildiği ifade edilmektedir. Kimura (1968), moleküler seviyede gözlenen çoğu polimorfizmin selektif olarak nötral olduğunu ve popülasyondaki gen rekanslarının esas olarak şans ile korunabileceğini ileri sürmektedir (Hartl and Clark 2007). Büyük ölçüde kabul edilen nötral teoride;

1. DNA nükleotit dizileri ya da amino asit sıralarında meydana gelen mutasyonların organizmaların çoğalması ve yaşayabilmeleri üzerine ihmal edilebilecek düzeyde çok az bir etkisinin bulunduğunu,
2. mutasyonların çok az bir kısmının canlı organizmalar için faydalı olduğunu,
3. mutasyonların doğal seleksiyonla belirlenemediğini ve
4. türlerin çevrelerine uyum kabiliyetlerinde mutasyonların önemli bir etkisinin bulunmadığını ifade edilmektedir.

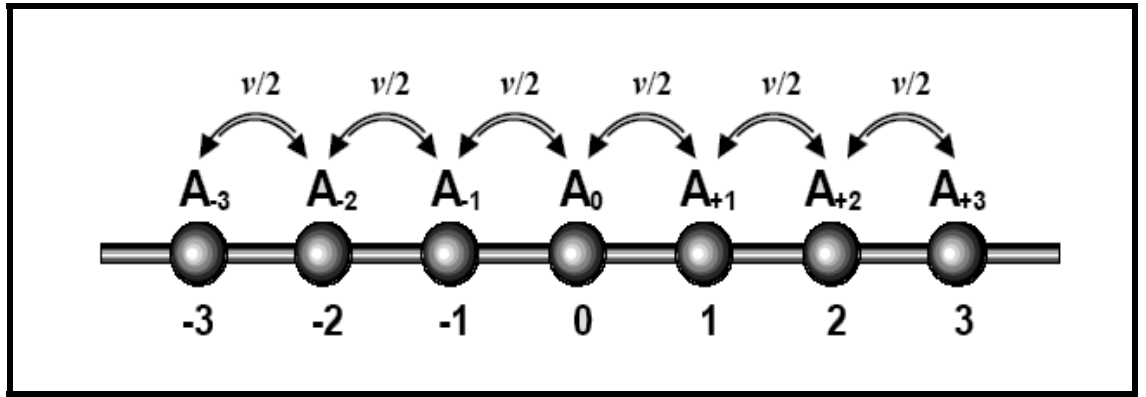
Nötral teori, canlıların fizyolojik, morfolojik ve davranışla ilgili özelliklerindeki evrimin doğal seleksiyonun bir sonucu olarak ortaya çıktığını ve bu tip özelliklerde şansın etkisinin çok az olduğunu (varyasyonun çok az bir kısmının moleküler DNA seviyesindeki değişimlerden kaynaklanabileceğini) baştan kabul etmektedir. Nötral teoride, herhangi bir yöntemle (DNA dizi analizi ve enzim elektroforezi) belirlenen mutasyonların çoğunun öldürücü etkiye sahip oldukları, bunun sonucunda doğal seleksiyonla hızlı bir şekilde popülasyondan uzaklaştırıldıkları ve bu nedenle de tespit edilen varyasyona çok az bir katkı sağladıkları vurgulanmaktadır. Memeli genomlarının yaklaşık olarak % 1.5'inin bir protein karşılığı olduğu düşünüldüğünde, nükleotit dizilerinde meydana gelen farklılıklar ya protein seviyesindeki farklılıklara dönüştürülemez ya da amino asit sıralarında meydana gelen farklılıkların çoğu canlının fizyolojisi üzerine çok az bir etkiye sahip bulunmaktadır (Hartl and Clark 2007).

Doğal bir popülasyondaki organizmalar arasında bir çok genin ikiden fazla alleli bulunmaktadır. Mutasyon baskısı altında genetik varyasyonun beklenen seviyesini

tahmin etmek önemlidir. Geleneksel yöntemde genetik varyasyon heterozigot genotiplerin oranı ile ölçülmektedir. Böyle bir durumda, eğer bir lokustaki heterozigotluk sadece mutasyon baskısı altında beklenenden daha yüksek ise, diğer faktörler o lokustaki genetik varyasyonu koruma yönünde faaliyet göstermektedirler. Diğer taraftan, eğer bir lokustaki heterozigotluk beklenenden daha küçük bir ise, böyle bir durumda diğer faktörler o lokustaki genetik varyasyonu azaltma eğiliminde faaliyet gösterirler. Bir lokusun heterozigotluğu allel sayıları ve allellerin nisbi frekanslarının bir fonksiyonudur. Prensipte olarak, herhangi bir lokustaki allel sayısı çok fazla olabilir. Örneğin, 300 amino asitlik bir proteini kodlayan bir gen 900 nükleotitlik bir uzunluğa sahip olduğunda, her bir nükleotit bölgesinde A, T, C ve G nükleotitlerinden sadece birisi bulunabileceğinden toplamda muhtemel allel sayısı 4^{900} ($=10^{542}$) olacaktır. Böyle bir durumda her bir mutasyonun popülasyonda henüz bulunmayan yeni bir alleli meydana getirme ihtimalinden söz edilebilir. Bu durum, mutasyonun sonsuz allel modeli (*IAM, infinite alleles model*) olarak ifade edilmektedir. Bu modelde her bir mutasyonun yeni bir allel oluşturacağı varsayımından hareketle, nükleotit dizilimi bakımından özdeş olan iki allel (önceki generasyonlarda bulunan ortak bir allelin kopyaları olacakları için) ortak atadan dolayı özdeş (*identity by descent*) olmak zorundadır. *IAM* mutasyon modelinde, tekrar biriminin sayısını içeren mutasyon daima daha önce popülasyonda bulunmayan yeni bir allel ile sonuçlanmaktadır (Hartl and Clark 2007).

Mikrosatelit lokuslarda meydana gelen mutasyonların teorik temellerinin açıklanmasında iki klasik mutasyon modeli yaygın olarak ele alınmaktadır. Bunlardan birincisi, yukarıda açıklanan ve 1970'lerin başlarında Kimura and Crow (1964) tarafından geliştirilen sonsuz allel modelidir (*IAM*). Diğeri ise *IAM* modeline karşı alternatif olarak Kimura and Ohta (1978) tarafından geliştirilmiş olan adım adım mutasyon (*SMM, stepwise mutation model*) modelidir. Şekil 2.10'da verilen *SMM* modelinde, mutasyon bölgesinde meydana gelecek yeni bir allelin daha önce popülasyonda mevcut bir allelin yeni bir kopyası olması ve bu kopyanın tekrarlanması (mikrosatelit lokus (CT)5 veya (AG)9 gibi tek tip tekrar birimlerinden oluşmaktadır) veya kaybedilmesi şeklinde oluştuğu kabul edilmektedir (MacHugh 1996; Goldstein and Schlötterer 2001).

IAM ve *SMM* gerçekten de birbirlerinden oldukça farklı iki zıt varsayımla tanımlanmaktadır. Her iki modelde de yeni allellerin meydana gelmesi elde edilen denge dağılımları ve nötral teori (populasyonlar alt populasyonlara ayrılmadığı ve seleksiyon veya mutasyonun sınırlarının belirlenmediği kabul edilen bir denge durumu) varsayımları altında şans faktörüyle kazanılması ya da kaybedilmesiyle dengelenmektedir. Allel frekanslarının dağılımı mutasyon ve şans faktörleri tarafından belirleniyorsa, minimum allel sayısı *SMM* ile, maksimum allel sayısı ise *IAM* ile tahmin edilmektedir. *SMM* yönteminde diğer bir ayrım noktası aynı elektroforetik hıza sahip olan allellerin durum itibarıyla özdeş (*identical by state*) olmalarıdır. Bu allellerin ortak atadan dolayı özdeş (*identical by descent*) olmamaları gerekmektedir (MacHugh 1996).



Şekil 2.10 Adım adım mutasyon (*SMM*) modeli (MacHugh 1996)

v = mutasyon hızı A_n = allelik durum

2.5 Kaynak Araştırması

Dünya’da tavuk türünün çeşitli ırk ve hatlarının tanımlanmasına ve aralarındaki benzerliklerin / farklılıkların ortaya konmasına yönelik olarak çok sayıda mikrosatelit lokusundan yararlanılarak oldukça fazla araştırma yapılmıştır. Bu bölümde özellikle yerli tavuk ırkları üzerinde yapılan çalışmaların özetlerinin verilmesine çalışılmıştır.

Türlerin ve ırkların evriminde göstermiş oldukları farklılıkların belirlenmesinde ve aralarındaki filogenetik ilişkilerin tespit edilmesinde tavuğun model organizma olarak önemi giderek artmaktadır. Bunun başlıca sebepleri; tavuk genomun küçüklüğü (memelilerin 1/3’ü kadar), genomda yer alan ardışık tekrar eden dizinlerin azlığı ve genetik bilgi taşımayan (*intron*) bölgelerin az sayıda olmasıdır. Bunların dışında makro (3-6 µm uzunlukta) ve mikro (0.5- 2.5 µm uzunlukta) kromozomlara sahip olması da yine önemli bir avantajı oluşturmaktadır (Hughes and Piontkivska 2005).

Groenen *et al.* (2000)’un bildirdiğine göre, tavuklarda ilk bağlantı haritası 1940’lı yıllarda yayınlanmıştır. 2000 li yıllara kadar DNA markerleri esas alınarak üç farklı temel tavuk popülasyonu kullanılarak üç farklı bağlantı (*linkage*) haritası geliştirilmiştir. Bunlardan sırasıyla birincisi sadece RFLP markerlerine dayalı oluşturulan Compton haritasıdır (C). İkincisi RFLP, RAPD ve CR1 (*chicken repeat element*) markerlerine göre hazırlanan East Lansing haritasıdır (EL). Üçüncüsü ise 801 adet mikrosatelit lokusu ile AFLP markerleri kullanılarak yapılmış olan F₂ popülasyonuna dayanan Wageningen Üniversitesi haritasıdır (WAU). Bu üç temel harita bir uluslararası bilim insanlarından oluşan bir komite tarafından birleştirilmiş ve ortak bir harita (CCG-MAP) üzerinde anlaşmaya varılmıştır (Çizelge 2.7). Üzerinde anlaşma sağlanan CCG-MAP haritasında tavuk genomu toplam 1889 lokustan oluşmaktadır. 480 lokus 50 farklı kromozom (bağlantı grubunda) üzerinde yerleştirilmiştir (EK 2). Tüm bağlantı haritaları birlikte değerlendirildiğinde oluşturulan CCG-MAP tavuk bağlantı haritasının toplam uzunluğu 4000 cM’dir.

Çizelge 2.7 Wageningen Üniversitesi (WAU), East Lansing (EL) ve Compton (C) genetik haritaları ile bilim insanlarının üzerinde anlaşma sağladıkları CCG-MAP bağlantı haritası (Groenen *et al.* 2000)

	WAU	EL	C	CCG-MAP
A. Lokus				
WAU	1011	290	119	923
EL	290	1068	195	1050
C	119	195	447	428
Tip I lokusu	93	252	107	350
Bağlantı grupları	34	42	36	50
B. Markerler				
<i>Mikrosatelit</i>	573	479	190	801
<i>Minisatelit</i>	—	34	30	40
RFLP	—	92	191	244
AFLP	350	202	—	552
SSCP	—	50	15	59
ASO	—	71	1	71
RAPD	—	65	—	65
CR1	—	47	—	47
Klasik	—	10	2	10

A. lokus: farklı haritalardaki lokus sayısını, B. Markerler ise farklı haritalardaki markerlerin tipini ifade etmektedir

Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği (International Chicken Genome Sequencing Consortium 2004) tarafından *Gallus gallus*, kırmızı yabani tavuk (RJF) genomuna ait ilk DNA dizi analizi sonuçları yayınlanmıştır. Tavuk genomunun yaklaşık 1 milyar bç'den oluştuğu, 20,000-23,000 gene sahip olduğu ve yaklaşık olarak 310 milyon yıl önce memeli genomundan ayrıldığı tahmin edilmektedir. Ortak atadan gelen tavuk ve memeli genomunda farklı kromozomlar arası parça değiştirme oranının düşük olduğu ve bunun yerine her bir kromozom içinde yeniden yapılanmaların daha yaygın olduğu bildirilmektedir.

Avrupa Birliği (AB) tarafından desteklenen Avrupa tavuk ırklarındaki biyoçeşitliliği araştıran AVIANDIV (*Development of Strategy and Application of Molecular Tools to Assess Biodiversity in Chicken Genetic Resources*) projesi, önceki tanımlamalar ve moleküler araçları kullanarak tavuk genetik çeşitliliği üzerinde yoğunlaşmıştır. Projenin, altı gruba ayırdıkları toplam 52 farklı popülasyondan ve her bir popülasyondan 50 birey olmak üzere alınan DNA havuzuna dayalı sonuçları yayınlanmıştır. Söz konusu araştırmada 22 mikrosatelit marker kullanılarak çalışılan

populasyonlar arasındaki ortalama allel sayısı 9.6 ve ortalama heterozigotluk değeri 0.47 olarak hesaplanmıştır. Çalışılan 52 populasyonda 22 mikrosatelit lokus bakımından toplam 213 farklı allel belirlenmiş ve 32 populasyonda o populasyonlara özgü alleller tespit edilmiştir. Ayrıca, adı geçen çalışmada 65 farklı tavuk ırkının kendi coğrafi köken ve ıslah tarihçelerine uygun olarak sınıflandırıldığı da bildirilmiştir (Hillel *et al.* 2007).

Asya ve Avrupa tavuk ırklarından 14 Fransız, 4 Tayvan, 1 Çin ve 1 Japon ırkından (her bir ırktan 22-48 tavuk) örneklenen toplam 687 tavuk 22 mikrosatelit lokus kullanılarak tanımlanmış ve elde edilen sonuçlar AVIANDIV projesinde çalışılan 15 ırkın sonuçlarıyla karşılaştırılmıştır. Fransız ve Asya ırklarında toplam 161 allel tespit edilmiş olup, ortalama allel sayısı Fransız ırklarında 6.6 olarak, Asya ırklarında ise 5.6 olarak hesaplanmıştır. Ortalama heterozigotluk Fransız ırklarında (0.505) Asya ırklarındakine (0.477) oranla daha yüksek bulunmuştur. Tavuk populasyonları arasındaki farklılığın (genellikle $F_{ST} < 0.1$) küçük olduğu bildirilmiştir (Berthouly *et al.* 2008).

Asya, Avrupa ve Ortadoğu'da yetiştirilen 64 ırkta 1970 tavuk üzerinde 29 mikrosatelit marker üzerinde durulmuştur. Araştırmada ortalama allel sayısı 11.4, ortalama He 0.51 ve Ho 0.46 olarak hesaplanmıştır. Avrupa yerli ırklarında tespit edilen bu düşük genetik çeşitliliğin nedeni populasyonların küçük olması ve fenotipik benzeyenlerin çiftleştirilmesi olarak açıklanmıştır (Granevitze *et al.* 2007).

İran yerli tavuk ırklarında 5 mikrosatelit lokus bakımından ortalama allel sayısı (3-6) ile ortalama heterozigotluk (0.62-0.79) değerleri tespit edilmiştir (Shahbazi *et al.* 2007).

Zimbabve, Malawi ve Sudan'da bulunan 13 populasyonda 29 mikrosatelit lokus bakımından yapılan çalışmada, ortalama allel sayısı 9.7 ± 5.10 olarak, ortalama He 0.7 ± 0.02 ve ortalama Ho ise 0.5 ± 0.04 olarak belirlenmiştir. F_{ST} değerleri Zimbabve tavuk populasyonlarında 0.008, diğer Afrika populasyonlarında 0.039 ve referans populasyonlarında ise 0.357 olarak hesaplanmıştır (Muchadeyi *et al.* 2007).

Bolivya, Hindistan, Nijerya, Kamerun, Almanya ve Tanzanya'dan örneklenen 405 tavuk 22 mikrosatelit lokus bakımından çalışılmıştır. Çalışılan bütün populasyonların yüksek seviyede heterozigotluğa (0.45-0.67) sahip olduğu bildirilmiştir. Elde edilen PIC değerleri 0.14-0.72 arasında değişmiştir. Yapılan filogenetik analiz sonucunda

populasyonların kendi ülke orijinlerine göre gruplandırıldığı ve sadece Kamerun kaynaklı populasyonların Hindistan ve Bolivya'nın bir alt grubu imiş gibi sınıflandırıldığı bildirilmiştir (Wimmers *et al.* 2000).

Kenya, Uganda, Etiyopya ve Sudan yerli tavuk ırkları arasındaki akrabalık ilişkilerini ve genetik farklılıkları tespit etmek için ISAG/FAO'nun önerdiği 30 mikrosatelit primer kullanılmıştır. F_{ST} ve genetik uzaklık değerlerinden hareketle yerli ırkların birbirleriyle benzer genetik yapıda oldukları belirtilmiştir (Mwacharo *et al.* 2007).

Uzun kuyruklu 9 Japon yerli tavuk ırkları ile 2 ticari ırkın materyal olarak kullanıldığı çalışmada, ortalama allel sayısı (2.60-4.07), ortalama He (0.293-0.545) ve PIC değerleri (0.250-0.478) tahmin edilmiştir (Tadano *et al.* 2007). Yabani tavuktan büyük farklılıklar gösteren 7 Bantam (küçük yapılı tavuk ırkı) ırkı ile RJF'nin karşılaştırıldığı araştırmada, 40 mikrosatelit lokus üzerinde durularak toplam 305 allel tespit edilmiştir ve bunların 27 tanesinin RJF'ye özgü olduğu bildirilmiştir. Yedi bantam ırkı ile RJF arasında yüksek genetik farklılık bulunmuştur ($F_{ST}= 0.438$) (Tadano *et al.* 2008).

Kore'nin 4 farklı yerli tavuk ırkı ile Kore dışı kökenli 4 farklı ırkın 15 mikrosatelit lokus bakımından karşılaştırıldığı çalışmada, allel sayısı (5-14), PIC (0.562-0.872), ortalama Ho (0.584) ve ortalama He (0.630) istatistikleri hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki genetik uzaklık değerlerinin 0.149-0.855 arasında değiştiği bildirilmiştir (Kong *et al.* 2006).

Kuzey Vietnam'ın dağlık kesiminde yetiştirilen H'mong tavuğunun üç farklı populasyonunda genetik çeşitlilik 29 mikrosatelit lokus bakımından araştırılmış ve toplam 186 allel gözlenmiştir. Araştırmada, ortalama allel sayısının 6.41 olduğu, heterozigotluk degerinin 0.627 ile 0.668 arasında değiştiği ve populasyonlara özgü 44 allelin tespit edildiği bildirilmiştir (Cuc *et al.* 2006).

Çin yerli ırkları ile ithal edilen yumurtacı ve etçi ırkların sahip olduğu genetik çeşitlilik protein polimorfizmi, RAPD ve mikrosatelit markerler kullanarak araştırılmıştır. Protein polimorfizmi bakımından Çin yerli ırkları ile etçiler arasındaki farklılıklar tespit edilememiştir. RAPD sonuçları Çin yerli ırklarında yüksek, etçilerde orta ve yumurtacılar da düşük genetik çeşitliliği ve yerli ırklar ile etçi ve yumurtacılar arasında

küçük farklılıkları ortaya çıkarmıştır. Yumurtacı ve etçiler arasında büyük farklılık gözlemlenmiştir. Mikrosatelit polimorfizmi yerli ırklarda yüksek, yumurtacılar düşük genetik çeşitlilik göstermiştir. Etçiler ile Çin yerli ırkları arasında yakın bir ilişkinin olduğu tespit edilmiştir. Çin yerli ırklarında hesaplanan büyük genetik çeşitlilikten hareketle yerli ırkların Çin’de tavuk et kalitesi ıslahındaki açıkları karşılayabilecek nitelikte olduğu vurgulanmıştır (Zhang *et al.* 2002). Çin’de yetiştirilen yedi yerli tavuk ırkında beş mikrosatelit lokus bakımından ortalama *He* 0,3327-0,4000, *PIC* değerlerinin ise 0,6169-0,7027 arasında değiştiği bildirilmiştir (Cheng *et al.* 2003). Çin’de 11 yerli tavuk ırkının koruma altındaki populasyonlarında 20 mikrosatelit lokus bakımından 176 allel tespit edilmiştir. Araştırmada ortalama allel sayısı (8,8), ortalama heterozigotluk (0,6800-0,7116) ve *PIC* (0,6329-0,7023) değerleri hesaplanmıştır (Gao *et al.* 2004). Çin’de yetiştirilen 12 yerli tavuk ırkında 7 mikrosatelit lokus bakımından ortalama heterozigotluğun 0,3514-0,5929 arasında değiştiği tespit edilmiştir (Wu *et al.* 2004). Çin’in Sinchan bölgesindeki 8 yerli tavuk ırkı üzerinde yapılan araştırmada çalışılan 30 mikrosatellit 24’ünün polimorfik yapıda olduğu ve ortalama heterozigotluğun 0,681 olarak bulunduğu bildirilmiştir (Tu *et al.* 2005). Çin’de 4 farklı bölgede yetiştirilen Haimen populasyonlarında, 15 mikrosatelit lokus bakımından *PIC* değerlerinin 0,607 ile 0,651 arasında ve genetik uzaklıkların ise 0,1691-0,3372 arasında değiştiği belirtilmiştir (Olowofeso *et al.* 2005).

Türkiye’den Almanya’ya götürülen Denizli tavuğu ve melezlerini de içeren ve ayrıca Ukrayna ile Almanya’da bulunan yabani ve ticari 20 tavuk populasyonunda 14 mikrosatelit marker kullanarak yapılan araştırmada ortalama allel sayısının 2-21 arasında değiştiği ve elde edilen dendogramın çalışılan populasyonlar arasındaki akrabalık ve genetik farklılığı yansıttığı bildirilmiştir (Romanov and Weigend 2001).

Son yıllarda, tavukları da içeren çok sayıdaki çiftlik hayvanları üzerinde yapılan genetik varyasyon belirleme çalışmalarında mikrosatellitler yaygın bir şekilde kullanılarak başarılı uygulamalar yapılmaktadır (Romanov and Weigend 2001, Delany 2003). 2004 yılında, ISAG ve FAO karşılaştırılabilir ve bir örnek sonuçların elde edilmesine yardımcı olmak amacıyla, tavuklarda genetik varyasyon tespit etmeye yönelik araştırmalarda etkin bir şekilde kullanılacak 30 mikrosatelit lokusun öncelikle çalışılmasını tavsiye etmiştir. Yapılan araştırmalarda kullanılan mikrosatelit marker

sayısı 20 ila 40 arasında, çalışılan ırk ya da populasyon sayısı ise 5 ila 65 arasında değişmektedir. Yapılan araştırmaların çoğu lokal ırkların tanımlanmasında kullanılabilecek eksik verilerin elde edilmesi üzerinde yoğunlaşmaktadır. Çizelge 2.8’de, FAO nun önerdiği 30 markerden 28’i için, 100 kadar ırkı içeren veriler yeni yayınlanmış bulunmaktadır (Weigend and Groeneveld 2008).

Hillel *et al.* (2007), 29 mikrosatelit lokus bakımından STRUCTURE analizi yardımıyla 65 farklı tavuk populasyonunun (rastgele seçilen 2.000 tavuk) kendi coğrafi köken ve ıslah tarihçelerine uygun olarak birbirinden farklı gruplarda açıkça sınıflandırıldığını bildirmiştir. Granevitze *et al.* (2007), sürü büyüklüklerinin küçük olması ve benzeyenlerin çiftleştirilmelerine bağlı olarak Avrupa yerli tavuk ırklarında genetik varyasyonun nisbeten düşük olduğunu tespit etmiştir. Buna karşılık genetik varyasyonun Afrika ve Asya’da bulunan yerli tavuk populasyonlarında daha yüksek olduğu bildirilmektedir (Muchadeyi *et al.* 2007, Berthouly 2008).

Tavuk genetik kaynaklarını tanımlamak, bunları koruma altına almak ve bu gen kaynaklarından en yüksek oranda faydalanmak amacıyla daha duyarlı yöntemlerin geliştirilmesi zorunluluğu açıkça ortaya çıkmaktadır. Bu amaçla kullanılan moleküler genetik tekniklerden biri de tek nükleotit polimorfizmidir (SNPs, *single nucleotid polymorphism*). SNP muhtemel diğer 3 nükleotitten birinin yer değiştirmesiyle oluşan en küçük DNA varyasyonudur. SNP herhangi bir amino asit karşılığı olan (*exon*) ve olmayan (*intron*) bölgelerde genetik polimorfizmin en yaygın olan sınıfıdır. Populasyonların tanımlanmasında ve aralarındaki benzerlik ve farklılıkların ortaya konmasında, mikrosatelitler başarılı bir şekilde kullanılan temel marker tipi olmasına rağmen, son yıllarda SNP’lerden de büyük ölçüde yararlanılmaktadır.

Çizelge 2.8 FAO'nun önerdiği 30 mikrosatelit lokusun tamamını ya da birkaç setini kullanan yedi araştırmanın özetlenmesi (Weigend and Groeneveld 2008)

Kaynaklar	Irkların kökeni	İrk sayısı	ADL0268	MCW0078	MCW0081	MCW0248	MCW0295	MCW0222	MCW0067	MCW0069	MCW0183	MW0330	MCW0037	ADL0278	LEI0094	MCW0034	MCW0216	LEI0166	MCW0014	MCW0111	MCW0098	MCW0123	MCW0165	ADL0112	LEI0234	MCW0206	MCW0103	MCW0104	MCW0016	MCW0020	MCW080*	MCW0284	LEI0192
Berthouly 2008	Fransız, Asy	20																															
Granevitze 2007	Asya, Avrup	65																															
Muchadeyi 2007	Zimbabve	13																															
Mwacharo 2007	Batı Afrika	19																															
Rosenberg 2001	Avrupa	20																															
Tadono 2007	Japon	11																															
Tadono 2008	Japon	8																															
Zanetti 2007	İtalyan	5																															
Genotipi yapılan toplam ırk sayısı			135	135	135	135	135	135	130	130	130	130	128	128	125	120	#	#	#	#	#	#	#	#	#	#	98	98	98	98	85	39	39

* FAO tarafından tavsiye edilmemiştir

Kaynaklar	Irkların kökeni	İrk sayısı	ADL0268	MCW0078	MCW0081	MCW0248	MCW0295	MCW0222	MCW0067	MCW0069	MCW0183	MW0330	MCW0037	ADL0278	LEI0094	MCW0034	MCW0216	LEI0166	MCW0014	MCW0111	MCW0098	ADL0112	LEI0234	MCW0206	MCW0123	MCW0165	MCW0103	MCW0104	MCW0016	MCW0020	MCW0284	LEI0192	İlave marker sayısı
Berthouly 2008	Fransız, Asya	20																															0
Granevitze 2007	Asya, Avrupa	65																															1
Muchadeyi 2007	Zimbabve	13																															1
Mwacharo 2007	Batı Afrika	19																															0
Tadono 2007	Japon	11																															26
Tadono 2008	Japon	8																															26
Zanetti 2007	İtalyan	5																															0
Genotipi yapılan toplam ırk sayısı			135	135	135	135	135	135	130	130	130	130	128	128	125	120	118	118	118	118	118	113	113	113	115	115	98	98	98	98	19	19	

Çalışmalarda kullanılan markerler renkli olarak işaretlenmiştir. Kaynak, ırkların kökeni, her çalışmada kullanılan ırk sayısı ve FAO'nun önermediği ilave markerler ve değerlendirilen lokuslardaki toplam ırk sayısı verilmiştir. Gri gölgeli lokuslar standart analizler için başarılı bir şekilde standart hale getirilmiştir (Berthouly *et al.* 2008). Bu tabloda gösterilmeyen ilave çalışmalar da bulunmaktadır. Bunlar yalnızca ticari veya ıslah hatlarına yoğunlaşmış olan yada FAO'nun önermediği marker kullanan ve DNA havuzunun kullanıldığı çalışmalardır.

Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği (*International Chicken Genome Sequencing Consortium* 2004) tarafından RJF, yumurtacı, etçi ve Silkie tavuğu kullanılarak 2,8 milyon SNP içeren tavuk genomunun genetik varyasyon haritası hazırlanmıştır. Bu harita, üç evcil tavuk ırkı ve bunların atası RJF'nın DNA dizilerinin karşılaştırılması sonucunda ortaya çıkmıştır. Tespit edilen SNP'lerin düzeltilmesinden sonra birden fazla hatta 2,833,578 değişik bölge ya da 1,06 gigabaz (Gb) genom boyunca her 374 baz çiftinde potansiyel bir markerin bulunabileceği tahmin edilmektedir. Bu verilerin güvenilirliğini test etmek için bu tavuklarda bulunan 295 SNP'nin dizi analizi yapılmış ve SNP'lerin % 94'ünün doğruluğu teyid edilmiştir. Elde edilen verilere göre, her çift kombinasyonu yaklaşık her kb⁻¹ 'de beş SNP tespit edilmiştir. Diğer türlerle karşılaştırıldığında; her kb⁻¹'de beş SNP oranının insan ve evcil köpekten 6-7 kat, gorilden ise 3 kat daha fazla olduğu belirtilmiştir.

Çok yakın bir gelecekte moleküler genetik araştırmalardaki hedef, herhangi bir fonksiyonel ürün karşılığı bulunan DNA bölgesi ile genom analizlerinde kullanılan modern yöntemler arasında bir bağlantı kurmaya yönelik çalışmalar olacaktır. Bu amaca yönelik olarak SNPs (*single nucleotide polymorphisms*)'lerin eşsiz bilgi kaynakları olabileceği düşünülmektedir. Genomda bulundukları yer ve fonksiyonlarına bağlı olarak biyoçeşitlilik çalışmalarında SNPs'lerin kullanımı farklı filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılmasına da öncülük edebilecektir (Soller *et al.* 2006).

AVIANDIV projesinde, birbirinden oldukça farklı genetik yapıya sahip 10 popülasyondan (herbir popülasyondan 10 tavuk) oluşan her bir grupta ortalama olarak 50 bç'nde bir SNP bulunmuştur (Schmid *et al.* 2005). Bildirilen bu SNP frekansı ICPM (*International Chicken Polymorphism Map Consortium*) tarafından belirtilen SNP frekansından daha yüksektir (Wong *et al.* 2004). ICPM tarafından yürütülen araştırmada çeşitli evcil ırkların dizi analizleri karşılaştırılarak 1000 bç başına 5 SNP nin tespit edildiği bildirilmektedir. AVIANDIV projesinde SNP frekansının tahmin edilenden çok daha fazla olmasının gerekçesi olarak proje kapsamında örneklenen tavuk ırklarının çok farklı popülasyonları yansıtırıyor olması gösterilmiştir (Weigend and Groeneveld 2008).

Diğer çiftlik hayvanlarında olduğu gibi, tavuk genomu analizlerinde kullanılmak üzere 60K'lık büyüklüğe sahip SNP arrayleri geliştirmek için girişimler yapılmıştır.

Tavuklardaki genetik varyasyonu ortaya çıkarmak amacıyla az sayıda SNP lokusunu içeren çalışmalar hali hazırda zaten yapılmaktadır. Ticari tavuk hatları ve diğer kaynak popülasyonlarında yapılan yaklaşık ~3.000 SNP markeri temelinde, her ticari ıslah hattı genetik varyasyonunun % 70 veya daha fazlasını kaybetmiştir. Kaybedilen bu genetik varyasyonun ancak % 25’lik kısmının bütün ticari tavuk hatlarının birleştirilmesiyle tekrar geri kazanılabileceği ifade edilmektedir. Modern ıslah yöntemlerinin bu allel kayıplarının ana nedeni olmadığı, allellerin çoğunluğunun var olan endüstrinin oluşumundan önce kaybedildiği belirtilmiştir. Andreescu *et al.* (2007), 1. ve 4. kromozomlarda sırasıyla 959 ve 398 SNPs verilerini kullanarak dokuz ticari etçi tavuk hattında bağlantı derecesini (LD, *linkage disequilibrium*) değerlendirmiştir. Araştırma sonuçları, genetik varyasyon çalışmalarında SNP’lerin etkin bir şekilde kullanılabileceğine ilişkin önemli ipuçları ortaya koymuştur (Weigend and Groeneveld 2008). Tavuk genomu çalışmalarında elde edilecek SNP verilerinin, moleküler seviyede fonksiyonel özelliklerdeki genetik varyasyonun değerlendirilmesine ve genlerin biyolojik fonksiyonlarının açıklanmasına yardımcı olacak yeni bir seviye getireceği açıkça görülmektedir (Weigend and Groeneveld 2008).

Moleküler DNA markerleri kullanılarak Türkiye yerli tavuk ırklarının tanımlanması amacına yönelik sadece bir yayına rastlanılmıştır. Kaya and Yıldız (2008) tarafından yapılan söz konusu araştırma bu tez çalışmasında elde edilen araştırma sonuçlarından özetlenmiştir. Türkiye’de ticari olarak yetiştirilen tavuk hatlarında PCR-RAPD tekniği kullanılarak yapılan iki araştırmaya rastlanılmıştır. Bu araştırmalarda da esas olarak hatlar içi genetik varyasyon ile hatlar arasındaki genetik uzaklıkların belirlenmesine çalışılmıştır (İvgin ve Bilgen 2002; Kaya 2003). Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü’nde yetiştirilen 10 yumurtacı saf hat arasındaki genetik çeşitliliği araştıran Okumuş and Kaya (2005), 10 adet RAPD primeri kullanarak yaptıkları çalışmalarında, 9 primerin polimorfik olduğunu, hatlar arasında 35 monomorfik ve 15 polimorfik bant tespit ettiklerini, hatların genetik benzerliklerini gösteren filogenetik ilişkiyi ortaya koyarak ticari hatlar arasında yüksek benzerliğin bulunduğunu belirtmişlerdir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 Canlı materyal ve örnekleme

Araştırmada hayvan materyali olarak, Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Lalahan Merkez Hayvancılık Araştırma Enstitüsü (Ankara), Denizli Horozu Üretme İstasyonu (Denizli) ve Denizli ile Sinop illerinde çeşitli özel işletmelerde (İsmail Mızraklı-Gerze, Ünal Şahin-Gerze, Cahit Gençsoy-Gerze, İsmail Fışkın-Denizli) bulunan Denizli ve Gerze ırklarına ait populasyonlardan kan örnekleri alınmıştır (Çizelge 3.1). Herbir populasyondan 5 horoz ve 20 tavuk olmak üzere toplam 25 örnekten kan alınmıştır. Çalışılan mikrosatelit lokusların tamamı otozomal lokuslar olduğundan araştırmada cinsiyet ayrımı üzerinde durulmamıştır. Tek kullanımlık ve steril enjektörler kullanılarak kanat altı toplar damarından antikoagülanlı (EDTA) tüplere 2-5 ml olarak alınan kan örnekleri buz kalıplarının bulunduğu taşıma kutusu ile laboratuvara getirilmiş ve buzdolabı sıcaklığında muhafaza edilmiştir. Sinop Tavukçuluk Üretme İstasyonu 2002 yılında Tarım ve Köyişleri Bakanlığı tarafından kapatılmıştır. 2002 yılında bu işletme kapatılmadan önce mevcut bulunan tavuklardan alınan ve -80 °C saklanan kan örnekleri materyal olarak kullanılmıştır.

