

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**BEŞ FARKLI BEYAZ YUMURTACI SAF TAVUK HATTINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN, POPULASYON YAPISININ VE KORUMA ÖNCELİKLERİNİN
MİKROSATELLİT MARKERLER İLE DEĞERLENDİRİLMESİ**

Hüseyin Göktuğ FİDAN

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

EYLÜL 2018

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**BEŞ FARKLI BEYAZ YUMURTACI SAF TAVUK HATTINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN, POPULASYON YAPISININ VE KORUMA ÖNCELİKLERİNİN
MİKROSATELLİT MARKERLER İLE DEĞERLENDİRİLMESİ**

Hüseyin Göktuğ FİDAN

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

EYLÜL 2018

ANTALYA

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

**BEŞ FARKLI BEYAZ YUMURTACI SAF TAVUK HATTINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN, POPULASYON YAPISININ VE KORUMA ÖNCELİKLERİNİN
MİKROSATELLİT MARKERLER İLE DEĞERLENDİRİLMESİ**

Hüseyin Göktuğ FİDAN

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FYL-2017-2912 nolu proje ile desteklenmiştir.**

EYLÜL 2018

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BEŞ FARKLI BEYAZ YUMURTACI SAF TAVUK HATTINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN, POPULASYON YAPISININ VE KORUMA ÖNCELİKLERİNİN
MİKROSATELLİT MARKERLER İLE DEĞERLENDİRİLMESİ**

Hüseyin Göktuğ FİDAN

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez / / 201..... tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI (Danışman)

.....

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

.....

Doç. Dr. Yasemin ÖNER

.....

ÖZET

BEŞ FARKLI BEYAZ YUMURTACI SAF TAVUK HATTINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN, POPULASYON YAPISININ VE KORUMA ÖNCELİKLERİNİN MİKROSATELLİT MARKERLER İLE DEĞERLENDİRİLMESİ

Hüseyin Göktuğ FİDAN

Yüksek Lisans Tezi, Zootečni Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI

Eylül 2018; 74 sayfa

Çiftlik hayvanlarında ıslah ve genetik kaynakların korunması programlarında ilk aşama populasyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesidir. Türkiye’de tavukçuluk sektöründe damızlık materyal üretimine yönelik çalışmalar sadece Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü tarafından yapılmaktadır. Kurum bünyesinde altı adet kahverengi [(Rhode Island Red-(RIRI ve RIRII); Barred Rock – (BARI ve BARIİ); Colombian Rock-(COL) ve Line 54-(L-54)] ve beş adet beyaz yumurtacı [Black, Brown, Blue, D-229 ve Maroon] saf hattın yetiştiriciliği yapılmaktadır. Bu saf hatlarda genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve korunması, ülke tavukçuluğu için sürdürülebilir üretim açısından önemlidir. Bu çalışmada beş farklı beyaz yumurtacı saf hatta [Black (n=30), Maroon (n=30), D-229 (n=30), Brown (n=30), Blue (n=30) olmak üzere n=150] genetik çeşitlilik, populasyon yapısı ve koruma öncelikleri 19 mikrosatellit lokus kullanılarak değerlendirilmiştir.

Tüm lokusların polimorfik bulunduğu çalışmada lokus başına ortalama allel sayısı 3.947 (Blue) ile 4.842 (D-229), etkili allel sayısı (N_e) 3.023 (Blue) ile 3.732 (D-229) arasında değişmiştir. En yüksek (0.515) ve en düşük (0.411) ortalama gözlenen heterozigotluk değerleri sırasıyla D-229 ve Blue hatlarında hesaplanmıştır. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değeri Blue, Brown, D-229, Black ve Maroon hatlarında sırasıyla 0.355, 0.331, 0.276, 0.260, 0.386 olarak tespit edilmiştir. Koruma önceliklerine karar vermek için yapılan analizlerde ise toplam genetik varyasyona en fazla katkıyı yapan hattın D-229 (1.334) olduğu anlaşılmıştır.

Araştırma materyali olarak kullanılan tavuk hatları arasında genetik farklılaşma katsayı (ikişerli F_{ST}) değerleri 0.069 (Brown ve D-229) ile 0.195 (Blue ve Black) arasında değişmiştir. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) sonuçlarına göre toplam genetik varyasyonun %13.1’i populasyonlar arası farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Nei’nin genetik mesafe temelinde yapılan UPGMA dendogramı ve FCA analizinde iki küme belirlenmiştir. Birinci küme Blue, Brown ve D-229 hatlarından oluşurken, ikinci küme Black ve Maroon populasyonlarından oluşmaktadır. Structure analizi sonuçlarına göre üç farklı küme tespit edilmiştir. Birinci kümede Blue, ikinci kümede Brown ve D-229 ve son kümede Black ve Maroon hatları vardır.

Araştırmadan elde edilen bulgular çalışılan saf tavuk hatlarında orta seviyelerde genetik çeşitlilik ve yüksek seviyede akrabalığa işaret etmektedir. Bu populasyonlarda koruma çalışmaları için akrabalığın azaltılması, D-229 hattındaki genetik varyasyonun korunması önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Genetik Çeşitlilik, Koruma Öncelikleri, Mikrosatellit, Populasyon Yapısı, Saf Tavuk Hatları,

JÜRİ: Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Doç. Dr. Yasemin ÖNER



ABSTRACT

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY, POPULATION STRUCTURE AND CONSERVATION PRIORITIES OF FIVE DIFFERENT WHITE PURE LAYER LINE BY MICROSATELLITE MARKERS

Hüseyin Göktuğ FİDAN

MSc Thesis in Animal Science

Supervisor: Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI

September 2018; ----74 pages

The first stage both in breeding and programmes for the conservation of genetic resources in livestock are the identification of genetic diversity in the population. In Turkey, studies on breeding material production in the poultry sector are carried out only by Ankara Poultry Research Institute. Six brown layer pure chicken lines [(Rhode Island Red-(RIRI and RIRII); Barred Rock – (BARI and BARI); Colombian Rock-(COL) and Line 54-(L-54)] and five white layer pure chicken lines [Black, Brown, Blue, D-229 and Maroon] are reared under the institute. The determination and conservation of genetic diversity in these pure lines is very important in terms of sustainable production and country poultry sector. In this study was evaluated genetic diversity, population structure and conservation priorities among five white layer pure chicken lines [n=150 with Black (n=30), Maroon (n=30), D-229 (n=30), Brown (n=30), Blue (n=30)] by using 19 microsatellite loci.

In this study where all loci are polymorphic, mean number of alleles per locus (N_a) ranged from 3.947 (Blue) and 4.842 (D-229), effective number of alleles (N_e) 3.023 (Blue) and 3.732 (D-229). The highest (0.515) and lowest (0.411) mean observed heterozygosities values were calculated D-229 and Blue lines, respectively. The inbreeding coefficient (F_{IS}) value was detected Blue, Brown, D-229, Black and Maroon lines as 0.355, 0.331, 0.276, 0.260, 0.386, respectively. In analyzes to decide priorities for conservation, it was understood that made the most contribution to total genetic diversity was D229 (1.334) line.

Genetic differentiation coefficient (pairwise F_{ST}) values ranged from 0.069 (Brown and D-229) to 0.195 (Blue and Black) among th chicken lines used as research material. According to results of Analyses of Molecular Variance (AMOVA), 13.1 % of the total genetic variation is due to differences between populations. Based on Nei's genetic distance basis UPGMA dendogram and FCA analysis, two clusters were detected. First cluster consisted of Blue, Brown ve D-229 lines, second cluster consist of Black ve Maroon populations. Three different clusters were detected according to the results of the Structure analysis. There are Blue in the first cluster, Brown and D-229 in the second cluster, and Black and Maroon lines in the last cluster.

The results obtained from the study pointed intermediate levels of polymorphism and high levels of inbreeding in studied pure chicken lines. In these populations, it is suggested to reduce inbreeding level for conservation studies and to protect the genetic variation in D-229 line.

Key Words: Genetic Diversity, Conservation Priorities, Microsatellite, Population Structure, Pure Chicken Lines

COMMITTEE: Asst. Prof. Dr. Taki KARSLI

Prof. Dr. Kemal KARABAĞ

Assoc. Prof. Dr. Yasemin ÖNER



ÖNSÖZ

Ülkemizde hayvancılık endüstrisinde entansifleşme oranı en fazla olan sektör tavukçuluktur. Yumurta ve tavuk eti üretimindeki artışla beraber, damızlık işletmeleri, yem, aşı, ilaç sanayi, altyapı ve ekipman tedarikçileri, muhafaza ve pazarlama işletmeleri de oldukça büyümüş ve tüm bu alt sektörler iç içe geçerek yıllık cirosu 6 milyar dolar olan bir endüstri haline gelmiştir. Ülkemizde bugün doğrudan veya dolaylı olarak tavukçuluk sektörü üzerinden yaklaşık olarak 3 milyon insan geçinimini sağlamaktadır. Bu kadar büyük bir sektör olmasına rağmen ülkemiz tavukçulukta damızlık materyal ihtiyacının neredeyse tamamını (%95) halen yurt dışından sağlamaktadır.

Ülkemizde damızlık materyal üretmeye yönelik çalışmalar sadece Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü tarafından yapılmaktadır. Kurum bünyesinde 6 adet kahverengi, 5 adet de beyaz yumurtacı saf hat vardır. Bu saf hatlardan uzun süren çalışmalar sonucunda iki adet kahverengi (Atak, Atak- S) ve bir adet de beyaz (Atabey) yumurtacı hibrit elde edilmiştir. Bu hibritler Türk Patent Enstitüsü ve Ulusal Irk Tescil Komitesi tarafından tescillenen ülkemize ait ticari değeri olan tescilli ilk hayvanlardır. Bu hibritlerin elde edildiği saf hatlar uzun yıllar önce (1995) Türkiye'ye getirilmiş ve getirildiği tarihten bu yana üzerlerinde seleksiyon işlemi uygulanmıştır. Ayrıca bu hayvanlar üzerinde Türkiye'ye getirilmeden öncede yaklaşık 50 yıldır seleksiyon işlemi uygulanmıştır. Bu saf hatlarda çeşitli verim özellikleri için seleksiyon işlemi devam ederken aynı zamanda sürdürülebilir üretimin yapılması ülkemiz açısından oldukça önemlidir. Bu nedenle bu saf hatlarda moleküler yöntemlerle genetik çeşitlilik belirlendikten sonra elde edilen verilerden populasyon yapısının ve koruma önceliklerinin belirlenmesi oldukça önemlidir. Kahverengi yumurtacı saf hatlarda bu amaçla yapılan bir doktora tezi varken beyaz yumurtacı saf hatlarda yapılmış bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu bağlamda yürütülen yüksek lisans tezinde beyaz yumurtacı saf hatlarda genetik çeşitliliğin mikrosatellit marker yöntemi ile değerlendirilerek populasyon yapısının ve koruma önceliklerinin belirlenmesi çalışılmıştır.

Bana bu konuda çalışma fırsatı sunan danışman hocam sayın Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI'ya, materyal temini noktasında yardımlarını esirgemeyen Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü Müdürü Sayın Dr. Serdar KAMANLI ile kan örneklerinin alınmasında yardımlarını esirgemeyen enstitü çalışanlarına teşekkür ederim.

Laboratuvar olanaklarını esirgemeyen Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU'na ve Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Bülent UZUN'a ve Dr. Öğr. Üyesi Engin YOL'a teşekkür ederim.

Her zaman yanımda olan, desteklerini ve inançlarını üzerimden eksik etmeyen babam Hasan FIDAN, annem Hacer FIDAN ve abim M. Alptuğ FIDAN'a sonsuz teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖZGEÇMİŞ	vii
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	xii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Tavuğun Zoolojik Sistematikteki Yeri.....	4
2.2. Araştırmada Kullanılan Yumurtacı Saf Hatlar	4
2.3. Mikrosatellit DNA Marker Yöntemi.....	5
2.4. Kaynak Taramaları.....	6
3. MATERYAL VE METOT	16
3.1. Materyal	16
3.2. Metot	16
3.2.1. Genomik DNA izolasyonu.....	16
3.2.2. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi ve PCR işlemi	18
3.2.3. PCR ürünlerinin kontrolü.....	21
3.2.4. Mikrosatellit genotiplerin tespiti.....	21
3.2.5. Populasyon yapısı, genetik çeşitlilik ve koruma önceliğinin belirlenmesi.....	21
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	24
4.1. DNA İzolasyonu, PCR ve Mikrosatellit İşlemlerinden Elde Edilen Bulgular.....	24
4.2. Sonuçların Değerlendirilmesi.....	25
4.2.1. Lokuslar bazında elde edilen allel frekansları.....	25
4.2.2. Blue hattında genetik varyasyon parametreleri.....	25
4.2.3. Brown hattında genetik varyasyon parametreleri	28
4.2.4. D-229 hattında genetik varyasyon parametreleri	30
4.2.5. Black hattında genetik varyasyon parametreleri	32
4.2.6. Maroon hattında genetik varyasyon parametreleri.....	33
4.2.7. Saf hatların genelinde genetik varyasyon parametreleri	35
4.2.8. Populasyonlar arası genetik farklılaşma	38

4.2.9. Populasyonlar arasındaki filogenetik ilişki	42
4.2.10. Koruma önceliklerinin belirlenmesi.....	45
5. SONUÇLAR	47
6. KAYNAKLAR	49
7. EKLER.....	56
ÖZGEÇMİŞ	



AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum "Beş Farklı Beyaz Yumurtacı Saf Tavuk Hattında Genetik Çeşitliliğin, Populasyon Yapısının ve Koruma Önceliklerinin Mikrosatellit Markerler İle Değerlendirilmesi" adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

14/09/2018

Hüseyin Göktuğ FİDAN



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A	: Adenin
°C	: Santigrat derece
C	: Sitozin
dk	: Dakika
g	: Gram
G	: Guanin
M	: Molarite
mg	: miligram
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
n	:Örnek Sayısı
rpm	: Dakikadaki Revir Sayısı
T	: Timin
V	: Volt
µl	: Mikrolitre

Kısaltmalar

AG	: Allel Genişliği
BAR I	: Barred Plymouth Rock I
BAR II	: Barred Plymouth Rock II
bç	: Baz Çifti
BRO	: Broiler
COL	: Colombian Rock
D _A	: Genetik Uzaklık
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit

F : Forward

FAO : Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü

FCA : Faktöriyel Uygunluk Analizi

F_{IS} : Akrabalı Yetiştirme Katsayısı

F_{ST} : Alt Populasyonlarda Genetik Farklılaşma Katsayısı

He : Beklenen Heterozigotluk

HGK : Hayvan Gen Kaynakları

Ho : Gözlenen Heterozigotluk

HW : Hardy- Weinberg Dengesi

MAS : Marker Destekli Seleksiyon

Na : Gözlenen Allel Sayısı

NC : Kore Yerli Tavuk Irkı

Ne : Etkili Allel Sayısı

PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

PIC : Polimorfizm Bilgi İçeriği

R : Reverse

RIR I : Rhode Island Red I

RIR II : Rhode Island Red II

vd. : ve diğerleri

WL : White Leghorn Tavuk Irkı

YNS : Yeni Nesil Sekanslama

Ondalık Yazım: 0.123

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2. 1. D-229 hattına ait tavuk ve horoz	5
Şekil 2. 2. Mikrosatellit DNA marker yöntemi (Karslı 2015)	6
Şekil 4. 1. DNA izolasyonuna ait agaroz jel görüntüsü	24
Şekil 4. 2. MCW0248 lokusunda PCRişlemine ait agaroz jel görüntüsü	24
Şekil 4. 3. LEI0192 lokusu için fragment analiz cihazındaki pik görüntüsü	24
Şekil 4. 4. Genetik mesafe değerleri kullanılarak yapılan UPGMA dendogramı.....	43
Şekil 4. 5. Çalışılan populasyonlarda FCA analizi	44
Şekil 4. 6. Structure Harvester programında elde edilen ΔK değerleri.....	44
Şekil 4. 7. Çalışılan tavuk hatlarında Structure kümeleme analizi görüntüsü	45



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2. 1. Evcil tavuğun zoolojik sistemdeki yeri.....	4
Çizelge 3.1. DNA izolasyonu için kullanılan çözeltilerin molarite/miktar ve içeriği	18
Çizelge 3.2. Çalışmada uygulanan PCR reaksiyon karışımı ve PCR programı.....	18
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan lokuslara ait tanımlayıcı bilgiler	19
Çizelge 3.4. Fragment analiz cihazına konulan platelerin gruplandırılması.....	21
Çizelge 4. 1. Blue populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri	26
Çizelge 4. 2. Brown populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri	29
Çizelge 4. 3. D-229 populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri.....	30
Çizelge 4. 4. Black populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri	32
Çizelge 4. 5. Maroon populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri	34
Çizelge 4. 6. Çalışılan beş saf tavuk hattında elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri.....	36
Çizelge 4. 7. Beş saf tavuk hattında elde edilen null allel frekansları	38
Çizelge 4. 8. Saf tavuk hatları arasında ikişerli Fst değerleri	38
Çizelge 4. 9. Moleküler varyans (AMOVA) analizi.....	39
Çizelge 4. 10. Çalışılan tavuk hatlarında tespit edilen özgül alleller.....	41
Çizelge 4. 11. Nei'nin genetik uzaklık ve genetik benzerlik değerleri	42
Çizelge 4. 12. Her bir hattın genetik çeşitliliğe katkısı.....	46

1. GİRİŞ

Türkiye’de hayvansal üretim alanında entansifleşmenin en yoğun olduğu sektör tavukçuluktur. Özellikle geçtiğimiz 30 yılda yumurta ve piliç eti üretimindeki artışla beraber tavukçuluk sektöründe damızlık işletmeleri, yem, aşı, ilaç sanayi, altyapı ve ekipman (kümes, kafes, suluk ve yemlik vb.) tedarikçileri, muhafaza ve pazarlama işletmeleri de oldukça büyümüş ve tüm bu alt sektörler iç içe geçerek tavukçuluğa endüstriyel bir yapı kazandırmıştır (Öztürk ve Türkoğlu 2012). Türkiye’de bugün doğrudan ya da dolaylı olarak yaklaşık 3 milyon insanın geçimini sağladığı tavukçuluk sektörünün yıllık cirosu 6 milyar dolara ulaşmıştır. (Baykalır ve Şimşek 2014, Koca 2014). Türkiye’de yumurta tavukçuluğunun yıllık cirosu yaklaşık 1.5 milyar dolar, yıllık ihracat miktarı ise yaklaşık 380 milyon dolardır. Bu veriler bakımından Türkiye dünyada Hollanda ve ABD’den sonra üçüncü sıradadır (Anonim 1).

Türkiye tavukçuluk sektöründe yaşanan hızlı gelişme sadece üretim teknikleri ve miktarıyla sınırlı kalmış, buna karşılık damızlık materyal temini dışa bağımlı olmaya devam etmiştir. Damızlık materyal yumurta tavukçuluğunda yaklaşık olarak % 99.0 oranında, et tavukçuluğunda ise %100 oranında yurtdışından temin edilmektedir (Sarıca vd. 2012). 2017 yılında 129.440 adet kahverengi, 662.656 adet beyaz olmak üzere toplam 792.096 adet damızlık yumurtacı civciv ithalatı gerçekleştirilmiştir. Bu civcivlerden elde edilen hibritlerden yaklaşık olarak 20 milyar yumurta elde edilmiştir (Anonim 1). Tavukçuluk sektörü; beyaz et, yumurta üretimi ve bu ürünlerin ihracatı ile gerek ülke ekonomisine yaptığı katkı gerekse yarattığı istihdam açısından Türkiye için oldukça önemli olmasına rağmen damızlık materyal bakımından halen dışa bağımlı olması bazı olumsuzlukları beraberinde getirmektedir. Üretim alt yapısı ne kadar iyi olursa olsun damızlıkların ithal edilmesi Türkiye tavukçuluğu ve ekonomisi bakımından büyük riskler barındırmaktadır.

Yumurtacı tavuklarda damızlık materyal üretimine yönelik çalışmalar ülkemizde yalnızca Tarım ve Orman Bakanlığı bünyesindeki Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü tarafından yapılmaktadır. 1930’lu yıllarda kurulan Enstitü’de şu an 6 adet kahverengi [Rhode Island Red I (RIRI), Rhode Island Red II (RIRII), Barred Rock I (BARI), Barred Rock II (BARII), Colombian Rock (COL), Line-54 (L-54)] ve 5 adet beyaz yumurtacı saf hat [Black Line, Brown Line, Blue Line, Maroon Line, D-229] bulunmaktadır. Kahverengi yumurtacı hatlardan L-54 sentetik bir hattır ve %15 Leghorn kanı taşımaktadır. Bu nedenle diğer kahverengi yumurtacılara göre vücut ağırlığı biraz daha düşük ve yumurta kabuk rengi açık kahverengidir. D-229 saf hattı 2010 yılında Çek Cumhuriyeti’nden diğer tüm hatlar ise 1995 yılında Kanada’dan ithal edilmiştir. Bu saf hatlar üzerinde yapılan başarılı çalışmalar sonucunda ikisi kahverengi (ATAK, ATAK-S), biri beyaz (ATABEY) olmak üzere üç hibrit üretilmiştir. Beyaz yumurtacı ATABEY hibritinin eldesinde baba hattı olarak Black Line, ana hattı olarak Blue Line kullanılmaktadır. Elde edilen hibritlerin değişik bölgelerdeki performans testleri umut verici olsada ithal edilenlere göre halen bir takım eksiklikleri vardır. Bu nedenle yerli hibritlerde cinsel olgunluk yaşının, ağırlığının, yem tüketiminin azaltılması ve yumurta veriminin artırılması için saf hatlarda yapılan seleksiyon işlemine yoğun şekilde devam edilmektedir. (Mızrak vd. 2007; Durmuş vd. 2008; Karşlı vd. 2017; Akünel 2009; Karşlı ve Balcıoğlu 2018).

Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde yürütülen çalışmalar sonucunda elde edilen üç hibrit Türk Patent Enstitüsü ve Ulusal Irk Tescil Komitesi tarafından tescil edilmiş olup, ülkemizin ticari değeri olan tescilli ilk hayvanlarıdır (Anonim 2). Enstitü bünyesinde bulunan saf hatların kökenleri her ne kadar Türkiye olmasa da uzun yıllardır ülkemizde yetiştirilmeleri, önemli ekonomik potansiyellerinin bulunması ve tek damızlık materyal olmaları bakımından en az yerli ırklarımız kadar değerlidirler. Bu hatlar üzerinde yapılan ıslah çalışmaları devam ederken bir yandan da koruma çalışmalarına ağırlık verilmesi, hatların ve ülke tavukçuluğunun geleceği bakımından oldukça önemlidir.

Populasyonlarda genetik çeşitliliğin belirlenmesi, ıslah ve koruma çalışmalarının planlanması için oldukça önemlidir. Çiftlik hayvanlarında, genetik çeşitlilik değişik çevre koşullarında bugünkü üretimi karşılamak ve gelecekte değişmesi muhtemel ıslah amacına uyum sağlamak için gereklidir (Mahmoudi vd. 2010). Çiftlik hayvanlarında evcilleştirmeden sonraki yıllarda mutasyon, seleksiyon, adaptasyon, izolasyon ve göç yerel populasyonlarda çok büyük genetik çeşitlilik yaratmıştır. Ancak geçtiğimiz 50 yılda çiftlik hayvanlarında çeşitli verimlerin artırılması için uygulanan yoğun ıslah çalışmaları ya da yüksek verimli ırkların yerli ırklara tercih edilmesi genetik varyasyonun azalmasına neden olmuştur (Ertuğrul vd. 2010). Bu durum tavukçulukta daha dramatik bir hal almış, ticari kanatlı hayvan üretiminde yetiştirme tarzından dolayı üretimde kullanılan kanatlı ırklarının sayısı oldukça azalmıştır. Bugün dünya çapında yumurtacılar üç, broilerlerde ise dört baskın genotip bulunmaktadır. Kullanılan bu genotiplerde ise uygulanan yetiştirme sisteminden dolayı mevcut genetik varyasyon oldukça azalmıştır (Flock ve Preisinger 2002). Günümüzde kahverengi yumurtacı hibritlerin eldesinde Rhode Island Red, New Hampshire, Plymouth Rock ve Australorp ırkları kullanılırken, beyaz yumurtacıların eldesinde baskın ırk White Leghorn'lardır (Hillel vd. 2003).

Çeşitli nedenlerle genetik çeşitlilikte yaşanan hızlı azalma tüm dünyada güncel kaygılardan biridir (Toro ve Caballero 2005; Anonymous 1). Hayvansal üretimin çevreyle uyumlu bir şekilde gerçekleştirilebilmesi ve sürekliliğinin sağlanması için hayvan gen kaynakları (HGK) ve bunlardaki genetik çeşitlilik vazgeçilmez unsurlardır. HGK'nın FAO'ya (Food and Agriculture Organization of the United Nations -Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü) göre kabul edilen kısaltılmış tanımı "gıda ve tarımsal üretim için kullanılan ya da kullanılabilir olan hayvan türleri ya da bunların her bir populasyonu" şeklindedir (Cardellino ve Boyazoglu 2009; Ertuğrul vd. 2015). Konunun önemi değişik tarihlerde ulusal ve uluslararası kuruluşlar tarafından da vurgulanmıştır.

