

TC
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

KARAYAKA VE BAFRA KOYUNLARINDA SÜT VERİMİ İLE İLİŞKİLİ
BAZI MİKROSATELLİT LOKUSLARIN ARAŞTIRILMASI

Merve BUDAK

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

SAMSUN

2018

Her hakkı saklıdır.

TEZ ONAYI

Merve BUDAK tarafından hazırlanan “**Karayaka ve Bafra Koyunlarında Süt Verimi ile İlişkili Bazı Mikrosatellit Lokusların Araştırılması**” adlı tez çalışması .../.../2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı’nda **Yüksek Lisans Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman Doç. Dr. Levent MERCAN
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri

Başkan Prof. Dr. Mehmet Akif ÇAM
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Zootečni Anabilim Dalı

Üye Doç. Dr. Levent MERCAN
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Üye Dr. Öğr. Üyesi Ertuğrul KUL
Ahi Evran Üniversitesi
Zootečni Anabilim Dalı

Yukarıdaki sonucu onaylarım. .../.../.....

Prof. Dr. Bahtiyar ÖZTÜRK
Enstitü Müdürü

ETİK BEYAN

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

.../.../.....

Merve BUDAK

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

KARAYAKA VE BAFRA KOYUNLARINDA SÜT VERİMİ İLE İLİŞKİLİ BAZI MİKROSATELLİT LOKUSLARIN ARAŞTIRILMASI

Merve BUDAK

Ondokuz Mayıs Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Levent MERCAN

Küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin bir dalı olan koyun yetiştiriciliği uzun yıllardır yapılmakta ve ülkemiz ekonomisine büyük oranlarda katkı sağlamaktadır. Bu çalışmada Karayaka ve Bafra koyunlarında süt verimi ile ilişkili olduğu bildirilen bazı mikrosatellit lokusların allelik varyasyonlarının karşılaştırmalı olarak incelenmesi amaçlanmıştır. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Tarımsal Araştırma ve Uygulama Merkezinde bulunan 2 farklı popülasyondan seçilen toplam 56 koyuna ait koyunlardan alınan kan örnekleri DNA izolasyonu için kullanılmıştır. Popülasyonların süt verimleri bakımından allelik varyasyonları BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, MCM214 ve JMP12 mikrosatellit lokuslarında incelenmiştir. Bu lokusların polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırasıyla; 0.853, 0.927, 0.932, 0.950, 0.929, 0.932, 0.919, 0.934 ve 0.935 olarak bulunmuştur. En çok allel BM4621 (30) en az allel ise BM143 (14) mikrosatellit lokusunda tespit edilmiştir. Çalışılan lokuslarda BM9050, CP125 ve AE101 lokuslarından amplifikasyon alınamamıştır. Elde edilen ilk bulgular çalışılan popülasyonlarda yüksek süt verimi ile ilgili olduğu bildirilen allellerin bulunduğunu ortaya koymuştur. Popülasyondaki allelik zenginliğin yüksek olması süt verimi ile ilişki olan alleller bakımından her iki genotipin de bir örneklikten uzak olduğunu göstermektedir.

Aralık 2018, 110 sayfa

Anahtar kelimeler: Karayaka koyunu, Bafra koyunu, Süt verimi, Mikrosatellit markörler

ABSTRACT

Master's Thesis

INVESTIGATION OF SOME MICROSATELLITE LOCI RELATED TO MILK YIELD IN KARAYAKA AND BAFRA SHEEP

Merve BUDAK

Ondokuz Mayıs University
Institute of Science and Technology
Department of Agricultural Biotechnology
Supervisor: Doç. Dr. Levent MERCAN

Sheep husbandry which is a part of animal husbandry is practiced for many years and is contributed largely to our countries economy. In this study, comparative examination of allelic variations of some microsatellite locuses which were reported that are related with milk production in Karayaka and Bafra sheeps was aimed. Blood samples from total number of 56 sheep from 2 different population which were raised in Ondokuz Mayıs University Agricultural Research and Application Center were used for DNA isolation. Allelic variations in terms of populations milk production were examined in BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, MCM214 and JMP12 microsatellite loci. This loci polymorphism information content (PIC) were found as 0.853, 0.927, 0.932, 0.950, 0.929, 0.932, 0.919, 0.934 and 0.935 respectively. Most allel number were found in BM4621 (30) and least allel number was found in BM143 (14) microsatellite loci. In studied loci, amplification was not obtained from BM9050, CP125 ve AE101 loci. First obtained datas revealed that allels which are reported that related with milk production have present in the populations. High level of allelic diversity in the populations has shown that the populations are far away from uniformity in terms of milk production related allels.

December 2018, 110 pages

Keywords: Karayaka sheep, Bafra sheep, Milk yield, Microsatellite markers

ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR

Bu çalışma, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi olarak gerçekleştirilmiştir.

" Karayaka ve Bafra koyunlarında süt verimi ile ilişkili bazı mikrosatellit lokusların araştırılması" amacıyla gerçekleştirilen çalışmada, bana çalışma fırsatı veren, bilimsel düşünce, bilgi birikimi ve tecrübelerini benden esirgemeyen, öğrenim hayatım boyunca bana emeği geçen, insani ve ahlaki değerleri ile de örnek edindiğim, yanında çalışmaktan onur duyduğum danışman hocam Sayın Doç. Dr. Levent MERCAN başta olmak üzere bu süreçte bizden yardımlarını esirgemeyen Sayın Prof.Dr. Mehmet Akif ÇAM ve Dr. Öğr. Üyesi Ertuğrul KUL hocalarıma sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam boyunca bilgi ve deneyimlerimizi paylaştığımız değerli Arş. Gör. Fatih BİLGİ, Arş. Gör. Zafer SEÇGİN, Doktora Öğr. Emine TOPARSLAN, Yük. Lis. Öğr. Cihat Erdem BÜLBÜL ve Zir.Yük.Müh. Zeynep DEMİRTAŞ'a teşekkürlerimi sunarım. Üniversite yaşamım boyunca yanımda olan dostlarım Elif CAN, Gülben ÖKTEM, Dilan Irmak ASLAN, Büşra COŞĞUN, Eylem TÜRE, Utku ŞAHİN ve Ali AYDIN'a teşekkürlerimi sunarım.

Bugünlere gelmemde en büyük emeğe sahip olan, maddi ve manevi her konuda desteklerini hissettiğim, tüm hayatım boyunca her koşulda yoluma ışık tutup beni aydınlatan kıymetli annem ve babam Fatma-Mürsel BUDAK'a ve sevgili aileme sonsuz minnet ve teşekkürlerimi sunarım.

Aralık 2018, Samsun

Merve BUDAK

İÇİNDEKİLER DİZİNİ

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER DİZİNİ	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL BİLGİLER.....	4
2.1. Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği	4
2.2. Koyunların Evcilleştirilmesi, Taksonomisi ve Kökeni.....	4
2.2.1. Dünyada küçükbaş hayvancılık	6
2.2.2. Türkiye’de küçükbaş hayvancılık	7
2.2.3. Karayaka koyunu	8
2.2.4. Sakız koyunu	8
2.2.5. Bafra koyunu.....	9
2.2.6. Koyunlardan elde edilen bazı verim özellikleri.....	10
2.2.6.1. Et verimi.....	11
2.2.6.2. Süt verimi	11
2.3. Moleküler Markörler	13
2.3.1. Genetik çalışmalarda kullanılan bazı moleküler markörler.....	16
2.3.1.1. Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmleri (RFLP)	16
2.3.1.2. Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD)	17
2.3.1.3. Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP)	17
2.3.1.4. Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP).....	18
2.3.1.5. Tek zincir konformasyon polimorfizmleri (SSCP)	19
2.3.2. Polimeraz zincir reaksiyonu	19
2.3.3. Mikrosatellit markörler.....	20
3. MEVCUT ÇALIŞMALAR	24
4. MATERYAL VE YÖNTEM.....	33
4.1. Materyal	33
4.1.1. Çalışmada kullanılan cihazlar ve yardımcı malzemeler	33
4.2. Yöntem.....	34
4.2.1. Kan örneklerinin alınması	34
4.2.2. Süt örneklerinin alınması.....	34
4.2.3. Genomik DNA özütleme işlemi.....	34
4.2.4. DNA konsantrasyonu ve saflığın belirlenmesi	37
4.2.5. PCR çoğaltım işlemleri	37
4.2.6. Kullanılan primerlerin seçimi	38
4.2.7. Elektroforetik ayırlama işlemleri	40
4.2.7.1. Agaroz jel elektroforez işlemleri	40
4.2.7.2. TAE (Tris-Asetik Asit-EDTA) çözeltisinin hazırlanması	41
4.2.7.3. Poliakrilamid jel elektroforez işlemleri	41
4.2.7.4. Jellerin görüntülenmesi ve skorlanması.....	45
4.3. Moleküler Verilerin İstatistikî Analizi.....	48
4.3.1. Genetik çeşitlilik parametreleri.....	48

4.3.1.1. Allel sayısı (N_a)	48
4.3.1.2. Heterozigotluk (H).....	48
4.3.1.3. Etkili allel sayısı (N_e).....	49
4.3.1.4. Gen akışı (N_m)	49
4.3.1.5. Shannon bilgi indeksi (I).....	49
4.3.1.6. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri.....	49
4.3.1.7. F istatistiği ve F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} parametreleri.....	50
4.3.1.8. F_{ST} değeri.....	51
4.3.1.9. F_{IS} değeri	52
4.3.1.10. F_{IT} değeri	52
5. BULGULAR.....	53
5.1. Allel Sayısı (N_a)	54
5.2. Etkili Allel Sayısı (N_e).....	55
5.3. Shannon Bilgi İndeksi (I).....	55
5.4. Gözlenen Heterozigotluk (H_o).....	55
5.5. Beklenen Heterozigotluk (H_e).....	56
5.6. Tarafsız Beklenen Heterozigotluk (uH_e)	56
5.7. Fiksasyon İndeksi (F)	56
5.8. Wright'ın F istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}).....	57
5.9. Allel Genişlikleri (AG)	58
5.10. Süt Verimlerinin Değerlendirilmesi	59
6. TARTIŞMA, SONUÇ VE ÖNERİLER.....	62
6.1. Tartışma	62
6.2. Sonuç	67
6.3. Öneriler	78
KAYNAKLAR.....	80
EKLER.....	87
EK 1 BM143 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	88
EK 2 BM4311 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	89
EK 3 MCM53 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	90
EK 4 BM4621 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	91
EK 5 JMP1 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	92
EK 6 ILSTS87 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	93
EK 7 CSRD293 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	94
EK 8 JMP12 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	95
EK 9 MCM214 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ.....	96
ÖZGEÇMİŞ.....	97

SİMGELER VE KISALTMALAR

SİMGELER

μ l	Mikrolitre
g, mg, μ g, kg	Gram, Miligram, Mikrogram, Kilogram
HCl	Hidroklorik Asit
L, ml,	Litre, Mililitre
%	Yüzde
$^{\circ}$ C	Santrigrat Derece
H ₂ O	Su

KISALTMALAR

ABD	Amerika Birleşik Devletleri
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi)
APS	Ammonium Persulfate
bç	Baz çifti
bp	Base Pair (Baz Çifti)
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dNTP	Deoksinükleotid Trifosfat
dk	Dakika
EDTA	Ethylenediamintetra Asetik Asit
EtBr	Etidyum Bromür
F	F istatistikleri
FAO	Gıda ve Tarım Örgütü
F _{IS}	Populasyonların Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapması ya da Wrigth (1978)'ın akrabalı yetiştirme katsayısı
F _{IT}	Toplam populasyonun Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapması
F _{ST}	Populasyonlar arasındaki farklılık
H _e	Beklenen heterozigotluk
H _o	Gözlenen heterozigotluk
I	Bilgi dizini
kb	Kilobaz
M, mM	Molarite, Milimolar
MAS	Markör Destekli Seleksiyon
M.Ö	Milattan Önce
mtDNA	Mitokondriyal DNA
N	Birey Sayısı
Na	Allel Sayısı
Ne	Etkili Allel Sayısı

Ng	Nanogram
Nm	Gen Akışı
Oar6	Koyun Kromozom 6
Ort	Ortalama
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
PIC	Polimorfizm Bilgi İçeriği
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmleri)
rpm	Revolutions per minute
SCS	Somatic Cell Score (Somatik Hücre Sayısı)
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat
SNP	Single-Nucleotide Polymorphism (Tek Nükleotid Polimorfizmleri)
SSCP	Single Strand Conformation Polymorphism (Tek zincir konformasyon Polimorfizmleri)
SSR	Simple Sequence Repeats (Basit Dizi Tekrarları)
STR	Short Tandem Repeats (Ardışık Basit Tekrarlar)
TAE	Tris-Asetat-EDTA Tampon Çözeltisi
TBE	Tris-Borat-EDTA Tampon Çözeltisi
tDNA	Kalıp DNA
TE	Tris-EDTA çözeltisi
TEMED	Tetramethylethylenediamine
Tm	Erime sıcaklığı
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
uHe	Tarafsız beklenen heterozigotluk
UV	Ultraviyole
QTL	Quantitative Trait Locus (Kantitatif Karakter Lokus)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Sığır, koyun ve keçi evcilleşmesinde ana olaylar	5
Şekil 2.2. Sığır, koyun ve keçi mtDNA polimorfizmlerinin filogenetik yakın bağlantı ağaçları gösterilmiştir.....	5
Şekil 2.3. Kıtalar bazında 2000-2016 yılları arasında küçükbaş hayvan dağılımı	7
Şekil 2.4. Karayaka koyun ırkı	8
Şekil 2.5. Sakız koyun ırkı	9
Şekil 2.6. 4 aylık yaşta olan bir Bafra kuzusu	10
Şekil 2.7. DNA'daki SNP'ler	18
Şekil 2.8. PCR'ın işleyiş mekanizması	20
Şekil 2.9. Mikrosatellit DNA görselinin bir örneği	22
Şekil 2.10. Tekrar üniteleri.....	22
Şekil 2.11. Homozigot mikrosatellit örneği	22
Şekil 2.12. Heterozigot mikrosatellit örneği	22
Şekil 4.1. Primer stoklarının hazırlanması aşamasına ait bir görüntü	40
Şekil 4.2. Thermo Scientific GeneRuler 100 bç- 3000 bç standart markör	44
Şekil 4.3. Thermo Scientific GeneRuler 75 bç- 2000 bç standart markör	44
Şekil 4.4. Çalışmada kullanılan standart bant piklerine ait örnek bir grafik ve tanım çizelgesi	45
Şekil 4.5. Belirli bir lokus bakımından homozigot allel yapısına sahip bir örneğe ait grafik görünümü ve skor çizelgesi	46
Şekil 4.6. Heterozigot allel yapısına sahip bir lokusun örnek grafik görünümü ve skor çizelgesi	47
Şekil 6.1. BM143 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	71
Şekil 6.2. BM4311 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	72
Şekil 6.3. MCM53 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	73
Şekil 6.4. BM4621 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	73
Şekil 6.5. JMP1 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	74
Şekil 6.6. ILSTS87 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	75
Şekil 6.7. CSRD293 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	76
Şekil 6.8. JMP12 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	77
Şekil 6.9. MCM214 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması	78

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Her bir genetik markörün avantaj ve dezavantajları	15
Çizelge 2.1. (devam)	16
Çizelge 2.2. DNA markörlerinin karşılaştırılması.....	19
Çizelge 2.3. Mikrosatellit markörlerin avantaj ve dezavantajları.....	23
Çizelge 4.1. Populasyonlar ve populasyonların örnek sayıları	33
Çizelge 4.2. Çalışmanın yürütülmesinde laboratuvarda kullanılan cihazlar ve yapım yerleri	33
Çizelge 4.3. DNA özütleme işleminde kullanılmak üzere hazırlanan tampon çözeltilerin molarite/miktar ve içerikleri.....	36
Çizelge 4.3. (devam)	37
Çizelge 4.4. PCR işleminde kullanılan reaktiflerin yoğunluk ve miktarları.....	38
Çizelge 4.5. Lokuslar için optimize edilen PCR termal döngü programı	38
Çizelge 4.6. Çalışmamızda kullanılan primerlerin adı, ileri-geri dizilişi ve fragment büyüklükleri.....	39
Çizelge 4.7. TAE çözeltisinin hazırlanmasında kullanılan kimyasallar ve miktarları.....	41
Çizelge 4.8. Poliakrilamid jel elektroforezinde kullanılan kimyasal ve çözeltiler.....	42
Çizelge 5.1. Karayaka (Pop1) ve Bafra (Pop2) populasyonlarında her bir mikrosatellit lokus bakımından ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N _a), etkili allel sayısı (N _e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H _o), beklenen heterozigotluk (H _e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH _e), fiksasyon indeksi (F) değerleri ve allel genişlikleri (AG)	53
Çizelge 5.2. Karayaka (Pop1) ve Bafra (Pop2) populasyonlarında tüm mikrosatellit lokuslar bakımından ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N _a), etkili allel sayısı (N _e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H _o), beklenen heterozigotluk (H _e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH _e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri	54
Çizelge 5.3. Karayaka ve Bafra populasyonlarında lokuslar bakımından hesaplanan Wright'ın F istatistikleri.....	57
Çizelge 5.4. Karayaka populasyonuna ait her bir örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi.....	59
Çizelge 5.5. Bafra populasyonuna ait her bir örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi	59
Çizelge 5.5. (devam)	60

1. GİRİŞ

Hayvansal üretimde birim başına elde edilen verimi artırmak için yapılan geleneksel ıslah yöntemleri zaman ve iş gücü bakımından oldukça zorlu bir süreçtir. Artan nüfusa paralel olarak et ve süt gibi temel hayvansal ürünlerin artırılmasında geleneksel ıslah yöntemlerine yardımcı olmak üzere yeni biyolojik ve moleküler tekniklerden yararlanma yolları araştırılmaktadır.

Günümüzde endüstri haline gelen hayvancılık, birçok ürünün ham maddesini sağlamasının yanında özellikle sağlıklı beslenmenin yapı taşlarından olan hayvansal proteinlerin başlıca kaynağı durumundadır. Hayvancılık, tarım sektörü içinde önemli bir yere sahiptir. Dünya nüfusunun artmasına bağlı olarak nicelik ve nitelik bakımından besin maddelerine olan talebin giderek artması, yeterli ve dengeli beslenmenin sağlanmasında çiftlik hayvanlarının önemini daha da artırmaktadır. Bu durum türlerin çok sayıda verim yönünde ıslah edilmesini gerektirmektedir. Besin maddelerine olan bu talebin karşılanmasında, hayvan başına elde edilen verimin artırılması büyük önem taşımaktadır (Özdemir ve Doğru, 2007).

Toplam et üretiminin % 7,9'u, süt üretiminin ise % 6,5'i koyundan; toplam et üretiminin % 3,3'ü, süt üretiminin ise % 2,5'i keçiden sağlanmaktadır. Bu oranlar küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin Türkiye ekonomisine sağladığı katkının oldukça önemli olduğunun bir göstergesidir (Anonim, 2018a). Bununla birlikte beslenme gibi ihtiyaçların karşılanmasındaki yeri, istihdama yaptığı katkı, iç ve dış ticaretteki önemi gibi konular göz önüne alındığında koyun ve keçi yetiştiriciliğinin geliştirilmesi gerekmektedir (Kaymakçı ve Engindeniz, 2010).

Küçükbaş hayvan türleri içinde yer alan koyun, Dünya'da bir milyarın üzerinde sayısal varlığı ve 2000'den fazla koyun ırkı ile yetiştirilmekte olup ilk evcilleştirilen türlerden biri olarak bilinmektedir. Uzun yıllardan bu yana insanoğlu için önemli bir üretim unsuru olmakla birlikte bu ırklardan yaklaşık 200 kadarının ekonomik olarak önem taşıdığı bildirilmiştir. Zayıf meralar ile nadas, anız ve bitkisel üretime uygun olmayan alanların değerlendirilmesine katkı sağlamaları, ekonomik açıdan üstün verim özellikleri gibi nedenlerle hayvansal üretimde, dolayısıyla tarımsal üretimde ve ülkelerin ekonomilerinde önemli bir yere sahiptir (Akman vd, 2001).

Bireyler ve populasyonlar üzerinde genetik yapının belirlenmesi, belirlenen bu genetik yapıda gen bölgelerinin yerlerinin tanımlanması ve aynı zamanda diğer genlerle olan etkileşimlerinin belirlenmesi fikri doğrultusunda biyoloji, moleküler biyoloji, genetik ve moleküler genetik alanlarında çalışmalar hız kazanmıştır (Aytekin, 2006).

Genetik farklılıklar DNA düzeyinde yapılan tanımlamalarla sağlıklı bir şekilde ortaya konabilmektedir. Elde edilen genotipler ile fenotipik verilerin ilişkilendirilmesi, verimlerden sorumlu genlerin belirlenmesine ve genotiplerin etki düzeylerinin tanımlanmasına, dolayısıyla da bu bilgilerin ıslah programlarında kullanılabilmesine olanak tanımaktadır. Son yıllarda çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğin ortaya konması ve verimlerin artırılmasını amaçlayan birçok çalışma yapılmıştır. Çiftlik hayvanlarında kantitatif karakterler olarak tanımlanan verim özelliklerinin genomda bulunan birçok sayıda genin eklemeli etkilerine ve bu genler arasındaki etkileşimlere göre yapılmakta olduğu bildirilmiştir. Ekonomik açıdan önemli olan birçok verimin artırılması amacıyla yapılan ıslah çalışmalarında genlerin toplamı etkilerinin fenotipe dayalı tahminini esas alan programlar geliştirilerek kullanılmıştır. Çalışmalar sonucunda yüksek verime sahip ırklar elde edilmiştir (Ata, 2012).

Çiftlik hayvanlarında verim açısından bakıldığında süt veriminin ekonomik olarak önemli bir özellik olduğu görülmektedir. Ananın süt verimi ile kuzunun süt emme döneminde büyüme ve gelişme göstermesi önemli derecede ilişkili olup, kuzuların daha erken kesim ağırlığına ulaşabilmesinde oldukça etkilidir. Buna bağlı olarak kuzu eti üretiminde ana hattı oluşturmalarında koyunların döl veriminin yanında süt veriminin de yüksek olması istenmektedir (Ünal vd, 2002).

Dünya genelinde ve ülkemizde küçükbaş hayvan yetiştiriciliği geleneksel olarak yapılmakta ve koyun yetiştiriciliği ülke ekonomilerine önemli oranda katkı sağlamaktadır. Gerek koyun ırklarının yetiştirildiği bölgeler gerekse verim özellikleri üzerine yapılan birçok çalışma mevcuttur. Ancak önemli bir verim özelliği olan süt veriminde etkili olduğu bilinen BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, MCM214, JMP12 mikrosatellit lokusları ile ilgili yapılan çalışmalar geri planda kalmıştır. Çalışmada kullanılan Karayaka ırkı ülkemizin en önemli genetik kaynaklarından biridir. Karayaka ve Bafra genotipleri ile ilgili olarak çok sayıda çalışma bulunmaktadır. Ancak bu

genotipler ile st veriminde etkili olduėu bildirilen bu mikrosatellit lokusları ile ilgili mevcut alıřma bulunmamaktadır. Bu alıřmada Bafra koyunun st verimi karakteri bakımından molekler ve morfolojik olarak Karayaka koyunu ile ilk kez karřılařtırmalı olarak incelenmesi ve belirlenen mikrosatellit lokuslarının ierdii allelik varyasyonlar bakımından incelenmesi amalanmıřtır.



2. GENEL BİLGİLER

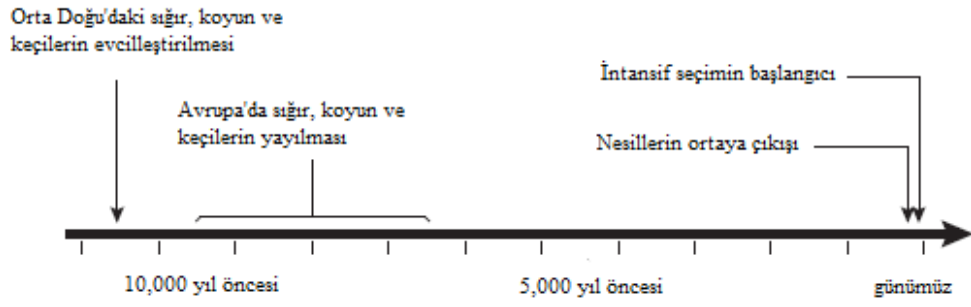
2.1. Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği

Tarımsal faaliyetler içerisinde yer alan hayvancılık sektörü, ekonomik açının yanında sağladığı sosyal ve beslenme koşullarından dolayı Türkiye’de oldukça önemli bir sektördür. Tarım sektörü içerisinde hayvancılığın tarımsal üretim değerinin yaklaşık %25 ve Gayri Safi Millî Hasıla içerisinde %6 gibi bir paya sahiptir (Haynes, 2006a; Semerci ve Çelik, 2016; Anonim, 2018a). Hayvansal üretimin Gayri Safi Millî Hasıla içerisindeki payını artırmak, dengeli beslenen ve sağlıklı nesiller yetiştirmek için, birim hayvan başına elde edilen verimi yükseltebilmek için modern ıslah tekniklerinden yararlanmak gerekmektedir.

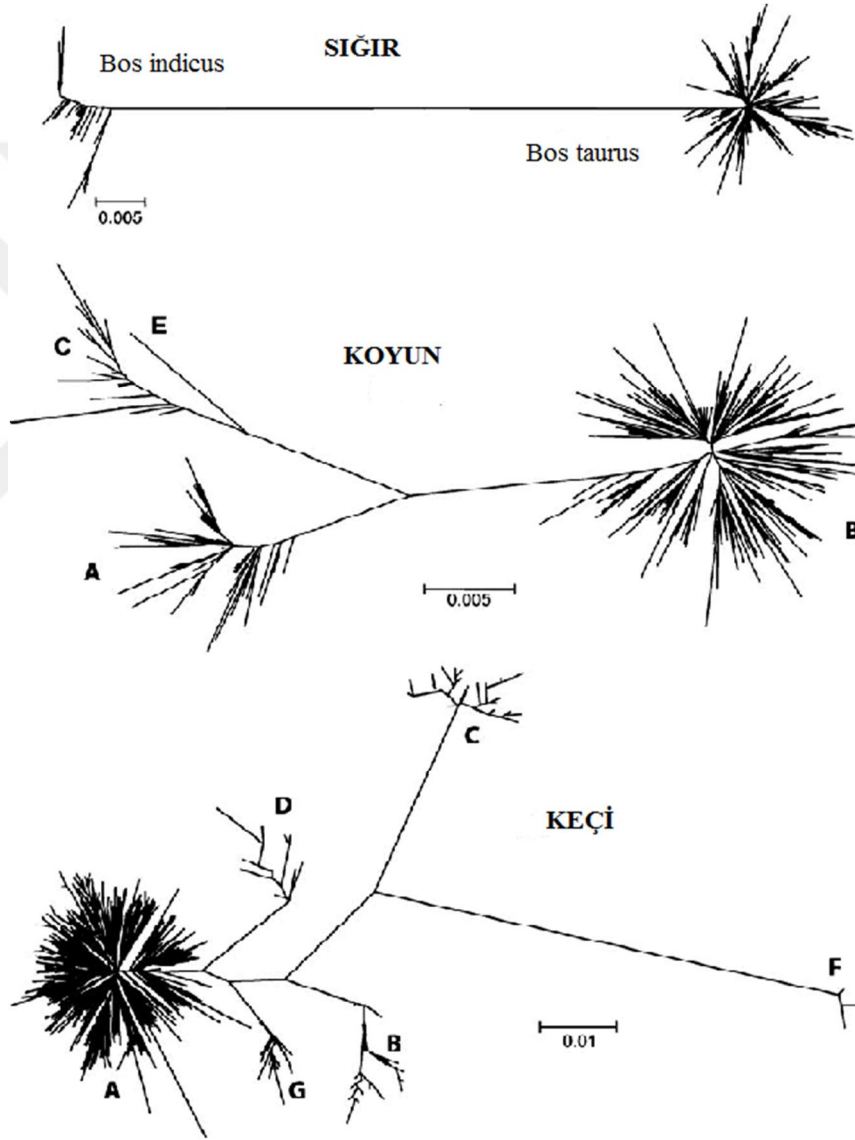
Yeryüzünde insanoğlunun ilk geçim kaynaklarından biri olarak bilinen küçükbaş hayvan yetiştiriciliği tarım sektörünün alt dallarından birini oluşturmaktadır. Küçükbaş hayvan yetiştiriciliği, kullanım açısından zayıf meralar, nadas, anız ve bitkisel üretimde yüksek verimler alınamayan alanların değerlendirilmesine yardımcı olan bir üretim sektörüdür. Değerlendirilen bu alanlardan et, süt, yapağı, kıl ve deri gibi ürünler elde edilerek üretime ve doğrudan ülke ekonomisine katkı sağlamaktadır (Mete, 2016).

2.2. Koyunların Evcilleştirilmesi, Taksonomisi ve Kökeni

Dünyada koyun ve keçilerin M.Ö yaklaşık 5.000-9.000 yıl önce evcilleştirildiği ve evcilleştirme ile ilgili verilerin ilk olarak arkeolojik kazı alanlarından toplanan osteometri ve morfometri kanıtlarından elde edildiği bildirilmiştir (Şekil 2.1). Günümüzde bu veriler doğrultusunda hem modern hem de eski örnekler kullanılarak kapsamlı genetik araştırmalarla tamamlanmıştır. Yerli koyunlar için tanımlanan mitokondrial DNA (mtDNA) haplogrup sayılarının yerli koyunları tanımlamak için standart bir kriter kullanılmadığından dolayı değişmekte olduğu bildirilmiştir. Bununla birlikte araştırmacılar 3 ana haplogrup olduğunu belirtmişlerdir (Şekil 2.2) (Pedrosa vd, 2005; Meadows vd, 2007; Taberlet vd, 2011).



Şekil 2.1. Sığır, koyun ve keçi evcilleşmesinde ana olaylar (Taberlet vd, 2011)



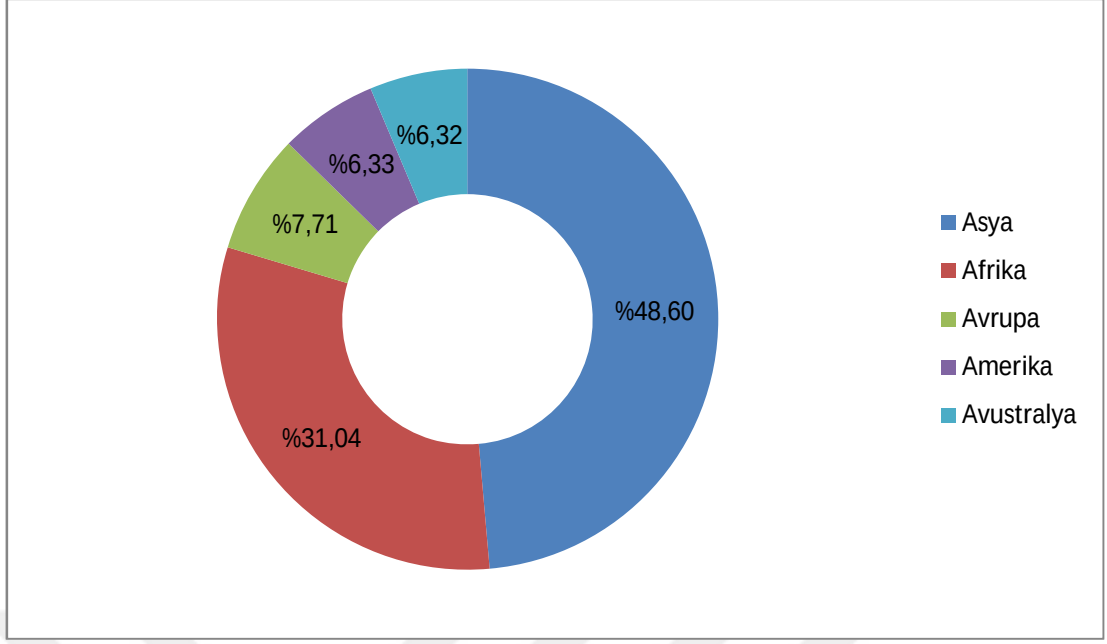
Şekil 2.2. Sığır, koyun ve keçi mtDNA polimorfizmlerinin filogenetik yakın bağlantı ağaçları gösterilmiştir (Taberlet vd, 2011)

Evcilleştirme ile seleksiyon, mutasyon ve göç gibi genetik mekanizmaların bazıları insanların yönlendirmesiyle hızlı bir şekilde gerçekleşmiş ve insanların kullanımına uygun populasyonlar elde edilmiştir. Hayvanların morfolojik ve fizyolojik özelliklerinde meydana gelen değişikliklerin büyük ölçüde bu özelliklerden dolayı daha önceden sahip oldukları varyasyonun bir sonucu olduğu bildirilmiştir. Rastlantısal olaylar ve çevre değişiklikleri genetik farklılıklara sebep olmuş ve farklı bireylerin sayısı artmıştır. İnsanlar ise bu varyasyonlardan faydalanarak ekonomik açıdan önemli bireyleri seçip bunları damızlıkta kullanmıştır. Bu şekilde yabani koyunlarla kıyaslandığında oldukça farklılık gösteren evcil koyun ırkları ortaya çıkmıştır. Evcilleştirme ile doğal seleksiyonun etkisi azalmış, farklı evcil koyun ırkları arasındaki ilişkiler artmış, bunun sonucunda da değişik ırklar meydana gelmiştir. Evcilleştirme ile birlikte evcil koyun ve yabani koyun arasında kemik ve boynuz yapıları, yapağı özellikleri ve davranışlarında farklılıklar belirmiştir (Maijala, 1997).

2.2.1. Dünyada küçükbaş hayvancılık

İstatistiki veriler Dünya'daki koyun varlığının 1 milyarın üzerinde olduğunu ve keçi varlığının bu sayının yaklaşık olarak yarısına ulaştığını göstermektedir. Dünya'da küçükbaş hayvancılığa göz atıldığında yapılan araştırmalar koyun ve keçi sayısının son 25 yılda dengeli bir şekilde arttığını ortaya koymuştur. Gelişmekte olan ülkeler ile gelişmiş ülkeler küçükbaş hayvancılık sektörü açısından karşılaştırıldığında bu artışın gelişmekte olan ülkelere daha fazla olduğu gözlemlenmiştir. Bu durumun sebebinin ise küçükbaş hayvanların hayatta kalma yeteneklerinin yüksek olması ve zor şartlarda düşük maliyetle beslenebilmeleri olduğu bildirilmiştir (Görür vd, 2012).