Çizelge 3.1 Kan örneklerinin alındığı il, işletme, ırk ve örnek genişliği

İl	İşletme	İrk	n
Denizli	DHUC (Denizli Horozu Yetiştirme İstasyonu)	Denizli	25
Denizli	DOI (Denizli Özel İşletmeler)	Denizli	25
Ankara	DLHMAE (Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü)	Denizli	25
Ankara	GLHMAE (Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü)	Gerze	25
Sinop	GOI (2002 yılında Sinop Tavukçuluk Üretme İstasyonu’ndan alınan kan örnekleri ile Gerze Özel İşletmeleri)	Gerze	25
Toplam			125

3.1.2 Araç ve gereçler

Doktora tez çalışması Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Biyometri ve Genetik ABD Genetik Laboratuvarı'nda yürütülmüştür. Mevcut laboratuvar bu ve benzeri araştırmaların başarı ile yürütülebilmesi için gerekli alt yapıya sahip bulunmaktadır. Araştırmada DNA izolasyonu, PCR koşullarının optimizasyonu ve ön araştırmaların yapılması sözkonusu laboratuvarda gerçekleştirilmiştir. Genotiplerin kapiller elektroforezde fragment analizi ile belirlenmesi otomatik DNA dizi analizi sisteminde (ABI PRISM 3100 Avant Genetic Analyzer) Refgen-Gen Araştırmaları ve Biyoteknoloji Laburatuvarı (<http://www.refgen.com>)'ndan hizmet alımı şeklinde yapılmıştır. Bu çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi Çizelge 3.2'de verilmiştir.

3.1.3 Tampon çözeltiler

İzole edilen DNA örneklerinin saflıkları ile mikrosatelit lokusların PCR ürünlerinin belirlenebilmesi için agaroz ve poliakrilamid jel elektroforez yöntemlerinden yararlanılmıştır. Bu amaçla agaroz ve poliakrilamid jel elektroforezinde kullanılan tampon çözeltilerin bileşimleri Çizelge 3.3 ve Çizelge 3.4'de verilmiştir.

Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi

Adı (model)	Çalışmada kullanım amacı
Bidestile Saf Su Cihazı (Büchi Fontavapor 285)	DNA izolasyonu ve PCR reaksiyonları için
Ultra Saf Su Cihazı (Sg Ultra Clear Basic)	kullanılan tampon çözeltilerin hazırlanması
pH metre (Orion 420)	Tampon çözeltilerin hazırlanması için gerekli pH'nın belirlenmesi
Otoklav (Hyrarna)	Kullanılan malzemelerin sterilizasyonu
Nano Drop Spectrofotometre (ND 1000)	DNA örneklerinin yoğunluk ve saflık derecelerinin belirlenmesi
Çalkalayıcı Sıcak Su Banyosu (Kotterman)	DNA izolasyonu
Isıtıcı Manyetik Karıştırıcı (Janke& Kunkel KG)	Tampon çözeltilerin hazırlanması
Çalkalayıcı-Vortex (Julabo Paramix3)	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonu
Santrifüj (NÜVE NF1215 5000 rpm)	DNA izolasyonu ve PCR aşamalarında örneklerin santrifüj edilerek çöktürülmesi
Mikro Santrifüj (SIGMA 1-15, 14.000 rpm)	
Mikro Santrifüj (HERMLE Z 231M, 15.000 rpm)	
Soğutmalı Santrifüj (Thermo I. M. Rf 8467 0260, 16.800 Rpm, 30.000 g)	DNA izolasyonu sırasında örneklerin bozulmadan santrifüj edilmesi
Hassas Terazı (Sartorius 200 G)	Tampon çözeltilerin hazırlanmasında sarf malzemelerin tartılması
Dijital Hassas Teraziler (Sartorius R 200 ve D 1000G)	
Gradient Thermal Cycler 96 Örnek. (Biorad-My Cycler)	PCR ile lokusların çoğaltılması
Thermal Cycler 25 Örneklik (Techne TC 312)	
Yatay Agaroz Jel Elektroforez Takımları (Thermo)	DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin tespit edilmesi, restriksiyon sonucu elde edilen bant modellerinin jelde belirlenmesi
Dikey PAGE Jel Elektroforez Takımları (HSI 2000)	
Güç Kaynakları (HSI 2500 DC, Bimetra P25, Bio Rad Model 200/2.0)	Elektroforez sistemlerinin elektrik ortamlarının sağlanması
Jel Görüntüleme ve Analiz Sistemi (Kodak Gel Logic 200)	DNA izolasyonu, PCR ürünleri ile RFLP lokusların jelde görüntülenmesi ve bilgisayar ortamına aktarılması
Termal Yazıcı (Sony Digital Graphic Printer Up-D895)	DNA izolasyonu, PCR ürünleri ile RFLP lokusların arşivlenmesi için baskı yapılması
Mikro Dalga Fırını (Arçelik MD 500)	Agaroz jellerin hazırlanması
UV Transilluminatör (Vilber Lourmat)	DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin ön denemelerinin agaroz jel elektroforez ayrımı sırasında kontrollerinin yapılması
UV Lambası ve Gözlükleri (Mineralight Lamp UV-254/366 Nm)	
Derin Dondurucu (Rua Instruments, -80 C ⁰)	Örnekler ile bazı sarf malzemelerin saklanması
Derin Dondurucu (Arçelik, -25)	
Derin Donduruculu Buzdolabı (Arçelik, (-25) – (+4)	
Steril DNA İzolasyon Kabini (Metisafe Class II)	DNA izolasyonu ve PCR'ların steril bir ortamda yapılması
Çeker Ocak (Metisafe Class II)	Tampon çözeltilerin hazırlanması

Çizelge 3.3 Elektroforez ve agaroz jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri

Çözelti	Yoğunluk	Bileşimi		
Elektroforez / stok jel tampon çözeltisi	50 X TAE	242.0	g	Tris
		57.1	mL	Glasiyel asetik asit
		100.0	mL	0.5 M EDTA, pH 8.0
		1000.0	mL	'ye tamamlanır.
Elektroforez / jel tamponu ve yürütme tampon çözeltisi	1 X TBE	1/50	50 X TAE'den seyreltme yapılır.	
Örnek yükleme tampon çözeltisi	10 X DNA örnek yükleme tampon çözeltisi	5.0	mL	Gliserol
		2.0	mL	Bromfenol mavisi (% 5)
		1.5	mL	0.5 M EDTA
		1.5	mL	Steril bdH ₂ O

Çizelge 3.4 Elektroforez ve poliakrilamid jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri

Çözelti	Yoğunluk	Bileşimi		
Akrilamid-bisakrilamid stok çözeltisi	% 30	29.0	gr	Akrilamid
		1.0	gr	Bisakrilamid
		100.0	mL	'ye tamamlanır
Elektroforez / stok jel tampon çözeltisi (TBE)	10 X TBE	108.0	gr	Tris
		55.0	gr	Borik asit
		49.0	mL	0.5 M EDTA (pH 8.0)
		1000.0	L	'ye tamamlanır.
Elektroforez / jel tamponu ve yürütme tampon çözeltisi	5 X TBE	25.0	mL	10 X TBE
		25.0	mL	bdH ₂ O ile karıştırılır.
APS	% 10	0.1	gr	APS (Amonyum persülfat)
		1000.0	µL	'ye tamamlanır
Poliakrilamid jel (%10) tampon çözeltisi	60.0 mL	20.0	mL	Akrilamid-bisak. stok çözeltisi
		12.0	mL	5 X TBE
		1.5	mL	APS (%10)
		80.0	µL	TEMED
		28.0	mL	Steril bdH ₂ O

3.2 Yöntem

3.2.1 DNA molekülünün izole edilmesi

Toplam genomik DNA (gDNA), DNA saflaştırma kiti (Promega Wizard Genomic DNA Purification Kit)) kullanılarak izole edilmiştir. Elde edilen gDNA'lar, TE tampon (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8.0) çözeltisi içinde çözündürülerek +4 °C'de saklanmıştır. İzole edilen gDNA'ların miktar ve saflık kontrolleri Nano Drop spektrofotometride 260/280 nm dalga boyunda kontrol edilmiştir. Saflık oranları 1,8-2,0; miktarları ise 50-200 ng/μl arasında değişmekte olup, bu değerler söz konusu lokusların çalışılması için gerekli olan sınırlar içerisinde. DNA izolasyonu aşağıdaki şekilde yapılmıştır.

1. EDTA'lı kan örneklerinden 50 μl kan örneği alınarak 1,5 ml'lik ependorf tüpe konarak üzerine 900 μl hücre parçalama solusyonu eklenerek 10 dak. oda sıcaklığında bekletilmiştir.
2. Örnekler 15.000 rpm'de 20 sn. santrifüj edilerek ayrılan süpernatant uzaklaştırıldıktan sonra hücreleri içeren pelet çalkalanarak dağıtılmış ve sonra tekrar 750 μl hücre parçalama solusyonu eklenerek 10 dak. bekletilmiştir.
3. 15.000 rpm'de 20 sn santrifüj edilerek, supernatant dökülmüş pelet tekrar çalkalanmıştır. Karışıma 300 μl çekirdek parçalama solusyonu eklenerek 37 °C'da bir saat çalkayıcı su banyosunda inkübe edilmiştir. Süre sonunda 1,5 μl RNase solusyonu eklenerek 15 dak. 37 °C'da çalkayıcı su banyosunda inkübe edilmiştir.
4. 130 μl protein çökeltme solusyonu eklenerek, 10-20 sn hafifçe çalkalanır.
5. Bu çözelti santrifüj edilip (15.000 rpm/3 dak.), süpernatant içinde 300 μl isopropanol bulunan yeni bir tüpe alınır.
6. Bu çözelti santrifüj edildikten sonra (15.000 rpm/1 dak.), DNA küçük beyaz pelet halinde gözükür.
7. Elde edilen DNA, % 70'lik etanol ile tekrar yıkanır ve tüpteki alkol uçurularak DNA kurutulur.
8. Tüpe 100 μl DNA sulandırma solüsyonu eklenerek 1 saat inkübe edilerek DNA sulandırılır.
9. Örnekler kullanılıncaya kadar +4 °C'de saklanmıştır.

Araştırmanın yürütülebilmesi için gerekli olan yeterli miktarda genomik DNA izolasyonunun başarısı ve elde edilen genomik DNA moleküllerinin tek parça halinde olup olduğu % 1 'lik agaroz jellerinde jel görüntüleme ve işleme sisteminde tespit edilmiştir.

3.2.2 Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

Çalışılan mikrosatelit lokusların çoğaltımları için standart hale getirilen PCR şartları Çizelge 3.5’de, PCR programı ise Çizelge 3.6’da verilmiştir (Cheng *et al.* 1995).

Çizelge 3.5 Bir örnek başına 0.2 ml’lik PCR tüplerine konulan sarf malzemeleri ve miktarları

Sarf malzeme	Miktar
Genomik DNA (50-100 ng)	2.00 µl
10 X PCR tamponu	2.50 µl
10 x dNTP (2 mM)	2.50 µl
MgCl ₂ (25 mM)	1.50 µl
İleri primer (20 pM)	0.25 µl
Ters primer (20 pM)	0.25 µl
Taq DNA polimeraz (0.5 U)	0.80 µl
Steril deiyonize bdH ₂ O	14.70 µl
Toplam reaksiyon hacmi	25.00 µl

Çizelge 3.6 PCR programı

94 °C → 5 dak	Ön denaturasyon (DNA eksenlerinin birbirlerinden ayrılması)
94 °C → 30 sn	Denaturasyon (DNA eksenlerinin birbirlerinden ayrılması)
46-52 °C → 30 sn	30 döngü Annealing (Primerin komplementer kalıp DNA ekseni bölgesine bağlanması)
72 °C → 45 sn	Extension (Üzerinde durulan DNA bölgesinin sentezinin yapılması)
72 °C → 10 dak	Final extension (Üzerinde durulan DNA bölgesinin sentezinin son kez yapılması)

PCR çalışması sonunda elde edilen PCR ürününden 1µl alınıp üzerine 12 µl formamide ve 0,5 µl marker (500 bp) konmuştur. Karışım 95 °C’de 5 dak. denatüre edilip soğutulduktan sonra otomatik DNA dizi analizi cihazına (ABI PRISM 3100 *Avant Genetic Analyzer*) yerleştirilerek örneklerin sahip olduğu fragment (allel) büyüklükleri tespit edilmiştir.

3.2.3 Mikrosatelit primerler

Araştırmada, ISAG/FAO'nun tavsiye ettiği ve populasyon test kiti olarak kullanılması önerilen polimorfik ADL0102, ADL0136, ADL0158, ADL0171, ADL0172, ADL0176, ADL0181, ADL0210, ADL0267 ve ADL0268 mikrosatelit lokusları kullanılmıştır. Bu mikrosatelit lokusların tanıtıcı bilgileri Çizelge 3.7'de detaylı bilgileri EK 1'de özetlenmiştir. Değişik araştırma grupları tarafından yapılan genom haritalamalarının birleştirilmeleri sonucunda üzerinde anlaşılan tavuk kromozomları (genomu ya da bağlantı grupları) ise EK 2'de verilmiştir (http://poultry.mph.msu.edu/resources/conmap/CCG_MAP.pdf).

3.2.4 Genotiplerin belirlenmesi

Çalışılan beş tavuk populasyonuna ait toplam 125 tavuğun genotipleri, üzerinde durulan 10 mikrosatelit lokus bakımından otomatik DNA dizi analizi sisteminde (ABI PRISM 3100) tek tek (çoklu PCR değil) fragment analizi yapılarak belirlenmiştir. Böylece çoklu PCR'dan dolayı kaynaklanabilecek bazı yanlış okumaların önüne geçilerek fragment analizlerinin duyarlılığı artırılmıştır (Şekil 3.1-3.3).

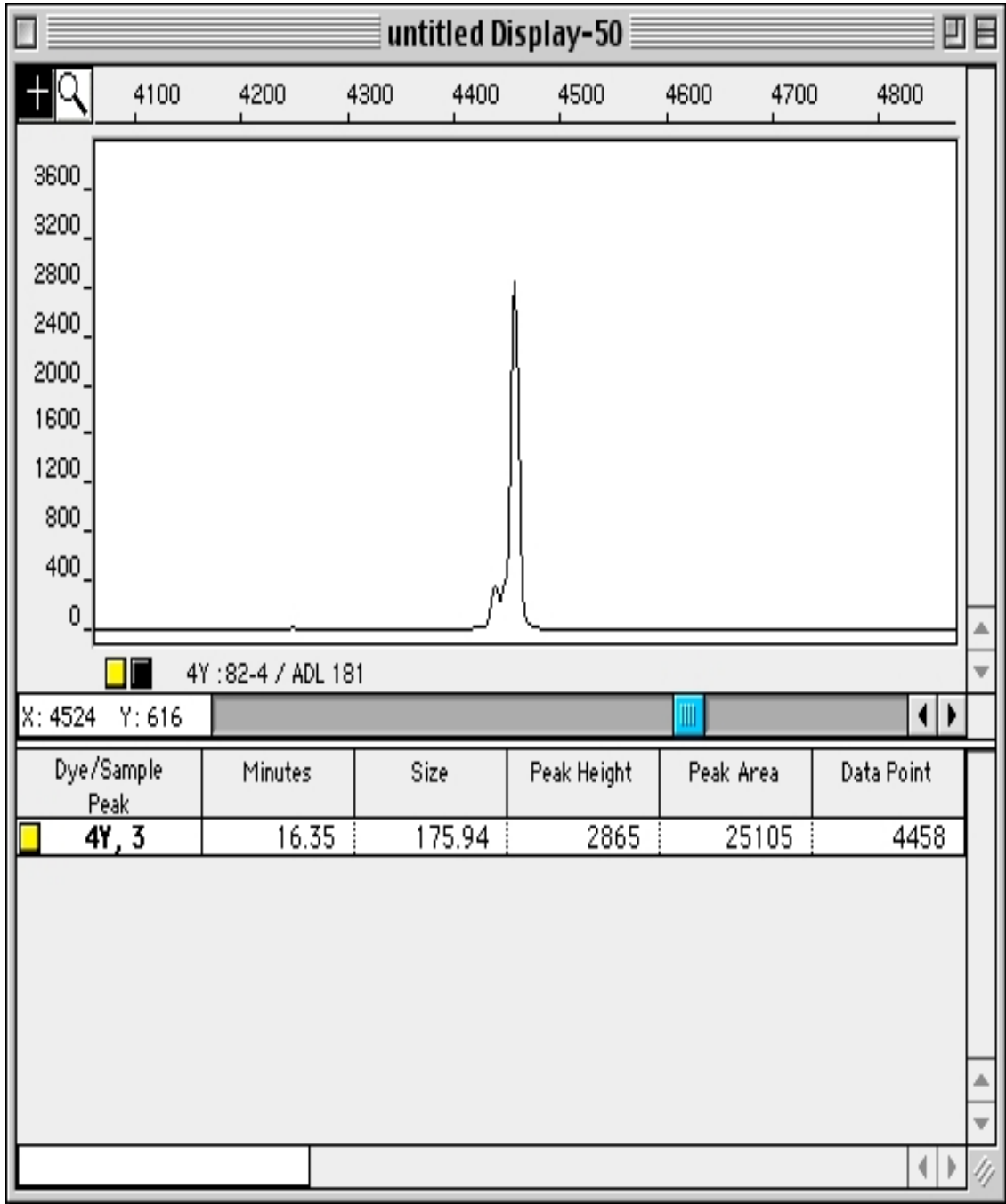
Mikrosatelit çalışmalarında kapiller elektrofez sonuçları temelinde fragment analizi yöntemi kullanılıyorsa genotiplerin belirlenmesi şu şekilde yapılmaktadır. Örneğin ADL0181 mikrosatelit lokusu (CA)₁₂ tekrarlarından meydana gelmektedir (Çizelge 3.7 ve EK 1). Burada CA seti halinde tekrar eden sitozin (C) ve adenin (A) nükleotitlerini, 12 ise ardışık olarak tekrar eden sayıyı ifade etmektedir. Bu bakımdan alleller arasındaki nükleotit farklılıkları 2 ve bunun katları şeklinde olacaktır. Bu araştırmada Denizli populasyonlarında ADL0181 lokusunda 174-192 bp aralığında 6 farklı allele rastlanılmıştır. Bu lokus bakımından herhangi bir tavuğun fragment analizi kapiller elektrofez sonuçlarındaki pik değerleri kullanılarak 175.94 olarak (tek bir pik noktasına sahip) belirlenmiş ise, bu değer hem mikrosatelit lokusun tekrar eden birimlerinin özelliğine hem de lokusun bp bakımından uzunluğuna bağlı olarak en yakın tam sayıya yuvarlanmaktadır.

Çizelge 3.7 Mikrosatelit lokusların özellikleri (Cheng *et al.* 1995, Groenen *et al.* 2000, ISAG/FAO 2004)

Lokus	Genbank numarası	Tekrar dizilimi	Boya	İleri primer (5'-->3')	Ters primer (5'-->3')	PCR sıcaklığı	Uzunluk bç	Allel sayısı	CCG-MAP	ELLG	WL (n)	JF (n)	UK49	UK50
ADL0102	G01547	(GT)18	FAM	TTC CAC CTT TCT TTT TTA TT	GCT CCA CTC CCT TCT AAC CC	47	122	10	Ch. 10	Ch. 10	96	119	97	97,103
ADL0136	G01561	(TG)10 TC (TG)10	HEX	TGT CAA GCC CAT CGT ATC AC	CCA CCT CCT TCT CCT GTT CA	52	145	10	Ch. 9	?	147	134	143	147,000
ADL0158	G01582	(CA)12	HEX	TGG CAT GGT TGA GGA ATA CA	TAG GTG CTG CAC TGG AAA TC	52	216	6	Ch. 10	E 29	217	189	189	189,190
ADL0171	G01593	(TG)18	TET	ACA GGA TTC TTG AGA TTT TT	GGT CTT AGC AGT GTT TGT TT	46	104	8	Ch. 8	Ch. 8	106	91	108	99,108
ADL0172	G01594	(AC)18	HEX	CTA TGG AAT AAA ATG GAA AT	CCC TAC AAC AAA GAG CAG TG	49	154	7	Ch. 8	Ch. 8	160	156	152	152,000
ADL0176	G01598	(GT)12	FAM	TTG TGG ATT CTG GTG GTA GC	TTC TCC CGT AAC ACT CGT CA	52	192	9	Ch. 2	Ch. 2	195	185	190,2	174,190
ADL0181	G01603	(CA)12	HEX	CAA TCT TTT GTG GGG TAT GG	CCA GTG AAA TTC ATC CTT TT	48	178	6	Ch. 2	Ch. 2	181	179	187	181,187
ADL0210	G01630	(AC)15	FAM	ACA GGA GGA TAG TCA CAC AT	GCC AAA AAG ATG AAT GAG TA	46	130	9	Ch. 11	Ch. 11	131	123	132	124,132
ADL0267	G01687	(CA)12	FAM	AAA CCT CGA TCA GGA AGC AT	GTT ATT CAA AGC CCC ACC AC	50	117	6	Ch. 2	Ch. 2	118	110	108	106,108
ADL0268	G01688	(GT)12	FAM	CTC CAC CCC TCT CAG AAC TA	CAA CTT CCC ATC TAC CTA CT	48	110	6	Ch. 1	Ch. 1	112	114	112	112,000

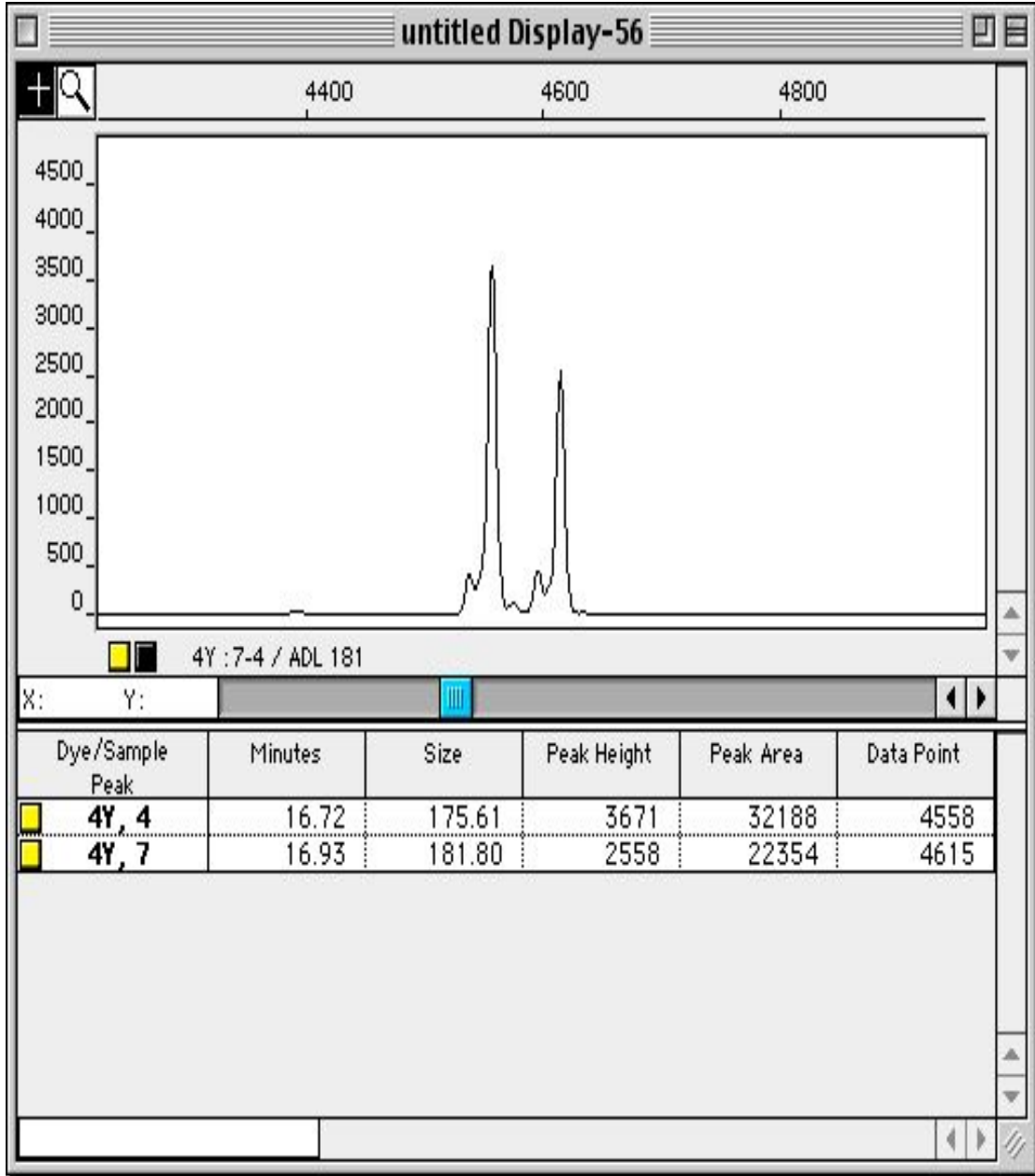
CCG MAP: Üzerinde anlaşma sağlanmış olan tavuk genomu haritası (http://poultry.mph.msu.edu/resources/conmap/CCG_MAP.pdf), ELLG: East lansing genetik haritası'nda bağlı bulunduğu bağlantı grubu. WL: Beyaz leghorn, JF: Kırmızı yabani tavuk, UK49 ve UK50: sırasıyla UK49 ve UK50 DNA molekülleri kullanıldığında elde edilen PCR ürünü büyüklükleri

Buna göre, ADL0181 lokusu bakımından Şekil 3.1’de verilen fragment analizi sonucunda 176 (175.94) bp’lik allel bakımından tek bir pik noktası elde edildiğinden örneklenen tavuğun genotipi homozigot (176/176) olarak tespit edilmiştir.



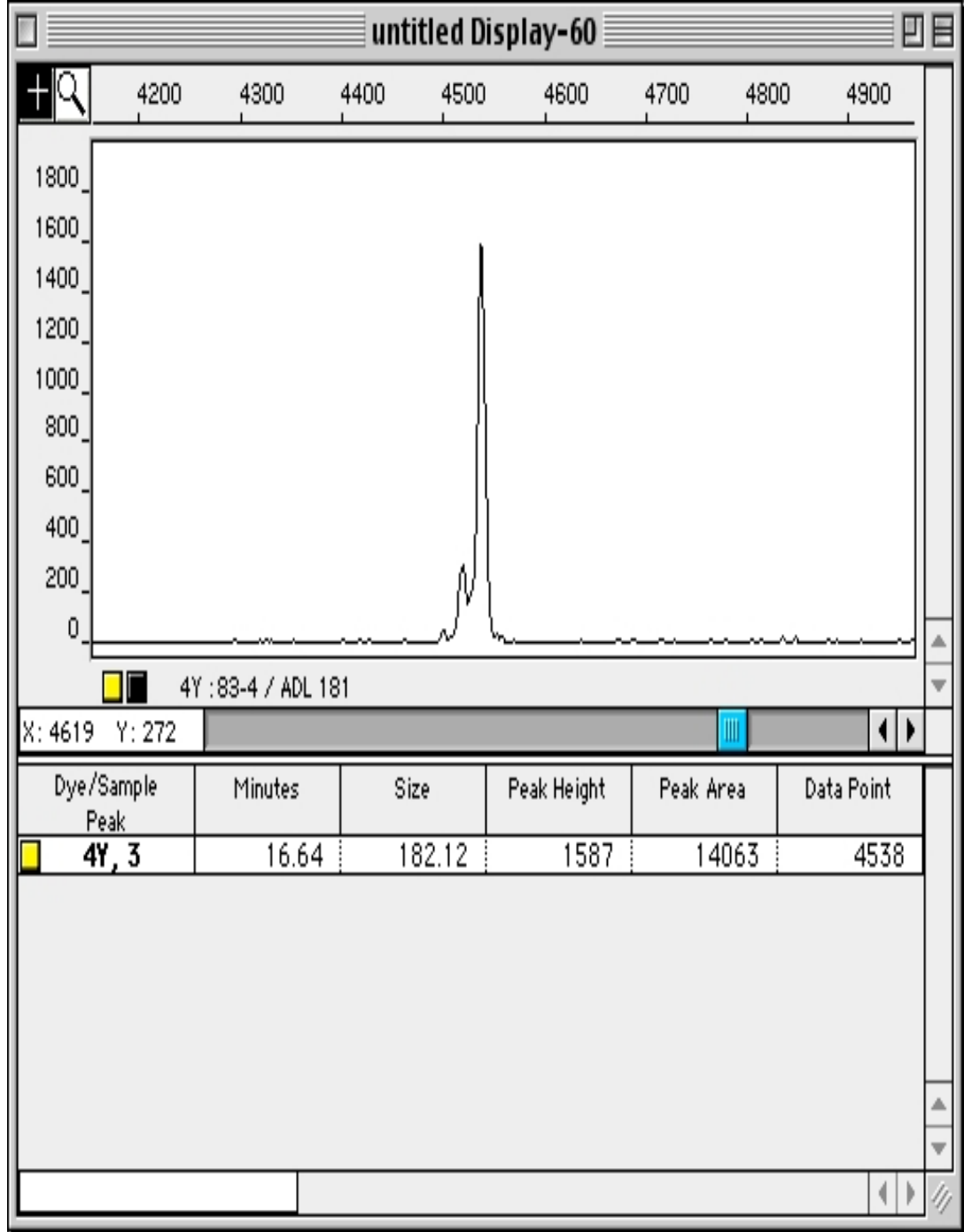
Şekil 3.1 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından homozigot (176/176) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi

ADL0181 lokusu bakımından herhangi bir heterozigot genotipe sahip olan bireylerin fragment analizleri allel büyüklüklerine bağlı olarak iki farklı pik noktasına sahip olmaktadır. Şekil 3.2 incelendiğinde, ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından 176 (175.61) ve 182 (181.80) bp alleller bakımından heterozigot genotipteki bir tavuğun genotipi 176/182 olarak ifade edilmektedir.



Şekil 3.2 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından heterozigot (176/182) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi

ADL0181 lokusu bakımından Şekil 3.3’te verilen fragment analizi sonucunda 182 (182.12) bç’lik allel bakımından tek bir pik noktası elde edildiğinden örneklenen tavuğun genotipi homozigot (182/182) olarak tespit edilmiştir.



Şekil 3.3 ADL0181 mikrosatelit lokusu bakımından homozigot (182/182) genotipe sahip bir tavuğun genotipinin fragment analizi ile belirlenmesi

3.3 İstatistik Analizler

Verilerin analiz edilmesinde POPGENE (Yeh *et al.* 1997), Arlequin ver. 2.00 (Schneider *et al.* 2000), Cervus ver. 3.0.3 (Marshall *et al.* 1988; Kalinowski *et al.* 2007), Genetix 4.05 (Belkhir *et al.* 2004), GENEPOP ver. 1.2 (Raymond and Rousset 1995) *structure* 2.2 (Pritchard *et al.* 2000) ve MEGA4 (Tamura *et al.* 2007) paket programlarından yararlanılmıştır.

3.3.1 Gen frekansları

Gen frekansları Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarında üzerinde durulan mikrosatelit lokuslar bakımından elde edilen genotiplerden Nei (1987)'nin gen (allel) sayma (*counting the number of gene*) yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır. Gen frekansları POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

3.3.2 Heterozigotluk değerleri

Tavuk ırklarının evriminde meydana gelen mutasyon, şans, seleksiyon ve göçlerle ortaya çıkan genetik varyasyon protein, enzim ve çeşitli DNA polimorfizmleri yardımıyla tespit edilebilmektedir. Mikrosatelit çalışmalarında heterozigotluk ölçüsü olarak standart kabul edilen allel genişlikleri (*AG, allele size*), allel sayısı (*Na, number of alleles*) ve etkili allel sayısı (*Ne, effective number of alleles*), gözlenen heterozigotluk (*Ho, observed heterozygosity*), beklenen heterozigotluk (*He, expected heterozygosity*) ve polimorfizm bilgi içeriği (*PIC, polymorphism information content*) istatistikleri hesaplanmıştır.

3.3.2.1 Allel genişlikleri (*AG*)

Araştırmanın başlangıç noktasında çalışılacak lokusların allel genişliklerine bakılarak hangi lokusların çalışılmasının daha etkin ve uygun olabileceğine karar verilmektedir. Allel genişlikleri lokusların genetik varyasyon ölçüsünü tanımlayan bir istatistiktir. Bir lokustaki allel genişliği ne kadar fazla ise o lokus bakımından genetik varyasyonun belirlenme ihtimalinin o kadar yüksek olması beklenir. Bir lokus bakımından belirlenen allel genişliği populasyondan popülasyona değişebilmekte ve populasyonların karşılaştırılması mümkün olmaktadır. Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarında

alıřılan mikrosatelit lokuslara ait allel geniřlikleri řekil 3.1-3.3'te rnekleri verilen pik deęerleri kullanarak belirlenen genotiplerden tespit edilmiřtir. Allel geniřlikleri POPGENE (Yeh *et al.* 1997) ve Cervus ver. 3.0.3 (Marshall *et al.* 1988; Kalinowski *et al.* 2007) paket programları kullanarak hesaplanmıřtır.

3.3.2.2 Allel sayısı (N_a)

Arařtırmanın bařlangı noktasında alıřılacak lokusların allel sayısı ile etkili allel sayılarına bakılarak hangi lokusların alıřılmasının daha uygun olabileceęine karar verilmektedir. Bir lokustaki allel sayısı ile etkili allel sayısı ne kadar fazla ise o lokus bakımından genetik varyasyonun belirlenme ihtimalinin o kadar yksek olması beklenir. Bununla birlikte, herhangi bir lokus bakımından belirlenen allel sayısı ile etkili allel sayısı populasyondan populusyona deęiřebilmektedir. Buradan hareketle bu istatistik kullanılarak populusyonların karřılařtırılmaları da mmkn olabilmektedir. Bu istatistięin hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programından yararlanılmıřtır.

3.3.2.3 Etkili allel sayısı (N_e)

Etkili allel sayısı (N_e) bir lokusta varolan allelerin ne kadarının o lokustaki genetik varyasyona katkı saęladıęının belirlenmesinde kullanılan bir istatistiktir. Etkili allel sayısı Kimura and Crow (1964)'a gre ařaęıdaki eřitlik ile hesaplanmış olup, bu istatistięin hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programından yararlanılmıřtır.

$$N_e = \sum_i (1 / \sum_i P_i^2) / r \quad P_i, i. \text{ allelin frekansı; } r, \text{ lokus sayısı}$$

3.3.2.4 Gzlenen heterozigotluk (H_o)

Gzlenen heterozigotluklar řekil 3.2'de rneklenen heterozigot genotiplerin toplam genotiplere oranı řeklinde Nei (1987)'ye gre, POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programı kullanarak hesaplanmıřtır.

3.3.2.5 Beklenen heterozigotluk (H_e)

Beklenen heterozigotluklar gen frekansları kullanılarak tahmin edilmiştir. Beklenen heterozigotluk ortalamaları arasındaki farklılıklar t testi (*student's t-test*) ile kontrol edilmiştir (Nei 1987). Hesaplanan beklenen heterozigotluklar gen frekansları kullanılarak yansız (*unbiased*) olarak Nei (1978)'e göre tahmin edilmiştir.