TUBİTAK tarafından hazırlanan "VİZYON 2023 Ulusal Bilim ve Teknoloji Politikaları 2003-2023 Strateji Belgesi'nde" Hayvan ıslahında moleküler biyoloji ve biyoteknolojik yöntemlerin kullanılması ile ekonomik değeri yüksek hayvanların geliştirilmesi, *yaban ve evcil hayvan gen kaynaklarımızın korunması ve genetik olarak tanımlanması*, bu alanda çalışan insan kaynaklarının geliştirilmesi ve desteklenmesi öncelikli konular arasına alınmıştır (Anonim 4).

FAO tarafından 2007 yılında yayımlanan "Gıda ve Tarım için Hayvan Gen Kaynakları I. Dünya Durum Raporu" (Anonymous 1) ve "Hayvan Gen Kaynakları Küresel Eylem Planı *"hayvan gen kaynaklarının ve bu hayvanlardaki genetik çeşitliliğin*

belirlenmesi, önemi, korunması ve sürdürülebilir kullanımı için yapılması gerekenleri ayrıntılı olarak vurgulamıştır (Anonymus 2).

Tarım ve Orman Bakanlığı tarafından 2015 yılında hazırlanan “Türkiye Hayvan Gen Kaynakları Ulusal Strateji ve Eylem Planı (2015-2020)” raporunda sahip olduğumuz biyolojik çeşitlilik ve onun bir unsuru olan HGK’larındaki genetik çeşitliliğin; ekonomik ve genetik zenginliğin bir göstergesi olduğu, tıp, tarım, gıda güvencesi ve endüstride önemli yararlar sağladığı vurgulanmıştır. Dolayısıyla, *biyolojik çeşitliliğimizi korumanın ve gerektiğinde kullanmanın bir zorunluluk değil, ekonomik, bilimsel, sosyal ve kültürel ihtiyaçlarımızın bir gereği olduğu* raporda belirtilmiştir (Anonim 3).

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde günümüzde en yaygın kullanılan yöntem Mikrosatellitler ve Tek Nükleotid Polimorfimleridir (SNP) (Karlı vd. 2013). Yeni Nesil Sekanslama (YNS) ile tüm genomdan elde edilen yüksek yoğunluktaki SNP verileri genetik varyasyonun gösterilmesinde oldukça etkindir ve kullanımı her geçen gün artmaktadır. Mikrosatellit lokuslar üzerinden yapılan analizler sonucu elde edilen bilgilerin genetik çeşitliliği açıklamadaki oranı YNS analizlerine göre oldukça düşük olsa da teknik altyapı isteğinin daha az olması, elde edilen verilerin istatistik analizlerinin daha kolay olması ve YNS analizlerine göre oldukça ekonomik olması gibi nedenlerle halen tercih edilmektedir. Günümüzde tüm dünyada çiftlik hayvanları, evcil ve yabani hayvan popülasyonlarında genetik varyasyonun belirlenmesinde mikrosatellit markerler yoğun şekilde kullanılmaktadır (Acosta vd. 2013; Chuluunbat vd. 2014; O’Leary vd. 2014; Revidatti vd. 2014; Tadano vd. 2014a; Tadano vd. 2014b; Setyawan vd. 2015; Vahidi vd. 2016; Karabağ vd. 2016; Karlı 2018). Mikrosatellit markerler çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğinin belirlenmesi yanı sıra ırk, eko-tip ya da hatlarda koruma önceliklerinin belirlenmesinde de kullanılmaktadır (Ramadan vd. 2012; Tadano vd. 2013).

Bu bağlamda tamamlanan bu yüksek lisans tezinde;

- 1-) Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü bünyesinde yetiştirilen beş adet beyaz yumurtacı saf hatta genetik çeşitliliğin mikrosatellit markerler ile belirlenmesi ve hatlar arasındaki genetik çeşitliliğin karşılaştırılması,
- 2-) Yaklaşık yirmi yıldır Türkiye’de ve daha öncede uzun süre getirildikleri ülkelerde kapalı popülasyonlar halinde yetiştirilen ve çeşitli kriterler bakımından seleksiyon uygulanan bu saf hatlar içerisindeki akrabalık seviyesinin tespit edilmesi,
- 3-) Çalışılan tavuk hatları içerisinde genetik çeşitliliğe en fazla katkı yapan hattın tespit edilerek koruma önceliklerinin belirlenmesi dolayısıyla bu hatların sürdürülebilir kullanımına katkı sağlanması amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Tavuğun Zoolojik Sistematikteki Yeri

Dünyada bulunan yaklaşık 600.000 hayvan türünden 10.000 kadarı kuşlar sınıfına aittir. Tavuklar, dünyada muhtemelen sayıca en fazla evcil hayvan grubunu teşkil eder. Tavuğun evcilleştirilmesi halen tartışma konusu olsa da Güney-Doğu Asya ormanlarında yaşayan dört yabani formun [*Gallus gallus* veya *Gallus bankiva* (kırmızı orman tavuğu), *Gallus lafayetti* (seylan orman tavuğu), *Gallus sonnerati* (gri orman tavuğu), ve *Gallus varius*'dur (siyah veya yeşil orman tavuğu).] evcil tavuğun atası olduğu zannedilmektedir. Sistematikteki yeri Çizelge 2.1'de gösterilen evcil tavuklar (*Gallus gallus domesticus*) diğer *Gallus* türlerinden, ağızlarında diş bulunmayışı ve başlarında ibik olmasıyla ayrılırlar. (Türkoğlu vd.1997; Ersayın 2001).

Çizelge 2. 1. Evcil tavuğun zoolojik sistemdeki yeri

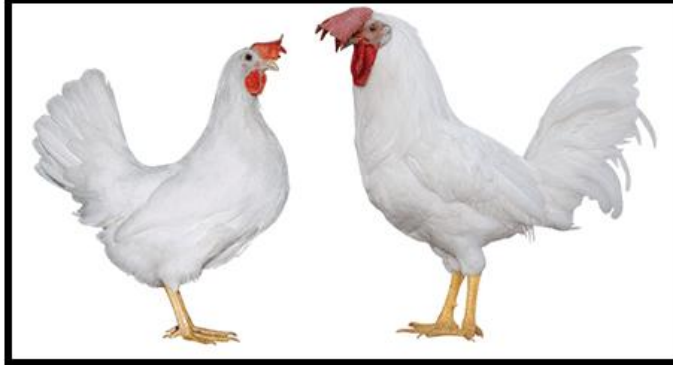
Kingdom (Alem)	Animalia	Hayvanlar
Phylum (Şube)	Chordata	Kordalılar
Subphylum (Alt şube)	Vertabrata	Omurgalılar
Class (Sınıf)	Aves	Kuşlar
Ordo (Takım)	Galliformes	Tavuksular
Subordo (Alt takım)	Galli	Tavuklar
Familia (Aile)	Phasianidae	Sülüngiller
Subfamilia (Alt aile)	Phasianinae	Sülünler
Genus (Cins)	<i>Gallus</i>	Tavuk
Species (Tür)	<i>Gallus gallus domesticus</i>	Evcil tavuk

2.2. Araştırmada Kullanılan Yumurtacı Saf Hatlar

Günümüzde tüm dünyada beyaz yumurtacı hibritlerin eldesinde kullanılan baskın ırk White Leghorn'lardır. Yapılan çalışma kapsamında kullanılan saf hatlar da White Leghorn'lardan elde edilmiştir. Çalışmada kullanılan ve 1995 yılında Kanada'dan getirilen saf hatlar (Black, Blue, Brown ve Maroon) hızlı tüylenme, 2010 yılında Çek Cumhuriyeti'nden getirilen D-229 hattı ise yavaş tüylenme özelliği göstermektedir (Kamanlı ve Türkoğlu, 2018). Beyaz yumurtacı hibrit elde etmek için yapılan çalışmalarda baba hatları olarak Black, Blue, Brown ve Maroon ana hattı olarak ise D-229 kullanılmaktadır (Göger vd. 2017).

Leghorn tavuk ırkı yumurta verim yönünden tanınmış ve günümüzde tüm dünyada yumurtacılar baskın ırk haline gelmiştir. Akdeniz ırkı olan Leghorn'lar adını İtalya'daki aynı adlı kasabadan alır. Leghorn'lar İtalya'dan Amerika'ya götürülmüş ve burada yumurta verimi yönünde ıslah edilerek bugünkü ticari yumurtacılar elde edilmiştir. Ufak yapılı olan bu ırkın renk ve ibik şekline göre 16 varyetesi vardır. Ticari

yumurta üretiminde kullanılan ve en çok bilinen varyetesi balta ibikli beyaz Leghorn'lardır. Adaptasyon yetenekleri oldukça iyi olan Leghorn'larda ortalama canlı ağırlık horozlar için 2.7 kg, tavuklar için 2 kg civarındadır (Türkoğlu vd. 1997; Şenköylü 2001).



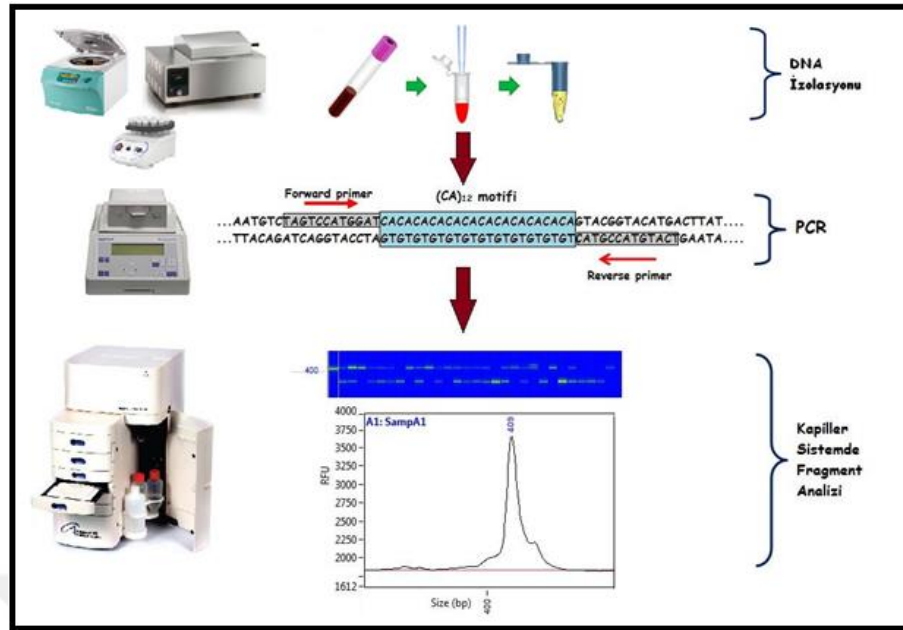
Şekil 2. 1. D-229 hattına ait tavuk ve horoz

(CZ DOMINANT internet sitesinden alınmıştır; <http://dominant-cz.cz/produkt/dominant-leghorn-d-229-2/?lang=en>)

2.3. Mikrosatellit DNA Marker Yöntemi

Mikrosatellitler ökaryotik genoma rastgele dağılan, intron ya da ekzon bölgelerde bulunabilen tekrarlı kısa DNA dizileridir. 1-6 bp büyüklüğünde olan ve 5-100 kez arası tekrar edebilen mikrosatellitler *Kısa Ardışık Tekrarlar* (Short Tandem Repeats, STR) ya da *Basit Dizi Tekrarları* (Simple Sequence Repeats, SSR) olarak da isimlendirilir (Liu ve Cordes 2004; Karşı vd. 2013; Karşı 2015).

Mikrosatellit lokuslar yüksek derecede polimorfik bölgelerdir ve bunun altında yatan mikrosatellit bölgelerin mutasyona daha açık olmasıdır. Mikrosatellit bölgelerde mutasyon oranının yüksek olmasının iki temel nedeni vardır. Bunlardan birincisi crossing-over sırasında eşit olmayan parça değişimi sonucu oluşan yeni kombinasyonlar (Unequal Crossing Over, UCA) diğeri ise replikasyon sırasındaki DNA eksen kayması (slippage) ya da diğeri bir ismi ile replikasyon kaymasıdır. Mikrosatellit marker yöntemi temel olarak tekrarlı bölgenin PCR işlemi ile çoğaltılması daha sonra elde edilen PCR ürünlerinin büyüklüklerinin belirlenmesi esasına dayanır (Şekil 2.2). PCR ile çoğaltılan tekrar birimlerinin büyüklüklerinin belirlenmesinde geçmiş yıllarda yoğunlukla poliakrilamid jel kullanılırken (Andrew Symons vd. 2000; Canon vd. 2001), günümüzde daha çok kapiller sistemler (Yılmaz vd. 2014; Ceccobelli vd. 2015) kullanılmaktadır. Kapiller sistemlerin maliyeti poliakrilamid jele göre yüksektir. Ancak uygulamada sağladıkları kolaylıklar ve güvenilirliklerinin yüksek olması gibi nedenlerden ötürü tercih edilmektedir.



Şekil 2. 2. Mikrosatellit DNA marker yöntemi (Karslı 2015)

Mikrosatellit DNA marker yöntemi, çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve koruma çalışmalarında (Zanetti vd. 2010), ırk, hat ya da ekotip düzeyinde filogenetik ilişkinin belirlenmesinde (Tadano vd. 2012; Ceccobelli vd. 2015), MAS (marker destekli seleksiyon) çalışmaları için ekonomik önemi olan çeşitli verimler ya da bazı hastalıklara dirençle ilişkili aday genlerin belirlenmesinde (Minvielle vd. 2005; Hako-Touko vd. 2013) ve ebeveyn tespitinde (Özsensoy vd. 2014) yoğun olarak kullanılmaktadır. Mikrosatellitlerin diğer marker yöntemlerine göre daha fazla kullanılmasının nedenleri arasında ko-dominant marker olması, tekrarlanabilirliğinin yüksek olması, multipleks uygulamalarla kapiller elektroforez sistemleri ile iş gücünden tasarruf edilmesi gibi özellikleri vardır.

2.4. Kaynak Taramaları

Geçtiğimiz 15 yılda mikrosatellit lokuslar kullanılarak çiftlik hayvanı ırk, ekotip ve hatlarında yapılmış olan çok sayıda çalışma vardır. Bu çalışmalarda da mikrosatellit lokuslar kullanılarak populasyonlarda genetik çeşitlilik, populasyonlar arası filogenetik ilişkiler ya da koruma önceliklerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Gerçekleştirilen yüksek lisans tez çalışmasının amacına uygun olarak literatür taramasında saf tavuk hatları ya da bu hatlardan elde edilen hibritlerde yapılan mikrosatellit çalışmalara ağırlık verilmiştir.

Vanhala vd. (1998) üç White Leghorn hibriti, üç Finnish Landrace saf hattı, bir Rhode Island Red saf hat ve bir broyler hibrit olmak üzere toplam sekiz tavuk popülasyonunda dokuz mikrosatellit marker kullanarak yaptıkları çalışmada lokus başına allel sayısının 4 ile 13 arasında, hatlarda ise 1-10 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar Alman Lohmann (LSL), Finlandiya Makela (M) ve Jokionien (J) White Leghorn hibrit popülasyonlarında lokus başına ortalama allel sayısının sırasıyla 2.4, 3.3 ve 3.4 olarak belirlemişlerdir. Aynı çalışmada LSL, M ve J White Leghorn hibritlerinde beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerini ise

sırasıyla 0.407-0.370; 0.431-0.293 ve 0.485-0.379 olarak belirlemişlerdir. Araştırmacılar kahverengi yumurtacı Rhode Island Red (RIR) hattı ve broiler (BRO) hattında lokus başına ortalama allel sayılarının 4.6 ve 5.7; beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerini ise 0.608-0.450 ve 0.671-0.670 olarak raporlamışlardır. Ayrıca çalışmada mikrosatellit lokuslar üzerinden yapılan filogenetik ağaçta üç küme olduğu, Beyaz Leghorn'ların diğer hatlardan belirgin bir şekilde ayrı bir kümeye ayrıldığı gösterilmiştir. Araştırmada beklenen heterozigotluk değerlerinin gözlenen değerlerden yüksek olmasının, yani genetik varyasyondaki azalmanın nedeninin küçük popülasyon büyüklüklerine bağlı genetik drift/sürüklenme olabileceği vurgulanmıştır. Araştırmacılar mikrosatellit markerlerin popülasyonların geçmişleri ve yetiştirilme sistemleri hakkında oldukça kullanışlı bilgiler verdiğini belirtmişlerdir.

Zhou ve Lamont (1999) uzun yıllardır kendi içerisinde yetiştirilen Leghorn, Jungle Fowl, Fayoumi ve Spanish ırklarından elde edilen 23 hatta genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkiyi 42 mikrosatellit lokus ile incelemişlerdir. Araştırmacılar mikrosatellit analizlerden elde ettikleri veriler ile yaptıkları filogenetik analizlerde 23 tavuk hattının kökenlerine uygun olarak dört farklı kümede toplandığını bildirmişlerdir. Çalışmadan elde edilen sonuçlar ışığında mikrosatellit markerlerin uzun süreler boyunca kendi içerisinde yetiştirilmiş tavuk hatlarında bile genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve filogenetik analizlerde son derece doğru sonuçlar verdiğini bildirmişlerdir.

Kaiser vd. (2000) yaptıkları çalışmada, iki etlik piliç popülasyonunda mikrosatellit markerler ile genetik yapıyı incelemişlerdir. Red Jungle Fowl ve White Leghorn hatlarında çalışan 59 mikrosatellit lokus ile yapılan çalışmada 57 lokus PCR'da başarı ile çoğaltılmıştır. Bu lokusların % 98'inin polimorfik olduğu ve uzun süre seleksiyon yapılmış tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin gösterilmesinde ve haritalama çalışmalarında başarı ile kullanılabileceği bildirilmiştir.

Hillel vd. (2003) tarafından 52 tavuk popülasyonunda 22 mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan çalışmada çoğu Avrupa olmak üzere değişik kıta ve ülkelerden seçilen ve farklı yetiştirme geçmişi olan (yabani ırklar, yerel ırklar, etlik piliç hatları, kahverengi ve beyaz yumurtacı hatlar) popülasyonlarda genetik yapı incelenmiştir. Çalışmada yerli tavuk ırklarının yanı sıra bir adet beyaz yumurtacı saf hat (A), beş adet kahverengi yumurtacı saf hat (A, B, C, D ve E), dört adet broiler ana hattı (A, B, C ve D) ile dört adet broiler baba hattı (A, B, C ve D) da vardır. Araştırmacılar 52 popülasyonu yetiştirme şekline göre (yabani, seleksiyon uygulanmamış yerli, morfolojik olarak seleksiyon uygulanmış, yumurtacılar, etlik piliçler ve hibritler) sınıflandırmıştır. Lokus başına ortalama allel sayısı en yüksek (4.8) yabani türlerde en düşük (1.3) hibritlerde bildirilmiştir. Etlik piliç ve yumurtacı hatlarda lokus başına ortalama allel sayısı ise sırasıyla 3.6 ve 3.4 olarak bildirilmiştir. Çalışmada tüm markerler üzerinden hesaplanan genetik çeşitlilik değerleri yabani popülasyonlarda 0.62, seleksiyon uygulanmamış yerli popülasyonlarda 0.56, morfolojik olarak seleksiyon uygulanmış popülasyonlarda 0.46, yumurtacılar 0.45, etlik piliçlerde 0.57 ve hibritlerde 0.05 olarak raporlanmıştır. Araştırmacılar genetik çeşitliliğin, seleksiyon uygulanmayan popülasyonlarda seleksiyon uygulanan popülasyonlara göre daha yüksek olduğunu, etçi tavuk hatlarında yumurtacı tavuk hatlarına göre biraz daha yüksek olduğunu, yumurtacı hatlar içinde de kahverengi yumurtacılar beyaz yumurtacılara göre biraz daha fazla olduğunu raporlamışlardır. Beyaz yumurtacı popülasyonlar içinde ise White Leghorn'larda genetik varyasyonun diğer beyaz yumurtacılara göre daha düşük düzeyde olduğu

bulunmuştur. Sonuç olarak araştırmacılar, araştırmadan elde edilen verilerin genel olarak bu populasyonların yetiştirilme tarihi ve daha önce yapılan bilimsel çalışmalardan elde edilen sonuçlarla örtüştüğünü ve son yıllarda ticari tavuk yetiştiricilerinin özellikle beyaz yumurtacılarda genetik varyasyonun azalması ile kaygılarında haklı olduklarını bildirmişlerdir.

Rajkumar vd. (2007) Hindistan'da yetiştirilen içlerinde saf hatlarında bulunduğu 8 populasyonda (Dahlem Red, Rhode Island Red, White Leghorn-IWD, White Leghorn-IWF, Bobcock, Vencobb, Aseel ve tanımsız bir ırk) üç di-nükleotid mikrosatellit marker ile genetik çeşitliliği incelemişlerdir. Araştırmacılar çalışmada lokus başına en düşük ortalama allel ve etkili allel sayısının Dahlem Red saf hattında (5.00-2.20) en yüksek ise Bobcock ırkında (9.00-4.43) olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada WLH-IWD ve WLH-IWF White Leghorn saf hatlarında allel sayıları sırasıyla 5.33 ve 4.33, etkili allel sayıları 2.71 ve 2.81, beklenen heterozigotluk değerleri 0.63 ve 0.61, gözlenen heterozigotluk değerleri 0.69 ve 0.92 olarak bildirilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) ise -0.053 ile en düşük WLH-IWF hattında en yüksek ise 0.48 ile Aseel ırkında bildirilmiştir. Aseel ırkından sonra en yüksek F_{IS} değeri 0.32 ile Rhode Island Red ve 0.24 ile Dahlem Red hatlarında tespit edilmiştir. Araştırmacılar Rhode Island Red ve Dahlem Red hatlarında elde edilen yüksek akrabalığın normal olduğunu ve bu hatların uzun süre boyunca seleksiyon altında olduğu gerçeğini doğruladığını belirtmişlerdir. Şaşırtıcı olarak en yüksek F_{IS} değerinin Aseel ırkında çıkmasını ise örneklerinin kapalı olarak yetiştirilen tek sürüden alınmasına ve bu sürüdeki horoz sayısının çok az olmasına bağlamışlardır. İki White Leghorn hattında negatif çıkan akrabalığın ise Enstitü koşullarında yapılan uygun çiftleştirme planlarından kaynaklandığı vurgulanmıştır.

Muchadeyi vd. (2007) Zimbabve'nin farklı ekolojik bölgelerinde yetiştirilen 13 tavuk populasyonunda genetik yapıyı 29 mikrosatellit lokus kullanarak araştırmıştır. Bu 13 populasyonun 2 tanesi beyaz yumurtacı saf hat (LS-S ve WL_A), iki tanesi kahverengi yumurtacı saf hat (BL_C ve BL_A) ve iki tanesi de broiler saf hatlarından (BRD ve BRS) oluşmaktadır. Her populasyondan 30 örneğin kullanıldığı çalışmada beyaz yumurtacı (LS-S ve WL_A) saf hatlarında lokus başına ortalama allel sayısı (N_a) sırasıyla 2.9 ve 2.8, özgün allel sayısını 1 ve 2, beklenen heterozigotluk (H_e) değerlerini 0.355 ve 0.338, gözlenen heterozigotluk (H_o) değerlerini 0.332 ve 0.309 ve akrabalı yetiştirme katsayısını sırasıyla 0.067 ve 0.086 olarak bildirilmiştir. Kahverengi yumurtacı saf hatlarda (BL_C ve BL_A) lokus başına ortalama allel sayılarını sırasıyla 2.9 ve 2.9, özgün allel sayılarını 0, beklenen heterozigotluk değerlerini 0.393 ve 0.418, gözlenen heterozigotluk değerlerini 0.399 ve 0.391 ve akrabalı yetiştirme katsayılarını -0.015 ve 0.065 olarak belirlenmiştir. Broiler saf hatlarda (BRD ve BRS) ise allel sayıları 4.8 ve 3.8, özgün allel sayıları 6 ve 0, beklenen heterozigotluk değerleri 0.626 ve 0.547, gözlenen heterozigotluk değerleri 0.614 ve 0.526 akrabalı yetiştirme katsayıları 0.019 ve 0.039 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar mikrosatellit verilerden elde ettikleri filogenetik ağaçta tüm populasyonların kökenlerine göre dört ana grupta toplandığını, 1. grupta beyaz yumurtacılar, 2. grupta kahverengi yumurtacı saf hatlar, 3. grupta yerli populasyonlar ve 4. grupta broiler saf hatların yer aldığını raporlamışlardır. Araştırmacılar çalışmadan elde ettikleri sonuçlar ile saf hatlarda genetik çeşitliliğin düşük olmakla birlikte, broiler hatlarında yumurtacılara göre biraz daha fazla olduğunu, yumurtacı hatlarda genetik çeşitliliğin artırılması için çalışmalar yapılması gerektiğini

vurgulamışlardır. Çalışılan tüm populasyonlarda akrabalığın ihmal edilebilir düzeylerde olduğu belirtilmiştir. Ayrıca saf hatlarda genetik farklılaşmanın oldukça yüksek olduğunu, bu durumun altında yatan nedenin ise bu populasyonların kapalı sürüler halinde yetiştirilmesi ve farklı amaçlar için seleksiyon uygulanması olabileceğini vurgulamışlardır. Benzer şekilde bu populasyonlarda özgün allel tespit edilememesinin ya da sayısının düşük olmasının altında yatan nedeninde kapalı populasyonlar halinde yetiştirilmeleri olabileceği vurgulamışlardır.