Ülkeler bazında küçükbaş hayvan sayısı bakımından toplamda 311 milyon adet hayvan varlığı ile Çin dünyada ilk sırada yer almaktadır. Koyun varlığı; 2010-2016 yıllarının verileri doğrultusunda karşılaştırıldığında Çin, Hollanda ve Kanada gibi ülkelere artış; Hindistan, Avustralya ve Almanya gibi ülkelere azalış gözlemlenmiştir (Anonim, 2016). 2000-2016 yılları arasında kıtalar bazında küçükbaş hayvan dağılımı Şekil 2.3'de gösterilmiştir.



Şekil 2.3. Kıtalar bazında 2000-2016 yılları arasında küçükbaş hayvan dağılımı (Anonim, 2016)

2.2.2. Türkiye’de küçükbaş hayvancılık

Maliyet bakımından ucuz aynı zamanda kaliteli bir hayvancılık için coğrafik yapı ve mera olmak üzere iki önemli kriter bulunmaktadır. Bu kriterler göz önünde bulundurulduğunda Türkiye hayvancılık için oldukça önemli güce sahip bir konumdadır. Büyükbaş hayvancılık sektörü ile kıyaslandığında meraların düşük verimli olması bu gücün başlıca sebeplerinden biridir. Bu doğrultuda Türkiye koyun ve keçi yetiştiriciliğinin yapılması bakımından elverişli bir ülkedir (Görür vd, 2012).

Yakın tarihte Türkiye koyun varlığı bakımından incelendiğinde 2000-2010 yılları arasında azalış gösterdiği bildirilmiştir. Aynı zamanda bu azalışın doğrudan küçükbaş et ve süt üretimini de olumsuz olarak etkilediği görülmüştür. Ancak 2010-2016 yılları incelendiğinde ıslah üzerine yapılan çalışmaların artması ve imkânların iyileştirilmesi gibi sebeplerden dolayı bu düşüşün istikrarlı bir şekilde arttığı görülmektedir (Anonim, 2016). Türkiye’de 2017 yılı için küçükbaş hayvancılığın sayısal dağılımı incelendiğinde Konya ilinin ilk sırada yer aldığı, bu ili sırası ile Van, Balıkesir, Ağrı ve Şanlıurfa illerinin izlediği gözlemlenmektedir (Semerci ve Çelik, 2016; Anonim, 2018a).

2.2.3. Karayaka koyunu

Karayaka koyun ırkının genel yetiştiriciliği Karadeniz kıyı bölgesi boyunca özellikle Orta Karadeniz'in iç kesimlerinde (Samsun, Ordu, Giresun, Tokat, Amasya, Trabzon ve Sinop) yapılmaktadır. Karayaka koyun ırkının toplam koyun popülasyonu içerisinde yaklaşık %4,0'lük bir paya sahip olduğu bildirilmiştir. Et kalitesi bakımından önemli bir ırktır ve yetiştiriciliği et kalitesi bakımından tercih edilmektedir. Yağsız, uzun kuyruklu bir ırktır. Karayaka ırkının yürüme ve tırmanma kabiliyeti Karadeniz Bölgesi'nin engebesine adapte olmuştur. Dolayısıyla yüksek ve engebeli meralardan faydalanabilmektedir. Bu koşullarda iyi derecede büyüme ve besi performansı göstermektedir (Ertuğrul vd, 2009; Kırıkçı, 2017).

Yapağı rengi beyaz olup, baş, kulak ve bacaklarda siyah lekeler bulunmaktadır. Morfolojik bakımdan Karagöz ve Çakrak olmak üzere iki tipi bulunmaktadır (Şekil 2.4). Ortalama laktasyon süt verimi 40-45 kg olarak belirtilmiştir (Soysal, 2004; Haynes, 2006b; Kırıkçı, 2017).



Şekil 2.4. Karayaka koyun ırkı (Anonim, 2018c)

2.2.4. Sakız koyunu

Sakız ırkının saf örneklerine daha çok İzmir-Çeşme civarlarında ve aile işletmelerinde rastlanmaktadır. Genel yetiştiriciliği İstanbul'dan başlayıp Antalya'ya kadar tüm sahil şeridi boyunca yayılmıştır. Sakız ırkının adaptasyon ile sürü oluşturma kabiliyeti zayıftır. Süt verimi yüksek olan bir ırk olarak bilinmektedir (Yakan, 2008).

Sakız ırkının morfolojik özellikleri incelendiğinde yapağı renginin beyaz olduğu, ağız ve gözler etrafında, kulaklar ve ayaklar üzerinde siyah lekeler bulunduğu görülmektedir (Şekil 2.5). Ortalama laktasyon süt verimi 120-180 kg olarak belirtilmiştir (Soysal, 2004; Haynes, 2006b; Ertuğrul vd, 2009).



Şekil 2.5. Sakız koyun ırkı (Anonim, 2018d)

2.2.5. Bafra koyunu

Bafra koyunu (Sakız x Karayaka G_1), Karadeniz bölgesi yetiştirilme şartlarına uygun et kalitesi yüksek Karayaka koyun ırkı ile süt verimi yüksek Sakız koyun ırkının Bafra-Karaköy tarım işletmesinde başlatılan melezleme çalışmaları ile elde edilen bir genotiptir. Melezleme sonucuna göre %75 Sakız ırkı %25 Karayaka ırkıdır (Yakan, 2008).

Genel yetiştiricilik bölgesi Orta ve Batı Karadeniz'dir. Ancak Doğu Anadolu, İç Anadolu, Ege ve Akdeniz bölgelerine bakıldığında küçük aile işletmelerinde az da olsa yetiştiriciliğinin yapılmakta olduğu görülmektedir. Morfolojik olarak vücudu beyaz yapağı ile örtülüdür. Sakız ırkında olduğu gibi Bafra genotipinde de ağız, göz etrafı ile kulaklarda siyah lekeler rastlanmaktadır (Şekil 2.6). Ortalama laktasyon süt verimi Oksitosin+Makinalı sağım yöntemiyle 150 kg, Makinalı sağım yöntemiyle

ise 111 kg olarak belirtilmiştir. Laktasyon süresi 100-140 gün arasındadır. Bafra genotipi kuzu eti üretimi bakımından saf yetiştirme için önemli potansiyele sahip bir genotiptir. Bu potansiyelin sebeplerinin başında analık içgüdüsünün yüksek olması ve ikiz ve üçüz doğumlarda yavrularını yardımsız büyütebilmesi gelmektedir. Ayrıca döl ve süt veriminin yüksek olması, adaptasyon kabiliyeti gibi özellikler bu potansiyeli artırmaktadır (Ünal vd, 2002; Haynes, 2006b; Ünal vd, 2008; Yakan, 2008).



Şekil 2.6. 4 aylık yaşta olan bir Bafra kuzusu (Işık, 2010)

2.2.6. Koyunlardan elde edilen bazı verim özellikleri

Tabii ve ekonomik koşulları, zirai yapısı ve süregelen yetiştiricilik düzeni göz önüne alındığında Türkiye koyun ve keçi yetiştiriciliğinin yaygın olarak yapılmasına yüksek düzeyde uygun koşullar sağlamaktadır (Kaymakçı ve Engindeniz, 2010). Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan koyunların cüsseleri genellikle ufak, yapağları kaba-karışık ve verimleri genellikle düşüktür. Bununla birlikte yetiştiriciliğinin yapıldığı bölgelerin koşullarına iyi adapte oldukları bildirilmiştir (Kayalık ve Bingöl, 2015). Küçükbaş hayvancılıktan elde edilen kâr ve verimliliğin artırılması için yapılması gereken küçükbaş populasyonlarındaki et, süt ve yapağı verimini artırmaktır. Et, süt ve yapağı gibi verimler dünya genelinde ve özellikle ülkemizde önemli pazar potansiyeline sahip verimlerdir (Olfaz, 2004).

2.2.6.1. Et verimi

Tüm ülkelerde olduğu gibi ülkemizde de hayvan yetiştiriciliğinden elde edilen ürünler içerisinde et üretimine öncelik verilmiş ve koyun yetiştiriciliği ile koyunlardan elde edilen ürünler ekonomik açıdan oldukça önemli bulunmuştur. Bu duruma bağlı olarak hayvansal besin gereksinimlerinin giderilmesinde koyunun önemli bir paya sahip olduğu görülmektedir. Ülkemizde sosyoekonomik yapıdaki değişmeler, kültürel gelişmeler ve nüfus artışı gibi sebeplerden dolayı hayvansal proteine ve böylelikle et tüketimine yönelim fazlaşmıştır. Et tüketiminde fazlaşan bu yönelimden dolayı yapılan melezleme çalışmalarında öncelikli olarak et verimi üzerinde durulduğu bildirilmiştir (Esen ve Özbey, 2001; İnce ve Ayhan, 2008; Öztürk ve Odabaşıoğlu, 2011).

Ülkemizde yıllık toplam et üretiminin %7,9'unun koyun yetiştiriciliğinden sağlandığı göz önüne alındığında genetik yapı ve çevre şartlarının iyileştirilmesi ile bu miktarın artırılmasının mümkün olabileceği bildirilmiştir (Altın vd, 2005; Anonim, 2018a). Karkas ağırlığı ve karkas kalitesi gibi faktörlerin et üretim miktarı ile et kalitesinin belirlenmesinde etkili olduğu bildirilmiştir. Bununla birlikte genotip, cinsiyet, kesim yaşı, kesim şekli ve beslenme gibi faktörlerin de karkas ağırlığı ile karkas kalitesinin belirlenmesinde oldukça etkili oldukları bilinmektedir (Esen ve Özbey, 2001).

2.2.6.2. Süt verimi

Koyun yetiştiriciliği faaliyetlerinden sağlanan gelirler içerisinde et üretiminden sonra süt üretimi gelmektedir. Koyun sütü birçok değerli besinin hammaddesi olmasından dolayı bu alanda yetiştiricilikle uğraşanlar için kıymetli bir gelir kaynağı olarak görülmektedir. Bu nedenle süt miktarını ve kalitesini azaltan faktörler, çiftçiler için yüksek ekonomik kayıplara neden olabilmektedir (Leitner vd, 2008).

Küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinde koyun sütü ülkemizde 1.288.041 ton üretim ve %6.5'luk bir pay ile dünyada önemli bir yere sahiptir. Koyun sütünden elde edilen gelirler ırkların sahip olduğu verime göre değişmekle birlikte aile ihtiyaçlarının karşılanması, yüksek fiyatlar kullanılarak mandıra ile fabrikalara satılması gibi çeşitli şekillerde değerlendirilmektedir (Altın, 2001). Süt koyunlarında süt üretim özelliklerinin iyileştirilmesi, endüstrinin rekabet gücünü artırmak amacıyla önemlidir

(Gutiérrez-Gil vd, 2009). Yağ ve kuru madde miktarları koyun sütlerinde yüksek oranlarda bulunmaktadır. Hâlihazırdaki piyasa koşullarında yüksek fiyatlarla satılan yoğurt ve peynirlerin yapımında kullanılması gibi birçok sebepten dolayı bu sütler tüketici ve yetiştiriciler bazında büyük öneme sahiptir (Karaca vd, 2003; Gutiérrez-Gil vd, 2009).

Koyunlarda süt veriminin belirlenmesi amacıyla bu alanda yetiştiricilik yapan işletmelerde süt verim kontrolleri yapılmaktadır. Bu kontroller süt üretiminin miktar ve kalitesi hakkında güncel ve doğru bilgilerin elde edilmesine olanak sağlamaktadır. Kontrollerden elde edilecek laktasyon süt verimlerinin belirlenmesi damızlık seçiminin daha doğru ve güvenilir yapılmasına olanak sağlamak ve bu durum süt veriminin ıslahına kolaylık tanımaktadır (Yakan, 2012). Koyun populasyonlarının gerçek verim kabiliyetlerinin belirlenmesinde, sütün miktar ve bileşimini etkileyen faktörler ile genetik çeşitlilik ile ilgili bilgilerin elde edilmesinin yanı sıra yaş ve bakım-besleme gibi faktörlerin de değerlendirmesi gerekmektedir (Karaca vd, 2003).

Yapılan bir çalışmada koyunların süt veriminin vücut kondüsyonuna göre değiştiği bildirilmiştir. Bu bağlamda vücut kondüsyonu iyi ve zayıf olan bireyler arasında karşılaştırılma yapılmış ve iyi olanların zayıf olanlara göre daha iyi laktasyon süt verimine sahip olduğu sonucuna varılmıştır. Aynı zamanda koyunların beslenme biçimi, kullanılan yemin özelliği, mera otlarının kalitesi, hayvanların tükettiği ot miktarı gibi faktörlerin süt verimine etki ettiği bildirilmiştir (Yardımcı, 2001).

Memeli hayvanlar yavrularının süt ihtiyacını karşılayacak düzeyde süt verimine sahip olmalarına rağmen, yapılan ıslah çalışmaları ile bu düzeyin (koyun türünde 10-15 kat) artırıldığı bildirilmiştir. Laktasyon süresince hayvanlardan elde edilen süt verimleri tür, ırk ve hatta bireye bağlı olarak değişmektedir. Bu durum koyunlarda ırka bağlı olarak bireylerin kendi ırkına mahsus standart bir eğri göstermesi şeklinde gözlemlenmektedir. Bu eğriler normal laktasyon eğrisi olarak adlandırılmaktadır. Koyunlarda normal laktasyon eğrisi doğumdan sonra yükselir ve belirli bir süre bu düzeyde devam eder. Daha sonra yavaş olarak alçalmaya başlar ve en sonunda durur. Kuzuların büyüme ve gelişmelerinin ananın süt verimi ile yakından ilişkili olduğu bildirilmiştir. Canlı ağırlığı yüksek koyunlardan daha yüksek doğum ağırlığına sahip kuzular doğmaktadır. Bunun yanında kuzuların hızlı bir büyüme ve gelişme göstermeleri için koyunların yavrularının beslenmesine yetecek

kadar st verimine sahip olması gereklidir. Koyunların st veriminin dřk olması kuzuların emdięi st miktarını azaltacak ve dolayısıyla kuzuların saęlıklı bir řekilde byme ve geliřmesini etkiyecektir (Mundan, 2003).

2.3. Molekler Markrler

Genomik alıřmaların temelini molekler genetięin geliřmesi oluřturmuřtur. Bu geliřmeyle birlikte iftlik hayvanlarının genetik yapılarının istenilen verim bakımından iyileřtirilmesinde kullanılmak zere yeni nesil molekler markrler ortaya ıkarılmıřtır. Molekler markrler, genetik eřitlilięi ve biyolojik eřitlilięi, yksek doęruluk ve tekrarlanabilirlik dzeyleriyle belirlemek iin kullanılan olduka nemli aralardır (Arif ve Khan, 2009; Raza vd, 2016).

Molekler markrler DNA seviyelerindeki varyasyonları gsteren iřaretilerdir (Pokhriyal vd, 2012). Bir genetik markr, bir kromozom zerinde bilinen bir yere sahip olan ve belirli bir gen veya zellik ile iliřkili olan bir gen veya DNA dizisi olarak tanımlanmaktadır. Aynı zamanda lokuslarda mutasyon veya deęiřiklik nedeniyle ortaya ıkabilen bir varyasyon olarak da tanımlanabilmektedir. Bir genetik markr, tek bir baz ifti deęiřimini evreleyen bir dizi gibi kısa bir DNA dizisi (SNP) olabileceęi gibi minisatellitler ve mikrosatellitler gibi uzun bir dizide olabilmektedir (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

DNA dizi seviyelerinde meydana gelen ok sayıda genetik polimorfizm, fenotipik eřitlilięinin deęerlendirilmesi iin molekler markrler olarak kullanılabilir. Bu markrler alıřmalarda daha doęru genetik bilgi saęlamakta ve hayvan genetik kaynaklarının daha iyi anlařılmasını kolaylařtırmaktadır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015). Genetik alanında yapılan alıřmalarda kullanılan molekler markrlerin eřitlilięin llebilmesi amacıyla polimorfik olması gerekmektedir. Genom boyunca eřit olarak daęılmış olmalı, kolay ve hızlı bir řekilde tespit edilebilmeli ve homozigot ile heterozigotları ayırt edebilmelidir (Pokhriyal vd, 2012).

Genetik alıřmalar, genom analizleri gibi birok molekler alıřmada kullanılan markrler morfolojik, protein ve DNA markrleri olmak zere  ana bařlıkta incelenmektedir. Hayvan yetiřtiricilięinde bir reticinin temel amacı bir sonraki jenerasyon iin ebeveynler olarak stn genetik potansiyeli olan hayvanı

seçmektir. Hayvanları iyileştirmeye yönelik olarak ilk önce, bir hayvanın fenotipi, belirli bir özellik açısından ebeveyn seçimi için bir araç olarak kullanılmıştır. Bu uygulama, morfolojik markörler (meme şekli, vücut rengi, vücut şekli ve anatomik özellikler) olarak adlandırılan markörler ile yapılmıştır. Bu markörler, farklı türlerin veya populasyonların genetik evrimini tanımlamak, sınıflandırmak ve karakterize etmek için görsel gözlemlere ve ölçümlere bağlıdır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

Proteinler gen ifadelerinin ürünleridir. İçerdikleri aminoasit bileşimleri ve moleküler ağırlıkları proteinlerde farklı alleller bulunmasına neden olabilmektedir. Protein markörleri jel elektroforez işlemlerinde kolayca gözlemlenebilmesinden dolayı genetik çalışmalarda genetik markör olarak kullanılabilirler (Özşensoy ve Kurar, 2012). İzoenzimler, aynı enzim aktivitesine sahip olmasına rağmen boyuttaki farklılıklara dayanarak birbirlerinden ayırt edilebildikleri için yararlı moleküler markörlerdir. Ayrıca izoenzimler jel elektroforezinde ayrımlanarak enzim substratı eklenmesi ile kolaylıkla tespit edilebilmektedir. Analizin maliyeti ucuz ve yapması kolaydır. Bu avantajlarının yanı sıra, kromozom üzerinde eşit dağılmamalarından dolayı dezavantaja sahiptirler (Yang vd, 2015).

Günümüzde belirli bir türde farklı bireyler arasındaki dizi farklılıklarının belirlenmesinde sıklıkla DNA markörleri kullanılmaktadır (Yang vd, 2015). Polimorfizm çalışmalarında varyasyonun belirlenmesinde en çok kullanılan markörler DNA markörleridir (Özşensoy ve Kurar, 2012). DNA tabanlı genetik markörlerin gelişimi, genetik çalışmalar üzerinde devrim niteliğinde bir etkiye sahip olmuştur. Bu markörlerin bir gen havuzunda belirli bir DNA dizisi için bir genin farklı genotipleri veya allelleri arasındaki polimorfizmi tespit etmek için kullanılabileceği bildirilmiştir. DNA markörleriyle, tüm genomdaki genetik varyasyonları gözlemlemek ve kullanmak teorik olarak mümkündür (Raza vd, 2016).

Bir populasyonda bireyler arasındaki farklılıklar genellikle kardeş kromozomların anormal eşleşmesi ya da kromozomları yeniden düzenleyen rekombinasyonlardan (örneğin eklemeler, delesyonlar, inversiyonlar, translokasyonlar ya da reduplikasyon) kaynaklanmaktadır. DNA varyantları kullanılarak genetik markörler geliştirmek için DNA hibridizasyonu veya PCR teknikleri sıklıkla kullanılmaktadır. PCR teknolojisinin geliştirilmesinden sonra bir genomun özgün bölgelerinin *in vitro* şartlarda çoğaltılabilmesi ve elektroforez yöntemleri ile görüntülenmesi mümkün hale gelmiş ve PCR temelli DNA

markörlerinin kullanımı artmıştır. Kolay ve polimorfik olmaları, düşük miktarda DNA gerektirmeleri PCR temelli DNA markörlerinin kullanımlarında avantaj olarak görülmüştür. Bunlar arasında minisatellitler, mikrosatellitler, RFLP, RAPD, EST, STS, SSCP, AFLP, STR ve SNP genetik çalışmalarda daha yaygın olarak kullanılmaktadır. DNA hibridizasyonunda, hedef DNA ile homolog olan kısa bir DNA fragmenti bir prob olarak kullanılır. Prob bir radyoizotop ile etiketlenir ve analiz edilen DNA ile hibridize edilir. DNA varyasyonları, hedef-prob hibridizasyonuna veya hibridize DNA fragmentinin büyüklüğüne bağlı olarak tespit edilebilir. RFLP buna bir örnek olarak gösterilebilir (Yang vd, 2015). DNA markörleri bireyler arasındaki evrimsel ilişkileri incelemek için kullanılabilir. DNA markörlerinin uygulanması, genetik çeşitlilik ve akrabalık, ebeveyn tayinleri, türlerin belirlenmesinde hızlı bir şekilde ilerlemelere olanak sağlamıştır (Raza vd, 2016). Çizelge 2.1’de her bir genetik markörün avantaj ve dezavantajları özetlenmiştir.

Çizelge 2.1. Her bir genetik markörün avantaj ve dezavantajları (Yang vd, 2015)

Tip	Avantaj	Dezavantaj	Örnek
• Morfolojik markörler	• Test edilebilirliği kolay • Düşük maliyetli	• Çevresel faktörlere çok fazla bağlı • Kantitatif özellikler için analiz edilmesi zor • Heterozigotluğun belirlenmesi zor • Erişilebilirliği sınırlı	• Renk, şekil, vb.
• Protein markörleri	• Düşük maliyetli • Ko-dominant • Çevresel faktörlere daha az bağlı	• Test edilecek örnekler iyi durumda olmalı • Kararsız materyal (Protein)	• İzoenzimler
• Hibridizasyon temelli DNA markörleri	• Hedefin sekans bilgilerini gerektirmez • Ko-dominant • Çevresel faktörlerden etkilenmez	• Pahalı ve zaman alıcı • İzotoplar kullanılır • Yüksek miktarda yüksek moleküler ağırlıklı DNA gerektirir • Otomatikleştirmek zordur	• RFLP

Çizelge 2.1. (devam)

• PCR temelli DNA markörleri	• Düşük miktarda DNA gerektirir • Test edilebilirliği hızlı ve kolay • Doğruluğu yüksek • Çevresel faktörlerden etkilenmez	• Pahalı ekipman gerektirir • Sekans bilgisi gerektirir	• SSR, AFLP, RAPD, SNP
--	--	---	--

2.3.1. Genetik çalışmalarda kullanılan bazı moleküler markörler

2.3.1.1. Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmleri (RFLP)

Hibridizasyon temelli moleküler markörlerin en klasik olan RFLP'ler birçok DNA markör yöntemlerinin temelini oluşturmaktadır (Yang vd, 2015). RFLP markörleri, adli bilimlerde ve diğer birçok alanda DNA analizi için kullanılan ilk tekniklerden biri olarak bilinmektedir.

RFLP, birbirinden büyüklük bakımından farklılık gösteren restriksiyon parçaları ile ilişkili alternatif allellerin varlığı ile tanımlanmaktadır. RFLP'nin moleküler temeli, genom içerisindeki nükleotid baz değişimlerinin, eklemelerinin, delesyonlarının, duplikasyonlarının ve inversiyonların yeni restriksiyon bölgelerini kaldırabilmesi veya oluşturabilmesi şeklindedir.

Günümüzde daha az kullanılan bir teknik olmasına rağmen, kullanımın yoğun olduğu dönemlerde moleküler genetik çalışmalarına büyük katkı sağladığı bildirilmiştir. RFLP analizinin, herhangi bir hastalığa neden olan belirli bir genin bir kromozom üzerinde nerede bulunduğunu öğrenmek için yararlı olduğu belirtilmektedir. RFLP analizini kullanarak hastalık ya da mutasyona uğramış genin taşıyıcısı için risk altında olabilecek diğer bireylerin belirlenmesi sağlanabilmektedir. Bunun gibi birçok avantajın yanı sıra, bazı yeni DNA analiz tekniklerine kıyasla hala yavaş ve daha büyük örnekler gerektirmesi bu yöntemin dezavantajlarını oluşturmaktadır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

2.3.1.2. Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD)

İlk kez Williams vd (1990) tarafından geliştirilmiş olan RAPD markörleri PCR tabanlı markörlerden biridir. Hedef türün DNA dizi verileri olmaksızın geliştirilebilmektedir. RAPD markörleri yaklaşık 10 bç uzunluğunda rastgele PCR primerleri kullanılarak oluşturulmaktadır. Bireyler arasındaki DNA dizilerinin farklılıkları farklı bant şablonlarına neden olmakta ve böylece agaroz jel üzerinde polimorfizm gözlemlenmektedir (Yang vd, 2015).

RAPD markörlerinin geliştirilmesi ve sonuçlarının analiz edilmesi nispeten kolaydır. Bununla birlikte RAPD markörlerinin deneysel tekrarlanabilirliği reaksiyon koşullarına bağlıdır. Bu durumun sonucu olarak ise kesin genotip analizinin gerçekleştirilmesi zor olmaktadır. Tüm bu dezavantajlarının yanı sıra RAPD markörleri hastalık direnci gibi belirli özelliklerle bağlantılı markörlerin geliştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Yang vd, 2015).

2.3.1.3. Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP)

AFLP markörleri, RAPD markörünün tekrarlanabilirlik sorunlarının çözülmesi amacıyla 1995 yılında Hollandalı bir biyoteknoloji şirketi KeyGene tarafından geliştirilmiştir. AFLP, hem RFLP hem de RAPD'nin avantajlarına sahip bir markördür (Yang vd, 2015).

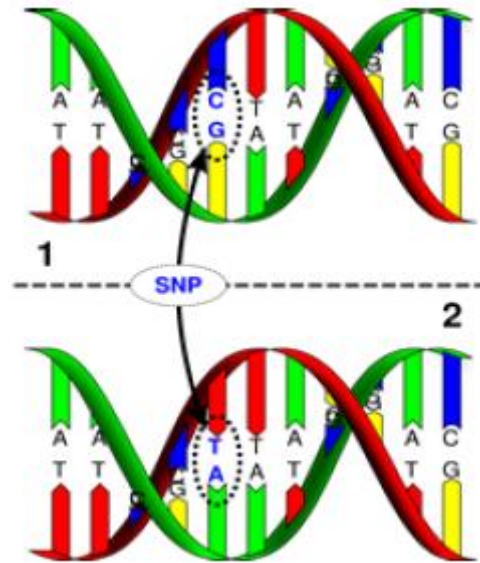
AFLP markörleri, özellikle populasyon yapısı ve farklılaşması araştırmalarında, tür seviyesinin altında genetik varyasyon analizlerinde en geniş uygulama alanına sahiptir. Sistematik, patotipleme, populasyon genetiği, DNA parmak izi ve kantitatif karakter lokusları (QTL) haritalamalarında geniş bir uygulama ile geniş bir yeni tip genetik markör olarak ortaya çıkmıştır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

AFLP tekniği, restriksiyon enzimleri ile kesilmiş genomik DNA parçalarının PCR kullanılarak çoğaltılması esasına dayanmaktadır. İlk olarak DNA iki farklı restriksiyon enzimi ile kesilmektedir. Enzimin yapışkan ucunu tamamlayan küçük çift zincirli oligonükleotid olan bir adaptör, kesilmiş her parçanın ucuna eklenir ve daha sonra, adaptöre bağlı DNA fragmentleri, adaptörleri tamamlayan primerler kullanılarak PCR ile çoğaltılır. Son olarak çoğalan bölgeler poliakrilamid jelde analiz edilir (Yang vd, 2015).

AFLP yöntemleri, DNA'dan yüksek oranda tekrarlanabilir markör üretmektedir; böylece, parmak izi kalitesinin yüksek çözünürlüklü genotiplemesine izin verirler. AFLP'lerin zaman ve maliyet verimliliği, tekrarlanabilirliği ve çözünürlüğü, diğer markörlerden (RAPD, RFLP ve mikrosatellitler) üstün veya yaklaşık olarak onlara benzerdir. AFLP'ler dominant bi-allel markörlerdir ve dominant heterozigot bireylerden dominant homozigot bireyleri ayırt edememektedirler. AFLP yöntemi genetik polimorfizmleri saptamak, hayvan genetik kaynaklarını değerlendirmek ve karakterize etmek için yaygın olarak uygulanmaktadır (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

2.3.1.4. Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP)

1996 yılında Lander, SNP olarak adlandırılan yeni bir moleküler işaretleme teknolojisi önermiştir. Bu öneriye göre genom dizisindeki tek bir nükleotid (A, T, C veya G) değiştirildiğinde, bu SNP'yi temsil etmektedir (Şekil 2.7) (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).



Şekil 2.7. DNA'daki SNP'ler (Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015)

SNP'ler bireyler arasında genomun herhangi bir bölgesindeki tek nükleotid dizilim farklılıklarıdır ve DNA polimorfizmlerinin %80'lik bir kısmını temsil etmektedirler. Genomlardaki SNP'leri tanımlamanın en doğrudan yolu, DNA dizilerini doğrudan karşılaştırmaktır. Günümüzde DNA dizi verilerinin birikimi

sayesinde, mevcut veritabanlarının analiz edilmesi ile SNP markörleri geliştirilebilmektedir (Yang vd, 2015).

SNP'ler genomda yaygın olarak bulunan PCR temelli moleküler markörlerden biridir. Ayrıca intron ve ekzon bölgelerinde, 500-1000 bp aralığında da görülebilmektedir. SNP markörlerin genelde iki alleli bulunmaktadır. Çiftlik hayvanlarında yaygın kullanım alanları genetik çeşitlilik çalışmaları, popülasyon genetiği, kantitatif karakter lokusları (QTL'ler), markör destekli seleksiyon (MAS) çalışmaları ve bununla birlikte akrabalık ilişkilerinin araştırılmasıdır (Özşensoy ve Kurar, 2012). SNP'lerin en önemli dezavantajı çalışmalarda yüksek oranda polimorfik bir mikrosatellite kıyasla daha düşük seviyeli bilgi elde edilmesidir.

2.3.1.5. Tek zincir konformasyon polimorfizmleri (SSCP)

SSCP markörleri bir DNA dizi bölgesindeki (>1000 bp) varyasyonları ve mutasyonları tespit etmek amacı ile kullanılan PCR temelli DNA markörlerinden biridir. SSCP markörlerinde her bir mutasyon için ayrı ortam hazırlanması gerekmektedir. Bu durum yöntemin en büyük dezavantajıdır (Özşensoy ve Kurar, 2012). Çizelge 2.2'de bazı DNA markörlerinin karşılaştırılması verilmiştir.

Çizelge 2.2. DNA markörlerinin karşılaştırılması

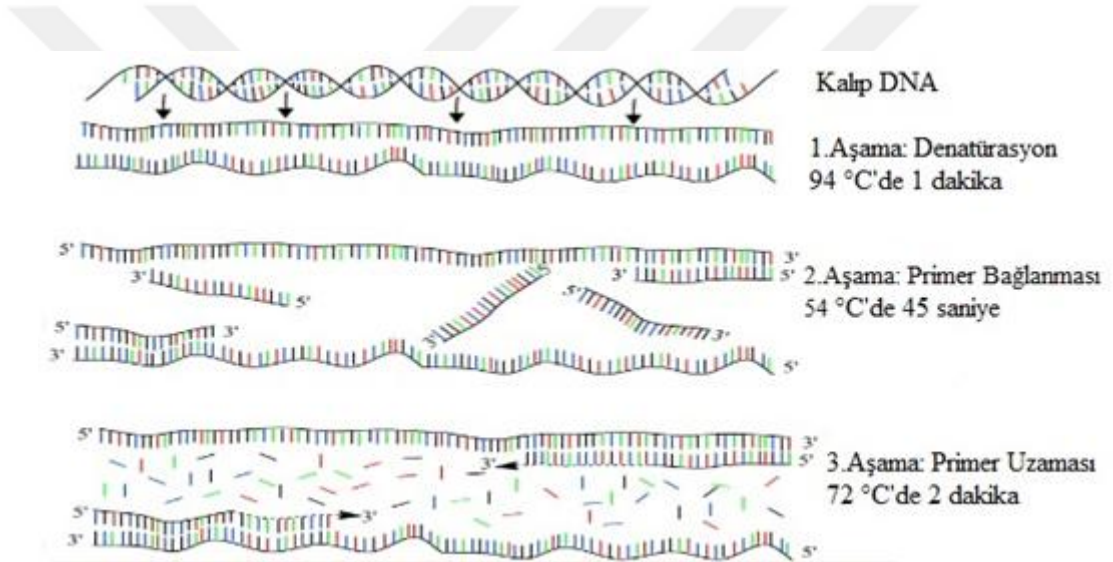
Markör	Tekrarlanabilirlik	Teknik Zorluk	Kalıtsallık	Dizileme Bilgisi
RFLP	Yüksek	Yüksek	Ko-dominant	Gerekli değil
SSR	Yüksek	Orta	Ko-dominant	Gerekli
RAPD	Düşük	Düşük	Dominant	Gerekli değil
AFLP	Yüksek	Orta	Ko-dominant	Gerekli değil
SNP	Yüksek	Yüksek	Ko-dominant	Gerekli

2.3.2. Polimeraz zincir reaksiyonu

İn vitro koşullar altında DNA molekülündeki hedef dizilere iki oligonükleotid primerin bağlanması ve uzaması durumuna dayanan tepkimelere polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) denilmektedir. Yüksek sıcaklık derecelerinde kalıp DNA molekülü denatüre edilir ve daha sonra oligonükleotid primerler tek iplikli DNA molekülleri üzerinde kendilerine tamamlayıcı olan bölgelerle bağlanırlar. Oligonükleotid primerlerin kalıp DNA üzerinde spesifik olarak hedef dizilerine bağlanması düşük sıcaklık derecelerinde gerçekleşmektedir. DNA polimeraz enzimi, uygun tampon ve

dört çeşit deoksiribonükleozid trifosfat (dNTP) varlığında primerin 3'hidroksil ucundan uzamasını sağlar ve bu şekilde kalıp DNA ipliğine tamamlayıcı olan yeni DNA molekülünün sentezi gerçekleşmiş olur (McPherson ve Møller, 2007).

Denatürasyon, primerin bağlanması (annealing) ve uzama (elongasyon), bir PCR döngüsünü oluşturan temel basamaklardır (Şekil 2.8). Denatürasyonun art arda tekrarlanması, primerlerin bağlanması ve primerlerin uzaması evreleriyle DNA parçaları eksponansiyel olarak artar. Bir döngü sonucu sentezlenen ürünün, ardışık döngüde diğer primerler için kalıp görevi yapması bu artışın nedenidir. Bu durumun sonucu olarak ise her PCR döngüsü ile DNA molekülü üzerinde istenilen bölge iki katına çıkar. Bu şekilde başlangıçtaki az miktarda kalıp DNA'dan yeterli miktarda DNA elde edilmesi sağlanır.