Beklenen heterozigotlukların hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) ve Cervus ver. 3.0.3 (Marshall *et al.* 1988; Kalinowski *et al.* 2007) paket programlarından yararlanılmıştır.

$$H_e = \sum_i H_{ei} / r \quad H_{ei} = (2n (1 - \sum_i P_i^2)) / (2n - 1)$$

$$V(H_e) = V(H_{ei}) / r \quad V(H_{ei}) = \sum_i (H_{ei} - H_e)^2 / (r - 1)$$

$$t = d / S_d \quad d = H_{ex} - H_{ey} \quad S_d = \sqrt{(Sh_{ex})^2 + (Sh_{ey})^2}$$

P_i = i . allel frekansı

H_e = Tüm lokuslar üzerinden populasyonun ortalama heterozigotluğu

H_{ei} = i . lokusta beklenen tek lokus heterozigotluğu

r = Lokus sayısı

N = Örnek genişliği

d = x ve y populasyonlarında beklenen ortalama heterozigotluklar arasındaki fark

S_d = x ve y populasyonlarında beklenen ortalama heterozigotluklara ait standart hata

H_{ex} = x populasyonunda beklenen ortalama heterozigotluk

H_{ey} = y populasyonunda beklenen ortalama heterozigotluk

Sh_{ex} = x populasyonunda beklenen ortalama heterozigotluğun standart hatası

Sh_{ey} = y populasyonunda beklenen ortalama heterozigotluğun standart hatasıdır.

3.3.2.6 Polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

PIC değeri bir genetik markerin ne kadar polimorfik yapıda olduğunun belirlenmesinde kullanılan bir indekstir. Çalışılan lokuslardaki varyasyonun hangi seviyelerde olduğunun ve buna bağlı olarak da o lokusun marker olarak kullanılma etkinliğini belirleyen bir katsayı olarak kullanılmaktadır. Bu temelde PIC değerleri herhangi bir lokusu tanımlayan ve o lokus hakkında daha duyarlı bilgi elde edinilmesi amacıyla kullanılan iyi bir ölçüt olarak değerlendirilmektedir (Botstein *et al.* 1980).

Herhangi bir lokusta tespit edilebilecek PIC değerleri şu şekilde yorumlanmaktadır.

- $PIC > 0.50$ ise, yüksek seviyede bilgi sağlayan bir marker,
- $0.50 > PIC > 0.25$ ise, orta seviyede bilgi sağlayan bir marker,
- $0.25 > PIC$ ise, çok az bilgi sağlayan bir marker olarak değerlendirilir.

PIC değerleri Cervus ver 3.0.3 (Marshall *et al.* 1988, Kalinowski *et al.* 2007) kullanılarak hesaplanmıştır.

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^n P_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2 P_i^2 P_j^2$$

n = allel sayısı

P_i = i nci allelin frekansı

P_j = j nci allelin frekansı

3.3.3 Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is}) ve F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST})

Populasyonlarda akraba bireylerin çiftleştirilmesi akrabalı yetiştirme (*inbreeding*) olarak adlandırılır. Akrabalı yetiştirme, genotip frekanslarında Hardy-Weinberg genetik dengesinde beklenen oranlardan homozigotlaşmaya doğru bir değişim olarak tanımlanmaktadır. Üzerinde çalışılan lokus veya lokuslar bakımından Hardy-Weinberg genetik dengesinden olan sapmalar homozigotlaşma indeksi (F , *fixation index*) olarak ifade edilmektedir (Wright 1978).

Bir tür ya da ırka ait populasyonlar çiftleştirme sistemlerine, yetiştirildikleri coğrafi ve ekolojik bölgelere bağlı olarak çeşitli işletmelerde yetiştirilmektedirler. Farklı izole bölgelerde ya da işletmelerde yetiştirilen populasyonlar, o tür veya ırka ait alt populasyonlar (*subpopulation*) olarak tanımlanmaktadır. Alt populasyonların genetik yapıları, selektif faktörlere (örnek genişliklerinin farklı olması, uygulanan seleksiyon yöntemlerindeki farklılık, alt populasyonlar arasında meydana gelen göç ve değişik çevre faktörlerinin farklı genotiplere farklı ortam sağlaması gibi) bağlı olarak sonsuz genişlikte olan ve rastgele çiftleşmenin uygulandığı varsayılan bir populasyonlara bölünmüş ise, alt populasyonlarda belirtilen selektif faktörlerden dolayı homozigot genotiplerin frekansları Hardy-Weinberg genetik dengesinde olması beklenen oranlardan çok daha yüksek olacak ve buna bağlı olarak da heterozigotların frekansı

düşecektir. Başka bir ifadeyle bir populasyon, alt populasyonlara bölündüğünde her bir alt populasyonda selektif faktörlere bağlı olarak farklı genotiplerde homozigotlaşma artacaktır. Bu alt populasyonların tekrar karıştırılmasıyla oluşan populasyonda homozigot genotiplerin frekansı, karışmadan önceki alt populasyonlarda gözlenen homozigot genotiplerin frekansından daha düşük olacaktır. Populasyonun genetik yapısında meydana gelen bu özellik (değişme) ilk kez 1928 yılında Wahlund tarafından tespit edildiği için **Wahlund prensipleri** (*Wahlund's principles*) olarak ifade edilmektedir (Hartl and Clark 2007).

Wright (1978)'a göre, üzerinde çalışılan populasyonların evriminde meydana gelen seleksiyon, göç ve bireylerin pedigrileri hakkında tanımlayıcı bilgilerin elde edilmesi çoğu zaman mümkün olamamaktadır. Böyle bir durumda; populasyonun (alt populasyonlardan oluşan) genetik yapısının, üzerinde çalışıldığı anda tespit edilen genotip frekanslarından yararlanılarak alt populasyonlardaki Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlardan olan sapma ve alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıklarla ifade edilebilir. Bu bağlamda populasyonda belirlenen toplam genetik farklılığın alt populasyonlar içi ve alt populasyonlar arası olmak üzere iki bileşene ayrılabilceği bildirilmektedir. Alt populasyonlardan oluşan bir populasyonda akrabalı yetiştirme durumunun belirlenmesinde ya da polimorfik allellerle ilişkili seleksiyon modelinin tahmininde F-istatistik modeli evrensel olarak kabul edilen analitik bir yaklaşım sağlamaktadır. Bu amaçla; F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} parametrelerinden yararlanılmaktadır. Bu parametreler F-istatistikleri olarak isimlendirilmekte olup, aralarında $(1-F_{IT}) = (1-F_{IS}) (1-F_{ST})$ bu şekilde bir ilişki bulunmaktadır (Nei 1987; Hartl and Clark 2007).

3.3.3.1 Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is})

Akrabalı yetiştirme katsayısı Wright (1978)'e göre iki şekilde tahmin edilmiştir. F_{is} değerleri tüm lokuslar üzerinden ve her bir populasyon için ayrı ayrı olarak hesaplanmıştır. F_{is} değerlerinin hesaplanmasında kullanılan beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri gen frekansları kullanılarak yansız (*unbiased*) olarak Nei (1978)'ye göre tahmin edilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayılarının hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) ve Genetix 4.05 (Belkhir *et al.* 2004) paket programlarından yararlanılmıştır.

3.3.3.2 F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST})

Nei (1987)'ye göre F-istatistikleri ırk farklılığı dikkate alınmaksızın Denizli ve Gerze ırklarına ait populasyonlar tek bir tavuk populasyonu olarak ele alındığında o tavuk populasyonunun gözlenen ortalama heterozigotluğu (H_o), Denizli ve Gerze ırklarının Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu varsayımıyla bu ırkların beklenen ortalama heterozigotluğuna (H_s) ve Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu varsayımıyla tüm populasyonun heterozigotluğu (H_T) bağlı olarak hesaplanmaktadır. Tüm populasyonun heterozigotluğunun (H_T) hesaplanmasında çalışılan lokuslarda hesaplanan gen frekanslarının ırklardaki ortalamaları alındıktan sonra her bir lokustaki beklenen heterozigotluk ve buna bağlı olarak da tüm lokuslar üzerinden beklenen ortalama heterozigotluk tahmin edilmektedir. H_s ve H_T değerleri şu şekilde hesaplanmıştır.

$$H_S = \sum_i H_{Si} / r$$

$$H_{Si} = (2n (1 - \sum_i P_i^2)) / (2n - 1)$$

$$H_T = \sum_i H_{Ti} / r$$

$$H_{Ti} = (2n (1 - \sum_i \bar{P}_i^2)) / (2n - 1)$$

P_i = Alt populasyonlarda i . allelin frekansı

$\bar{P}_i$ = Alt populasyonlarda i . allellerin ortalama frekansı

H_S = Tüm lokuslar üzerinden alt populasyonların ortalama heterozigotluğu

H_{Si} = Alt populasyonlarda i . lokusta beklenen tek lokus heterozigotluğu

H_T = Tüm lokuslar üzerinden tüm populasyonun ortalama heterozigotluğu

H_{Ti} = T tüm populasyonda i . lokusta beklenen tek lokus heterozigotluğu

r = Lokus sayısı

n = Örnek genişliği

Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarında F-istatistikleri (F -statistics) ya da fikzasyon indisleri ($fixation\ indices$) Nei (1987)'ye göre hesaplanmıştır. Populasyonların evriminde meydana gelen seleksiyon, göç ve bireylerin pedigrileri hakkında tanımlayıcı bilgilerin elde edilmesi çoğu zaman mümkün olamamaktadır. Böyle bir durumda, F-istatistikleri populasyonun (alt populasyonlardan oluşan) genetik yapısının, üzerinde çalışıldığı anda tespit edilen allel frekanslarından olan sapmaların bir fonksiyonu olarak ele alınmaktadır. Alt populasyonlardaki Hardy-Weinberg genetik dengesinde beklenen oranlardan olan sapmalar ile alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıkları

belirlemede F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} parametrelerinden yararlanılmaktadır. Bu parametreler arasında $(1-F_{IT}) = (1-F_{IS}) (1-F_{ST})$ şeklinde bir ilişki bulunmaktadır. F-istatistiklerinin (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) tanımlanmaları ve hesaplanmaları aşağıdaki şekilde yapılmıştır.

F_{IT} ; Populasyonun akrabalı yetiştirme katsayısı olup, populasyon seviyesinde rastgele birleşen iki gametin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimalidir. Diğer bir ifadeyle, birleşen gametler arasındaki korelasyonun populasyonda varolan diğer gametler arasındaki korelasyona oranıdır ve üzerinde çalışılan lokuslar bakımından populasyonda gözlenen genotip frekanslarının Hardy-Weinberg genetik dengesindeki oranlarından ortalama sapmalarının bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir. Bu indeks değeri, Türkiye tavuk populasyonunun akrabalı yetiştirme katsayısı ya da Hardy-Weinberg dengesinden sapması olarak değerlendirilmekte olup, $F_{IT} = (H_T - H_o) / H_T$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır.

F_{IS} ; Denizli ya da Gerze ırklarının akrabalı yetiştirme katsayısı olup, Denizli ve Gerze ırklarında ele alınan rastgele iki bireyin rastgele birleşen iki gametinin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimalidir. Diğer bir ifadeyle, birleşen gametler arasındaki korelasyonun her bir alt populasyonda var olan diğer gametler arasındaki korelasyona oranıdır ve üzerinde çalışılan lokuslar bakımından alt populasyonlarda gözlenen genotip frekanslarının Hardy-Weinberg genetik dengesindeki oranlarından ortalama sapmalarının bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir. Bu indeks değeri, Denizli veya Gerze ırklarına ait her bir alt populasyonun akrabalı yetiştirme katsayısı veya Hardy-Weinberg dengesinden sapması olarak ifade edilmekte olup, $F_{IS} = (H_s - H_o) / H_s$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır.

F_{ST} ; Denizli ya da Gerze ırklarına ait populasyonlarda rastgele ele alınan iki bireyin yine rastgele ele alınan iki gametinin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimalidir. Diğer bir ifadeyle, alt populasyonlarda rastgele ele alınan iki gamet arasındaki korelasyonun populasyondaki diğer gametler arasındaki korelasyona oranıdır ve üzerinde çalışılan lokuslar bakımından alt populasyonlar arasında var olan genetik farklılığın bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir. Bu indeks değeri Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılığın bir ölçüsü olup, $F_{ST} = (H_T - H_s) / H_T$ eşitliğiyle hesaplanmaktadır.

Populasyonların genetik yapılarının analiz edilmesinde Wrigt (1978)'ın F-istatistikleri yaygın olarak kullanılmakla birlikte, sonraki yıllarda bu istatistiklerin tekrar formüle edilmesi ve parametre tahmin yöntemlerin geliştirilmesine yönelik bir çok çalışma yapılmaktadır. Bu amaçla, geliştirilen ve diğer modellere oranla daha yaygın olarak kullanılan Weir and Cokerham (1984) tarafından geliştirilen modelde Wrigt (1978)'ın teorisinde yer alan tüm varsayımlar kabul edilmekte birlikte modelin tenkit edilen yönlerine tamamlayıcı yeni yaklaşımlar getirilmektedir. Wright (1978)'ın F-istatistik modelindeki F_{IS} ve F_{IT} parametreleri genellikle homozigotlaşma indeksleri olarak adlandırılır ve negatif ve pozitif değerler alabilmektedir. F-istatistik modeli, sonsuz sayıda alt populasyonun var olduğu varsayımına dayanan bir populasyon üzerine kurulduğu için modeldeki F_{ST} 'nin değeri pozitif olmak zorundadır. Ancak uygulamada sınırlı sayıda alt populasyon üzerinde çalışıldığı için F_{ST} 'nin değeri de değişebilmektedir. Bu durumda F_{ST} , bir parametre yerine bir istatistik olarak değerlendirilmektedir (Weir and Cockerham 1984). F_{ST} bir istatistik olarak ele alındığında nadiren de olsa negatif değerler alabilmektedir. Long (1986), negatif olarak tahmin edilen F_{ST} değerinin sıfır ($F_{ST} = 0$) olarak kabul edilebileceğini ve istatistik olarak tahmin edilen F_{ST} 'nin simgesinin de F_{ST}^* olarak gösterilmesi gerektiğini bildirmektedir. Çoklu allelik yapının var olduğu alt populasyonlar arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında F_{ST} 'nin G_{ST} ile gösterilebileceği belirtilmektedir. Bu durumda G_{ST} , F_{ST} 'nin tartılı ortalaması olarak değerlendirilmekte ve genetik farklılaşma katsayısı (*coefficient of gene differentiation*) olarak ifade edilmektedir (Nei 1987; Hartl and Clark 2007).

Hartl and Clark (2007)'a göre, populasyonlar arasındaki genetik farklılık seviyeleri 4 farklı grupta sınıflandırılmaktadır. Wright (1978)'a göre, populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar (F_{ST}) 0.05'ten daha küçük ise bu farklılıkların biyolojik olarak herhangi bir anlam taşımadığı bildirilmektedir (Hartl and Clark 2007). Buna göre F_{ST} ;

- $0.00 < F_{ST} < 0.05$ ise, populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar düşük,
- $0.05 < F_{ST} < 0.15$ ise, populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar orta,
- $0.15 < F_{ST} < 0.25$ ise, populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar yüksek ve
- $0.25 < F_{ST}$ ise, populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar çok yüksek seviyededir.

F_{ST} değerleri 5 populasyon ve iki ırk için ayrı ayrı hesaplanmıştır. F-istatistiklerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programından yararlanılmıştır.

3.3.4 Genetik farklılıklar

Bir çok organizma doğada sürüler ve koloniler halinde alt populasyonlara (*population subdivision*) bölünmüş olarak bulunmaktadır. Bu şekilde farklı populasyonlardan oluşan herhangi bir hayvan türü bulunuyorsa bu türü oluşturan farklı populasyonlar arasında ihmal edilemeyecek derecede genetik farklılıklar meydana gelmektedir. Genetik farklılık gen frekanslarının farklı populasyonlarda farklı farklı olmasıdır. Populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar, a) doğal seleksiyonun farklı populasyonlarda farklı alleller lehine bir avantaj sağlaması, b) populasyonların başlangıcında bir generasyondan diğerine allellerin şansa bağlı olarak rastgele aktarılması ya da aktarılamaması sonucu meydana gelmektedir.

Populasyonlar arasındaki genetik benzerlikler / farklılıklar için yaygın olarak kullanılan istatistiklerden ikisi, Wright (1978)'ın F-istatistikleri ile bağlantılı olarak Weir and Cockerham (1984) tarafından geliştirilen *ikişerli* F_{ST} istatistiği (*pairwise* F_{ST}), gen akışı (Nm , *gene flow*), Nei (1987)'nin genetik farklılaşma katsayı (G_{ST}) ve Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (D , *unbiased genetic distance*) değeridir.

Bu iki yöntemin teorik temelleri birbirlerinden oldukça farklıdır. Bir türe ait farklı populasyonlar üzerinde çalışılıyorsa akrabalı yetiştirmenin etkisini belirlemek için F-istatistikleri'nden yararlanılmaktadır. F-istatistikleri farklı populasyonlardaki genetik farklılığın objektif olarak karşılaştırılmasında kullanılan iyi bir indeks değeridir. Çünkü F-istatistikleri populasyonların tanımlanmasında kullanılan gözlenen heterozigotluk ve gen frekansları gibi detaylı bilgilere ihtiyaç duymadan farklı organizmalar yansız bir şekilde karşılaştırılmasında oldukça faydalı bir yöntemdir (Hartl and Clark 2007). Weir and Cockerham (1984) tarafından formüle edilen F-istatistiği (*ikişerli* F_{ST}), rastgele çiftleşen ve Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu varsayılan diploid (erkekli dişili çoğalan) populasyonlarda allel frekanslarından olan sapmaların bir fonksiyonu olarak geliştirilmiştir.

Nei (1972)'nin genetik uzaklık (D) kavramı ise, iki farklı populasyonda bulunan gen frekanslarının bir fonksiyonu olarak geliştirilmiştir.

3.3.4.1 *İkişerli F_{ST} değerleri*

İkişerli F_{ST} değerleri populasyonlardaki kısa sürede meydana gelen genetik farklılıklar olarak ölçülmekte olup, populasyonlar arasındaki allel frekanslarından olan farklılıkların bir ölçüsü olarak değerlendirilmektedir. *İkişerli F_{ST} değeri* daha çok populasyonlarda bulunan orta frekanslara sahip allellerden etkilenmektedir. Bir populasyonda bulunan diğer populasyonda bulunmayan nadir allellerin F_{ST} değeri üzerine hemen hemen hiçbir etkiye sahip değildir. Çünkü nadir alleller bir populasyonda çok az miktarda bulunur ve göç eden birey sayısı çok fazla olmadıkça da populasyonların genotipik yapılarının değiştirilmesinde herhangi bir fonksiyona sahip değildirler. Böylece nadir alleller sadece bulundukları populasyonlarda kalırlar. Bu allellerin yeterli bir gen frekansına ulaşmadıkları sürece diğer bir populusyona katkı sağlamaları da mümkün olamamaktadır. *İkişerli F_{ST} değeri* 5 populasyon ve iki ırk için ayrı ayrı hesaplanmıştır.

3.3.4.2 Gen akışı (Nm)

Farklı populasyonlar arasındaki farklılıkların belirlenmesinde sözkonusu populasyonlar arasında meydana gelen göçün etkisi göz ardı edilmemelidir. Farklı tavuk populasyonları arasında her generasyon göç eden bireylerin gerçek sayısı ise, gen akışı (Nm , *gene flow*) ile ifade edilmektedir. Lokal bir tavuk populasyonundaki bir horoz ya da tavuğun başka bir bölgedeki tavuk populasyonuna genetik faktör olarak katkıda bulunması göç (m , *migration*) olarak ifade edilmektedir. Hartl and Clark (2007)'e göre göç, populasyonların birbirlerinden farklılaşmasını önleyen temel bir faktör olarak ele alınmaktadır. Nm değeri iki farklı yöntemle hesaplanmaktadır.

Birinci Nm hesaplama yönteminde özgün allellerin frekanslarından yararlanılmaktadır. Sadece tek bir populasyonda bulunan allel temsil ettiği populusyona özgün allel (*private allele*) olarak tanımlanmaktadır. Doğal populasyonlarda genetik göçün tahmin edilmesinde kullanılan bir yöntem farklı populasyonlardan hesaplanan özgün allellerin ortalama gen frekanslarının doğrusal bir fonksiyonu olarak Nm değerinin logaritmik azalmalarına dayandırılan yöntemdir. Nm değeri 2 den küçük olduğunda bile hala farklı populasyonlar arasında genetik farklılık için dikkate değer fırsatların olduğu bildirilmektedir (Hartl and Clark 2007). Özgün allellerin ortalama frekanslarından

yararlanılarak hesaplanan Nm değerleri GENEPOP ver. 1.2 (Raymond and Rousset 1995) web ortamında paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

Diğer bir Nm hesaplama yöntemi ise, Nm değerinin F_{ST} 'ye bağlı olarak tahmin edilmesidir. Nm değeri, F_{ST} 'ye bağlı olarak ters bir ilişki içinde değişmektedir. F_{ST} küçüldükçe göç eden bireylerin sayısı artmaktadır. Populasyonlar arasında tam bir genetik izolasyon söz konusu ise $Nm = 0$ ($F_{ST} = 1$) olmaktadır. Mikrosatelit gibi kodominant kalıtım modeline sahip olan markerlerle çalışıldığında populasyonlar arasında meydana gelen gen akışı (Nm), F_{ST} değerine bağlı olarak, $F_{ST} = 1 / (1 + 4 Nm)$ eşitliği ve bundan türetilen $Nm = 0.25 (1 - F_{ST}) / F_{ST}$ eşitliği kullanılarak tahmin edilmiştir (Yeh *et al.* 1997). Ancak, Nm değerleri populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığı *ikişerli* F_{ST} (*pairwise* F_{ST}) değerlerinin kullanılarak oluşturulduğu matriksten hesaplanıyor ise bu durumda Nm , *ikişerli* (*pairwise*) Nm olarak tanımlanmakta ve hesaplanan gen akışı değerlerinin iki katı ($2Nm$) alınarak populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığı bir matriks oluşturulmaktadır. Populasyonlar arasında meydana gelen gen akışı (Nm) değerleri şu şekilde açıklanmaktadır:

- $Nm = 0.25$ ise, populasyonlar arasında her dört generasyonda bir birey göç etmektedir.
- $Nm = 0.50$ ise, populasyonlar arasında her iki generasyonda bir birey göç etmektedir.
- $Nm = 1.00$ ise, populasyonlar arasında her generasyon bir birey göç etmektedir.
- $Nm = 2.00$ ise, populasyonlar arasında her generasyon iki birey göç etmektedir.

İkişerli Nm değerlerinin hesaplanmasında Arlequin ver. 2.00 (Schneider *et al.* 2000) paket programından yararlanılmıştır.

3.3.4.3 Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Çoklu allelik yapının varolduğu alt populasyonlar arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında F_{ST} 'nin G_{ST} ile gösterilebileceği belirtilmektedir. Bu durumda G_{ST} , F_{ST} 'nin tartılı ortalaması olarak değerlendirilmekte ve genetik farklılaşma katsayısı (*coefficient of gene differentiation*) olarak ifade edilmektedir. Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılaşma katsayısının ($G_{ST} = F_{ST}$) hesaplanması için, çalışılan tüm lokuslarda hesaplanan allel frekanslarının ortalamalarından yararlanılarak tüm

populasyon için tahmin edilen beklenen ortalama heterozigotluk (H_T) ile Denizli (H_{SD}) ve Gerze (H_{SG}) ırklarının ortalama heterozigotluk (H_s) değerlerinden yararlanılmıştır. Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılaşma katsayısı $G_{ST} = D_{ST} / H_T$ eşitliği ile hesaplanmıştır. D_{ST} değeri Denizli ve Geze ırkları arasında meydana gelen genetik farklılığı ifade etmekte olup, $D_{ST} = H_T - H_s$ eşitliği ile hesaplanmaktadır. H_T ve H_s ($=H_e$) değerleri bölüm 3.3.3.2 de verilen eşitlikler yardımıyla hesaplanmıştır (Nei 1987, Hartl and Clark 2007).

3.3.4.4 Genetik uzaklık (D)

Tavuk populasyonları arasındaki mevcut genetik farklılığın ortaya konulması amacıyla, Nei (1978)'nin genetik uzaklık değerlerinden yararlanılmıştır. Genetik uzaklık, ölçülebilen özellikler bakımından populasyonlar/alt türler (ya da ekotipler) arasındaki gen farklılıklarının iyi bir ölçüsüdür. Böylece her bir nükleotit noktasında veya her bir lokusta meydana gelen nükleotit değişimlerinin sayısı genetik uzaklığın bir ölçüsü olarak kabul edilmektedir. İki populasyon arasındaki genetik uzaklık genellikle gen farklılıklarını ortaya koymakta ve allel frekanslarının bir fonksiyonu olarak ölçülmektedir. Geometrik uzaklık analogları olarak değerlendirilen çok sayıda genetik uzaklık tahmin yöntemi geliştirilmiştir. Bu amaçla yaygın olarak kullanılan yöntemlerden birisi de Nei (1972)'nin genetik uzaklık (D , *standard genetic distance*) yöntemi ile bundan geliştirilen yansız (*unbiased*) genetik mesafe yöntemidir (Nei 1978). Nei (1972) genetik uzaklık kavramını her bir lokus bakımından iki populasyon arasında meydana gelen gen (ya da kodon) değişim sayısının bir tahmini olarak ifade etmektedir. Genetik uzaklık populasyonlar arasındaki genetik benzerlikten (I , *genetic identity*) yararlanılarak hesaplanmaktadır. Ele alınan iki populasyon özdeş gen frekanslarına sahip ise genetik benzerlik 1, ortak allelelere sahip değilse 0 olacaktır. Genetik benzerlik 0 ila 1 arasında değişirken, genetik uzaklık sıfır (0) ile sonsuz (∞) arasında bir değer almaktadır

SMM modelini esas alan genetik uzaklık istatistikleri ardışık tekrar sayılarından olan farklılıkları (varyansı) kullanırken, *IAM* modelini esas alan genetik uzaklık istatistiklerinde ise allel frekanslarından olan farklılıkları (varyansı) kullanılmaktadır. Nei (1972)'nin standart genetik mesafe (D) ve bundan geliştirilen yansız genetik uzaklık değeri (Nei 1978) teorik olarak Kimura and Crow tarafından 1960'ların başlarında

geliştirilen sonsuz allel mutasyon modeli (*IAM*) prensiplerine uymaktadır. Bu mutasyon modelinde moleküler seviyede populasyonlarda gözlenen varyasyonun anlaşılması için nötral mutasyon hızı önerilmektedir. Nötral mutasyonlar şans (*genetic drift*) faktörü ile bir denge durumunda nükleotit seviyesinde herhangi bir lokusta mümkün olabilecek çok sayıda allelin meydana gelmesinden ya da eksilmesinden sorumludur. Sonsuz allel modelinde her bir mutasyon bölgesinde herhangi bir başlangıç alleli olmaksızın, eşit oranda ve daha önce populasyonda bulunmayan sonsuz sayıda farklı yeni allellerin (mikrosatelit lokus farklı tiplerde (AG)₃G(ATG)₅ tekrar birimlerinden oluşmaktadır) meydana gelebileceği kabul edilmektedir (MacHugh 1996). Genetik uzaklık değerleri 5 populasyon ve iki ırk için ayrı ayrı hesaplanmıştır.

Nei (1987)'nin genetik uzaklıklarının (*D*) hesaplanmasında POPGENE (Yeh *et al.* 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$D = -\ln I \quad I = J_{xy} / \sqrt{J_x J_y}$$

$$J_{xy} = \sum_i P_{xi} P_{yi} \quad J_X = \sum_i P_{xi}^2 \quad J_y = \sum_i P_{yi}^2$$

$$\begin{aligned} I &= \text{X ve Y populasyonları arasındaki genetik benzerlik} \\ P_{xi} &= i. \text{allelin X populasyonundaki frekansı} \\ P_{yi} &= i. \text{allelin Y populasyonundaki frekansdır.} \end{aligned}$$

3.3.5 Moleküler varyans analizi (*AMOVA*)

Çalışılan populasyonlarda moleküler genetik yöntemler kullanılarak elde edilen verilerin daha duyarlı istatistik metotlarıyla analiz edilmesine yönelik yoğun çalışmalar yapılmaktadır. DNA seviyesinde RAPD, RFLP ve mikrosatelit markerler kullanılarak elde edilen verilerin istatistik analizlerinde son yıllarda Weir and Cockerham (1984) ve Excoffier *et al.* (1992) tarafından geliştirilen moleküler varyans analizi (*AMOVA*, *analysis of molecular variance*) yaygın olarak kullanılmaktadır. *AMOVA* yöntemi esas olarak bir populasyonda rastgele ele alınan iki bireyin rastgele ele alınan allelleri arasındaki genetik korelasyonunu dikkate almaktadır. Böylece bir populasyonda tespit edilen toplam genetik varyansın bileşenlerine ayrılarak her bir faktörün toplam

varyasyondaki paylarının belirlenmesi *AMOVA* analizinin temelini oluşturmaktadır. *AMOVA*, rastgele çiftleşmenin uygulandığı populasyonlarda tahmin edilen toplam genetik varyasyonun ne kadarının ırklar arasındaki farklılıktan ne kadarının aynı ırk içindeki populasyonlar arasındaki farklılıktan ve ne kadarının ise populasyon içindeki bireylerin farklılığından ileri geldiğinin belirlenmesinde kullanılan bir yöntemdir. *AMOVA* analizi için Arlequin ver. 2.00 (Schneider *et al.* 2000) paket programından yararlanılmıştır.

3.3.6 Kümeleme analizleri

Kümeleme analizlerinde genel olarak iki farklı tipte yöntemden yararlanılmaktadır. Bu yöntemler uzaklık-temelli (*distance-based methods*) ve model-temelli (*model-based methods*) yöntemlerdir. Uzaklık-temelli yöntemler herhangi iki birey arasındaki uzaklıkları veren ikişerli uzaklık matrisi hesaplanmasıyla çalışmaktadır. Daha sonra bu matris uygun grafik (örneğin üç boyutlu ve çok boyutlu olarak) yöntemleriyle sunulmakta ve oluşan kümeler gözle tanımlanabilmektedir. Model-temelli yöntemlerde ise, bazı parametrik modellerden rastgele çekilen her bir kümeden elde edilen gözlemler (varsayımlar) üzerinde durulmaktadır. Her bir kümeye karşılık gelen parametre için elde edilen sonuç daha sonra standart istatistik yöntemleri (örneğin maksimum likelihood ve Bayesian yöntemleri gibi) kullanılarak her bir bireyin üyesi olduğu kümenin sonucuyla birlikte değerlendirilir (Pritchard *et al.* 2000).

Kümeleme analizleri Weir and Cockerham (1984) tarafından formüle edilen *ikişerli* F_{ST} , Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (D), Belkhir *et al.* (1998-2004)'ın faktöriyel uygunluk analizi (FCA) ve Pritchard *et al.* (2000)'ın genetik yapı analizi (*structure*) yöntemleri kullanılarak yapılmıştır.

3.3.6.1 *İkişerli* F_{ST} değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi

Weir and Cockerham (1984) tarafından formüle edilen F_{ST} (*ikişerli*) değerlerinden yararlanılarak oluşturulan kümeleme analizlerinde dendogramlar için en yakın komşu ($NJ = neighbor\ joining$) yöntemi kullanılmıştır (Nei and Kumar 2000). NJ kümeleme analizleri MEGA4 (Tamura *et al.* 2007) paket programı kullanılarak oluşturulmuştur.

3.3.6.2 Genetik uzaklık (*D*) değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi

Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (*D*) değerlerinden yararlanılarak oluşturulan kümeleme analizlerinde dendogramlar için en yakın komşu (*NJ* = *neighbor joining*) yöntemi kullanılmıştır (Nei and Kumar 2000). *NJ* kümeleme analizleri MEGA4 (Tamura *et al.* 2007) paket programı kullanılarak oluşturulmuştur.

3.3.6.3 Faktöriyel uygunluk analizi (*FCA*)

Faktöriyel uygunluk analizi (*FCA*, *factorial correspondence analysis*), genellikle 3 boyutlu bir düzlemde populasyonları oluşturan bireyler ve dolayısıyla da populasyonlar arasındaki farklılıkların ortaya konulmasını sağlayan bir istatistik analiz yöntemidir. *FCA* analizi için Genetix 4.05 (Belkhir *et al.* 2004) paket programından yararlanılmıştır.

3.3.6.4 Genetik yapı analizi (*structure*)

Genel olarak populasyon genetiği çalışmalarında geliştirilen yöntemlerin hemen hemen tamamı populasyonlar arasındaki genetik farklılığın miktarının tahmin edilmesi esası üzerine geliştirilen yöntemlerdir. Uzaklık-temelli (*distance-based methods*) yöntemler genellikle kolay uygulanırlar ve görsel olarak da çekiciliklere sahiptirler. Genetik çalışmalarında, en yakın komşu (*NJ*) analizi gibi uzaklık-temelli filogenetik algoritmalar çoklu lokuslardan elde edilen moleküler verilerin kümelendirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Ancak bu yöntemlerin bir çok eksiklikleri de bulunmakta ve bu eksiklikler yöntemlerin duyarlılığını etkilemektedir. Bu yöntemlerin eksiklikleri tanımlanan kümelerin, hem uzaklık belirlemede kullanılan yöntemlere hem de seçilen grafik gösterim yöntemlerine son derece duyarlı olmasıdır. Bu nedenle, uzaklık-temelli yöntemler kullanılarak elde edilen kümelerin ne kadar güvenilir ve anlamlı olduklarının değerlendirilmesi oldukça zordur. Ayrıca, elde edilen bu kümeleme sonuçlarıyla bazı ilave bilgilerin (bireylerin örneklediği coğrafi bölgeler gibi) birleştirilmesi oldukça zordur. Bu yöntemlerin uygulanmasında populasyonların ait olduğu coğrafi bilgi populasyonların evrimi çalışmalarında önemli bir faktör olarak ele alınmaktadır. Populasyonun allel frekanslarının toplam istatistiklerini kullanan F_{ST} gibi yöntemlerde populasyon allel frekansları son dönemde o popülasyona göç eden bireylerden (*immigration*) etkilenmektedir. Son dönemlerde popülasyona katılan bireyler

populasyonun tanımlanmasını zorlaştıran temel bir faktördür. Bu nedenle populasyonun allel frekanslarının toplam istatistiklerinin Gibbs örneklemesiyle tahmin edilen değerlerden doğrudan hesaplanması gerektiği vurgulamaktadır. Belirtilen nedenlerden dolayı *NJ* gibi uzaklık-temelli yöntemler, populasyonu tanımlayıcı belirli istatistik sonuçların çıkarılmasından ziyade daha çok populusyona ait verilerin ilk kez tahmin edilmesi için kullanılan yöntemlerdir (Pritchard *et al.* 2000).