Granevitze vd. (2007) farklı yetiştirme geçmişine sahip 64 populasyonda [seleksiyon uygulananlar (beyaz, kahverengi yumurtacı saf hatlar ve broiler saf hatlar), standart ırklar (bir standart için seleksiyon uygulanan Çin, Avrupa, Asya kökenli ırklar), herhangi bir yetiştirme sistemi ya da seleksiyon uygulanmayan yabani ırklar, koruma altındaki ırklar] 1970 tavukta 29 otozomal mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta, N_a 2.96, H_o 0.35, H_e 0.40, F_{IS} değerinde 0.086 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar dört adet broiler saf hatta N_a 3.79-4.79, H_o değerinin 0.51-0.61, H_e değerinin 0.55-0.63, F_{IS} değerinin ise 0.00-0.044 aralığında değiştiğini raporlamışlardır. Kahverengi yumurtacılar ise N_a 3.04-3.44, H_o değerinin 0.43-0.49, H_e değerinin 0.44-0.51, F_{IS} değerinin ise 0.00-0.065 aralığında değiştiği bildirilmiştir. Yetiştirme tarzına göre populasyonları sınıflandırarak yapılan değerlendirmede herhangi bir yetiştirme sistemi ya da seleksiyon uygulanmayan yabani ırklar, koruma altındaki ırklar, seleksiyon uygulananlar ve bir özellik için seleksiyon uygulanan standart ırklarda lokus başına allel sayısı sırasıyla 5.46, 4.21, 3.52, 3.17; gözlenen heterozigotluk 0.58, 0.54, 0.49, 0.41; beklenen heterozigotluk ise 0.62, 0.56, 0.52, 0.48 olarak raporlanmıştır. Araştırmacılar daha önceki çalışmalarla uyumlu olarak broiler saf hatlarda genetik varyasyonun yumurtacı saf hatlara göre yüksek olduğunu, yumurtacı saf hatlar içinde ise kahverengi yumurtacılar beyaz yumurtacı saf hatlara göre yüksek olduğunu belirtmiştir. Bu durumun dünyada White Leghorn'ların beyaz yumurta üretiminde baskın ırk haline gelmesinden ve Leghorn'ların genetik kökenlerinde kahverengi yumurtacılar kadar çok ırk bulunmamasından kaynaklanabileceğini belirtmişlerdir.

Tadano vd. (2007a) dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkı ve iki ticari saf hat (White Leghorn ve White Plymouth Rock) olmak üzere toplam 11 populasyonda genetik yapıyı 40 mikrosatellit lokus kullanılarak değerlendirmişlerdir. White Leghorn hattında lokus başına allel sayısı 2.98, gözlenen heterozigotluk 0.471 ve beklenen heterozigotluk 0.469 olarak bildirilirken, White Plymouth Rock hattında ise lokus başına allel sayısının 3.00, gözlenen ve beklenen heterozigotluğu 0.472 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar White Leghorn ve White Plymouth Rock hattında orta seviyelerde genetik varyasyon olduğunu bildirmişlerdir. Tadano vd. (2007b) 12 ticari tavuk hattında [üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C); üç adet White Plymouth Rock (WR-A, WR-B ve WR-C); iki adet Rhode Island Red (RIR-A ve RIR-B); bir adet White Cornish (WCN); bir adet Red Cornish (WCN); bir adet Barred Plymouth Rock (BPR); bir adet New Hampshire Red (NHS)] 40 mikrosatellit lokus ile populasyon yapısını ve genetik çeşitliliği incelemişlerdir. Çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk değerinin en düşük 0.295 ile New Hampshire Red hattında, en yüksek ise 0.664 ile broiler ana hattı olan Beyaz Plymouth Rock A hattında tespit edildiği bildirilmiştir. Çalışmada White Leghorn hatları olan WR-A, WR-B ve WR-C'de ortalama allel sayıları sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05 olarak, H_o ve H_e değerleri sırasıyla

0.485 ve 0.463, 0.431 ve 0.418, 0.489 ve 0.480 olarak raporlanmıştır. PIC değerleri sırasıyla 0.394, 0.351 ve 0.414 olarak F_{IS} değerleri ise sırasıyla -0.050, -0.032, -0.020 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar RIR-A ve RIR-B hatlarında gözlenen heterozigotlukları sırasıyla 0.607, 0.480 beklenen heterozigotlukları ise sırasıyla 0.583, 0.473 olarak tespit etmişlerdir. RIR A hattında ortalama allel sayısı, PIC ve F_{IS} , değerleri sırasıyla 4.25, 0.523, -0.041; RIR B hattında ise 3.28, 0.412, -0.014 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar daha önceki çalışmalarla uyumlu olarak genetik çeşitliliğin broyler hatlarında yumurtacı hatlara göre yüksek olduğunu, yumurtacılar içinde de kahverengi yumurtacılar daha yüksek olduğunu bildirmiştir. Genetik mesafe (D_A) temelinde yapılan dendograma göre White Leghorn hatları diğer hatlardan büyük farklılıklar göstermiş ve ayrı bir küme oluşturmuştur. Araştırmacılar günümüzde kanatlı endüstrisinde beyaz yumurtacıların neredeyse tamamını Leghorn hatlarının oluşturduğunu ve Leghorn'ların genetik kökeninde tek bir ırk yani Balta İbikli Leghornlar olduğunu belirtmişler ve bu nedenle Leghorn hatlarının diğerlerinden farklı ayrı bir küme oluşturmalarının normal olduğunu vurgulamışlardır. Öte yandan diğer hatlar arasında genetik ilişki (Plymouth Rock, Rhode Island Red ve Cornish) kökenleriyle uyumlu değildir. Örneğin RIR A ve RIR B aynı genetik kökenden olmasına rağmen dendogramda yakın değildirler. Araştırmacılar bunun altında yatan nedenin uzun yıllardır bu hatlarda farklı verim özellikleri için yapılan seleksiyon işlemi olabileceğini belirtmişlerdir.

Granevitze vd. (2009) dünyanın farklı kıtalarında farklı yetiştirme geçmişine sahip içlerinde saf hatların da olduğu 65 tavuk popülasyonunda genetik ilişkiyi 29 SSR lokusu kullanarak incelemişlerdir. Çalışma sonucunda Asya ve Avrupa ırkları ile broiler, kahverengi ve beyaz yumurtacı saf hatlar belirgin biçimde ayrı kümelerde yer almıştır. Broiler ve kahverengi yumurtacılar genetik olarak diğer ırklara göre daha yakın çıkmıştır. Araştırmacılar ticari popülasyonlarda çok uzun sürelerdir uygulanan seleksiyon işlemlerinin bu hatları farklılaştırdığını belirtmiştir. Broiler ve kahverengi yumurtacıların yakın olmasının nedenini ise bu hatların ortak ırklardan köken alması olabileceği buna rağmen uzun süre farklı yönlerde yapılan seleksiyon işleminin bu hatları farklılaştırdığı vurgulanmıştır.

Chatterjee vd. (2010) üç White Leghorn saf hattından elde edilen altı melez popülasyonda toplam 170 bireyde 14 mikrosatellit marker kullanarak popülasyonlar arası genetik ilişkiyi araştırmışlardır. Araştırmacılar çalışmada kullanılan tüm lokusların polimorfik olduğunu ve 2 ile 6 arasında allel verdiğini bildirmişlerdir. Çalışmada lokus başına ortalama allel sayısının 3.21, etkili allel sayısının 2.67 olarak bildirilmiştir. Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.748 ve 0.593 olarak hesaplamışlardır. ADL0102 ve MCW0049 lokusları için F_{IS} değerleri sırasıyla 0.032 ve 0.08 olarak bildirilmiştir. Bu iki lokus dışındaki lokuslar ise negatif F_{IS} değeri almışlardır.

Dorji vd. (2011) dört Tayland yerli tavuk ırkı ve üç ticari hatta [Broiler (BRO), Isa Brown (IB) ve White Leghorn (WL)] genetik çeşitliliği 20 mikrosatellit lokus kullanılarak belirlemişlerdir. Toplam 227 allelin belirlendiği araştırmada en az allel MCW0111 lokusunda (6 allel) en çok ise MCW0183 ve LEI0166 (16 allel) lokuslarında tespit edilmiştir. BRO hattında lokus başına allel sayısı, gözlenen ve beklenen heterozigotluklar sırasıyla 7.95, 0.57 ve 0.78 olarak, IB hattında sırasıyla 7.6, 0.73 ve 0.75 olarak WL hattında ise 8.1, 0.55 ve 0.78 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar

mikrosatellit lokuslardan elde ettikleri verilerden yaptıkları dendogramda dört grup oluştuğunu, ilk grupta White Leghorn hattı, ikinci grupta broiler hattı, üçüncü grupta Luenghaghkhoa, Chee ve Dang ırkları olduğunu son grupta ise Pradhu Hang Dam ırkı olduğunu raporlamıştır. Araştırmacılar mikrosatellit lokuslar temelinde yapılan filogenetik analizlerinin, yerli ırklar ve ticari hatların daha önceki değişik moleküler çalışmalardan elde edilen sonuçların ve ırkların yetiştirilme geçmişleri ile uyumlu olduğunu bu nedenle mikrosatellit markerlerin genetik çeşitlilik ve filogenetik analizlerde güvenli olduğunu bildirmişlerdir.

Wilkinson vd. (2011) 24 tavuk popülasyonundan 685 bireyde genetik çeşitliliği 30 mikrosatellit lokus kullanarak değerlendirmişlerdir. 239 allelin elde edildiği çalışmada, lokus başına ortalama allel sayısı 7.97 olarak bildirilmiştir. En az allel sayısı 2 allel ile MCW0103, MCW0284, MCW0098 lokuslarında en çok ise 24 allel ile LEI0092 lokusunda elde edilmiştir. Irklar arasındaki farklılaşmanın yüksek derecede (F_{ST} 0.25) olduğu ayrıca 24 ırkın çoğunda heterozigot eksikliğinden dolayı (ortalama F_{IS} 0.20) Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu bildirilmiştir. Çalışmada Leghorn ırkında ortalama allel, gözlenen ve beklenen heterozigotluklar ile özgün allel sayısı sırasıyla 3.97, 0.37, 0.54 ve 2 olarak belirlenirken, Rhode Island Red hattında bu değerlerin sırasıyla 4.03, 0.41, 0.57 ve 0 olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar çalışılan popülasyonlarla ilgili genel olarak genetik çeşitliliğin düşük seviyelerde olduğunu ve hassas ırklarda koruma çalışmalarının yapılması gerektiğini önermişlerdir.

Tadano vd. (2011) White Leghorn'lardan elde edilen 7 saf hat arasında genetik farklılaşmayı 40 mikrosatellit lokus kullanarak değerlendirmişlerdir. WL1 hattı Japonya'da ticari bir firma tarafından geliştirilen büyük ebeveynlerdir. WL2, WL3 ve WL4 Japonya kamu kurumları tarafından yetiştirilmektedir. WL2 hattı bir WL ile beyaz yumurtacı başka bir hattın melezlenmesi ile elde edilmiş ve 2004 yılından beri kapalı olarak yetiştirilmektedir. WL3 ve WL4 sırasıyla 1990 ve 1998 yılından beri kapalı olarak yetiştirilmektedir. WL5, WL6 ve WL7 çok uluslu şirketler tarafından pazarlanan beyaz yumurtacı hibritlerdir. Araştırmada yedi WL hattı arasındaki ikişerli F_{ST} değerlerinin 0.0706 ile 0.2590 aralığında değiştiği raporlanmıştır. Araştırmacılar aynı genetik kökene rağmen yedi hat arasında yetiştirme tarzından dolayı yüksek genetik farklılaşma olduğunu ve bayesian yaklaşımlı kümelemenin oldukça kullanışlı olduğunu vurgulamışlardır.

Akaboot vd. (2012) kırmızı orman tavuğu (*Gallus gallus*), ve (*Gallus spadiceus*), Tayland yerli tavuk ırkı olan Pradu Hang Dam ve iki ticari tavuk hattında (Broiler ve White Leghorn) 18 mikrosatellit lokus ve 6 fonksiyonel gen kullanarak genetik yapıyı incelemişlerdir. Çalışmada broiler hattında gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.42 ve 0.82 bulunurken, White Leghorn hattında bu değerler 0.40 ve 0.78 olarak tespit edilmiştir. Çalışma sonunda hem mikrosatellit hem de fonksiyonel genlerden elde edilen verilerden oluşturulan filogenetik ağaçların ikisinde de benzer kümeler elde edildiği ve popülasyonlar arasında ve içindeki benzerlik ya da farklılıkların belirlenmesinde fonksiyonel genlerin de mikrosatellit markerler gibi etkili olduğunu bildirmiştir.

Tadano vd. (2012) Japon Nagoya tavuklarından uzun süre seleksiyon ile elde edilen beş yakın akraba tavuk hattı (NG1-NG5), iki broiler (BA-A ve BR-B), iki beyaz yumurtacı (WEL-A ve WEL-B) ve bir kahverengi yumurtacı (BEL) hatta genetik

çeşitliliği ve farklılaşmayı 20 mikrosatellit lokus ile değerlendirmişlerdir. NG1'in en eski saf hat olup Nagoya ırkından 1903 yılında elde edildiği, NG2 hattının ise 1973 yılında elde edildiği ve et üretimi için 10 generasyon seleksiyon yapılarak vücut ağırlığının artırıldığı bildirilmiştir. NG3 hattının yine et üretimi için 1984 yılında NG1 ve NG2'nin melezlenmesiyle elde edildiği ve 6 generasyon seleksiyon uygulandığı vurgulanmıştır. NG4 hattının NG1 ve NG2 hatlarının melezlenmesiyle 1992 yılında elde edilerek, yumurta verimi ve kabuk rengi için 7 generasyon seleksiyon uygulandığı bildirilmiştir. NG5 hattının ise 2001 yılında NG4 hattının erken tüylenme özelliğine sahip bireylerinden oluşturulduğu belirtilmiştir. Beş Nagoya hattında lokus başına ortalama allel sayısının 2.35-2.85 aralığında, gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.385-0.507 aralığında, beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.404-0.480 aralığında, akrabalı yetiştirme katsayısı değerlerinin ise -0.056-0.074 aralığında değiştiği bildirilmiştir. BR-A ve BR-B hatlarında lokus başına ortalama allel sayısı sırasıyla 5.1 ve 5.35, gözlenen heterozigotluk değerleri 0.715, 0.742, beklenen heterozigotluk değerleri 0.666, 0.685, ve F_{IS} değerleri -0.075 ve -0.084 olarak bildirilmiştir. WEL-A ve WEL-B hatlarında Na sayısı sırasıyla 3.2 ve 4, H_o değerleri 0.583, 0.787, H_e değerleri 0.498 ve 0.586 ve F_{IS} değerleri -0.175, -0.354 olarak tespit edilmiştir. Araştırmacılar BEL hattında ise Na, H_o , H_e ve F_{IS} değerlerinin sırasıyla 4.3, 0.744, 0.624 ve -0.196 olarak bildirmişlerdir. Araştırmacılar beş Nagoya hattında elde edilen ikişerli F_{ST} değerlerini 0.224 (NG4 ve NG5 arasında) ile 0.250 (NG1 ve NG2) arasında tespit etmişler ve tüm ikişerli F_{ST} değerlerinin istatistiki açıdan önemli olduğunu ($p < 0.01$) vurgulamışlardır. Araştırmacılar çalışılan tavuk hatlarında 20 mikrosatellit lokustan elde edilen veriler ile bayesian temelinde yapılan kümeleme analiz sonucu Nagoya hatlarının diğer ticari hatlardan belirgin şekilde ayrıldığını, Nagoya hatları içerisinde NG4 ve NG5 hatlarının birbirine diğer hatlara göre daha yakın olduğunu belirtmişlerdir. Ticari hatlar içerisinde broiler, beyaz ve kahverengi yumurtacılar birbirinden belirgin şekilde ayrılırken, broiler hatlar BR-A ve BR-B kendi içerisinde ayrılmış ancak beyaz yumurtacılar ayrılamamıştır. Araştırmacılar çalışmada elde ettikleri sonuçlara dayanarak Nagoya hatlarındaki genetik çeşitlilik parametrelerinin ticari hatlardakinden daha düşük olduğunu vurgulamışlardır. Ayrıca Nagoya hatlarında düşük genetik çeşitliliğe rağmen popülasyonlarda akrabalığın artmadığı, bunun altında yatan nedenin ise kontrollü çiftleştirme olabileceği belirtilmiştir. Broiler, kahverengi ve beyaz yumurtacı hatlarda ise en düşük genetik çeşitlilik parametrelerinin beyaz yumurtacılarda olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar Nagoya hatlarında edilen genetik çeşitlilik ve farklılaşma parametrelerinin ırkların yetiştirilme amaç ve geçmişleriyle uyumlu olduğunu ayrıca mikrosatellit lokuslar ile bayesian temelinde yapılan analizlerin oldukça kullanışlı olduğunu vurgulamışlardır. Ayrıca Nagoya hatlarının aynı genetik kökenden gelmesine rağmen uzun süre kapalı yetiştirme ve değişik yönlerde uygulanan seleksiyon işlemi ile farklılaşmış olabileceğini belirtmişlerdir.

Ramadan vd. (2012) yedi farklı ırktan elde edilen Mısır yerli tavuk hatlarındaki genetik çeşitliliği beyaz yumurtacı White Leghorn (WL) ve kahverengi yumurtacı Rhode Island Red (RIR) hatlarıyla karşılaştırmışlardır. Ayrıca üç farklı yaklaşımla koruma önceliklerini değerlendirmişlerdir. 21 mikrosatellit lokusun kullanıldığı çalışmada Mısır tavuk hatlarında ortalama allel sayısı 4.9, gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.566 ve 0.595 olarak belirlenmiştir. Aynı değerler WL hattında 2.5, 0.423, 0.428 olurken RIR hattında 3.6, 0.469 ve 0.511 olarak tespit edilmiştir. Yedi Mısır tavuk hattı içerisinde en düşük Na (3.7), H_o (0.423) ve H_e (0.475)

değerleri Fayoumi hattında, en yüksek Na (5.9), Ho (0.648) ve He (0.660) değerleri ise Sıani hattında elde edilmiştir. Araştırmacılar koruma önceliklerini üç farklı yaklaşımla değerlendirmişler ve toplam genetik çeşitliliğe en az katkıyı Fayoumi hattının verdiğini tespit etmişlerdir. Bu üç yaklaşımdan biri olan Cabellero ve Toro (2002) yaklaşımına göre genetik çeşitliliğe en düşük katkı Fayoumi hattında (1.716), en yüksek katkılar ise sırasıyla Dandarawy ve Sinai hatlarında (-1.404 ve -1.231) tespit edilmiştir. Araştırmacılar çalışmadan elde ettikleri sonuçlara dayanarak mikrosatellit markerlerin genetik çeşitliliğin yanı sıra koruma önceliğinin belirlenmesinde de son derece kullanışlı olduğu ve çiftlik hayvanlarının ırk, hat ve ekotiplerinin korunması çalışmalarında güvenle kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Tadano vd. (2013) Plymouth Rock ırkından elde edilen yedi tavuk hattında (PR1-PR7) genetik çeşitliliği 40 mikrosatellit marker kullanarak değerlendirmişlerdir. Çalışmada ayrıca mikrosatellit lokuslardan elde edilen bilgiler ile popülasyonlar arası genetik farklılaşma ve popülasyonların koruma öncelikleri belirlenmiştir. İlk beş hat beyaz PR6 ve PR7 ise çubuklu Ploymount Roch hattıdır. PR1 ve PR2 hatları sırasıyla 1975 ve 1971, PR4 hattı 1960'larda elde edilmiştir. PR5, PR6 ve PR7 hatları sırasıyla 1993, 1989 ve 1999 yıllarında oluşturulmuştur. Lokus başına ortalama allel sayısının 2.6 (PR4) ile 4.2 (PR3) arasında, gözlenen heterozigotluk değerinin 0.39 (PR4) ile 0.66 (PR3) arasında, beklenen heterozigotluk değerinin 0.41 (PR4) ile 0.58 (PR3) arasında değiştiği bildirilmiştir. Hatlar arasında genetik farklılaşma (ikişerli F_{ST}) 0.201 (PR2-PR3) - 0.422 (PR4-PR5) aralığında değişmiştir. Araştırmacılar PR4 hattında et yönünde PR5 hattında ise yumurta yönünde seleksiyon işlemi uygulandığını, uzun süre kapalı yetiştirilen ve farklı yönlerde seleksiyon uygulanan PR4 ve PR5 hatlarının bu nedenle diğerlerine oranla daha fazla farklılaştığını belirtmişlerdir. Bayesian model temelinde yapılan kümeleme analizinde orijinlerine uygun olarak bireyler ayrı kümelerde toplanmış, karışıklık gözlenmemiştir. Bu sonuçlar hatlar arasında farklılaşmanın önemli derecede olduğunu göstermektedir. Araştırmacılar koruma önceliğine karar vermek için Caballero ve Toro'nun (2002) belirlediği yöntemle göre her bir hattın genetik çeşitliliğe katkısını belirlemişlerdir. Çalışmada 4 ve 5 nolu hatların genetik çeşitliliğe katkısı (sırasıyla % 1.14 ve % 3.44) diğer beş hatta göre daha fazla bulunmuş ve koruma önceliğinin bu hatlara verilmesi önerilmiştir. Araştırmacılar mikrosatellit markerlerin tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi, filogenetik analizler, tavuk gen kaynaklarını koruma çalışmaları için koruma önceliklerinin belirlenmesinde kullanışlı bilgiler verdiğini vurgulamışlardır.

Pham vd. (2013) 10 Tayvan ticari tavuk popülasyonu, bir kırmızı orman tavuğu popülasyonu, 1 broiler (BR) ve 1 White Leghorn (LG) popülasyonunda 22 mikrosatellit marker ile genetik çeşitliliği araştırmışlardır. 10 Tayvan ticari popülasyonunda lokus başına ortalama allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk ile akrabalı yetiştirme katsayıları (F_{IS}) değerleri sırasıyla 4.00, 2.40, 0.439, 0.531 ve 0.174 olarak tespit edilirken aynı değerler BR popülasyonunda 3.20, 2.20, 0.541, 0.520 ve -0.057 olarak, LG popülasyonunda ise 2.90, 2.10, 0.476, 0.429 ve -0.129 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar 10 ticari tavuk popülasyonundaki yüksek akrabalığın, popülasyon büyüklüğünden ve et kalitesi için yapılan yoğun seleksiyon uygulamalarından kaynaklanmış olabileceğini belirtmişlerdir. Çalışmada broiler popülasyonundaki genetik varyasyonun, LG popülasyonuna göre daha iyi durumda

olduğu ve her iki populasyonda da uygun çiftleştirme programlarından kaynaklı Fis değerinin negatif olabileceği vurgulanmıştır.

Pratap vd. (2014) 12 mikrosatellit marker kullanarak Hindistan Kadaknath (KN) tavukları ile White Leghorn (WL) tavuklarındaki genetik çeşitliliği karşılaştırmışlardır. KN ve WL tavuklarında lokus başına ortalama allel sayısı, etkili allel sayısı, gözlenen ve beklenen heterozigotluk ile akrabalı yetiştirme katsayısı değerleri sırasıyla 3.58, 2.5; 2.80, 1.59; 0.50, 0.27; 0.60, 0.37 ve 0.173, 0.270 olarak tespit etmişlerdir. Araştırmada KN populasyonunda genetik çeşitlilik parametrelerinin WL populasyonuna göre daha yüksek olduğu, akrabalığın WL populasyonunda KN populasyonuna göre daha yüksek olduğu, bunun da uzun süre uygulanan seleksiyon işleminden kaynaklandığı belirtilmiştir.

Das vd. (2015) iki kahverengi yumurtacı saf hatta (RIR^S ve RIR^C) 24 mikrosatellit marker ile yaptıkları çalışmada akrabalı yetiştirme katsayılarını (F_{IS}) sırasıyla 0.091 ve 0.116, Nei'nin heterozigotluk değerlerini 0.675 ve 0.677 olarak belirlemişlerdir. Araştırmacılar populasyonlarda orta düzeyde genetik çeşitlilik olduğunu ve populasyonlarda akrabalığın yüksek olduğunu vurgulamışlardır.