Şekil 2.8. PCR'ın işleyiş mekanizması

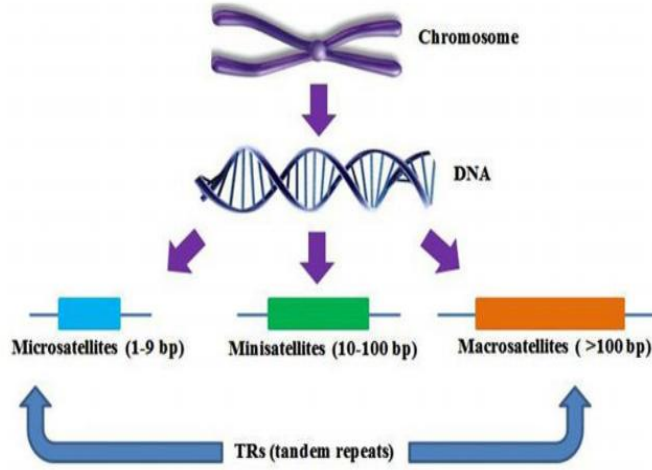
2.3.3. Mikrosatellit markörler

Moleküler genetik çalışmalarda kullanılan yöntemlerin gelişmesine kadar geçen süreçte hayvan ıslahında esas olarak kantitatif genetik yöntemler kullanılmıştır. Bu süreçte çiftlik hayvanlarında DNA'nın farklı kısımlarının verim özellikleri ya da önemli genetik hastalıklarla ilişkisinin tanımlanması eksik kalmıştır. Günümüzde kullanılan moleküler genetik teknikler hayvanların genetik yapısını belirlemeyi ve ekonomik açıdan önemli olan verim özelliklerinin hangi genler tarafından kontrol edildiğinin belirlenebilmesini mümkün kılmaktadır (Ün vd, 2000).

1980'lerin sonlarında PCR'ın ortaya çıkışı ve rekombinant DNA teknolojisinin gelişmesi ile moleküler markörler kullanılarak bitki ve hayvan genomlarının genetik, sitogenetik ve fiziki haritalarının çıkarılması, mikrosatellit polimorfizmlerinin analizi ve genotiplenmesi kolaylaşmıştır. Mikrosatellit markörler günümüzde birçok farklı alanda kullanılan en kullanışlı moleküler markörlerden biridir (Ellegren, 2004; Pokhriyal vd, 2012).

Mikrosatellit terimi ilk olarak Lit ve Luty tarafından ortaya atılmıştır. Basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeats, SSR) ya da kısa ard arda tekrarlar (Short Tandem Repeats, STR) olarak da adlandırılan mikrosatellitler, tüm prokaryotik ve ökaryotik genomlarda bulunan 1-6 nükleotid uzunlukta kısa, tekrarlanan DNA dizilerini ifade etmektedir (Şekil 2.9). Mikrosatellit markörler genomda mono, di, tri ya da tetra nükleotid ünitelerinin herhangi bir formu şeklinde tandem olarak tekrarlanan ve polimorfik özellik gösteren kısa DNA dizileridir ve hem kodlama yapan hem de kodlama yapmayan bölgelerde bulunurlar. Genellikle $(CA)_n$ şeklinde motiflenirler ve n sayısı allel arasında değişkenlik göstermektedir (Zane vd, 2002). Moleküler genetik çalışmalarda en sık tercih edilenler dinükleotid, trinükleotid ve tetranükleotidlerdir. Bir mikrosatellit lokusu genellikle 5 ila 40 tekrar arasında değişmektedir, ancak daha uzun tekrar dizileri de mevcuttur (Selkoe ve Toonen, 2006). Prokaryot organizmalardaki fonksiyonlarının birçoğu tanımlanmış ancak ökaryot organizmalardaki rolü henüz tam olarak tanımlanamamıştır. Birçok genetik çalışmada mikrosatellit markörlerin tercih edilmesinin en temel sebebi yüksek polimorfizme sahip olmaları ve skorlama kolaylığıdır (Çizelge 2.3) (Zane vd, 2002).

DNA'nın nötr bölgeleri ile karşılaştırıldığında mikrosatellit markörlerin yüksek bir mutasyon oranına sahip olduğu görülmektedir. Genetik çeşitlilik, moleküler biyoloji ve moleküler genetik gibi yapılan pek çok çalışmada insan, sığır, koyun ve keçiler için mikrosatellit markörler oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır (Sürmen, 2018). Koyun genomunda yaklaşık 1400 mikrosatellit markörün haritalandığı bildirilmiştir (Maddox ve Cockett, 2007).



Şekil 2.9. Mikrosatellit DNA görselinin bir örneği (Saeed vd, 2016)

Bazı mikrosatellit örnekleri Şekil 2.10, Şekil 2.11 ve Şekil 2.12’de verilmiştir.

AAAAAAAAAAAA = (A)₁₁ = mononükleotid (11 bç)
 GTGTGTGTGTGT = (GT)₆ = dinükleotid (12 bç)
 CTGCTGCTGCTG = (CTG)₄ = trinükleotid (12 bç)
 ACTCACTCACTCACTC = (ACTC)₄ = tetranükleotid (16 bç)

Şekil 2.10. Tekrar üniteleri

...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG... (46 bç)
 ...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG... (46 bç)
 5’ çevreleyen bölge mikrosatellit lokus 3’ çevreleyen bölge

Şekil 2.11. Homozigot mikrosatellit örneği

...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG... (46 bç)
 ...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG... (50 bç)
 5’ çevreleyen bölge mikrosatellit lokus 3’ çevreleyen bölge

Şekil 2.12. Heterozigot mikrosatellit örneği

Yapılan çalışmalarda mikrosatellit markörlerin birçok organizmada genom haritalaması için son derece değerli bir araç olduğu kanıtlanmıştır (Zane vd, 2002).

Mikrosatellitler adli tıp - bireysel kimlik ve ilgili testler, hastalık teşhisi - kanser gibi çeşitli genetik hastalıklardan sorumlu genlerin saptanması, genetik çeşitlilik, populasyon yapısı ve ilişkilerini ortaya çıkarmak için populasyon genetiği çalışmaları, koruma biyolojisi-koruma birimlerinin belirlenmesi, bağlantı analizi-QTL haritalaması gibi çeşitli alanlarda yaygın kullanıma sahip markörlerdir (Mburu ve Hanotte, 2005).

Çizelge 2.3. Mikrosatellit markörlerin avantaj ve dezavantajları

Avantaj	Dezavantaj
• Düşük miktarda kalıp DNA gereklidir (10-100 ng). • Genomda bolca bulunurlar. • Genom boyunca rastgele dağılım gösterirler. • Yüksek düzeyde polimorfizme sahiptirler. • Band profilleri lokus ve alleller cinsinden yorumlanabilir. • Allel boyutları yüksek hassasiyetle belirlenebilir. • Boyut standardını kullanarak farklı jeller arasında karşılaştırma yapılabilir. • Geniş uygulama alanına sahiptirler. • Otomasyona uygundur.	• İlk gelişim maliyeti yüksektir. • Primer yapışma bölgelerindeki mutasyona bağlı olarak null allellerin meydana gelmesi durumunda homozigotlar olarak heterozigotlar yanlış sınıflandırılabilirler. • Stutter bantları polimorfizmlerin doğru skorlamasını karmaşıktırabilir. • Zaman alıcıdır.

3. MEVCUT ÇALIŞMALAR

Arnyasi vd (2009), süt protein polimorfizmlerinin, süt üretimi amacı ile yetiştirilen ve ruminant hayvanlarda seleksiyon için potansiyel araç olduğunu bildirmişlerdir. İvesi (Awassi) koyunlarında, koyun kromozom 6 (Oar6) üzerinde süt üretimi ve süt kompozisyonunun geliştirmesi amacı ile moleküler markörlerin tespit edilmesini amaçlayan bir çalışma yürütmüşlerdir. Bu doğrultuda koyun Oar 6 üzerinde bulunan 13 mikrosatellit lokusunu (BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, DK1183A, MCM214 ve JMP12) laktasyon süt verimi, laktoz, süt yağı, süt proteini ve somatik hücre sayısı bakımından incelemişlerdir. Çalışma sonucunda BM143, BM4311, MCM53, BM9058 ve CP125 lokuslarının incelenen bu özelliklerin en az biriyle ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. CP125 lokusunun incelenen 13 mikrosatellit lokusu içerisinde allel bakımından somatik hücre sayısını etkileyen en önemli lokus olduğu belirlenmiştir.

Diez-Tascón vd (2001), moleküler teknolojilerin hızla gelişmesinin tarım ve hayvancılık açısından genetik markörler ve bağlantı haritalarının geliştirilmesine yol açtığını bildirmişlerdir. Churra koyunlarında, Oar6 üzerinde süt verim özellikleri (süt verimi, protein verimi ve protein oranı) ile ilgili 11 mikrosatellit lokusunu (CP125, 1NRA133, MCM53, AE101, BM143, BMS360, BM4621, BM4311, CSRD293, MCM214 ve JMP12) incelemişlerdir. Çalışmada ortalama 90 dişi yavruya sahip atalardan (40-146) toplam 726 dişi koyun (8 alt aile) genotiplendirilmiştir. Çalışma sonucunda, BM4311 ve CSRD293 markörlerinin süt verim özelliklerini etkilediğini ve QTL çalışmalarında kullanılabileceği bildirilmiştir.

Zhu vd (2011), üreme ve süt verim özelliklerinin hayvansal üretimde birbiri ile bağlantılı ve ekonomik olarak önemli özellikler olduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları çalışmada koyunlarda üreme ve süt verim özellikleri ile yakından ilişkili olan 7 mikrosatellit lokusunu (AE101, BM143, BM1329, HH55, BMS2508, AE129 ve FCB11), 5-6 yaş grubu aralığında toplam 196 Xinong Saanen keçisinde polimorfizm açısından analiz etmişlerdir. Çalışma sonucunda BM143 lokusunda toplam 11 allel belirlemişler ve alleler içerisinde maksimum frekansın 132 ve 115 bç'de (0.2041) olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada BM143 lokusunun PIC değeri 0.8481, Ne değeri 7.2932, He değeri ise 0.8629 olarak belirlenmiştir. AE101 lokusunun ise 8 alleli

belirlenmiş ve bu allerler içerisinde maksimum frekansın 114 bç'de (0.2500) olduğu bildirilmiştir. PIC değeri 0.8301, Ne değeri 6.7513, He değeri ise 0.8478 olarak belirlenmiştir. Çalışılan bu 7 mikrosatellit lokusun 6'sında (AE101, BM143, BM1329, HH55, AE129 ve FCB11) yüksek polimorfizm olduğu bildirilmiştir.

Barillet vd (2005), bazı süt protein polimorfizmlerinin süt verimi için kullanılan ruminantların seçiminde potansiyel araç olduklarını bildirmişlerdir. Bu doğrultuda DNA bazlı moleküler tekniklerin, herhangi bir yaş ve cinsiyete sahip hayvanlarda süt protein genlerinin genotiplemesini mümkün kıldığını belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada Sarda×Lacaune melezi, Lacaune, Manech ve Churra koyunlarında 7 aday kromozom üzerinde bulunan 20 mikrosatellit lokusunu incelemişlerdir. Çalışma sonucunda Churra koyunlarında koyun kromozom 6'sında bulunan BM143 lokusunun süt verimi ve protein oranını etkilediğini; AE101 lokusunun ise Lacaune ve Manech koyunlarında yalnızca protein verimi bakımından etkili olduğu belirlenmiştir.

Mekkawy vd (2012), moleküler markörlerin kullanımının üreme programlarında genetik açıdan kazanç ve seleksiyonda doğruluk sağlayabileceğini bildirmişlerdir. Mikrosatellit markörlerin polimorfik ve genom boyunca dağılmış olmalarından dolayı bu çalışmalarda ideal markörler olduğunu belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada Mısır mandalarında 9 mikrosatellit lokusunun süt verimi ve bileşenlerinin içeriği ile varyasyonları arasındaki ilişkiyi belirlemeyle amaçlamışlardır. Çalışma sonucunda BM143, BM1329 ve ILSTS097 lokuslarının süt verimi için önemli lokuslar olduğu ve bu lokusların süt verimi ile ilgili seleksiyon çalışmalarında (dişi yavru veya dişi torun) kullanılabilecek adaylar olduğu bildirilmiştir.

Arranz ve Gutiérrez-Gil (2012), son yıllarda süt koyunculuğu yapan işletmelerin tüketicilere daha sağlıklı ürünler sunmayı hedeflediğini ancak yerel işletmelerin rekabet gücü bakımından zorluklarla karşılaştıklarını bildirmişlerdir. Bu nedenle hayvanın genel sağlığının, meme ve vücut konformasyon özelliklerinin dikkate alınarak seleksiyon yapılmasının süt koyunculuğu endüstrisinin ilerlemesini sağlayabileceğini belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada, süt koyunlarında QTL'lerin haritalanmasını hedeflemişlerdir. Çalışmada Churra, Sarda ve SardaxLacaune melezi koyun genotiplerini kullanmışlardır. Çalışma sonucunda koyun Oar6'da SardaxLacaune koyun genotipinde somatik hücre sayısı; Churra koyun genotipinde

ise st protein yzdesi ile ilgili QTL'ler belirlenmiřtir (Arranz ve Gutirrez-Gil, 2012).

Schibler vd (2002), son yıllarda koyunlarla ilgili yapılan arařtırmaların st verimi ve mastisiste diren üzerine yoęunlařtıęını ve bu durumun ekonomik neminin hızla arttıęını bildirmişlerdir. Yaptıkları alıřmada Fransa'da yetiřtirilen st koyunları zerinde st verimi ve somatik hcre sayısı ile ilgili QTL'lerin genotiplendirilmesini amalamışlardır. Bu doęrultuda st verimi, yaę ve protein verimi, yaę ve protein oranı ve mastisist direnci iin somatik hcre sayısını gz nnde bulundurmuşlardır. alıřmalarını 7 aday kromozom zerinde 20 mikrosatellit lokusuyla gerekleřtirmişlerdir. Bu lokusların, sıęırlardaki homolog blgelerinin st karakterlerini veya somatik hcre sayısını etkileyen QTL'leri tařıdıęı iin setiklerini bildirmişlerdir. alıřma sonucunda koyun kromozom 6'sında somatik hcre sayısı, protein oranı ve yaę verimi ilgili lokusun AE101 olduęu bildirilmiřtir.

Legaz vd (2008), alt populasyonlarda nemli verim zelliklerinin haritalanmasının potansiyel verimlilięe iliřkin bilgiyi ortaya ıkardıęını bildirmişlerdir. Yaptıkları alıřmada Assaf E. ve yerli İřpanyol st koyunları arasındaki genetik eřitlilięi mikrosatellit markrler kullanarak belirlemeyi hedeflemişlerdir. alıřmada 23 farklı Assaf E. srsnden birbirinden baęımsız 44 Assaf E. bireyini 14 mikrosatellit lokusu (BM8125, BM6526, CP34, BM757, INRA006, BM6506, BM1818, FCB128, CSSM31, CSMM66, ILSTS011, MCM53, RM006 ve ILSTS005) ile genotiplendirmişlerdir. Ek olarak 5 yerli İřpanyol st koyunu (Castellana, Churra, Latxa, Manchega ve Rubia de El Molar) belirtilen mikrosatellit lokusları ile incelenmiřtir. alıřma sonucunda Assaf E., Awassi, Castellana, Churra, Latxa, Manchega, Merina, Milchschaaf ve Rubia de El Molar koyunlarının beklenen heterozigotluk deęerleri sırası ile, 0.670, 0.741, 0.796, 0.761, 0.764, 0.774, 0.789, 0.613, 0.706 olarak belirlenmiřtir. Belirtilen sıra ile F_{IS} deęerleri 0.041, -0.025, 0.047, 0.060, 0.055, 0.101, 0.081, 0.071, 0.340 ve 0.051 olarak belirlenmiřtir. Belirtilen sıra ile lokus bařına allel sayıları 7.0, 7.1, 9.5, 8.3, 8.6, 8.7, 8.3, 4.9 ve 6.0 olarak belirlenmiřtir (Legaz vd, 2008).

Arranz vd (2001a), mikrosatellit lokuslarının populasyonlar arasındaki genetik iliřkilerin ortaya ıkarılmasında, bireysel genotiplere dayalı alternatif yaklařımlara izin vererek ok fazla genetik bilgi saęladıęını bildirmişlerdir. Yaptıkları alıřmada Awassi koyun ırkını referans alarak Churra, Latxa, Castellana, Rasa Aragonesa ve

Merinos koyunlarında 18 mikrosatellit lokusu (ADCYC, BM1258, BM143, BM4621, BM6444, ILSTS002, MAF33, MAF36, MAF48, MAF64, MAF65, MAF70, CP34, FCB11, TGLA13, TGLA53, CSSM06 ve CSSM66) ile genetik çeşitliliği incelemeyi hedeflemişlerdir. En yüksek bireysel skorlara sahip lokuslar (CSSM66, BM4621, TGLA13, FCB11, MAF70, MAF33, TGLA53, BM143 ve BM6444) birlikte kullanıldığında, bireylerin % 98,88'ini doğru olarak belirlenmiştir.

Farid vd (2000), mikrosatellit markörlerinin oldukça polimorfik ve populasyon çalışmalarında parametrelerin ölçülmesi için geliştirilen en kullanışlı araçlar olduklarını bildirmişlerdir. Mikrosatellit markörlerin genel olarak çoğu hayvan türünde populasyon parametrelerinin tahmininde yaygın şekilde kullanıldığını ancak koyun ırklarında kullanımının diğer türlere göre sınırlı kaldığını belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada North Country Cheviot, Icelandic, Romanov, Suffolk, Texel, Cheviot, Dorset, Finnish Landrace, Scottish Blackface, Red Masai koyun ırklarında 10 mikrosatellit lokusu (MAF64, FCB11, FCB128, CP26, FCB5, AE129, AE101, CP21, TGLA53 ve MAF35) kullanarak genetik çeşitliliği belirlemeyi hedeflemişlerdir. AE101 lokusunun her bir ırkta allel sayıları North Country Cheviot'de 3, Icelandic'de 5, Romanov'da 3, Suffolk'da 5, Texel'de 7, Cheviot'de 6, Dorset'de 5, Finnish Landrace'de 4, Scottish Blackface'de 6, Red Masai'de 2 olarak tespit edilmiştir. AE101 lokusunun ortak bir alleli tespit edilememiş ancak Cheviot ırkında minimum allel 0.02 olarak belirlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk değerleri sırası ile 0.64, 0.61, 0.53, 0.53, 0.59, 0.67, 0.60, 0.59, 0.60 ve 0.50 olarak belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk değerleri ise sırası ile 0.66, 0.63, 0.53, 0.63, 0.65, 0.67, 0.65, 0.62, 0.66 ve 0.57 olarak belirlenmiştir.

Arranz vd (2001b), DNA mikrosatellit dizilerinin genomdaki yoğun dağılımları, ko-dominat kalıtım göstermeleri ve genotiplendirilmelerinin kolay olmasından dolayı değerli genetik markörler olduğunu bildirmişlerdir. Son yıllarda bu markörlerin ebeveyn testlerinde, bağlantı analizlerinde, populasyon genetiği ve diğer genetik çalışmalarda yaygın olarak kullanıldığını belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada altı yerli İspanyol koyununda (Churra, Latxa, Manchega, Rasa-Aragonesa, Castellana ve Merinos) 18 mikrosatellit lokusu (MAF70, TGLA13, CSSM66, BM143, BM6444, MAF36, MAF64, CSSM6, TGLA53, FCB11, MAF3, BM4621, MAF48, MAF65, BM1258, ILSTS002, ADCYC ve CP34) kullanarak genetik varyasyonu belirlemeyi hedeflemişlerdir. BM143 lokusunun Churra, Latxa,

Manchega, Rasa-Aragonesa, Castellana ve Merinos genotipleri için sırası ile gözlenen allel sayısı 11, 11, 10, 9, 6, 10; etkili allel sayısı 5.6, 6.9, 4.8, 5.7, 3.0 ve 5.6; gen çeşitliliği 0.82, 0.86, 0.79, 0.83, 0.65 ve 0.82 olarak belirlenmiştir. BM4621 lokusunun Churra, Latxa, Manchega, Rasa-Aragonesa, Castellana ve Merinos genotipleri için sırası ile gözlenen allel sayısı 9, 7, 9, 8, 9 ve 11; etkili allel sayısı 5.0, 4.5, 7.0, 5.0, 6.7 ve 7.8; gen çeşitliliği 0.79, 0.78, 0.85, 0.78, 0.86 ve 0.87 olarak belirlenmiştir. Tüm mikrosatellit lokusları polimorfik olarak belirlenmiş ve BM143 lokusu ile BM4621 lokusunun farklı allellerinin toplam sayısı 14 olarak belirtilmiştir.

Attia vd (2014) süt sığırlarında kromozom 6'nın (BTA6) süt üretim özellikleri için QTL çalışmalarında en çok ilgilenilen kromozomlardan biri olduğunu bildirmişlerdir. Çiftlik hayvanlarının ekonomik olarak önemli özelliklerini iyileştirmede markör destekli seleksiyonu (MAS) daha verimli hale getirmek için önemli bir faktörün, kantitatif karakter lokuslarına (QTL) bağlı olan markörleri mümkün olduğunca yakından bulmak olduğunu belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada Mısır mandalarında süt verimi ve bileşenlerine bağlı 7 mikrosatellit DNA markörü (BM1336, BM4311, BM2320, BP7, BMS2508, BM4322 ve BMS1242) ile genetik polimorfizmi belirlemeyi hedeflemişlerdir. Çalışma sonunda BM4311 lokusunun 81-143 bç aralığında 8 alleli belirlenmiştir. Bu lokusun etkili allel sayısı; 7.724, gözlenen heterozigotluk değeri 0.821; beklenen heterozigotluk değeri; 0.886; PIC değeri 0.856; en sık gözlenen allel değeri 103 ve bu allelin frekansı 0.161 olarak belirlenmiştir.

Ghazy vd (2013), koyun ırkları arasındaki genetik karakterizasyon ile genetik farklılıkların belirlenmesinde ve genetik iyileştirme programlarında RAPD, RFLP ve mikrosatellitler gibi moleküler markörlerin kullanımının yararlı olduğunu bildirmişlerdir. Son yıllarda koyunlar üzerinde yapılan birçok genetik çeşitlilik çalışmasında genom boyunca dağılmış olmaları, yüksek düzeyde polimorfizm göstermeleri ve analizlerinin kolay olmasından dolayı mikrosatellit markörlerinin kullanıldığını belirtmişlerdir. Yaptıkları çalışmada üç Mısır koyun ırkında (Sinai, Rahmani ve Ossimi) genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi amacı ile 19 mikrosatellit lokusu (BM143, ETH225, HSC, ILSTS005, ILSTS008, ILSTS29, ILSTS30, ILST49, ILST82, ILSTS87, MAF33, MAF65, MAF70, MCM42, CP34, FCB11, FCB20, JMP29 ve RM004) kullanmışlardır. BM143 lokusunun allel sayıları Sinai, Rahmani ve Ossimi ırklarında sırası ile 12, 12, 16 ve toplamda 17; etkili allel sayıları 7.60,

10.13, 12.16 ve toplamda 11.95; PIC ortalaması ise 0.89 olarak belirlenmiştir. ILSTS87 lokusunun allel sayıları Sinai, Rahmani ve Ossimi ırklarında sırası ile 17, 15, 16 ve toplamda 21; etkili allel sayıları 11.76, 12.19, 12.00 ve toplamda 17.38; PIC ortalaması ise 0.91 olarak belirlenmiştir. Çalışma sonucunda toplam 401 allel tespit edilmiş ve MCM42 lokusu en yüksek allel sayısına sahip lokus, BM143 ve FCB11 lokusları ise en düşük allel sayısına sahip lokuslar olarak belirlenmiştir. BM143 lokusu için F_{IS} değerleri Sinai, Rahmani ve Ossimi ırklarında sırası ile 0.045, 0.061, -0.020 ve tüm ırklarda 0.029; F_{IT} değeri 0.032; F_{ST} değeri ise 0.024 olarak belirlenmiştir. ILSTS87 lokusu için F_{IS} değerleri Sinai, Rahmani ve Ossimi ırklarında sırası ile 0.262, 0.041 0.292 ve tüm ırklarda 0.198; F_{IT} değeri 0.202; F_{ST} değeri ise 0.028 olarak belirlenmiştir. Çalışma sonucunda çalışılan tüm ırkların yüksek ortalama allel sayılarına sahip olduğu ve gen çeşitliliğine bağlı olarak önemli genetik çeşitlilik gösterdikleri bildirilmiştir.

Álvarez vd (2004), bir popülasyonun tanımının fenotipik özellikler ile bulundukları coğrafi bölgelere dayalı olabileceğini ve koyun ırkları ile ilgili yapılan çalışmalarda mikrosatellit markörlerin kullanımlarının sınırlı olduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları çalışmada Kuzey İspanya'da bulunan 6 koyun ırkına (Xalda, Castellana, Churra, Blonde-faced Latxa, Black-faced Latxa ve Rubia del Molar) ait birbirinden bağımsız 238 bireyde 14 mikrosatellit markörü (BM8125, BM6526, CP34, BM757, INRA006, BM6506, BM1818, FCB128, CSSM31, CSMM66, ILSTS011, MCM53, RM006 ve ILSTS005) kullanarak bu popülasyonlar arasındaki ilişkileri incelemeyi hedeflemişlerdir. Çalışma sonucunda MCM53 lokusunun allel sayısı 12 olarak belirlenmiştir. İncelenen bu lokusun F_{IS} değerleri Xalda, Castellana, Churra, Blonde-faced Latxa, Black-faced Latxa ve Rubia del Molar ırklarında sırası ile 0.109, -0.179, 0.011, -0.080, -0.159 ve 0.044 olarak belirlenmiştir. Her bir ırk için sırası ile beklenen heterozigotluk değerleri 0.659, 0.708, 0.704, 0.689, 0.654, 0.689 ve 0.619 olarak belirlenmiştir. Her bir ırk için sırası ile gözlenen heterozigotluk değerleri 0.572, 0.712, 0.661, 0.661, 0.564 ve 0.600 olarak belirlenmiştir. Çalışmada raporladıkları sonuçlara göre belirtilen markörlerin çiftlik hayvanlarında popülasyon çalışmalarında kullanılabileceği bildirilmiştir.

Al-Atiyat vd (2016), Avusturya Merinos koyunlarında genetik varyasyonun belirlenmesi amacı ile mikrosatellitler kullanarak bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmada Avusturya Merinos koyunları kontrol, düşük parazit direnci ve yüksek

parazit direnci olmak üzere 3 grupta ve 28 mikrosatellit lokusu ile incelenmiştir. Çalışmada MCM53 lokusunun allel sayısı kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci grubunda sırası ile 9, 8 ve 7 olarak belirlenmiştir. Bu lokusun kontrol grubunda beklenen heterozigotluk değeri, gözlenen heterozigotluk değeri ve allel büyüklüğü sırası ile 0.707, 0.683 ve 191-211; düşük parazit direnci gösteren grupta sırası ile 0.805, 0.749 ve 191-211; yüksek parazit direnci gösteren grupta ise sırası ile 0.717, 0.692 ve 193-209 olarak belirlenmiştir. AE101 lokusunun allel sayısı kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci gruplarında 6 olarak belirlenmiştir. Bu lokusun kontrol grubunda beklenen heterozigotluk değeri, gözlenen heterozigotluk değeri ve allel büyüklüğü sırası ile 0.909, 0.697 ve 97-135; düşük parazit direnci gösteren grupta sırası ile 0.740, 0.664 ve 97-135; yüksek parazit direnci gösteren grupta ise sırası ile 0.880, 0.730 ve 97-111 olarak belirlenmiştir. BM143 lokusunun allel sayısı kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci grubunda sırası ile 8, 8 ve 6 olarak belirlenmiştir. Bu lokusun kontrol grubunda beklenen heterozigotluk değeri, gözlenen heterozigotluk değeri ve allel büyüklüğü sırası ile 0.837, 0.759 ve 110-120; düşük parazit direnci gösteren grupta sırası ile 0.740, 0.756 ve 110-120; yüksek parazit direnci gösteren grupta ise sırası ile 0.674, 0.691 ve 110-120 olarak belirlenmiştir. Çalışmada MCM53 lokusunun F_{IS} değerleri kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci grubunda sırası ile -0.0354 , -0.0751 ve -0.0368 (ortalama -0.048); AE101 lokusunun F_{IS} değerleri kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci grubunda sırası ile -0.3073 , -0.1154 ve -0.2073 (ortalama -0.219); BM143 lokusunun F_{IS} değerleri kontrol grubu, düşük parazit direnci ve yüksek parazit direnci grubunda sırası ile -0.1038 , 0.02102 ve 0.02506 (ortalama -0.0231) olarak belirlenmiştir. Çalışmada lokus başına allel sayıları ve heterozigotluk ölçümüne dayanarak incelenen bu populasyonların yüksek genetik varyasyon gösterdiği sonucuna varılmıştır.

Olsen vd (2002), hayvancılıkta yüksek düzeyde polimorfik markörler üretilmesi için dünya genelinde çok fazla çalışma yapıldığını bildirmişlerdir. Bunun sonucunda ise ekonomik olarak önemli özellikleri etkileyen QTL'lerin populasyonların genom taramalarını gerçekleştirmek için yeterli markör yoğunluğu sağlandığını belirtmişlerdir. Çalışmalarında Norveç süt sığırları populasyonlarında süt üretim özelliklerini etkileyen QTL'ler için otozomal bir genom taraması yapmayı

hedeflemişlerdir. 3, 5, 6, 11, 13, 18 ve 20 numaralı kromozomlarda 5 süt özelliklerinden bir veya birkaçı (süt verimi, protein oranı, protein verimi, yağ oranı ve yağ verimi) için önerilen QTL'ler tespit etmişlerdir. Bulgularını literatür taramaları ile desteklediklerinde 3, 6 ve 20'deki bulguların çalışmaları ile pozitif korelasyon gösterdiklerini bildirmişlerdir. Kromozom 6 üzerindeki FBN9 markörünün en doğru sonuçlarla uyumlu olduğunu belirtmişlerdir. Kromozom 6 üzerinde bulunan BM143 markörünün süt verimi ile ilişkili olduğunu ve F değerinin 3.74 olduğu bildirilmiştir.

Esmailzadeh (2010), kuzuların doğum ağırlığının hayvancılıkta koyun endüstrisi içerisinde büyük önem taşıyan kantitatif bir özellik olduğunu bildirmiştir. Yaptığı çalışmada Kermani koyun popülasyonunda doğum ağırlığı ile ilgili QTL'lerin varyasyonunu haritalamayı hedeflemiştir. MCM53 markörünün pozisyonunun 26.3; BM4621 markörünün pozisyonunun 84.4 olduğunu bildirmiştir. Tüm bireyler için kromozom 6 üzerinde incelenen markörlerin (ANK2, MCM53, MCMA14, JMP36 ve BM4621) PIC ortalaması 0.74 olarak bulunmuştur. Çalışmada gruplandırılan aileler arasında aile 2 grubunda doğum ağırlığı için saptanan QTL'ler JMP36 ve BM4621 olarak belirlenmiş ve F değeri 14.5 olarak bulunmuştur. Aile 5 grubunda doğum ağırlığı için saptanan QTL'ler JMP36 ve BM4621 olarak belirlenmiş ve F değeri 21.0 olarak bulunmuştur. Çalışma sonucunda koyun 1,3 ve 6 kromozomlarında doğum ağırlığı için belirlenen QTL'ler pozitif sonuçlar vermiştir.

Iamartino vd (2005), mikrosatellit lokusların yüksek derecede polimorfizm göstermeleri, genom boyunca rastgele dağılmış olmalarının genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılan en güçlü araçlar olduğunu kanıtlandığını bildirmişlerdir. Sığır ve koyunlar üzerinde yapılan çalışmalarla geliştirilen mikrosatellit lokuslarının keçiler üzerinde de çalışılabileceğini ve genetik çeşitliliği analiz etmek için kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Bu doğrultuda Güney İtalyan keçi popülasyonlarında (Ionica, Derivata di Siria, Maltese, Garganica, Sarda, Girgentana, Alpine, Montefalcone, Saanen) genetik çeşitliliği belirlemek amacı ile mikrosatellit markörlerden (SR-CRSP23, FCB20, ILSTS87, MCM527, INRA023, CSRD247, MAF65, ILSTS19, SR-CRSP5, PZ963 ve MHCII-DR) yararlanılmışlardır. Çalışmada Saanen, Alpine, Ionica, Derivata di Siria, Maltese, Sarda, Girgentana, Garganica ve Montefalcone, popülasyonlarında ortalama allel sayıları sırası ile 7.3, 7.1, 9.2, 7.9, 7.7, 7.5, 4.9, 6.1 ve 8.3 olarak belirlenmiştir. Ortalama gözlenen heterozigotluk

değerleri sırası ile 0.692, 0.674, 0.764, 0.764, 0.718, 0.724, 0.617, 0.700 ve 0.739 olarak belirlenmiştir. Ortalama beklenen heterozigotluk değerleri ise sırası ile 0.679, 0.662, 0.695, 0.762, 0.670, 0.746, 0.619, 0.681 ve 0.736 olarak belirlenmiştir. Sarda ırkında ILSTS87 lokusu 131 bç büyüklüğünde ve allel frekansı 0.052 olarak belirlenmiştir.

Uzun vd (2006), mikrosatellitler gibi moleküler markörlerin genetik mesafeler ve populasyonlar ile ırklar arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde yararlı bilgiler sağladıklarını bildirmişlerdir. Yaptıkları çalışmada 30 mikrosatellit markörü kullanarak Türk koyun ırkları arasındaki genetik ilişkileri incelemeyi hedeflemişlerdir. Çalışmada beş Türk koyun ırkına ait toplam 255 (Akkaraman (n=56), Hemşin (n=43), Karayaka (n=50), Morkaraman (n=53) ve Tuj (n=53) hayvan analiz edilmiştir. Bununla birlikte çalışmaya referans olarak İspanyol Churra koyunu (n=52) dâhil edilmiştir. 5 Türk koyun ırkında incelenen 30 mikrosatellit markörü yüksek değişkenlik göstermiştir. Çalışmada Hemşin koyunları (ortalama 7.8) hariç lokus başına ortalama allel sayısı 9.3 ila 10.4 arasında bulunmuştur. Gen çeşitliliğinin Hemşin populasyonunda 0.694, Tuj populasyonunda 0.738 şeklinde dar bir aralıkta değiştiği gözlemlenmiştir. Referans olarak kullanılan İspanyol Churra koyunlarında, lokus başına ortalama 9.2 allel çeşitliliği ve 0.726 gen çeşitliliği sergilediği gözlemlenmiştir. Analiz edilen lokusların herhangi biri için populasyonlar arasında Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir sapma gözlenmemiştir. Bu doğrultuda incelenen bu mikrosatellit lokuslarının çalışmada kullanılan koyun genotipleri arasındaki ilişkileri analiz etmek için uygun olduğu bildirilmiştir

4. MATERYAL VE YÖNTEM

4.1. Materyal

Bu yüksek lisans tez çalışmasının materyalini ülkemizin önemli yerli gen kaynaklarından olan Karayaka ve Bafra koyun genotipleri oluşturmuştur. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Genetik ve Biyoteknoloji Laboratuvarına daha önce transferi sağlanan ve -80 °C’de muhafaza edilen kan örnekleri DNA özütleme işlemi yapılmak amacıyla kullanılmıştır (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. Populasyonlar ve populasyonların örnek sayıları

Populasyon	Örnek Sayısı
Bafra	36
Karayaka	20
Toplam	56

4.1.1. Çalışmada kullanılan cihazlar ve yardımcı malzemeler

Çalışmanın yürütülmesinde kullanılan cihazların adı, markası ve yapım yeri Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2. Çalışmanın yürütülmesinde laboratuvarında kullanılan cihazlar ve yapım yerleri

Cihazın adı	Markası	Yapım yeri
Soğutmalı mikrosantrifüj	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Elektronik mikropipet	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Biophotometer	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Hassas terazi	KERN	Balingen, Almanya
Ultra saf su cihazı	SG Water	Barsbüttel, Almanya
PCR cihazı	BIORAD	USA
PH metre	Eutech	Singapur
Isıtıcı blok	Echotherm	USA
Jel dökümantasyon sistemi	Syngene	Cambridge, İngiltere
Yatay elektroforez sistemi	Scie-Plas	Cambridge, İngiltere
Dikey elektroforez sistemi	Thermo	Waltham, MA USA

4.2. Yöntem

4.2.1. Kan örneklerinin alınması

Kan örnekleri koyunların boyun toplardamarından (vena jugularis) bir vakutainer vasıtasıyla steril ve tek kullanımlık iğneler kullanılarak içerisinde pıhtılaşmayı önleyen madde bulunan (antikoagülant) 3 ml'lik EDTA (Ethylenediamine tetra acetic acid)'lı tüplere alınmıştır.