Son yıllarda, belirtilen bu uzaklık-temelli yöntemlerinin eksikliklerinin giderilmesine yönelik yeni yöntemler geliştirilmiştir. Geliştirilen bu model-temelli (*model-based method*) yeni yöntemde populasyonların tanımlanması (haklarında çok az bilgiye sahip olunan) ve herhangi bir populasyonu temsil eden bireylerin uygun populasyonlara göre sınıflandırılması ya da tayin edilmesi üzerinde durulmuştur. Kökeni bilinmeyen tek bir populasyondan örneklenen bireylere ait genetik verilerden oluşan veri setinin varolduğu bir durumda, genetik yapı bakımından benzer olan bireylerin aynı kümede gruplandırılması beklenir ve böylece birbirinden farklı olan kümeler tanımlanmış olur. Bireyler üzerinden yapılacak bu sınıflandırmalar sonucunda kümeler arasında coğrafi ve filogenetik ilişkilerin nasıl olduğu görülebilir (Pritchard *et al.* 2000).

Populasyonun genetik yapısının belirlenmesi amacıyla elde edilen genetik bilginin mevcut populasyonun gerçek yapısını belirlemede nasıl kullanılabileceğinden hareketle Pritchard *et al.* (2000) model-temelli (*model-based method*) bir yöntem olan *structure* (genetik yapı analizi) yöntemini geliştirmiştir. Bu yöntemde, K sayısı kadar bir populasyonda (ayrıca populasyon sayısı bilinmeyebilir) her bir lokus bakımından tahmin edilen allel frekanslarının setleri kullanılarak populasyonun genetik yapısı tanımlanmakta ve çok sayıda lokus bakımından belirlenen genotiplerden yararlanarak birbirleriyle ilişkili olan bireylerin ait oldukları populasyonlara doğru bir şekilde gruplandırılması (atanması) yapılmaktadır. Herhangi bir populasyonu temsil ettiği varsayılan bir örneği oluşturan mevcut bireyler (karışmış olsalar bile) genetik yapıları temelinde aynı ya da farklı kümelere doğru bir şekilde sınıflandırılmaktadır. Genetik yapı analizi (*structure*) yönteminde bireylerin ait oldukları populasyonlara doğru bir şekilde sınıflandırılması birçok faktöre bağlıdır. Bu faktörler; a) populasyonların tamamında hesaplanan gen frekansının (P) tahminindeki doğruluğu etkileyen birey sayısı, b) karışmış bireyler oranının (Q) tahminindeki doğruluğu etkileyen lokus sayısı

c) karışmış bireylerin miktarı ve d) populasyonlar arasındaki allel frekansı farklılığının boyutu şeklinde ifade edilebilir (Pritchard *et al.* 2000).

Bu yöntemde; a) bireylerin tanımlanmasında yararlanılan genetik markerlerin (mikrosatelit, RFLP ve SNPs) bağlantı dengesizliği (*linkage equilibrium*) durumunda, farklı kromozomlar üzerinde olması (*unlinked*) ve buna bağlı olarak da farklı populasyonlarda tahmin edilen allel frekansların birbirleriyle korelasyon halinde bulunmaması ve b) populasyonların Hardy-Weinberg genetik dengesinde olması varsayımları kabul edilmektedir (Pritchard *et al.* 2000; Rosenberg *et al.* 2001).

Model-temelli (*model-based method*) bir yöntem olan genetik yapı analizi (*structure*) yönteminin uygulanmasında, uzaklık-temelli (*distance-based method*) yöntemlerin ön şart olarak kabul ettiği; a) örnekleme yapıldığı bölgelere, b) bireylerin varsayılan genetik kökenlerine, c) zorunlu fenotipik bilgilere ve d) genetik kümelerin sayısı gibi bilgilere ihtiyaç duyulmamaktadır. Küme sayısı 2 ile 5 arasında değişen K değeri için 300.000 tekrarlı bir modeli test etmek için 50.000 iterasyon yapılarak 50 işlem yapılmıştır. Genetik yapı analizi için *structure* 2.2 (<http://www.stats.ox.ac.uk/~pritch/home.html>) bilgisayar paket programından yararlanılmıştır (Pritchard *et al.* 2000).

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Gen Frekansları

Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarında üzerinde durulan mikrosatelit lokuslar bakımından elde edilen genotiplerden gen frekansları hesaplanmıştır. Çizelge 4.1 de verilen değerler incelendiğinde çalışılan 10 mikrosatelit lokusun tamamının polimorfik yapıda olduğu görülmektedir. Bu temelde, çalışılan populasyonlardaki mevcut genetik farklılığın / benzerliğin ortaya çıkarılmasında lokus seçiminin isabetli yapılmış olduğu ifade edilebilir. Aşağıda lokuslar tek tek ele alınarak değerlendirilmiştir.

ADL0102 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.78 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.72 arasında değişmektedir. ADL0102 lokusu bakımından her iki populasyonda da 92 ve 110 bç'lik allellerin yaygın olarak bulunduğu ifade edilebilir. Tespit edilen diğer allellerin gen frekansları ortalama olarak çok düşük (0.01 ve daha altında) seviyelerde bulunmaktadır. Bu lokus bakımından Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarının benzer genetik yapılarda olduğu tespit edilmiştir. Denizli ve Gerze tavuk ırklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında bu lokustan yararlanılamayacağı açıkça ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

ADL0136 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.03-0.23 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.46 arasında değişmektedir. ADL0136 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında 127, 149, 151 ve 153 bç'lik alleller yaygın olarak bulunurken, bu alleller Gerze populasyonların çok düşük (0.03 ve daha düşük) frekanslarda veya hiç bulunmamaktadır. Denizli tavuk ırkının Gerze tavuk ırkından olan ayrımında belirtilen bu dört allelin tamamı bir kriter olarak kullanılabilir. Denizli populasyonlarının tamamında yüksek frekanslarda tespit edilen 151 ve 153 bç'lik alleller Gerze populasyonlarında bulunmamaktadır. Bu iki allelin Denizli tavuklarına özgü olduğu ve Denizli ile Gerze tavuklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında 151 ve 153 bç'lik allellerden yararlanılabileceği açıkça ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

ADL0158 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.03-0.37 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.94 arasında değişmektedir. ADL0158 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında 186, 190 ve 192 bç alleller yaygın olarak bulunmaktadır. Denizli ırkına ait populasyonların tamamında yaygın ve yüksek frekanslarda (0.37) tespit edilen ancak, Gerze populasyonlarında bulunmayan 190 bç'lik allelin, Denizli tavuk ırkına özgü olduğu açıkça ifade edilmektedir. Gerze populasyonlarının 186 bç'lik allel bakımından sabitlemiş (0.94) olduğu, diğer allellerin ihmal edilecek seviyelerde az bulunduğu görülmektedir (Çizelge 4.1).

ADL0171 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.50 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.72 arasında değişmektedir. ADL0171 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında 95 ve 101 bç'lik alleller yaygın olarak bulunurken, Gerze populasyonlarında yaygın olarak bulunan alleller 99 ve 101 bç'lik olan allellerdir. Tüm populasyonlarda yaygın olarak bulunan allel sadece 101 bç'lik olan alleldir. Denizli populasyonlarında yüksek frekanslarda (0.50) tespit edilen 95 bç'lik allelin Gerze populasyonların çok düşük (0.01) frekanslarda olması nedeniyle bu allelin Denizli tavuk ırkına özgün olabileceği ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

ADL0172 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.38 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.03-0.59 arasında değişmektedir. ADL0172 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında 131, 147 ve 149 bç'lik alleller yaygın olarak bulunurken, Gerze populasyonlarında 149, 151 ve 157 bç'lik alleller yaygın olarak bulunmaktadır. Denizli populasyonlarının tamamında yaygın ve yüksek frekanslarda (0.29) olarak bulunan 147 bç'lik allel Gerze populasyonlarında bulunmamaktadır. Bu nedenle bu allel Denizli tavuk ırkına özgü olan bir allel olarak kabul edilebilir ve bu ırkın Gerze ırkından olan ayrımında rahatlıkla kullanılabilir. Gerze tavuk populasyonlarında yüksek frekanslarda (0.59) tespit edilen 157 bç'lik allel Denizli populasyonlarında çok düşük (0.04) seviyelerde bulunmaktadır. Bu nedenle bu allelin Gerze tavuk ırkına özgün olabileceği ve bu ırkın Denizli tavuk ırkından olan farklılığının ortaya konulmasında kullanılabileceği ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1 Denizli ve Gerze populasyonlarında mikrosatelit lokuslar ile gen frekansları

Lokus	Allel	Denizli				Gerze			Genel ort
		DHUC	DLHMAE	DOI	Ort	GLHMAE	GOI	Ort	
ADL0102	90	-	0.04	-	0.01	-	-	-	0.008
	92	0.82	0.70	0.84	0.78	0.22	0.24	0.23	0.564
	96	-	-	-	-	-	0.04	0.02	0.008
	104	0.02	-	-	0.01	-	-	-	0.004
	106	-	-	-	-	0.02	-	0.01	0.004
	108	-	0.02	-	0.01	-	-	-	0.004
	110	0.16	0.24	0.16	0.19	0.72	0.72	0.72	0.400
	112	-	-	-	-	0.04	-	0.02	0.008
ADL0136	125	-	0.10	-	0.03	-	-	-	0.020
	127	0.14	0.22	0.20	0.19	0.06	-	0.03	0.124
	129	0.02	0.08	0.10	0.07	0.56	0.16	0.36	0.184
	133	-	-	-	-	-	0.12	0.06	0.024
	143	-	-	-	-	-	0.02	0.01	0.004
	147	-	-	-	-	-	0.02	0.01	0.004
	149	0.06	0.12	0.52	0.23	0.02	-	0.01	0.144
	151	0.38	0.20	0.06	0.21	-	-	-	0.128
	153	0.28	0.10	0.10	0.16	-	-	-	0.096
	155	0.04	0.18	0.02	0.08	0.28	0.64	0.46	0.232
	157	0.08	-	-	0.03	0.08	0.02	0.05	0.036
	159	-	-	-	-	-	0.02	0.01	0.004
ADL0158	162	-	-	-	-	-	0.04	0.02	0.008
	184	0.02	0.04	0.02	0.03	-	-	-	0.016
	186	0.10	0.34	0.44	0.29	1.00	0.88	0.94	0.552
	190	0.62	0.44	0.04	0.37	-	-	-	0.220
	192	0.26	0.18	0.50	0.31	-	0.08	0.04	0.204
ADL0171	85	0.02	-	0.06	0.03	-	-	-	0.016
	93	-	0.06	-	0.02	-	-	-	0.012
	95	0.80	0.62	0.08	0.50	0.02	-	0.01	0.304
	97	-	-	0.12	0.04	-	-	-	0.024
	99	-	0.12	-	0.04	0.10	0.26	0.18	0.096
	101	0.12	0.18	0.58	0.29	0.80	0.64	0.72	0.464
	105	0.06	0.02	0.16	0.08	-	0.02	0.01	0.052
	123	-	-	-	-	-	0.04	0.02	0.008
	125	-	-	-	-	0.08	0.04	0.06	0.024
ADL0172	131	0.26	0.26	0.04	0.18	0.02	0.04	0.03	0.124
	145	0.02	-	0.08	0.03	-	-	-	0.020
	147	0.26	0.28	0.34	0.29	-	-	-	0.176
	149	0.42	0.36	0.36	0.38	0.18	0.20	0.19	0.304
	151	0.02	0.06	0.06	0.05	0.18	0.20	0.19	0.104
	155	0.02	-	0.04	0.02	-	-	-	0.012
	157	-	0.04	0.08	0.05	0.62	0.56	0.59	0.260
ADL0176	181	-	-	-	-	0.04	0.10	0.07	0.028
	183	0.12	0.36	0.14	0.21	0.40	0.22	0.31	0.248
	185	0.04	0.04	0.02	0.03	-	-	-	0.020
	187	-	-	-	-	-	0.04	0.02	0.008
	189	-	-	0.02	0.01	0.30	0.48	0.39	0.160
	191	0.40	0.36	0.06	0.27	-	0.10	0.05	0.184
	193	0.26	0.08	0.42	0.25	-	-	-	0.152
	199	-	0.02	-	0.01	0.16	0.02	0.09	0.040
	201	0.18	0.14	0.34	0.22	0.10	0.04	0.07	0.160
ADL0181	174	-	0.06	-	0.02	-	0.06	0.03	0.024
	176	0.32	0.28	0.30	0.30	-	-	-	0.180
	178	0.06	-	0.02	0.03	-	-	-	0.016
	180	0.48	0.52	0.46	0.48	1.00	0.94	0.97	0.680
	182	0.14	0.10	0.22	0.15	-	-	-	0.092
	186	-	0.02	-	0.01	-	-	-	0.004
	192	-	0.02	-	0.01	-	-	-	0.004
ADL0210	102	-	-	-	-	-	0.02	0.01	0.004
	118	0.30	0.54	0.36	0.40	0.68	0.68	0.68	0.512
	126	0.70	0.46	0.64	0.60	0.32	0.30	0.31	0.484
ADL0267	98	-	0.26	-	0.08	0.14	0.26	0.20	0.132
	100	0.52	0.44	0.38	0.44	0.32	0.26	0.29	0.384
	102	0.10	0.06	0.38	0.18	0.12	0.10	0.11	0.152
	106	0.24	0.20	0.22	0.22	0.38	0.38	0.38	0.284
	108	0.08	-	-	0.03	0.04	-	0.02	0.024
	110	0.04	0.02	0.02	0.03	-	-	-	0.016
	112	0.02	-	-	0.01	-	-	-	0.004
	118	-	0.02	-	0.01	-	-	-	0.004
ADL0268	93	0.02	0.04	-	0.02	-	0.08	0.04	0.028
	97	-	-	-	-	-	0.02	0.01	0.004
	99	0.02	-	-	0.01	-	0.04	0.02	0.012
	107	0.58	0.74	0.20	0.50	0.66	0.60	0.63	0.556
	109	0.18	0.08	0.12	0.13	0.10	0.02	0.06	0.100
	111	0.12	0.08	0.30	0.17	-	-	-	0.100
	113	0.08	0.06	0.38	0.17	0.24	0.24	0.24	0.200

ADL0176 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.27 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.39 arasında değişmektedir. ADL0176 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında 183, 191, 193 ve 201 bç'lik alleller yaygın olarak bulunmaktadır. Gerze populasyonlarında ise 183 ve 189 bç'lik alleller yaygın olarak bulunmaktadır. Denizli ırkına ait populasyonların tamamında yaygın ve yüksek frekanslarda (0.25) tespit edilen ancak, Gerze populasyonlarında bulunmayan 193 bç'lik allelin, Denizli tavuk ırkına özgü olduğu açıkça ifade edilmektedir. Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.07 oranında tespit edilen 181 bç'lik allel Denizli populasyonlarında bulunmamaktadır. Bu allelin Gerze ırkına özgü olduğu ifade edilebilir. Gerze populasyonlarının tamamında en yüksek frekansta (0.39) bulunan 189 bç'lik allel, Denizli populasyonlarında çok düşük (0.01) frekanslarda bulunmaktadır. Dolayısıyla bu allelin Gerze populasyonlarına özgü olduğu ve Denizli ile Gerze tavuk ırklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında bu allelden de yararlanılabilir (Çizelge 4.1).

ADL0181 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.48 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.03-0.97 arasında değişmektedir. ADL0181 lokusu bakımından Denizli populasyonlarında yaygın bulunan alleller 176, 180 ve 182 bç'lik allellerdir. Denizli populasyonlarının tamamında yaygın ve yüksek frekanslarda bulunan 176 ve 182 bç'lik alleller Gerze populasyonlarında bulunmamaktadır. Gerze populasyonları 180 bç'lik allel bakımından sabitlenmiş (0.97) durumdadır. Diğer allellerin frekansı oldukça düşük seviyelerde bulunmaktadır (Çizelge 4.1).

ADL0210 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.40-0.60 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.68 arasında değişmektedir. ADL0210 lokusu bakımından her iki ırkın tüm populasyonlarında da yaygın olarak bulunan alleller 118 ve 126 bç'lik allellerdir. Bu lokus bakımından Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarının benzer genetik yapılarda olduğu tespit edilmiştir. Denizli ve Gerze tavuk ırklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında bu lokustan yararlanılamayacağı açıkça ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

ADL0267 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.44 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.02-0.38 arasında değişmektedir. Her iki ırkın tüm populasyonlarında yaygın olarak bulunan alleller 100 ve 106 bp'lik allellerdir. Bu lokus bakımından Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarının benzer genetik yapılarda olduğu tespit edilmiştir. Denizli ve Gerze tavuk ırklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında bu lokustan yararlanılamayacağı açıkça ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

ADL0268 lokusu bakımından hesaplanan gen frekansları Denizli populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.50 arasında değişirken, Gerze populasyonlarında ortalama olarak 0.01-0.63 arasında değişmektedir. Her iki ırkın tüm populasyonlarında 107 bp'lik allel en yüksek frekanslarda bulunmaktadır. Denizli ırkına ait populasyonların tamamında yaygın ve yüksek frekanslarda (0.17) tespit edilen ve Gerze populasyonlarında bulunmayan 111 bp'lik allelin, Denizli tavuk ırkına özgün olduğu tespit edilmiştir. Denizli ile Gerze tavuk ırklarının birbirlerinden olan farklılıklarının ortaya konulmasında bu allelden yararlanılabileceği açıkça ifade edilebilir (Çizelge 4.1).

4.2 Heterozigotluk Değerleri

4.2.1 Allel genişlikleri (AG)

Allel genişlikleri, üzerinde çalışılan lokusların genetik varyasyon ölçüsünü tanımlayan en basit istatistiktir. Mikrosatelit lokuslara ait allel genişlikleri Şekil 3.1-3.3'te örnekleri verilen kapiller elektroforez sonuçlarındaki pik değerleri kullanılarak belirlenen genotiplerden tespit edilmiştir. Allel genişlikleri Denizli ve Gerze populasyonlarında karşılaştırılmalı olarak Çizelge 4.2'de, populasyonlar dikkate alınmaksızın tüm mikrosatelit lokuslar üzerinden ise Çizelge 4.3'te verilmiştir.

ADL0102 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 90-110 bp, Gerze populasyonlarında ise 92-112 bp aralığındadır. 90 bp'lik allel sadece Denizli populasyonlarında belirlenirken, 112 bp'lik allel ise sadece Gerze populasyonlarında tespit edilmiştir (Çizelge 4.2).

ADL0136 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 125-157 bç, Gerze populasyonlarında ise 127-159 bç aralığındadır. Buradan hareketle, 125 bç'lik allel sadece Denizli, 159 bç'lik allel ise sadece Gerze populasyonlarında tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Bu lokusla yapılan diğer çalışmalarda 144-190 bç aralıklarında 7 allel tespit edilmiştir (Olowofeso *et al.* 2005).

ADL0158 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 184-192 bç, Gerze populasyonlarında ise 162-192 bç aralığındadır. Gerze populasyonlarında 2 heterozigot tavukta tespit edilen 162 bç'lik allele diğer tavuk ırklarında rastlanılmamıştır (Çizelge 4.2).

ADL0171 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 85-105 bç, Gerze populasyonlarında ise 95-125 bç aralığındadır (Çizelge 4.2).

ADL0172 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının benzer allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri her iki ırkın populasyonlarında 131-157 bç aralığında değişmektedir. Allel genişlikleri temelinde Denizli ve Gerze tavukları benzer genetik yapıya sahiptirler (Çizelge 4.2).

ADL0176 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 183-201 bç, Gerze populasyonlarında ise 181-201 bç aralığındadır. Gerze ırkında tespit edilen 181 bç'lik allelin sadece Gerze ırkında bulunduğu ve bu allel bakımından her iki ırkın farklı genetik yapılarda olduğu ifade edilebilir (Çizelge 4.2).

ADL0181 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının farklı allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 174-192 bç, Gerze populasyonlarında ise 174-180 bç aralığındadır. Gerze ırkında 182-192 bç aralığında herhangi bir allele rastlanılmamıştır (Çizelge 4.2).

ADL0210 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının benzer allel genişliklerine sahip olduğu belirlenmiştir. Her iki ırkın populasyonlarında yaygın olan

allel genişlikleri 118-126 bç aralığıdır. Ancak, Gerze populasyonlarında çok düşük frekanslarda da olsa 102 bç'lik allele rastlanılmaktadır (Çizelge 4.2).

ADL0267 lokusu bakımından allel genişlikleri Denizli populasyonlarında 98-118 bç, Gerze populasyonlarında ise 98-108 bç aralığındadır. Gerze populasyonlarında 110-118 bç aralığında herhangi bir allele rastlanılmamıştır (Çizelge 4.2).

ADL0268 lokusu bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının benzer allel genişliklerine sahiptir ve her iki ırkın populasyonlarında yaygın olan allel genişlikleri 93-113 bç aralığındadır (Çizelge 4.2). ADL0268 lokusuyla yapılan diğer çalışmalarda 104-116 bç aralığında 6 allel (Cuc *et al.* 2006, Muchadeyi *et al.* 2007), 102-110 bç aralığında 5 allel (Tadano *et al.* 2007), 8 allel (Tadano *et al.* 2008), 7 allel (Granevitze *et al.* 2007), 102-116 aralığında 10 allel (Hillel *et al.* 2003) farklı allel sayıları bildirilmiştir.

Çizelge 4.3 incelendiğinde; allel genişlikleri ADL0102 lokusunda 90-112, ADL0136 lokusunda 125-159, ADL0158 lokusunda 162-192, ADL0171 lokusunda 85-125, ADL0172 lokusunda 131-157, ADL0176 lokusunda 181-201, ADL0181 lokusunda 174-192, ADL0210 lokusunda 102-126, ADL0267 lokusunda 98-118 ve ADL0268 lokusunda 93-113 olarak tespit edilmiştir. Belirtilen lokuslarda tespit edilen bu allel genişliklerinin literatürde verilen değerlerle uyumlu olduğu görülmektedir (Cheng and Crittend 1994, Wimmers *et al.* 2000).

4.2.2 Allel sayısı (N_a)

Mikrosatelit lokuslara ait allel sayıları Şekil 3.1-3.3'te örnekleri verilen pik değerleri kullanılarak belirlenen genotiplerden tespit edilmiştir. Allel sayıları Denizli ve Gerze populasyonlarında karşılaştırılmalı olarak Çizelge 4.2'de, populasyonlar dikkate alınmaksızın tüm mikrosatelit lokuslar üzerinden ise Çizelge 4.3-4.4'te verilmiştir.

Tüm lokuslar üzerinden allel sayısı (N_a) ortalama 7.5 ± 0.76 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). AVIANDIV projesi çerçevesinde çalışılan toplam 52 tavuk ırkı için ortalama allel sayısı 9.6 olarak bildirilmiştir (Hillel *et al.* 2003). En fazla sayıda allele sahip olan marker 12 allel ile ADL0136 lokusu olduğu tespit edilirken, en az sayıda alleli bulunan marker ise 3 allel ile ADL0210 lokusu olduğu belirlenmiştir. Belirtilen

lokuslarda tespit edilen bu allel genişliklerinin literatürde verilen değerlerle uyumlu olduğu görülmektedir (Cheng and Crittend 1994, Wimmers *et al.* 2000, Gao *et al.* 2004, Shahbazi *et al.* 2007).

Denizli ve Gerze popülasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.2 ve 4.4'e bakıldığında, Denizli ırkında 6.1 ± 0.6 olarak hesaplanan allel sayısının Gerze ırkında 5.0 ± 0.7 olarak hesaplanmıştır. Bu değerlerden hareketle çalışılan lokusların Denizli ve Gerze ırklarının aynı sayıda allele sahip olduğu ifade edilebilir.

Çizelge 4.2 Denizli ve Gerze ırklarında mikrosatelit lokuslar, örnek sayısı (N), allel genişliği (AG), allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), heterozigot genotipte olan bireylerin sayısı (Hh), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He), PIC ve Wright (1978)'in homozigotlaşma indeksi (Fis) değerleri

Populasyon	Lokus	N	AG	Na	Ne	Hh	Ho	He	PIC	Fis
Denizli	ADL0102	75	90-110	5	1.5	23	0.307	0.348	0.303	0.118
	ADL0136	75	125-157	8	5.8	41	0.547	0.832	0.804	0.343
	ADL0158	75	184-192	4	3.1	37	0.493	0.685	0.614	0.280
	ADL0171	75	85-105	7	2.9	23	0.307	0.658	0.603	0.533
	ADL0172	75	131-157	7	3.7	50	0.667	0.734	0.686	0.091
	ADL0176	75	183-201	7	4.3	39	0.520	0.774	0.729	0.328
	ADL0181	75	174-192	7	2.8	41	0.547	0.653	0.590	0.162
	ADL0210	75	118-126	2	1.9	38	0.507	0.483	0.365	-0.050
	ADL0267	75	98-118	8	3.5	44	0.587	0.715	0.670	0.179
	ADL0268	75	93-113	6	3.0	45	0.600	0.673	0.627	0.108
Ortalama				6.1	3.3	38.1	0.508	0.656	0.599	0.226
Gerze	ADL0102	50	92-112	5	1.7	16	0.320	0.432	0.372	0.259
	ADL0136	50	127-159	9	2.9	21	0.420	0.658	0.591	0.362
	ADL0158	50	162-192	3	1.1	6	0.120	0.116	0.111	-0.034
	ADL0171	50	95-125	6	1.8	16	0.320	0.449	0.407	0.287
	ADL0172	50	131-157	4	2.4	32	0.640	0.585	0.525	-0.094
	ADL0176	50	181-201	7	3.7	14	0.280	0.738	0.691	0.621
	ADL0181	50	174-180	2	1.1	1	0.020	0.059	0.057	0.661
	ADL0210	50	102-126	3	1.8	26	0.520	0.446	0.352	-0.166
	ADL0267	50	98-108	5	3.6	30	0.600	0.726	0.670	0.174
	ADL0268	50	93-113	6	2.2	28	0.560	0.545	0.489	-0.028
Ortalama				5.0	2.2	19	0.380	0.475	0.426	0.200

4.2.3 Etkili allel sayısı (N_e)

Denizli ve Gerze popülasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.2'e bakıldığında, Denizli ırkında (3.3) hesaplanan etkili allel sayısının Gerze ırkında (2.2) hesaplanan değerden yüksek olduğu görülmektedir. Etkili allel sayısı (N_e) tüm lokuslar üzerinden ortalama 3.5 ± 0.52 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). En yüksek (6.6) etkili allel sayısı 12 allelin bulunduğu ADL0136 lokusunda tespit edilirken, en düşük etkili allel sayısı 7 allelin bulunduğu ADL0181 lokusunda belirlenmiştir. ADL0181 lokusunda görüldüğü gibi allel sayısı (7) fazla olabilir ancak o allellerin popülasyondaki varyasyonun belirlenmesindeki etkinlikleri düşük (1.9) olabilmektedir. Bu nedenle çalışılacak lokusların belirlenmesinde allel sayılarının fazla olması yanında bu lokuslardaki etkili allel sayılarının da dikkate alınması gerekmektedir. Bu değerden hareketle çalışılan 10 farklı mikrosatelite lokusu bakımından popülasyonların farklılaşmasında ortalama olarak 3.5 allelin etkili olduğu ifade edilebilir.

Çizelge 4.3 Denizli ve Gerze ırklarında mikrosatelite lokuslar, örnek sayısı (N), allel genişliği (AG), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), heterozigot genotipte olan bireylerin sayısı (H_h), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e), PIC ve Wright (1978)'in homozigotlaşma indeksi (F_{is}) değerleri

Lokus	N	AG	N_a	N_e	H_h	H_o	H_e	PIC	F_{is}
ADL0102	125	90-112	8	2.1	39	0.312	0.524	0.420	0.402
ADL0136	125	125-159	12	6.6	62	0.496	0.852	0.830	0.415
ADL0158	125	162-192	5	2.5	43	0.344	0.607	0.546	0.431
ADL0171	125	85-125	9	3.1	39	0.312	0.681	0.631	0.540
ADL0172	125	131-157	7	4.6	82	0.656	0.785	0.749	0.161
ADL0176	125	181-201	9	5.8	53	0.424	0.831	0.805	0.487
ADL0181	125	174-192	7	1.9	42	0.336	0.498	0.457	0.322
ADL0210	125	102-126	3	2.0	64	0.512	0.506	0.381	-0.017
ADL0267	125	98-118	8	3.7	74	0.592	0.733	0.687	0.189
ADL0268	125	93-113	7	2.7	73	0.584	0.632	0.590	0.073
Ortalama $\pm Sh$	-	-	7.5 ± 0.7	3.5 ± 0.5	51.7 ± 1.4	$H_o = 0.457$ ± 0.04	$H_T = 0.665$ ± 0.04	0.610 ± 0.05	$F_{IT} = 0.313$ ± 0.05

4.2.4 Gözlenen heterozigotluk (H_o)

Üzerinde durulan lokuslar bakımından hesaplanan gözlenen heterozigotluklar Şekil 3.2’de örneklenen heterozigot genotiplerin toplam genotiplere oranı şeklinde hesaplanmıştır (Çizelge 4.2). Gözlenen heterozigotluk değerleri Denizli ve Gerze populasyonlarında karşılaştırılmalı olarak Çizelge 4.2’de, populasyonlar dikkate alınmaksızın tüm mikrosatelit lokuslar üzerinden ise Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Genel olarak, çalışılan lokuslardaki gözlenen heterozigotluk değerlerinin oldukça yüksek olduğu görülmektedir. Denizli ve Gerze populasyonlarının çalışılan lokuslar bakımından yüksek seviyede genetik varyasyona sahip oldukları ifade edilebilir. Gözlenen heterozigotluk değerleri Denizli populasyonlarında 0.307 (ADL0171) ile 0.667 (ADL0172), Gerze populasyonlarında ise 0.020 (ADL0181) ile 0.640 (ADL0172) arasında değişmektedir (Çizelge 4.2).

ADL0181 lokusu dışındaki tüm lokuslar bakımından gözlenen heterozigotluk değerleri bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının benzer heterozigotluk düzeylerine sahip oldukları ifade edilebilir. ADL0181 lokusu bakımından gözlenen heterozigotluk değeri Denizli populasyonlarında 0.547 olarak hesaplanmışken bu değer Gerze populasyonlarında en düşük (0.020) seviyede hesaplanmıştır (Çizelge 4.2).

Tüm lokuslar üzerinden gözlenen heterozigotluk ortalama 0.457 ± 0.04 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3.). En yüksek gözlenen heterozigotluk ADL0172 lokusunda tespit edilirken, en düşük gözlenen heterozigotluk ADL0102 ve ADL0171 lokuslarında belirlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk değerleri dikkate alındığında çalışılan lokuslar bakımından populasyonlarda genetik varyasyonun yüksek olduğu görülmektedir.

Denizli ve Gerze populasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.4’e bakıldığında, gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri Denizli ve Gerze ırklarında sırasıyla 0.508 ± 0.04 ve 0.380 ± 0.07 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki farklılık istatistik olarak önemli bulunmamıştır ($t = 1.71$, $SD = 123$, $p > 0.05$). Gözlenen ortalama heterozigotluk bakımından Denizli ve Gerze ırkıları arasında herhangi bir farklılığın olmadığı ifade edilebilir.

Çalışılan dünya yerli tavuk ırklarında gözlenen heterozigotluk değerleri oldukça farklılık göstermektedir. Gözlenen heterozigotluk değerleri Afrika ırklarında 0.5 (Muchadeyi *et al.* 2007), Çeşitli Asya, Avrupa ve Orta Doğu ırklarında 0.46 (Granevitze *et al.* 2007) ve Kore ırklarında 0.584 (Kong *et al.* 2006) olarak bildirilmiştir.

4.2.5 Beklenen heterozigotluk (*He*)

Üzerinde durulan lokuslar bakımından hesaplanan beklenen heterozigotluklar gen frekansları kullanılarak Levene (1949)'ye göre tahmin edilmiştir (Çizelge 4.3). Genel olarak, çalışılan lokuslardaki beklenen heterozigotluk değerlerinin oldukça yüksek olduğu görülmektedir. Denizli ve Gerze populasyonlarının çalışılan lokuslar bakımından yüksek seviyede genetik varyasyona sahip oldukları ifade edilebilir. Beklenen heterozigotluk değerleri Denizli populasyonlarında 0.348 (ADL0102) ile 0.832 (ADL0136), Gerze populasyonlarında ise 0.059 (ADL0181) ile 0.738 (ADL0176) arasında değişmektedir (Çizelge 4.2).

ADL0158 ve ADL0181 lokusları dışındaki tüm lokuslar bakımından beklenen heterozigotluk değerleri bakımından Denizli ve Gerze populasyonlarının benzer heterozigotluk düzeylerine sahip oldukları ifade edilebilir. ADL0158 lokusu bakımından beklenen heterozigotluk değeri Denizli populasyonlarında 0.685 olarak hesaplanmışken bu değer Gerze populasyonlarında 0.116 olarak tahmin edilmiştir. Benzer şekilde ADL0181 lokusu bakımından beklenen heterozigotluk değeri Denizli populasyonlarında 0.653 olarak hesaplanmışken bu değer Gerze populasyonlarında en düşük (0.059) seviyede hesaplanmıştır (Çizelge 4.2).

Tüm lokuslar üzerinden beklenen heterozigotluk ortalama 0.665 ± 0.04 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). Bu değer Hillel *et al.* (2003), Cheng *et al.* (2003) ve Olowofeso *et al.* (2005) tarafından bildirilen değerlerle benzer olduğu ifade edilebilir. En yüksek (0.852) beklenen heterozigotluk ADL0136 lokusunda tespit edilirken, en düşük (0.498) gözlenen heterozigotluk ADL0181 lokusunda belirlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk değerleri dikkate alındığında çalışılan lokuslar bakımından populasyonlarda genetik varyasyonun yüksek olduğu görülmektedir.

Denizli ve Gerze populasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.4'e bakıldığında, beklenen ortalama heterozigotluk değerleri Denizli ve Gerze ırklarında sırasıyla 0.656 ± 0.05 ve 0.475 ± 0.07 olarak tahmin edilmiştir. Denizli ve Gerze ırklarında beklenen ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki farklılık istatistik olarak önemli bulunmuştur ($t = 2.27$, $SD = 123$, $p < 0.05$). Buradan hareketle Denizli ırkında tahmin edilen beklenen heterozigotluğun Gerze ırkında tahmin edilen değerden yüksek olduğu ve Denizli ırkında Gerze ırkına oranla daha yüksek genetik varyasyonun bulunduğu ifade edilebilir. Hesaplanan bu heterozigotluk değerleri AVIANDIV projesi çerçevesinde çalışılan toplam 52 tavuk ırkı için bildirilen değerden (0.47) yüksektir (Hillel *et al.* 2003). Çalışılan Dünya yerli tavuk ırklarında beklenen heterozigotluk değerleri oldukça farklılık göstermektedir. Beklenen heterozigotluk değerleri Fransız ırklarında 0.505, Asya ırklarında ise 0.477 (Berthouly *et al.* 2008), Afrika ırklarında 0.7 (Muchadeyi *et al.* 2007), çeşitli Asya, Avrupa ve Orta Doğu ırklarında 0.51 (Granevitze *et al.* 2007), uzun kuyruklu Japon yerli tavuklarında 0.293-0.545 (Tanado *et al.* 2007), İran ırklarında 0.62-0.72 (Shahbazi *et al.* 2007), Kore ırklarında 0.630 (Kong *et al.* 2006), Vietnam ırklarında 0.627-0.668 (Cuc *et al.* 2006), Çin ırklarında 0.3327-0.4000 (Cheng *et al.* 2003) ve birçok farklı ülkeden örneklenen yerli ırklarda 0.45-0.67 (Wimmers *et al.* 2000) olarak hesaplanmıştır.