Seo vd. (2017) bir Kore yerli tavuk ırkı (NC), bir Kore ticari tavuk hattı (HH), bir Leghorn (LG), bir Cornish (CS) ve bir Rhode Island Red (RIR) hattında 20 mikrosatellit lokus kullanarak genetik yapıyı incelemişlerdir. Seo vd. (2017) HH, NC, LH, CS ve RIR populasyonlarında ortalama allel sayısını sırasıyla 9.90, 10.05, 5.35, 6.50 ve 4.40 olarak; Ho değeri sırasıyla 0.612, 0.630, 0.420, 0.494, 0.464 ve 0.524 olarak; He değerleri ise sırasıyla 0.785, 0.796, 0.586, 0.721, 0.580, 0.694 olarak bildirmiştir. Çalışmada en yüksek genetik farklılaşmanın LG ve RIR (% 18.9) arasında olduğu ve yapılan filogenetik analizlerde tüm populasyonların birbirinden belirgin şekilde ayrıldığı raporlanmıştır. Araştırmacılar mikrosatellit lokusların genetik çeşitlilik ve filogenetik analizler için kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir.

Sridevi vd. (2018) iki farklı White Leghorn hattında (IWD ve IWF) 10 mikrosatellit lokus kullanarak populasyonların genetik yapısını incelemişlerdir. Araştırmacılar çalışmada her iki hatta allel sayısını 2-4 aralığında, lokuslarda gözlenen heterozigotluk değerini 0.220 (ADL158) ile 0.400 (MCW014) aralığında tespit etmiştir. Çalışmada tespit edilen düşük allel sayıları ve heterozigotluk değerlerinin yetiştirme sistemi yanı sıra kullanılan poliakrilamid jel kaynaklı olabileceği önerilmiştir.

Karslı ve Balcıoğlu (2018) Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde bulunan 6 adet kahverengi yumurtacı saf hattında (Rhode Island Red-RIRI ve RIRII; Barred Rock – BARI ve BARI; Colombian Rock-COL ve Line 54 L-54) genetik yapıyı 22 mikrosatellit lokus kullanarak araştırmıştır. Çalışmada lokus başına allel sayısı 4.40 (BARI) ile 5.45 (RIRI) aralığında, etkili allel sayısı 2.43 (RIRII) ile 3.11 (RIRI) aralığında, gözlenen heterozigotluk 0.309 (RIRII)- 0.496 (BARI), akrabalı yetiştirme katsayısı 0.164 (L-54) ile 0.464 (RIRII) aralığında değiştiği bildirilmiştir. Ayrıca en düşük ikişerli F_{ST} değerinin BARI ve BARI (0.115) hatları arasında, en yüksek ise L-54 ile COL (0.352) hatları arasında belirlendiği bildirilmiştir. Çalışmadan elde edilen sonuçlara dayanarak altı farklı kahverengi yumurtacı saf hatta orta düzeyde genetik varyasyon olmasına rağmen çok yüksek akrabalığın olduğu özellikle RIRII hattında acil önlemler alınması gerektiği vurgulanmıştır. Akrabalığın bu denli yüksek olmasındaki

nedenin küçük populasyon büyüklükleri ve kontrolsüz çiftleştirme programları olabileceği raporlanmıştır. Çalışmada kullanılan hatların genetik olarak birbirinden oldukça farklılaştığı ve bunun altında yatan nedenin yetiştirme sistemi olabileceği bildirilmiştir. En yüksek F_{ST} değerinin L-54 ile COL hatları arasında elde edilmesinin altında ise yetiştirilme sistemi yanı sıra bu iki ırkın aynı genetik kökenden gelmesine rağmen L-54 hattında canlı ağırlığı azaltmak için %15 Leghorn kanı kullanılması olabileceği vurgulanmıştır.



3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Araştırmanın materyalini, Tarım ve Orman Bakanlığı bünyesinde bulunan Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsünde korunan ve yetiştirilen beş farklı beyaz yumurtacı saf hattan (Blue, Brown, D-229, Black, Maroon) alınan kanlardan izole edilen DNA'lar oluşturmuştur. Çalışmada her bir saf hattan 30 tavuk olmak üzere toplam 150 tavuktan alınan kan örnekleri kullanılmıştır. Kan örnekleri tavukların kanat altı toplardamarından (*venous cutenea ulnaris*) K3EDTA'lı tüplere 2'şer ml şeklinde alınmıştır. Örnekler mümkün olan en kısa sürede Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Genetik Laboratuvarına getirilerek, DNA izolasyonu yapılmaya kadar -20 °C'de korunmuştur.

3.2. Metot

3.2.1. Genomik DNA izolasyonu

Genomik DNA izolasyonu Miller vd. (1988) tarafından bildirilen protokol Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Genetik Laboratuvarı koşullarına optimize edilerek aşağıda ayrıntıları bildirildiği şekilde uygulanmıştır.

1. -20 °C'de muhafaza edilen kan örnekleri çözülene kadar oda sıcaklığında (24–25 °C) bekletilmiştir.
2. Her bir kan örneğinden 50 µl alınarak 1.5 ml'lik ependorf tüp içine konulmuştur.
3. Örneklerin üzerine 1000 µl Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.1.) ilave edilmiştir ve kısa bir süre vorteksle iyice karıştırılarak 10 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir.
4. Bekletme süresinin sonunda örnekler 3000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.
5. Ependorf tüplerin üst kısmında toplanan sıvı kısım (süpernatant) dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Dipte kalan peletlerin (hücre kısmı) rengi gözlenerek peletlerin rengi beyaz olana kadar Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi ile tekrar muamele edilmiştir (ortalama 2-3 defa Madde 3 ve 4 tekrar edilmiştir).
6. Peletlerin üzerine 1000 µl Fizyolojik Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.1.) eklenmiştir ve kısa bir süre vortekslenmiştir.
7. Örnekler 3000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir ve santrifüj sonunda sıvı kısım dikkatli bir şekilde tekrar uzaklaştırılmıştır.
8. Peletlerin üzerine 600 µl Lisis TE Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.1.) eklenmiştir ve peletlerin iyice çözünmesi sağlanmıştır.
9. Çözülen peletlerin üzerine 100 µl SDS solusyonu ve 5 µl proteinaz K (20 mg/ml) eklenmiştir ve hafifçe karıştırıldıktan sonra ve 65 °C'de 1.5 saat su banyosuna

bırakılmıştır. Tüpler inkübasyon süresince her 15 dakikada bir hafifçe elle karıştırılmış ve tüpler alt üst edilmiştir.

10. İnkübasyondan çıkarılan örneklerin üzerine 200 µl 6M NaCl Çözeltisi (Çizelge 3.1.) eklenmiş ve 15 dk iyice vorteksle karıştırılmıştır.

11. Karıştırma işlemi sonrasında örnekler 10000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.

12. Santrifüj sonunda üstte kalan ve DNA moleküllerini içeren sıvı kısım dikkatli bir şekilde yeni bir ependorf tüp içine konulmuştur.

13. Örnekler 10000 rpm de 5 dk tekrar santrifüj edilmiş ve yine üstte kalan sıvı kısım yeni bir ependorf tüp içine alınmıştır.

14. Örnekler üzerine mevcut hacminin iki katı hacimde (yaklaşık 1000 µl) %99.9'luk saf etil alkolden (-20 °C'de saklanan) ilave edilmiştir.

15. Etil alkol ilave edildikten sonra ependorf tüpü içindeki DNA iplikçikleri kümeleşinceye kadar 10-15 kez hafifçe alt üst edilerek karıştırılmıştır.

16. Kümeleşen DNA iplikçiklerinin tüpün dibine çökmesi için tüp 10000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.

17. Santrifüj sonunda etil alkol uzaklaştırılarak tüpün dibine çökmüş olan DNA peletinin üzerine 1000 µl %70'lik etil alkol ilave edilerek 10000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.

18. Santrifüj işleminden sonra tüpün üstünde yer alan alkol uzaklaştırılmış ve tüp içindeki alkolün tamamen uzaklaştırılması için çeker ocağa koyulmuştur.

19. Tamamen kuruyan örnekler üzerine 100 µl TE Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.1.) ilave edilmiş ve DNA peletinin çözülmesi için bir gece buzdolabında +4 °C'de bekletilmiştir.

20. Genomik DNA izolasyonunun miktar ve saflık kontrollerinin yapılmasında NanoDrop Spektrofotometre kullanılmıştır.

DNA izolasyonunun başarılı olup olmadığı %1.5'luk agaroz jel kullanılarak kontrol edilmiştir.

Çizelge 3.1. DNA izolasyonu için kullanılan çözeltilerin molarite/miktar ve içeriği

Tampon Çözelti	Molarite/Miktar	İçerik
Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi	0.32 M 10 mM 5 mM	Sukroz EDTA MgCl ₂
Fizyolojik Tampon Çözeltisi	75 mM 25 mM	NaCl EDTA
Lisis TE Tampon Çözeltisi	500 mM 20 mM 10 mM	Tris-HCl EDTA NaCl
TE Tampon Çözeltisi	10 mM 1mM	Tris EDTA
6M NaCl Çözeltisi	3.50 g 10 ml'ye tamamlanır	NaCl Deiyonize H ₂ O

3.2.2. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi ve PCR işlemi

Diğer çiftlik hayvanlarında olduğu gibi tavuklarda da populasyonlar arası genetik ilişki ve genetik çeşitliliğin belirlenmesi için kullanılan çok sayıda mikrosatellit lokus vardır. Bu çalışmada FAO (2011) tarafından tavuklarda genetik çeşitliliğin belirlenmesi için tavsiye edilen 30 adet mikrosatellit lokustan 20 tanesi kullanılmıştır. Bu 20 lokusun seçiminde ise fragment analiz için mümkün olduğunca farklı büyüklükte bant veren lokuslar tercih edilmiştir. Bu sayede fragment analizinde multipleks okuma yapılmış ve maliyet düşürülmeye çalışılmıştır. Uygulanan PCR programı ve PCR reaksiyon karışımı Çizelge 3.2'de, kullanılan lokuslara ait tanımlayıcı bilgiler ise Çizelge 3.3'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışmada uygulanan PCR reaksiyon karışımı ve PCR programı

PCR Bileşeni	Miktar µl (1X)	PCR programı	
H ₂ O	11.2	İlk denatürasyon	94°C de 5 dk
10X Buffer	2 (pH:8.5)	Denatürasyon	94°C de 30 sn
dNTPs	2 (2.5 mM/ µl)	Yapışma	(Çizelge 3.3.) 30 sn
HQ	1.2	Uzama	72 °C de 30 sn
Forward Primer	0.3(10 pmol/µl)	Son uzama	72 °C de 5 dk
Reverse Primer	0.3 (10 pmol/µl)		
Taq	0.5 (2.5 unit)		
DNA	2.5 µl		

35 döngü

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan lokuslara ait tanımlayıcı bilgiler

İsim	Kromozom	Primer Sekansı (5'---3')	Anneling Sıcaklığı (°C)	Genbank Erişim Numarası	Allel Genişliği
ADL0112	10	F: GGCTTAAGCTGACCCATTAT R: ATCTCAAATGTAATGCGTGC	58	G01725	120-134
ADL0268	1	F: CTCCACCCCTCTCAGAACTA R: CAACTTCCCATCTACCTACT	56	G01688	102-116
LEI0094	4	F: GATCTCACCAGTATGAGCTGC R: TCTCACACTGTAACACAGTGC	60	X83246	247-287
LEI0166	3	F: CTCCTGCCCTTAGCTACGCA R: TATCCCCTGGCTGGGAGTTT	56	X85531	354-370
LEI0192	6	F: TGCCAGAGCTTCAGTCTGT R: GTCATTACTGTTATGTTTATTGC	56	Z83797	244-370
LEI0234	2	F: ATGCATCAGATTGGTATTCAA R: CGTGGCTGTGAACAAATATG	55	-	216-364
MCW0016	3	F: ATGGCGCAGAAGGCAAAGCGATAT R: TGGCTTCTGAAGCAGTTGCTATGG	62	-	162-206
MCW0020	1	F: TCTTCTTTGACATGAATTGGCA R: GCAAGGAAGATTTTGTACAAAATC	56	-	179-185
MCW0034	2	F: TGCACGCACTTACATACTTAGAGA R: TGTCTTCCAATTACATTCATGGG	57	-	212-246
MCW0037	3	F: ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA R: GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA	58	-	154-160
MCW0067	10	F: GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT R: GAGATGTAGTTGCCACATTCCGAC	60	G31945	176-186

(Devamı arkada)

Çizelge 3. 3.'ün devamı

MCW0069	E60C04W23	F: GCACTCGAGAAAACCTTCCTGCG R: ATTGCTTCAGCAAGCATGGGAGGA	56	-	158-176
MCW0078	5	F: CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT R: TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	58	-	135-147
MCW0081	5	F: GTTGCTGAGAGCCTGGTGCAG R: CCTGTATGTGGAATTACTTCTC	56	-	112-136
MCW0111	1	F: GCTCCATGTGAAGTGGTTTA R: ATGTCCACTTGTCAATGATG	56	L48909	96-120
MCW0123	14	F: CCACTAGAAAAGAACATCCTC R: GGCTGATGTAAGAAGGGATGA	58	-	76-100
MCW0183	7	F: ATCCCAGTGTCGAGTATCCGA R: TGAGATTTACTGGAGCCTGCC	59	G31974	296-326
MCW0248	1	F: GTTGTTCAAAAGAAGATGCATG R: TTGCATTAAGTGGGCACTTTC	55	G32016	205-225
MCW0301		F: GGAGAGGAGACAACTGTATTC R: AGGGTGAGAGGTAACAAGTGC	55		260-302
MCW0330	17	F: TGGACCTCATCAGTCTGACAG R: AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC	59	G32085	256-300

3.2.3. PCR ürünlerinin kontrolü

PCR ürünlerin çalışıp çalışmadığı agaroz jel kullanılarak elektroforez cihazında kontrol edilmiştir. PCR ile çoğaltılan DNA örneklerinden 10 µl alınarak üzerlerine 1 µl dye (boya) eklenerek toplam 11 µl hacimde olan örnekler jele yüklenmiştir. Elektroforez cihazında 90 V'da 60 dk yürütülen örnekler daha sonra görüntüleme cihazında UV ışık altında görünür hale getirilmiştir. Çalışmayan örnekler için PCR işlemi tekrar edilmiştir. PCR ürünleri fragment analizine kadar -20 °C'de saklanmıştır.

3.2.4. Mikrosatellit genotiplerin tespiti

Çalışmada her bir tavuk hattından 30 olmak üzere toplam 150 örnek 19 mikrosatellit lokus ile incelenmiştir. Toplamda 2850 PCR ürününün bant büyüklükleri otomatik kapiller fragment analiz cihazı (ADVANCED ANALYTICAL) kullanılarak belirlenmiştir. Fragment analizinde fragment büyüklüklerinin tespitinde Advanced Analytical DNF-900 (35-500 bp) kit kullanılmıştır. Bu kit 35-500 bp büyüklüğünde okuma yapmaktadır.

Örnekler cihaza 0.2 ml'lik 96'lık plate'lerde ikili veya üçlü gruplar halinde yüklenmiştir. Advance Analytical fragment analiz cihazı floresan boya olmaksızın bant büyüklüklerini 2 bp farka kadar belirleyebilmektedir. Ancak yine de multipleks okuma yapılırken bantların çakışmaması için fragment büyüklüklerinin en az 40-50 bp farklı olmasına dikkat edilmiştir. Multipleks okuma için gerek daha önceki çalışmalarda bildirilen büyüklükler (Çizelge 3.3.) gerekse PCR sonrası yapılan agaroz jel işlemindeki büyüklükler dikkate alınarak gruplama yapılmıştır. Örneklerin büyüklüklerinin belirlenmesi için 96'lık plateler'deki her bir kuyucuğa 3 µl PCR ürünü ve her PCR ürünü için örneklerin üzerine 22 µl dilution buffer eklenmiştir.

Çizelge 3.4. Fragment analiz cihazına konulan platelerin gruplandırılması

Gruplar	Lokus	Muhtemel Allel Genişliği	Gruplar	Lokus	Muhtemel Allel Genişliği
1	ADL0112	120-134	5	MCW0123	76-100
	MCW0016	162-206		MCW0020	179-185
	LEI0094	247-287		MCW0183	206-326
2	ADL0268	102-116	6	MCW0078	135-147
	MCW0037	154-160		MCW0248	205-225
3	MCW0081	112-136		LEI0166	354-370
	MCW0067	176-186	7	LEI0234	216-364
	LEI0192	244-370	8	MCW0034	212-246
4	MCW0111	96-120	9	MCW0301	260-278
	MCW0069	158-176			
	MCW0330	256-300			

3.2.5. Populasyon yapısı, genetik çeşitlilik ve koruma önceliğinin belirlenmesi

Mikrosatellit lokuslar ile yapılan analizler sonucu elde edilen verilerle populasyonlarda genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde kullanılan değişik

parametreler vardır. Bunlar arasında en sık kullanılanlar allel büyüklükleri, allel frekansları, lokus başına ortalama allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), gözlenen (H_o) ve beklenen heterozigotluk (H_e) değerleridir (Karşlı 2015).

Ayrıca kullanılan lokusların genetik çeşitliliğin gösterilmesinde uygun olup olmadığının bir göstergesi olan polimorfizm bilgi içeriği (PIC) sıklıkla kullanılmaktadır. PIC değerinin genetik varyasyon çalışmalarında 0.50'den yüksek olması istenmektedir. PIC değerinin 0.75'den yüksek olması ise lokusun çok daha yüksek seviyelerde bilgi verici olduğunu, genetik varyasyon çalışmalarının yanı sıra genetik haritalama çalışmalarında da kullanılabileceğini gösterir (Bolstein vd. 1980).

Bir popülasyonda akrabalığın artması heterozigotluğun azalması dolayısıyla homozigotluğun artmasına neden olmaktadır. Homozigotluğun artması popülasyonda Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmalar meydana getirmektedir. Bu durum popülasyonda akrabalı yetiştirme katsayısının (F_{IS}) pozitif yönde artmasına neden olur. -1 ile +1 arasında değer alabilen F_{IS} değerinin pozitif yönde artması homozigotluğun, negatif yönde artması popülasyonda heterozigotluğun arttığının göstergesidir. Simon ve Buchenauer (1993); bir popülasyonda F_{IS} değerinin 0.05'in altında olduğunda popülasyonda herhangi bir tehlike söz konusu olmadığını; F_{IS} değerinin 0.05 ile 0.15 arasında ise tehlike potansiyeli olduğunu; F_{IS} değeri 0.15 ile 0.25 aralığında ise tehlikenin minimum seviyede olduğunu, F_{IS} değeri 0.40'ın üzerine çıktığında tehlikenin kritik seviyeye ulaştığını ve popülasyonun koruma altına alınması gerektiği bildirmişlerdir.

Popülasyonlar arası göç eden bireyler yoksa yani popülasyonlar kapalı yetiştiriliyorsa popülasyonlar arası genetik farklılaşmanın artması beklenir. Genetik farklılaşma katsayısı F_{ST} ile gösterilir ve 0 ile 1 arasında değer alabilir. Çiftlik hayvanı popülasyonlarında herhangi bir verim bakımından uygulanan seleksiyon işlemi de genetik farklılaşmayı artıran bir diğer etkidir. Genetik farklılaşma katsayısı F_{ST} değeri 0 ile 1 arasında bir değer alır. F_{ST} değerinin 0-0.05 arasında olması genetik farklılaşmanın düşük; 0.05-0.15 arasında olması orta düzeyde; 0.15-0.25 arasında olması yüksek; 0.25' ten fazla olması ise çok büyük bir genetik farklılaşmanın mevcut olduğunu, popülasyonların birbirinden oldukça farklılaştığını yani ortak atadan uzaklaştığını gösterir (Hartl ve Clark 2007). Popülasyonlar arası farklılaşmanın bir diğer göstergeside özgün allel sayısıdır. Özgün allel sadece bir popülasyonda bulunan ve diğer popülasyonlarda bulunmayan allelleri ifade eder. Eğer ortak atadan gelen bireylerin oluşturduğu popülasyonlar arası göç yoksa ya da bu popülasyonlarda herhangi bir verim için seleksiyon işlemi yapılıyorsa özgün allel sayısının artması beklenir. Popülasyonlar arası göç var ya da seleksiyon yapılmıyorsa özgün allel sayısının azalması beklenir.

Mikrosatellit lokuslardan elde edilen bilgiler ile alt popülasyonlarda koruma önceliklerinin belirlenmesi için önerilen farklı yaklaşımlar mevcuttur (Petit vd. 1998; Caballero ve Toro, 2002). Caballero ve Toro'nun (2002) önerdiği yaklaşıma göre, tüm popülasyonların bir arada düşünülmesiyle toplam genetik çeşitlilik belirlenmekte, daha sonra bir popülasyona ait veri seti çıkarılarak toplam genetik çeşitlilikte meydana gelen azalma hesaplanmakta ve bu miktar o popülasyonun toplam genetik çeşitliliğe katkısı olarak değerlendirilmektedir. Toplam genetik çeşitliliğe katkı veren her bir popülasyon için bu değerler belirlenmektedir. Sonuç olarak en yüksek negatif (-) değeri hangi

populasyon elde ediyorsa toplam genetik çeşitliliğe en fazla katkısı da o populasyon yapıyor demektir. Koruma çalışmalarına toplam genetik çeşitliliğe en fazla katkısı veren populasyondan yani en yüksek negatif değeri alan populasyondan başlanmaktadır. Buna zıt olarak Petit vd. (1998), bir populasyonda elde edilen en yüksek pozitif (+) katkının toplam genetik çeşitliliğe de en yüksek katkısı verdiği ve korumada öncelikli olduğunu belirtmiştir.

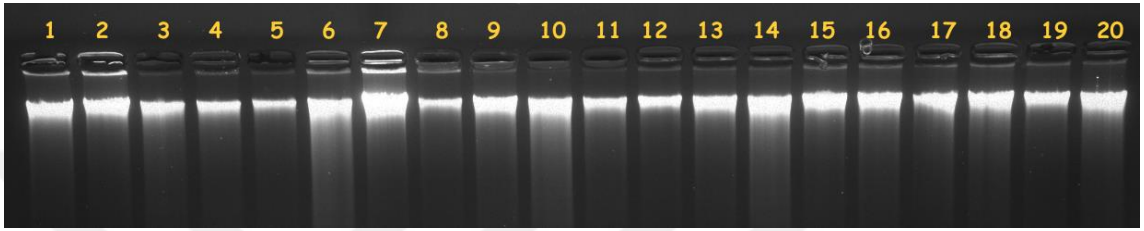
Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde PCR ürünlerinin büyüklükleri fragment analiz cihazında belirlendikten sonra elde edilen değerler Excel sayfasına CONVERT (Glaubitz 2004) programı formatına uygun olarak girilmiştir. Daha sonra bu veriler CONVERT programı ile diğer programların veri formatına dönüştürülmüştür. Ayrıca CONVERT programı ile her bir populasyonda 19 lokusta elde edilen allel frekansları ve özgün alleller belirlenmiştir. Çalışmada allel genişlikleri, N_A , N_e , H_o ve H_e değerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh vd. 1997), PIC değerlerinin hesaplanmasında Microsatellite Toolkit (Park 2001), F_{IS} değerinin belirlenmesinde FSTAT v.1. 2 (Goudet 1995), null allel frekansları ML-NULLFREQ programı (Kalinowski ve Taper 2006) ile, Moleküler varyans analizinde (AMOVA) Arlequin (Excoffier vd. 2006) paket programlarından yararlanılmıştır.

Hatlar arasındaki genetik benzerlik ya da farklılıklardan yararlanılarak yapılacak kümeleme analizlerinde UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) dendogramı, Faktöriyel Uygunluk Analizi (FCA, factorial correspondence analysis) yapılmıştır. Ayrıca mesafe temelli bu yöntemlerden farklı olarak bu yöntemlerin bazı eksikliklerini gideren Bayesian temelli genetik yapı analizi (Structure) uygulanmıştır. Bu çalışmada UPGMA dendogramının oluşturulmasında POPTREE2 (Takezaki vd. 2010) paket programı kullanılmıştır. FCA analizi için GENETIX v. 4.05 (Belkhir vd. 2004), populasyonların genetik yapısı için Structure 2.2. (Pritchard vd. 2000) programları kullanılmıştır. Structure programında elde edilen sonuçlardan kümeleme analizi görüntüsünün oluşturulması için web tabanlı Structure Plot programı (Ramasamy vd. 2014) kullanılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

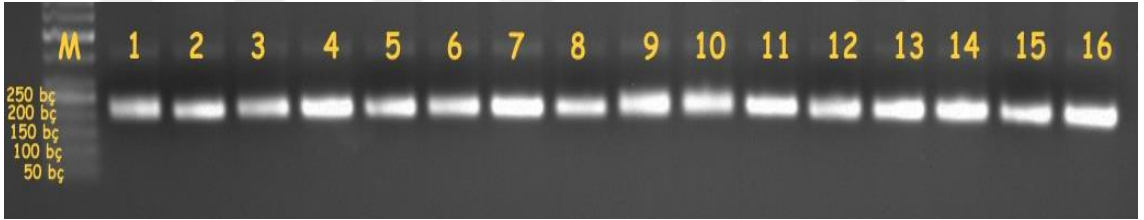
4.1. DNA İzolasyonu, PCR ve Mikrosatellit İşlemlerinden Elde Edilen Bulgular

DNA izolasyon işleminden sonra elde edilen DNA'ların kalite kontrolleri %1'lik agaroz jel kullanılarak yapılmış ve elde edilen agaroz jel görüntülerinden bir örnek Şekil 4.1'de gösterilmiştir. DNA izolasyonu başarılı olmayan örneklerde izolasyon işlemi tekrar edilmiştir. DNA izolasyonu başarılı olan örneklerde ise spektrofotometre kullanılarak DNA'ların miktar ve kaliteleri kontrol edilmiştir. Elde edilen DNA miktarlarının 80-600 ng/μl arasında değiştiği belirlenmiştir. PCR uygulaması için DNA miktarları 50 ng/μl olarak ayarlanmıştır.