Kan örneğinin bulunduğu her bir tüpün üzerine örneğin alındığı bölge, hayvanın kulak küpe numarası ve hayvana ait kimi morfolojik özellikler yazıldıktan sonra soğuk zincirde Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Genetik ve Biyoteknoloji Laboratuvarına transfer edilmiş ve çalışmalar başlayana kadar -80 °C'de muhafaza edilmiştir.

4.2.2. Süt örneklerinin alınması

Kan örneklerinin alındığı her bir koyundan ayrıca elle sağım yöntemi ile süt örnekleri alınmıştır. Süt denetim günlerinde (ayda 1 kez; 4 ay boyunca) sağım kabının darası alınmış daha sonra belirlenen miktarlar gram cinsinden kaydedilmiştir.

4.2.3. Genomik DNA özütleme işlemi

Genomik DNA özütleme işlemine başlanmadan önce özütleme işleminde kullanılacak malzemelerin sterilizasyonu gerçekleştirilmiştir. Malzemelerin sterilizasyonu ile birlikte çalışma alanı da steril edilmiş, özütleme işlemi için uygun ortam hazırlanmıştır. -80 °C'de muhafaza edilen kan örnekleri çıkarılmış ve kısa bir vorteks işleminden geçirilmiştir.

Moleküler düzeyde çalışmaların yapılabilmesi için öncelikle DNA molekülünün saf ve yüksek molekül ağırlıklı şekilde izole edilmesi gerekmektedir (Ağaoğlu, 2010). Bu doğrultuda uygun özütleme yönteminin seçimi çalışmanın birincil başarı ölçütü sayılmaktadır. Bu tez çalışmasında mevcut kan örneklerinden DNA özütleme işlemi Miller vd (1988) tarafından bildirilen tuz çöktürme esasına dayanan DNA özütleme protokolü kullanılarak gerçekleştirilmiştir. DNA özütleme işlemi protokole belirtilen sıraya göre gerçekleştirilmiştir. Bu sıra aşağıda özetlenmiştir.

1. -80 °C’de muhafaza edilen kan örnekleri çıkarılmış ve çözünmesi için bir süre bekletilmiştir (24-25 °C’de).
2. Her biri farklı genotiplere ait olan kanlardan yaklaşık 500’er µl alınmış ve daha önce sterilizasyonu gerçekleştirilmiş olan eppendorf tüplere (2 ml) konulmuştur. Her bir tüpün üzerine kan örneğinin alındığı genotipin kodu yazılmış ve kaydedilmiştir.
3. Eppendorf tüpe aktarılan kan örneklerinin üzerine 1.000 µl eritrosit lisis tampon çözeltisi (Çizelge 4.3) eklenmiştir. Ekleme işlemi tamamlandıktan sonra her bir örnek kısa bir süre vorteksle karıştırılarak 10 dakika oda sıcaklığında beklemeye bırakılmıştır.
4. Bekleme işleminden sonra örnekler 3.000 rpm’de 10 dk santrifüj edilmiştir.
5. Santrifüj işleminden sonra eppendorf tüplerin üzerinde toplanmış süpernatant (sıvı kısım) mikropipet yardımı ile uzaklaştırılmıştır. Eppendorf tüpün dibinde kalan pelet (hücre kısmı) beyaz renk olana kadar 1.000 µl eritrosit lisis tampon çözeltisi eklenmeye devam edilmiştir. Her ekleme sonunda örnekler 10 dk oda sıcaklığında bekletilip 3.000 rpm’de 10 dk santrifüj işlemi tekrar edilmiştir. Bu çalışmada eritrosit lisis tampon çözeltisi ile muamele 4 kez tekrarlanmıştır.
6. Süpernatantın uzaklaştırılmasından sonra peletlerin üzerine 1.000 µl fizyolojik tampon çözeltisi (Çizelge 4.3) ilave edilerek kısa bir süre vorteksle karıştırılmıştır.
7. Vorteksle karıştırma işleminden sonra örnekler bekletilmeden 3.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir. Eritrosit lisis tampon çözeltisi uygulamasında olduğu gibi santrifüj işleminden hemen sonra üstte kalan sıvı kısım uzaklaştırılmıştır.
8. Peletlere 600 µl lisis TE tampon çözeltisi eklenmiş ve vorteks yardımı ile peletlerinin tamamen çözünmesi sağlanmıştır.
9. Çözünme sağlandıktan sonra 100 µl SDS solüsyonu ve 5 µl proteinaz K (20 mg/ml) eklenerek 65 °C’de 1,5 saat inkübasyona bırakılmıştır. Inkübasyon süresince her 15 dakikada bir karıştırılmıştır.
10. Inkübasyon süresinin sonunda eppendorf tüplere 200 µl 6M NaCl çözeltisi eklenerek her bir örnek ayrı ayrı 15 dk vorteks ile iyice karıştırılmıştır.
11. Karıştırma işlemi tamamlandıktan sonra örnekler 10.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.

12. Santrifüj sonunda üstte kalan sıvı kısım DNA moleküllerini içeren kısımdır. Bu kısım dikkatli bir şekilde yeni eppendorf tüplere aktarılmıştır.
13. Yeni tüplere alınan örnekler 10.000 rpm de 5 dk tekrar santrifüj edilmiş ve yine üstte kalan sıvı kısım yeni bir eppendorf tüp içerisine aktarılmıştır.
14. Örneklerin üzerine toplam hacmin iki katı hacimde (1.000 µl) 99,9'luk saf etil alkol eklenmiştir. Etil alkol eklenmeden önce -20°C'de muhafazası sağlanmıştır.
15. DNA iplikçiklerinin kümeleşmesi amacıyla eppendorf tüpler yaklaşık 10-15 defa el yardımı ile hafifçe karıştırılmıştır.
16. Kümeleşen DNA iplikçikleri gözlemlendikten sonra tüpün dibine çökmesi amacıyla 10.000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.
17. Santrifüj işleminden sonra dikkatli bir şekilde etil alkolün uzaklaştırılması sağlanmış ve DNA peletlerinin üzerine 1.000 µl %70'lik etil alkol eklenmiştir. Ardından eppendorf tüpler 10.000 rpm'de 5 dk santrifüj edilmiştir.
18. Tüplerin içerisindeki etil alkol tekrar dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır.
19. Alkolün tamamen uzaklaşması amacıyla örnekler 1 gece çeker ocak içinde kurumaya bırakılmıştır.
20. 1 gece bekleme işleminden sonra tamamen kurumuş olan tüplere TE tampon çözeltisi (Çizelge 4.3) eklenmiş ve DNA peletinin çözülmesi amacıyla bir gece +4°C'de bekletilmiştir.
21. Bekleme süresinin sonunda örnekler 1.000 rpm'de 1 dk santrifüj edilmiş ve DNA'ların miktar ve saflıkları belirlenmiştir. Belirleme işlemi spektrofotometre ile gerçekleştirilmiştir.
22. Elde edilen genomik DNA'larda kırılma olup olmadığı (tek parça) %1'lik agaroz jel hazırlanarak kontrol edilmiştir.
23. Kontrol işleminden sonra örnekler -20°C'ye kaldırılarak muhafaza edilmiştir.

Çizelge 4.3. DNA özütleme işleminde kullanılmak üzere hazırlanan tampon çözeltilerin molarite/miktar ve içerikleri

Tampon Çözelti	Molarite/Miktar	İçerik
Eritrosit Lisis	0,32 M/25,67 g	Sukroz
Tampon Çözeltisi	10 mM/0,9306 g	EDTA
	5 mM/0,254 g	MgCl ₂

Çizelge 4.3. (devam)

Tampon Çözelti	Molarite/Miktar	İçerik
Fizyolojik Tampon Çözeltisi	75 mM/0,44 g 25 mM/0,93 g	NaCl EDTA 100 ml'ye tamamlanır.
Lisis TE Tampon Çözeltisi	500 mM/7,88 g 20 mM/0,744 g 10 mM/0,508 g	Tris-HCl EDTA 100 ml'ye tamamlanır. NaCl
TE Tampon Çözeltisi	10 mM/0,121 g 1 mM/0,037 g	Tris EDTA 100 ml'ye tamamlanır.
6M NaCl Çözeltisi	7,01 g	NaCl 20 ml'ye tamamlanır. 0,1 g SDS tartılıp üzeri 1000 ml H ₂ O ile tamamlanır.

4.2.4. DNA konsantrasyonu ve saflığın belirlenmesi

Nükleik asit (DNA, RNA) örnekleri 260 nm, proteinler ise 280 nm dalga boylarında maksimum absorbansa sahiptirler. Bu iki dalga boyunda elde edilen absorbanların oranı saflık derecesini vermektedir. Benzer şekilde 230 nm dalga boyunda elde edilen absorbanlar kontaminasyon olarak kabul edilmektedir. Nükleik asitler için saflık değerini 260/230 oranı verir. Beklenen saflık değeri; DNA ölçümleri için : ~ 1,8 RNA ölçümleri için : ~ 2,0 kabul edilmektedir. Bu çalışmada 280 ve 260 nm ölçüm aralığındaki oran, nükleik asit saflık değerini verdiği için bu aralıktaki değerler dikkate alınarak çalışılmıştır.

4.2.5. PCR çoğaltım işlemleri

Bu yüksek lisans çalışmasında kullanılan mikrosatellit lokuslarının amplifikasyonları Thermal Cycler (Biorad, ABD) cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. PCR reaksiyonun hazırlanması amacıyla RoseBİO 5X PCR Master Mix kullanılmıştır. PCR için gerekli reaktiflerin yoğunluk ve miktarları çalışmada kullanılacak her bir mikrosatellit lokus için ayrı ayrı optimize edilmiştir. PCR karışımı 5 µl kalıp DNA (tDNA) ve 15 µl karışım (reaction mix) olacak şekilde hazırlanmıştır. PCR işlemi 96'luk PCR plaklarına konularak gerçekleştirilmiştir. PCR cihazının kapak sıcaklığı 110°C olacak şekilde ayarlanmıştır. Her bir primer için bağlanma sıcaklığı ayrı ayrı optimize edilmiştir. Optimizasyon sırasında firmanın belirlediği sıcaklıklar dikkate alınmıştır (±5). PCR işlemleri sırasında kullanılan reaktiflerin yoğunluk ve miktarları Çizelge 4.4'de, PCR termal döngü programı ise Çizelge 4.5'te verilmiştir.

Çizelge 4.4. PCR işleminde kullanılan reaktiflerin yoğunluk ve miktarları

Reaktif	Yoğunluk	Miktar
tDNAs (kalıp DNA'lar)	20 ng/μl	5 μl
İleri (Forward) primer	2,5 μM	0.5 μl
Tersine (Reverse) primer	2,5 μM	0.5 μl
Nükleaz Free Water		9 μl
PCR Master Mix	5X	5 μl
Toplam		20 μl

Çizelge 4.5. Lokuslar için optimize edilen PCR termal döngü programı

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Öncül Denatürasyon	94	3 dakika	-
Denatürasyon	94	30 saniye	
Bağlanma (Annealing)	50-60	30 saniye	35
Uzama (Extension)	72	45 saniye	
Son uzama (Final extension)	72	7 dakika	-
Reaksiyon sonrası saklama	4	∞	

4.2.6. Kullanılan primerlerin seçimi

Çalışmada, Karayaka ve Bafra koyun genotiplerinde süt verimlerindeki allelik varyasyonların değerlendirilmesi amacıyla toplam 12 adet lokusa (BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, MCM214 ve JMP12) ait mikrosatellit markörü incelenmiştir. Arnyasi vd, (2009) bu markörlerin koyunlarda süt verimi ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir (Arnyasi vd, 2009). PCR amplifikasyonları için BM143, BM4311, BM4621, AE101 (Crawford vd, 1995) lokusları koyun genomunun otozomal genetik bağlantı haritasından, CP125 (Lord vd, 1996) lokusu koyun kromozom 6'nın bağlantı haritasından, ILSTS87 (Ghazy vd, 2013), yerli Mısır koyun ırklarının genetik çeşitlilik çalışmasından, JMP1 (Piripi, 2008) lokusu Texel koyunlarının kondrodisplazisi çalışmasından, JMP12 (Lumsden vd, 1996) Koyun x Hamster hücre hibridinden türetilen on koyun mikrosatellit markörünün karakterizasyonu çalışmasından, MCM53 (Diez-Tascón vd, 2001) lokusu koyun kromozom 6'sında süt üretim özellikleri için kantitatif karakter lokuslarının haritalanması çalışmasından, MCM214 (Hulme vd, 1995) lokusu polimorfik bazı koyun mikrosatellitleri çalışmasından

dizayn edilmiştir. Çalışmada kullanılan primer çiftleri ve dizilişleri Çizelge 4.6'da verilmiştir. Şekil 4.1'de primer stoklarının hazırlanması verilmiştir.

Çizelge 4.6. Çalışmamızda kullanılan primerlerin adı, ileri-geri dizilişi ve fragment büyüklükleri

Primerin Adı	İleri (Forward) Dizilişi	Geri (Reverse) Dizilişi	Büyüklik
BM143	ACCTGGGAAGCCTCCAT ATC	CTGCAGGCAGATTCTTT ATCG	103-111
BM4311	TCCACTTCTTCCCTCATC TCC	GAAGTATATGTGTGCCT GGCC	93-106
MCM53	CATGGAGTTGTAGAGTC AGACATGA	GAGCAAAGGTCATGTCA GGTGT	79-103
BM9058	TGTTAGTGTGTTTGAATT TGTGTG	CCACTAGGAAAGTGACT AGGTTCA	145
CP125	GCAAATAGCCTCTTGTA TGATCCTTGG	ACCAAAACAAGACCTTT ATTTTTCATGG	104-114
BM4621	CAAATTGACTTATCCTT GGCTG	TGTAACATATGGGCTGC ATC	135-157
AE101	TAAGAAATATATTTGAA AAAAGTGTATCTCCC	TTCTTATAGATGCACTC AAGCTAGG	99-123
JMP1	CAAAGAGTCAGACATGA CTGAACGAG	CAAAAGGACAAAGCTTG TCTGAGGCAC	85-113
ILSTS87	AGCAGACATGATGACTC AGC	CTGCCTCTTTTCTTGAGA GC	150-190
CSRD293	GGATCGCAAAGAGTTAA GACATGA	CCTGCTTATGAGTTTGA CCACCTT	
MCM214	AAGCGACTCAGGAGCA GCAG	AATGCTTGCATTTATCA AAAGCC	74-98
JMP12	CAAAGAATTGGCCACAA CTGAGTGAC	GCCTGCTTTCTTTGCGTA CAACTG	129-141

Çalışmada kullanılan primerler içerisinde BM9058, CP125 ve AE101 primerlerinden amplifikasyon alınamamıştır.



Şekil 4.1. Primer stoklarının hazırlanması aşamasına ait bir görüntü

4.2.7. Elektroforetik ayırlama işlemleri

Çalışmada PCR ürünlerinin elektroforetik ayırılması öncelikle agaroz jel elektroforezi ardından ise ayırlama yeteneğinin agaroz jellere göre daha yüksek olmasından dolayı poliakrilamid jel ile elektroforezi ile gerçekleştirilmiştir.

4.2.7.1. Agaroz jel elektroforez işlemleri

PCR ürünlerinin amplifikasyon kontrolleri %2'lik agaroz jel hazırlanarak gerçekleştirilmiştir. 8 gr agaroz hassas terazi kullanılarak tartılmış ve tartım ürünü bir behere konulmuştur. Beher üzerine 400 ml 1X TAE tamponu eklenerek mikrodalga fırında homojen bir karışım elde edene kadar çözdürülmüştür. Çözünme işlemi sağlanıncaya kadar kısa aralıklarla mikrodalga fırından çıkarılıp hafifçe karıştırılmıştır. Çözünme işleminin tamamlanmasının ardından homojen karışımın sıcaklığının yaklaşık 50 °C'ye düşmesi beklenmiştir. İstenilen sıcaklığa ulaşan karışıma UV ışık altında DNA'ya bağlanarak bantların görüntülenmesine yardımcı olan Etidyum Bromürden (EtBr) 16µl (10 mg/l) eklenerek karışıma dağılması sağlanmıştır. Hazırlanan homojen jel karışımı içerisinde örneklerin yüklenmesine olanak tanıyan tarakların bulunduğu jel tepsisine hava baloncuğu kalmayacak şekilde yavaşça dökülmüş ve ardından jelin polimerizasyonunun gerçekleşmesi beklenmiştir. Polimerizasyon işlemi gerçekleştirildikten sonra taraklar dikkatli bir şekilde

çıkarılmış ve jel tepsisi içerisinde 1X TAE çözeltisi tamponu bulunan jel takımının içerisine oturtulmuştur. Başta ve sonda bulunan tarak yerlerine 4 µl DNA ladder, diğer tarak yerlerine ise 8 µl PCR ürünü yüklenmiştir. Güç kaynağı 90 V'da 100 dk olacak şekilde ayarlanmıştır.

4.2.7.2. TAE (Tris-Asetik Asit-EDTA) çözeltisinin hazırlanması

Jel elektroforez işlemlerinin tamamında elektrolit çözeltisi olarak TAE (Tris-Asetik asit EDTA) çözeltisi kullanılmıştır. TBE (Tris-Borik asit-EDTA) çözeltisi ile kıyaslandığında TAE tamponu daha hızlı bir ayırlama yapmaktadır. Çözeltinin hazırlanmasında kullanılan kimyasallar ve miktarları Çizelge 4.7'de gösterilmiştir. Çözeltinin yoğunluğu 50X olacak şekilde hazırlanmış ve pH 8.0-8.5 aralığında ayarlandıktan sonra son hacim distile saf su ile 1000 ml'e tamamlanmıştır. Hazırlanan 50X TAE çözeltisi 1X olacak şekilde seyreltilmeden önce filtre membrandan geçirilmiştir.

Çizelge 4.7. TAE çözeltisinin hazırlanmasında kullanılan kimyasallar ve miktarları

50X TAE Tampon çözeltisi (1000 ml)	Miktar
Tris Base	242 g
Glacial Asetik Asit	57.1 g
0.5 M EDTA	100 ml
0.5 M EDTA (100 ml)	14.61g

4.2.7.3. Poliakrilamid jel elektroforez işlemleri

Akrilamid monomerlerinin uzun zincirler biçiminde polimerleşmesi ve ardından N,N' metilenbisakrilamid (çapraz bağlayıcı ajan) ile kovalent bağlar oluşturmasıyla oluşan yapılar poliakrilamid jeller olarak tanımlanmaktadır. Poliakrilamid jellerde polimerizasyonun gerçekleşmesi için ihtiyaç duyulan serbest radikalleri APS (Amonyum persülfat) ve TEMED (N,N,N',N'- Tetrametiletildiamin) sağlamaktadır. Düşük moleküler ağırlığa sahip nükleik asitler ve proteinlerin ayırılması için poliakrilamid jel elektroforezi oldukça etkili bir elektroforez yöntemidir (Mercan, 2010). Poliakrilamid jel elektroforezinin çalışma prensibi hem moleküler elekleme hem de elektroforetik ayırlamaya dayandığından dolayı

kullanılan örneklerin bileşenleri daha iyi ayrılmaktadır. Poliakrilamid jel elektroforezinde kullanılan kimyasal ve çözeltiler Çizelge 4.8.'de verilmiştir.

Çizelge 4.8. Poliakrilamid jel elektroforezinde kullanılan kimyasal ve çözeltiler

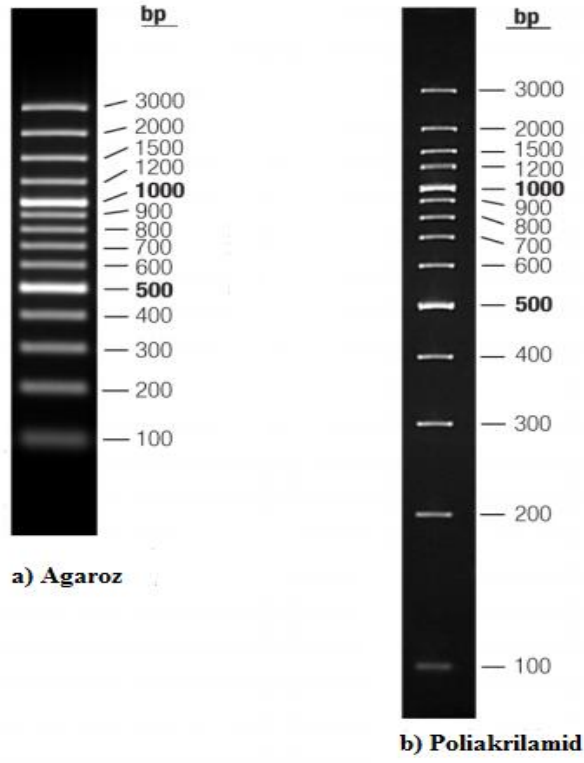
	Stacking (Yığma) Jel	Seperating (Ayrımlama) Jel
Akrilamid/Bis %30	1,3 ml	20 ml
H ₂ O	6,1 ml	24,1 ml
1,5 M Tris-HCL	-	15 ml
0,5 M Tris-HCL	2,5 ml	-
APS (%10)	50µl	300µl
TEMED	10µl	50µl
TOPLAM	10 ml	60 ml

Poliakrilamid jel elektroforezi işlemi şu sıra ile gerçekleştirilmiştir.

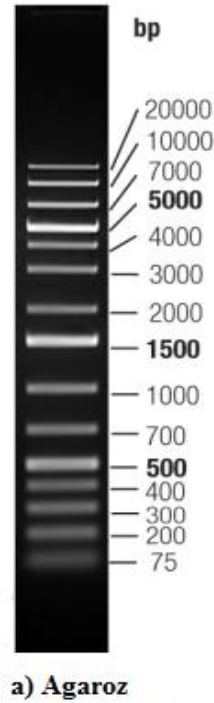
1. Jel görüntüsünün düzgün olması amacı ile cam plaklar öncelikle etil alkol ile temizlenmiş ve ardından saf su ile durulanıp kurumaya bırakılmıştır.
2. Cam plaklar tamamen kuruduktan sonra aralarına spacer yerleştirilmiş ve hava almasını önlemek amacıyla etrafı streç film ile sarılıp poliakrilamid jel elektroforez cihazına sabitlenmiştir.
3. Öncelikle Çizelge 4.8'de belirtilen oranlarda bir ayrımlama jeli hazırlanmıştır.
4. Ayrımlama jeli cihaza yerleştirilen cam plaklar arasına bir şırınga ile aktarılmıştır. Aktarma işlemi yapılırken yığma jeli için belirli miktarda (kullanılan tarak baz alınarak) yer bırakılmasına dikkat edilmiştir. Ardından jelin üzerine hava almasını engellemek amacı ile alkol sıkılmış ve polimerizasyonun gerçekleşmesi için beklemeye bırakılmıştır (yaklaşık 40 dk).
5. Bekleme süresinin sonunda yavaşça polimerizasyonun gerçekleşip gerçekleşmediği kontrol edilmiş ve alkol dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır.
6. Alkolün tamamen uzaklaştırılmasının ardından Çizelge 4.8'de belirtilen oranlarda bir yığma jeli hazırlanmıştır.
7. Yığma jeli şırınga ile ayrımlama jelinin üzerine aktarılmış ve hemen ardından çalışmada kullanılacak olan taraklar iki cam plaka arasına takılmıştır. Tarakların üzerine hava almasını engellemek amacı ile alkol sıkılmış ve polimerizasyonun gerçekleşmesi için beklemeye bırakılmıştır (yaklaşık 30 dk).

8. Polimerizasyon işleminin gerçekleşmesinin ardından taraklar dikkatli bir şekilde çıkarılmıştır. Tarakların çıkarılmasıyla birlikte oluşan kuyucuklara biriken alkol 25 ml şırınga kullanılarak uzaklaştırılmıştır.
9. Cam plaklar etrafına sarılan streç film çıkarılmış ve cam plaklar içerisinde 1X TAE tamponu bulunan dikey jel elektroforez tankına yerleştirilmiştir. Tamponun sızdırma yapmaması için cam plaklar cihaza sabitlenmiştir.
10. Standart markörde kayma olmasını engellemek amacıyla ilk ve son kuyucuklar boş bırakılarak kalan taraklara sırası ile 4-5 µl DNA ladder ve 12 µl PCR ürünü yüklenmiştir.
11. PCR ürünlerinin yükleme işleminin tamamlanmasının ardından örneklerin aynı hızda olması amacıyla güç kaynağı öncelikle 60 V'da 60 dk'ya ayarlanmıştır. 60 dk'nın ardından volt 200'e yükseltilmiş ve dakika 200'e ayarlanmıştır.
12. Jelin boyanmasını ve görüntülenmesini sağlamak amacıyla etrafı alüminyum folyo ile sarılı olan derin bir kaba 1000 ml saf su ve 1000 µl EtBr eklenerek bir çözelti hazırlanmıştır.
13. Jel yürütme işleminin tamamlanmasının ardından hazırlanan bu çözeltide yaklaşık 8 dk bekletilmiştir. Bekleme süresinde jelin içerisinde bulunduğu kap güneş ışığı almasını engellemek amacı ile kapalı tutulmuştur.
14. 8 dk'nın sonunda jel çözeltiden alınarak içerisinde steril saf su bulunan bir kaptaki yaklaşık 6 dk bekletilmiştir.
15. Jel UV transilluminatörü üzerine yerleştirilerek görüntüsü kaydedilmiş ve fragment büyüklüklerinin belirlenmesi için skorlama işlemlerine geçilmiştir.

PCR sonucu elde edilen bantların moleküler büyüklüklerinin tespitinde Şekil 4.2'de gösterilen Thermo Scientific GeneRuler 100 bp standart markörü Şekil 4.3'te gösterilen Thermo Scientific GeneRuler 1 kb standart markörü kullanılmıştır.



Şekil 4.2. Thermo Scientific GeneRuler 100 bç- 3000 bç standart markör

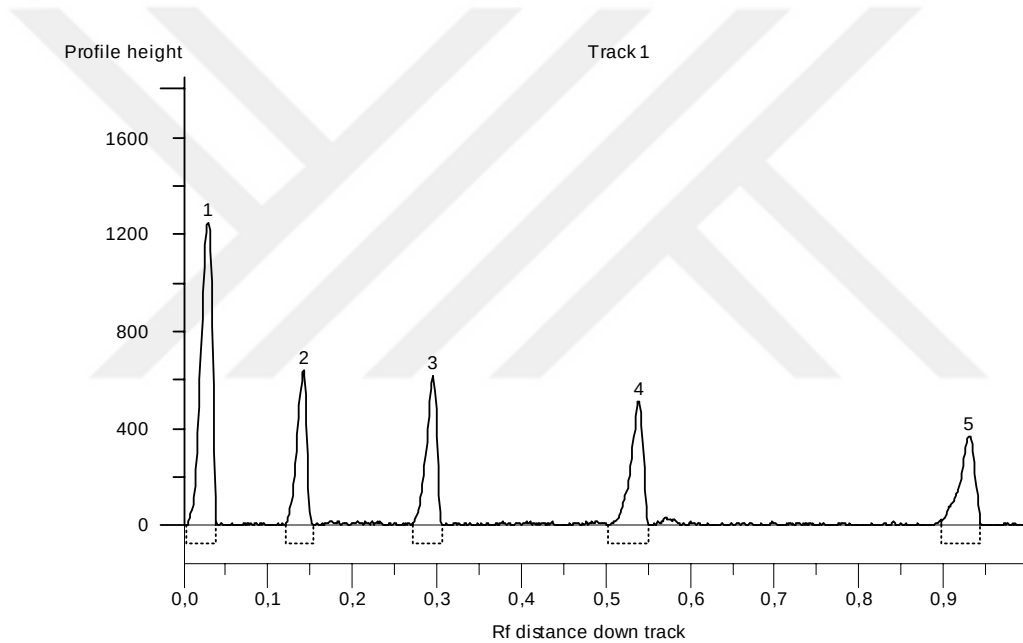


Şekil 4.3. Thermo Scientific GeneRuler 75 bç- 2000 bç standart markör

4.2.7.4. Jellerin görüntülenmesi ve skorlanması

Bu yüksek lisans tez çalışmasında jel görüntüleri Syngene (Cambridge, İngiltere) jel dokümantasyon cihazı ile elde edilmiştir. Jel görüntüleri Syngene GeneTools programına aktarılmış ve burada PCR ürünlerinin baz çifti cinsinden moleküler büyüklükleri elde edilmiştir.

Çalışmada kullanılan program standart markör piklerine dayanarak bantların büyüklüklerini belirlediğinden dolayı skorlama işleminin yapılabilmesi amacı ile öncelikle başta ve sonda bulunan standart markörlere ait bantların büyüklükleri programa kaydedilmiştir. Şekil 4.4'te bu çalışmada kullanılan standart bant piklerine ait örnek bir grafik ve tanım çizelgesi verilmiştir.



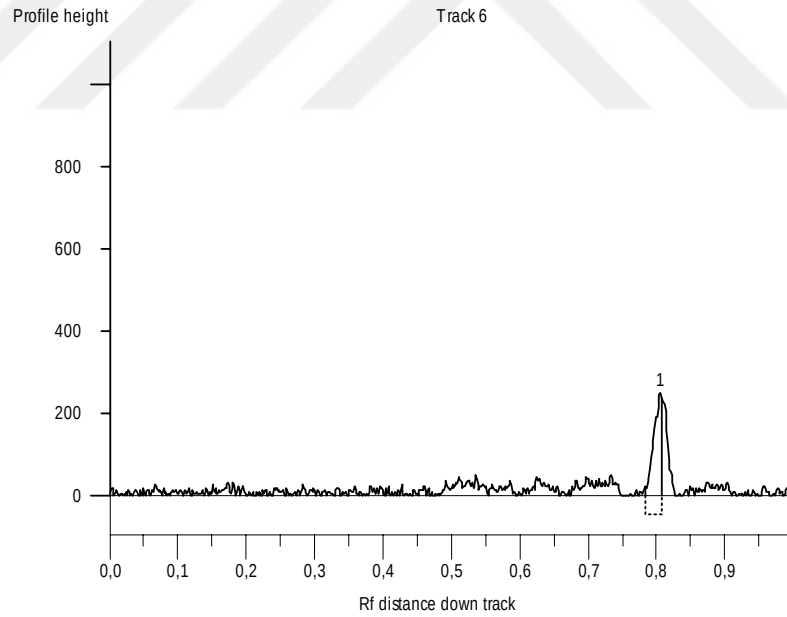
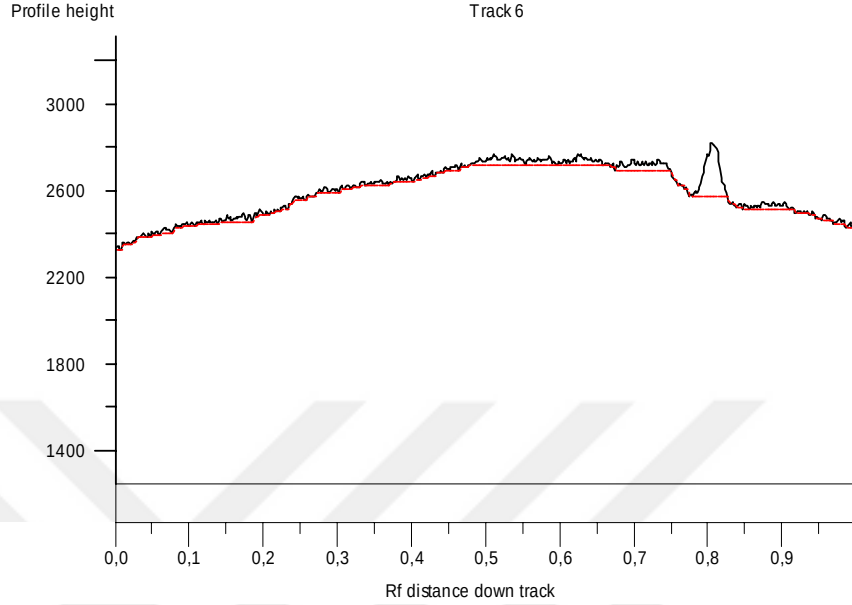
İzlenim 1

No	Moleküler ağırlık	Yükseklik	%Kaba hacim	Baz çifti
1	500,00	1250,645	36,456	500
2	400,00	643,224	16,227	400
3	300,00	619,391	16,616	300
4	200,00	511,464	16,185	200
5	100,00	371,919	14,516	100

Şekil 4.4. Çalışmada kullanılan standart bant piklerine ait örnek bir grafik ve tanım çizelgesi

Syngene GeneTools programı kullanılarak analiz edilen PCR ürünleri içerisinde homozigot olan bir örnekten elde edilmesi öngörülen tek banda ait pik yoğunluğu,

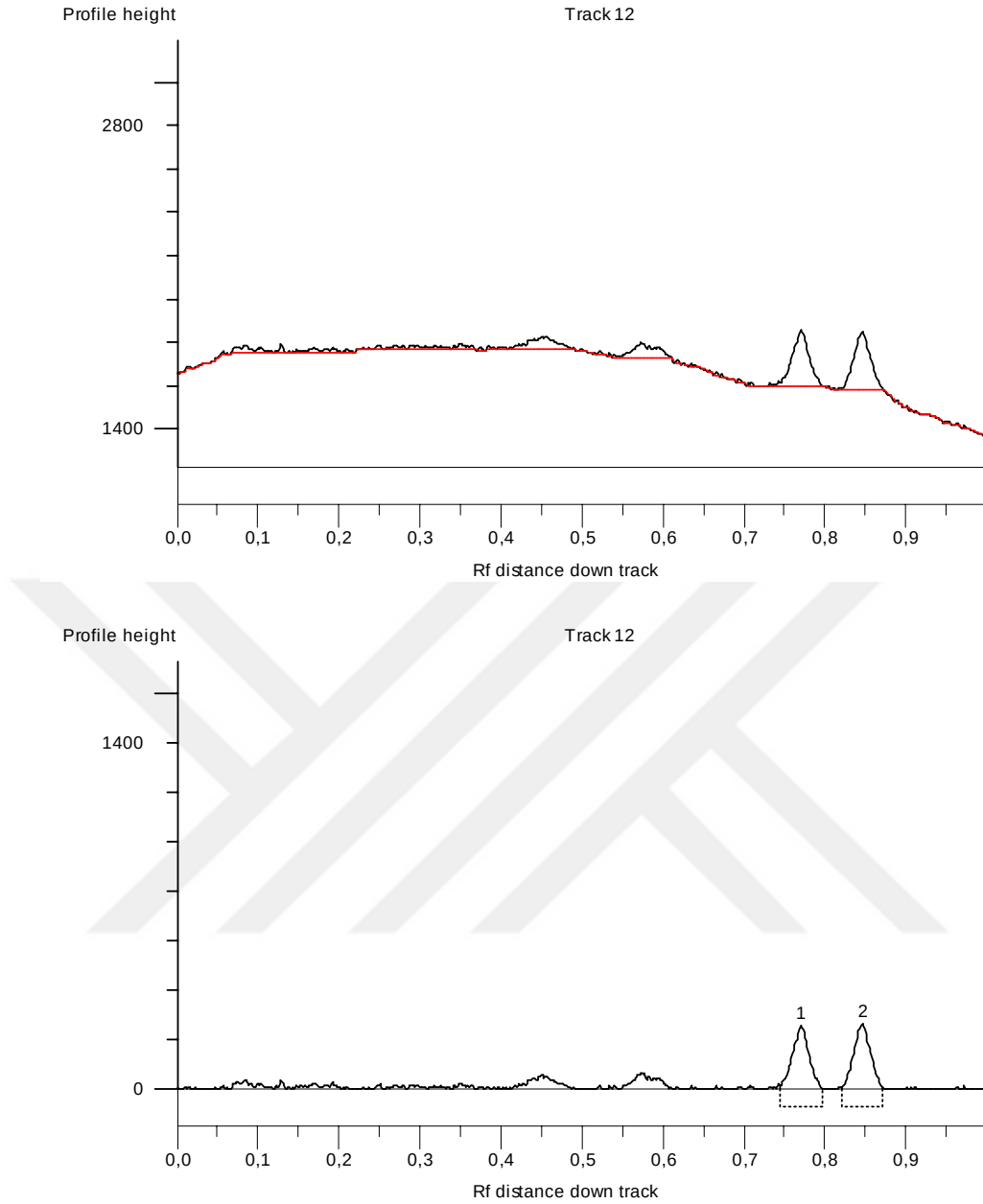
grafik görünümü ve rapor çizelgesinin bir örneği Şekil 4.5'te, heterozigot olan bir örnekten elde edilmesi öngörülen tek banda ait pik yoğunluğu, grafik görünümü ve rapor çizelgesinin bir örneği Şekil 4.6'da verilmiştir.