4.2.6 Polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

PIC değerleri Denizli populasyonlarında 0.303 (ADL0102) ile 0.804 (ADL0136), Gerze populasyonlarında ise 0.057 (ADL0181) ile 0.691 (ADL0176) arasında değişmektedir (Çizelge 4.2).

Tüm lokuslar üzerinden PIC değeri ortalama 0.610 ± 0.05 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). Bu değer Gao *et al.* (2004) ve Olowofeso *et al.* (2005) tarafından bildirilen değerlerle benzer olduğu ifade edilebilir. PIC değerleri uzun kuyruklu Japon yerli tavuklarında 0.250-0.478 (Tanado *et al.* 2007), İran ırklarında 0.62-0.72 (Shahbazi *et al.* 2007), Kore ırklarında 0.562-0.872 (Kong *et al.* 2006), Çin ırklarında 0.6169-0.7027 (Cheng *et al.* 2003) ve birçok farklı ülkeden örneklenen yerli ırklarda 0.14-0.72 (Wimmers *et al.* 2000) olarak hesaplanmıştır.

En yüksek (0.835) *PIC* değeri ADLO176 lokusunda tespit edilirken, en düşük (0.381) *PIC* değeri ADL0210 lokusunda belirlenmiştir. *PIC* değerleri dikkate alındığında çalışılan lokusların yüksek seviyede bilgi sağlayan markerler olduğu görülmektedir.

Denizli ve Gerze populasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.4'e bakıldığında, Denizli ırkında 0.599 ± 0.05 olarak hesaplanan *PIC* değeri Gerze ırkında 0.426 ± 0.07 olarak tahmin edilmiştir. Bu değerlerden hareketle çalışılan lokusların genetik varyasyonu belirleme noktasında Denizli ırkında Gerze ırkına oranla daha duyarlı ve daha fazla bilgi sağlayıcı olduğu ifade edilebilir.

Çizelge 4.4 Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarının tanıttıcı istatistikleri

Lokus		Denizli				Gerze			Genel
		DHUC	DLHMAE	DOI	Ortalama	GLHMAE	GOI	Ortalama	Ortalama
ADL0102	AG	92-110	90-110	92-110	90-110	92-112	92-110	92-112	90-112
	Na	3	4	2	5	4	3	5	8
	Ho	0.280	0.320	0.320	0.307	0.400	0.240	0.320	0.312
	He	0.308	0.460	0.274	0.348	0.440	0.431	0.432	0.524
	PIC	0.267	0.392	0.233	0.303	0.379	0.361	0.372	0.420
ADL0136	AG	27-157	125-155	27-155	125-157	127-157	129-159	127-159	125-159
	Na	7	7	6	8	5	7	9	12
	Ho	0.520	0.480	0.640	0.547	0.360	0.480	0.420	0.496
	He	0.761	0.856	0.679	0.832	0.610	0.560	0.658	0.852
	PIC	0.708	0.818	0.629	0.804	0.540	0.514	0.591	0.830
ADL0158	AG	84-192	184-192	84-192	184-192	186	162-192	162-192	162-192
	Na	4	4	4	4	1	3	3	5
	Ho	0.400	0.520	0.560	0.493	0.000	0.240	0.120	0.344
	He	0.549	0.670	0.566	0.685	0.000	0.222	0.116	0.607
	PIC	0.476	0.591	0.456	0.614	0.000	0.205	0.111	0.546
ADL0171	AG	85-105	93-105	85-105	85-105	95-125	99-125	95-125	85-125
	Na	4	5	5	7	4	5	6	9
	Ho	0.280	0.280	0.360	0.307	0.240	0.400	0.320	0.312
	He	0.349	0.576	0.626	0.658	0.350	0.530	0.449	0.681
	PIC	0.318	0.524	0.578	0.603	0.322	0.460	0.407	0.631
ADL0172	AG	31-155	131-157	31-157	131-157	131-157	131-157	131-157	131-157
	Na	6	5	7	7	4	4	4	7
	Ho	0.640	0.800	0.560	0.667	0.600	0.680	0.640	0.656
	He	0.701	0.734	0.750	0.734	0.562	0.617	0.585	0.785
	PIC	0.630	0.668	0.695	0.686	0.498	0.550	0.525	0.749
ADL0176	AG	83-201	183-201	83-201	183-201	181-201	181-201	181-201	181-201
	Na	5	6	6	7	5	7	7	9
	Ho	0.600	0.640	0.320	0.520	0.320	0.240	0.280	0.424
	He	0.739	0.727	0.698	0.774	0.727	0.712	0.738	0.831
	PIC	0.679	0.664	0.629	0.729	0.665	0.662	0.691	0.805
ADL0181	AG	76-182	174-192	76-182	174-192	180	174-180	174-180	174-192
	Na	4	6	4	7	1	2	2	7
	Ho	0.640	0.640	0.360	0.547	0.000	0.040	0.020	0.336
	He	0.657	0.650	0.663	0.653	0.000	0.115	0.059	0.498
	PIC	0.581	0.584	0.582	0.590	0.000	0.106	0.057	0.457
ADL0210	AG	18-126	118-126	18-126	118-126	118-126	102-126	102-126	102-126
	Na	2	2	2	2	2	3	3	3
	Ho	0.440	0.600	0.480	0.507	0.480	0.560	0.520	0.512
	He	0.429	0.507	0.470	0.483	0.444	0.456	0.446	0.506
	PIC	0.332	0.373	0.355	0.365	0.341	0.364	0.352	0.381
ADL0267	AG	00-112	98-118	00-110	98-118	98-108	98-106	98-108	98-118
	Na	6	6	4	8	5	4	5	8
	Ho	0.640	0.600	0.520	0.587	0.720	0.480	0.600	0.592
	He	0.667	0.709	0.676	0.715	0.732	0.725	0.726	0.733
	PIC	0.610	0.645	0.592	0.670	0.670	0.657	0.670	0.687
ADL0268	AG	93-113	93-113	07-113	93-113	107-113	93-113	93-113	93-113
	Na	6	5	4	6	3	6	6	7
	Ho	0.680	0.400	0.720	0.600	0.520	0.600	0.560	0.584
	He	0.622	0.443	0.726	0.673	0.507	0.585	0.545	0.632
	PIC	0.572	0.414	0.659	0.627	0.437	0.525	0.489	0.590
Ortalama ± Sh	Na±Sh	4.7	5.0	4.4	6.1 ± 0.2	3.4	4.4	5.0 ± 0.3	7.5
	Ho±Sh	0.512	0.528	0.484	0.508±0.04	0.364	0.396	0.380±0.07	Ho = 0.457
	He±Sh	0.578	0.633	0.613	0.656±0.05	0.437	0.495	0.475±0.07	H _T = 0.665
	PIC±Sh	0.517	0.567	0.541	0.599±0.05	0.385	0.440	0.426±0.07	0.610
	Fis±Sh	0.117	0.169	0.214	0.226±0.04	0.170	0.204	0.200±0.07	F _{IT} = 0.313

4.3 Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{is}) ve F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST})

4.3.1 Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is})

Nei (1987)'nin beklenen heterozigotluk (H_e) değerlerinden yararlanılarak F_{is} değerleri hesaplanmıştır. Tüm lokuslar üzerinden F_{is} değeri ortalama 0.313 ± 0.05 (Not: bu değer bu tez çalışmasından üretilen ve Kaya and Yıldız (2008) tarafından yayınlanan araştırma makalesinde baskı hatasından dolayı 0.301 ± 0.05 olarak yazılmıştır) hesaplanmıştır. Çizelge 4.3 ve 4.4'de verilen ve tüm lokuslar üzerinden hesaplanan bu ortalama F_{is} (0.313 ± 0.05) değeri tüm populasyon seviyesinde F_{IT} ' ye karşılık gelmektedir. Bu nedenle Çizelge 4.3 ve 4.4'de $F_{IT} = 0.313 \pm 0.05$ şeklinde gösterilmiştir.

En yüksek (0.541) akrabalı yetiştirme katsayısı Çizelge 4.3 incelendiğinde, ADL0171 lokusunda tespit edilirken, en düşük (-0.012) akrabalı yetiştirme katsayısı ADL0210 lokusunda belirlenmiştir. ADL0210 lokusu haricinde hesaplanan F_{is} değerlerinin tamamı pozitif bulunmuştur. ADL0210 lokusu bakımından populasyonlarda heterozigot genotiplerin fazla olduğu açıkça görülmektedir. Bunun sonucunda da bu lokus bakımından Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmanın meydana geldiği heterozigot genotipler lehine bir artışın olduğu ifade edilebilir.

Denizli ve Gerze populasyonlarını karşılaştırmak amacıyla hazırlanan Çizelge 4.4'e bakıldığında, Denizli ırkında 0.226 ± 0.04 olarak hesaplanan F_{is} değeri Gerze ırkında 0.200 ± 0.07 olarak tahmin edilmiştir. Bu değerlerden hareketle çalışılan lokuslar bakımından Denizli ve Gerze ırklarında aynı oranda homozigotlaşmanın meydana geldiği ifade edilebilir. Çizelge 4.4'te verilen ortalama değerlere bakıldığında ADL0210 lokusu bakımından hem Denizli hemde Gerze populasyonlarında gözlenen heterozigotluk değerlerinin beklenen heterozigotluk değerlerinden büyük olduğu görülmektedir. Buna bağlı olarak da genel ortalama gözlenen heterozigotluk değeri ($H_o = 0.512$) beklenen heterozigotluk ($H_e = 0.506$) değerinden büyük hesaplanmıştır. Tüm bu sonuçların neticesinde bu lokus bakımından hesaplanan F_{is} değeri negatif çıkmıştır. Bu durum, söz konusu lokus bakımından her iki populasyonda da Hardy-Weinberg genetik denge yasasına göre olması gereken homozigot bireylerin sayısının heterozigot bireylerin sayısından daha az olmasıyla açıklanmaktadır. Diğer bir ifade ile bu lokus bakımından rastgele çiftleştirmeden sapma meydana gelmiştir.

Tüm lokuslar üzerinden Denizli ve Gerze populasyonlarının Hardy-Weinberg genetik dengesinde olup olmadıkları (ya da bu populasyonlarda akrabalı yetiştirimin uygulanıp uygulanmadığı) F_{is} değerlerinden yararlanılarak tahmin edilmektedir. Çizelge 4.5'te verilen F_{is} değerlerinden hareketle tüm populasyonların Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu görülmektedir. Üzerinde durulan 10 mikrosatelit lokusu bakımından koruma altına alınan ve özel işletmelerde yetiştirilen sürülerde rastgele çiftleştirmelerin yapıldığı, damızlıkta kullanılan horozların tavuklarla rastgele çiftleştirildikleri ve gelecek generasyona benzer oranda katkı sağladıkları ve sonuç olarak herhangi bir genotip lehine seleksiyonun uygulanmadığı ifade edilebilir.

Çizelge 4.5 Populasyonların Wright (1978)'in akrabalı yetiştirme katsayıları (F_{is})

İrk	Populasyon	F_{is}	% 95 güven aralıkları
Denizli	DHUC	0.116	(0.065 - 0.135)
	DLHMAE	0.169	(0.047 - 0.315)
	DOI	0.214	(0.099 - 0.265)
Gerze	GLHMAE	0.170	(0.053 - 0.257)
	GOI	0.204	(0.059 - 0.229)

4.3.2 F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST})

Nei (1987)'nin F-istatistikleri ve gen akışı değerleri Denizli ve Gerze populasyonları arasında (Çizelge 4.6) ve Denizli ve Gerze ırkları arasında (Çizelge 4.7) olmak üzere iki şekilde hesaplanmıştır. Çizelge 4.6'da her bir tavuk populasyonunun kendi içindeki homozigotlaşma indeksi (F_{IS}) tüm lokuslar üzerinden 0.147 olarak hesaplanmıştır. Beş farklı tavuk populasyonu tek bir populasyon olarak değerlendirildiğinde toplam homozigotlaşma indeksi (F_{IT}) 0.308 olarak hesaplanmıştır. Beş populasyonlar arasındaki ortalama genetik farklılık (F_{ST}) ise 0.189 olarak bulunmuştur. Diğer bir ifade ile beş tavuk populasyonunda tespit edilen toplam % 30.8' lik genetik varyasyonun % 14.7' lik kısmı populasyonların kendi içlerindeki farklılıktan kaynaklanmaktadır. % 18.9' lik kısım ise populasyonlar arasındaki genetik farklılıktan kaynaklanmaktadır.

Çizelge 4.6 Denizli ve Gerze populasyonlarında F-istatistikleri ve gen akışı değerleri

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	Nm
ADL0102	0.169	0.412	0.291	0.6
ADL0136	0.234	0.414	0.235	0.8
ADL0158	0.119	0.418	0.338	0.5
ADL0171	0.330	0.532	0.301	0.6
ADL0172	-0.001	0.156	0.156	1.4
ADL0176	0.403	0.491	0.146	1.5
ADL0181	0.185	0.324	0.171	1.2
ADL0210	-0.145	-0.031	0.099	2.3
ADL0267	0.145	0.199	0.064	3.7
ADL0268	-0.044	0.065	0.104	2.2
Ortalama	0.147	0.308	0.189	1.1

Çizelge 4.6'ya bakıldığında, populasyonların birbirinden yüksek seviyedeki farklılaşmasının (F_{ST}) kaynağı ADL0102 (0.291), ADL0136 (0.235), ADL0158 (0.338), ADL0171 (0.301), ADL0172 (0.156) ve ADL0181 (0.171) lokuslarında tespit edilen yüksek seviyedeki genetik farklılıktır. Bu lokuslara ilave olarak ADL0210 (0.099), ADL0267 (0.064) ve ADL0268 (0.104) lokuslarında da yine orta seviyede genetik farklılıklar meydana gelmiştir.

Denizli ve Gerze ırkları arasında tüm lokuslar üzerinden hesaplanan ortalama F-istatistikleri ($F_{IS}=0.208$, $F_{IT}=0.316$, $F_{ST}=0.135$) Çizelge 4.7'de verilmiştir. Toplam % 31.6'lık genetik varyasyonun % 20.8'lik kısmı ırkların içindeki farklılıktan, % 13.5'lik kısmı ise ırklar arasındaki genetik farklılıktan kaynaklanmıştır.

Çizelge 4.7 Denizli ve Gerze ırkları arasındaki F-istatistikleri ve gen akışı değerleri

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	Nm
ADL0102	0.190	0.415	0.278	0.6
ADL0136	0.346	0.421	0.114	1.9
ADL0158	0.228	0.447	0.283	0.6
ADL0171	0.429	0.527	0.171	1.2
ADL0172	0.001	0.154	0.153	1.4
ADL0176	0.466	0.516	0.093	2.4
ADL0181	0.198	0.356	0.197	1.0
ADL0210	-0.114	-0.024	0.081	2.8
ADL0267	0.170	0.189	0.024	10.4
ADL0268	0.040	0.061	0.021	11.5
Ortalama	0.208	0.316	0.135	1.6

4.4 Genetik Farklılıklar

Populasyonlar arasındaki genetik benzerliklerin / farklılıkların tespit edilmesi amacıyla, Wright (1978)'ın F-istatistikleri ile bağlantılı olarak, Weir and Cockerham (1984) tarafından geliştirilen F_{ST} istatistiği (*ikişerli* F_{ST}), gen akışı (Nm), genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) ve Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (D) değerlerinden yararlanılmıştır.

4.4.1 *İkişerli* F_{ST} değerleri ve gen akışı (Nm)

Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki *ikişerli* F_{ST} değerleri 0.212 ile 0.343 arasında değişmektedir (Çizelge 4.8). Populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığı bu yöntemde tüm populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar istatistik olarak önemli bulunmuştur ($p < 0.05$). Populasyonların birbirlerinden ortalama olarak % 20.1 farklılaştığı tespit edilmiştir. Hesaplanan bu değer ($F_{ST} = 0.201$) bölüm 4.4.2'de (Çizelge 4.6) tüm lokuslar üzerinden populasyonlar için ortalama olarak tahmin edilen 0.189 (% 18.9) değerine oldukça yakın bir istatistik olduğu açıkça görülmektedir.

Denizli ve Gerze ırkları arasındaki ortalama *ikişerli* $F_{ST} = 0.224$ ($p < 0.05$) olarak hesaplanmış ve ırkların birbirlerinden ortalama olarak % 22.4 oranında farklılaştığı tespit edilmiştir.

F_{ST} değerleri 7 Bantam ırkında 0.438 (Tadano *et al.* 2008), Asya ve Avrupa ırklarında genellikle 0.1'den küçük olduğu (Berthouly *et al.* 2008) ve Afrika ırklarında 0.008-0.039 (Muchadeyi *et al.* 2007) olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.8 Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki *ikişerli* F_{ST} değerleri

İrk	Populasyon	Denizli			Gerze	
		DHUC	DLHMAE	DOI	GLHMAE	GOI
Denizli	DHUC	-----				
	DLHMAE	0.032*	-----			
	DOI	0.145*	0.129*	-----		
Gerze	GLHMAE	0.343*	0.236*	0.262*	-----	
	GOI	0.319*	0.212*	0.257*	0.074*	-----

*: $p < 0.05$; Ortalama = 0.201

4.4.2 Gen akışı (Nm)

Genepop (Raymont and Rousset 1995) bilgisayar paket programı kullanılarak populasyonlara özgün allellerin ortalama gen frekanslarından yararlanılarak Nm değeri 3.16 olarak hesaplanmıştır. Herhangi bir populasyona özgün olan allellerin ortalama frekansı ise $p = 0.04$ olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlara göre, populasyonlara özgün olan alleller dikkate alındığında her generasyon ortalama 3 tavuk ya da horoz populasyonlar arasında göç etmiş ve populasyonların birbirlerine benzer olmasına katkı sağlamıştır.

Yine Genepop (Raymont and Rousset 1995) bilgisayar paket programı kullanılarak Denizli ve Gerze ırklarına özgün allellerin ortalama gen frekanslarından yararlanılarak Nm değeri 0.70 olarak hesaplanmıştır. Herhangi bir ırka özgün olan allellerin ortalama frekansı ise $p = 0.07$ olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlara göre, ırklara özgün olan alleller dikkate alındığında her iki generasyonda ortalama 1 tavuk ya da horoz ırklar arasında göç etmiştir. Denizli ve Gerze ırklarının bir birlerinden olan farklılıklarının esas kaynağı da bu göç eden birey sayısının oldukça düşük olmasıdır. Irklar son derece izole olarak birbiriyle karışmadan yetiştirilmektedir.

Populasyonlar arasında meydana gelen gen akışı değerleri tüm lokuslar üzerinden ortalama 1.1 olarak hesaplanmıştır (Bölüm 4.3.2, Çizelge 4.6). Buna göre populasyonlar arasında generasyon başına ortalama olarak 1 tavuk ya da horoz göçünün meydana geldiği tahmin edilmiştir. Nm değerleri populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığı *ikişerli* F_{ST} değerleri kullanılarak oluşturulduğu matriksten (Çizelge 4.7) hesaplanıyor ise bu *ikişerli* Nm olarak tanımlanmakta ve böyle bir durumda Yeh *et al.* (1997)'e göre hesaplanan gen akışı değerlerinin iki katı ($2Nm$) alınarak populasyonların ikili olarak karşılaştırıldığı bir Nm matriksi oluşturulmaktadır. Tavuk populasyonları arasında meydana gelen gen akışları Çizelge 4.9'da tahmin edilmiştir.

Çizelge 4.9 incelendiğinde, Denizli ırkına ait sürüler ile Gerze ırkına ait sürüler arasındaki göçün çok düşük seviyede (1.0-1.9) kaldığı görülmektedir.

DHUC ve DLHMAE Denizli sürüleri arasında her generasyon yaklaşık olarak 15 (15.1) tavuk ya da horoz değişiminin meydana geldiği tahmin edilmiştir (Çizelge 4.9). Bu çok sayıda bireyin iki sürü arasında değiştirilmiş olması, DLHMAE sürüsünün oluşturulması aşamasında başlangıç popülasyonunun Denizli’de kurulu bulunan DHUC sürüsünden getirilmesiyle açıklanabilir. Ayrıca zaman zaman DHUC’den farklı sayılarda horozların DLHMAE’ye katıldığı yine yetkililer tarafından bildirilmektedir.

Çizelge 4.9 Denizli ve Gerze popülasyonlarındaki gen akışı (*ikişerli Nm*) değerleri

İrk	Popülasyon	Denizli			Gerze	
		DHUC	DLHMAE	DOI	GLHMAE	GOI
Denizli	DHUC	-----				
	DLHMAE	15.1	-----			
	DOI	2.9	3.4	-----		
Gerze	GLHMAE	1.0	1.6	1.5	-----	
	GOI	1.1	1.9	1.5	6.3	-----

GOI ve GLHMAE Gerze sürüleri arasında her generasyon yaklaşık olarak 6 (6.3) tavuk ya da horoz değişiminin meydana geldiği tahmin edilmiştir (Çizelge 4.9). Bu yüksek sayıda genotipin iki sürü arasında değiştirilmiş olması, GLHMAE sürüsünün oluşturulması aşamasında başlangıç popülasyonunun Sinop’ta kurulu bulunan Sinop Tavukçuluk Üretim İstasyonu’ndaki Gerze sürüsünden getirilmesiyle açıklanabilir.

Çizelge 4.7’deki istatistikten hareketle Denizli ve Gerze popülasyonları arasında göç eden ortalama birey sayısı ihmal edilecek derecede azdır ($Nm = 1.6$, $F_{ST} = 0.135$).

Denizli ve Gerze ırkları arasında ortalama göç eden birey sayısı (*ikişerli Nm*) 1.7 (*ikişerli $F_{ST} = 0.224$*) olarak hesaplanmıştır. Irkların birbirlerinden olan farklılaşmasını sağlayan ana unsurlardan birisi olarak, ırklar arasında hemen hemen hiçbir genotip (horoz veya tavuk) göçünün meydana gelmemiş olması gösterilebilir.

4.4.3 Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Çizelge 4.3 ve 4.4’de verilen genel ortalama değerlerinden hareketle Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılaşma katsayısı G_{ST} ($=F_{ST}$) hesaplanmış ve yeni bir çizelge (Çizelge 4.10) yapılarak özetlenmiştir.

Çizelge 4.10 Denizli ve Gerze ırklarında hesaplanan heterozigotluklar (H_S , H_T), genetik farklılık (D_{ST}) ve genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Lokus	Denizli (H_{SD})	Gerze (H_{SG})	H_S	H_T	D_{ST}	G_{ST}
ADL0102	0.348	0.432	0.390	0.524	0.134	0.255
ADL0136	0.832	0.658	0.745	0.852	0.107	0.125
ADL0158	0.685	0.116	0.410	0.607	0.206	0.339
ADL0171	0.658	0.449	0.554	0.681	0.127	0.189
ADL0172	0.734	0.585	0.660	0.785	0.125	0.159
ADL0176	0.774	0.738	0.756	0.831	0.075	0.090
ADL0181	0.653	0.059	0.356	0.498	0.142	0.285
ADL0210	0.483	0.446	0.465	0.506	0.041	0.081
ADL0267	0.715	0.726	0.721	0.733	0.012	0.016
ADL0268	0.673	0.545	0.609	0.632	0.023	0.036
Ortalama	0.656	0.475	0.565	0.665	0.100	0.150

Çalışılan tüm lokuslarda hesaplanan allel frekanslarının ortalamalarından yararlanılarak tüm populasyon için tahmin edilen beklenen ortalama heterozigotluk (H_T) 0.665 olarak hesaplanmıştır. Çalışılan Denizli ($H_{SD} = 0.656$) ve Gerze ($H_{SG} = 0.475$) ırklarının ortalama heterozigotluğu (H_S) 0.565 olarak hesaplanmıştır. Toplam ortalama heterozigotluk (H_T) ise 0.665 olarak bulunmuştur. Bu değerler kullanılarak Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılık (D_{ST}) yaklaşık olarak 0.100, genetik farklılaşma katsayısı G_{ST} ($=F_{ST}$) ise 0.150 olarak tahmin edilmiştir. Denizli ve Gerze ırklarında hesaplanan % 66.5’lik toplam ortalama heterozigotluğun (H_T) % 15.0’i bu ırkların birbirlerinden olan genetik farklılıklarından ($D_{ST} = 0.100$) kaynaklanmaktadır.

4.4.4 Genetik uzaklık (*D*)

Bu araştırmada genetik uzaklık değerleri sonsuz allel mutasyon modeline (*IAM*) göre hesaplanmıştır (Çizelge 4.11). Bunun başlıca nedeni ADL0136 lokusunun farklı tekrar birimlerinden ((TG)10 TC (TG)10) oluşmasıdır.

Çizelge 4.11 Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki genetik uzaklıklar (*D*)

İrk	Populasyon	Denizli			Gerze	
		DHUC	DLHMAE	DOI	GLHMAE	GOI
Denizli	DHUC	-----				
	DLHMAE	0.065	-----			
	DOI	0.302	0.296	-----		
Gerze	GLHMAE	0.760	0.419	0.484	-----	
	GOI	0.789	0.432	0.566	0.078	-----

Genetik uzaklıklar Denizli populasyonları arasında 0.065 - 0.302 değerleri arasında değişmektedir (Çizelge 4.11). Bu değerlerden hareketle Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde yetiştirilen Denizli tavuğu populasyonun (DLHMAE), Denizli ilinde kurulu bulunan Denizli Horozu Üretim Çiftliği'nde yetiştirilen sürüyle (DHUC) benzer (0.065), ancak Denizli ilinde özel işletmelerde yetiştirilen sürüyle (DOI) ise farklı (0.296) genetik yapıya sahip olduğu ifade edilebilir. DHUC ile DOI populasyonları arasındaki genetik uzaklık 0.302 olarak hesaplanmıştır. Gerze populasyonları arasındaki genetik uzaklık oldukça düşük (0.078) seviyededir. Buna göre, her iki populasyonun benzer genetik yapıya sahip oldukları ifade edilebilir. Denizli ve Gerze sürüleri arasındaki genetik uzaklıklar yüksek seviyelerde (0.419 - 0.789) hesaplanmıştır.

Çizelge 4.11'de verilen populasyon değerlerine ilave olarak, Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik uzaklık (*D*) 0.476 olarak hesaplanmıştır.

Bu istatistiklerden hareketle iki tavuk ırkı populasyonlarının birbirlerinden oldukça farklı genetik kompozisyonlara sahip oldukları ileri sürülebilir. Genetik uzaklık (*D*) değerleri, AVIANDIV projesi çerçevesinde çalışılan toplam 52 tavuk ırkı için 0.44 (Hillel *et al.* 2003), Kore ırklarında 0.149 - 0.855 (Kong *et al.* 2006) ve Çin ırklarında 0.1691-0.3372 (Olowofeso *et al.* 2005) olarak hesaplanmıştır.

4.5 Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

Toplam genetik varyasyonun bileşenlerine göre paylarının belirlenmesi amacıyla moleküler varyans analizi (AMOVA) yapılmıştır (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12 Denizli ve Gerze populasyonlarında moleküler varyans analizi (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (SD)	Kareler toplamı (KT)	% varyans
Irklar arası	1	104.1	19.1
Irklar içi populasyonlar arası	3	52.5	7.7
Populasyonlar içi bireyler arası	120	385.8	12.4
Bireyler içi (hata)	125	285.5	60.8
Genel	249	827.9	

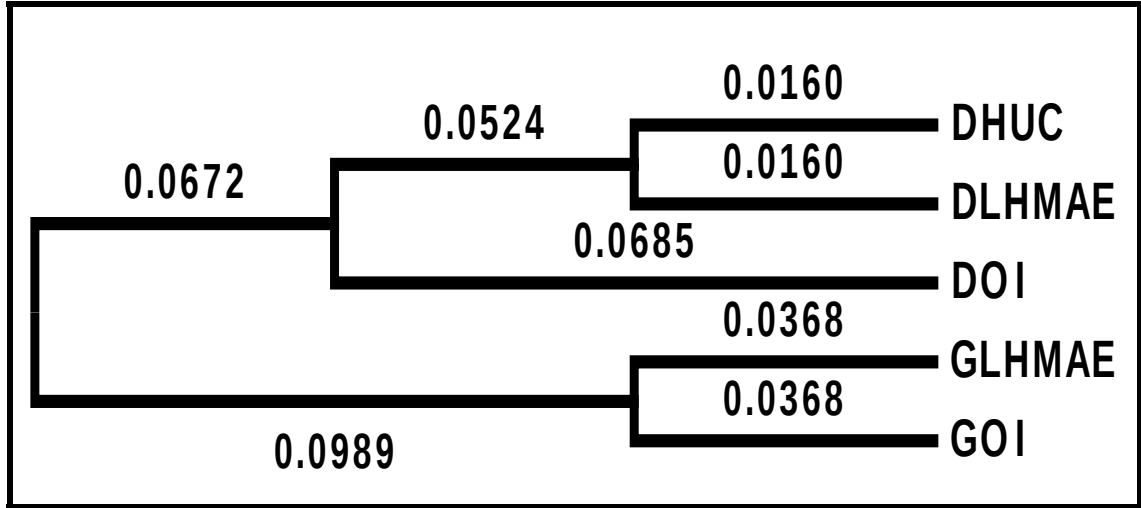
Çizelge 4.12’de verilen AMOVA sonuçlarına göre, toplam genetik varyansın %19.1’i ırklar arasında, %7.7’nin her bir ırk içindeki populasyonlar arasında, %12.4’inin herbir populasyon içindeki bireyler arasında, %60.8 kısmının ise, bireyler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı hesaplanmıştır. Irklar arası ve ırk içindeki populasyonlar arasındaki farklılıkların önemli olup olmadığı 110 permütasyon yapılarak test edilmiş ve istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir ($P < 0.001$). Bu sonuca göre, Denizli ve Gerze ırklarının birbirlerinden farklı genetik yapılarda olduğu sonucuna varılmıştır. Ayrıca çalışılan beş populasyondan en az birisinin diğer populasyonlardan farklı genetik yapıda olduğu tespit edilmiştir. Ancak, hangi iki populasyonun birbirlerinden farklı genetik yapılarda olduğunun belirlenmesi AMOVA yöntemiyle mümkün olamamaktadır.

4.6 Kümeleme Analizleri

Denizli ve Gerze populasyonlarının gruplandırılmasında ve populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkilerin grafikler halinde ifade edilmesinde *ikişerli* F_{ST} , genetik uzaklık (D), faktöriyel uygunluk (FCA) ve genetik yapı analizleri (*structure*) yöntemlerinden yararlanılmıştır. Farklı yöntemler kullanılarak yapılan tüm kümeleme analizleri sonucunda, Denizli (DHUC, DLHMAE ve DOI) ve Gerze (GLHMAE ve GOI) ırklarına ait populasyonların kökenlerine uygun olarak birbirlerinden farklı kümelerde yer aldıkları açıkça görülmektedir.

4.6.1 *İkişerli F_{ST} değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi*

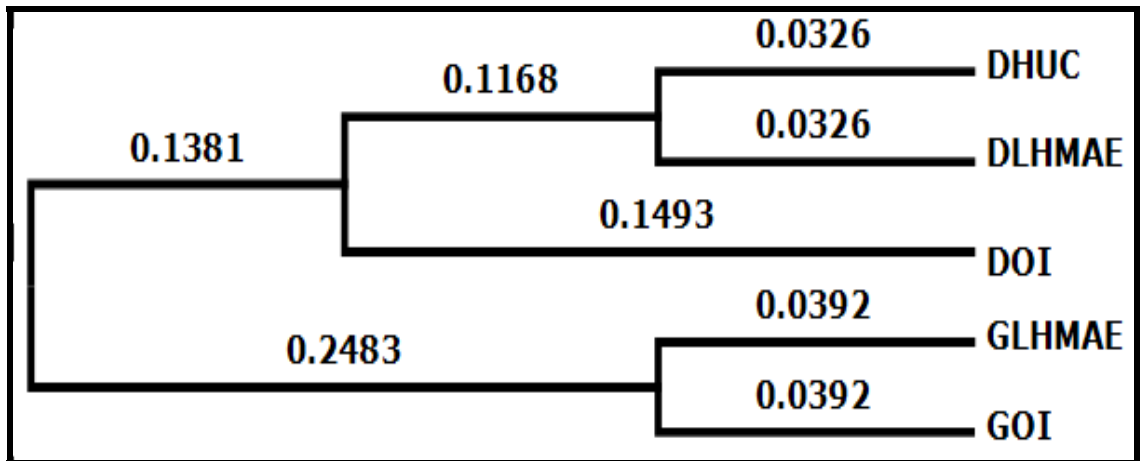
Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki filogenetik ilişkiyi göstermek için Bölüm 4.4.1’de Çizelge 4.8’de verilen *ikişerli F_{ST} değerlerinden yararlanılmıştır* (Şekil 4.1).



Şekil 4.1 *İkişerli F_{ST} değerleri kullanılarak Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki NJ dendrogramı*

4.6.2 Genetik uzaklık (D) değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizi

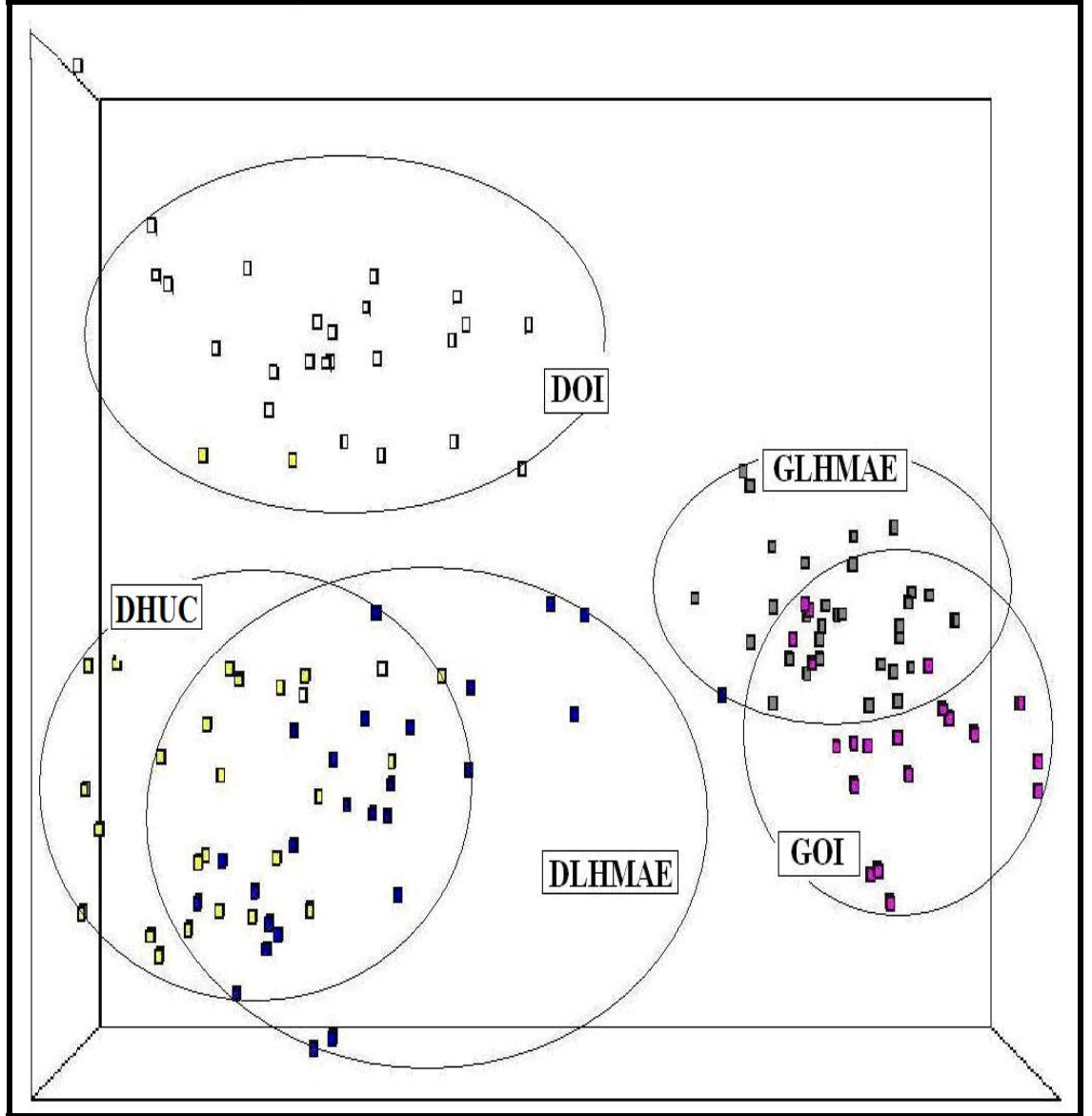
Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki filogenetik ilişkiyi göstermek için Bölüm 4.4.2’de Çizelge 4.11’de verilen genetik uzaklık (D) değerlerinden yararlanılmıştır (Şekil 4.2).