Şekil 4. 1. DNA izolasyonuna ait agaroz jel görüntüsü

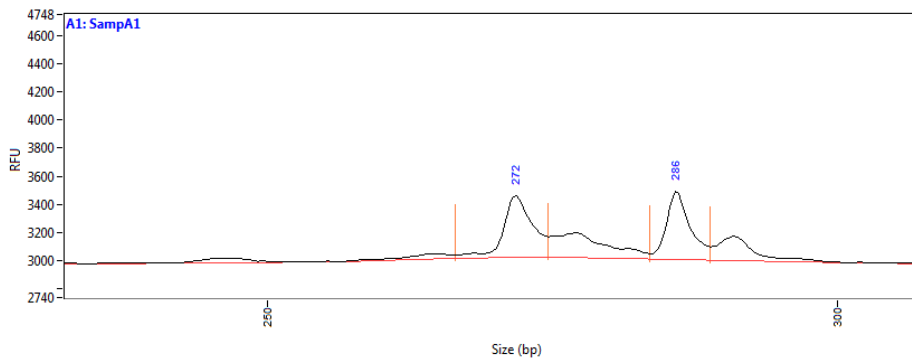
Çalışmada kullanılan 19 mikrosatellit lokus için Çizelge 3.3'de dizilimleri verilen primerler ile PCR işlemleri gerçekleştirilmiştir. PCR ürünlerinin kontrolleri %1.5'lik agaroz jel ile gerçekleştirilmiş elde edilen agaroz jel görüntülerinden bir örnek Şekil 4.2'de gösterilmiştir.



Şekil 4. 2. MCW0248 lokusunda PCRişlemine ait agaroz jel görüntüsü

M: Marker (Thermo 50 bp; Kat. No: SM0371)

PCR işleminden sonra PCR ürünlerinin büyüklüklerinin belirlenmesi için 96'lık kapiller fragment analiz cihazı kullanılmış ve elde edilen pik görüntülerinden bir örnek Şekil 4.3'de gösterilmiştir.



Şekil 4. 3. Black hattında LEI0192 lokusu için fragment analiz cihazındaki pik görüntüsü

4.2. Sonuçların Değerlendirilmesi

Tamamlanan yüksek lisans tezinde 20 lokus çalışıldı ancak, fragment analiz cihazında bir lokusun (MCW0016) bant büyüklükleri tam ayrılamadığı için çalışmadan çıkarılmış ve 19 lokus çalışılmıştır.

4.2.1. Lokuslar bazında elde edilen allel frekansları

Lokuslar bazında elde edilen allel frekansları EK 1-19 arasında verilmiştir. Yapılan çalışmada kullanılan lokuslarda elde edilen allel genişlikleri değişik araştırma grupları tarafından (Tadano vd. 2007a; Muchadeyi vd. 2007; Tadano vd. 2007a, 2007b; Pham vd. 2013; Tadano vd. 2013) aynı lokuslarda elde edilen allel genişlikleri ile çok büyük oranda benzerlik göstermektedir. Bu durum hem çalışmayı gerçekleştiren araştırmacıların yöntemi uygulamadaki başarısını hemde lokusların büyüklüklerinin belirlenmesi için kullanılan fragment analiz cihazının güvenilirliğini göz önüne koymaktadır.

4.2.2. Blue hattında genetik varyasyon parametreleri

Çalışmada Blue hattında kullanılan 19 mikrosatellit lokusun polimorfik olduğu anlaşılmıştır. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri 0.141 (MCW0081) ile 0.798 (LEI0234) aralığında değişirken, ortalama PIC değeri 0.557 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1). PIC çalışılan lokusların genetik çeşitliliği göstermedeki gücünü ifade eden bir değerdir. Bolstein vd. (1980) PIC değeri 0.25 ile 0.50 arasında olan lokusların genetik çeşitlilik hakkında orta düzeyde bilgi verici olduğunu, 0.50'den büyük olan lokusların ise yüksek düzeyde bilgi verdiğini belirtmiştir. Bolstein vd. (1980) PIC değeri 0.75'den yüksek lokusların ise çok yüksek düzeyde bilgi verici olduğunu, bu lokusların genetik çeşitlilik yanı sıra haritalama çalışmaları için çok kullanışlı olduğunu vurgulamışlardır. Bu bakımdan çalışılan 19 lokusun bir bütün olarak Blue popülasyonunda mevcut genetik çeşitliliğin ortaya çıkarılmasında yeterli olduğunu ayrıca lokus seçiminin doğru yapıldığı söylenebilir. PIC değeri 0.25'in altında olan MCW0069, MCW0081, MCW0111, MCW0123 lokusları bu popülasyon için bundan sonra yapılacak çalışmalarda kullanılmayabilir.

Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde en yüksek gözlenen allel sayısı (Na) LEI0234 lokusunda (6), en düşük MCW0081 lokusunda (2) tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı (Ne) ise 1.180 (MCW0081) ile 5.651 (LEI0234) aralığında değişmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) değerleri 0.033 (MCW0081) ile 0.714 (LEI0094) aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk (He) değerleri 0.155 (MCW0081) ile 0.761 (LEI0094) aralığında değişmiştir. Çalışmada lokus başına düşen Na, Ne, Ho ve He değerleri sırasıyla 3.947, 3.023, 0.411 ve 0.614 olarak hesaplanmıştır. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değeri en düşük -0.125 ile MCW0123 lokusunda, en yüksek ise 0.788 ile MCW0081 lokusunda tespit edilirken Blue popülasyonu için 19 mikrosatellit lokustan elde edilen ortalama F_{IS} değeri 0.355 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1).

Çizelge 4. 1. Blue populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
ADL0112	30	124-134	3	2.335	0.167	0.581	0.478	0.717**
ADL0268	30	108-120	6	3.429	0.533	0.720	0.661	0.263*
LEI0094	28	249-265	5	3.959	0.714	0.761	0.705	0.063
LEI0166	23	348-352	3	2.998	0.391	0.680	0.591	0.430**
LEI0192	25	274-290	4	2.991	0.400	0.679	0.619	0.416**
LEI0234	27	230-316	6	5.651	0.556	0.839	0.798	0.342**
MCW0020	28	177-183	3	2.096	0.429	0.533	0.468	0.198
MCW0034	29	238-244	4	3.298	0.310	0.709	0.642	0.567**
MCW0037	24	148-162	4	3.088	0.583	0.691	0.618	0.158
MCW0067	30	174-188	5	4.390	0.633	0.785	0.744	0.196*
MCW0069	28	152-160	3	1.341	0.143	0.259	0.238	0.453**
MCW0078	29	133-145	5	3.885	0.552	0.755	0.698	0.273*
MCW0081	30	126-128	2	1.180	0.033	0.155	0.141	0.788**
MCW0111	29	96-102	3	1.594	0.103	0.379	0.342	0.731**
MCW0123	30	94-98	3	1.356	0.300	0.267	0.241	-0.125
MCW0183	30	298-316	4	3.250	0.600	0.704	0.636	0.150
MCW0248	27	215-221	4	3.888	0.630	0.757	0.695	0.171
MCW0301	26	262-276	5	3.896	0.269	0.758	0.703	0.649**
MCW0330	28	274-280	3	2.815	0.464	0.656	0.569	0.297*
Ortalama ± St. Sap.			3.947 ± 1.129	3.023 ± 1.169	0.411 ± 0.200	0.614 ± 0.208	0.557 ± 0.188	0.355**

(*p<0.05; **p<0.01)

gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

Bu çalışmada White Leghorn ırkından elde edilen beyaz yumurtacı Blue populasyonunda elde ettiğimiz lokus başına Na (3.957) ve Ne (3.023) değerleri Vanhala vd. (1998) tarafından White Leghorn hibritlerinde elde edilen lokus başına Na değerinden (3.4), Hillel vd. (2003) tarafından iki ticari White Leghorn populasyonunda elde edilen Na değerlerinden (3.7 ve 2.7), Granevitze vd. (2007) tarafından seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta elde edilen Na değerinden (2.96), Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen Na değerlerinden (sırasıyla 2.9 ve 2.8), Tadano vd. (2007a) tarafından Beyaz Leghorn hattında bildirilen lokus başına allel sayısından (2.98), Tadano vd. (2007b) tarafından üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C) hattında bildirilen allel sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05), Pham vd. (2013) tarafından bir White Leghorn populasyonunda bildirilen lokus başına Na ve Ne sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.10) yüksektir. Yukarıda bildirilenlerin aksine Rajkumar vd. (2007) tarafından iki Beyaz Leghorn saf hattında (WLH-IWD ve WLH-IWF) bildirilen değerlerden (sırasıyla 5.33 ve 4.33) ve Seo vd. (2017) tarafından bir Beyaz Leghorn hattında bildirilen değerden (5.35) düşüktür.

Blue populasyonunda 19 mikrosatellit lokus üzerinden elde edilen ortalama gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.411, ortalama beklenen heterozigotluk değeri (He) 0.614 olarak hesaplanmıştır. Bu değerler Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen Ho değerleri (sırasıyla 0.332 ve 0.309) ile He değerlerinden (sırasıyla 0.355 ve 0.338), Pratap vd. (2014) tarafından White Leghorn (WL) tavuklarında bildirilen Ho ve He değerlerinden (sırasıyla 0.27 ve 0.

37) yüksek iken Rajkumar vd. (2007) WLH-IWD ve WLH-IWF Beyaz Leghorn saf hatlarında bildirilen beklenen (0.63, 0.69) ve gözlenen heterozigotluk (0.61, 0.92) değerlerinden düşüktür. Tadano vd. (2007b) tarafından White Leghorn hatları olan WR-A, WR-B ve WR-C’de bildirilen Ho (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.480) değerlerine, Ramadan vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen Ho değerlerine (0.423) benzerdir.

Blue saf tavuk hattında elde edilen ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değeri (0.355) literatürde White Leghorn hattarında bildirilen birçok değerden yüksektir. Rajkumar vd. (2007) WLH-IWD ve WLH-IWF Beyaz Leghorn saf hatlarında F_{IS} değerlerini sırasıyla -0.053 ve -0.11 olarak, Muchadeyi vd. (2007) beyaz yumurtacı LS-S ve WL-A saf hatlarında sırasıyla 0.067 ve 0.086 olarak, Granevitze vd. (2007) uzun süre seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta 0.086 olarak, Pham vd. (2013) White Leghorn populasyonunda -0.129 olarak bildirilmiştir.

Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde Blue saf tavuk hattında elde edilen başlıca genetik varyasyon parametreleri N_a (3.947), N_e (3.023), H_o (0.411) ve H_e (0.614) populasyondaki genetik varyasyonun düşük seviyelerde olduğunu göstermektedir. Populasyonun yetiştirilme şekli düşünüldüğünde bu sonuçlar şaşırtıcı değildir. Kapalı yetiştirilen ve seleksiyon uygulanan populasyonda genetik çeşitliliğin azalması beklenen bir durumdur. Daha önce kaynak taraması kısmında belirtildiği üzere Blue, Brown, Black ve Maroon saf hatları 1995 yılında Kanada’dan ithal edilmiş ve o günden günümüze kadar Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü tarafından kapalı olarak yetiştirilmekte ve çeşitli verim özelliklerinin iyileştirilmesi için bu hatlarda seleksiyon işlemine devam edilmektedir. Ayrıca bu saf hatların Türkiye’ye getirilmeden önce White Leghornlardan çeşitli verim özellikleri bakımından seleksiyonla ıslah edilerek yaklaşık 50 yıllık bir süreçte oluşturulduğu bilinmektedir. Yani bu hatlarda yaklaşık olarak 70 yıldır seleksiyon işlemi uygulanmakta ve kapalı populasyonlar halinde yetiştirilmektedirler.

Çalışmada elde edilen F_{IS} değeri (0.355) beklenenin aksine oldukça yüksek bulunmuştur. Kapalı yetiştirilen populasyonlarda akrabalığın artması beklenen bir durum olsa da bizim elde ettiğimiz değer literatürde bildirilen değerlerin oldukça üzerindedir. Bu durumun yanlış çiftleştirme planlarından ve küçük populasyon büyüklüğünden kaynaklandığı düşünülmektedir. Ramadan vd. (2012) tarafından bildirildiğine göre; Simon ve Buchenauer, F_{IS} değerinin 0.05’in altında olması durumunda ırkların tehlike altında olmadığını, 0.05 ile 0.15 aralığında olduğunda tehlike potansiyeli olduğunu, 0.15 ile 0.25 aralığında ise minimum tehlike seviyesinde olduğunu, 0.25-0.40 arasında tehlike altında olduğunu, 0.40’ın üzerinde ise kritik seviyeye ulaştığını ve populasyonda koruma çalışmalarına başlanması gerektiğini belirtmiştir. Blue hattında elde edilen F_{IS} değeri tehlikeli sınırlara ulaştığını göstermektedir. Blue hattında akrabalık seviyesinin düşürülmesi için populasyon büyüklüğünün artırılması, çiftleştirme planlarının daha dikkatli yapılması gerekirse bunun için moleküler yöntemlerden de yararlanılması gibi önlemler alınabilir.

4.2.3. Brown hattında genetik varyasyon parametreleri

Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde Brown hattında kullanılan 19 lokusun polimorfik olduğu görülmüştür. Polimorfizm bilgi içeriği 0.245 (MCW0123) ile 0.805 (MCW0034) aralığında değer alırken, ortalama PIC değeri 0.605 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.2). Çalışmada elde edilen ortalama PIC değeri lokus seçiminin doğru yapıldığına işaret etmektedir. PIC değeri 0.25'in altında olan MCW0123 lokusunun bu popülasyonda mikrosatellit çalışmaları için uygun olmadığı anlaşılmaktadır. MCW0123 lokusunun PIC değeri Blue popülasyonundan sonra Brown popülasyonunda da 0.25'in altında bulunmuştur.

Brown hattında gözlenen allel sayısı 2 (MCW0067) ile 8 (MCW0034) aralığında değişirken, etkili allel sayısı 1.399 (MCW0123) ile 5.732 (MCW0034) aralığında değişmiştir. Lokus başına N_a ve N_e sayıları sırasıyla 4.526 ile 3.408 olarak hesaplanmıştır. Brown hattında en yüksek gözlenen heterozigotluk değeri LEI0094 (0.767) lokusunda gözlenirken en düşük ise MCW0111 ve MCW0123 lokuslarında (0.000) belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk değerleri ise 0.290 (MCW0123) ile 0.840 (MCW0034) arasında değişmiştir. Brown hattında en düşük akrabalı yetiştirme katsayısı (-0.366) MCW0067 lokusunda, en yüksek (1.000) LEI0192 MCW0111 ve MCW0123 lokuslarında tespit edilmiştir. Brown hattında ortalama F_{is} değeri (0.331) olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.2).

Brown hattında elde edilen lokus başına ortalama N_a (4.526) ve N_e (3.408) sayıları, Dorji vd. (2011) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen N_a değerinden (8.1), Rajkumar vd. (2007) tarafından iki Beyaz Leghorn saf hattında (WLH-IWD ve WLH-IWF) bildirilen N_a ve N_e değerlerinden (sırasıyla 5.33 ve 4.33) ve Seo vd. (2017) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen değerden (5.35) düşük iken, Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen N_a değerlerinden (sırasıyla 2.9 ve 2.8), Tadano vd. (2007a) tarafından White Leghorn hattında bildirilen N_a değerinden (2.98), Tadano vd. (2007b) tarafından üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C) hattında bildirilen ortalama N_a sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05) ve Pham vd. (2013) tarafından bir White Leghorn popülasyonunda bildirilen lokus başına N_a ve N_e sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.10) yüksektir.

Brown hattında H_o (0.462), H_e (0.614) ve F_{is} (0.331) değerlerine bakıldığında zaman popülasyonda heterozigot eksikliğinden dolayı akrabalığın arttığı görülmektedir. Bu çalışmada elde edilen H_o ve H_e değerleri Dorji vd. (2011) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen H_o ve H_e değerlerinden (0.57 ve 0.78), Rajkumar vd. (2007) tarafından iki White Leghorn (WLH-IWD ve WLH-IWF) hattında bildirilen gözlenen heterozigotluk değerlerinden (0.69 ve 0.92) düşük iken, Wilkinson vd. (2011) tarafından bir Leghorn hattında bildirilen H_o ve H_e değerlerinden (0.37, 0.54), Akaboot vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen H_o değerinden (0.40), Pratap vd. (2014) tarafından White Leghorn (WL) tavuklarında bildirilen H_o ve H_e değerlerden (sırasıyla 0.27 ve 0.37) yüksektir. Tadano vd. (2007b) tarafından üç White Leghorn hattında WR-A, WR-B ve WR-C'de bildirilen H_o (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.489) değerine ise benzerdir.

Çizelge 4. 2. Brown populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
ADL0112	29	122-134	4	2.832	0.414	0.658	0.584	0.375**
ADL0268	30	108-120	6	5.454	0.567	0.830	0.787	0.321**
LEI0094	30	261-267	4	3.185	0.767	0.698	0.625	-0.101
LEI0166	30	348-358	4	2.620	0.333	0.629	0.567	0.474**
LEI0192	28	274-290	4	1.851	0.214	0.468	0.429	0.547**
LEI0234	25	234-314	7	4.940	0.440	0.814	0.771	0.465**
MCW0020	29	177-183	4	2.956	0.379	0.673	0.591	0.441**
MCW0034	30	218-240	8	5.732	0.733	0.840	0.805	0.128
MCW0037	30	146-164	5	3.550	0.533	0.731	0.678	0.273*
MCW0067	29	174-188	2	1.665	0.552	0.407	0.320	-0.366**
MCW0069	30	152-160	4	2.380	0.333	0.590	0.535	0.439**
MCW0078	30	133-147	6	5.310	0.567	0.825	0.792	0.317**
MCW0081	27	112-128	4	3.600	0.704	0.736	0.671	0.044
MCW0111	30	96-102	3	1.737	0.000	0.432	0.342	1.000**
MCW0123	29	92-94	2	1.399	0.000	0.290	0.245	1.000**
MCW0183	29	298-318	4	3.015	0.690	0.680	0.617	-0.014
MCW0248	30	217-223	4	3.272	0.500	0.706	0.639	0.296*
MCW0301	30	262-270	5	4.045	0.567	0.766	0.713	0.263*
MCW0330	30	274-292	6	5.214	0.500	0.820	0.782	0.394**
Ortalama ± St. Sap.			4.526 ± 1.541	3.408 ± 1.374	0.462 ± 0.218	0.614 ± 0.201	0.605 ± 0.168	0.331**

(*p<0.05; **p<0.01), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

Çalışmada Brown hattında elde edilen F_{IS} (0.331) değeri Tadano vd. (2007b) tarafından üç White Leghorn hattında WR-A, WR-B ve WR-C’de bildirilen F_{IS} değerlerinden (sırasıyla -0.050, -0.032, -0.020), Rajkumar vd. (2007) WLH-IWD ve WLH-IWF Beyaz Leghorn saf hatlarında bildirilen F_{IS} değerlerinden (sırasıyla -0.053 ve -0.11), Granevitze vd. (2007) tarafından uzun süre seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta bildirilen değerden (0.086) ve Pham vd. (2013) tarafından White Leghorn populasyonunda bildirilen değerden (-0.129) yüksek bulunmuştur.

Yapılan yüksek lisans tez çalışmasında Brown hattında elde edilen Na ve Ne sayıları Blue hattına göre biraz düşük olsada Ho, He ve F_{IS} değerleri Blue hattında elde edilen değerlerle benzerlik göstermektedir. Yapılan çalışma kapsamında elde edilen değerler Brown hattındaki düşük genetik varyasyon ve yüksek akrabalığı göstermiştir. Özellikle akrabalı yetiştirme katsayısı literatürde bildirilen değerlerden yüksektir ve populasyonda akrabalığı azaltmak için bazı önlemler alınması gerekliliğine işaret etmektedir.

4.2.4. D-229 hattında genetik varyasyon parametreleri

Diğer iki populasyonda olduğu gibi D-229 hattında da çalışılan 19 lokus polimorfiktir. Populasyonda en düşük PIC değeri 0.322 ile MCW0123 lokusunda, en yüksek PIC değeri 0.826 ile LEI0234 lokusunda belirlenirken ortalama PIC değeri 0.647 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Diğer iki hattın aksine D-229 hattında çalışılan 19 lokus için 0.25'in altında PIC değeri tespit edilmemiştir. Çalışılan lokuslar D-229 hattında ileride yapılacak mikrosatellit çalışmalarda kullanılabilir.

Çizelge 4. 3. D-229 populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
ADL0112	30	124-134	3	2.936	0.533	0.671	0.585	0.208
ADL0268	28	108-124	7	4.332	0.643	0.783	0.726	0.182
LEI0094	22	255-267	4	3.173	0.818	0.701	0.622	-0.172
LEI0166	29	350-360	4	3.412	0.759	0.719	0.656	-0.056
LEI0192	23	272-288	5	1.851	0.391	0.644	0.583	0.397**
LEI0234	30	232-316	8	6.475	0.633	0.860	0.826	0.267**
MCW0020	30	175-183	5	3.814	0.067	0.750	0.696	0.913**
MCW0034	27	226-240	6	5.544	0.296	0.835	0.794	0.650**
MCW0037	29	148-164	6	5.021	0.759	0.815	0.771	0.070
MCW0067	29	170-188	4	2.372	0.483	0.588	0.534	0.182
MCW0069	30	152-160	3	2.369	0.333	0.644	0.561	0.486**
MCW0078	30	135-147	6	5.608	0.667	0.836	0.796	0.197
MCW0081	29	112-128	5	4.073	0.862	0.768	0.712	-0.125
MCW0111	30	96-100	3	2.038	0.100	0.518	0.393	0.810**
MCW0123	29	92-98	3	1.537	0.241	0.356	0.322	0.325*
MCW0183	30	298-318	7	5.882	0.400	0.844	0.808	0.530**
MCW0248	29	217-223	4	2.722	0.483	0.644	0.582	0.253*
MCW0301	29	260-270	6	5.160	0.621	0.820	0.780	0.247*
MCW0330	30	274-280	3	2.583	0.700	0.623	0.537	-0.126
Ortalama			4.842±	3.732±	0.515±	0.706±	0.64±	
± St. Sap.			1.537	1.518	0.234	0.130	0.142	0.276*

(*p<0.05; **p<0.01), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

D-229 hattında en yüksek gözlenen allel sayısı 8 allel ile LEI0234 lokusunda, en düşük 3 allel ile ADL0112, MCW0069, MCW0111, MCW0123 ve MCW0330 lokuslarında tespit edilmiştir. En düşük etkili allel sayısı (1.537) MCW0123 lokusunda en yüksek ise (6.475) LEI0234 lokusunda saptanmıştır. Populasyonda gözlenen heterozigotluk değerleri 0.100 (MCW0111) ile 0.862 (MCW0081) aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk değerleri 0.356 (MCW0123) ile 0.860 (LEI0234) aralığında değişmiştir. D-229 hattında lokus başına Na, Ne, Ho ve He değerleri sırasıyla 4.842, 3.732, 0.515 ve 0.706 olarak hesaplanmıştır. En düşük akrabalı yetiştirme katsayısı LEI0094 (-0.172) lokusunda iken en yüksek MCW0111 (0.810) lokusunda tespit edilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayısı ortalaması 0.276 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.3).

Çalışmada D-229 hattında elde edilen lokus başına Na (4.842) ve Ne (3.732) sayıları bu çalışmada Blue hattında elde edilen Na (3.957) ve Ne (3.023) değerlerinden, Brown hattında elde edilen Na (4.526) ve Ne (3.408) sayılarından, Hillel vd. (2003) tarafından iki ticari White Leghorn popülasyonunda elde edilen Na değerlerinden (3.7 ve 2.7), Granevitze vd. (2007) tarafından bir beyaz yumurtacı saf hatta elde edilen Na değerinden (2.96), Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen Na değerlerinden (sırasıyla 2.9 ve 2.8), Tadano vd. (2007a) tarafından White Leghorn hattında bildirilen Na değerinden (2.98), Tadano vd. (2007b) tarafından üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C) hattında bildirilen ortalama Na sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05) ve Pham vd. (2013) tarafından bir White Leghorn popülasyonunda bildirilen lokus başına Na ve Ne sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.10) yüksektir.

D-229 popülasyonunda hesaplanan ortalama Ho değeri ile He değerleri (sırasıyla 0.515 ve 0.706), Tadano vd. (2007b) tarafından üç farklı White Leghorn hattında bildirilen (WR-A, WR-B ve WR-C) Ho (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.480) değerlerinden, Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) bildirilen Ho değerleri (sırasıyla 0.332 ve 0.309) ile He değerlerinden (sırasıyla 0.355 ve 0.338), Ramadan vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen Ho değerlerinden (0.423) yüksek iken; Dorji vd. (2011) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen Ho ve He değerleri ile (0.57 ve 0.78) benzemektedir. Ayrıca Rajkumar vd. (2007) tarafından iki White Leghorn (WLH-IWD ve WLH-IWF) hattında bildirilen gözlenen heterozigotluk değerlerinden (0.69 ve 0.92) düşüktür.