İzlenim 6

No	Moleküler ağırlık	Yükseklik	Kaba hacim	%Kaba hacim	Baz çifti
1	127,26	250,072	197190,34	100,000	127

Şekil 4.5. Belirli bir lokus bakımından homozigot allel yapısına sahip bir örneğe ait grafik görünümü ve skor çizelgesi



İzlenim 12

No	Moleküler ağırlık	Yükseklik	Kaba hacim	%Kaba hacim	Baz çifti
1	107,65	258,290	332486,63	48,876	108
2	91,60	267,794	347785,22	51,124	92

Şekil 4.6. Heterozigot allel yapısına sahip bir lokusun örnek grafik görünümü ve skor çizelgesi

4.3. Moleküler Verilerin İstatistiksel Analizi

Jel görüntülerinin elde edilmesinin ardından PCR ürünlerinin verilerinin istatistiksel analizleri bilgisayar ortamına aktararak gerçekleştirilmiştir. Skoring işleminin tamamlanmasıyla birlikte veri analizine geçilmiştir.

Bu yüksek lisans tez çalışmasında popülasyonların moleküler tanımlanmasında GenePop 4.6 (Rousset, 2008) ve GenAlex 6.5 (Peakall ve Smouse, 2006) programlarında yararlanılmıştır. Elde edilen verilerin her biri kullanılan programlar için istenilen formatlara uygun olarak girilmiştir.

4.3.1. Genetik çeşitlilik parametreleri

Çeşitli programlar yardımıyla mikrosatellit çalışmalarda kullanılan ve genetik çeşitliliğin belirlenmesine yardımcı olan; allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), beklenen heterozigotluk (H_e), gözlenen heterozigotluk (H_o), fiksasyon indeksi (F), Shannon bilgi indeksi (I), polimorfizm bilgi içeriği (PIC), gen akışı (N_m) hesaplanmıştır.

4.3.1.1. Allel sayısı (N_a)

Bir popülasyondaki allelik farklılıklar o popülasyonun genetik çeşitliliğinin bir göstergesidir (Yıldırım, 2009). Allel sayısı lokuslar açısından tespit edilmekte olup, popülasyonların karşılaştırılmasında kullanılmaktadır (Kırıkçı, 2017; Demirtaş, 2018).

4.3.1.2. Heterozigotluk (H)

Yaygın olarak kullanılan bir diğer genetik çeşitlilik ölçütü ise popülasyonun heterozigotluk değeridir (Yıldırım, 2009). Heterozigotluğun en büyük değerini alması, bir lokusla ilgili çok sayıda ve birbirine eşit frekansta allellerin bulunması durumuna bağlıdır (Demirtaş, 2018). Lokus başına heterozigot bireylerin sayısı ya da yüzdesi gözlenen heterozigotluk (H_o) olarak tanımlanmakta ve formülü;

$$H_o = \text{Gözlenen Heterozigotluk} = \text{Heterozigot birey sayısı} / N \quad (4.1)$$

Genetik çeşitlilik olarak adlandırılan beklenen heterozigotluk (H_e) ise allel frekanslarından hesaplanmakta ve formülü;

$$H_e = \text{Beklenen heterozigotluk} = 1 - \sum x_i^2 \quad (4.2)$$

x_i ; bir lokustaki (markördeki) i'nci allelin frekansdır.

4.3.1.3. Etkili allel sayısı (N_e)

Akrabalı yetiştirme ve genetik çeşitliliği etkilediği bildirilen etkili allel sayısı eşit frekanslara sahip olan alleller olarak tanımlanmaktadır. Böylece allel sayılarında ve dağılımlarında meydana gelen farklılıklar ile populasyonlar karşılaştırılmalı olarak incelenebilmektedir. Her bir lokus için ayrı ayrı etkili allel sayıları hesaplanarak bu etkili allel sayılarının ortalaması alınır ve populasyonlardaki etkili allel sayıları hesaplanır (Demir, 2015). Hesaplama formülü şu şekildedir;

$$N_e = \text{Etkili allel sayısı} = 1 / (\sum \pi^2) \quad (4.3)$$

4.3.1.4. Gen akışı (N_m)

Gen akışı herhangi iki populasyonun gen havuzları arasında meydana gelen gen transferi olarak tanımlanmaktadır. Bununla birlikte populasyonlar arasındaki göçün derecesini ifade etmektedir (Demir, 2015). Gen akışı değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır;

$$N_m = [(1 / F_{ST}) - 1] / 4 \quad (4.4)$$

4.3.1.5. Shannon bilgi indeksi (I)

Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan parametrelerden biri olan Shannon indeksi tür çeşitliliğinin değerlendirilmesi amacıyla yaygın olarak kullanılmıştır (Meng vd, 1999). Shannon sabiti her bir populasyondaki genetik çeşitlilik seviyesini belirtmektedir ve şu formül ile hesaplanmaktadır;

$$I = \text{Shannon bilgi indeksi} = -1 * \sum (\pi * \ln (\pi)) \quad (4.5)$$

4.3.1.6. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri

Genetik çeşitlilik ve diğer birçok çalışmada sıklıkla kullanılan mikrosatellit markörlerin heterozigotluk oranları türlere ve hatta bir tür içerisindeki ırklara göre değişebilmektedir. Polimorfizm bilgi içeriği (Polymorphism Information Content-PIC) lokusların bilgi vericiliğinde kullanılan bir genetik çeşitlilik parametresidir ve

verilerin hesaplanması heterozigotluk ve allel sayısı ile yapılmaktadır (Gour vd, 2006; Yıldız, 2018).

Populasyon genetiği çalışmalarında kullanılan markörlerin polimorfizm bilgi içeriği için belirlenen aralıklar aşağıda belirtilen şekilde yorumlanmaktadır;

0,50<PIC; yüksek oranda bilgi verici markör olduğunu göstermektedir.

0,25<PIC<0,50; oldukça bilgi verici markör olduğunu göstermektedir.

PIC<0,25; düşük oranda bilgi verici markör olduğunu göstermektedir.

Çok fazla sayılarda allelleri bulunan ve PIC değerleri 1'e en yakın olan markörlerin populasyon genetiğinde en fazla seçilen markörler olduğu bildirilmiştir (Botstein vd, 1980; Yıldız, 2018). Çalışmada her bir lokusa ait PIC değerleri aşağıdaki formül ile MS Excel® programı kullanılarak hesaplanmıştır;

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2 \quad (4.6)$$

Bu formülde;

PIC_i; i'nci markörün polimorfik bilgi içeriği değerini,

P_{ij}; i'nci markör için j'inci allele ait frekansı göstermektedir.

4.3.1.7. F istatistiği ve F_{IS}, F_{IT}, F_{ST} parametreleri

Sewall Wright'ın 1951 yılında populasyonların tanımlanması için birtakım F istatistiği parametreleri ortaya koyduğu ve 1965 ile 1978 yılları arasında bu parametrelerde düzenlemeler yaparak istatistiksel olarak şekillendirdiği bildirilmiştir (Wright, 1978).

Fiksasyon indekslerinin (F) istatistiksel olarak hesaplanma amacı populasyonlar arasında ya da içerisinde birleşen iki gamet arasındaki korelasyonun belirlenmesidir (Çobanoğlu, 2018).

$$F = \text{Fiksasyon İndeksi} = (H_e - H_o) / H_e = 1 - (H_o / H_e) \quad (4.7)$$

4.3.1.8. F_{ST} değeri

F_{ST} değeri alt populasyonlar arasındaki genetik sürüklenme nedeniyle toplam populusyona göre alt populasyonların birinde heterozigotluk oranında meydana gelen ortalama azalmayı ifade etmektedir. Bu değer alt populasyonlar arasında genetik farklılaşmanın bir ölçüsüdür. F_{ST} değerinin düşük çıkması durumunda karşılaştırılan iki populasyonun heterozigotluk değerleri arasındaki farkın da düşük olması beklenmektedir. Bu da iki populasyon arasında gen göçü olması durumunda meydana gelmektedir. Büyük F_{ST} değeri ise iki populasyonun herhangi bir lokus bakımından karşılaştırılması durumunda bu iki populasyonun genetik açıdan birbirinden farklı olduğunu ifade etmektedir. İstatistiksel olarak F_{ST} değeri 0 (populusyonda farklılaşma olmaması durumu) ile 1 (populusyonun tamamen farklılaşması yani alt populasyonlarda farklı alleller için sabitleşme durumu) arasında değişmektedir. Teorik olarak 0 ile 1 arasında olmasına rağmen gözlenen en yüksek değer genellikle 1'den daha azdır.

F_{ST} değeri için belirlenen ölçeklerin yorumlanması aşağıda belirtilen şekilde yapılmaktadır;

0,0-0,05: Bu aralık populusyonda genetik farklılaşmanın çok düşük olduğunu göstermektedir.

0,05-0,15: Bu aralık populusyonda genetik farklılaşmanın orta düzeyde olduğunu göstermektedir.

0,15-0,25: Bu aralık populusyonda genetik farklılaşmanın fazla olduğunu göstermektedir.

>0,25: Bu aralık populusyonda genetik farklılaşmanın çok fazla olduğunu göstermektedir.

F_{ST} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır;

$$F_{ST} = (H_T - \text{Ortalama } H_e) / H_T \quad (4.8)$$

H_T : Toplam populusyonlardaki heterozigotluk ortalamasını ifade eder.

4.3.1.9. F_{IS} değeri

F_{IS} değeri bir alt popülasyonda bir bireyde rastgele olmayan çiftleşmeden dolayı heterozigotluktaki ortalama değişimi ifade etmektedir. Yani alt popülasyonlardaki genetik akrabalık derecesinin bir ölçüsüdür. Negatif değerler heterozigotluk fazlalığına, pozitif değerler ise heterozigot azlığına, sıfır değerine yakın bulunması ise HWE’de olduğunu ve saf yetiştirmeden uzaklaşıldığını ifade etmektedir. İstatistiksel olarak F_{IS} değeri -1 (tüm bireylerin heterozigot olması durumu) ile +1 (gözlenen heterozigotluk durumunun olmaması) arasında değişmektedir. F_{IS} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır;

$$F_{IS} = (Ortalama H_e - Ortalama H_o) / Ortalama H_e \quad (4.9)$$

4.3.1.10. F_{IT} değeri

Popülasyondaki bir bireyin toplam popülasyona göre heterozigotluktaki ortalama azalma oranını ifade etmektedir. F_{IT} değeri, rastgele olmayan çiftleşmenin (F_{IS}) ve rastgele sürüklenmenin etkilerinin (F_{ST}) toplamı olarak da ifade edilmektedir.

F_{IT} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır;

$$F_{IT} = (H_T - Ortalama H_o) / H_T \quad (4.10)$$

F_{IS} , F_{ST} ve F_{IT} arasındaki ilişki aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır;

$$(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS}) (1 - F_{ST}) \quad (4.11)$$

5. BULGULAR

Karayaka ve Bafra populasyonlarında incelenen genetik parametreler GenePop 4.6 ve GenAlex 6.5 programları aracılığı ile belirlenmiştir. Populasyonlar bakımından her bir mikrosatellit lokus için elde edilen parametrik değerler Çizelge 5.1’de özetlenmiştir. Populasyonlar bakımından tüm mikrosatellit lokuslar için elde edilen parametrik değerler Çizelge 5.2’de özetlenmiştir. Tüm populasyon ve lokuslar için elde edilen parametrik değerler Çizelge 5.3’de özetlenmiştir.

Çizelge 5.1. Karayaka (Pop1) ve Bafra (Pop2) populasyonlarında her bir mikrosatellit lokus bakımından ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He), tarafsız beklenen heterozigotluk (uHe), fiksasyon indeksi (F) değerleri ve allel genişlikleri (AG)

	Lokus	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	AG	PIC
KRY	BM143	20	8,000	3,200	1,492	0,200	0,688	0,705	0,709	97-117	0,853
	BM4311	20	10,000	7,692	2,140	0,250	0,870	0,892	0,713	76-103	0,927
	BM4621	17	15,000	12,042	2,583	0,235	0,917	0,945	0,743	95-155	0,932
	MCM53	20	12,000	7,921	2,258	1,000	0,874	0,896	-0,144	83-111	0,950
	JMP1	18	14,000	11,172	2,508	1,000	0,910	0,937	-0,098	79-117	0,929
	ILSTS87	18	18,000	14,400	2,760	0,944	0,931	0,957	-0,015	140-196	0,932
	CSRD293	19	18,000	11,281	2,632	0,947	0,911	0,936	-0,040	99-155	0,919
	JMP12	19	13,000	6,278	2,142	0,368	0,841	0,863	0,562	118-162	0,935
	MCM214	20	15,000	9,524	2,443	1,000	0,895	0,918	-0,117	79-117	0,934
BF	BM143	36	13,000	8,255	2,272	0,417	0,879	0,891	0,526	101-133	0,853
	BM4311	36	16,000	12,706	2,646	0,306	0,921	0,934	0,668	64-117	0,927
	BM4621	31	25,000	17,009	3,000	0,968	0,941	0,957	-0,028	97-191	0,932
	MCM53	36	17,000	12,284	2,643	1,000	0,919	0,932	-0,089	75-121	0,950
	JMP1	36	18,000	13,430	2,719	1,000	0,926	0,939	-0,080	77-115	0,929
	ILSTS87	34	21,000	13,287	2,789	0,912	0,925	0,939	0,014	142-194	0,932
	CSRD293	35	19,000	10,338	2,569	0,971	0,903	0,916	-0,075	97-155	0,919
	JMP12	32	20,000	14,124	2,806	0,750	0,929	0,944	0,193	120-170	0,935
	MCM214	35	18,000	13,243	2,698	1,000	0,924	0,938	-0,082	71-115	0,934

Çizelge 5.2. Karayaka (Pop1) ve Bafra (Pop2) populasyonlarında tüm mikrosatellit lokuslar bakımından ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

		N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
KRY	Ort	19,00	13,667	9,279	2,329	0,661	0,871	0,894	0,257
	SH	($\pm 0,37$)	($\pm 1,11$)	($\pm 1,12$)	($\pm 0,12$)	($\pm 0,12$)	($\pm 0,02$)	($\pm 0,02$)	($\pm 0,13$)
BF	Ort	34,55	18,556	12,742	2,682	0,814	0,919	0,932	0,116
	SH	($\pm 0,62$)	($\pm 1,11$)	($\pm 0,81$)	($\pm 0,06$)	($\pm 0,09$)	($\pm 0,006$)	($\pm 0,006$)	($\pm 0,09$)
Top	Ort	26,77	16,111	11,010	2,506	0,737	0,895	0,913	0,187
	SH	($\pm 1,91$)	($\pm 0,97$)	($\pm 0,79$)	($\pm 0,08$)	($\pm 0,07$)	($\pm 0,01$)	($\pm 0,01$)	($\pm 0,08$)

5.1. Allel Sayısı (N_a)

Çalışmaya yönelik kullanılan mikrosatellit lokuslara ait allel sayıları tüm mikrosatellit lokuslar bakımından her bir populasyon için ayrı ayrı olmak üzere (Çizelge 5.2) ve tüm populasyon bazında hesaplanmıştır.

Çizelge 5.1 populasyonlar bakımından allel sayıları için değerlendirildiğinde en fazla ve en az allele sahip olan lokuslar, Karayaka populasyonu için ILSTS87 (18), CSRD293 (18) ve BM143 (8) olarak belirlenmiştir. Bafra populasyonu için ise en fazla ve en az allele sahip olan lokuslar, BM4621 (25) ve BM143 (13) olarak belirlenmiştir.

Karayaka ve Bafra populasyonları için hesaplanan allel sayısı (N_a) ortalamaları sırası ile 13,667 ve 18,556 olarak belirlenmiştir (Çizelge 5.2). Bu doğrultuda en yüksek allel sayısı (N_a) ortalamasına sahip populasyonun Bafra, en düşük allel sayısı (N_a) ortalamasına sahip populasyonun ise Karayaka populasyonu olduğu görülmektedir. Tüm lokus ve populasyon bazında allel sayısı (N_a) ortalaması ise 16,111 olarak hesaplanmıştır.

5.2. Etkili Allel Sayısı (N_e)

Etkili allel sayısı (N_e) tüm mikrosatellit lokuslar bazında Karayaka ve Bafra populasyonları için sırası ile 9,279 ve 12,742 olarak hesaplanmıştır. Tüm lokus ve populasyon bazında etkili allel sayısı (N_e) ortalaması ise 11,010 olarak belirlenmiştir.

Çizelge 5.1 incelendiğinde, Karayaka populasyonu için en düşük etkili allel sayısına (N_e) sahip lokusun BM143 (N_e : 3,200), en yüksek etkili allel sayısına sahip lokusun ise ILSTS87 (N_e : 14,400) lokusu olduğu görülmektedir. Bafra populasyonu için ise en düşük etkili allel sayısına (N_e) sahip lokusun BM143 (N_e : 8,255), en yüksek etkili allel sayısına sahip lokusun ise BM4621 (N_e : 17,009) lokusu olduğu görülmektedir.

5.3. Shannon Bilgi İndeksi (I)

Shannon bilgi indeksi (I) değerleri öncelikle çalışmada kullanılan lokusların tamamında incelenmiştir. Bu doğrultuda en yüksek Shannon bilgi indeksi (I) değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 2.272, 2.646, 3.000, 2.643, 2.719, 2.789, 2.632, 2.806 ve 2,698 olarak bulunmuştur. En düşük Shannon bilgi indeksi (I) değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 1.492, 2.140, 2.583, 2.258, 2.508, 2.760, 2.569, 2.142 ve 2.443 olarak bulunmuştur.

Populasyon bazında incelendiğinde Karayaka ve Bafra populasyonlarında sırası ile 2,329 ve 2,682 olarak belirlenmiştir. Tüm lokus ve populasyon bazında incelendiğinde ise 2,506 olduğu görülmektedir.

5.4. Gözlenen Heterozigotluk (H_o)

Gözlenen heterozigotluk (H_o) değerinin her iki populasyonda da JMP1, MCM53 ve MCM214 lokuslarında 1 olduğu görülmektedir (Çizelge 5.1). Her iki populasyonda da 0 değerini alan lokus gözlenmemiştir. Karayaka populasyonu için ortalama gözlenen heterozigotluk (H_o) değeri 0,661 Bafra populasyonu için ortalama gözlenen heterozigotluk (H_o) değeri ise 0,814 olarak bulunmuştur. Tüm lokus ve

populasyonlar bazında gözlenen heterozigotluk değerin ortalaması ise 0.737 olarak hesaplanmıştır.

5.5. Beklenen Heterozigotluk (H_e)

Çizelge 5.1 incelendiğinde Karayaka populasyonu için en düşük beklenen heterozigotluk değerin (H_e) BM143 lokusunda (0,688), en yüksek beklenen heterozigotluk değerin (H_e) ise ILSTS87 (0,931) lokusunda olduğu görülmektedir. Bafra populasyonu için ise en düşük beklenen heterozigotluk değeri (H_e) BM143 (0,879) lokusunda, en yüksek beklenen heterozigotluk değeri (H_e) ise BM4621 (0,941) lokusunda gözlenmiştir. Çizelge 5.2 incelendiğinde Karayaka ve Bafra populasyonu için beklenen ortalama heterozigotluk değerlerinin (H_e) sırası ile 0,871 ve 0,919 olduğu görülmektedir. Locus ve populasyon bazında beklenen ortalama heterozigotluk değerin (H_e) 0,895 olduğu görülmektedir.

5.6. Tarafsız Beklenen Heterozigotluk (uH_e)

Tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) öncelikle çalışmada kullanılan lokusların tamamında incelenmiştir. Bu doğrultuda en yüksek tarafsız beklenen heterozigotluk değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 0.891, 0.934, 0.957, 0.932, 0.939, 0.957, 0.936, 0.944 ve 0.938 olarak bulunmuştur. En düşük tarafsız beklenen heterozigotluk değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 0.705, 0.892, 0.945, 0.896, 0.937, 0.939, 0.916, 0.863 ve 0.918 olarak bulunmuştur.

Populasyon bazında incelendiğinde Karayaka ve Bafra populasyonlarında sırası ile 0,894 ve 0,932 olarak belirlenmiştir. Tüm locus ve populasyon bazında incelendiğinde ise 0,913 olduğu görülmektedir.

5.7. Fiksasyon İndeksi (F)

Fiksasyon indeksi değerleri öncelikle çalışmada kullanılan lokusların tamamında incelenmiştir. Bu doğrultuda en yüksek fiksasyon indeksi değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 0.709, 0.713, 0.743, -0.089, -0.080, 0.014, -0.040, 0.562 ve -

0.082 olarak bulunmuştur. En düşük fiksasyon indeksi değerleri BM143, BM4311, BM4621, MCM53, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 lokuslarında sırası ile 0.526, 0.668, -0.028, -0.144, -0.098, -0.015, -0.075, 0.193 ve -0.117 olarak bulunmuştur.

Populasyon bazında incelendiğinde Karayaka ve Bafra populasyonlarında sırası ile 0,257 ve 0.116 olarak belirlenmiştir. Tüm lokus ve populasyon bazında incelendiğinde ise 0,187 olduğu görülmektedir.

5.8. Wright'ın F istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST})

Wright'ın F-istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) her iki populasyonda çalışmada kullanılan tüm lokuslar bazında ayrı ayrı hesaplanmıştır (Çizelge 5.3).

Çizelge 5.3. Karayaka ve Bafra populasyonlarında lokuslar bakımından hesaplanan Wright'ın F istatistikleri

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	Nm
BM143	0,606	0,628	0,056	4,186
BM4311	0,690	0,699	0,029	8,455
BM4621	0,353	0,366	0,020	12,016
MCM53	-0,116	-0,077	0,035	6,863
JMP1	-0,089	-0,077	0,011	22,238
ILSTS87	0,000	0,012	0,013	19,537
CSRD293	-0,057	-0,040	0,016	14,981
JMP12	0,368	0,397	0,045	5,281
MCM214	-0,099	-0,073	0,024	10,131
Ort	0,184	0,204	0,028	11,521

Çizelge 5.3 alt populasyonlarda hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısına (F_{IS}) göre yorumlandığında değerlerin -0,116 ile 0,690 arasında değiştiği görülmektedir. MCM53, JMP1, CSRD293 ve MCM214 lokuslarının negatif değer aldığı, BM143, BM4311, BM4621, JMP12 lokuslarının pozitif değer aldığı ILSTS87 lokusunun ise sıfır olduğu görülmektedir. Bununla birlikte ortalama F_{IS} değeri ise 0,184 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.3 her iki populasyon bazında hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısına (F_{IT}) göre incelendiğinde MCM53 ve JMP1 lokuslarında -0,077 (en düşük) ile BM4311 lokusunda 0,699 (en yüksek) arasında değerler aldığı görülmektedir.

F_{IT} ve F_{IS} deęerlerinin negatif olduęu mikrosatellit lokuslarının MCM53, JMP1, CSRD293 ve MCM214 lokusları olduęu, pozitif olan lokusların ise BM143, BM4311, BM4621, ILSTS87 ve JMP12 lokusları olduęu g r lmektedir.

F_{ST} genetik s r klenmeden dolayı populasyonlar arasında meydana gelen genetik farklılıęın bir  l s  olarak hesaplanmaktadır.  alıřmada incelenen lokuslarda F_{ST} deęeri 0,011 ile 0,056 arasında deęiřiklik g stermiřtir. İncelenen her iki populasyonda da negatif deęere rastlanmamakla beraber ortalama F_{ST} deęerinin 0,028 olduęu belirlenmiřtir.

F_{ST} deęerinin b y k olması populasyonlarda farklılařmanın y ksek olduęunu d ř k olması ise populasyonlarda farklılařmanın olduk a az olduęunu g stermektedir. F_{ST} deęerinin d ř k  ıkması, karřılařtırma yapılan iki populasyon arasında gen g    varlıęı řeklinde yorumlanabilmektedir. Herhangi iki populasyonun gen havuzları arasında meydana gelen gen transferi olarak tanımlanan gen akıřı (N_m) deęerlerinin 4,186 ve 22,238 arasında deęiřtięi g r lmektedir. Hesaplanan ortalama gen akıřı (N_m) deęeri ise 11,521'dir. Elde edilen bulgular doęrultusunda genetik farklılařmaya gen akıřının etki ettięi s ylenebilmektedir.

5.9. Allel Geniřlikleri (AG)

Syngene jel d k mantasyon cihazı kullanarak elde edilen jel g r nt lerinin Syngene GeneTools programına aktarılması ile PCR  r nlerinin baz  ifti cinsinden molek ler b y kl kleri elde edilmiřtir. Bu doęrultuda allel geniřlikleri  alıřılan t m mikrosatellit lokuslarda Karayaka ve Bafra populasyonları i in ve populasyon ayırt etmeksizin belirlenmiřtir.

T m populasyonlar i in lokusların allel geniřlikleri kıyaslandıęında en y ksek allel geniřlięine sahip lokusun BM4621 lokusu (95-191), en az allel geniřlięine sahip lokusun ise BM143 lokusu (97-133) olduęu g r lmektedir. Karayaka populasyonunda en fazla allel geniřlięine sahip lokus BM4621 (95-155), en az allel geniřlięine sahip lokus ise BM143 (97-117) lokusudur. Bafra populasyonu incelendięinde de Karayaka populasyonunda olduęu gibi ise en fazla allel geniřlięine sahip lokusun BM4621 (97-191), en az allel geniřlięine sahip lokusun BM143 (101-133) lokusu olduęu g r lmektedir. Karayaka populasyonunda BM4621 (95-155) lokusu ile CSRD293 (99-155) lokusunun allel geniřliklerinin birbirlerine olduk a

yakın olduğu görülmektedir. Bafra popülasyonunda ise JMP1 (77-115) lokusu ile MCM214 (71-115) lokusunun allel genişliklerinin birbirlerine oldukça yakın olduğu görülmektedir (Çizelge 5.1).

5.10. Süt Verimlerinin Değerlendirilmesi

Karayaka ve Bafra popülasyonlarına ait süt verimleri Hollanda yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır. Karayaka popülasyonuna ait her bir örneğin örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi Çizelge 5.4'te verilmiştir. Bafra popülasyonuna ait her bir örneğin örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi Çizelge 5.5'te verilmiştir.

Çizelge 5.4. Karayaka popülasyonuna ait her bir örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi

	Örnek Numarası	Laktasyon Süresi (gün)	Laktasyon Süt Verimi (kg)
KRY	KRY1	127	100.14
	KRY2	123	122.35
	KRY3	105	34.91
	KRY4	122	69.17
	KRY5	108	44.50
	KRY6	111	135.64
	KRY7	96	59.86
	KRY8	112	124.94
	KRY9	123	129.40
	KRY10	110	107.66
	KRY11	117	84.04
	KRY12	98	111.28
	KRY13	102	48.86
	KRY14	103	57.32
	KRY15	123	96.95
	KRY16	110	79.31
	KRY17	118	195.35
	KRY18	122	190.41
	KRY19	123	182.72
	KRY20	98	88.98

Çizelge 5.5. Bafra popülasyonuna ait her bir örnek numarası, laktasyon süresi ve laktasyon süt verimi

	Örnek Numarası	Laktasyon Süresi (gün)	Laktasyon Süt Verimi (kg)
	BF1	142	161.56
	BF2	130	139.56
	BF3	89	71.91

Çizelge 5.5. (devam)

	Örnek Numarası	Laktasyon Süresi (gün)	Laktasyon Süt Verimi (kg)
BF	BF4	129	128.74
	BF5	128	143.42
	BF6	91	74.92
	BF7	123	169.13
	BF8	137	160.98
	BF9	138	166.5
	BF10	160	204.56
	BF11	130	120.51
	BF12	130	152.43
	BF13	140	276.36
	BF14	102	117.98
	BF15	132	138.63
	BF16	114	224.18
	BF17	135	144.79
	BF18	128	82.75
	BF19	134	134
	BF20	144	94.82
	BF21	133	139.05
	BF22	147	183.6
	BF23	160	325.76
	BF24	134	221.5
	BF25	151	159.15
	BF26	151	278.67
	BF27	137	182.28
	BF28	119	163.33
	BF29	132	80.42
	BF30	120	156.36
	BF31	146	131.25
	BF32	105	82.01
	BF33	112	145.66
	BF34	140	135.38
	BF35	117	117.2
	BF36	120	59.22

Çizelge 5.4 incelendiğinde Karayaka popülasyonuna ait laktasyon süresinin 96-127 gün arasında değiştiği; laktasyon süt veriminin ise 34.91-195.35 kg arasında değiştiği görülmektedir. Karayaka popülasyonunun ortalama süt verimi 101.18 olarak belirlenmiştir. En yüksek laktasyon süt verimine sahip genotip KRY17, en düşük laktasyon süt verimine sahip genotip ise KRY3'tür.

Çizelge 5.5 incelendiğinde Bafra popülasyonuna ait laktasyon süresinin 89-160 gün arasında değiştiği; laktasyon süt veriminin ise 59.22-325.76 kg arasında değiştiği

görülmektedir. Bafra popülasyonunun ortalama süt verimi 153.82 kg olarak belirlenmiştir. En yüksek laktasyon süt verimine sahip genotip BF23, en düşük laktasyon süt verimine sahip genotip ise BF36'dır.

Allelik varyasyonların değerlendirilmesi her bir lokus bakımından popülasyon bazında yapılmıştır. Lokusların içerdikleri allellerin baz çiftleri ayrı ayrı kodlanarak genotipler oluşturulmuştur. Elde edilen bu genotipler ile süt verimlerinin verilerinden Karayaka ve Bafra popülasyonları için ayrı ayrı grafikler oluşturulmuştur. Her iki popülasyon içinde ortak olan genotiplerin grafikleri ayrıca oluşturulmuş ve popülasyonların ortalama süt verimleri ile kıyaslanmıştır. Elde edilen grafikler ekte sunulmuştur.



6. TARTIŞMA, SONUÇ VE ÖNERİLER

6.1. Tartışma

Tarım ve hayvancılık sektöründe kullanılan moleküler teknolojilerin gelişiminin hız kazanması bu alanda genetik markör ve bağlantı haritalarının geliştirilmesine yardımcı olmuştur (Diez-Tascón vd, 2001). Hayvan yetiştiriciliğinde üreme ve süt üretim özellikleri birbiri ile bağlantılı ve ekonomik açıdan oldukça önemli özelliklerdir (Zhu vd, 2011). Moleküler markörler üreme programlarında genetik açıdan kazanç ve seleksiyonda doğruluk sağlayabilmektedir. Mikrosatellit markörler ise polimorfik ve genom boyunca dağılmış olmalarından dolayı bu çalışmalarda kullanılan ideal markörlerdir (Mekkawy vd, 2012).