Şekil 4.2 Genetik uzaklık (D) değerleri kullanılarak Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki NJ dendrogramı

4.6.3 Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

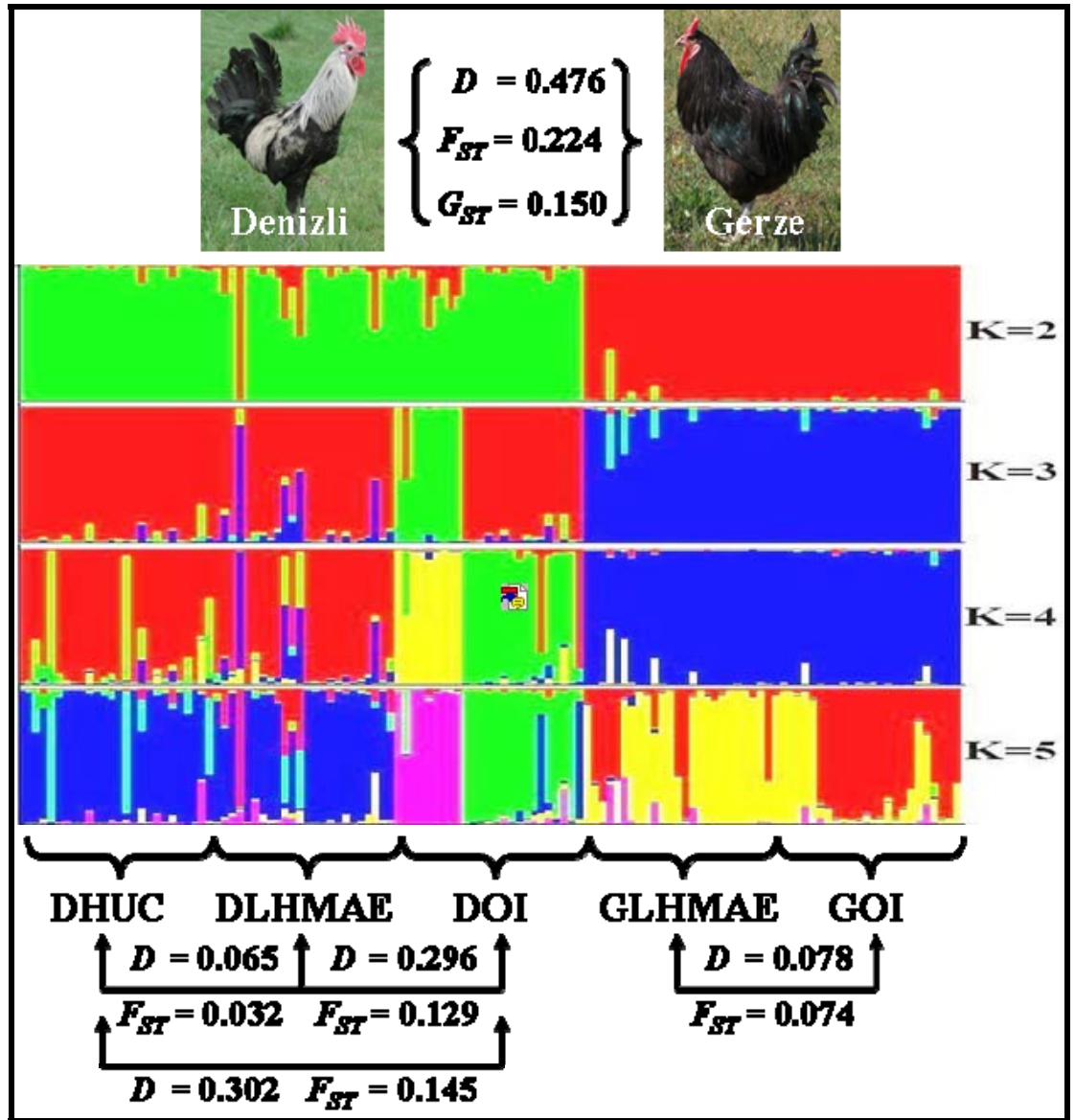
Denizli ve Gerze ırklarına ait populasyonlar ve bu populasyonları oluşturan bireyler arasındaki benzerlikleri çok boyutlu bir düzlemde ortaya koymak için faktöriyel uygunluk analizinden yararlanılmıştır (Şekil 4.3).



Şekil 4.3 Denizli ve Gerze populasyonları arasındaki faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

4.6.4 Genetik yapı analizi (*structure*)

Genetik yapı analizi (*structure*) yönteminden yararlanılarak, Denizli ve Gerze ırklarına ait tavuklar ait oldukları popülasyonlara göre tanımlanmış ve çalışılan popülasyonlar kökenlerine uygun olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 4.4). Popülasyon sayısı $K=2$ olduğunda örneklenen tavukların tamamı ait oldukları Denizli ve Gerze ırklarına tayin edilerek birbirlerinden tamamen farklı iki kümede gruplandırılmıştır. Küme sayısının ($K=5$) çalışılan popülasyon sayısına eşit olduğu genetik yapı analizi sonucunda Denizli ve Gerze popülasyonları kökenlerine uygun olarak gruplandırılmıştır.



Şekil 4.4 Denizli ve Gerze popülasyonlarının genetik yapı analizi (*structure*)

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1 Sonuçlar

1) Türkiye yerli gen kaynaklarından Denizli ve Gerze tavuk ırkları ADL0102, ADL0136, ADL0158, ADL0171, ADL0172, ADL0176, ADL0181, ADL0210, ADL0267 ve ADL0268 mikrosatelit lokusları bakımından tanımlanmış ve bu lokusların Denizli ve Gerze ırklarının tanımlanmasında kullanılabilecek etkin markerler olduğu sonucuna varılmıştır (Çizelge 4.1-4.3 ve 4.10). Populasyon ayrımı yapılmaksızın tüm lokuslar üzerinden Çizelge 4.3’de verilen değerlerden hareketle;

- a) Ortalama allel sayısı (N_a) 7.5 ± 0.76 ,
- b) etkili allel sayısı (N_e) 3.5 ± 0.52 ,
- c) gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.457 ± 0.04 ,
- d) beklenen heterozigotluk (H_T) 0.665 ± 0.04 ,
- e) polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.610 ± 0.05 ve
- f) akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IT}) 0.313 ± 0.05 olarak tahmin edilmiştir.

2) Üzerinde durulan lokuslar bakımından genotip ve gen frekansları hesaplanmıştır. Polimorfik yapıdan yararlanılarak ırk içi ve ırklar arası genetik varyasyonun yüksek olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2 ve 4.4). Buna göre;

- a) Ortalama allel sayısı (N_a) Denizli ırkında 6.1 ± 0.6 , Gerze ırkında ise 5.0 ± 0.7 olarak hesaplanmıştır.
- b) Etkili allel sayısı (N_e) Denizli ırkında 3.3 ± 0.3 , Gerze ırkında ise 2.2 ± 0.3 olarak hesaplanmıştır.
- c) Gözlenen heterozigotluk (H_o) bakımından Denizli (0.508 ± 0.04) ve Gerze (0.380 ± 0.06) ırkı tavuklarının aynı seviyede varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir ($t = 1.71$; $SD = 123$; $p > 0.05$).

- d) Beklenen heterozigotluk (H_e) Denizli ırkında (0.656 ± 0.05) Gerze ırkına (0.457 ± 0.07) göre daha yüksek belirlenmiştir ($t = 2.27$; $SD = 123$; $p < 0.05$).
- e) Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) Denizli tavuklarında 0.599 ± 0.05 , Gerze tavuklarında ise 0.426 ± 0.07 olarak hesaplanmıştır.
- f) Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is}) Denizli tavuklarında 0.226 ± 0.04 , Gerze tavuklarında ise 0.200 ± 0.07 olarak tahmin edilmiştir.
- 3) Tüm lokuslar üzerinden F_{is} değerlerinden yararlanılarak Denizli ve Gerze popülasyonlarının Hardy-Weinberg genetik dengesinde oldukları (ya da bu popülasyonlarda akrabalı yetiştirmenin uygulanıp uygulanmadığı) tespit edilmiştir (Çizelge 4.5).
- 4) Denizli ve Gerze popülasyonlarında tüm lokuslar üzerinden F -istatistikleri ($F_{IS} = 0.147$, $F_{IT} = 0.308$ ve $F_{ST} = 0.189$) belirlenmiştir. Toplam %30.8'lik genetik varyasyonun %14.7'sinin popülasyonların içi %18.9'sinin ise popülasyonlar arasındaki farklılıktan kaynaklandığı tahmin edilmiştir (Çizelge 4.6).
- 5) Denizli ve Gerze ırklarında tüm lokuslar üzerinden F -istatistikleri ($F_{IS} = 0.208$, $F_{IT} = 0.316$ ve $F_{ST} = 0.135$) hesaplanmıştır. Toplam %31.6'lık genetik varyasyonun %20.8'sinin ırklar içi %13.5'sinin ise popülasyonlar arasındaki farklılıktan kaynaklandığı tahmin edilmiştir (Çizelge 4.7).
- 6) Denizli popülasyonları ikili olarak karşılaştırıldığında hesaplanan *ikişerli* F_{ST} değerleri 0.032-0.145 arasında değişmektedir (Çizelge 4.8).
- 7) Gerze popülasyonları arasındaki *ikişerli* F_{ST} değeri 0.074 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.8).
- 8) Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılık (*ikişerli* $F_{ST} = 0.224$) istatistik olarak önemli bulunmuştur ($p < 0.05$).
- 9) Denizli ve Gerze ırkları arasında her iki generasyonda bir ortalama bir adet tavuk ya da horozun göç ($Nm = 0.70$) ettiği tahmin edilmiştir.

- 10) Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik farklılık (D_{ST}) yaklaşık olarak 0.100, genetik farklılaşma katsayısı G_{ST} ($=F_{ST}$) ise 0.150 olarak tahmin edilmiştir. Denizli ve Gerze ırklarında hesaplanan % 66.5'lik toplam heterozigotluğun (H_T) % 15.0'i bu ırkların birbirlerinden olan genetik farklılıklarından ($D_{ST} = 0.100$) ileri gelmektedir (Çizelge 4.10).
- 11) Denizli tavuk populasyonları arasındaki genetik uzaklık (D) değerleri 0.065 - 0.302 arasında değişmektedir (Çizelge 4.11).
- 12) Gerze tavuk populasyonları arasındaki genetik uzaklık (D) değeri 0.078 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.11).
- 13) Denizli ve Gerze ırkları arasındaki genetik uzaklık (D) 0.476 olarak hesaplanmıştır.
- 14) *AMOVA* analizi sonucunda, Denizli ve Gerze tavuk populasyonları arasında hesaplanan toplam genetik varyansın %19.1'ı ırklar arasında, %7.7'sinin ise ırk içindeki populasyonlar arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı hesaplanmıştır (Çizelge 4.12). Irklar ve ırk içindeki populasyonlar arasındaki farklılıkların önemli olup olmadığı 110 permütasyon yapılarak test edilmiş ve istatistiksel olarak önemli olduğu tespit edilmiştir ($P < 0.001$).
- 15) *İkişerli* F_{ST} ve genetik uzaklık değerlerinden (D) yararlanılarak yapılan *NJ* kümeleme analizi sonucunda Denizli ve Gerze ırklarına ait populasyonlar kökenlerine uygun olarak gruplandırılmıştır (Şekil 4.1 ve 4.2).
- 16) Faktöriyel uygunluk analizi (*FCA*) sonucunda, Denizli ve Gerze ırklarının birbirinden oldukça farklı genetik yapılarda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.3).
- 17) Genetik yapı analizi (*structure*) yönteminden yararlanılarak, Denizli ve Gerze ırklarına ait tavukların ait oldukları populasyonlara göre tanımlanmış ve çalışılan populasyonlar kökenlerine uygun olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 4.4).
- 18) Denizli ve Gerze tavuk ırklarının tanımlanmaları ve tescil edilmelerinde etkin bir şekilde kullanılabilecek özgün allel / alleller belirlenmiş ve Çizelge 5.1'de özet olarak sunulmuştur. Genel olarak çalışılan tüm lokuslar bakımından ırka özgün olabilecek alleller tespit edilmiştir. Bu alleller çoğunlukla düşük gen frekanslarına

sahip bulunmaktadır. Bu nedenle bu allellerin herhangi bir ırka özgünlüğünü tartışırken örnek genişliğine bağlı olarak ihtiyatlı davranma zorunluluğu unutulmamalıdır. Örnek genişliğinin (Denizli için N=75, Gerze için N=50) küçük olmasından hareketle, Çizelge 5.1 incelendiğinde, % 5 polimorfizm kriterine göre gen frekansı 0.05'e eşit ve daha küçük olan allellerin tekrarlanan mutasyonlarla meydana gelme ihtimali yüksek olduğu için bu alleller herhangi bir ırka özgün allel olarak dikkate alınmamıştır. Gen frekansları 0.05'den daha yüksek olan alleller ırka özgün genetik markerler olarak değerlendirilmiştir.

19) Denizli tavuklarına özgün olabilecek genetik markerlerin frekansları parentez içinde belirtilmiştir (Çizelge 5.1). Buna göre;

- a) ADL0136 lokusunda 151(0.21) ve 153 (0.16) allelleri,
- b) ADL0158 lokusunda 190 (0.37) alleli,
- c) ADL0172 lokusunda 147 (0.29) alleli,
- d) ADL0176 lokusunda 93 (0.25) allel,
- e) ADL0181 lokusunda 176 (0.30) ve 182 (0.15) allelleri ve
- f) ADL0268 lokusunda 111 (0.17) alleli Denizli ırkına özgün olabilecek alleller olarak değerlendirilebilir.

20) Gerze tavuklarına özgün olabilecek genetik markerlerin frekansları parentez içinde belirtilmiştir (Çizelge 5.1). Buna göre;

- a) ADL0136 lokusunda 133 (0.06) alleli,
- b) ADL0171 lokusunda 125 (0.06) alleli ve
- c) ADL0176 lokusunda 181 (0.07) alleli Gerze ırkına özgün olabilecek alleller olarak değerlendirilebilir.

21) Elde edilen bilgiler Türkiye yerli tavuk ırkları standardına katkı sağlayacaktır.

- 22) Populasyonların heterozigotluk seviyeleri, akrabalı yetiştirme katsayıları ile aralarındaki genetik farklılıklar belirlenerek, Denizli ve Gerze tavuk ırklarının mevcut durumlarının tespiti noktasında yürütülen koruma projesinde kullanılabilecek kimi temel bilgiler elde edilmiştir.

5.2 Öneriler

Çalışılan materyalin “Türkiye Yerli Tavuk Gen Kaynaklarının Korunması Projesi” kapsamında koruma altına alınmış olması bu materyalin korunması ve devamının sağlanması bakımlarından önemli bir aşamadır. Kuş gribi ve devlete ait işletmelerin kapatılması gibi bazı olumsuz faktörler nedeniyle Denizli ve Gerze ırkı populasyonlarının sayısının ve mevcut populasyondaki birey sayıları giderek azalmaktadır. Bu nedenle yerli tavuk ırkları üzerinde diğer araştırma konularına ilave olarak moleküler genetik çalışmaların da ivedilikle yapılması gerekmektedir. Bu amaçla, aşağıdaki önerilerin yapılması gereği ortaya çıkmıştır.

- 1) Denizli ve Gerze ırklarının uluslararası standartlarda kabul edilebilecek sayıda (en az 25) ilave mikrosatelit lokusları kullanılarak da tanımlanması,
- 2) Denizli ve Gerze ırklarının SNPs ve mtDNA lokusları bakımından tanımlanması,
- 3) Denizli ırkı varyeteleri arasındaki farklılıkların mikrosatelit, mtDNA ve SNP gibi markerlerle ortaya konması,
- 4) Çalışılan populasyonlardaki genetik varyasyonun yüksek olmasına rağmen, bu genetik varyasyonun korunabilmesi amacıyla mevcut populasyonların kendi içlerinde bölünerek birbirlerinden izole olmuş yeni hatların oluşturulması,
- 5) Populasyon içinde mevcut genetik varyasyonu korumak amacıyla en azından horozlarda mikrosatelit ve SNPs gibi markerler bakımından genotiplerin belirlenerek farklı genotipe sahip horozlara döl verme şansının sağlanması ve
- 6) Moleküler DNA seviyesinde yürütülecek çalışmalarda örnek genişliğinin (mali olanaklara bağlı olarak) mümkün olduğunca artırılması başlıca öneriler olarak ileri sürülebilir.

Çizelge 5.1 Denizli ve Gerze ırklarına özgün olabilecek alleller ve gen frekansları

Lokus	Allel	Gen frekansları*	
		Denizli	Gerze
ADL0102	90	0.01	-
	96	-	0.02
	104	0.01	-
	106	-	0.01
	108	0.01	-
	112	-	0.02
ADL0136	125	0.03	-
	133	-	0.06 ^G
	143	-	0.01
	147	-	0.01
	151	0.21 ^D	-
	153	0.16 ^D	-
	159	-	0.01
ADL0158	162	-	0.02
	184	0.03	-
	190	0.37 ^D	-
ADL0171	85	0.03	-
	93	0.02	-
	97	0.04	-
	123	-	0.02
	125	-	0.06 ^G
ADL0172	145	0.03	-
	147	0.29 ^D	-
	155	0.02	-
ADL0176	181	-	0.07 ^G
	185	0.03	-
	187	-	0.02
	193	0.25 ^D	-
ADL0181	176	0.30 ^D	-
	178	0.03	-
	182	0.15 ^D	-
	186	0.01	-
	192	0.01	-
ADL0210	102	-	0.01
ADL0267	110	0.03	-
	112	0.01	-
	118	0.01	-
ADL0268	97	-	0.01
	111	0.17 ^D	-

*: Denizli (D) ve Gerze (G) ırklarına özgün olabilecek alleller

KAYNAKLAR

- Aksoy, F.T., Ertuğrul O., Atasoy F., Gürler S. and Erdoğan, M. A. 2000. Study on Blood Group Allels of Denizli Fowl, Turk J Vet Anim Sci., 24 (5),431-434.
- Aksoy, F.T., Atasoy F., Onbaşlar E.E. and Apaydın S. 2002. Denizli Irkı Günlük Cıvıclerde Tüylenme özelliklerinden Yararlanarak Cinsiyeti Belirleme Olanakları. Turk J Vet Anim Sci., 26 (3),567-575.
- Atasoy., F. ve Gürcan, İ.S., 2000. Bir Denizli Tavuğu Sürüsünde Canlı Ağırlık ve Yumurta Ağırlığı Özellikleri. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 47: 265-269.
- Atasoy, F., Onbaşlar, E.E. ve Apaydın, S., 2001. Denizli ve Ticari Tavuk Sürülerinde Yumurta Kalite Özelliklerinin Karşılaştırılması. Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, 41(2): 89 - 100.
- Awise, J.C. 2004. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Sinauer Assoc. Inc., 541, USA.
- Batu, S. 1959. Tavuk Yetiştirme. Ankara Üni. Vet. Fak. Yayınları, 100, Ankara
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. and Bonhomme F. 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France). <http://www.genetix.univ-montp2.fr/partition/partition.htm>
- Berthouly, C., Bed'Hom, B., Tixier-Boichard, M., Chen, C.F., Lee, Y.P., Laloe, D., Legros, H., verrier, E. and Rognon, X. 2008. Using Molecular Markers and Multivariate Methods to Study the Genetic Diversity of local European and Asian Chicken Breeds. Animal Genetics, 39;121-129.
- Bilgemre, K. 1939. Modern Tavukçuluk. T.C. Yüksek Ziraat Enstitüsü Çalışmalarından Ders ve Müracaat Kitabı Sayı: 5, Ankara Yüksek ziraat enstitüsü Rektörlüğü, 326, Ankara.
- Bilgemre, K. 1950. Tavuk Yetiştirmek. Ankara Üniversitesi Yayınları 27. Ders Kitabı:12. Ankara Üniversitesi Basımevi, 395, Ankara.
- Botstein, D., White R.L., Skolnik M. and Davis R.W. 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms, Am. J. Hum. Genet., 32, 314-331.
- Butler, J.M. 2005. Forensic DNA Typing. Elsevier Academic Press, 660, USA.
- Cheng, H.H. and Crittend L.B. 1994. Microsatellite Markers for Genetic Mapping in the Chicken, Poultry Sci., 73,; 539-546.
- Cheng, H.H., Levin I., Vallegjo R.L., Khatip H., Dodgson J.B., Crittenden L.B. and Hillel J. 1995. Devoloping of a Genetic Map of the Chicken With Markers of High Utility, Poultry Sci., 74, 1855-1874.
- Cheng, H.J., Yue Y.S., Fan X.Z., Zhang C.S. and Du L.X. 2003. Analysis of Genetic Diversity of Shandong İndigenous Chicken Breeds Using Microsatellite Marker, Yi Chuan, 30(9), 855-60.

- Crawfords, R.D. 1990. Poultry Breeding and Genetics. Elsevier Science Publishers B. V., 1123, USA.
- Cuc, N.T.K., Muchadeyi, F.C., Baulain, U., Eding, H., Weigend, S. and Wollny, C.B.A. 2006. An Assessment of genetic Diversity of Vietnamese H'mong Chickens. Int. Jour. Poultry Sci., 5 (10); 912-920.
- Delany, M.E. 2003. Genetic Diversity and conservation of Poultry. Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology. W.E. Muir and S.E. Aggrey, ed. CABI Publ., UK.
- Düzgüneş, O. 1990. Hayvancılıkta Genetik Kaynaklar, Türkiye'nin Biyolojik Zenginlikleri. Ed. Aykut Kence. Türkiye Çevre Sorunları Vakfı Yayınları.
- Ekimci, Z.S. 1931. Asri Tavukçuluk. Hüsnütabiat Matbaası, 316, İstanbul.
- Excoffier, L., Smouse, P.E. and Quanttro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics, 131: 479-491.
- FAO, 2004. Secondary Guidelines, Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers, ISAG/FAO, <http://fao.org/dad-is>.
- FAO, 2006. World Agriculture: towards 2030/2050. Interim Report. Rome. <http://www.fao.org/es/esd/AT2050web.pdf>
- FAO, 2007a. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B. Rischkowsky and D. Pilling. Rome. 511 pp + CD www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm
- FAO, 2007b. Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Rome. www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/Interlaken/GPA_en.pdf
- Gao, Y.S., Yang, N., Li, H.F., Wang, K.H. and Tong, H.B. 2004. Analysis of Genetic Diversity of Preserved Population of Native Chicken Breeds by Microsatellites and File Foundation of Markers, Yi Chuan, 26(6), 859-64.
- Goldstein, D.B. and Schlötterer, C. 2001. Microsatellites: Evolution and Applications. Oxford University Press, 352, UK.
- Granevitze, Z., Hillel, J., Chen, G.H., Cuc, N.T.K., Feldman, M., Eding, H. and Weigend, S. 2007. Genetic Diversity within Chicken Populations from Different Continents and Management Histories. Animal Genetics, 38; 576-583.
- Groenen, M., Cheng, H., Bumstead, N., Benkel, B.F., Briles, W.E., Burke, T., Burt, D.W., Crittenden, L.B., Dodgson, J., Hillel, J., Lamont, S., de Leon, A. P., Soller, M., Takahashi, H. and Vignal, A. A. 2000. Consensus Linkage Map of the Chicken Genome, Genome Research, 10(1), 137-147.
- Hartl, D.L. and Clark A.G. 2007. Principles of Population Genetics, Fourth Edition, Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA.
- Hillel, J., Granevitze, Z., Twito, T., Ben-Avraham, D., Blum, S., Lavi, U., David, L., Feldman, M.W., Cheng, H. and Weigend, S. 2007. Molecular Markers for the Assessment of Chicken Biodiversity. World's Poultry Sci., Ass., 63; 33-45.

- Hillel, J., Groenen M., Boichard M.T., Korol A.B., David L., Kirzhner V.M., Burke T., Barre-Dirie A., Crooijmans R., Elo K., Feldman M., Freidlin P.J., Mäki-Tanila A., Oortwijn M., Thomson P., Vignal A., Wimmers K. and Weigend S. 2003. Biodiversity of 52 Chicken Populations Assessed by Microsatellite Typing of DNA Pools, *Genet. Sel. Evol.*, 35, 533- 557.
- Hoffmann, I. 2008. Perspectives for poultry genetic resources. Globaldiv Newsletter, Issue no; 5.
- Hughes, A.L. and Piontkivska, H. 2005. DNA repeat arrays in chicken and human genomes and the adaptive evolution of avian genome size. *BMC Evolutionary Biology*, 5:12.
- International Chicken Genome Sequencing Consortium, Hillier, L. W., Miller, W., Birney, E., Warren, W., Hardison, R.C., Ponting, C.P., Bork, P., Burt, D W., Groenen, M A M., Delany, M E., Dodgson, J.B., Chinwalla, A.T., Cliften, P.F., Clifton, S.W., Delehaunty, K.D., Fronick, C., Fulton, R.S., Graves, TA., Dan Layman, C.K., Magrini, V., McPherson, J.D., Miner, T.L., Minx, P. ,Nash, W.E., Nhan, M.N., Nelson, J.O., Oddy, L.G., Pohl, C.S., Randall-Maher, J., Smith, S.M., Wallis, J.W., Yang, S.P., Romanov, M.N., Rondelli, C.M., Smith, B.P.J.,Morrice, D., Daniels, L., Tempest, H.G.,Robertson, L., Masabanda, J.S., Griffin, D.K., Vignal A., Fillon, V., Jacobbson, L., Kerje, S., Andersson, L., Crooijmans, R.P.M., Aerts, J., van der Poel, J.J., Ellegren, H., Caldwell, R.B., Hubbard, S.J., Grafham, D.V., Kierzek, A.M., McLaren, S.R., Overton, I.M., Arakawa, H., Beattie, K.J., Bezzubov, Y., Boardman, P.E., Bonfield, J.K., Croning, M.D.R., Davies, R.M., Francis, M.D., Humphray, S.J., Scott, C.E., Taylor, R.G., Tickle, C., Brown, W.R.A., Rogers, J., Buerstedde, J.M., Wilson, S.A., Stubbs, L., Ovcharenko, I., Gordon, L., Lucas, S., Miller, M.M., Inoko, H., Shiina, T, Kaufman, J., Salomonsen, J., Skjoedt, K., Wong, G.K., Wang, J, Liu, B., Wang, J., Yu, J., Yang, H., Nefedov, M., Koriabine, M., deJong, P.J., Goodstadt, L., Webber, C., Dickens, N.J., Letunic, I., Suyama, M., Torrents, D., von Mering, C., Zdobnov, E.M., Makova, K., Nekrutenko, A., Elnitski, A., Eswara L., King, P, Yang, D.C., Tyekucheva, S., Radakrishnan, S., Harris A., Chiaromonte, R.S F., Taylor, J., He, J., Rijnkels, M., Griffiths-Jones, S., Ureta-Vidal, A., Hoffman, M.M., Severin, J., Searle, S.M. J., Law, A.S, Speed, D., Waddington, D., Cheng, Z, Tuzun, E., Eichler, E, Bao, Z., Flicek, P., Shteynberg, D.D., Brent, M.R., Bye, J.M., Huckle, E. J., Chatterji, S., Dewey, C., Pachter, L., Kouranov, A., Mourelatos, Z.,Hatzigeorgiou, A. G., Paterson, A. H., Ivarie, R. , Brandstrom, M., Axelsson, E., Backstrom, N., Berlin, S. ,Webster, M. T., Pourquie, O., Reymond, A., UCLA, C., Antonarakis, S. E., Long, M., Emerson, J. J., Betrán, E., Dupanloup, I., Kaessmann, H., Hinrichs, A.S., Bejerano, G.,Furey, T. S., Harte, R. A., Raney, B., Siepel, A., Kent, W. J., Haussler, D., Eyraes, E., Castelo, R, Abril, J. F. Castellano, S., Camara, F.Parra, G.Guigo, R.Bourque, G Tesler, G.Pevzner, P. A. Smit, A., Fulton, L. A., Mardis E. R., and Wilson, R. K. 2004. Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* 432, 695-716.
- İvgin, R. and Bilgen, G. 2002. Estimation of genetic Distance in meat and layer pure lines using randomly amplified polymorphic DNA. *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*, 26:1117-1120.

- Kaiser, M.G., Yonash N., Cahaner A. and Lamont S.J. 2000. Microsatellite Polymorphism Between and Within Broiler Populations, *Poultry Sci.*, 79, 626-628.
- Kalinowski, S.T., Taper M.L. and Marshall T.C. 2007. Revising How the Computer Program CERVUS Accommodates Genotyping Error Increases Success in Paternity Assignment. *Mole. Ecol.*, 16, 1099-1006. http://www.fieldgenetics.com/pages/aboutCervus_Overview.jsp
- Kaplan, G. 2004. Bir Denizli tavuk sürüsünde telek çıkarma özellikleri ile ilgili bir araştırma. Ank. Üniv. Sağlık Bil. Enst. Doktora Tezi. Basılmamış.
- Karaesmen, F. 1944. Tavukçuluk. Yüksek Ziraat Enstitüsü Basımevi, 222, Ankara.
- Kaya, M. 2003. Tavuk Genotiplerinde Genetik Uzaklığın Rapd (Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) Yöntemiyle Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi (Basılmamış), Samsun.
- Kaya, M and Yıldız, M.A. 2008. Genetic Diversity among Turkish Native Chickens, Denizli and Gerze Estimated by Microsatellite Markers. *Biochemical Genetics*, 46:480–491
- Kong, H.S., Oh J.D., Lee J.H., Jo K.J., Sang B.D., Choi C.H., Kim S.D., Lee S.J., Yeon S.H., Jeon G.J. and Lee H.K. 2006. Genetic Variation and Relationships of Korean Native Chickens and Foreign Breeds Using 15 Microsatellite Markers, *Asian Aust. J. Anim. Sci.*, 19(11), 1546-1550.
- Li, Y., Korol, A.B., Fahima, T., Beiles, A. and Nevo E. 2002. Microsatellites: Genomic Distribution, Putative Functions and mutational mechanisms: a Review. *Molecular Ecology*, 11; 2453-2465.
- Long, J.C. 1986. The Allelic Correlation Structure of Gainj- and Kalam-Speaking People, I. The Estimation and Interpretation of Wrigth's *F*-statistics, *Genetics*, 112, 629-647.
- Machugh, D.E. 1996. Molecular Biogeography and Genetic Structure of Domesticated Cattle, (Ph.D. thesis), University of Dublin.
- Marshall, T.C., Slate J., Kruuk L. and Pemberton J.M. 1998. Statistical Confidence for Likelihood-Based Paternity Inference in Natural Populations, *Mol. Eco.*, 7, 639-655.
- Msoffe, P.L.M., Mtambo M.M.A., Minga U.M., Juul-Madsen H.R. and Gwakisa P.S. 2005. Genetic Structure Among the Local Chicken Ecotypes of Tanzania Based on Microsatellite DNA Ryping. *A. J. of Biotech.*, 4(8), 768-771.
- Muchadeyi, F.C., Eding, H., Wollny, C.B.A., Groeneveld, E., Makuza, S.M., Shamseldin, R., Simianer, H. and Weigend, S. 2007. Absence of Populations Substructuring in Zimbabwe Chicken Ecotypes Inferred Using Microsatellite Analysis. *Animal Genetics*, 38; 332-339.
- Mwacharo, J.M., Nomura, K., Hanada, H., Jianlin, H., Hanotte, O. and Amano, T. 2007. Genetic relationships among Kenyan and other East African Indigenous chickens. *Animal Gen.*, 38;485-490.

- Nazlıgül, A., Ertuğrul O., Orman M. and Aksoy F.T. 1995. Some production characteristics of layers from different genetic origin (*Gallus domesticus*) and effects of different cage position on egg production and egg weight traits. Tr. J. of Veterinary and Animal Sci. 19(5):339-347.
- Nei, M. and Kumar L.S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford.
- Nei, M. 1972. Genetic Distance Between Populations, *Am. Nat.*, 106, 283-292.
- Nei, M. 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance From a Small Number of Individuals, *Genetics*, 89, 583-590.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*, Columbia University Press, NY.
- Nei, M. and Kumar L.S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*, Oxford University Press, Oxford.
- Notter, D.R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J. Ani. Sci.*, 77, 1, 61-69.
- Olowofeso, O., Wang J.Y., Dai G.J., Yang Y., Mekki D.M. and Musa H.H. 2005. Measurement of Genetic Parameters Within and Between Haimen Chicken Populations Using Microsatellite Markers, *Int J of Poultry Sci.*, 4(3), 143-148.
- Okumus, A. and Kaya, M. 2005. Genetic similarity by RAPD between pure lines of chickens. *Jour. Biological Sci.*, 5 (4), 424-426.
- Özdoğan, N. ve Gürçan, İ.S. 2006. Denizli ve Gerze yerli tavuk ırklarında yumurta veriminine ait bazı özellikler. *Lalahan Hay. Araşt. Enst. Derg.*, 46(2);13-21.
- Özdoğan, N., Gürçan, İ.S. ve Bilgen, A. 2007. Denizli ve Gerze Yerli Tavuklarında Yumurta Ağırlığı ve Yumurta Ağırlığının Tekrarlanma Derecesi. *Lalahan Hay. Araşt. Enst. Derg.*, 47(1);21-28.
- Primmer, C.R., Raudsepp, T., Chowdhary, B.P., Moller, A.P. and Ellegren, H. 1997. Low Frequency of Microsatellites in the Avian Genome. *Genome Research*, 7;471-482.
- Pritchard, K., Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945-959.
- Raymond, M. and Rousset, F. 1995. Genepop (version 3.0): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*. 86(3): 248-249. <http://genepop.curtin.edu.au/>
- Romanov, M.N. and Weigend S. 2001. Analysis of Genetic Relationship Between Various Populations of Domestic and Jungle Fowl Using Microsatellite Markers, *Poultry Sci.*, 80, 1057-1063.
- Rosenberg, N.A., Burke, T., Elo, K., Feldman, M.W., Freidlin, P.J., Groenen, M.A.M., Hillel, J, Maki-Tanila, A., Tixier-Boichard, M., Vignal, A., Wimmers, K. and Weigend, S. 2001. Empirical Evaluation of Genetic Clustering Methods Using Multilocus Genotypes From 20 Chicken Breeds. *Genetics*, 159; 699-713.