Çalışmada D-229 hattında elde edilen F_{IS} değeri (0.276) bu çalışmada Brown ve Blue popülasyonlarında elde edilen değerlerden (sırasıyla 0.331 ve 0.355) düşük iken Rajkumar vd. (2007) tarafından WLH-IWD ve WLH-IWF White Leghorn saf hatlarında bildirilen değerlerden (sırasıyla -0.053 ve -0.11), Granevitze vd. (2007) tarafından uzun süre seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta bildirilen F_{IS} değerinden (0.086) ve Pham vd. (2013) tarafından White Leghorn popülasyonunda elde edilen değerden (-0.129) yüksek iken, Pratap vd. (2014) tarafından WL hattında elde edilen akrabalı yetiştirme değerine (0.270) benzemektedir.

D-229 popülasyonunda hesaplanan Ho değeri (0.515) Blue (0.462) ve Brown (0.462) hattında hesaplanan değerlerden yüksektir. Buna bağlı olarak F_{IS} değeri Blue ve Brown popülasyonlarından daha düşük bulunmuştur. Ancak Blue ve Brown popülasyonuna göre düşük olan bu değer bile literatürde White Leghorn hatlarında bildirilen birçok değerden yüksektir. Kaynak taraması kısmında belirtildiği üzere çalışmada kullanılan Blue, Brown, Black ve Marroon hatları 1995 yılında Kanada'dan Türkiye'ye getirilirken, D-229 hattı 2010 yılında Çek Cumhuriyeti'nden Türkiye'ye getirilmiştir. D-229 hattı diğer dört hattın farklı olarak yavaş tüylenme özelliği yönünde ıslah edilmiştir. D-229 hattında yapılan ıslah çalışmalarında diğer dört hattın daha geç başlanmıştır. Buna bağlı olarak D-229 hattında genetik çeşitlilik parametrelerinin Blue ve Brown hatlarına oranla biraz daha yüksek, popülasyondaki akrabalık seviyesinin biraz daha düşük olduğu düşünülmektedir.

4.2.5. Black hattında genetik varyasyon parametreleri

Kullanılan 19 mikrosatellit lokusunda polimorfik bulunduğu çalışmada, tespit edilen gözlenen allel sayısı 2 (MCW0123) ile 7 (MCW0301) arasında değişirken, etkili allel sayısı 1.220 (MCW0123) ile 6.377 (MCW0301) arasında değişmiştir. Gözlenen heterozigotluk değeri en düşük 0.067 ile MCW0183 lokusunda, en yüksek 0.828 ile MCW0248 lokusunda tespit edilirken, beklenen heterozigotluk değerleri 0.183 (MCW0123) ile 0.859 (MCW0301) aralığında değişmiştir. Çalışmada ortalama Na, Ne, Ho ve He değerleri sırasıyla 4.211, 3.105, 0.482 ve 0.643 olarak hesaplanmıştır. Black populasyonunda en düşük PIC değerinin elde edildiği lokus MCW0123 (0.164) olurken, en yüksek PIC değeri (0.830) MCW0301 lokusunda tespit edilmiştir. Ortalama PIC değeri ise 0.582 olarak saptanmıştır. Çalışmada F_{IS} değerleri -0.264 (MCW0248) ile 0.877 (MCW0183) aralığında değişirken, akrabalı yetiştirme katsayısı ortalaması 0.260 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.4).

Çizelge 4. 4. Black populasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F_{IS}
ADL0112	30	124-134	4	2.635	0.500	0.631	0.562	0.211
ADL0268	30	108-124	6	4.167	0.667	0.773	0.716	0.139
LEI0094	30	259-267	5	3.508	0.733	0.727	0.661	-0.009
LEI0166	22	348-358	4	3.259	0.409	0.709	0.636	0.429**
LEI0192	30	272-286	4	2.323	0.400	0.579	0.530	0.313**
LEI0234	28	292-316	4	2.442	0.214	0.601	0.525	0.648**
MCW0020	30	177-181	3	2.456	0.367	0.603	0.514	0.396**
MCW0034	30	228-238	5	4.206	0.567	0.775	0.722	0.272*
MCW0037	30	148-164	5	3.442	0.567	0.722	0.665	0.217*
MCW0067	30	172-186	3	2.095	0.600	0.532	0.448	-0.131
MCW0069	29	152-164	5	3.696	0.448	0.742	0.686	0.400**
MCW0078	29	133-145	5	3.957	0.724	0.760	0.713	0.049
MCW0081	30	110-128	3	2.582	0.700	0.623	0.542	-0.126
MCW0111	29	96-102	3	1.830	0.241	0.462	0.406	0.481**
MCW0123	29	94-96	2	1.220	0.133	0.183	0.164	0.275*
MCW0183	30	298-314	3	2.103	0.067	0.533	0.440	0.877**
MCW0248	29	217-223	4	2.827	0.828	0.658	0.582	-0.264*
MCW0301	26	260-278	7	6.377	0.461	0.859	0.830	0.468**
MCW0330	28	280-292	5	3.871	0.536	0.755	0.710	0.294**
Ortalama ± St. Sap.			4.211± 1.228	3.105± 1.161	0.482± 0.211	0.643± 0.152	0.582± 0.152	0.260*

(* $p < 0.05$; ** $p < 0.01$), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

Çalışmada Black hattında elde edilen lokus başına Na (4.211) ve Ne (3.105) sayıları Vanhala vd. (1998) tarafından White Leghorn hibritlerinde elde edilen lokus başına Na değerinden (3.4), Hillel vd. (2003) tarafından iki ticari White Leghorn populasyonunda elde edilen Na değerlerinden (3.7 ve 2.7), Granevitze vd. (2007) tarafından seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta elde edilen Na değerinden

(2.96), Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen Na değerlerinden (sırasıyla 2.9 ve 2.8), Tadano vd. (2007a) tarafından White Leghorn hattında bildirilen lokus başına allel sayısından (2.98), Tadano vd. (2007b) tarafından üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C) hattında bildirilen allel sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05), Pham vd. (2013) tarafından bir White Leghorn popülasyonunda bildirilen lokus başına Na ve Ne sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.10) yüksektir. Yukarıda bildirilenlerin aksine Rajkumar vd. (2007) tarafından iki White Leghorn saf hattında (WLH-IWD ve WLH-IWF) bildirilen değerlerden (sırasıyla 5.33 ve 4.33), Dorji vd. (2011) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen Na değerinden (8.1) ve Seo vd. (2017) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen değerden (5.35) düşüktür.

Black hattında hesaplanan ortalama H_o ile H_e değerleri (sırasıyla, 0.482 0.643), Muchadeyi vd. (2007) tarafından iki beyaz yumurtacı saf hatta (LS-S, WL-A) elde edilen H_o değerleri (sırasıyla 0.332 ve 0.309) ile H_e değerlerinden (sırasıyla 0.355 ve 0.338), Wilkinson vd. (2011) tarafından bir Leghorn hattında bildirilen H_o ve H_e değerlerinden (0.37, 0.54), Akaboot vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen H_o değerinden (0.40) ve Pratap vd. (2014) tarafından White Leghorn (WL) tavuklarında bildirilen H_o ve H_e değerlerden (sırasıyla 0.27 ve 0.37) yüksek iken, Rajkumar vd. (2007) WLH-IWD ve WLH-IWF Beyaz Leghorn saf hatlarında bildirilen beklenen (0.63, 0.69) ve gözlenen heterozigotluk (0.61, 0.92) değerinden, Dorji vd. (2011) tarafından bir White Leghorn hattında bildirilen H_o ve H_e değerlerinden (0.57 ve 0.78) düşüktür. Ayrıca Tadano vd. (2007b) tarafından White Leghorn hatları olan WR-A, WR-B ve WR-C'de bildirilen H_o (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.480) değerlerine ve Ramadan vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen H_o değerlerine (0.423) benzerdir.

Black hattında elde edilen F_{IS} değeri (0.260) bu çalışmada kullanılan Blue, Brown ve D-229 popülasyonlarından elde edilen değerlerden (sırasıyla 0.355, 0.331 ve 0.276) düşük iken, Tadano vd. (2007b) tarafından üç White Leghorn hattında WR-A, WR-B ve WR-C'de bildirilen F_{IS} değerlerinden (sırasıyla -0.050, -0.032, -0.020), Rajkumar vd. (2007) WLH-IWD ve WLH-IWF Beyaz Leghorn saf hatlarında bildirilen F_{IS} değerlerinden (sırasıyla -0.053 ve -0.11), Granevitze vd. (2007) tarafından uzun süre seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta bildirilen değerden (0.086) ve Pham vd. (2013) tarafından White Leghorn popülasyonunda bildirilen değerden (-0.129) yüksektir. Pratap vd. (2014) tarafından WL hattında elde edilen akrabalı yetiştirme değeri ile (0.270) benzerdir.

Tamamlanan yüksek lisans tezinde White Leghorn popülasyonundan elde edilen Black saf tavuk hattında orta düzeyde genetik varyasyon olduğu, popülasyonun homozigot bireylerin fazlalığından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden saptığı, diğer üç popülasyona göre düşük olmakla birlikte akrabalık seviyesinin yüksek olduğu anlaşılmaktadır.

4.2.6. Maroon hattında genetik varyasyon parametreleri

Diğer dört popülasyonda olduğu gibi Maroon hattında da çalışılan 19 lokus polimorfik bulunmuştur. En düşük PIC değeri 0.117 ile MCW0111 lokusunda en yüksek ise 0.806 MCW0034 lokusunda bulunurken ortalama PIC değeri 0.579 olarak

hesaplanmıştır (Çizelge 4.4). Çalışmada MCW0111 lokusu ile MCW0123 lokusunun PIC değeri 0.25'den küçük olduğu saptanmış, bu lokusların Maroon hattında mikrosatellit çalışmaları için uygun olmadığı görülmüştür. Ancak genel olarak çalışılan 19 lokusun PIC değeri ortalamasına (0.579) bakıldığında, genetik çeşitliliği göstermedeki gücünün yeterli olduğu anlaşılmaktadır.

Çizelge 4. 5. Maroon popülasyonunda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
ADL0112	30	122-134	5	3.409	0.667	0.719	0.661	0.073
ADL0268	30	110-122	4	3.468	0.566	0.723	0.646	0.220*
LEI0094	29	249-263	4	3.086	0.310	0.688	0.620	0.553**
LEI0166	30	350-360	5	4.891	0.433	0.809	0.763	0.469**
LEI0192	27	272-286	2	1.997	0.222	0.509	0.375	0.568**
LEI0234	25	236-312	6	4.845	0.680	0.810	0.763	0.163
MCW0020	30	175-181	4	3.377	0.500	0.716	0.656	0.305**
MCW0034	28	220-242	7	5.850	0.429	0.844	0.806	0.497**
MCW0037	29	150-164	3	2.726	0.655	0.644	0.559	-0.017
MCW0067	27	172-186	4	3.306	0.519	0.711	0.642	0.274*
MCW0069	30	152-164	6	4.045	0.300	0.766	0.715	0.612**
MCW0078	28	143-147	3	1.943	0.494	0.527	0.458	0.281*
MCW0081	27	110-128	3	1.524	0.259	0.350	0.315	0.263*
MCW0111	30	96-98	2	1.259	0.100	0.210	0.117	0.527*
MCW0123	29	92-96	3	1.120	0.035	0.163	0.151	0.791**
MCW0183	30	296-316	4	2.731	0.333	0.645	0.565	0.487**
MCW0248	30	217-223	4	3.522	0.367	0.728	0.664	0.501**
MCW0301	30	262-274	6	5.678	0.567	0.837	0.803	0.327**
MCW0330	30	274-290	6	4.081	0.433	0.767	0.720	0.440**
Ortalama ± St. Sap.			4.263± 1.447	3.308± 1.387	0.414± 0.182	0.640± 0.201	0.579 ± 0.206	0.386**

(*p<0.05; **p<0.01), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

Maroon hattında gözlenen allel sayısı 2 ile (LEI0192 ve MCW0111) 7 (MCW0034) aralığında değişirken, etkili allel sayısı 1.120 (MCW0123) ile 5.850 (MCW0034) aralığında değişmiştir. En düşük Ho ve He değerleri MCW0123 (0.035, 0.163) lokusunda tespit edilirken en yüksek Ho ve He değeri LEI0234 (0.680) ve MCW0034 (0.844) lokuslarında saptanmıştır. Ortalama Na, Ne, Ho ve He değerleri sırasıyla 4.263, 3.308, 0.414 ve 0.640 olarak hesaplanmıştır. Populasyonda akrabalı yetiştirme katsayısı değerleri -0.017 (MCW0037) ile 0.791 (MCW0123) arasında değişirken ortalama F_{IS} değeri 0.386 olarak hesaplanmıştır.

Gerçekleştirilen çalışmada Maroon hattında elde edilen lokus başına Na (4.263) ve Ne (3.308) sayısı Tadano vd. (2007a) tarafından White Leghorn hattında bildirilen lokus başına allel sayısından (2.98), Tadano vd. (2007b) tarafından üç adet White Leghorn (WL-A, WL-B ve WL-C) hattında bildirilen lokus başına gözlenen allel

sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.47 ve 3.05) ve Pham vd. (2013) tarafından White Leghorn populasyonunda bildirilen lokus başına Na ve Ne sayılarından (sırasıyla 2.90, 2.10) yüksektir. Ancak Dorji vd. (2011) tarafından White Leghorn hattında bildirilen Na değerinden (8.1) ve Seo vd. (2017) tarafından White Leghorn hattında bildirilen lokus başına Na (5.35) sayısından düşüktür.

Çalışmada elde edilen Ho değeri (0.414), Tadano vd. (2007b) tarafından üç White Leghorn hattında (WR-A, WR-B ve WR-C) bildirilen Ho (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.480) değerlerine ve Ramadan vd. (2012) tarafından bir WL hattında bildirilen Ho değerlerine (0.423) benzerdir. Maroon hattında tespit edilen F_{IS} değeri (0.386), Tadano vd. (2007b) tarafından üç WL hattında (WR-A, WR-B ve WR-C) bildirilen F_{IS} değerlerinden (sırasıyla -0.050, -0.032, -0.020), Granevitze vd. (2007) tarafından uzun süre seleksiyon uygulanan beyaz yumurtacı saf hatta bildirilen değerden (0.086), Pham vd. (2013) tarafından WL populasyonunda bildirilen değerden (-0.129) ve Pratap vd. (2014) tarafından WL hattında bildirilen değerinden (0.270) yüksektir.

Diğer dört populasyonda olduğu gibi Maroon populasyonunda genetik çeşitlilik ve akrabalık parametreleri literatürde WL hatları ile yapılan çalışmalarla karşılaştırıldığında orta seviyelerde genetik çeşitlilik ve yüksek akrabalık göze çarpmaktadır.

4.2.7. Saf hatların genelinde genetik varyasyon parametreleri

Beyaz yumurtacı White Leghorn'lardan elde edilen beş saf hat bir arada düşünüldüğünde çalışılan 19 lokusta elde edilen allel sayılarının 4 (MCW0111, MCW0123) ile 16 (LEI0234) aralığında, etkili allel sayılarının ise 1.347 (MCW0123) ile 7.962 (LEI0234) aralığında değiştiği saptanmıştır. Lokus başına Na ve Ne sayıları sırasıyla 8.053 ve 4.610 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada en düşük gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri (sırasıyla 0.143 ve 0.259) MCW0123 lokusunda saptanırken, en yüksek Ho ve He değerleri (sırasıyla 0.662 ve 0.878) LEI0094 ve LEI0234 lokuslarında saptanmıştır. Çalışmada hesaplanan lokus başına Ho ve He değerleri sırasıyla 0.455 ve 0.736 olmuştur. Çalışılan tüm lokuslarda F_{IS} değerleri ortalaması 0.392 gibi çok yüksek bir değer almıştır.

Çalışılan tüm lokusların polimorfik bulunduğu çalışmada PIC değerleri 0.246 (MCW0123) ile 0.864 (LEI0234) aralığında değişmiştir. Ortalama PIC değeri 0.704 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada elde edilen bu değerler lokus seçiminin doğru yapıldığını ve seçilen 19 lokusun saf tavuk hatlarında genetik çeşitliliği göstermede etkili olduğunu ifade etmektedir. PIC değeri 0.25'den düşük olan MCW0123 lokusunun ve PIC değeri 0.330 olan MCW0111 lokusunun, saf tavuk hatlarında genetik çeşitliliği belirlemede etkili olmadığı anlaşılmaktadır. Bu iki lokus dışında kalan 17 lokus saf tavuk hatlarında yapılacak mikrosatellit çalışmalarda güvenle kullanılabilir.

Bu çalışmada beyaz yumurtacı hatlarda 19 mikrosatellit lokustan elde edilen lokus başına Na (8.053) ve Ne (4.610) sayıları Hillel vd. (2003) tarafından beyaz yumurtacılar 22 lokusta elde edilen Na değerinden (4.20), Muchadeyi vd. (2007) tarafından bir WL hattında bildirilen Na değerinden (2.8), Tadano vd. (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında 40 mikrosatellit lokustan elde edilen ortalama Na değerinden (6.7), Chatterjee vd. tarafından (2010) üç White Leghorn saf hattından üretilen altı

melez popülasyonda toplam 170 bireyde 14 mikrosatellit marker kullanarak elde edilen lokus başına Na (3.21) ve Ne (2.67) değerlerinden yüksektir.

Çizelge 4. 6. Çalışılan beş saf tavuk hattında elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri

Lokus	n	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
ADL0112	149	122-134	6	3.306	0.456	0.700	0.644	0.349*
ADL0268	148	108-124	8	5.861	0.973	0.832	0.807	-0.170
LEI0094	139	249-267	7	4.658	0.662	0.788	0.756	0.161*
LEI0166	134	348-360	7	4.684	0.470	0.790	0.762	0.405**
LEI0192	133	272-290	10	4.253	0.323	0.768	0.734	0.580**
LEI0234	135	230-316	16	7.962	0.504	0.878	0.864	0.427**
MCW0020	147	175-183	5	4.319	0.347	0.771	0.729	0.551*
MCW0034	144	218-244	13	7.835	0.472	0.875	0.859	0.461**
MCW0037	142	146-164	8	4.770	0.620	0.793	0.760	0.219*
MCW0067	145	170-188	9	4.547	0.559	0.783	0.756	0.287*
MCW0069	147	152-164	7	2.948	0.313	0.663	0.626	0.529**
MCW0078	146	133-147	8	6.568	0.842	0.851	0.829	0.010
MCW0081	143	110-128	7	2.761	0.511	0.640	0.603	0.203*
MCW0111	148	96-102	4	1.557	0.108	0.410	0.330	0.737**
MCW0123	147	92-98	4	1.347	0.143	0.259	0.246	0.448**
MCW0183	149	296-318	11	5.165	0.416	0.809	0.782	0.487**
MCW0248	145	215-223	5	3.658	0.559	0.729	0.684	0.234*
MCW0301	141	260-278	10	6.051	0.645	0.835	0.815	0.230*
MCW0330	146	274-292	8	5.348	0.835	0.816	0.789	-0.024
Ortalama ± St. Sap.			8.053± 3.027	4. 610 ± 1.810	0.514± 0.150	0.736 ± 0.157	0.704 ± 0.164	0.322*

(*p<0.05; **p<0.01), gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS})

Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde tüm bireylerde 19 mikrosatellit lokusta elde edilen ortalama Ho (0.514) ve He (0.736) değerleri, Granevitze vd. (2007) tarafından beyaz yumurtacı saf hatta elde edilen Ho (0.35) ve He (0.40) değerlerinden, Ramadan vd. (2012) tarafından White Leghorn hattında bildirilen Ho değerlerinden (0.423), Akaboot vd. (2012) tarafından White Leghorn popülasyonunda bildirilen Ho değerinden (0.40) yüksek iken, Chatterjee vd. (2010) tarafından White Leghorn saf hattından üretilen altı melez popülasyonda elde edilen Ho (0.748) değerinden düşüktür. Tadano vd. (2007a) tarafından White Leghorn hattında elde edilen Ho değeriyle (0.471) ve Tadano vd. (2007b) tarafından üç farklı White Leghorn hattında bildirilen (WR-A, WR-B ve WR-C) Ho (sırasıyla 0.485; 0.431 ve 0.480) değerleri ile uyum göstermektedir. Çalışmada tüm bireyler üzerinden 19 mikrosatellit lokusta hesaplanan F_{IS} değerinin (0.322) oldukça yüksek olduğu görülmüştür. Bu değer literatürden White Leghorn popülasyonlarında bildirilen değerlerin çoğundan yüksektir (Rajkumar vd. 2007; Muchadeyi vd. 2007; Granevitze vd. 2007; Tadano vd. 2007b; Chatterjee vd. 2010; Tadano vd. 2012; Ramadan vd. 2012; Pham vd. 2013).

Karslı ve Balcıoğlu (2018) tarafından kahverengi altı farklı yumurtacı saf hatta 22 mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan çalışmada lokus başına gözlenen allel sayısı 10.59, etkili allel sayısı 5.71, gözlenen heterozigotluk değeri 0.42 ve beklenen heterozigotluk değeri 0.79 olarak bildirilmiştir. Bildirilen bu değerler bu çalışmadaki beş farklı beyaz yumurtacı saf hat ile karşılaştırıldığında Na ve Ne sayılarının yüksek, Ho ve He değerlerinin arasında ise çok fazla fark olmadığı görülmektedir. Bu çalışmada kullanılan populasyonların kökeni tek bir ırka dayanırken, Karslı ve Balcıoğlu (2018) tarafından yapılan çalışmadaki kahverengi yumurtacıların genetik kökeni üç farklı ırka dayanmaktadır. Bu nedenle genetik varyasyon parametrelerinin biraz daha yüksek olması beklenen bir durumdur. Kahverengi yumurtacılarda genetik çeşitliliğin beyaz yumurtacılara göre yüksek olduğu farklı çalışmalarda daha önce de (Hillel vd. 2003; Granevitze vd. 2007) bildirilmiştir.

Çalışmada tüm saf hatların bir arada 19 mikrosatellit lokus ile birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen Na ve Ne değerleri benzer populasyonlarda yapılan çalışmalara göre yüksek iken, heterozigotluk değerleri orta seviyelerde ancak akrabalık seviyesinin çok yüksek olduğu görülmektedir. Populasyonda heterozigot eksikliğinden dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu anlaşılmaktadır. Na ve Ne değerlerinin yüksek çıkmasının altında çok uzun sürelerdir uygulanan seleksiyon işleminin olduğu düşünülmektedir. Çalışılan beş saf tavuk hattının genetik kökeni aynı olmasına rağmen bu hatlarda farklı özellikler için uygulanan seleksiyon işleminin populasyonlarda allel frekanslarını değiştirdiği düşünülmektedir. Gözlenen heterozigotluk seviyesinin orta düzeylerde kalmasının nedeninin populasyonların kapalı halde yetiştirilmesinden kaynaklandığı, yüksek F_{IS} değerinin (0.322) ise çalışılan populasyonların aynı genetik kökenden gelmesi, populasyon büyüklüğünün küçük olması, populasyonların kapalı olarak yetiştirilmesi olduğu düşünülmektedir.

4.2.7.1. Null Allel Frekansları

Çalışmada beş saf hattın elde edilen ortalama null allel frekansları Çizelge 4.7'de gösterilmiştir. Buna göre LEI0192, MCW0034, MCW0111 ve MCW0301 lokuslarında null allel frekansları 0.20'nin üzerinde tespit edilirken kalan 15 lokusta 0.20'nin altında hesaplanmıştır. Tüm lokuslardan hesaplanan ortalama null allel frekansı ise 0.151 olmuştur.

Tüm populasyonlardaki aşırı homozigotluğun bir nedeni de null alleller ya da alt populasyonların yapısından (Wahlund etkisi) kaynaklı olabilir buda daha yüksek F_{IS} değerine ve Hardy-Weinberg dengesinden sapmaya neden olmuş olabilir. Mahammi vd. (2016) tarafından yapılan Batı Cezayir'de ticari hatlar ve yabani orman tavuğu ile karşılaştırıldığında yerel tavuklarda genetik çeşitlilik modellerinin molekülerleri çalışmada, null allel frekansının 0.20'nin altında olması durumunda null allellerin göz ardı edilebileceğini bildirmişlerdir. Yapılan çalışmada 19 lokustan sadece dört tanesinde null allel frekansı 0.20'nin üzerinde bulunması ve tüm lokusların ortalamasının 0.20'nin altında olması null allellerin göz ardı edilebileceğini göstermektedir. Yapılan çalışmada elde edilen yüksek F_{IS} değerlerinin Wahlund etkisinden ziyade küçük populasyon büyüklüklerinden kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çizelge 4. 7. Beş saf tavuk hattında elde edilen null allel frekansları

Lokus	n	Null allel frekansı
ADL0112	149	0,132
ADL0268	148	0,105
LEI0094	139	0,063
LEI0166	134	0,190
LEI0192	133	0,229
LEI0234	135	0,198
MCW0020	147	0,197
MCW0034	144	0,222
MCW0037	142	0,071
MCW0067	145	0,055
MCW0069	147	0,188
MCW0078	146	0,116
MCW0081	143	0,069
MCW0111	148	0,246
MCW0123	147	0,158
MCW0183	149	0,159
MCW0248	145	0,108
MCW0301	141	0,216
MCW0330	146	0,139
Ortalama ± St. Sap.		0.151 ± 0.062

4.2.8. Populasyonlar arası genetik farklılaşma

Gerçekleştirilen yüksek lisans tezinde populasyonlar arasında genetik farklılaşmanın değerlendirilmesi için populasyonlar arası genetik farklılaşma katsayısı (ikişerli F_{ST}), Moleküler varyans analizi yapılmıştır. Ayrıca populasyonlar arasındaki farklılaşmaya bağlı olarak değişebilen özgün alleller ve frekansları da tespit edilmiştir.