Arnyasi vd (2009), İvesi (Awassi) koyunlarında, koyun kromozom 6 (Oar6) üzerinde süt üretimi ve süt kompozisyonunun geliştirmesi amacı ile moleküler markörlerin tespit edilmesini amaçlayan çalışmalarında 13 mikrosatellit lokusunu (BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, DK1183A, MCM214, JMP12) laktoz, yağ ve protein bakımından incelemişlerdir. Çalışma sonucunda BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125 lokuslarının incelenen bu özelliklerin en az biriyle ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. CP125 lokusunun incelenen 13 mikrosatellit lokusu içerisinde allel bakımından somatik hücre sayısını etkileyen en önemli lokus olduğunu bildirmişlerdir. BM9058 lokusunda 145 bç'de bulunan allelin ise süt yağ oranı ile anlamlı bir ilişki gösterdiğini belirtmişlerdir. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmada BM9058, AE101 ve CP125 lokuslarından amplifikasyon alınamamıştır. Bu durumun sebebinin bağlanma bölgelerinde bulunan mutasyonlardan kaynaklı olduğu söylenebilir. Arnyasi vd'nin yaptıkları söz konusu çalışmada MCM53 lokusunda 78 bç'de bulunan allel laktasyon laktozu ile negatif ilişkili olarak bulunmuştur. Ancak allel frekansı en yüksek ikinci frekans olarak belirlenmiştir. BM143 lokusunda 111 bç'de bulunan allel laktasyon süt verimi ve laktoz ile negatif ilişkilere sahip olarak belirlenmiştir. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmada ise BM143 lokusundaki 111 bç'de bulunan allel için süt verimleri

ortalama st verimlerinin altında bir deęerde bulunmuştur. Bu durum Arnyasi vd'nin yaptıkları çalışmayı destekler niteliktedir.

Arnyasi vd (2009)'nin bildirdiklerine gre Churra koyunları zerinde yapılan bir çalışmada protein yzdesini etkileyen BM4311 markrne yakın bir QTL nerilmiştir. Bu literatr bilgisi ile mevcut çalışmalarını kıyasladıklarında BM4311 lokusunda 106 b'lik alleldeki sbstitsyon etkisinin istatistiki olarak anlamlı olduęunu bildirmişlerdir. BM4311 lokusunun koyunlarda ve bykbařlarda kazein kmesinin yakınında yer aldıęını ve bu kazein kmesinin koyun ve sığır kromozomunun en ilgi ekici blgelerinden biri olduęunu belirtmişlerdir. Yapılan arařtırmalar kazein genlerinin st veriminde nemli rol oynadıęını gstermektedir. Arnyasi vd'leri BM4311 lokusunun 106 b'deki allelin istatistiki olarak anlamlı etkisini literatrdeki bu bilgilerle desteklediklerini bildirmişlerdir. Bu tez çalışmasında Bafra populasyonu iin BM4311 lokusunun 106 b'deki allelin st verimi ortalama st veriminin altında bulunmuştur. St verimini belirleyen ok sayıdaki gen arasında bulunan epistatik etkilerin bu durumun ortaya ıkmasına neden olabileceęi dřnlmektedir.

Schible vd (2002), yaptıkları çalışmada somatik hcre sayısı, yaę ve protein yzdesi ile iliřkili olan AE101 lokusuna yakın bir QTL belirlediklerini bildirmişlerdir. Arnyasi vd'leri ise yaptıkları çalışmada AE101 lokusunun allellerinin incelenen hibir zellikte nemli bir etki gstermedięini bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra populasyonları iin yapılan bu çalışmada yrtlen ilk deneylerde AE101, BM9058 ve CP125 lokuslarından amplifikasyon alınamamıştır. Bu nedenle AE101, BM9058 ve CP125 lokuslarında PCR kořulları ile konsantrasyonlar deęiřtirilerek ve 4 farklı mastermix kullanılarak PCR çalışması yinelenmesine raęmen yine de belirtilen lokuslardan amplifikasyon alınamamıştır. Bu durumun sebebinin baęlanma blgelerinde bulunan mutasyonlardan kaynaklı olduęu dřnlmektedir.

Legaz vd (2008), Assaf E. ve yerli İřpanyol st koyunları arasındaki genetik eřitlilięi belirlemek amacıyla 14 mikrosatellit markr kullanmışlardır. alışılan populasyonlarda beklenen heterozigotluk deęerlerinin 0.613 ile 0.796 arasında; F_{IS} deęerlerinin ise -0.025 ile 0.340 arasında deęiřtięini bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra populasyonlarında beklenen heterozigotluk deęerleri sırası ile 0,871 ve 0,919 olarak bulunmuştur. Bu 2 populasyonda hesaplanan F_{IS} deęerleri -0,116 ile 0,690 arasında deęiřtięi grlmektedir. alışmadan elde edilen beklenen heterozigotluk ve

F_{IS} deęerlerinin Legaz vd'nin elde ettikleri bilgiler ile paralellik gsterdięi sylenebilir. Legaz vd'i yaptıkları bu alıřma ile kullandıkları 14 mikrosatellit lokusun st koyunlarında genetik eřitlilięin belirlenmesi amacıyla genetik haritalanmasına yardımcı olabileceęini bildirmişlerdir. Buna ek olarak yrtlen bu tez alıřmasında kullanılan mikrosatellit markrlerin yksek st verimiyle iliřkilendirilebileceęi de ortaya konmuřtur.

Arranz vd (2001b), 18 mikrosatellit lokusu kullanarak altı yerli İřpanyol st koyununda genetik varyasyonu belirlemeyi hedeflemişlerdir. alıřmada kullandıkları mikrosatellit lokuslarının ierisinde BM143 lokusunun gzlenen allel sayısının 6 ile 11 arasında; etkili allel sayısının ise 3.0 ile 6.9 arasında; gen eřitlilięinin ise 0.65 ile 0.86 arasında deęiřtięini bildirmişlerdir. BM4621 lokusunun gzlenen allel sayısı 7 ile 11 arasında; etkili allel sayısının 4.5 ile 7.8 arasında; gen eřitlilięinin ise 0.78 ile 0.87 arasında deęiřtięini bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra populusyonlarında BM143 lokusunun gzlenen allel sayısı 8 ve 13; etkili allel sayısı 3.2 ve 8.2 olarak bulunmuřtur. BM4621 lokusunun gzlenen allel sayısı 15 ve 25; etkili allel sayısı ise 12 ve 17 olarak bulunmuřtur. Karayaka ve Bafra populusyonun gen eřitlilięi ise 0.94 ile 0.93 olarak bulunmuřtur. Bu deęer Arranz vd'nin alıřmasında elde edilen deęere kıyasla nispeten yksek bulunmuřtur. Bu durumunrnek sayısının ve kullanılan markr sayısının Arranz vd'nin alıřmasına kıyasla az olmasından ve dolayısıyla populusyonlardaki allel frekanslarının daha fazla dalgalanma gstermesinden kaynaklandıęı dřnlmektedir. Arranz vd, alıřmada kullandıkları tm mikrosatellit lokusların ierdikleri etkili allel sayılarını belirterek polimorfik olarak belirlemişlerdir. Bu alıřmada kullanılan 9 mikrosatellit lokusu da etkili allel sayıları ve polimorfizm bilgi ierięi gznne alındıęında olduka polimorfik olarak belirlenmiştir. alıřma sonucunda elde edilen bulgular Arranz vd'nin alıřmasıyla benzerlik gstermektedir.

Ghazy vd (2013), yaptıkları alıřmada  Mısır koyun ırkında (Sinai, Rahmani ve Ossimi) genetik eřitlilięin deęerlendirilmesi amacı ile 19 mikrosatellit lokusu kullanmışlardır. Kullanılan bu mikrosatellit lokusları ierisinde BM143, ILSTS87 lokusları st verimi ile ilgili olduęu bildirilen lokuslardır. İncelenen bu alıřmada BM143 lokusunun allel sayıları 12 ve 16; etkili allel sayıları 7.60, 10.13 ve 12.16 olarak bulunmuř, PIC ortalaması ise 0,89 olarak belirlenmiştir. ILSTS87 lokusunun allel sayıları 17, 15 ve 16; etkili allel sayıları 11.76, 12.19 ve 12.00 olarak bulunmuř,

PIC ortalaması ise 0.91 olarak belirlenmiştir. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmada BM143 lokusunun allel sayısı 8 ve 13; etkili allel sayısı 3.2 ve 8.2 olarak bulunmuş, PIC değeri ise 0,85 olarak belirlenmiştir. ILSTS87 lokusunun allel sayısı 18 ve 21; etkili allel sayısı 14.4 ve 13.2 olarak bulunmuş, PIC ortalaması ise 0.93 olarak belirlenmiştir. İncelenen bu çalışmada Wright'ın F istatistiklerine göz atıldığında BM143 lokusu için F_{IS} değerleri 0.045, 0.061 ve -0.020; F_{IT} değeri 0.032; F_{ST} değeri ise 0.024 olarak belirlenmiştir. ILSTS87 lokusu için F_{IS} değerleri 0.262, 0.041 ve 0.292; F_{IT} değeri 0.202; F_{ST} değeri ise 0.028 olarak belirlenmiştir. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmada Wright'ın F istatistiklerine göz atıldığında BM143 lokusu için F_{IS} değerinin 0,606; F_{IT} değerinin 0,628; F_{ST} değerinin ise 0,056 olduğu görülmektedir. ILSTS87 lokusu için ise F_{IS} değerinin 0,000; F_{IT} değeri 0,012; F_{ST} değeri ise 0,013 olarak belirlenmiştir. F_{ST} değeri 0.0-0.5 aralığında olduğunda genetik farklılaşmanın çok düşük olduğu anlamına gelmektedir. F_{ST} değerleri göz önüne alındığında her iki çalışmada da genetik farklılaşmanın çok düşük olduğu söylenebilir. Ghazy vd'i inceledikleri mikrosatellit lokusları içerisinde en düşük allel sayısına sahip lokusun BM143 lokusu olduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmada incelenen mikrosatellit lokusları içerisinde de en düşük allel sayısına sahip lokus BM143 lokusu olarak belirlenmiştir. Ghazy vd yaptıkları çalışma sonucunda çalışılan tüm ırkların yüksek ortalama allel sayılarına sahip olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslarının polimorfik oldukları sonucuna varmışlardır. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmadan elde edilen veriler doğrultusunda kullanılan markörlerin Ghazy vd'nin çalışmasında olduğu gibi yüksek düzeyde bilgi verici markörler olduğu söylenebilir.

Álvarez vd (2004), populasyonlar arasındaki ilişkilerin belirlenmesi amacı ile 6 farklı koyun ırkında 14 mikrosatellit lokusu kullanmışlardır. Bu lokuslar içerisinde MCM53 lokusunun allel sayısı 12 olarak belirlenmiştir. F_{IS} değerinin ise -0.179 ile 0.109 arasında değiştiğini; beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.619 ile 0.708 arasında değiştiğini; gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.564 ile 0.712 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra populasyonları için yapılan bu çalışmada MCM53 lokusunun allel sayısı 12 ile 17 olarak belirlenmiştir. F_{IS} değeri -0.116; beklenen heterozigotluk değerleri 0.874 ile 0.919; gözlenen heterozigotluk değeri ise 1 olarak belirlenmiştir. Elde edilen bulgular karşılaştırıldığında MCM53

lokusunun allel sayılarının birbirine benzer olduđu gör÷lmektedir. Bununla birlikte her iki alıřmada da MCM53 lokusunun y÷ksek heterozigotluk g÷sterdiđi gör÷lmektedir. Her iki alıřmadan elde edilen F_{IS} deđerleri yorumlandığında negatif deđerler rastgele olmayan iftleřmelerden dolayı heterozigotluk fazlalığını temsil etmektedir ve gözlenen heterozigotluk deđerleri bu durumu desteklemektedir. Álvarez vd'leri alıřılan markörlerinin tamamının iftlik hayvanlarında popülasyon alıřmalarında kullanılabileceđini bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra popülasyonlarında MCM53 lokusuna ait heterozigotluk ve PIC deđeri (0.932) birlikte ele alındığında bu lokusun genetik eřitlilik alıřmalarında kullanılmasının uygun olduđu söylenebilir.

Olsen vd (2002), süt sıđırları üzerinde yaptıkları bir alıřmada 3, 5, 6, 11, 13, 18 ve 20 numaralı kromozomlarda 5 süt özelliklerinden bir veya birkaçı (süt verimi, protein yüzdesi, protein verimi, yağ yüzdesi ve yağ verimi) için önerilen QTL'ler tespit etmişlerdir. alıřma sonucunda kromozom 3, 6 ve 20 üzerindeki markörlerin en dođru sonuçlar verdiklerini bildirmişlerdir. alıřmayı literatürle kıyasladıklarında en etkili markörün kromozom 6 üzerinde bulunan FBN9 olduđunu belirtmişlerdir. Kromozom 6 üzerinde bulunan bir diđer markör olan BM143 markörünün ise süt verimi ile iliřkili olduđunu bildirmişlerdir. Karayaka ve Bafra popülasyonlarında yapılan bu alıřmada BM143 lokusuna bakıldığında süt verimi deđerleri kıyaslanarak bu lokusun düşük süt verimi ile iliřkili olabileceđi sonucuna varılmıştır.

6.2. Sonuç

Bu tez çalışmasında ülkemiz önemli yerli gen kaynaklarından biri olan Karayaka ve Bafra genotipine ait koyun populasyonlarının süt verimi karakteri bakımından allelik varyasyonlar karşılaştırmalı olarak mikrosatellit markörler yardımıyla incelenmiştir. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Genetik ve Biyoteknoloji Laboratuvarına daha önce transferi sağlanmış ve -80 °C’de muhafaza toplam 56 adet kan örneği DNA özütleme işlemi yapılmak amacıyla kullanılmıştır. Saf ve yüksek molekül ağırlıklı DNA elde etmek amacıyla Miller vd (1988) tarafından bildirilen DNA özütleme protokolü uygulanmıştır (Miller vd, 1988). Çalışmada 2 farklı koyun genotipini temsil eden toplam 56 adet koyunun tamamı 12 mikrosatellit lokus bakımından (BM143, BM4311, MCM53, BM9058, CP125, BM4621, AE101, JMP1, ILSTS87, CSRD293, MCM214, JMP12) polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) metoduyla çoğaltıldıktan sonra %1’lik agaroz jel ile kontrol edilmiştir. Çalışılan 12 mikrosatellit lokusunda 3 lokustan (BM9058, CP125, AE101) amplifikasyon alınamamıştır. Agaroz jele kıyasla daha iyi bir ayırlama gerçekleştirdiği için PCR ürünleri agaroz jel ile kontrol edildikten sonra poliakrilamid jel elektroforezi ile ayrılmıştır. Verilerin istatistiki analizinde GenePop 4.6 (Rousset, 2008) ve GenAlex 6.5 (Peakall ve Smouse, 2006) programları kullanılmıştır. Karayaka ve Bafra populasyonlarına ait süt verimleri elle sağım yöntemi ile süt denetim günlerinde (ayda 1 kez, toplamda 4 ay olacak şekilde) sağım kabının darası alındıktan sonra tartılarak elde edilmiştir. Tartım sonuçları her bir genotip için ayrı ayrı gram cinsinden kaydedilmiştir. Süt verimlerinin hesaplanmasında Hollanda yönteminden yararlanılmıştır. Çalışma sonucunda mikrosatellit markörler yardımı incelenen genotiplerin süt verimleri ile ilgili allelik varyasyonlar bakımından önemli veriler elde edilmiştir. Elde edilen veriler aşağıda özetlenmiştir.

1. Karayaka ve Bafra populasyonları süt verimleri bakımından BM143, BM4311, MCM53, BM4621, JMP1, ILSTS87, CSRD293, JMP12 ve MCM214 mikrosatellit lokusları ile incelenmiş, lokusların polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırasıyla; 0.853, 0.927, 0.932, 0.950, 0.929, 0.932, 0.919, 0.935 ve 0.934 olarak bulunmuştur. İncelenen bu lokusların tamamı koyun kromozom 6 üzerinde olduğu bildirilen lokuslardır. Koyun kromozom 6’nın ve çalışılan bu lokusların süt verimi ve süt üretim özelliklerinin incelenmesinde uygun markörler olduğu sonucuna varılmıştır.

2. Populasyon ayırt etmeksizin tüm lokuslar için genotiplere ait genetik çeşitlilik parametreleri;

- a. Ortalama allel sayısı (N_a) 16.111
- b. Etkili allel sayısı (N_e) 11,010
- c. Bilgi indeksi (I) 2.506
- d. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.737
- e. Beklenen heterozigotluk (H_e) 0.895
- f. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) 0.184
- g. Genetik çeşitlilik (F_{ST}) 0.028
- h. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IT}) 0.204
- i. Gen akışı (N_m) 11.521

3. Populasyonlar bakımından tüm lokuslar bazında Karayaka populasyonu için genetik çeşitlilik parametreleri;

- a. Ortalama allel sayısı (N_a) 13.667
- b. Etkili allel sayısı (N_e) 9.279
- c. Bilgi indeksi (I) 2.329
- d. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.661
- e. Beklenen heterozigotluk (H_e) 0.871
- f. Fiksasyon indeksi (F) 0.257

4. Populasyonlar bakımından tüm lokuslar bazında Bafra genotipi için genetik çeşitlilik parametreleri;

- a. Ortalama allel sayısı (N_a) 18.556
- b. Etkili allel sayısı (N_e) 12.742
- c. Bilgi indeksi (I) 2.682
- d. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.814
- e. Beklenen heterozigotluk (H_e) 0.919
- f. Fiksasyon indeksi (F) 0.116.

5. Populasyon fark etmeksizin hesaplanmış olan akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerlerine göre MCM53, JMP1, CSRD293 ve MCM214 lokuslarında negatif olan F_{IS} değeri populasyonun Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmanın meydana geldiğini göstermektedir. Bununla birlikte diğer lokuslardaki pozitif bulunan F_{IS} değeri ise homozigotlaşmanın arttığını göstermektedir. F_{IS} değerinin sıfıra yakın bulunması populasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olduğunun bir göstergesidir. Bu çalışmada ortalama F_{IS} değeri 0.184 olarak bulunmuştur. Bu bilgiler doğrultusunda populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu söylenebilir. F_{ST} değerinin 0.0-0.05 aralığında olması populasyonda genetik farklılaşmanın çok düşük olduğunun bir göstergesidir. Bu çalışmada ortalama F_{ST} değeri 0.028 olarak bulunmuştur. Bu bilgiler doğrultusunda populasyonlar içerisindeki hayvanlar arasında genetik farklılaşmanın çok düşük olduğu söylenebilir. En yüksek F_{ST} değerine sahip lokusun BM143 (0.056) lokusu, en düşük F_{ST} değerine sahip lokusun ise JMP1 (0.011) lokusu olduğu görülmektedir.

6. Karayaka populasyonuna ait süt verim bilgileri;

- a. Laktasyon süresi (gün) 96-127 gün arasında
- b. Laktasyon süt verimi 34.91-195.35 kg arasında
- c. Ortalama laktasyon süt verimi 101.18 kg
- d. En yüksek laktasyon süt verimine sahip genotip KRY17
- e. En düşük laktasyon süt verimine sahip genotip KRY3.

f. En düşük laktasyon süt verimine sahip genotipten başlayarak genotiplerin laktasyon süt verim sıralaması; KRY3, KRY5, KRY13, KRY14, KRY7, KRY4, KRY16, KRY11, KRY20, KRY15, KRY1, KRY10, KRY12, KRY2, KRY8, KRY9, KRY6, KRY19, KRY18 ve KRY17 şeklindedir.

7. Bafra populasyonuna ait süt verim bilgileri;

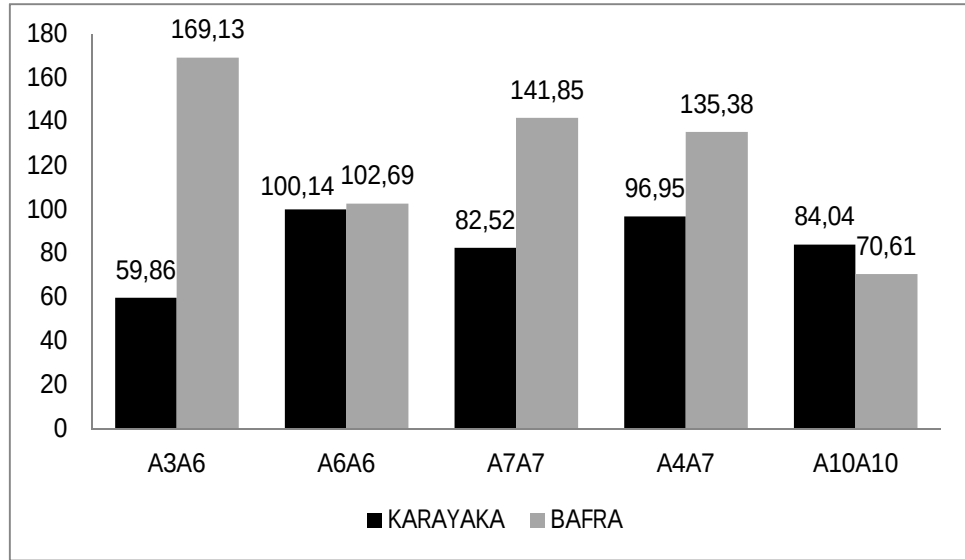
- a. Laktasyon süresi (gün) 89-160 gün arasında
- b. Laktasyon süt verimi 59.22-325.76 kg arasında
- c. Ortalama laktasyon süt verimi 153.82 kg
- d. En yüksek laktasyon süt verimine sahip genotip BF23
- e. En düşük laktasyon süt verimine sahip genotip BF36.

f. En düşük laktasyon süt veriminden başlayarak genotiplerin laktasyon süt verim sıralaması BF36, BF3, BF6, BF29, BF32, BF18, BF20, BF35, BF14, BF11, BF4, BF31, BF19, BF34, BF15, BF21, BF2, BF5, BF17, BF33, BF12, BF30, BF25, BF8, BF1, BF28, BF9, BF7, BF27, BF22, BF10, BF24, BF16, BF13, BF26 ve BF23 şeklindedir.

Her iki populasyon kıyaslandığında en yüksek laktasyon süt verimine sahip genotipin Bafra populasyonunda olduğu görülmektedir. En düşük laktasyon süt verimine sahip genotip ise Karayaka populasyonundadır. Bu bilgiler doğrultusunda Bafra populasyonu laktasyon süt verimi bakımından Karayaka populasyonu ile kıyaslandığında Bafra populasyonun laktasyon süt veriminin daha yüksek olduğu söylenebilir. Bu iki populasyon laktasyon süresi bakımından kıyaslandığında ise aynı şekilde Bafra populasyonunun Karayaka populasyonuna göre daha uzun laktasyon süresine sahip olduğu söylenebilir.

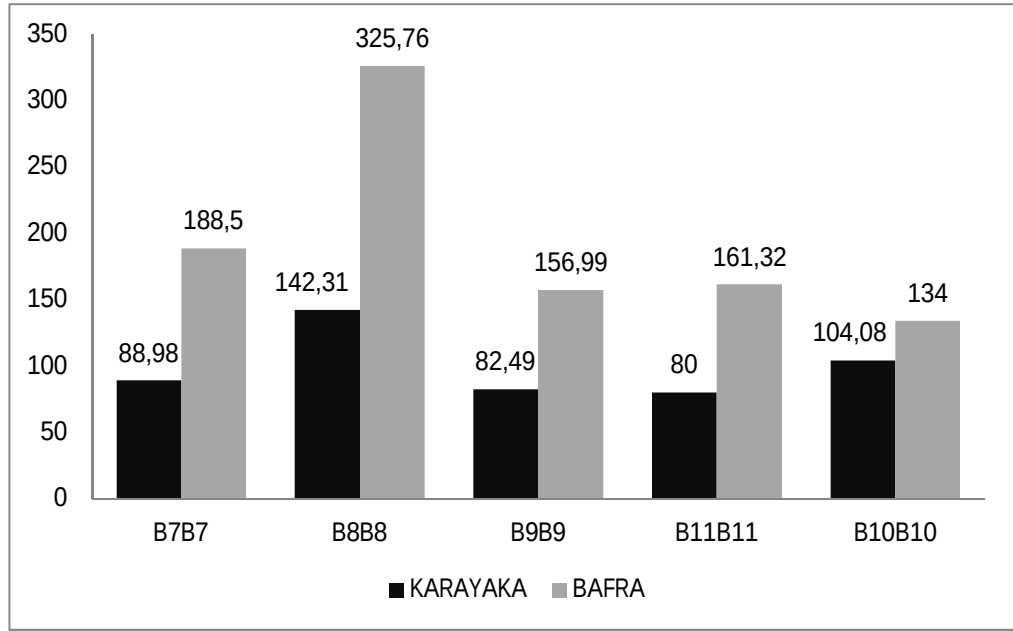
Allelik varyasyonlar bakımından her bir lokus için populasyonlar değerlendirildiğinde;

a. BM143 lokusunda A3A6 (103-109), A6A6 (109-109), A7A7 (111-111), A4A7 (105-111) ve A10A10 (117-117) olmak üzere 5 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda A3A6, A7A7 ve A10A10 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; EE ve Z1F genotiplerinin verimleri ise ortalamaya çok yakın değerdedir. Bafra populasyonunda ise A6A6, A4A7 ve A10A10 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; A7A7 genotipinin verimi ortalamaya yakın; A3A6 genotipi ise ortalamanın üzerinde değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması Şekil 6.1’de verilmiştir.



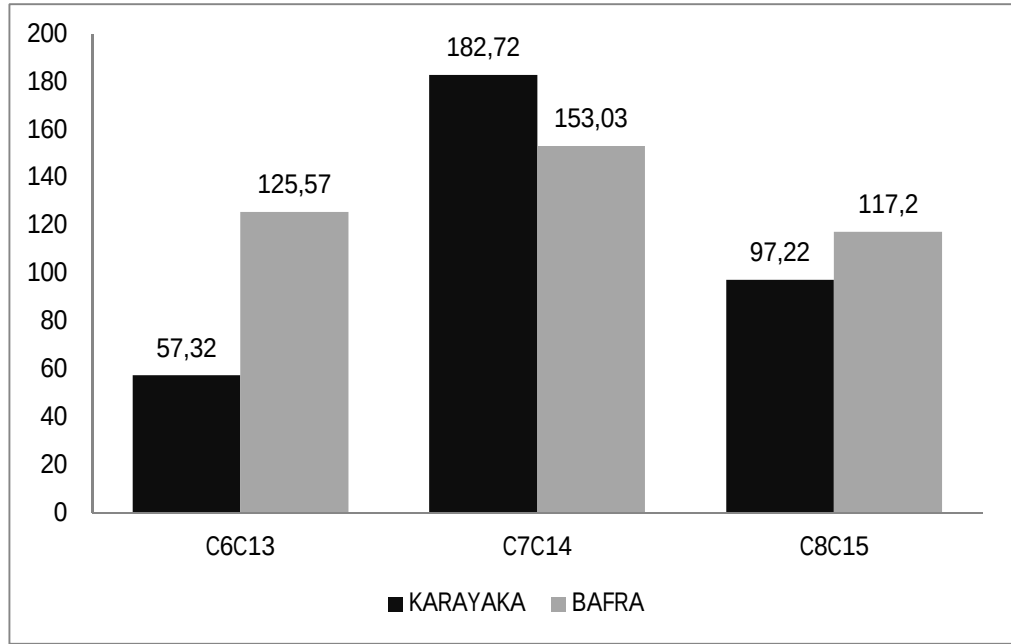
Şekil 6.1. BM143 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

b. BM4311 lokusunda B7B7 (111-111), B8B8 (113-113), B9B9 (115-115), B11B11 (119-119) ve B10B10 (117-117) olmak üzere 5 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda B7B7, B9B9 ve B11B11 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; B8B8 ve B10B10 genotiplerinin verimleri ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise B10B10 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; B7B7, B8B8, B9B9 ve B11B11 genotiplerinin verimi ise ortalamanın üzerinde değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması Şekil 6.2’de verilmiştir.



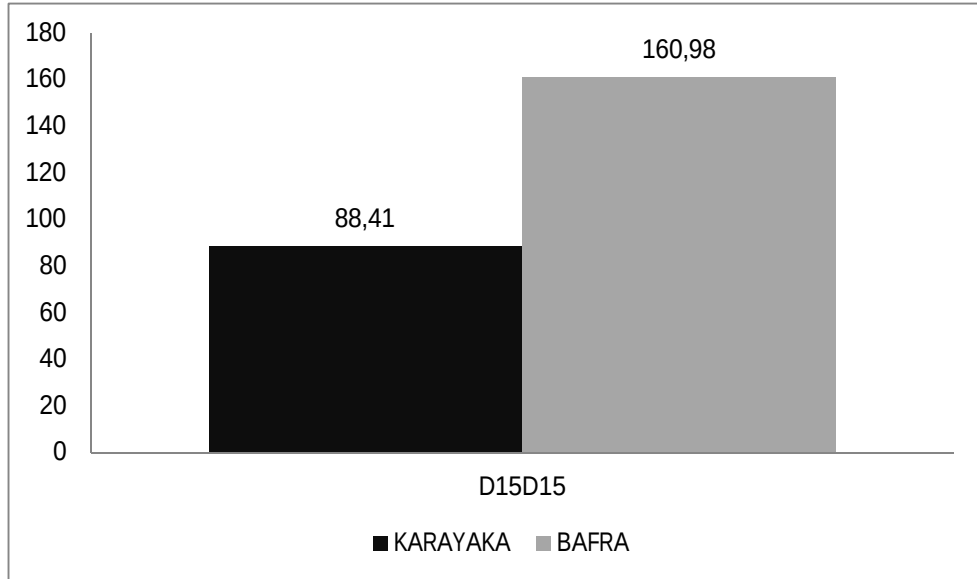
Şekil 6.2. BM4311 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

c. MCM53 lokusunda C6C13 (087-103), C7C14 (089-105) ve C8C15 (091-107) olmak üzere 3 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda C6C13 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; C8C15 genotipinin verimi ortalama süt verimine çok yakın; C7C14 genotipinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise C6C13 ve C8C15 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; C7C14 genotipinin verimi ise ortalamaya yakın bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması Şekil 6.3'te verilmiştir.



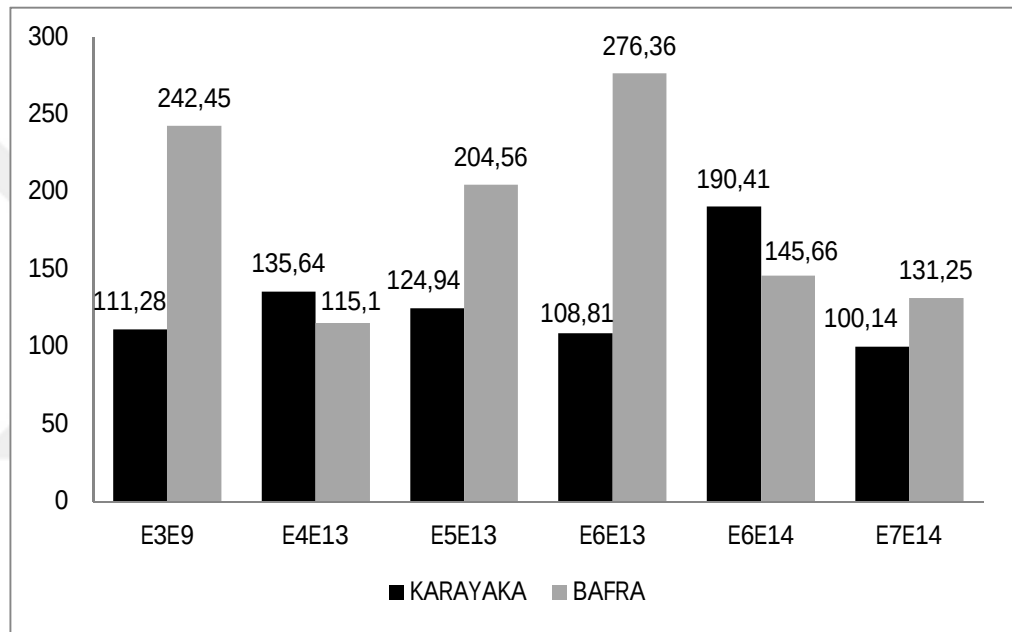
Şekil 6.3. MCM53 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

d. BM4621 lokusunda her iki popülasyonda da sadece D15D15 (114-114) genotipi ortak olarak belirlenmiştir. Bu genotipin verimi Karayaka popülasyonunda ortalama süt veriminin altında, Bafra popülasyonunda ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki popülasyonun kıyaslaması Şekil 6.4'te verilmiştir.



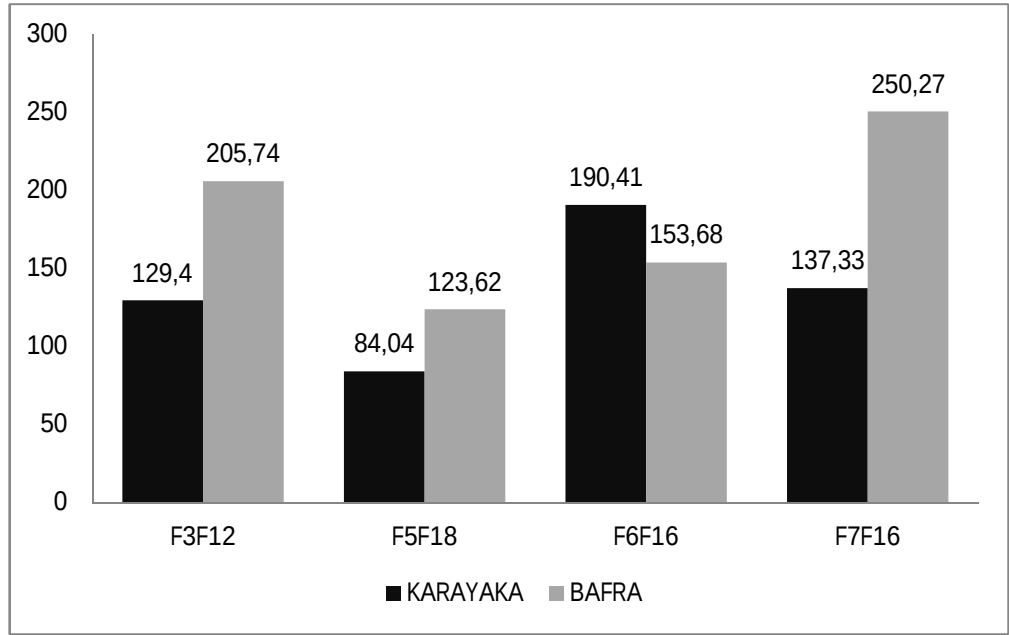
Şekil 6.4. BM4621 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

e. JMP1 lokusunda E3E9 (081-097), E4E13 (085-105), E5E13 (087-105), E6E13 (089-105), E6E14 (089-107) ve E7E14 (091-107) olmak üzere 6 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda E6E13 ve E7E14 genotiplerinin verimi ortalama süt verimine çok yakın; E3E9, E4E13, E5E13 ve E6E14 genotiplerinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise E4E13 ve E7E14 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; E6E14 genotipinin verimi ortalamaya yakın; E3E9, E5E13 ve E6E13 genotiplerinin verimi ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması Şekil 6.5'te verilmiştir.