- Schneider, W.S. Roessli, D. and Excoffier, L. 2000. Arlequin ver. 2.00: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland. <http://lgb.unige.ch/arlequin/>
- Shahbazi, S., Mirhosseini, S.Z. and Romanov, M.N. 2007. Genetic Diversity in Five Iranian Native Chicken Populations Estimated by Microsatellite Markers. *Biochemical Genetics*, 45, 63-75.
- Soller, M., Weigend, S., Romanov, M.N., Dekkers, J.C.M. and Lamont, S.J. 2006. Strategies to Assess Structural Variation in The Chicken Genome and Its Associations with Biodiversity and Biological Performance. *Poultry Sci.*, 85;2061-2078.
- Stevens, L. 1991. Genetics and evolution of the domestic fowl. Cambridge University Press. Cambridge.
- Şekeroğlu, A. 1994. Gerze (Hacıkadın) ve Denizli Tavuk Irklarının Yumurta Verimi ve Kalite Özellikleri. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi (Basılmamış), 53, Samsun.
- Tadano, R., Nishibori, M., Imamura, Y., Matsuzaki, M., Kinoshita, K., Mizutani, M., Namikawa, T. and Tsudzuki M. 2008. High Genetic Divergence in Miniature Breeds of Japanese Native Chickens Compared to Junglefowl, as revealed by Microsatellite Analysis. *Animal Genetics*, 39; 71-78.
- Tadano, R., Sekino, M., Nishibori, M. and Tsudzuki, M. 2007. Microsatellite Marker Analysis for the Genetic relationships among Japanese Long-Tailed Chicken Breeds. *Poultry Sci.*, 86;460-469.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S. 2007 MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 10.1093/molbev/msm092. <http://www.megasoftware.net/>
- Tu, Y.J., Chen K.W., Shen J.C., Tang Q.P. and Zhang S.J. 2005. Analysis of Genetic Diversity of Sichuan Indigenous Chicken Breeds Using Microsatellite Markers, *Yi Chuan*, 27(5), 724-8.
- Weir, B.S. and Cockerham C.C. 1984. Estimating *F*-statistics for the Analysis of Population, *Evolution*, 38, 1358-1370.
- Weigend, S. and Groeneveld, L.F. 2008. Molecular characterization of genetic diversity in chickens. *Globaldiv Newsletter*, 5, 5-9.
- Wimmers, K., Ponsuksili S., Hardge T., Valle-Zarate A., Mathur P.K. and Horst P. 2000. Genetic Distinctness of African, Asian and South American Local Chickens, *Anim. Gen.*, 31, 159-165.
- Wong, G.K.S., Liu, B., Wang, J., Zhang, Y., Yang, X., Zhang, Z., Meng, Q., Zhou, J., Li, D., Zhang, J., Ni, P., Li, S., Ran, L., Li, H., Zhang, J., Li, R., Li, S., Zheng, H., Lin, W., Li, G., Wang, X., Zhao, W., Li, J., Ye, C., Dai, M., Ruan, J., Zhou, Y., Li, Y., He, X., Zhang, Y., Wang, J., Huang, X., Tong, W., Chen, J., Ye, J., Chen, C., Wei, N., Li, G., Dong, L., Lan, F., Sun, Y., Zhang, Z., Yang, Z., Yu, Y., Huang, Y., He, D., Xi, Y., Wei, D., Qi, Q., Li, W., Shi, J., Wang, M., Xie, F., Wang, J., Zhang, X., Wang, P., Zhao, Y., Li, N., Yang, N., Dong, W., Hu, S., Zeng, C., Zheng, W., Hao, B., Hillier, L.W. Yang, S.P., Warren, W.C., Wilson,

- R.K. , Brandstroöm, M., Ellegren, H., Crooijmans, R.P.M. A., van der Poel, J. J. Bovenhuis, H., Groenen, M.A. M., Ovcharenko, I., Gordon, Stubbs, L.,L., Lucas, S., Glavina, T., Aerts, A., Kaiser, P., Rothwell, L., Young, J.R., Rogers, S., Walker, B.A., van Hateren, A., Kaufman, J., Bumstead, N., Lamont, S.J., Zhou, H., Hocking, P.M., Morrice, D., de Koning, D.J., Law, A., Bartley, N., Burt, D.W., Hunt, H., Cheng, H.H, Gunnarsson, U., Wahlberg, P., Andersson, L., Kindlund, E., Tammi, M.T., Andersson, B., Webber, C., Ponting, C.P., Overton, I.M., Boardman, P.E., Tang, H., Hubbard, S.J., Wilson, S.A., Yu, J., Wang, J. and Yang H.M. (*International Chicken Polymorphism Map Consortium*) 2004. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. *Nature*, 432, 717-722.
- Wright, S. 1978. *Variability Within and Among Natural Populations*, Vol:4, The Univ. of Chicago Pres, Chicago.
- Wu, X.S., Chen G.H., Wang D.Q., Zhang X.Y., Wang K.H., Cheng R., Liu B., Xu Q. and Zhou Q.L. 2004. Analysis of Genetic Relationship Among Chinese Native Chicken Breeds Using Microsatellites Marker. *Yi Chuan*, 31(1), 43-50.
- Yeh, F.C., Yang R.C., Boyle T.B.J., Ye Z.H. and Mao J.X. 1997. POPGENE, The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis, Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada, <http://www.ualberta.ca/~fyeh>.
- Yener, T. 2003. Kafes konumu ve yerleşim sıklığının Denizli ırkı bir sürüde ve ticari bir yumurtacı sürüde bazı özelliklere etkisi. Ank. Üniv. Sağlık Bil. Enst. Doktora tezi. Basılmamış.
- Zhang, X., Leung F.C., Chan D.K.O., Yang G. and Wu C. 2002. Genetic Diversity of Chinese Native Chicken Breeds Based on Protein Polymorphism, Randomly Amplified Polymorphic DNA, and Microsatellite Polymorphism, *Poultry Sci.*, 81, 1463-1472.

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri

LOCUS G01547 170 bp DNA linear STS 28-NOV-1994
DEFINITION chicken STS ADL102, sequence tagged site.
ACCESSION G01547
VERSION G01547.1 GI:575903
KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.
SOURCE Gallus gallus (chicken)
ORGANISM Gallus gallus
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;
 Euteleostomi;
 Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
 Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
 Gallus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 170)
AUTHORS Cheng, H.H.
JOURNAL Unpublished (1994)
COMMENT Synonyms: 117.03
 Contact: Hans H. Cheng
 Avian Disease and Oncology Laboratory
 USDA-ARS
 3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA
 Tel: 5173376758
 Fax: 5173376776
 Email: hcheng@pilot.msu.edu

 Primer A: ttccacctttctttttttatt
 Primer B: gctccactcccttctaacc
 STS size: 122
 PCR Profile:
 Denaturation: 94 degrees C for 1 minute
 Annealing: 47 degrees C for 1 minute
 Polymerization: 72 degrees C for 1 minute
 PCR Cycles: 30
 Thermal Cycler: MJ Research
 Protocol:
 Template: 50-100 ng
 Primer: 0.1 uM
 dNTPs: 200 uM
 Taq polymerase: 0.4 units/ul
 Total Vol: 25 ul

 Buffer:
 MgCl2: 1.5 mM
 KCl: 50 mM
 Tris-HCl: 10 mM
 pH: 9.0
 Triton X-100: 0.1 %
FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..170
 /organism="Gallus gallus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:9031"
 STS 12..133
 primer_bind 12..31
 primer_bind complement(114..133)
ORIGIN
 1 ttggcagaaa ttccacctt tcttttttat tattatattt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt
 61 gtgtgtgtgt gtgtgaaatg acagtgatag agaggacagt tttcttttgt gatgggttag
 121 aagggagtgg agccggtggc aggaagcagg cctgcttgta tcagacagct //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01561 228 bp DNA linear STS 06-DEC-1994
DEFINITION chicken STS ADL136, sequence tagged site.
ACCESSION G01561
VERSION G01561.1 GI:595085
KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.
SOURCE Gallus gallus (chicken)
ORGANISM Gallus gallus
Euteleostomi;
Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;
Gallus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 228)
AUTHORS Cheng, H.H.
JOURNAL Unpublished (1994)
COMMENT Synonyms: B18
Contact: Hans H. Cheng
Avian Disease and Oncology Laboratory
USDA-ARS
3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA
Tel: 5173376758
Fax: 5173376776
Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: tgtcaagcccatcgtatcac
Primer B: ccacctccttctcctgttca
STS size: 145
PCR Profile:
Denaturation: 94 degrees C for 1 minute
Annealing: 52 degrees C for 1 minute
Polymerization: 72 degrees C for 1 minute
PCR Cycles: 30
Thermal Cycler: MJ Research
Protocol:
Template: 50-100 ng
Primer: 0.1 uM
dNTPs: 200 uM
Taq polymerase: 0.4 units/ul
Total Vol: 25 ul

Buffer:
MgCl2: 1.5 mM
KCl: 50 mM
Tris-HCl: 10 mM
pH: 9.0
Triton X-100: 0.1 %.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..228
/organism="Gallus gallus"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:9031"
STS 78..222
primer_bind 78..97
primer_bind complement(203..222)
ORIGIN
1 gtatccatca tgtacactgc ttttgcattt agcttttgca tggcaggcaa ccagacaact
61 tgganatgaa tactggatgt caagcccatc gtatcacgaa aatgtgtgtg tgtgtgtgtg
121 tgtctgtgtg tgtgtgtgtg tgtgccccac tgctcctccc tcattttcac ataattgagt
181 ttctttatta attccatgga gctgaacagg agaaggagggt ggtgatgg //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01582 430 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL158, sequence tagged site.

ACCESSION G01582

VERSION G01582.1 GI:595106

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 430)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B76

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: tggcatgggttgaggaataca

Primer B: taggtgctgcactggaaatc

STS size: 216

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 52 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..430

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS 109..324

primer_bind 109..128

primer_bind complement(305..324)

ORIGIN

1 ggagtgctaa taggactgga agcaaatgct caagatatct cattaaggag ggctgatcaa
61 tcagagttag aaataccata tcctgggtctc cggctggctc agactttatg gcatgggtga
121 ggaatacatt tacaatgaat ctacacacaca cacacacaca cacacatnca cacacacgcg
181 cgcgcacgcg cgatgtaaaa tgatcaaggc aaggagagat ctaataaaaa caaaatctct
241 aatgtagagg catgaaaact gagctacaac ttgactgagc aattgcttcc tggtagtact
301 atcggatttc cagtgcagca cctaaagggt tatgtttingg ttttttaaaa ctcttggtgc
361 aaatgctgct gtnaaccact atgtggacta ttacagtttt tctgccatcc cctngcaatt
421 gcattgagaa //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01593 380 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL171, sequence tagged site.

ACCESSION G01593

VERSION G01593.1 GI:595117

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 380)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B109

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: acaggattcttgagattttt

Primer B: ggctcttagcagtgtttgttt

STS size: 104

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 46 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..380

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

196..299

primer_bind

196..215

primer_bind

complement(280..299)

ORIGIN

1 ctgacttgca tcacagctgt cccagcccaa ttcggtttct gccactgctt ttctaagcac
61 atttagcaag actggcacca gcatagtctt taacagcaag actgaaagca actgaagagt
121 caagtacccc ttatagntat tgttgtcaga ncacaaacag gaaactcatt tantgctctc
181 agcactacag aatacacagg attcttgaga ttttttttgt tgttgttgtt tnnngttgtg
241 tgttgttgtg tgttgttgtg tgttgttgtg tgggaagata aacaaacact gctaagaccc
301 aagaccacct atggctcttg aagtactgnt agctgaaagt ctacagctgg atnacaanat
361 catttatattt ctagnccacc //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01594 365 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL172, sequence tagged site.

ACCESSION G01594

VERSION G01594.1 GI:595118

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 365)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B115

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: ccctacaacaaagagcagtg

Primer B: ctatggaataaaaatggaaat

STS size: 154

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 49 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..365

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

156..309

primer_bind

156..175

primer_bind

complement(290..309)

ORIGIN

```

1 atgctgacaa agcacaaacg ctactgaagt gtactactac gagtcctgca gggnaatggg
61 ctccaggctc tcctcatatt tgagaggtat taacctcttc caataaatat ttttggatga
121 gaaggctcac cagagctgct gaagggtgtt tgttccccta caacaaagag cagtgcctgc
181 ttttaaccaga gcgccttcaa acacctctgt gtggcacttc cctgtgcaat gcagaatcac
241 tctgaacaca cacacacaca cacacacaca cacacacaca ctccacaaaa tttccatttt
301 attccatagc taatcgcttg tttgctgggt tgcattgagga gcgtactaca cagcatatct
361 canga //
```

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01598 412 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL176, sequence tagged site.

ACCESSION G01598

VERSION G01598.1 GI:595122

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 412)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B122

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: ttgtggattctggtggtagc

Primer B: ttctcccgtaacactcgtca

STS size: 192

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 52 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..412

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

146..337

primer_bind

146..165

primer_bind

complement(318..337)

ORIGIN

```

1 cctccccgtg gtgtgatttt ggttttatgc agcctggtac tgttccttct acagagggag
61 tgcagtataa gcttggcttg ccttaaggaa tagattgcaa acttgacaat attctcttaa
121 aagacttatt aaatactcta cagttttgtg gattctgggtg gtagcagtgctg tgttctcatc
181 agtgtcctac tgtagtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtat ggcatttggc tgagtacttc
241 ttgctgcttt ttccattatg tcttttagcag gccagcatcg cagagatcct taatttcctg
301 ttgcctgcag aatgatttga cgagtgttac gggagaacag ctaaagtgtg ntatcatatc
361 ccaaaagtgg ntggncggcc ttngacggat nggngaatac tgcctggtct ta //
```

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01603 389 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL181, sequence tagged site.

ACCESSION G01603

VERSION G01603.1 GI:595127

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 389)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B132

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: ccagtgaattcatcctttt

Primer B: caatcttttgtgggtatgg

STS size: 178

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 48 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..389

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

1..178

primer_bind

1..20

primer_bind

complement(159..178)

ORIGIN

```

1 ccagtgaat tcatacctttt cacacacaca cacacacaca cacaaagaac aaaacaacag
61 tgttgatc cctccaagta gcttcacgac agaagtcctg aatgaaattt tcagactgaa
121 ctttttcctt ttaagtgttt tgatgattta gatctatccc atacccacaca aaagattgat
181 gagcaatgtc ataaaaaaaa attcagctga aaatagtcaa atgtcaactt gcaaaaaaatt
241 gtttggttgg aaaaactcctt ttccgcttag aaatactcat gctatttggt caatcagatg
301 gaacattggg tctgtatatt tactagtgtg aatgaaacat caacatgtat tcctcagcac
361 tgaaaaaaag cacctctcca atgacatca //
```

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS **G01630** 415 bp DNA linear STS 06-DEC-1994

DEFINITION chicken STS **ADL210**, sequence tagged site.

ACCESSION G01630

VERSION G01630.1 GI:595154

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 415)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B210

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: acaggaggatagtcacacat

Primer B: gccaaaaagatgaatgagta

STS size: 130

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 46 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..415

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

48..177

primer_bind

48..67

primer_bind

complement(158..177)

ORIGIN

1 cagcatgaga atgtacagcg gatataactg gatatgggca ggggggtaca ggaggatagt
61 cacacattat ttactttgnt aactcagata cacacacaca cacacacacc
121 aggggtgngt ttgtttgtt tgttttagtt ttttaaatac tcattcatct ttttggctta
181 aatagtaggt gtgcttttgt ttagactgac agcttactta tcctttttcc agtgaaaaaa
241 atacaggcaa agccatttta atgctgatga caatctttcc atggtttcca tgcacagaag
301 tagctaagaa ggtatattac tgcatatgac acctcccccg tgatccatca tacacatttc
361 cccagagaat cagtggacct aacacactca agagcacaga cactgtccac acaac //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01687 440 bp DNA linear STS 07-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL267, sequence tagged site.

ACCESSION G01687

VERSION G01687.1 GI:595211

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 440)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B349

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: aaacctcgatcaggaagcat

Primer B: gttattcaaagccccaccac

STS size: 117

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 50 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..440

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS

39..155

primer_bind

39..58

primer_bind

complement(136..155)

ORIGIN

1 ctagacaaca atagcatgaa ccaataacct ataaaaacaa acctcgatca ggaagcatgc
61 acagacacac acacacacac acacacacaa agaatacaac aaccccaaac aactatcaga
121 tttctaacaa ttgacgtggt ggggctttga ataacgtaag atgcattgtt aggttagcgc
181 ggtttgttaa tcatacaatg tttgtatgca gcaagtgtgt gttactcaaa ttgtacttca
241 gctgtcttca agagagcctt ccagctttca gctaatagcc ttcagctacc tttgcaatga
301 gatcagataa gcaggcactt cagaatgcaa tccagttaat ctcctttgga tatctccttt
361 ggtatgagat gaatgaatgt tgaaaatggc tgtgtcgctc catttcctgt agggaaacgnc
421 tagatatgga catctttttt //

EK 1 Kullanılan Mikrosatelit Primerlerin Detaylı Bilgileri (devam)

LOCUS G01688 273 bp DNA linear STS 07-DEC-1994

DEFINITION chicken STS ADL268, sequence tagged site.

ACCESSION G01688

VERSION G01688.1 GI:595212

KEYWORDS STS; STS sequence; primer; sequence tagged site.

SOURCE Gallus gallus (chicken)

ORGANISM Gallus gallus

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata;

Euteleostomi;

Archosauria; Dinosauria; Saurischia; Theropoda; Coelurosauria;
Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae;

Gallus.

REFERENCE 1 (bases 1 to 273)

AUTHORS Cheng, H.H.

JOURNAL Unpublished (1994)

COMMENT Synonyms: B356

Contact: Hans H. Cheng

Avian Disease and Oncology Laboratory

USDA-ARS

3606 E. Mount Hope Rd, East Lansing, MI 48823, USA

Tel: 5173376758

Fax: 5173376776

Email: hcheng@pilot.msu.edu

Primer A: ctccacccctctcagaacta

Primer B: caacttcccatctacctact

STS size: 110

PCR Profile:

Denaturation: 94 degrees C for 1 minute

Annealing: 48 degrees C for 1 minute

Polymerization: 72 degrees C for 1 minute

PCR Cycles: 30

Thermal Cycler: MJ Research

Protocol:

Template: 50-100 ng

Primer: 0.1 uM

dNTPs: 200 uM

Taq polymerase: 0.4 units/ul

Total Vol: 25 ul

Buffer:

MgCl2: 1.5 mM

KCl: 50 mM

Tris-HCl: 10 mM

pH: 9.0

Triton X-100: 0.1 %.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..273

/organism="Gallus gallus"

/mol_type="genomic DNA"

/db_xref="taxon:9031"

STS 33..142

primer_bind 33..52

primer_bind complement(123..142)

ORIGIN

1 gcgtcgattg accctgaccc attgacacat acctccaccc ctctcagaac tagattttca
61 tgctaagccg atctaggtct tgagcagtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt atgtgaagag
121 taagtaggta gatgggaagt tgttcagtcg tgttccatca gcagtgcact atacaggtat
181 tcatgcctag ttcatgttgc aggctgaaga gtctattggc aggttgggat gcggacacta
241 gtcgaagaca ggagtatttc atggtcaagt cta //

[illegible]

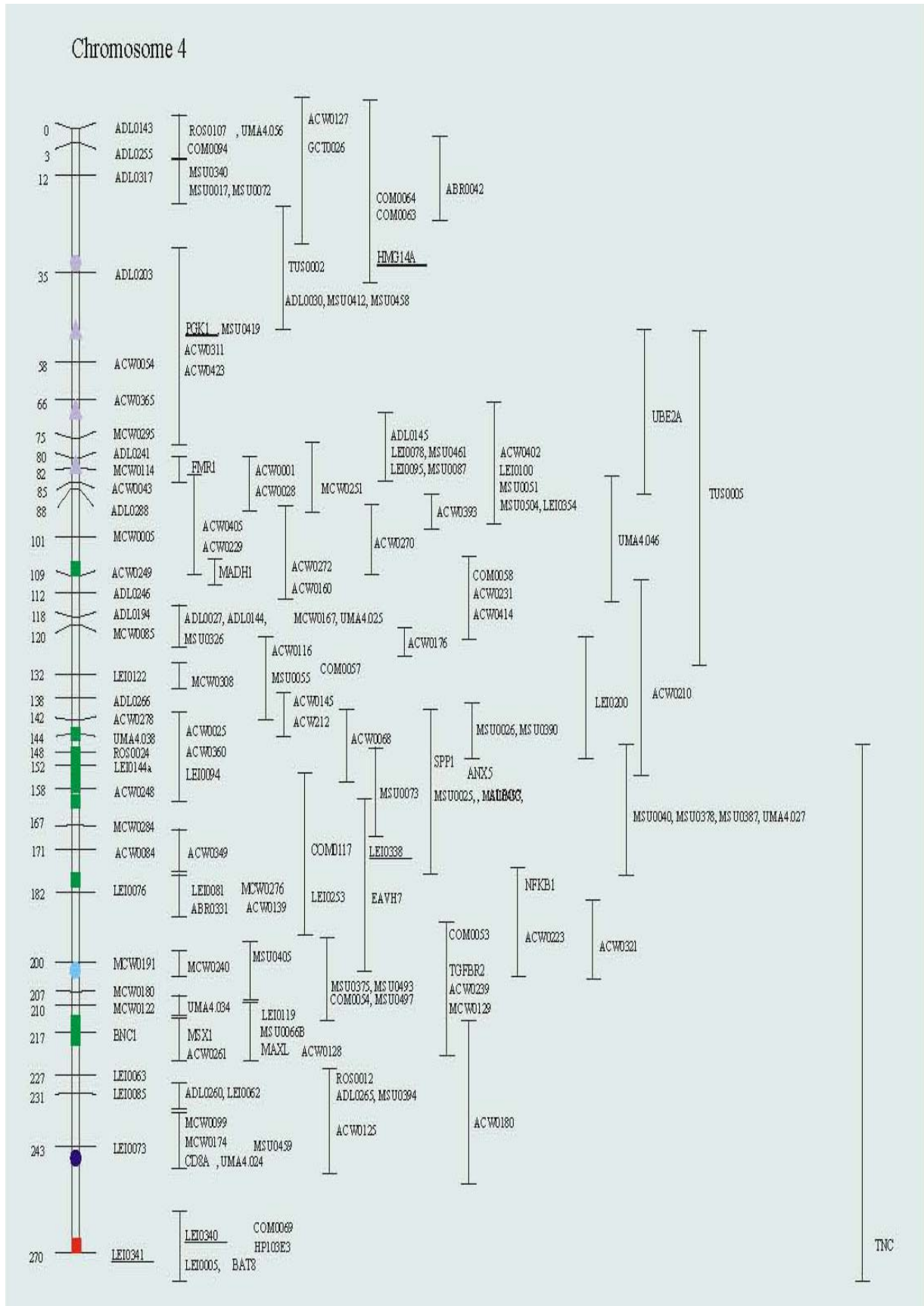
Chromosome 2

0
6
13
19
30
37
45
60
64
75
92
102
116
119
121
136
142
152
165
169
172
182
190
195
202
212
216
222
228
233
241
243
250
252
255
261
270
273
275
282
292
302
315
320
329
349
358
364
374
378
379
382
392
403
414

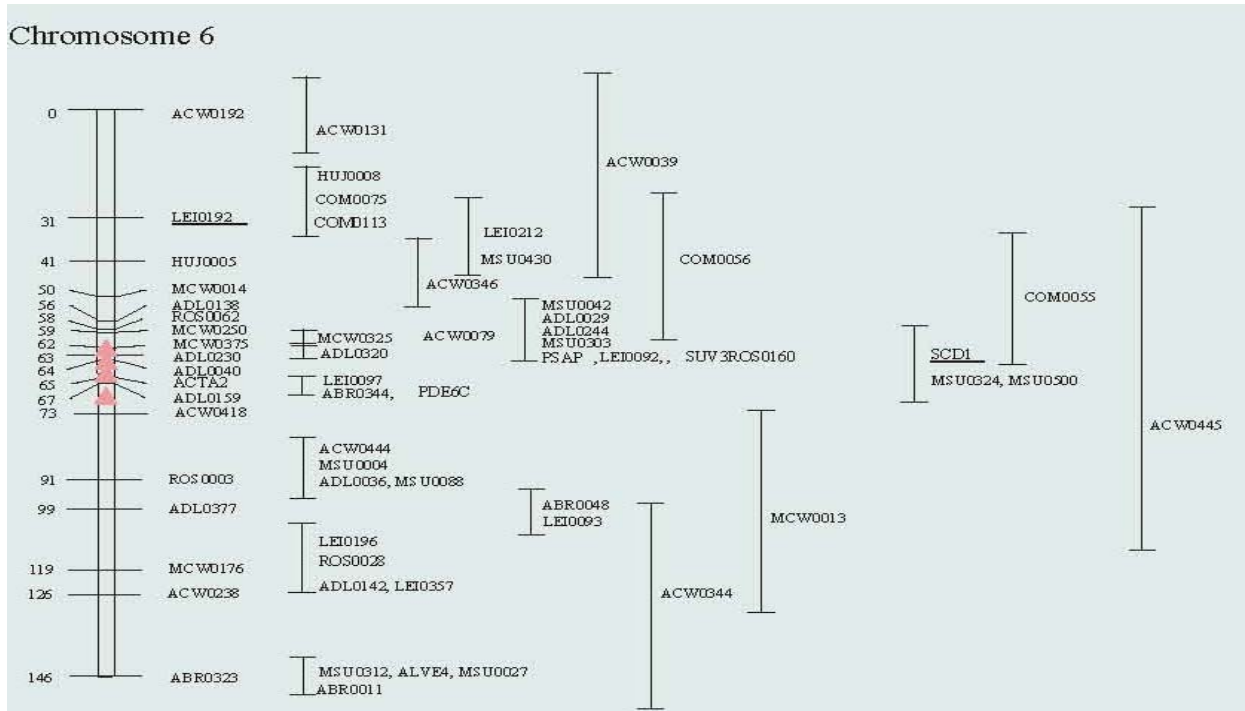
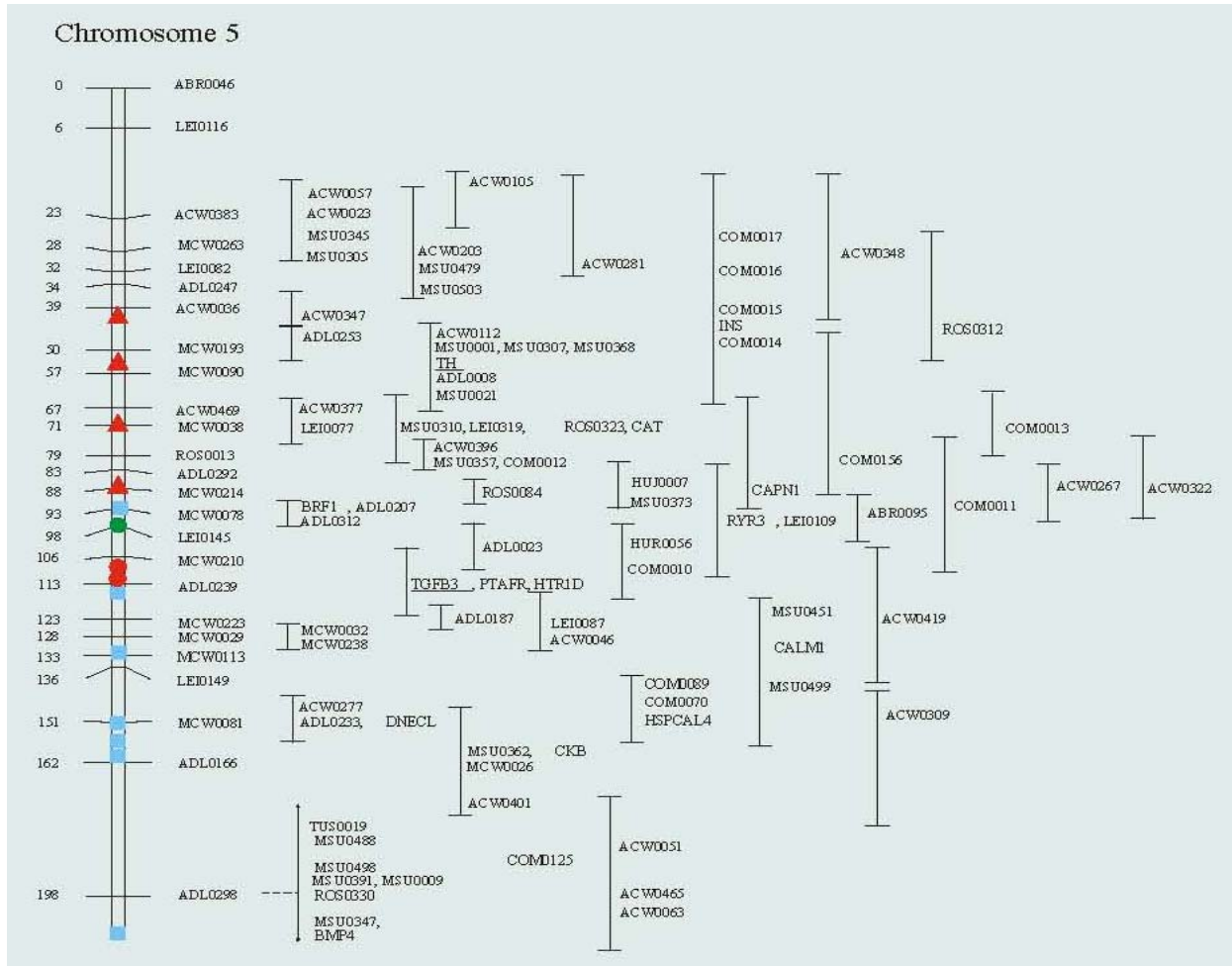
ACW0390
ACW0066
ABR0036
MCW0205
LEI0163, MSU0502
ABR0035
MSU0482
ACVR2
ACW0369
ACW0403
SHH
LEI0247
COM0034, COM0098
GCT0025
COM0035
TUS0017
COM0033
GCT0027
MRC1
MSU0418, UMA2187
MCW0220
MCW0243
ACW0168
ACW0422
ACW0372
ACW0174
ACW0318
ACW0457
COM0067
RARB
GCT0052
MCW0362
ACW0178
ACW0211
ACW0085
ADL0257
ABR0008
ACW0240
TOFR1, MSU0407
MSU0475, MSU0491
MSU0081
MSU0020, MSU0339, UMA2.283,
PRL
ACW0214
ACW0055
ACW0026
ACW0034
ACW0133
TUS0004
ADL0196, ADL0300, ADL0373, , UMA2.025, UMA2.195
MSU0431
MSU0039, MSU0421
ACW0280
LEI0195
GCT0023
COM0025
MSU0096
MSU0494
MSU0336
MCW0290
COM0024
MSU0022
ACW0462
ACW0242
ACW0307
ACW0333
ACW0413
ACW0340
ACW0324
ACW0247
ACW0159
ACW0224
ROS0067
ACW0455
ACW0138
ACW0173
ACW0250
ACW0416
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU0082, MSU0093
LEI0031
COM0044
COM0045
COM0150
TUS0007
ADL0146
MCW0320
MCW0324
MCW0166
MCW0377
MCW0310
CA2
MCW0314
MCW0056
ADL0271
ACW0284
ACW0049
UMA2.021
LEI0053, T
RHR
COM0046
COM0045
ACW0004
ACW0018
LEI0104
LEI0228
ACW0258
ACW0056
RCS0120
MSU0374
ADL0003
MSU0024
MYC
LEI0243, MSU0036, MSU0433
MSU0080, MSU

[illegible]