4.2.8.1. İkişerli F_{ST} değerleri

Çalışmada en düşük ikişerli F_{ST} değeri (0.069) D-229 ile Brown populasyonları arasında, en yüksek ikişerli F_{ST} değeri (0.195) Black ve Blue populasyonları arasında tespit edilmiştir. Çalışmada tespit edilen tüm ikişerli F_{ST} değerlerinin istatistiki olarak önemli ($p < 0.05$) olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.8). Elde edilen değerler çalışılan tüm populasyonların genetik olarak farklılaştığını ortaya koymaktadır.

Çizelge 4. 8. Saf tavuk hatları arasında ikişerli F_{ST} değerleri

	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
Blue	0.000				
Brown	0.133*	0.000			
D-229	0.151*	0.069*	0.000		
Black	0.195*	0.140*	0.131*	0.000	
Maroon	0.167*	0.131*	0.121*	0.127*	0.000

(* $p < 0.05$)

Tadano vd. (2011) 40 mikrosatellit marker ile yedi White Leghorn tavuk hattında populasyonlar arası genetik farklılaşma katsayısı (ikişerli F_{ST}) değerlerinin 0.071 (WL4-WL5) ile 0.259 (WL1-WL7) aralığında değiştiğini bildirmişlerdir. Tadano vd. (2012) Nagoya tavuk ırkından elde edilen beş farklı hat arasında ikişerli F_{ST} değerlerini 0.224 (NG4 ve NG5 arasında) ile 0.250 (NG1 ve NG2) arasında tespit etmişler ve tüm ikişerli F_{ST} değerlerinin istatistiki açıdan önemli olduğunu ($p < 0.01$) vurgulamışlardır. Bu çalışmalarda elde edilen ikişerli F_{ST} değerleri bizim çalışmamızda elde edilen değerlere benzerlik gösterirken Karslı ve Balcıoğlu (2018) tarafından aynı Enstitü tarafından korunan altı farklı kahverengi yumurtacı saf hatta elde edilen ikişerli F_{ST} değerlerinden (BARI ve BARIİ arası 0.115; COL ve L-54 arası 0.352) düşüktür.

Yürütülen yüksek lisans tezinde kullanılan tüm saf hatların aynı genetik kökenden olmasına (White Leghorn) rağmen bu hatlarda uygulanan seleksiyon işleminin tüm hatları genetik olarak farklılaştırdığı düşünülmektedir. Seleksiyon işlemi mutasyon gibi diğer evrimsel güçlerin aksine, seleksiyon yoğunluğuna bağlı olarak gen ve genotip frekanslarını oldukça hızlı değiştirebilir. Bu durum populasyonlar arası genetik farklılaşmanın ana kaynağıdır. Kahverengi yumurtacılar beyaz yumurtacılar göre genetik farklılaşmanın daha fazla olması normaldir. Çünkü beyaz yumurtacıların kökeninde tek bir ırk varken, kahverengi yumurtacılar üç farklı ırk (Rhode Island Red, Colombian Rock, Barred Plymouth Rock) vardır.

4.2.8.2. Moleküler varyans analizi (AMOVA)

Yürütülen çalışmada genetik varyasyonun saf tavuk hatları arasında ya da içindeki dağılımını tespit etmek için gerçekleştirilen AMOVA analizi sonucunda elde edilen varyans bileşenleri Çizelge 4.9'de gösterilmiştir. Buna göre beş saf tavuk hattındaki toplam genetik varyasyonun % 13.41'i populasyonlar arasındaki farklılıklardan, % 15'i populasyonlar içindeki bireylerden ve %71.59'unun da tüm bireyler arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı anlaşılmaktadır. Bu farklılıkların ise istatistiki olarak önemli olduğu ($p < 0.05$) tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre çalışılan saf tavuk hatlarında en az iki tanesinin genetik yapı olarak birbirinden önemli derecede farklılaştığı anlaşılmaktadır.

Çizelge 4. 9. Moleküler varyans (AMOVA) analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi SD	Kareler Toplamı KT	Varyans %
Populasyonlar Arası	4	161.17	13.41*
Populasyonlar İçi	145	655.03	15.00*
Bireyler Arası	150	477.50	71.59*
Bireyler İçi	299	1293.71	100
Genel			

* $p < 0.05$

4.2.8.3. Özgün allel sayıları

Çalışılan beş tavuk hattında 19 mikrosatellit lokus için tespit edilen toplam özgün allel sayısı 41'dir. En az özgün allelin tespit edildiği populasyon Black (4) olurken, en fazla özgün allel D-229 (11) populasyonunda tespit edilmiştir. Özgün allel

frekansının en düşük 0.033 ile ADL0112 (Black), MCW0034 (Black) ve MCW0330 (Maroon) lokuslarında en yüksek 0.383 ile MCW0067 (Blue) lokusunda saptanmıştır (Çizelge 4.10).

Bu çalışmada tespit edilen özgün allel yüzdesi (26.7), Granevitze vd. (2007) tarafından 64 farklı popülasyonda elde edilen değerden (%10), Pham vd. (2013) tarafından aralarında ticari popülasyonlarında olduğu 13 popülasyonda bildirilen değerden yüksek iken Karşlı ve Balcıoğlu (2018) altı farklı kahverengi yumurtacı saf hattan oluşan popülasyonda bildirilen değer (24.89) ile benzerdir.

Özgün alleller popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın direk olarak bir göstergesi olmasa da popülasyonlar arası göç eden bireyler ile ilişkili olduğu için popülasyonların farklılaşması hakkında da fikir vermektedir. Popülasyonlar arası göç eden bireyler popülasyonlar arası genetik farklılıkları ve buna bağlı olarak özgün allel sayısını azaltmaktadır. Eğer popülasyonlar arası göç yoksa yani popülasyonlar bu çalışmada olduğu gibi kapalı olarak yetiştiriliyorsa genetik farklılaşma ve özgün allel sayıları artmaktadır. Bu bağlamda çalışmadaki özgün allel sayısının yüksek olması normal bir durumdur.

Çalışmada elde edilen ikişerli F_{ST} değerleri, AMOVA analizi sonuçları ve özgün allel sayıları birbirini destekler niteliktedir. Çalışılan popülasyonlar yetiştirme sistemleri ve farklı özellikler için uygulanan seleksiyon işlemi ile aynı genetik kökenden gelmelerine rağmen birbirinden genetik olarak farklılaşmışlardır.

Çizelge 4. 10. Çalışılan tavuk hatlarında tespit edilen özgül alleller

Lokus	Frekans	Allel Büyüklüğü (bp)				
		Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
ADL0112	0.033				130	
	0.250					132
LEI0192	0.100				278	
	0.180	280				
	0.044			282		
	0.065			284		
LEI0234	0.222	230				
	0.167			232		
	0.167	238				
	0.060		282			
	0.080		290			
	0.120		296			
	0.100		310			
	0.100					312
MCW0034	0.067		218			
	0.036					220
	0.033		222			
	0.148		226			
	0.121	244				
MCW0037	0.083		146			
MCW0067	0.121			170		
	0.383	176				
	0.083	182				
MCW0069	0.068		154			
	0.100					156
MCW0078	0.345	137				
MCW0081	0.035			118		
	0.083	126				
MCW0111	0.117			100		
MCW0183	0.067			302		
	0.083			304		
	0.233			306		
	0.183			308		
	0.100			310		
	0.241		318			
MCW0248	0.278	215				
MCW0301	0.192				272	
	0.133					274
	0.058	276				
	0.135				278	
MCW0330	0.033					288

4.2.9. Populasyonlar arasındaki filogenetik ilişki

Çalışmada populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkinin ortaya çıkarılmasında Nei'nin genetik mesafe değerlerinden yararlanılarak UPGMA (Unweighted Pair-Group Method) dendogramı, filogenetik ilişkinin üç boyutlu düzlemde gösterildiği FCA analizi ve bayesian temelinde yapılan genetik yapı (Structure) analizi uygulanmıştır.

4.2.9.1. UPGMA dendogramı

Çalışılan populasyonlar arası elde edilen Nei (1978)'nin genetik mesafe ve benzerlik değerleri Çizelge 4.11'de verilmiştir. Çalışmada en düşük genetik mesafe değerleri (0.221) D-229 ve Brown populasyonları arasında elde edilirken, en yüksek genetik mesafe değerleri (0.530) Black ile Blue populasyonları arasında tespit edilmiştir. Bu değerlerle uyumlu olarak en yüksek genetik benzerlik değeri (0.802) D-229 ve Brown populasyonları arasında elde edilirken en düşük genetik benzerlik değeri (0.588) Black ve Blue populasyonları arasında saptanmıştır.

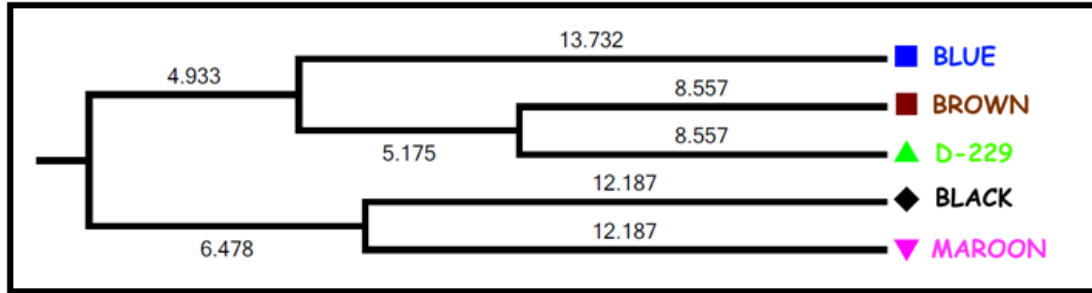
Çizelge 4. 11. Nei'nin genetik uzaklık ve genetik benzerlik değerleri

	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
Blue	****	0.752	0.668	0.588	0.614
Brown	0.284	****	0.802	0.680	0.633
D-229	0.403	0.221	****	0.670	0.668
Black	0.530	0.385	0.399	****	0.736
Maroon	0.488	0.457	0.403	0.306	****

Genetik benzerlik değerleri (köşegen üstü), genetik mesafe değerleri (köşegen altı)

Bu çalışmada beş farklı saf hat arasında elde edilen genetik mesafe değerleri (0.221-0.530 aralığında) tespit edilmiştir. Karşlı ve Balcıoğlu (2018) altı farklı kahverengi yumurtacı saf tavuk populasyonunda genetik mesafe değerlerinin 0.280 (BARI ve BARIİ) ile 1.443 (L-54-COL) aralığında olduğunu, Rajkumar vd. (2007) RIR ve iki WL populasyonu arasındaki genetik mesafe değerinin sırasıyla 0.430 ve 0.380 olduğunu, Ramadan vd. (2012) RIR ve WL populasyonları arasındaki genetik mesafe değerinin 0.326 olduğunu bildirmişlerdir. Seo vd. (2013) beş Kore tavuk hattında genetik mesafe değerlerinin 0.083 ile 0.171 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Yapılan çalışmada beş populasyon arasındaki genetik mesafe değerleri aynı kökenden gelen populasyonlara göre fazla gözükmektedir. Bunun altında yatan temel nedenin kapalı populasyonlarda uygulanan seleksiyon işlemi olduğu düşünülmektedir.

Çalışılan saf tavuk hatları arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesi için Nei'nin genetik mesafe temelinde yapılan UPGMA dendogramı Şekil 4.4'de gösterilmiştir. Oluşturulan UPGMA dendogramına göre iki ana küme oluşurken, birinci kümede Blue, Brown ve D-229 populasyonları, ikinci kümede Black ve Maroon populasyonları yer almıştır.

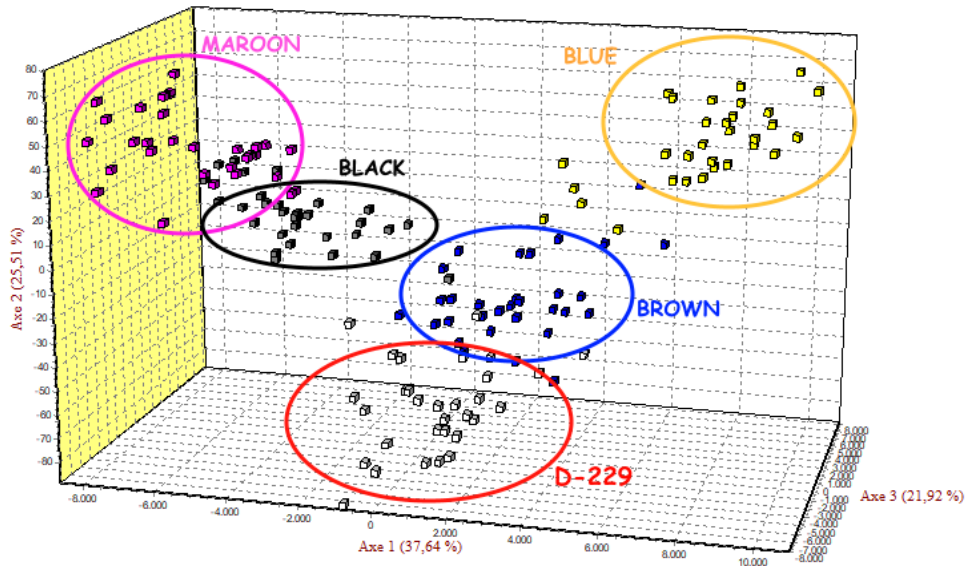


Şekil 4. 4. Genetik mesafe değerleri kullanılarak yapılan UPGMA dendogramı

Genetik mesafe değerleri ve oluşturulan filogenetik ağaç D-229 hattı ile Brown hattının birbirine diğer popülasyonlara göre daha yakın olduğunu göstermektedir. Çalışılan popülasyonların geçmişleri düşünüldüğünde bu sonuçlar şaşırtıcıdır. Çünkü D-229 hattı 2010 yılında Çek Cumhuriyeti'nden diğer dört hat ise 1995 yılında Kanada'dan ithal edilmiştir. D-229 hattı ya da diğer hatların White Leghorn hattından değişik amaçlar için elde edildiği bilinmekte ancak bunların oluşturulma yılları hakkında kesin bilgiler bulunmamaktadır. D-229 hattı ile Brown hattı üzerinde uygulanan seleksiyon işlemlerine diğer hatlara göre daha yakın bir zamanda başlanıldığı düşünülmektedir.

4.2.9.2. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

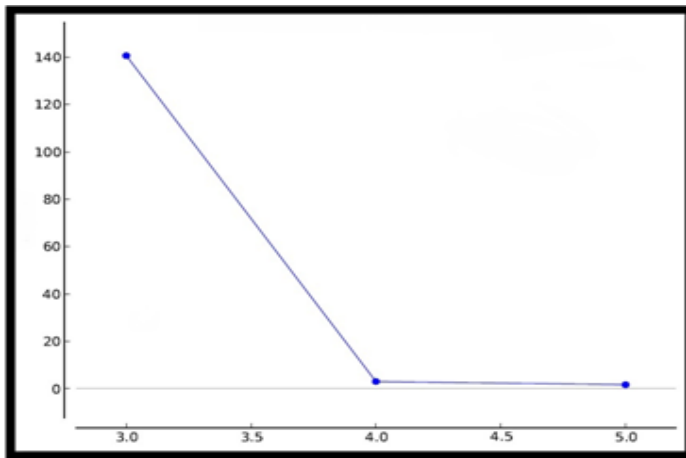
Filogenetik ilişkinin üç boyutlu olarak gösterildiği FCA analizi sonuçları Şekil 4.5'de verilmiştir. UPGMA dendogramına benzer olarak D-229, Brown ve Blue popülasyonları birbirine daha yakın kümelenirken Black ve Maroon popülasyonları farklı bölgede birbirine daha yakın olarak yer almıştır. Bireyler üzerinden oluşturulan FCA analizi sonuçlarına göre popülasyonlar arasındaki farklılıklar yüksek olsa da saf hatların çok kesin sınırlarla ayrılmadığı, popülasyonlar arasında bazı bireylerin geçiş yaptığı görülmektedir. Çalışılan beş saf tavuk hattının aynı genetik kökenden (White Leghorn) geldiği düşünüldüğünde bu olası bir durumdur. Bu popülasyonlarda uygulanan seleksiyon işlemi ve yetiştirme tarzının popülasyonları genetik yapı bakımından farklılaştırdığı ancak popülasyonun ortak bir geçmişi olduğu FCA analizi sonuçlarında görülmektedir.



Şekil 4. 5. Çalışılan populasyonlarda FCA analizi

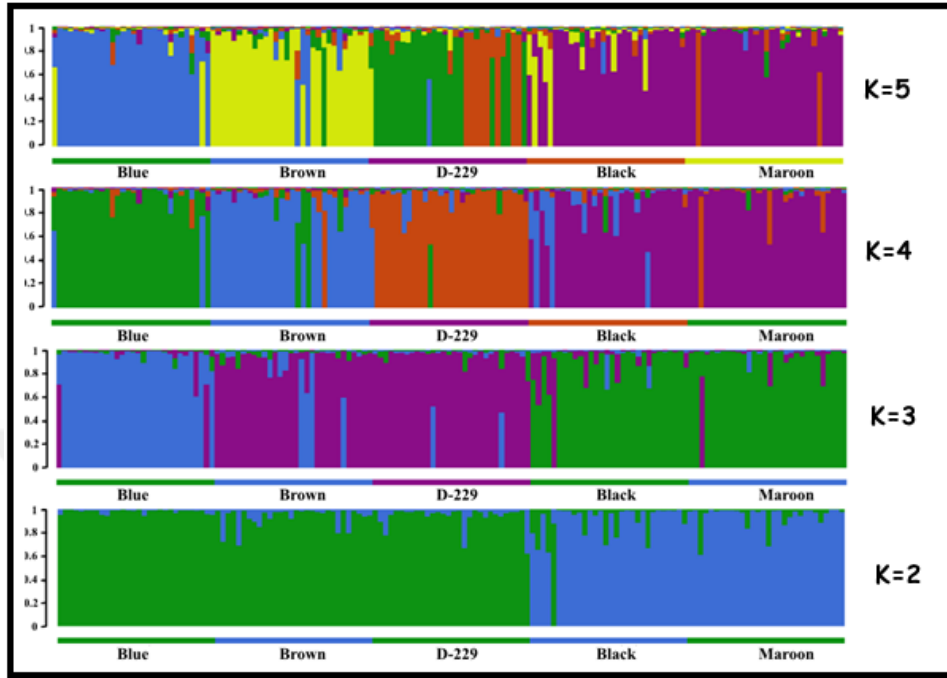
4.2.9.3. Genetik yapı analizi (Structure)

Çalışmada beş farklı tavuk hattı arasındaki genetik farklılaşma ve filogenetik ilişki genetik mesafe temelinden farklı olarak ayrıca Bayesian kümeleme yaklaşımı kullanılarak Structure analizi ile incelenmiştir. Structure analizinden önce en iyi K değerini hesaplamak için Evanno vd. (2005) tarafından geliştirilen algoritma web tabanlı STRUCTURE HARVESTER (Earl ve Vonholdt 2012) programı kullanılarak test edilmiştir. Bu yöntemle göre en yüksek ΔK değerinin elde edildiği küme 3 ($K=3$) olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.6). Özetle çalıştığımız beş populasyon arasındaki genetik farklılaşma ya da filogenetik ilişki en doğru olarak üç ayrı kümede ifade edilmektedir. Genetik mesafe temelli yapılan UPGMA dendrogramından farklı olarak Bayesian temelli Structure analizi bu populasyonların genetik olarak üç farklı kümeye ayrıldığını belirtmektedir.



Şekil 4. 6. Structure Harvester programında elde edilen ΔK değerleri

En iyi K değeri belirlendikten sonra Structure analizi uygulanmış ve buradan elde edilen sonuçlar web tabanlı Structure Plot (Ramasamy vd. 2014) programına atılarak kümeleme analizi görüntüsü oluşturulmuştur (Şekil 4.7).



Şekil 4. 7. Çalışılan tavuk hatlarında Structure kümeleme analizi görüntüsü

Structure analizi sonuçlarına göre K değeri 2 olduğunda yani çalışılan beş saf tavuk popülasyonu iki kümeye ayrıldığında, birinci kümede Blue, Brown ve D-229 popülasyonları yer alırken ikinci kümede Black ve Maroon popülasyonları yer almıştır. En iyi K değerinin elde edildiği küme sayısının üç olduğu durumda ise birinci kümede Blue, ikinci kümede Brown ve D-229, üçüncü kümede ise Black ve Maroon popülasyonları vardır. Özellikle birinci kümedeki Blue popülasyonu ile ikinci kümedeki Brown ve D-229 popülasyonları arasında gen geçişleri ve ikinci kümedeki Brown ve D-229 popülasyonları ile üçüncü kümedeki Black ve Maroon popülasyonları arasındaki gen geçişleri göze çarpmaktadır. Bu durum kapalı yetiştirilen popülasyonların seleksiyon işlemi ile genetik olarak farklılaştığı ve popülasyonların genetik kökenlerinin aynı olduğu gerçeğini bir kez daha yansıtmaktadır.

4.2.10. Koruma önceliklerinin belirlenmesi

Daha önce Materyal ve Metot kısmında açıklandığı üzere koruma önceliğinin belirlenmesi için iki farklı yaklaşım kullanılmıştır. Caballero ve Toro (2002) ile Petit vd. (1998) tarafından tanımlanan metodlara göre her bir hattın genetik çeşitliliğe katkısı Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4. 12. Her bir hattın genetik çeşitliliğe katkısı

	Caballero ve Toro (2002)			Petit vd. (1998)		
	Toplam (%)	Pop. İçi (%)	Pop. Arası (%)	Toplam (%)	Pop. İçi (%)	Pop. Arası (%)
Blue	-0.420	0.716	-1.136	3.739	0.253	3.486
Brown	-0.209	-0.230	0.021	0.510	0.412	0.098
D-229	-1.334	-1.427	0.093	4.104	2.948	1.156
Black	-0.375	0.595	-0.970	-1.316	-1.965	0.649
Maroon	-0.499	0.346	-0.845	0.490	-1.648	2.138

Caballero ve Toro (2002) koruma önceliğinin belirlenmesine karar verilirken hem populasyonlar içinde hem de arasındaki genetik çeşitliliğin dikkate alınması gerektiğini vurgulamışlardır. Yapılan çalışmada Caballero ve Toro'ya (2002) göre populasyonlar arası genetik çeşitliliğe etkisi en fazla olan hat Blue (-1.136) iken populasyonlar içinde D-229 hattı (-1.427) olmuştur. Toplam genetik çeşitliliğe en fazla katkı ise D-229 (-1.334) hattından gelmektedir. Benzer şekilde Petit vd. (1998) tarafından geliştirilen yaklaşıma göre D-229 hattı genetik varyasyona en fazla katkıyı (4.104) yapan hattır. D-229 hattını 3.739 ile Blue hattı izlemektedir. Her iki yaklaşıma göre D-229 hattı genetik çeşitliliğe en yüksek katkıyı yapmaktadır ve koruma çalışmalarına bu populasyondan başlanması gerektiğini işaret etmektedir. Ayrıca çalışılan beş saf tavuk hattı içerisinde en yüksek lokus başına Na (4.842), Ne (3.732), Ho (0.515) ve He (0.706) değerleri D-229 hattında elde edilmiştir. Bu değerler yukarıdaki sonuçları destekler niteliktedir.

5. SONUÇLAR

Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde yetiştirilen beş farklı beyaz yumurtacı saf hatta 19 mikrosatellit lokus bakımından genotipik yapı, filogenetik ilişkiler ve koruma öncelikleri belirlenerek tamamlanan bu yüksek lisans tezinde elde edilen sonuçlar aşağıda maddeler halinde özetlenmiştir.

1-) Çalışmada kullanılan 19 mikrosatellit lokusun hem populasyon bazında hemde genel olarak polimorfik olduğu saptanmıştır. Çalışılan lokuslar uzun süre kapalı yetiştirilen ve üzerinde seleksiyon uygulanan tavuk populasyonlarında genetik çeşitliliğin, populasyon yapısının ve koruma önceliklerinin gösterilmesi için yapılacak mikrosatellit çalışmalarda kullanılabilir. Bu lokuslar ile çalışmak isteyen araştırmacıların PIC değeri düşük olan MCW0111 (0.330) ve MCW0123 (0.246) lokusları yerine yeni lokuslar kullanması daha faydalı olacaktır.