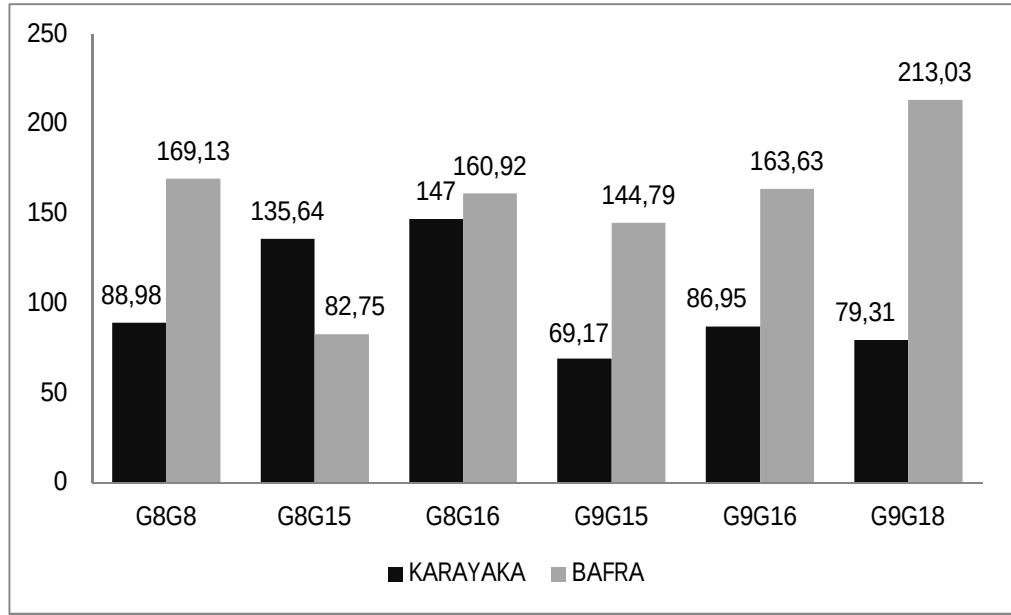
Şekil 6.5. JMP1 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

f. ILSTS87 lokusunda F3F12 (144-170), F5F18 (150-178), F6F16 (152-180) ve F7F16 (154-180) olmak üzere 4 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda F5F18 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; F3F12, F6F16 ve F7F16 genotiplerinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise F5F18 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; FP genotipinin verimi ortalamaya yakın; F3F12 ve F7F16 genotiplerinin verimi ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması Şekil 6.6'da verilmiştir.



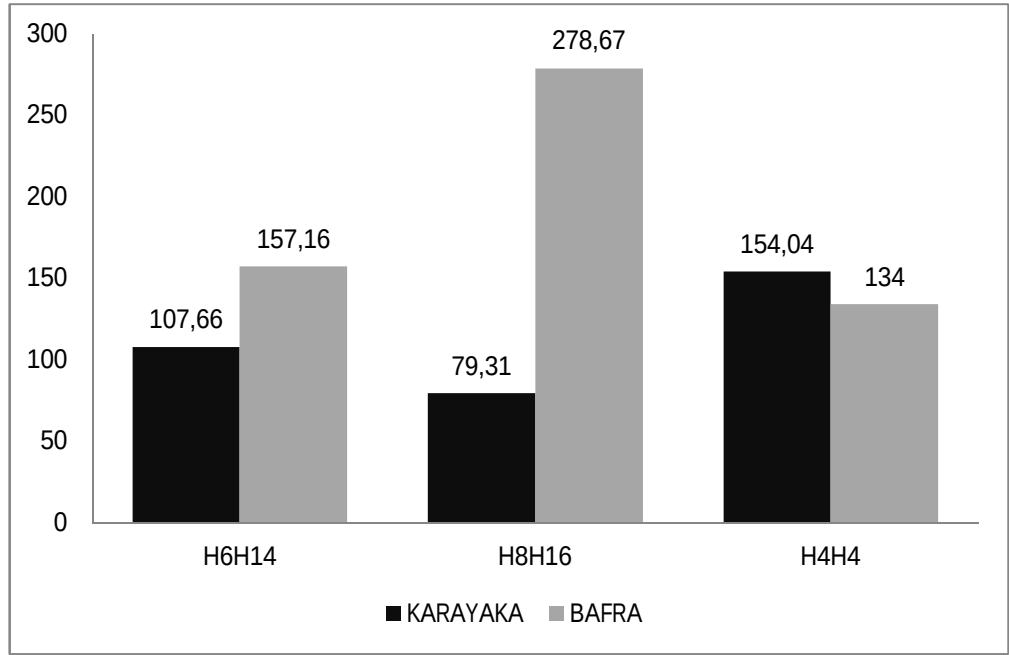
Şekil 6.6. ILSTS87 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

g. CSRD293 lokusunda G8G8 (117-117), G8G15 (117-137), G8G16 (117-139), G9G15 (119-137), G9G16 (119-139) ve G9G18 (119-143) olmak üzere 6 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda G8G8, G9G15, G9G16 ve G9G18 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; G8G15 ve G8G16 genotiplerinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise G8G15 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; G9G15 genotipinin verimi ortalamaya yakın; G8G8, G8G16, G9G16 ve G9G18 genotiplerinin verimi ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması şekil 6.7’de verilmiştir.



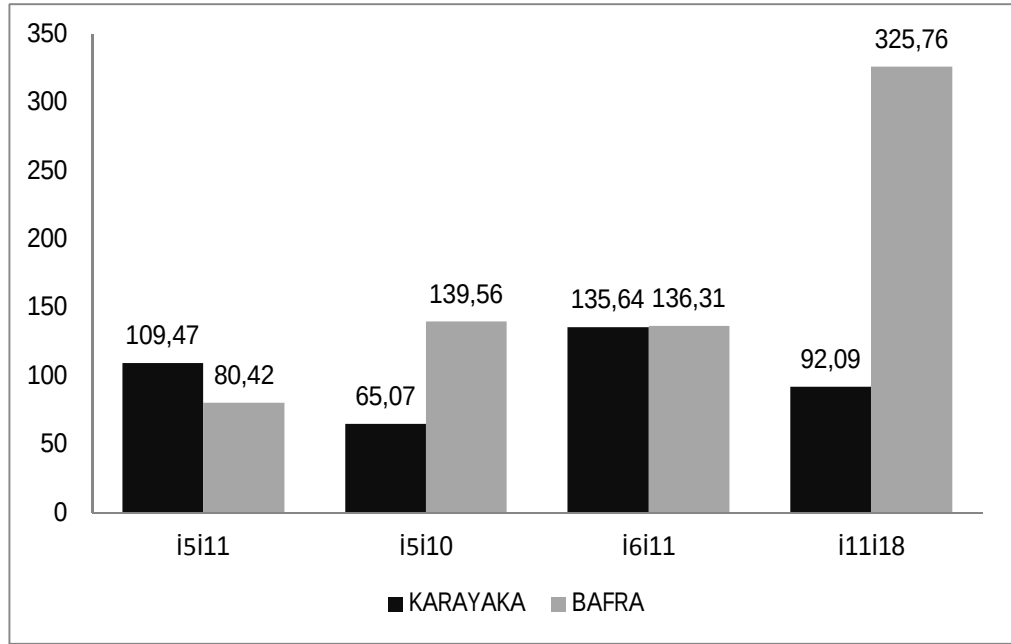
Şekil 6.7. CSRD293 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

h. JMP12 lokusunda H6H14 (131-154), H8H16 (135-158) ve H4H4 (127-127) olmak üzere 3 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda H8H16 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; EL genotipinin verimi ortalama süt verimine yakın; H4H4 genotipinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise H4H4 genotipinin verimi ortalama süt veriminin altında; H6H14 ve H8H16 genotiplerinin verimi ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması şekil 6.8’de verilmiştir.



Şekil 6.8. JMP12 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

1. MCM124 lokusunda İ5İ11 (079-092), İ5İ10 (079-090), İ6İ11 (081-092) ve İ11İ18 (092-108) olmak üzere 4 genotip hem Karayaka hem de Bafra populasyonlarında ortak olarak belirlenmiştir. Karayaka populasyonunda İ5İ10 ve İ11İ18 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında; İ5İ11 genotipinin verimi ortalama süt verimine yakın; İ6İ11 genotipinin verimi ise ortalamanın üzerinde bir değerdedir. Bafra populasyonunda ise İ5İ11, İ5İ10 ve İ6İ11 genotiplerinin verimi ortalama süt veriminin altında İ11İ18 genotipinin verimi ise ortalama süt veriminin üzerinde bir değerdedir. Her iki populasyonun kıyaslaması şekil 6.9’da verilmiştir.



Şekil 6.9. MCM214 lokusunda ortak genotiplerin ortalama süt verimleri ile kıyaslaması

6.3. Öneriler

Evcilleştirilen ilk hayvanlardan biri olması, düşük verimli meralardan kolaylıkla yaralanabilmesi ve adaptasyon yeteneği gibi sebeplerden dolayı ülkemizde küçükbaş hayvancılık içerisinde koyunun önemi oldukça fazladır. Hem coğrafik yapı olarak hem de meraları bakımından ülkemizin konumu bu önemi destekler niteliktedir. Küçükbaş hayvanlardan elde edilen başlıca verimler arasında en önemlilerini et, süt ve yapağı verimi oluşturmaktadır. Geleneksel anlamda süregelen yetiştiricilik düzenine bakıldığında ülkemizde kâr ve verimliliği artırmak amacı ile et, süt ve yapağı verimini artırma üzerine yoğunlaşıldığı görülmektedir. Hayvansal besin gereksinimlerinin giderilmesi amacıyla et üretimine ve et verimin artırılmasına öncelik verildiği görülmektedir. Ancak süt üretimi evcilleştirmenin başlaması ile küçükbaş hayvancılık alanında yetiştiricilik yapan insanlarda garanti bir gelir kaynağı olarak görülmüştür.

Koyunlarda süt verimi, süt verim özellikleri ve süt bileşenleri için yapılan moleküler genetik çalışmaların sığırlarla karşılaştırıldığında oldukça yetersiz olduğu görülmektedir. Bununla birlikte değerlendirilme olanağının fazla olması, tarımda sürdürülebilirliği sağlaması ve dünyada önemli bir pazar payına sahip olması gibi sebeplerden dolayı bu araştırmaların sayısı giderek artmaktadır. Çalışılan markörlerin yüksek düzeyde anlamlılık göstermesi, elde edilen sonuçların literatürle

karşılaştırıldığında koyun ve sığır populasyonlarından elde edilen sonuçlarla uyumlu ve benzer olması; koyun populasyonlarında süt verimi, süt üretim özellikleri ve süt bileşenleri ile ilişkili olduğu bildirilen OAR6'nın daha fazla araştırılması gerektiğini göstermektedir. Böylece damızlık seçiminin daha doğru yapılmasına olanak sağlanmakla birlikte süt veriminin ıslahı da kolaylaşabilecektir. Bireylerin süt verimi bakımından gerçek verim kabiliyetlerinin belirlenmesi moleküler anlamda mümkün olabilecektir. Süt verimini ve süt üretim özelliklerini etkileyen her faktör moleküler anlamda belirlenebilecektir. Moleküler genotipleme çalışmaları daha çok hayvanda ve daha fazla lokusta yapılmalı, elde edilen sonuçlardan ıslah amaçlı yapılan çiftleştirme programlarında yararlanılmalıdır. Bu amaçla mikrosatellit markörler, bu tez çalışmasında genetik farklılaşmanın ve süt verimi ile ilgili olduğu düşünülen lokusların tespitinde kullanılmıştır.

KAYNAKLAR

- Ağaoğlu, Ö. 2010. Türkiye'deki bazı yerli keçi ırklarında mikrosatellit polimorfizminin belirlenmesi. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Genetik Anabilim Dalı, 235, Ankara.
- Akman, N., Emiroğlu, M. ve Tavmen, A. 2001. *Dünya'da Avrupa Birliği'nde Türkiye'de koyunculuk, hayvansal üretim ve ticareti*. Numune Matbaacılık, İstanbul.
- Al-Atiyat, R., Flood, W., Franklin, I., Kinghorn, B. and Ruvinsky, A. 2016. Microsatellite-based genetic variation and differentiation of selected Australian Merino sheep flocks. *Small Ruminant Research*, 136, 137-144.
- Al-Samarai, F. R. and Al-Kazaz, A. A. 2015. Molecular markers: An introduction and applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*, 118-130.
- Altın, T. 2001. Koyunlarda süt veriminin laktasyon boyunca değişimi ve farklı yöntemlere göre tahmin edilmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 11, 1-7.
- Altın, T., Karaca, O., Cemal, İ., Yılmaz, M. ve Yılmaz, O. 2005. Kıvırcık ve Karya kuzularda besi ve karkas özellikleri. *Hayvansal üretim*, 46.
- Álvarez, I., Royo, L., Fernandez, I., Gutiérrez, J., Gómez, E. and Goyache, F. 2004. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. *Journal of animal science*, 82, 2246-2252.
- Anonim, 2016. Food and Agriculture Organization of the United Nations Live Animals Statistics. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QA> (Erişim Tarihi: 14.11.2018).
- Anonim, 2018a. Türkiye İstatistik Kurumu Veritabanları, Hayvancılık İstatistikleri. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=101&locale=tr> (Erişim tarihi: 08.11.2018).
- Anonim, 2018c. Karayaka koyun ırkı. <https://nebyandogal.com/yerli-irk-karayaka-koyunu/> (Erişim Tarihi: 18.04.2018).
- Anonim, 2018d. Sakız koyun ırkı. <http://www.turkbesi.com/sakiz-koyunu-cesme-koyunu.html> (Erişim Tarihi: 18.04.2018).
- Arif, I. A. and Khan, H. A. 2009. Molecular markers for biodiversity analysis of wildlife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32, 9-17.
- Arnyasi, M., Komlosi, I., Lien, S., Czegledi, L., Nagy, S. and Javor, A. 2009. Searching for DNA markers for milk production and composition on chromosome 6 in sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126, 142-147.
- Arranz, J.-J., Bayón, Y. and San Primitivo, F. 2001a. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. *Genetics Selection Evolution*, 33, 529.

- Arranz, J., Bayon, Y. and San Primitivo, F. 2001b. Genetic variation at microsatellite loci in Spanish sheep. *Small Ruminant Research*, 39, 3-10.
- Arranz, J. J. and Gutiérrez-Gil, B. 2012. *Milk production-advanced genetic traits, cellular mechanism, animal management and health*. InTech, 97-126.
- Ata, N. 2012. Çine Çaparı ve Karya koyunlarda Calpastatin gen polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, 84, Aydın.
- Attia, M., Abou-Bakr, S. and Hafez, Y. M. 2014. Genetic polymorphism of seven microsatellite DNA markers in Egyptian buffalo. *Animal Biotechnology (Cattles, Buffalo)*, 7, 7.
- Aytekin, İ. 2006. Güney Karaman koyun ırkında genetik polimorfizmin RAPD-PCR yöntemi ile belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, 79, Konya.
- Barillet, F., Arranz, J.-J. and Carta, A. 2005. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphisms of milk proteins in dairy sheep. *Genetics Selection Evolution, BioMed Central*, 109.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. and Davis, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32, 314.
- Crawford, A. M., Dodds, K. G., Ede, A. J., Pierson, C. A., Montgomery, G. W., Garmonsway, H. G., Beattie, A. E., Davies, K., Maddox, J. F. and Kappes, S. W. 1995. An autosomal genetic linkage map of the sheep genome. *Genetics*, 140, 703-724.
- Çobanoğlu, Ö. 2018. Genetic diversity in terms of GHR gene in some cattle breeds raised in Turkey. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 6, 1329-1333.
- Demir, S. 2015. Türkiye'de yetişen yerel emmer buğday [*Triticum turgidum* L. ssp. *dicoccon* (Schränk) Thell.] popülasyonlarında genetik çeşitliliğin moleküler yöntemlerle karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Hitit Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı, 91, Çorum.
- Demirtaş, Z. 2018. Bazı yerli ve melez evcil kaz popülasyonlarında genetik çeşitliliğin mikrosatellit markörler yardımıyla belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, 95, Samsun.
- Diez-Tascón, C., Bayón, Y., Arranz, J.-J., De La Fuente, F. and San Primitivo, F. 2001. Mapping quantitative trait loci for milk production traits on ovine chromosome 6. *Journal of Dairy Research*, 68, 389-397.
- Ellegren, H. 2004. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature reviews genetics*, 5, 435.
- Ertuğrul, M., Dellal, G., Soysal, İ., Elmacı, C., Akın, O., Arat, S., Barıtcı, İ., Pehlivan, E. ve Yılmaz, O. 2009. Türkiye Yerli Koyun Irklarının Korunması. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23, 97-119.

- Esen, F. ve Özbey, O. 2001. Sakız x Akkaraman Melezi (F1 ve G1) kuzularda verim özellikleri. II. Besi performansı, kesim ve karkas özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 25, 953-959.
- Esmailizadeh, A. K. 2010. A partial genome scan to identify quantitative trait loci affecting birthweight in Kermani sheep. *Small Ruminant Research*, 94, 73-78.
- Farid, A., O'reilly, E., Dollard, C. and Kelsey JR, C. 2000. Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. *Canadian Journal of Animal Science*, 80, 9-17.
- Ghazy, A., Mokhtar, S., Eid, M., Amin, A., Elzare, M., Kizaki, K. and Hashizume, K. 2013. Genetic diversity and distances of three Egyptian local sheep breeds using microsatellite markers. *Research in Zoology*, 3, 1-9.
- Gour, D. S., Malik, G., Ahlawat, S., Pandey, A., Sharma, R., Gupta, N., Gupta, S., Bisen, P. and Kumar, D. 2006. Analysis of genetic structure of Jamunapari goats by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 66, 140-149.
- Görür, O. T., Taşkın, Y., Çıplak, E., Göktaş, G., Polat, N., Akın, K., Özcan, T., Yüksel, S., Artık, M. ve Sarıca, Y. 2012. *Küçükbaş Hayvancılık Çalıştay Raporu*. Hakkari.
- Gutiérrez-Gil, B., El-Zare, M., Alvarez, L., Bayón, Y., De La Fuente, L., San Primitivo, F. and Arranz, J. J. 2009. Quantitative trait loci underlying milk production traits in sheep. *Animal Genetics*, 40, 423-434.
- Haynes, N. B. 2006a. *Sağlıklı çiftlik hayvanları yetiştiriciliği*. Yüce Ofset Yayınevi, 388-389, Ankara.
- Haynes, N. B. 2006b. *Sağlıklı çiftlik hayvanları yetiştiriciliği*. Yüce Ofset Yayınevi, 433-436, Ankara.
- Hulme, D. J., Smith, A. J., Silk, J. P., Redwin, J. M. and Beh, K. J. 1995. Polymorphic sheep microsatellites at the McM2, McM131, McM135, McM136, McM140, McM200, McM214, McM373, McM505, McM507 and McM512 loci. *Animal Genetics*, 26, 369-370.
- Iamartino, D., Bruzzone, A., Lanza, A., Blasi, M. and Pilla, F. 2005. Genetic diversity of Southern Italian goat populations assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*, 57, 249-255.
- İnce, D. ve Ayhan, V. 2008. Koyunlarda karkas kalitesinin belirlenmesinde kullanılan yöntemler. *Hayvansal üretim*, 49.
- Işık, S. 2010. Bafra koyununun (Sakız x Karayaka G1) Kazım Karabekir Tarım İşletmesi şartlarında döl verimi, yaşama gücü ve büyüme özellikleri. Doktora Tezi, Kafkas Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Zootehni Anabilim Dalı, 80, Kars.
- Karaca, O., Akyüz, N., Andıç, S. ve Altın, T. 2003. Karakaş koyunlarının süt verim özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 27, 589-594.
- Kayalık, M. Ş. ve Bingöl, M. 2015. Tüm yönleriyle morkaraman koyunları. *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 5, 89-97.
- Kaymakçı, M. ve Engindeniz, S. 2010. Türkiye’de keçi yetiştiriciliği: sorunlar ve çözümler. *Ulusal Keçicilik Kongresi 24–26 Haziran 2010*, 1-25.

- Kırıkçı, K. 2017. Karayaka koyun ırkının genetik karakterizasyonu. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 126, Samsun.
- Legaz, E., Álvarez, I., Royo, L., Fernández, I., Gutiérrez, J. and Goyache, F. 2008. Genetic relationships between Spanish Assaf (Assaf. E) and Spanish native dairy sheep breeds. *Small Ruminant Research*, 80, 39-44.
- Leitner, G., Silanikove, N. and Merin, U. 2008. Estimate of milk and curd yield loss of sheep and goats with intramammary infection and its relation to somatic cell count. *Small Ruminant Research*, 74, 221-225.
- Lord, E. A., Lumsden, J. M., Dodds, K. G., Henry, H. M., Crawford, A. M., Ansari, H. A., Pearce, P. D., Maher, D. W., Stone, R. T. and Kappes, S. M. 1996. The linkage map of sheep chromosome 6 compared with orthologous regions in other species. *Mammalian Genome*, 7, 373-376.
- Lumsden, J. M., Lord, E. A. and Montgomery, G. W. 1996. Characterization and linkage mapping of sheep microsatellite markers derived from a sheep x hamster cell hybrid. *Animal Genetics*, 27, 203-206.
- Maddox, J. F. and Cockett, N. E. 2007. An update on sheep and goat linkage maps and other genomic resources. *Small Ruminant Research*, 70, 4-20.
- Maijala, K. 1997. Genetic aspects of domestication, common breeds and their origin. *The genetics of sheep*, 13-49.
- Mburu, D. and Hanotte, O. 2005. *A practical approach to microsatellite genotyping with special reference to livestock population genetics*, 9-10, 82, Asia.
- McPherson, M. and Møller, S. 2007. *PCR*. Taylor & Francis, London.
- Meadows, J. R. S., Cemal, I., Karaca, O., Gootwine, E. and Kijas, J. W. 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175, 1371-1379.
- Mekkawy, W., Hafez, Y., Attia, M., Abdel-Salam, S. and Abou-Bakr, S. 2012. Association analysis between microsatellite DNA markers and milk yield and its components in Egyptian buffaloes using a random regression model. *Egyptian Journal of Animal Production*, 49, 9-18.
- Meng, E., Smale, M., Ruffa, H., Brennan, J. P. and Godden, D. 1999. Measurement of crop genetic diversity in economic analysis. *43rd annual conference of the Australian Agricultural and Resource Economics Society*, Christchurch, New Zealand.
- Mercan, L. 2010. Yerli tavuk genotiplerinin ticari genotipler ile olan genetik farklılığının SSR (Simple Sequence Repeats-Basit Dizi Tekrarları) yöntemi ile analizi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 159, Samsun.
- Mete, Ö. S. 2016. Yerli kıl keçilerinde büyüme hormonu gen polimorfizmi ve büyüme özellikleri ile ilişkisi. Yüksek Lisans Tezi, Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 58, Aydın.
- Miller, S., Dykes, D. and Polesky, H. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic acids research*, 16, 1215.

- Mundan, D. 2003. Akkaraman , Kıvırcık x Akkaraman G1 ve Sakız x Akkaraman G1 koyunlarda süt verim özellikleri ile kuzularda büyüme ve yaşama gücü. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 103, Ankara.
- Olfaz, M. 2004. Karayaka kuzularında besi ve karkas özelliklerinin ıslahında yabancı ırklardan yararlanma olanakları. 4. *Ulusal Zootečni Bilim Kongresi*, 39-45.
- Olsen, H., Gomez-Raya, L., Våge, D., Olsaker, I., Klungland, H., Svendsen, M., Ådnøy, T., Sabry, A., Klemetsdal, G. and Schulman, N. 2002. A genome scan for quantitative trait loci affecting milk production in Norwegian dairy cattle. *Journal of dairy science*, 85, 3124-3130.
- Özdemir, M. ve Doğru, Ü. 2007. Genetik karakterizasyonda mitokondriyal DNA kullanımı. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 38:1, 105-111.
- Özşensoy, Y. ve Kurar, E. 2012. Markör sistemleri ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanımları. *Journal of Cell & Molecular Biology*, 10.
- Öztürk, Y. ve Odabaşıoğlu, F. 2011. Van ve yöresinde Hamdani koyunlarının verimleri ve morfolojik özelliklerinin araştırılması; II. kuzularda büyüme, yaşama gücü, besi performansı kesim ve karkas özellikleri. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 22, 81-87.
- Peakall, R. and Smouse, P. E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*, 6, 288-295.
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J. J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F. and Bayón, Y. 2005. Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 272, 2211-2217.
- Piripi, S. 2008. Chondrodysplasia of Texel sheep. Doctoral Disertation, Massey University, 232, New Zealand.
- Pokhriyal, B., Thorat, K., Limaye, D., Joshi, Y., Kadam, V. and Dubey, R. 2012. Microsatellite markers—a novel tool in molecular genetics. *International Journal of Research in Pharmacy and chemistry*, 2, 397-412.
- Raza, S., Shoaib, M. W. and Mubeen, H. 2016. Genetic markers: Importance, uses and applications, 6.
- Rousset, F. 2008. Genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources*, 8, 103-106.
- Saeed, A. F., Wang, R. and Wang, S. 2016. Microsatellites in pursuit of microbial genome evolution. *Frontiers in microbiology*, 6, 1462.
- Schibler, L., Roig, A., Neau, A., Amigues, Y., Boscher, M., Cribiu, E., Boichard, D., Rupp, R. and Barillet, F. 2002. Detection of Quantitative trait loci affecting milk production or somatic cell score in three French dairy sheep breeds by partial genotyping of seven chromosomes. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France.
- Selkoe, K. A. and Toonen, R. J. 2006. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology letters*, 9, 615-629.

- Semerci, A. ve Çelik, A. D. 2016. Türkiye’de küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin genel durumu. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21, 182-196.
- Soysal, İ. 2004. *Türkiye yerli hayvan genetik kaynaklarımız*, 61-81, Tekirdağ.
- Sürmen, E. G. 2018. Türkiye yerli keçi ırklarında mikrosatellit DNA polimorfizm tekniğinin kullanılması ile ebeveyn tayini. Yüksek Lisans Tezi, Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, 72, Tekirdağ.
- Taberlet, P., Coissac, E., Pansu, J. and Pompanon, F. 2011. Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes rendus biologies*, 334, 247-254.
- Uzun, M., Gutiérrez-Gil, B., Arranz, J.-J., San Primitivo, F., Saatci, M., Kaya, M. and Bayón, Y. 2006. Genetic relationships among Turkish sheep. *Genetics Selection Evolution*, 38, 513.
- Ün, C., Wimmers, K., Ponsuksili, S., Schmoll, F. ve Schellander, K. 2000. Mikrosatellitler ve kullanım alanları. *Hayvansal üretim*, 41.
- Ünal, N., Akçapınar, H., Atasoy, F., Yakan, A. ve Uğurlu, M. 2008. Bafra koyunlarında bazı meme özellikleri ve kuzularda büyüme ile bu özelliklerin farklı süt kontrol yöntemleriyle tespit edilen süt verimi ve sağım özellikleriyle fenotipik korelasyonları. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 55, 117-124.
- Ünal, N., Atasoy, F., Aytaç, M. ve Akçapınar, H. 2002. Akkaraman, Sakız x Akkaraman F1, Kıvrıcık x Akkaraman F1 ve Sakız x Karayaka G1 koyunlarda ilk laktasyon süt verim özellikleri. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 26, 617-622.
- Wright, S. 1978. *Evolution and the genetics of populations: a treatise in four volumes: Vol. 4: variability within and among natural populations*. University of Chicago Press, Chicago.
- Yakan, A. 2008. Bafra (Sakız x Karayaka G1) kuzularında farklı kesim ağırlıklarında besi performansı, kesim, karkas ve bazı et kalitesi özellikleri. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 99, Ankara.
- Yakan, A. 2012. Koyun ve keçilerde süt verim kontrol yöntemleri ve laktasyon süt veriminin hesaplanması. *AVKAE Dergisi*, 2, 18-23.
- Yang, H-B., Kang, W-H., Nahm, S-H. ve Kang, B-C. 2015. *Current technologies in plant molecular breeding*. Springer, 15-50.
- Yardımcı, M. 2001. Akkaraman, Sakız x Akkaraman melezi F1 koyunlarının süt verimi ve meme özelliklerinin karşılaştırılması. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Zootečni Anabilim Dalı, 68, Ankara.
- Yıldıran, F. A. 2009. Türkiye’nin bazı yerli koyun ırklarında genetik polimorfizmin mikrosatellit yöntemi ile analizi. Doktora Tezi, Kırıkkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 104, Kırıkkale.
- Yıldız, G. 2018. Türkiye’de yetiştirilen bazı koyun ırklarında ebeveyn tayini. Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü , Biyokimya (Veterinerlik) Anabilim Dalı, 111, Konya.

- Zane, L., Bargelloni, L. and Patarnello, T. 2002. Strategies for microsatellite isolation: A review. *Molecular ecology*, 11, 1-16.
- Zhu, G., Cui, Y., Song, Y., Wang, J. and Cao, B. 2011. Screening of seven microsatellite markers for litter size in Xinong Saanen dairy goat. *African Journal of Biotechnology*, 10, 8523-8528.



EKLER

EK 1 BM143 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 2 BM4311 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 3 MCM53 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 4 BM4621 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 5 JMP1 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

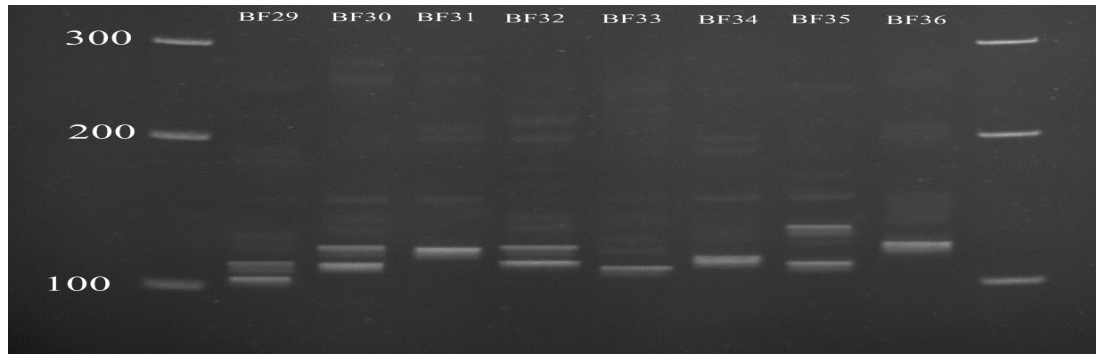
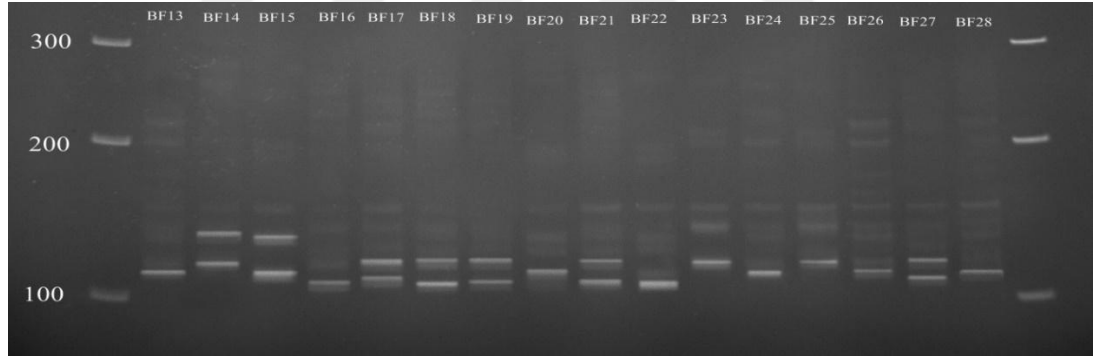
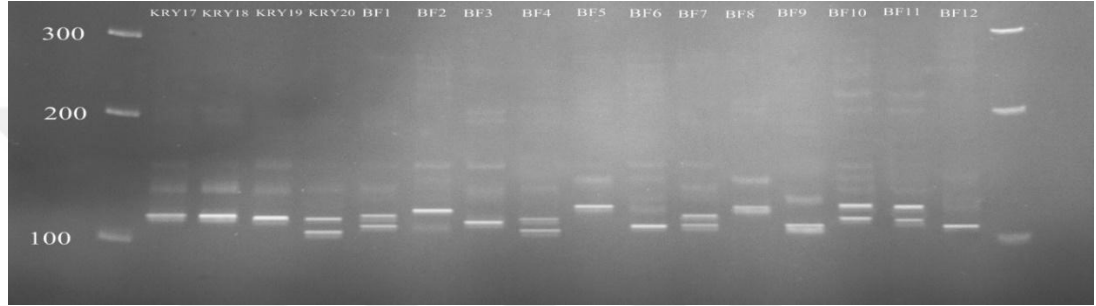
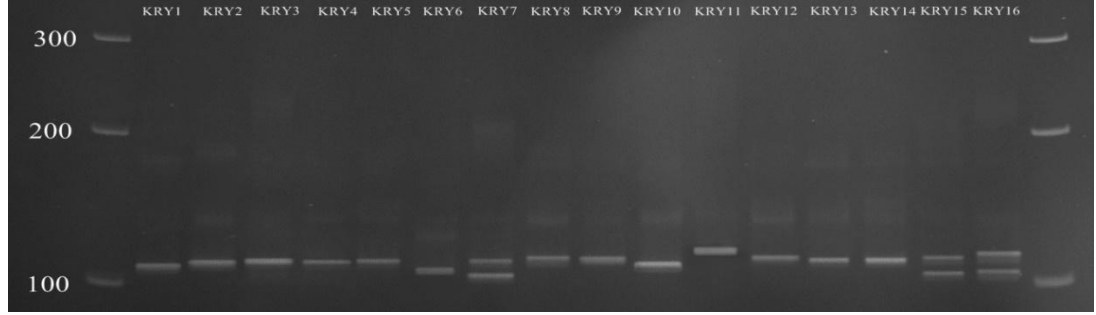
EK 6 ILSTS87 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 7 CSRD293 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