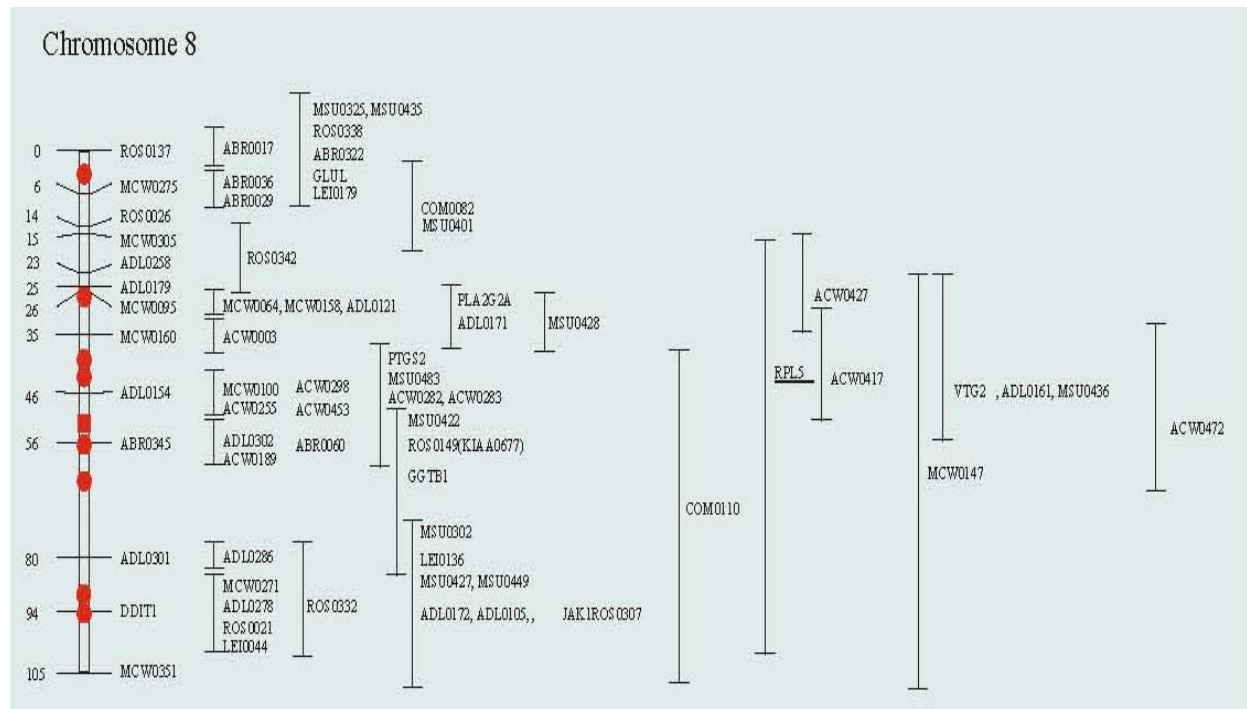
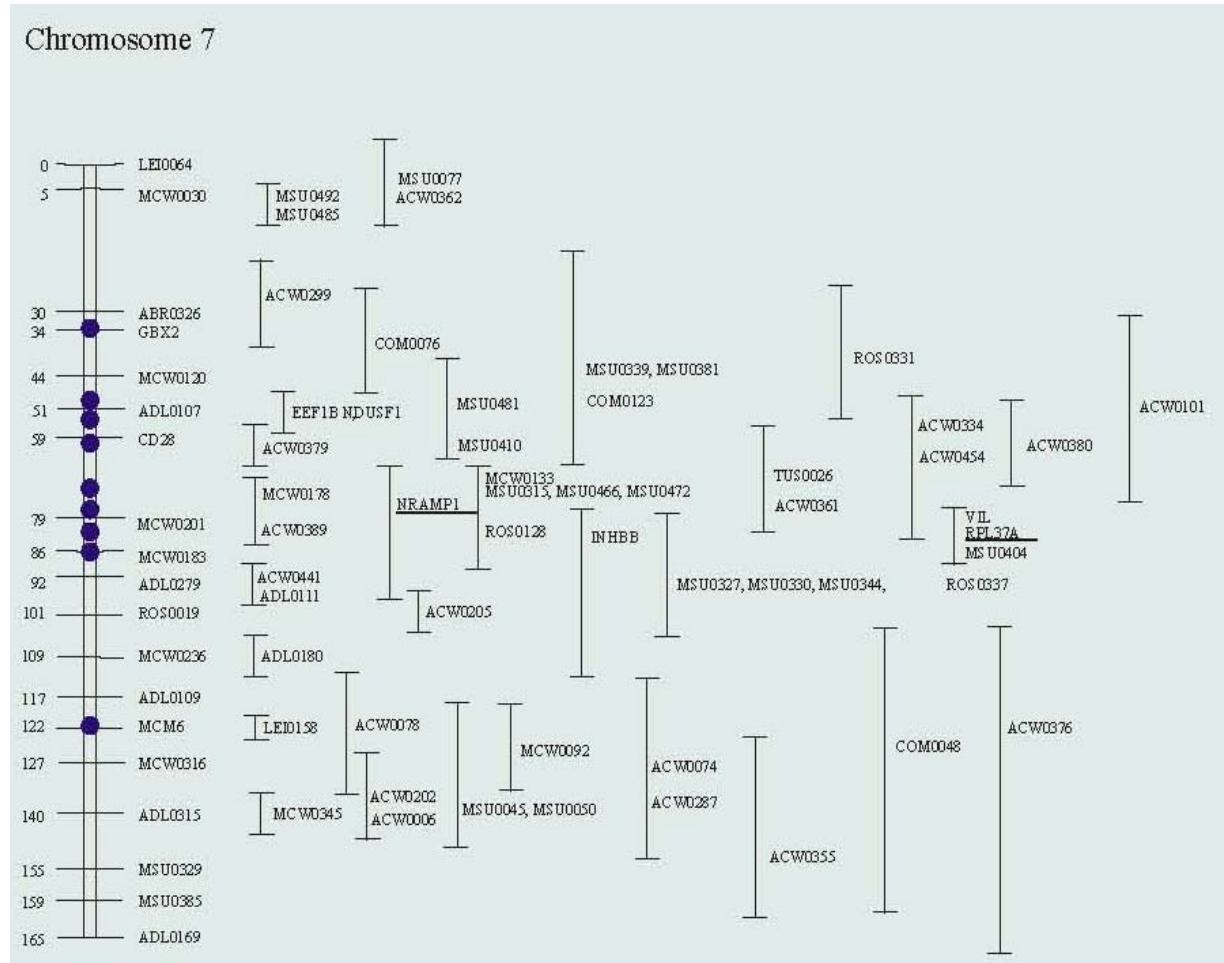
EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)



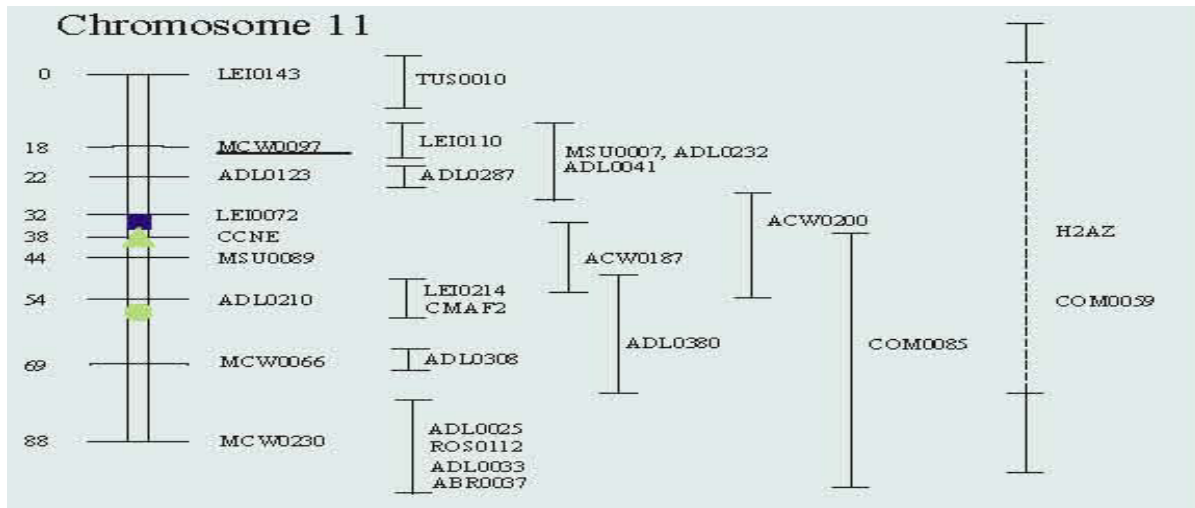
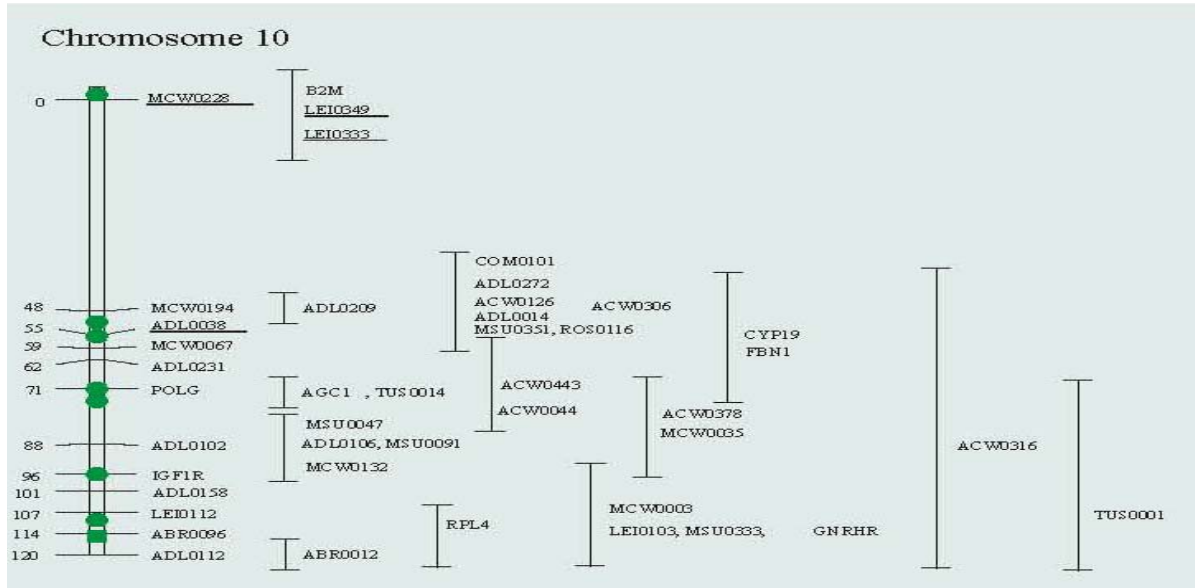
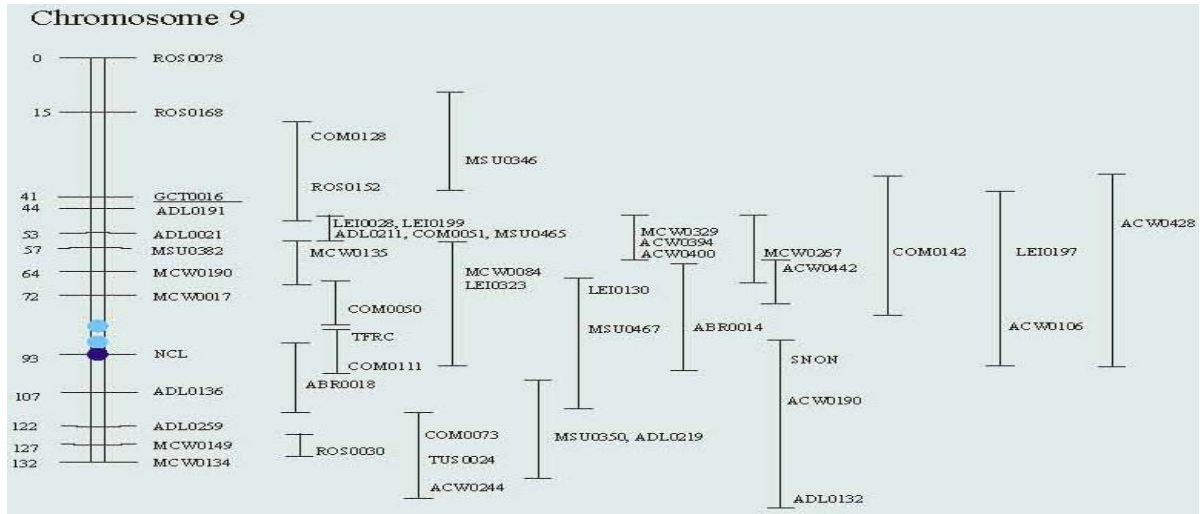
EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)



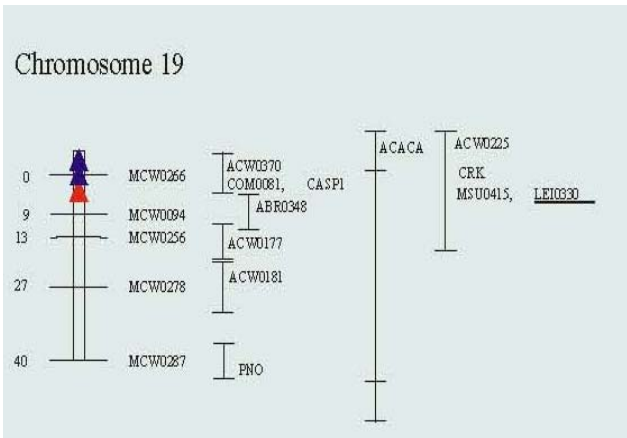
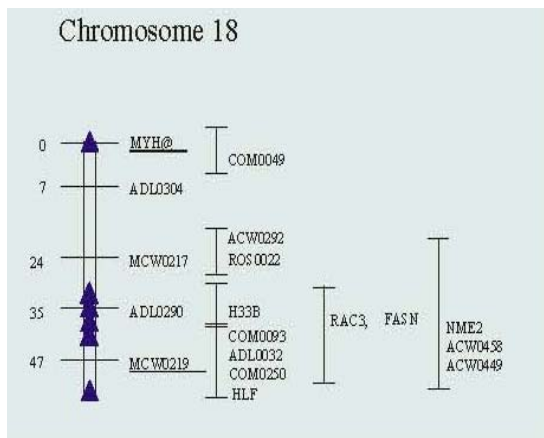
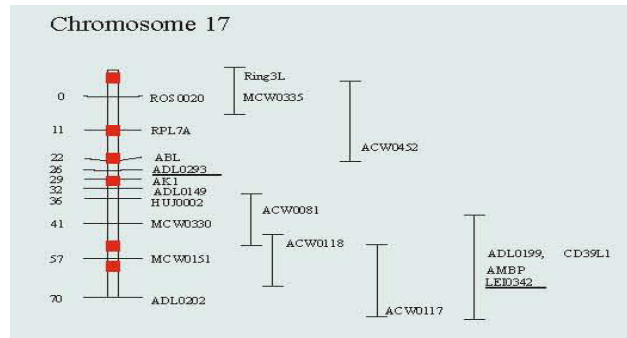
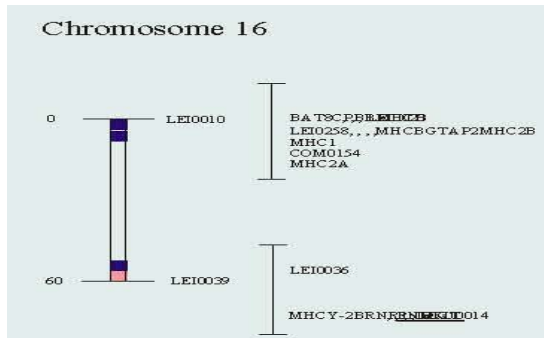
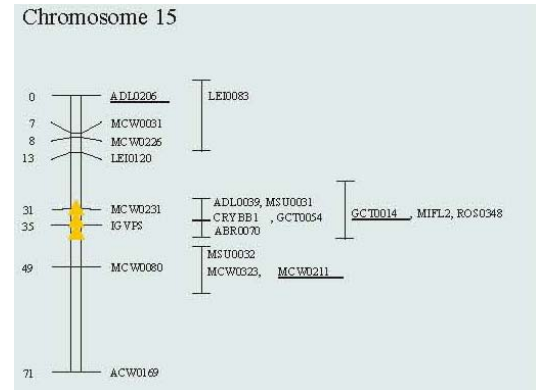
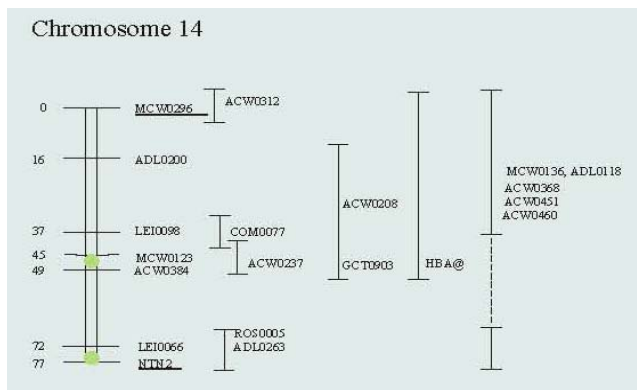
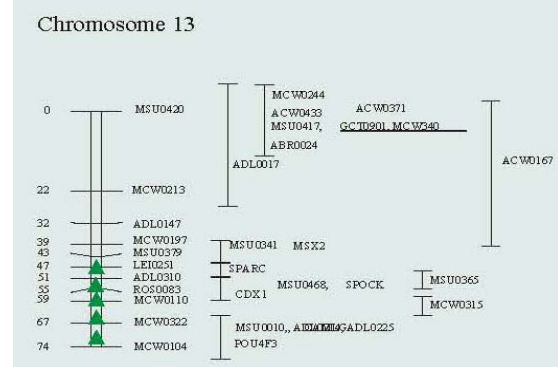
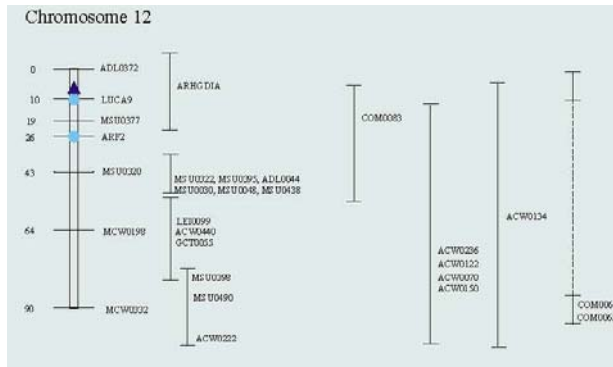
EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)



EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)

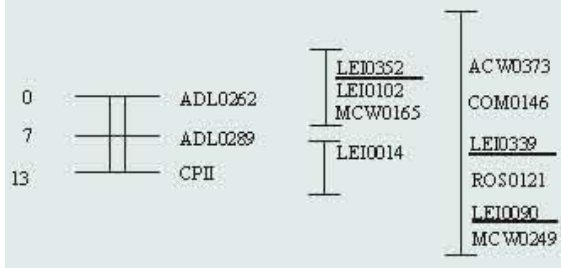


EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)

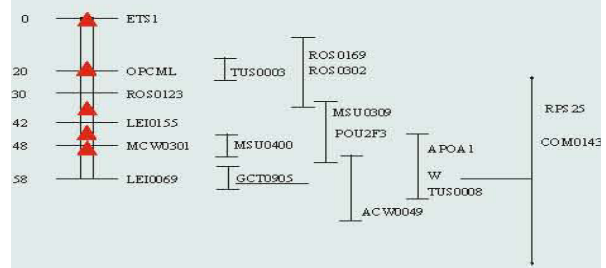


EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)

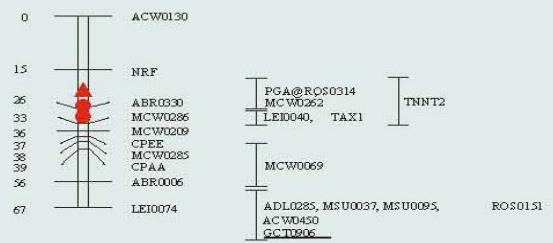
Chromosome 23



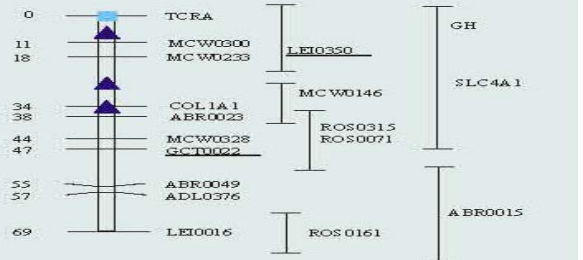
Chromosome 24



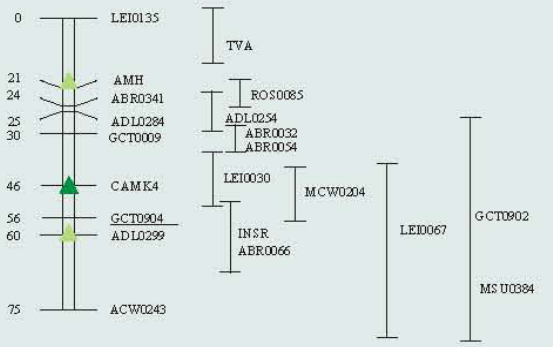
Chromosome 26



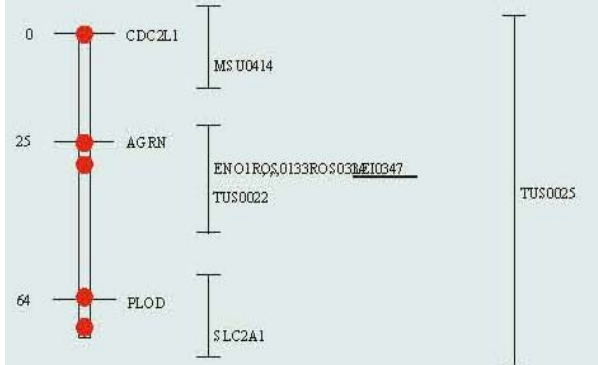
Chromosome 27



Chromosome 28



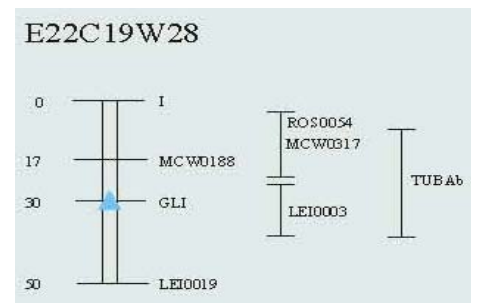
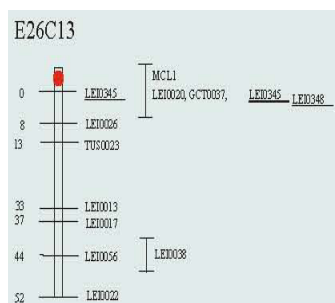
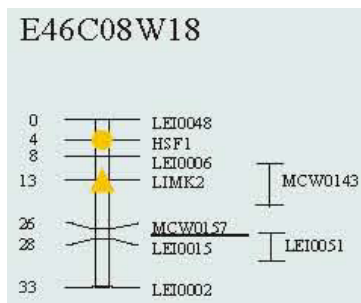
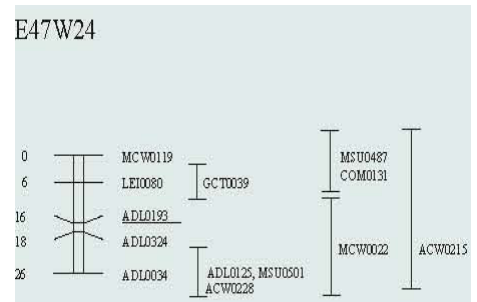
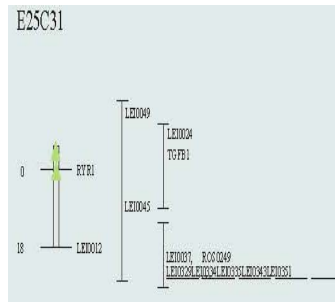
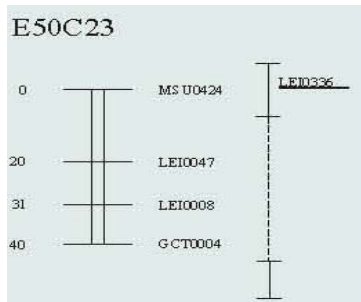
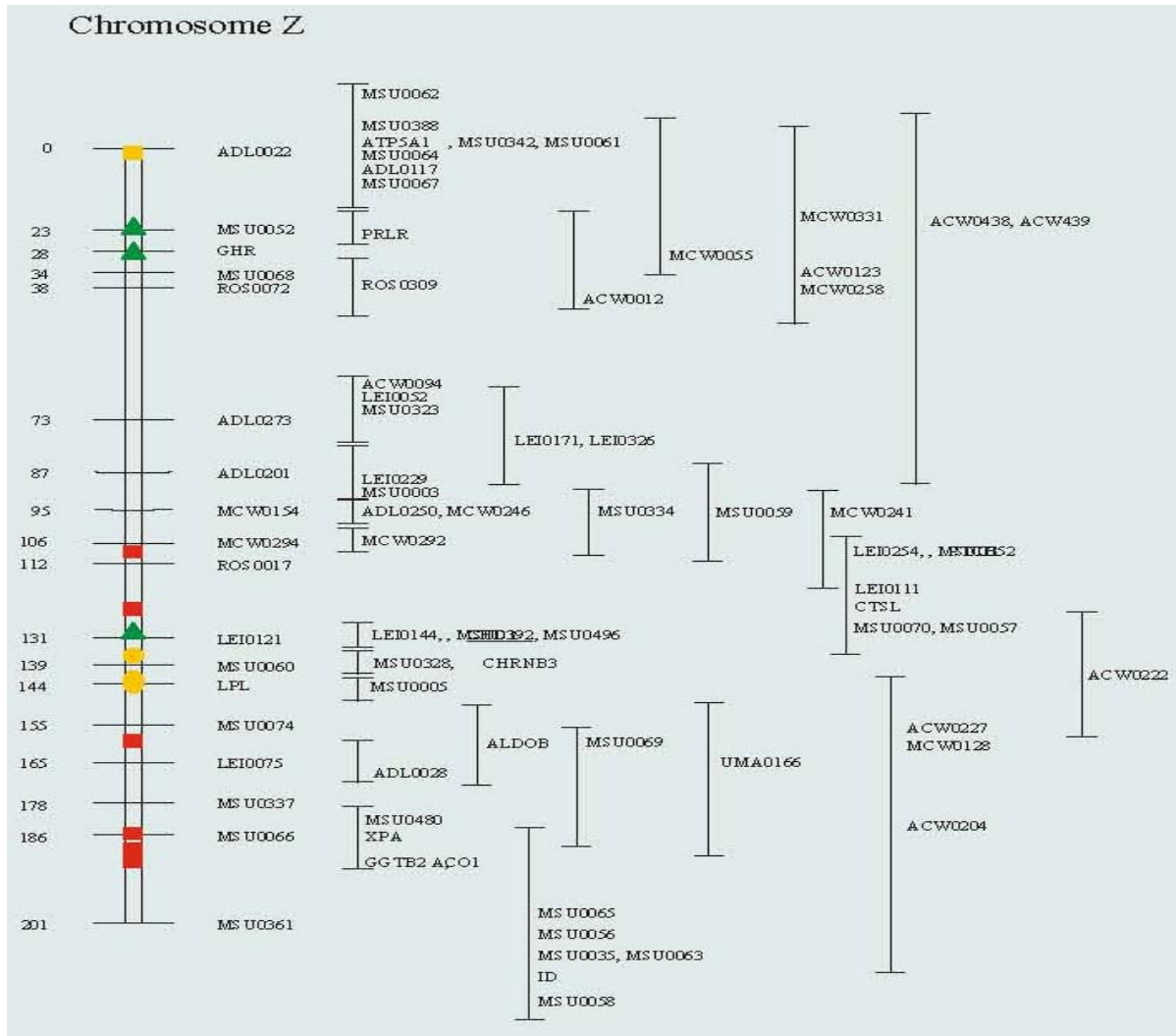
E54



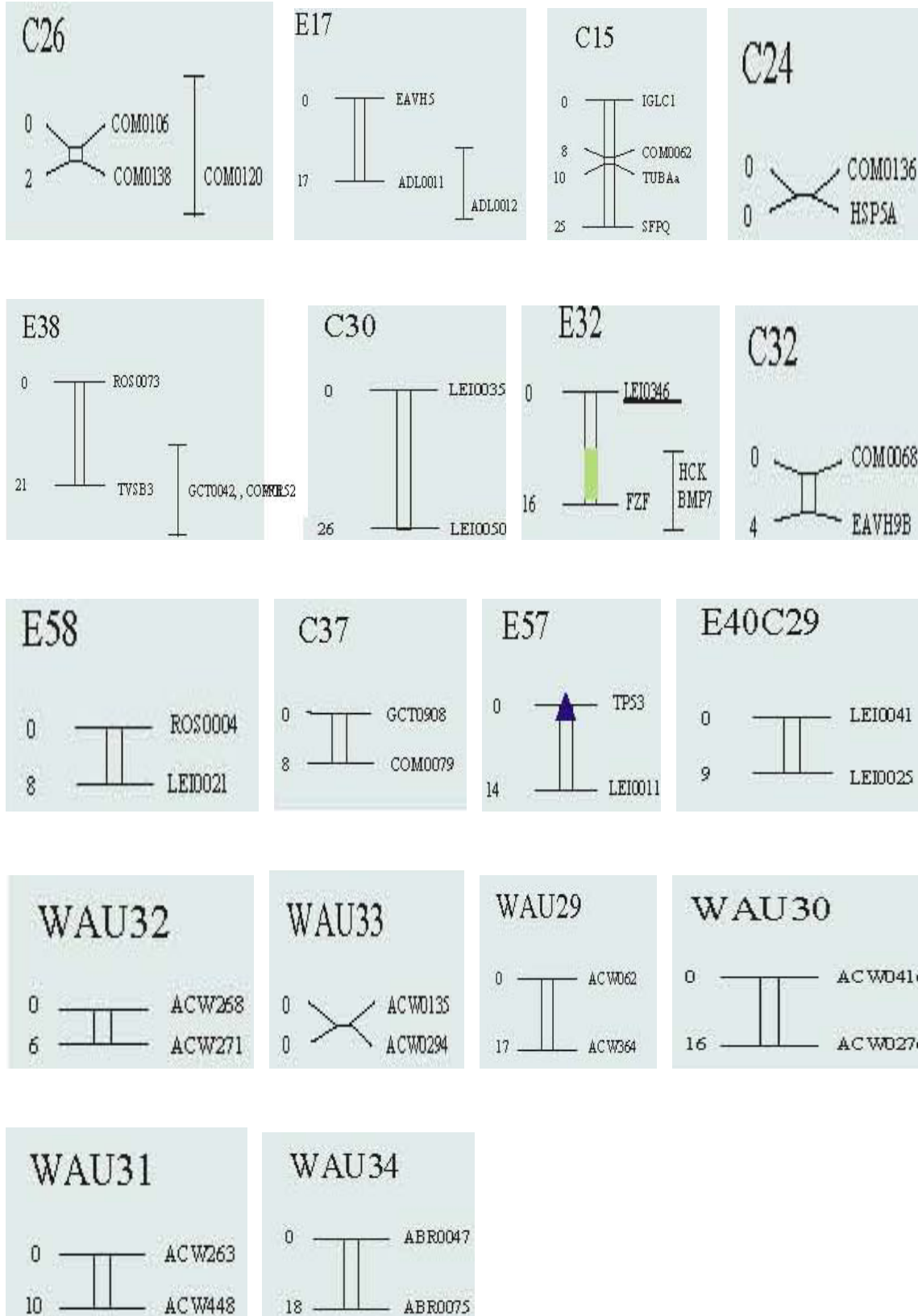
Chromosome W



EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)



EK 2 Groenen *et al.* (2000) tarafından bildirilen ve Uluslararası Tavuk Genom Analizi Birliği tarafından üzerinde anlaşma sağlanan tavuk kromozomları (CCG-MAP) (devam)



ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Muhammet KAYA
Doğum Tarihi ve Yeri : 09 / 05 / 1972 Osmancık
Medeni Hali : Evli
Yabancı Dil : İngilizce (KPDS C – 75)

EĞİTİM DURUMU

Lise : Samsun Veteriner Sağlık Meslek Lisesi 1987-1990)
Lisans : 19 Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, (1995-1999)
Zootečni Bölümü
Yüksek Lisans : 19 Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri (1999-2003)
Enstitüsü, Zootečni ABD.

GÖREV YAPTIĞI KURUMLAR

KURUM	UNVAN	GÖREV DÖNEMİ
Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü	Zir. Müh.	2000 – devam ediyor
Michigan State Uni. Michigan, ABD	Konuk Araştırmacı	Aralık 2006– Haziran 2007
Kobe Üni., Kobe, Japonya	JICA Kursiyeri	Mart 2002- Ağustos 2002
Samsun Tarım İl Müdürlüğü	Vet. Sağ. Tek	1997-2000
Bitlis Tarım İl Müdürlüğü	Vet. Sağ. Tek	1990-1997

PROJELER

Destekleyen Kuruluş	Proje Adı ve Kodu	Yılı
TÜBİTAK	Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsünde Geliştirilen Yumurtacı Hatların Islahı, Çeşitli Verim Özelliklerinin Tespiti ve Türkiye Tavukçuluğuna Entegrasyonu (106G032) Yardımcı Araştırmacı	2006- 2010
TÜBİTAK	Denizli ve Gerze Tavuk Populasyonlarındaki Genetik Çeşitliliğin Bazı Mikrosatelit Markörler Kullanılarak Belirlenmesi (TOVAG-105O446). Yardımcı Araştırmacı	01/05/2006- 01/11/2007
Tarım ve Köyişleri Bakanlığı TAGEM	Çeşitli Tavuk Hatlarında PCR İle Genotipik Tanımlama, TAGEM-HAYSÜD-01.13.03.30 Yürütücü	Kasım/2001 Mayıs/2004
Tarım ve Köyişleri Bakanlığı TAGEM	Yumurtacı Ebeveynlerin Rasyonlarına Değişik Düzeylerde Çinko İlavesinin Bazı Verim Özellikleri Ve Kuluçka Sonuçlarına Etkisi (TAGEM-HAYSÜD-00-13-03-27) Yardımcı Araştırmacı	Mayıs 2001- Şubat 2003

FAALİYETLER, KURSLAR VE ÖDÜLLER

04/08/2008 TÜBİTAK Bilimsel yayın teşviği.

05-08 Eylül 2007, 5. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, Van. Sözlü Bildiri Sunumu.

Aralık/2006-Haziran/2007, Michigan State Uni. Michigan, ABD Genetik Mühendisliği Çalışmaları, Konuk Araştırmacı.

Mart-Ağustos 2002, Kobe Üni. Zootečni Bölümü Genetik Laboratuvarı Japonya, 'Biyoteknolojinin Tarımda Uygulanması' konulu kurs.

2000-2001, İngilizce Dil Kursu (Devlet Lisan Okulu)

Haziran 2000, DNA-FISH Tekniğinin Uygulanması O.M.Ü. Samsun Genetik Grubu, Samsun, Moleküler teknikler ile ilgili kurs

Mayıs 2000, Moleküler Biyoloji/Mutagenез/Genom TÜBİTAK Marmara Araştırma Merkezi, Gebze/Türkiye. Moleküler teknikler ile ilgili kurs.

YAYINLAR

ULUSLARARASI

- M. Kaya** and Yıldız, M.A. 2008. Genetic Diversity among Turkish Native Chickens, Denizli and Gerze Estimated by Microsatellite Markers. *Biochemical Genetics*, 46:480–491
- Okumus, A. and **Kaya, M.** 2005. Genetic similarity by RAPD between pure lines of chickens. *Jour. Biological Sci.*, 5 (4).
- Durmuş, İ., Ataşoğlu, C., Mızrak, C., Ertaş, S. and **Kaya, M.** 2004. Effect Increasing Zinc Concentration in the Diets of Brown Parent Stock Layers on Various Production and Hatchability Traits. *Archives of Animal Breeding (Archiv für Tierzucht)*, Volume; 47, Number; 5, 483-489.

ULUSAL

- Mızrak, C., Durmuş, İ., Ertaş, S. ve **Kaya, M.** 2004. Yumurtacı ebeveynlerin rasyonlarına değişik düzeylerde çinko ilavesinin yumurtanın iç kalite özellikleri üzerine etkisi. *Tav. Arş. Der.* 5;1, 16-19
- Durmuş, İ., Mızrak, C., Ertaş, S. ve **Kaya, M.** 2004. Rasyon çinko seviyesinin damızlık horozların testis ağırlığı ve spermatozoa sayısı üzerine etkisi. *Tav. Arş. Der.* 5;1, 20-24
- Okumus, A., **Kaya, M.** ve Önder, H. 2000. *Lolium, Festuca, Secale, Nicotiana ve Triticum* cinslerinde mayotik kromozom eşlenme modelleri üzerine bir araştırma. *O.M.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*. Vol 15 (1).

BİLDİRİLER

- M. Kaya**, Özdil, F., Meydan, H., Gedik, Y. ve Yıldız, M.A. 2007. Denizli ve Gerze Tavuk Irklarındaki Genetik Varyasyonun Mikrosatelit DNA Yöntemi Kullanılarak Belirlenmesi. 5. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi. Yüzüncü Yıl Üniversitesi. 5-8 Eylül. Van, Türkiye

POSTERLER

- Kaya, M.** and Okumus, A. 2003. Genetic similarity by PCR-RAPD between pure lines of chickens. 3rd European Poultry Genetics Symposium, 17-19 September 2003 Netherlands.