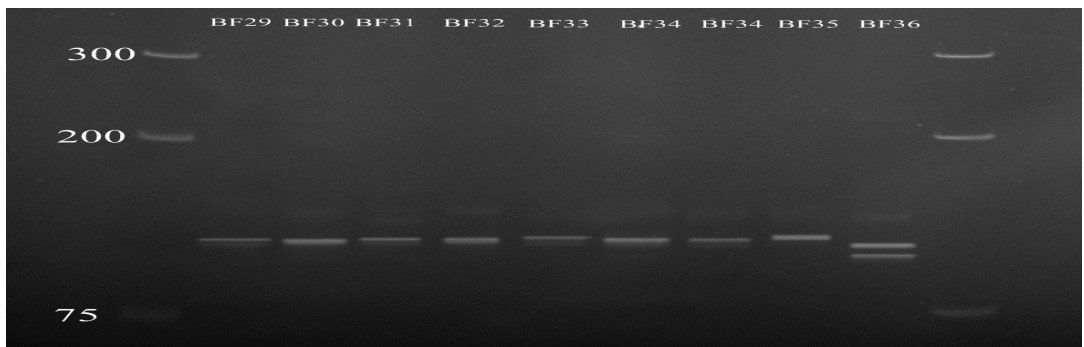
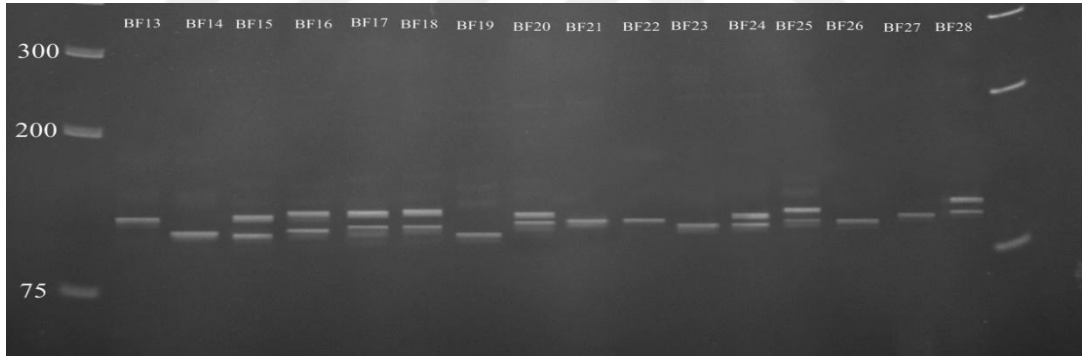
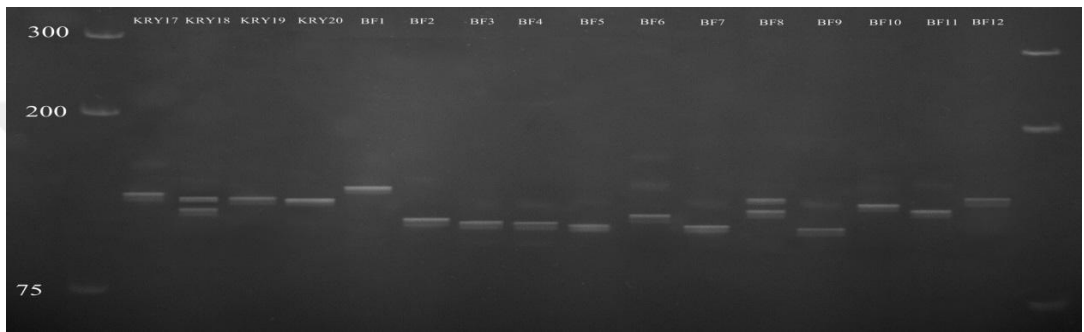
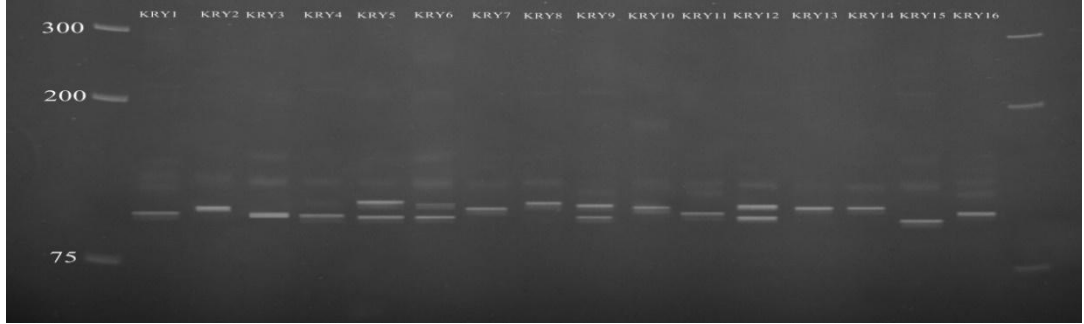
EK 8 JMP12 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

EK 9 MCM214 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU
ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ

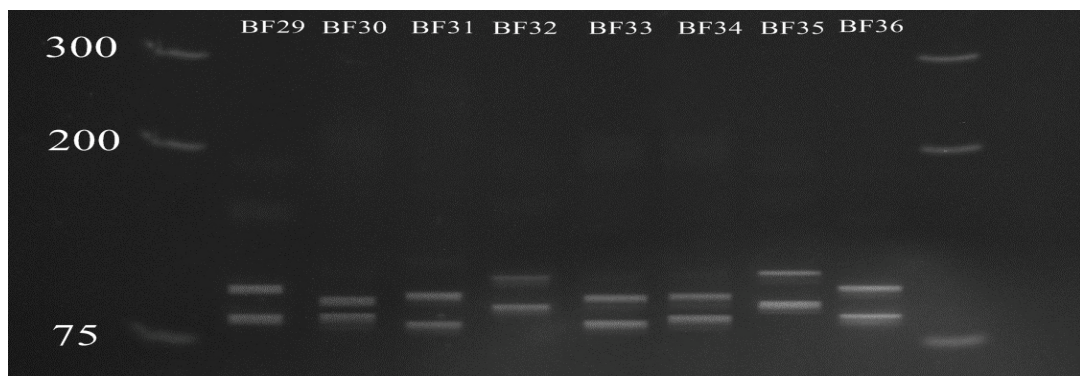
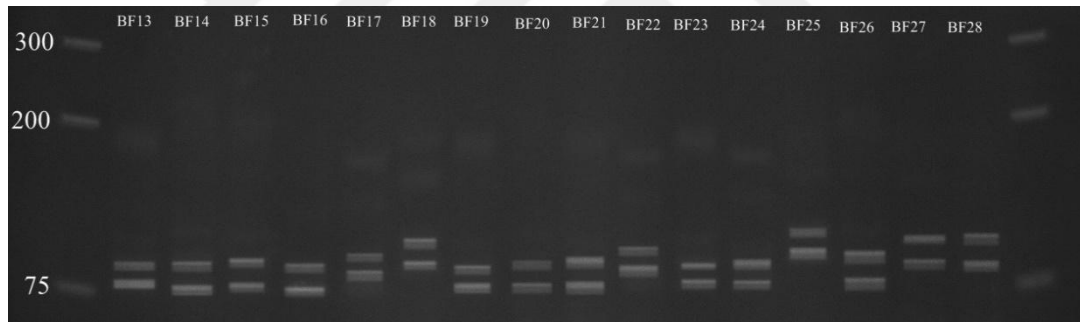
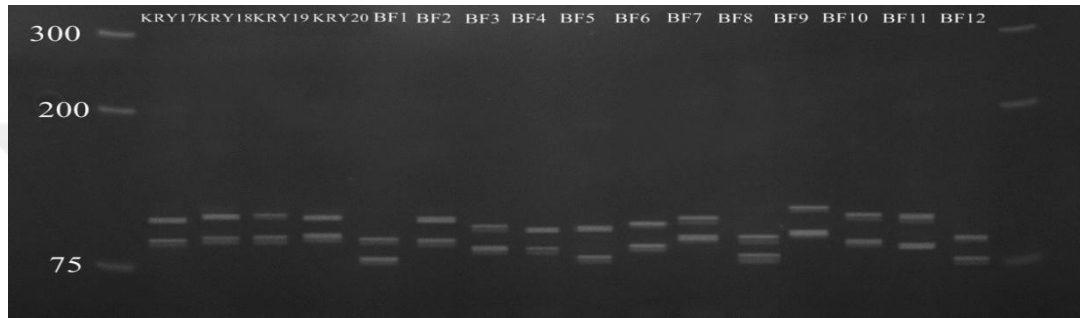
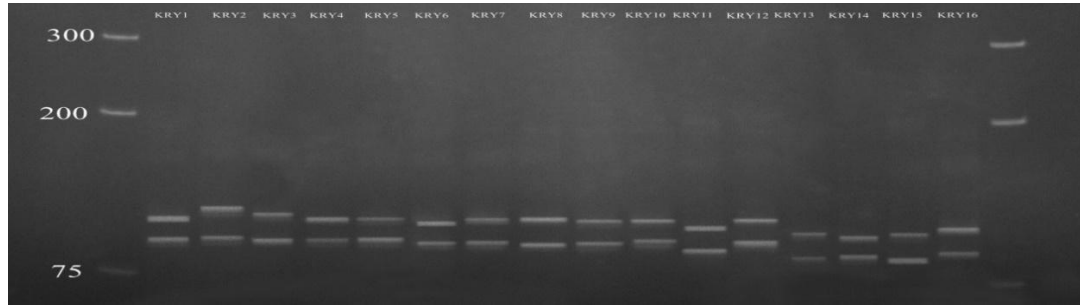
EK 1 BM143 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



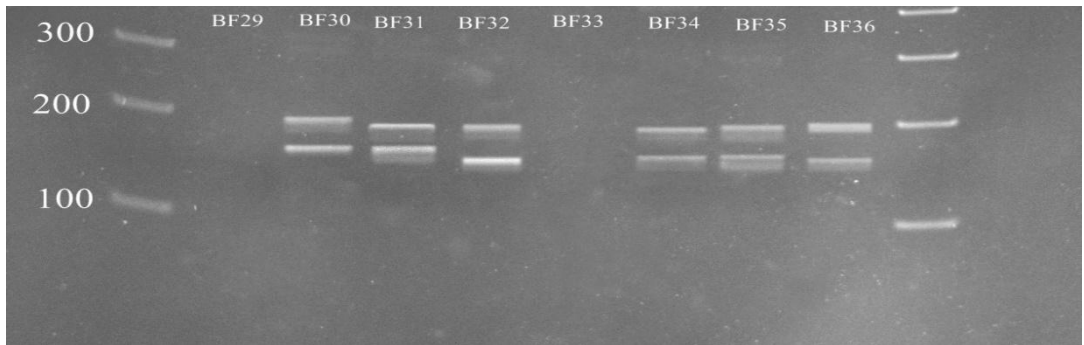
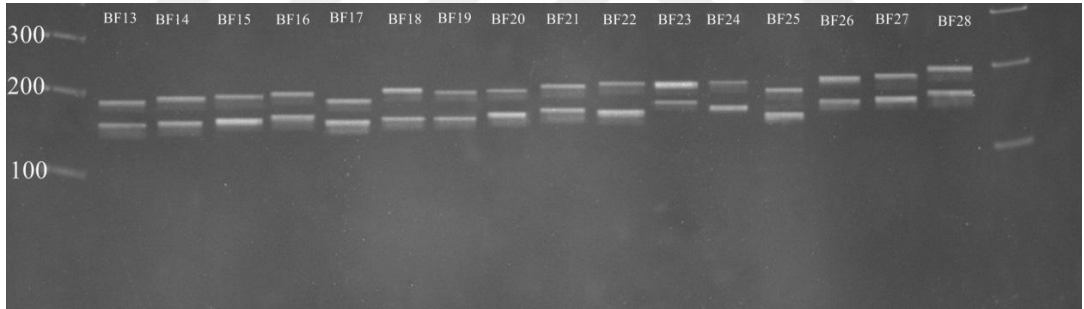
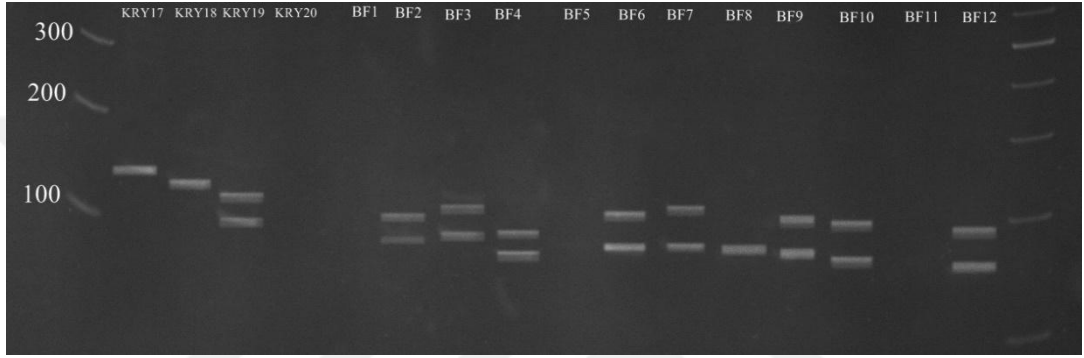
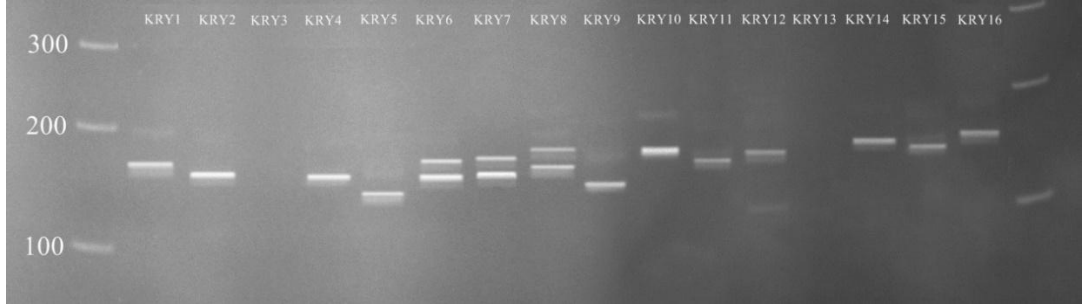
EK 2 BM4311 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



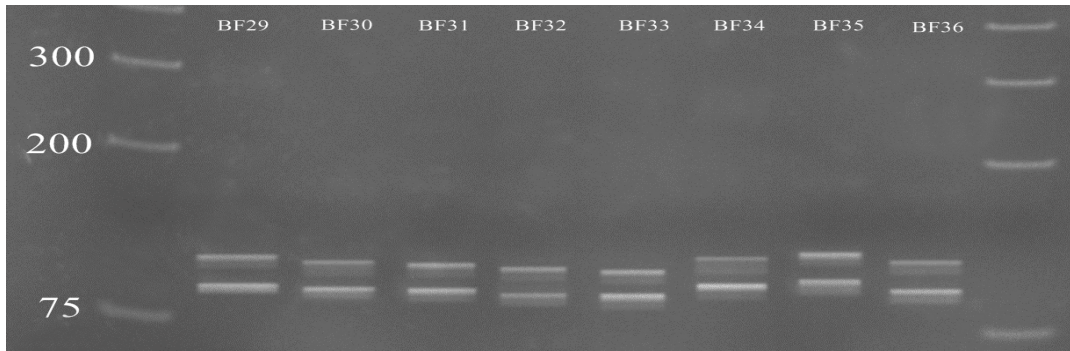
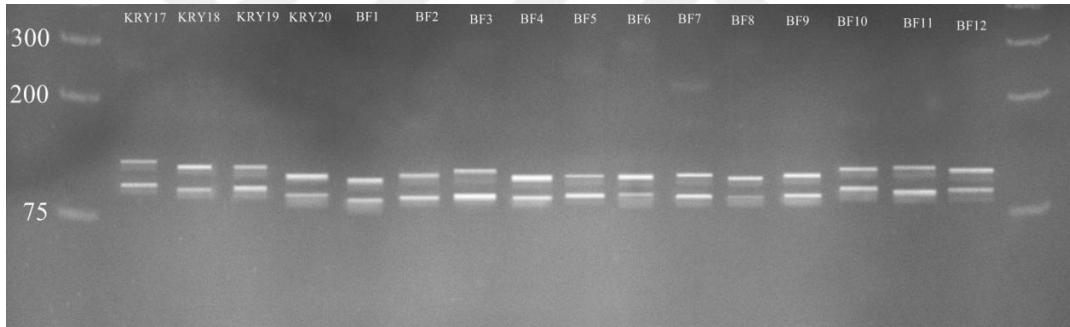
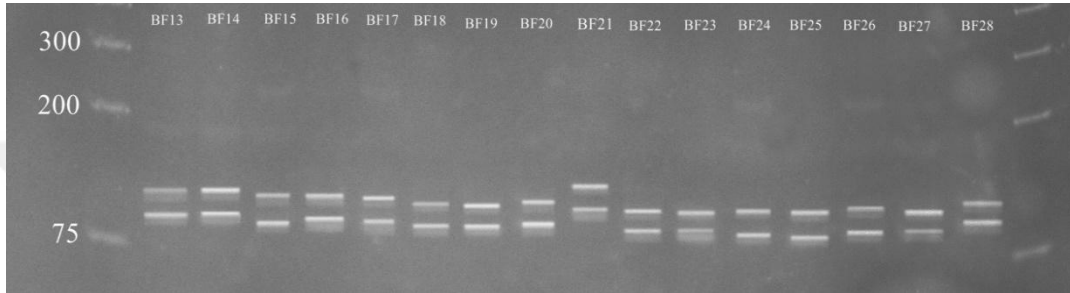
EK 3 MCM53 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



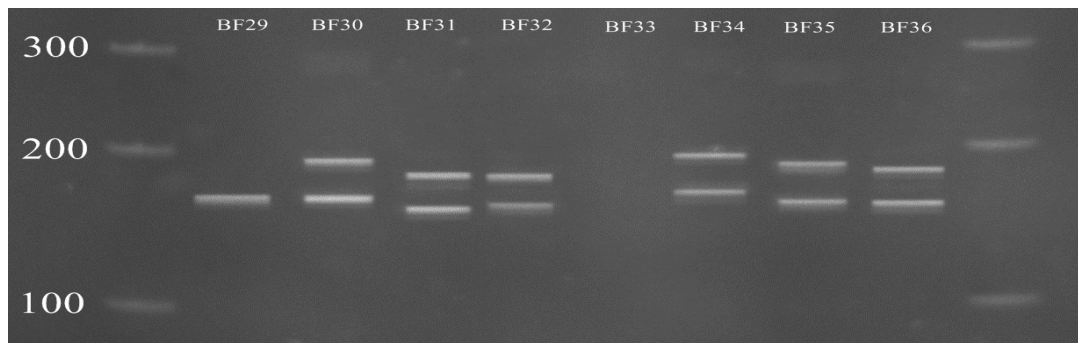
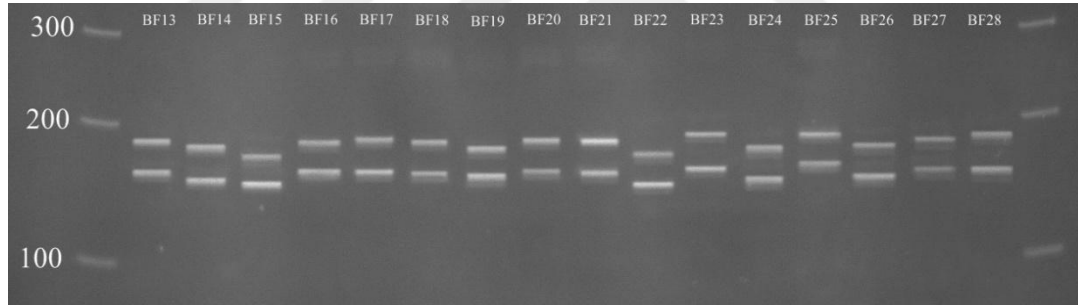
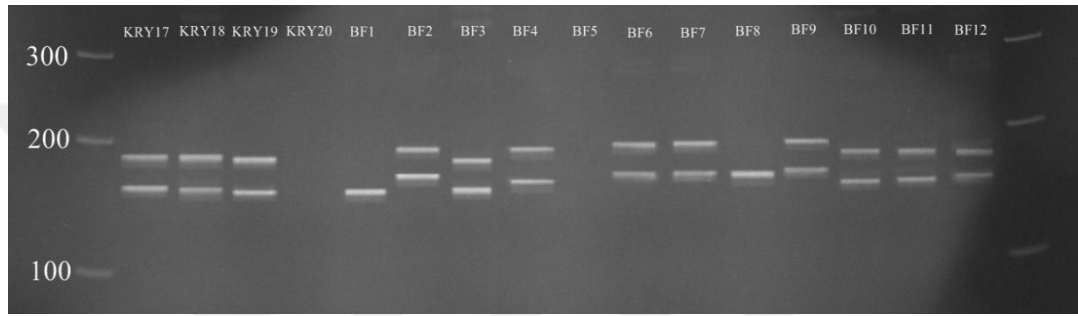
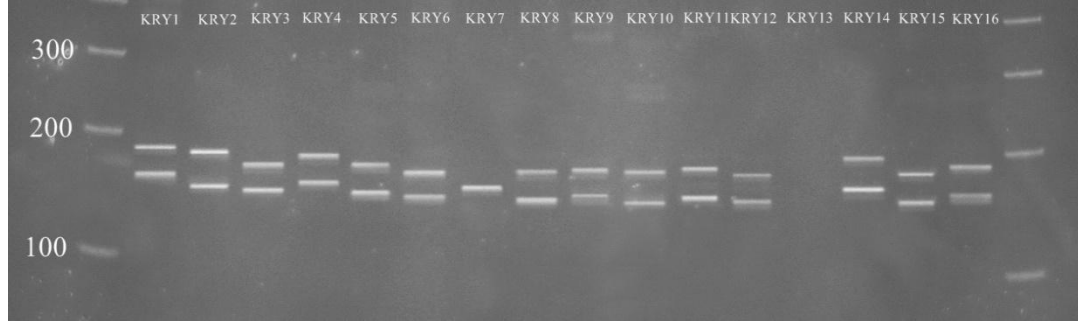
EK 4 BM4621 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



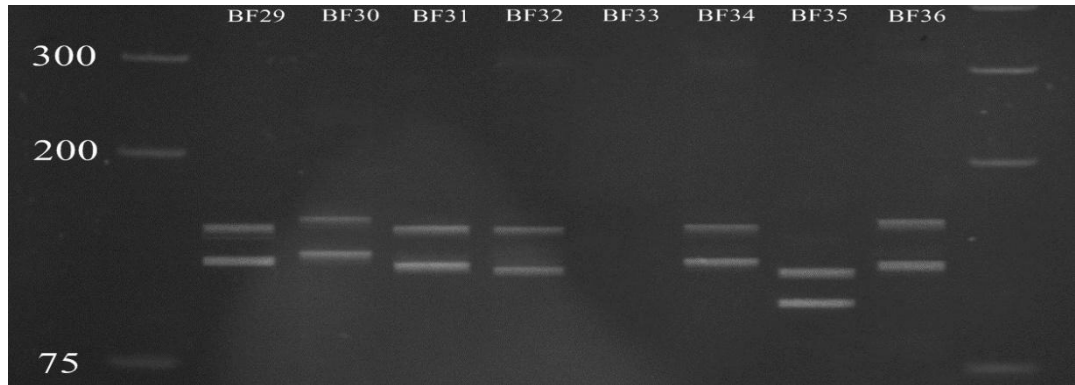
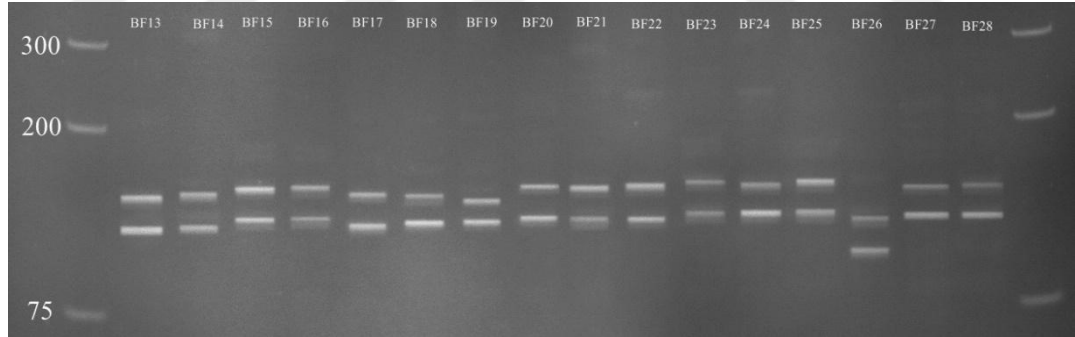
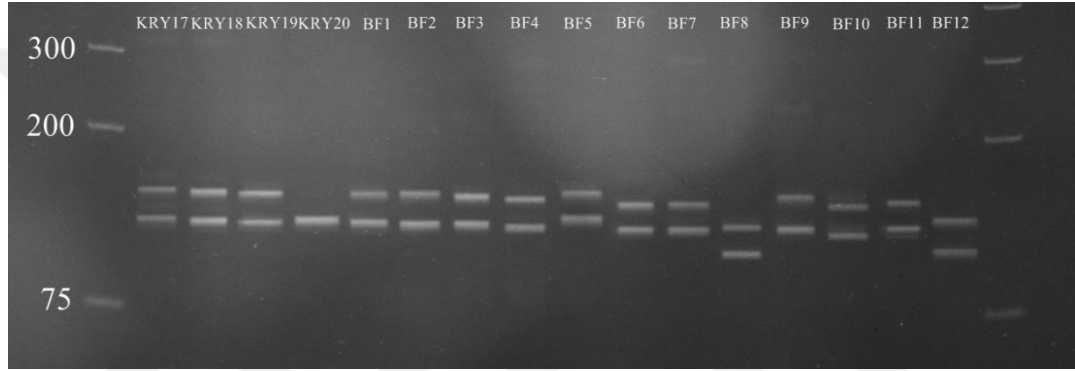
EK 5 JMP1 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



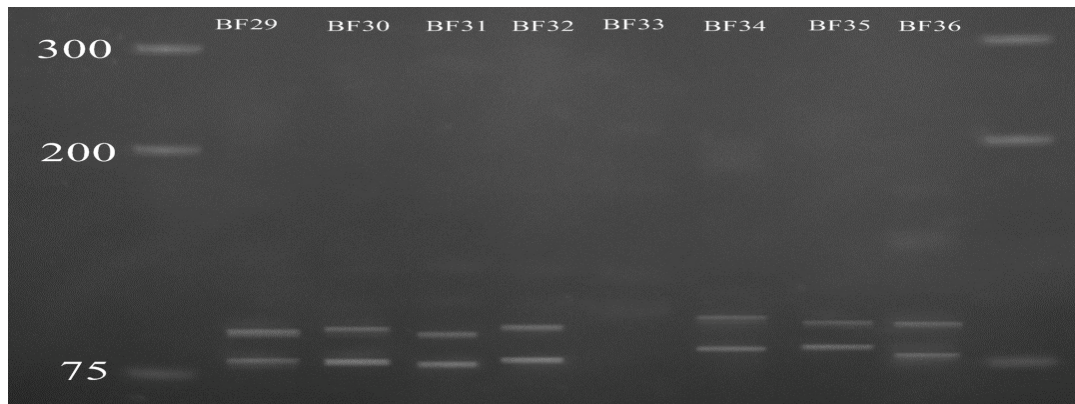
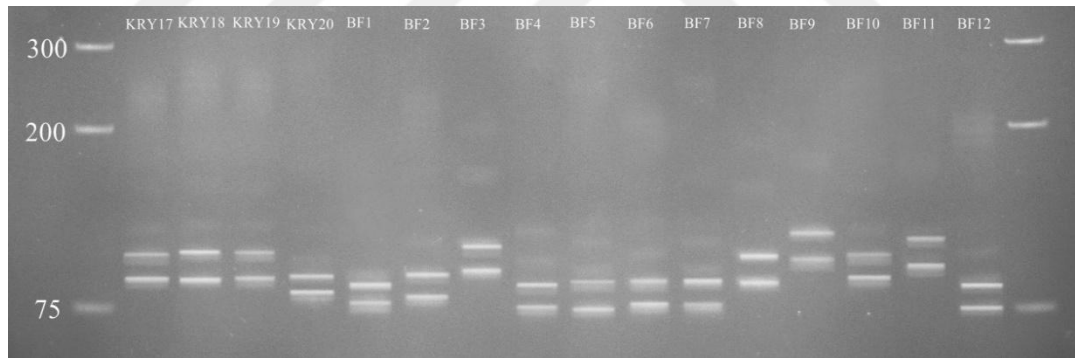
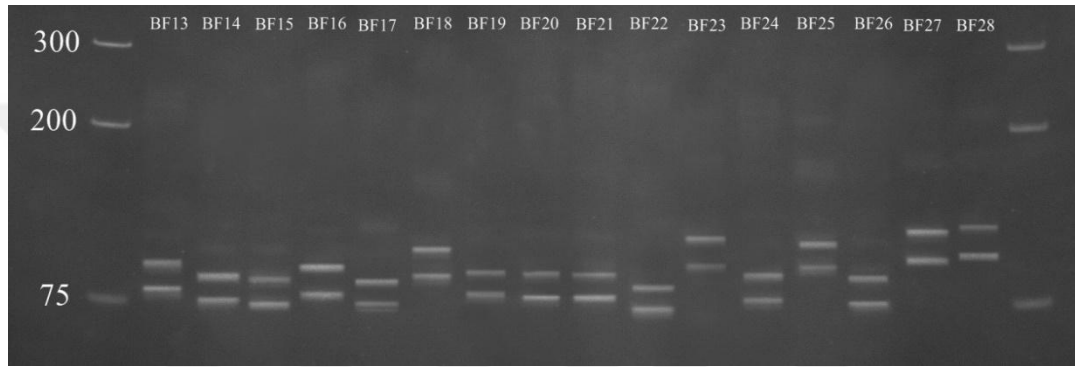
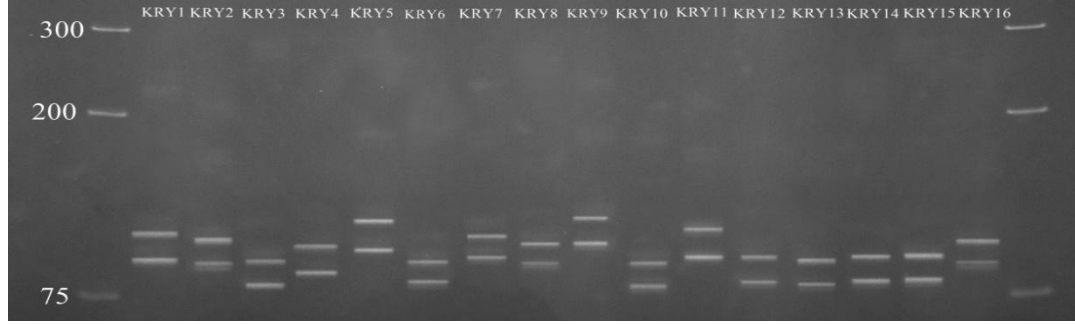
EK 6 ILSTS87 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



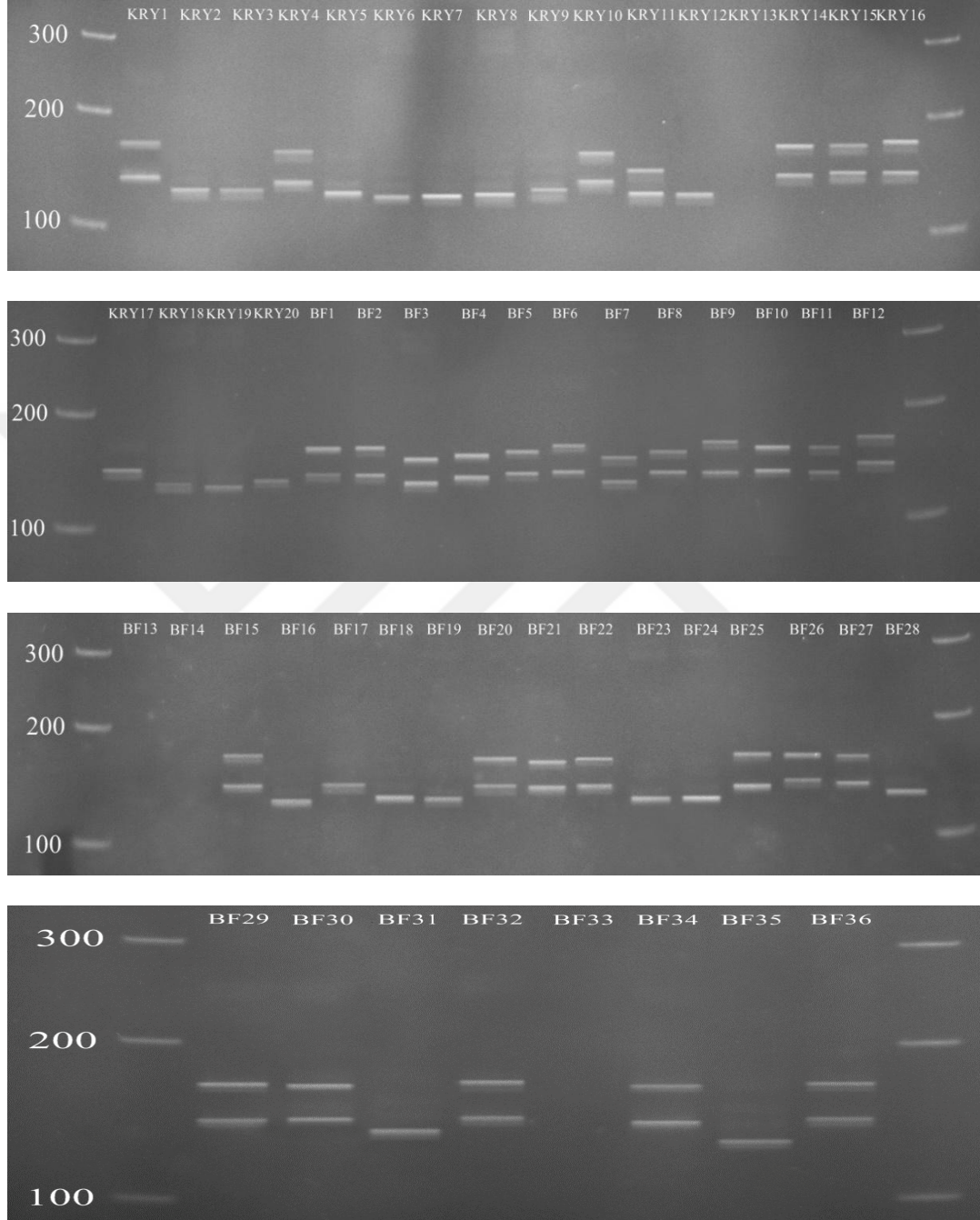
**EK 7 CSRD293 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ
SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ**



EK 8 JMP12 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



EK 9 MCM214 LOKUSU POLİAKRİLAMİD JEL ELEKTROFOREZİ SONUCU ELDE EDİLEN BANT GÖRÜNTÜLERİ



ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Merve Budak
Doğum Yeri : Altındağ
Doğum Tarihi : 18.11.1994
Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu

Lise : Mehmetçik Anadolu Lisesi (2012)

Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal
Biyoteknoloji Bölümü (2016)

Yüksek Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı (2019)

Yayınlar

Budak Merve, Mercan Levent (2018). *Karayaka ve Bafra Koyunlarında Süt Verimi ile İlişkili Bazı Mikrosatellit Lokusların Araştırılması*. Adnan Menderes Üniversitesi Uluslararası Tarım, Çevre ve Sağlık Kongresi 2018. Aydın, Türkiye.