2-) Populasyon bazında elde edilen genetik varyasyon parametreleri (N_a , N_e , H_o , H_e) karşılaştırıldığında D-229 hattında genetik çeşitliliğin diğer hatlara göre daha fazla olduğu göze çarpmaktadır. Çalışılan beş saf tavuk hattında tespit edilen genetik çeşitlilik parametreleri literatürde White Leghorn ırkından elde edilen hatlarla karşılaştırıldığında ise bu çalışma kapsamında incelenen beş farklı populasyonda genetik çeşitliliğin orta seviyelerde olduğu söylenebilir.

3-) Populasyonlarda elde edilen akrabalı yetiştirme katsayıları (F_{IS}) değerleri incelendiğinde tüm populasyonlarda heterozigot eksikliğinden ötürü Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma görülmüştür. Çalışılan tüm populasyonlarda akrabalığın yüksek olduğu görülmektedir. Kapalı yetiştirilen populasyonlarda akrabalığın artması beklenen bir durum gibi gözükse de, bu çalışmada elde edilen F_{IS} değerleri benzer çalışmalarda saf tavuk hatlarında bildirilen F_{IS} değerlerin oldukça üzerindedir. Türkiye tavukçuluğu açısından oldukça önemli olan bu saf hatların sürdürülebilir kullanımı için bu populasyonlarda akrabalığın azaltılması gerekmektedir. Aksi takdirde populasyonlarda şu an orta seviyelerde olan genetik çeşitlilikte yakın gelecekte ani düşüşler, populasyonlarda hastalıklara karşı dirençde azalma ya da ani ölümler gibi istenilmeyen durumlar ile karşılaşılabilir. Populasyonlarda akrabalığın azaltılması için populasyon büyüklüklerinin artırılması, seleksiyon yoğunluğunun azaltılması ya da sürü yönetiminin daha dikkatli yapılması gibi önlemler alınabilir.

4-) Yürütülen yüksek lisans tezinde populasyonlar arasında elde edilen ikişerli F_{ST} değerleri ve tüm bireyler üzerinden yapılan AMOVA analizinde elde edilen sonuçlar populasyonların genetik olarak birbirinden önemli düzeyde ($p < 0.05$) farklılaştıklarını ortaya koymuştur. Bu populasyonlar aynı genetik kökenden gelmesine karşın bu populasyonlarda farklı verimler için uzun süredir uygulanan seleksiyon işlemi populasyonlarda ciddi düzeyde genetik farklılaşmaya yol açmıştır.

5-) Beş farklı saf hat arasındaki ilişkiyi incelemek için yapılan genetik mesafe temelli UPGMA dendogramı ile FCA Analizi sonuçlarına göre Blue, Brown ve D-229 bir kümede yer alırken Maroon ve Black populasyonları bir başka kümede yer almıştır. Bu iki kümeleme yaklaşımından farklı olarak Bayesian temelli Structure analizinde beş farklı populasyon üç farklı kümede yer almıştır. Birinci kümede Blue populasyonu, ikinci kümede D-229 ve Brown populasyonu yer alırken son kümede Black ve Maroon

populasyonları yer almıştır. Hem genetik mesafe temelli FCA analizinde, hem de Bayesian temelli Structure analizinde oluşan kümeler ya da populasyonlar arası geçişler göze çarpmaktadır. Kümeleme analizlerinden elde edilen bu sonuçlar populasyonların yetiştirilme sistemleri ve geçmişleri ile uyumludur.

6-) Populasyonlarda koruma önceliklerinin belirlenmesi için Caballero ve Toro (2002) ile Petit vd. (1998) tarafından geliştirilen yaklaşımlar uygulanmıştır. Her iki yaklaşıma göre de toplam genetik çeşitliliğe en fazla katkıyı yapan hattın D-229 olduğu anlaşılmıştır. Ayrıca populasyonlarda elde edilen genetik çeşitlilik parametreleri de bunu destekler niteliktedir. Beş farklı saf tavuk hattında genetik varyasyona en fazla katkıyı D-229 hattı yapmakta dolayısıyla öncelikle bu populasyondaki mevcut genetik çeşitliliğin korunması gerekmektedir.



6. KAYNAKLAR

- Acosta. A. C., Uffo. O., Sanz. A., Ronda. R., Osta. R., Rodellar. C., Martin-Burriel. I., Zaragoza. P. 2013. "Genetic diversity and differentiation of five Cuban cattle breeds using 30 microsatellite loci". *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 130. 79-86.
- Akaboot. P., Duangjinda. M., Phasuk. Y., Kaenchan. C., Chicchiyanond. W. 2012. Genetic characterization of Red junglefowl (*Gallus gallus*.) Thai indigenous chicken (*Gallus domesticus*.) and two commercial lines using selective functional genes compared to microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research*. 11. 1881-1890.
- Akünel. T. 2009. Farklı ticari yumurtacı hibritlerin sürdürülebilirlik açısından incelenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Isparta.
- Andrew Symons. R.C., Marshall. V.M. and Foote S.J. 2000. Improvements in allelic discrimination of microsatellite markers using denaturing polyacrylamide gel electrophoresis. *Mammalian Genome*, 11: 671–674.
- Anonim 1. 2016. "Dünya yumurta ihracatı". <http://www.yum-bir.org/UserFiles/File/Veriler2016.pdf>. Son erişim tarihi: 10 Şubat 2017.
- Anonim 2. 2016. "Tarihçe" <http://arastirma.tarim.gov.tr/tavukculuk/Menu/48/Tarihce>. Son erişim tarihi: 01.Aralık.2016.
- Anonim 3. 2015. "Türkiye hayvan genetik kaynakları ulusal strateji ve eylem planı (2015-2020)". <http://genbis.org/uploads/Cilt1.pdf>. Son Erişim tarihi: 5 Şubat 2017.
- Anonim 4. 2004. TUBİTAK "Ulusal Bilim ve Teknoloji Politikaları 2003-2023 Strateji Belgesi"https://www.tubitak.gov.tr/tubitak_content_files/vizyon2023/Vizyon2023_Strateji_Belgesi.pdf. Son Erişim tarihi: 10 Şubat 2017.
- Anonymous 1. 2007a. "Animal genetic resources for food and agriculture". Rome. Italy. <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/a1250e/a1250e.pdf>. Son erişim tarihi: 9 Ocak 2016.
- Anonymous 2. 2007b. "Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration". <http://www.fao.org/3/a-a1404e.pdf>. Son erişim tarihi: 9 Ocak 2016.
- Baykalır. Y. ve Şimşek. Ü.G. 2014. Yumurta tavukçuluğunda kullanılan yetiştirme sistemleri. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Veteriner Dergisi*. 28 (2): 93-98.
- Belkhir. K., Borsa. P., Chikhi. L., Raufaste. N., Bonhomme. F. 2004. "GENETIX 4.05. logiciel sous Windows pour la gé'ne'tique des populations". Université' de Montpellier II. Montpellier. France
- Bolstein. D., White. R.L., Skolnik. M., Davis. R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American J. Human Genetics*. 32: 314-331.
- Caballero A. and Toro. M. A. 2002. "Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations". *Conservation Genetics*. 3. 289–299.

- Canon. J., Alexandrino. P., Bessa. I., Carleos. C., Carretero. Y., Dunner. S., Ferran. N., Garcia. D., Jordana. J., Laloë. D. et.al. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution*, 3: 311–332.
- Cardellino, R. A., Boyazoglu, J. 2009. “Research opportunities in the field of animal genetic resources”, *Livestock Science*, 120, 166–173.
- Ceccobelli. S., Karşlı. T., Di Lorenzo. P., Marozzi. G., Landı. V., Sarti. F.M., Sabbioni. A. and Lasagna. E. 2015. Genetic diversity of Cornigliese sheep breed using STR markers. *Small Ruminant Research*, 123: 62–69.
- Chatterjee. R. N., Bhattacharya. T. K., Dange. M., Rajkumar. U. 2010. Assesment of gebnetic relatedness of crossbred chicken populations using microsatellite markers. *Biochemical Genetics*. 48. 727-736.
- Chuluunbat. B., Charruau. P., Silbermayr. K., Khorloojav. T., Burger. P. A. 2014. “Genetic diversity and population structure of Mongolian domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*)”. *Animal Genetics*. 45. 550–558.
- Das A. K., Kumar S., Rahim A. 2015. “Estimating microsatellite based genetic diversity in Rhode Island Red chicken”. *Iranian Journal of Veterinary Research*. 16(3). 274-277.
- Dorji. N., Daungjinda. M., Phasuk. Y. 2011. Genetic diversity comparison of Thai indigenous chicken with commercial lines using 20 microsatellite markers. *TropICAL Animal Health and Production*. 4. 779-785.
- Durmuş. İ., Sarıca. M., Aktan. S., Yıldız. T., Kahraman. Z., Ertaş. S. 2008. “Geliştirilmekte olan yerli ticari yumurtacı hibritlerin verim özelliklerinin belirlenmesi”. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*. 8 (1). 15-9.
- Earl. D.A. and Vonholdt. B.M. 2012. Structure harvester: a web-site and program for visualizing structure output and implementing the evanno method. *Conservation Genetics Resources*. 4 (2): 359–361.
- Ersayın. C. 2001. Yeni Tavukçuluk Bilimi. ISBN:975-591-222-3. Nobel Yayın Dağıtım. Mayıs. Ankara.
- Ertuğrul, M., Dellal, G., Elmacı, C., Akın, A. O., Pehlivan, E., Soysal, M. İ., Arat, S. 2010. “Çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı”, TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi. Bildiriler Kitabı-1, 179-198, 11-15 Ocak, Ankara
- Ertuğrul. M. et. al. 2015. “Türkiye çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı”. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Türkiye Ziraat Mühendisliği VIII. Teknik Kongresi. Bildiriler Kitabı-1. 212-236. 12-16 Ocak. Ankara.
- Evanno. G., Regnaut. S., Goudet. J. 2005. Detecting the number of cluster of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*. 14: 2611–2620.
- Excoffier. L., Laval. G., Schneider. S. 2006. “ARLEQUIN (Version 3.01): an integrated software package for population genetics data analysis”. University of Bern. Institute of Zoology. Switzerland.

- Flock, D., Preisinger, R. 2002. "Breeding plan for poultry with emphasis on sustainability" Seventh World Conference on Genetic Applications for Livestock Production", 19–23 August, Montpellier, France
- Glaubitz, J.C. 2004. CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages, *Molecular Ecology Notes*, 4: 309-310.
- Goudet, J. 1995. "FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-Statistics". *J.Heredity*. 86. 485-486.
- Göger, H., Demirtaş, Ş. E., Yurtoğulları, Ş., Taşdemir, A. N., Şenkal, U.E. ve Boyalı, B. 2017. Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde Saf Hatlarla Yapılan İslah Çalışmaları. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi* 14 (2). 30-38.
- Granevitze, Z., Hillel, J., Feldman, M., Six, A., Eding, H. and Weigend, S. 2009. Genetic structure of a wide-spectrum chicken gene pool. *Animal Genetic*. 40. 686-693.
- Granevitze, Z., Hillel, J., Chen, G. H., Cuc, N. T. K., Feldman, M., Eding, H., Weigend, S. 2007. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *International Society for Animal Genetics*. 38/. 576-583.
- Hako-Touko, B.A., Keambou, T. C., Han, J. M., Bembide, C., Cho, C. Y., Skilton, R. A., Djikeng, A., Ogugo, M., Manjeli, Y., Tebug, T. T., et al. 2013. The major histocompatibility complex b (MHC-B) and QTL microsatellite alleles of favorable effect on antibody response against the Newcastle disease. *International J Genetic Research*, 1 (1): 1-8.
- Hartl, D. L. and Clark, A.G. 2007. "Principles of Population Genetics. Fourth Edition". Sinauer Associates. Sunderland. Massachusetts. USA.
- Hillel, J. et al. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics Selection Evaluations*. 35. 533-557
- Kaiser, M. G., Yonash, N., Cahaner, A., Lamont, S. J. 2000. Microsatellite polymorphism between and within broiler populations. *Poultry Science*. 79. 626-628.
- Kalinowski, S.T. and Taper, M.L. 2006. Maximum likelihood estimation of the frequency of null alleles at microsatellite loci. *Conserv Genet* 7: 991-5.
- Kamanlı, S. ve Türkoğlu, M. 2018. Tavukçuluk Araştırma Enstitüsünde Bulunan Beyaz Yumurtacı Saf Hatlar ve Melezlerinin Yumurta İç ve Dış Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi* 15 (1). 23-28.
- Karabağ K., Balcıoğlu M. S., Karslı T., Alkan S. 2016. "Determination of Genetic Diversity Using 15 Simple Sequence Repeats Markers in Long Term Selected Japanese Quail Lines". *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 29. 1696-1701.
- Karslı, T. 2015. Ankara tavukçuluk araştırma istasyonunda bulunan kahverengi yumurtacı saf hatlarda genetik varyasyonun mikrosatellit markerler kullanılarak belirlenmesi. Doktora tezi. Akdeniz Üniversitesi. Antalya.

- Karslı. T. and Balcıoğlu. M. 2018. Genetic characterization and population structure of six brown layer pure lines by using microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0870>
- Karslı. T., Balcıoğlu. M. S., Demir. E., Fidan. H. G., Aslan. M., Aktan. S., Kamanlı. S., Karabağ. K. ve Şahin. E. 2017. Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde yetiştirilen yumurtacı saf tavuk hatlarında yumurta verimi ile ilişkili IGF-1 ve NPY aday genlerindeki polimorfizmlerin belirlenmesi. *Türk Tarım - Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*. 5(9). 1051-1056
- Karslı. T., Karabağ. K., Balcıoğlu. M. S. 2013. "Çiftlik hayvanlarında DNA teknolojileri ve biyoteknoloji kullanımı". İç Anadolu Bölgesi 1. Tarım ve Gıda Kongresi. Cilt III (Hayvansal Üretim). 46-52. 2-4 Ekim. Niğde.
- Koca. S. 2014. Beyaz et ihracatı: sorunlar ve hedefler. TUYEM 12. Uluslararası Yem Kongresi. 20-23 Nisan. Kundu. Antalya.
- Liu. Z.J. and Cordes. J.F. 2004. DNA marker Technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238: 1-37.
- Mahammi. F.Z., Gaouar. S.B.S., Laloe. D., Faugeras. R., Tabet-Aoul. N., Rognon. X., Tixier-Boichard. M. and Saidi-Mehtar. N. 2016. A molecular of patterns of genetic diversity in local chickens from western Algeria in comparison with commercial lines and wild jungle fowls. *J Anim Breed Gen*. 133:59-70.
- Mahmoudi. B., Bayat. M., Sadeghi. R., Babayev. M. S., Abdollahi. H. 2010. "Genetic diversity among three goat populations assessed by microsatellite DNA markers in Iran". *Global Veterinaria*. 4 (2). 118-124.
- Mızrak. C., Göger. H., Boğa. A. G., Durmuş. İ. 2007. "Türkiye'de yumurtacı damızlık ve hibrit üretim çalışmaları". AB Kriterlerine Uyum Sürecinde Türkiye Tavukçuluğu Sempozyumu. 143-152. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi. İzmir.
- Miller. S., Dykes. D., Plesky. H.A. 1988. Simple salting out procedure for extracting DNA from human cells. *Nucleic Acids Research*. 16: 1215.
- Minvielle. F., Kayang. B.B., Inoue-Murayama. M., Miva. M, Vignal. A., Gourichon. D., Neau. A., Monvoisin. J.L. and Ito, S. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*, 6 (87):1-9.
- Muchadeyi. F. C., Eding. H., Wollny. C. B. A., Groeneveld. E., Makuza. S. M., Shamseldin. R., Simianer. H., Weigend. S. 2007. Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. *International Society for Animal Genetics*. 38. 332-339.
- Nei. M. 1978. Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106. 283-292.
- O'leary. S. J., Dunton. K. J., King. T. L., Frisk. M. G., Chapman. D. D. 2014. "Genetic diversity and effective size of Atlantic sturgeon. *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* river spawning populations estimated from the microsatellite genotypes of marine-captured juveniles". *Conservation Genetics*. 15. 1173-1181.

- Özşensoy. Y., Kurar. E., Doğan. M., Bulut. Z., Nizamlioğlu. M., Işık. A., Çamlıdağ. A. ve Altunok. V. 2014. Genetic characterization of Turkish cattle breeds by microsatellite markers: usefulness for parentage testing. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 20 (4): 521-526.
- Öztürk. A. K., Türkoğlu. M. 2012. “Türkiye’de organik tavukçuluk”. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*. 52 (1). 41-50.
- Park. S.D.E. 2001. The Excel microsatellite-toolkit. Animal Genomics Lab., Univ. College Dublin, Dublin, Ireland.
- Petit, R. J., El Mousadik, A., Pons, O. 1998. “Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers”, *Conservation Genetics*, 12, 844–855.
- Pham. M., Chang. W., Berthouly-Salazar. C., Lin. D., Yungrahang. S., Wang. C., Lee. Y., Tixier-Boichard. M., Chen. C. 2013. Genetic characterization of Taiwan commercial native chickens ascertained by microsatellite markers. *Japan Poultry Science*. 50. 290-299.
- Pratap. S.O., Mishra. S. K., Arora G., Gaur R., Prasad. Y., Singh. D.P. 2014. Genetic diversity between Indigenous Kadaknath an commercial White Leghorn breeds. *Biotec Articles*. 1-10.
- Pritchard. J. K., Matthew S., Donnelly. P. 2000. “Inference of population structure using multilocus genotype data”. *Genetics*. 155 (2). 945-95.
- Rajkumar. U., Gupta. B. R., Ahmed. N., Venktramaiah. A., Reddy. A. R. 2007. Genetic variation and genetic diversity in chicken populations using microsatellite assay. *Indian Journal of Animal Sciences*. 77. 1194-1198.
- Ramadan. S., Kayang. B.B., Inoue. E., Nirasawa. K., Hayakawa. H., Ito. S., Murayama. M. 2012. Evaluation of genetic diversity and conservation priorities for Egyptian chickens. *Open Journal of Animal Sciences*. 2. 183-190.
- Ramasamy. R. K., Ramasamy. S., Bindroo. B. B., Naik. G. 2014. Structure PLOT: a program for drawing elegant STRUCTURE bar plots in user friendly interface. *Springer Plus*. 3:431. 1-3.
- Revidatti. M. A., Delgado Bermejo. J. V., Gama. L. T., Landi Periat. V., Ginja. C., Alvarez. L. A., Vega-Pla. J. L., Martinez. A. M. 2014. “Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers”. *J. Animal Science*. 92. 4823-4832.
- Sarıca. M., Camcı. Ö., Mızrak. C., Akbay. R., Türkoğlu. M., Yamak. U. S. 2012. “Türkiye’de kanatlı ıslah stratejilerine bakış”. *Ulusal Kümes Hayvanları Kongresi*. 27-48. 3-5 Ekim. İzmir.
- Seo. D. W. et al. 2013. discrimination of Korean native chicken lines using fifteen selected microsatellite markers. *The Asian-Australian Association of Animal Production Societies*. 3. 316-322.
- Seo. J. H., Lee. J. H., Kong. H. S. 2017. Assesment of genetic diversity and phyogenetic relationships of Korean native chicken breeds using microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animak Sciences*. 10. 1365-1371.

- Setyawan A. D. and Lymbery A. J.. 2015. "Genetic diversity of Five Indonesian Native Cattle Breeds at Microsatellite Loci.". Asian Journal of Animal Science. 9 (2). 57-64.
- Simon. D. L. and D. Buchenauer. 1993. "Genetic diversity of European livestock breeds". European Association for Animal Production Publication No. 66. Wageningen Pers. Wageningen. The Netherlands.
- Sridevi. B., Viroloji Rao. S. T., Gnana. P. M., Ravinder. R. V. and Krishna. D. 2018. Molecular characterization of IWD and IWF white leghorn chicken using microsatellite markers. The Pharma Innovation Journal. 7(5): 556-558.
- Şenköylü. N. 2001 Modern Tavuk Üretimi. ISBN: 975-93691-2-5. Anadolu Matbaası. Tekirdağ.
- Tadano, R., Sekino , M., Nishibori, M, Tsudzuki, M. 2007a. Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. *Poultry Science*, 86: 460-469..
- Tadano. R. and Kataoka. Y. 2014a. Genetic diversity in a small chicken population inferred from microsatellite polymorphism. The Journal of Poultry Science. 51. 242-247.
- Tadano. R., Nakamura. A. and Kino. K. 2012. Analysis of genetic divergence between closely related lines of chickens. *Poultry Science* 91: 327–333.
- Tadano. R., Nishibori. M., Nagasaka. N. and Tsudzuki. M. 2007b. Assessing genetic diversity and population structure for commercial chicken lines based on forty microsatellite analyses. *Poultry Science*, 86: 2301–2308.
- Tadano. R., Goto. N., Tsudzuki. M. 2011. "Genetic differentiation among White Leghorn lines". Application of individual-based clustering approaches". *Poultry Science*. 90. 725–730.
- Tadano. R., Kinoshita. K., Mizutani. M., Tsudzuki. M. 2014a. "Comparison of microsatellite variations between Red Junglefowl and a commercial chicken gene pool". *Poultry Science*. 93 (2). 318-325.
- Tadano. R., Nagasaka. N., Goto. N., Rikimaru. K., Tsudzuki M. 2013. Genetic characterization and conservation priorities of chicken lines. *Poultry Science*. 92. 2860-2865.
- Tadano. R. et. al. 2014b. "Cost-effective development of highly polymorphic microsatellite in Japanese quail facilitated by next-generation sequencing". *Animal Genetics*. 45 (6). 881-884.
- Takezaki. N., Nei. M., Tamura. K. 2010. "POPTREE2: software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with windows-interface". *Molecular Biology and Evolution*. 27 (4). 747–752.
- Toro, M. A., Caballero, A. 2005. "Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 1367-1378.

- Türkoğlu. M., Arda. M., Yetişir. R., Sarıca. M ve Ersayın. C. 1997. Tavukçuluk Bilimi. Samsun. 1997. ISBN: 975-94647-0-5. OTAK FORM- OFSET. SAMSUN.
- Vahidi. S. M. F., et. al.2016. “Multilocus genotyPIC data reveal high genetic diversity and low population genetic structure of Iranian indigenous sheep”. *Animal Genetics*. 47. 463–470.
- Vanhala. T., Tuiskula-Haavisto. M., Elo. K., Vilkki. J., Mäki-Tanila. A. 1998. Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science*. 77. 783-790.
- Wilkinson. S., Winer. P., Teverson. D., Haley. C. S., Hocking. P. M. 2011. Characterization of the genetic diversity. structure and admixture of British chicken breeds. *Stiching International Foundation for Animal Genetics*. 43. 552-563.
- Yeh. F. C., Yang. R. C., Boyle. T. B. J., Ye. Z. H., Mao. J. X. 1997. “POPGENE. The user-friendly shareware for population genetic analysis”. *Molecular Biology and Biotechnology Centre. University of Alberta. Canada*
- Yılmaz. O., Cemal. I. ve Karaca. O. 2014. Genetic diversity in nine native Turkish sheep breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 45: 604-608.
- Zanetti. E., Marchi. M. D., Dalvit. C., Cassandro. M. 2010. Genetic characterization of local Italian breeds of chickens undergoing in situ conservation. *Poultry Science*. 89. 420-427.
- Zhou. H., Lamont. S.J. 1999. Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal Genetics*. 30. 256-264

7. EKLER**EK-1.** ADL0112 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
122	0.000	0.035	0.000	0.000	0.183
124	0.433	0.483	0.383	0.217	0.433
126	0.483	0.275	0.350	0.533	0.084
130	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000
132	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
134	0.084	0.207	0.267	0.217	0.050
n	30	29	30	30	30

EK-2. ADL0268 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
108	0.433	0.150	0.054	0.133	0.000
110	0.083	0.217	0.107	0.267	0.400
112	0.300	0.200	0.089	0.133	0.133
114	0.067	0.233	0.214	0.000	0.000
116	0.033	0.067	0.000	0.000	0.000
120	0.084	0.133	0.411	0.367	0.150
122	0.000	0.000	0.054	0.067	0.317
124	0.000	0.000	0.071	0.033	0.000
n	30	30	28	30	30

EK-3. LEI0094 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
249	0.321	0.000	0.000	0.000	0.086
255	0.125	0.000	0.046	0.000	0.000
259	0.000	0.000	0.000	0.050	0.293
261	0.304	0.267	0.386	0.283	0.448
263	0.196	0.400	0.000	0.300	0.173
265	0.054	0.050	0.250	0.033	0.000
267	0.000	0.283	0.318	0.334	0.000
n	28	30	22	30	29

EK-4. LEI0166 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
348	0,348	0,217	0,000	0,182	0,000
350	0,348	0,550	0,414	0,386	0,183
352	0,304	0,000	0,000	0,091	0,217
354	0,000	0,067	0,000	0,000	0,217
356	0,000	0,000	0,190	0,000	0,233
358	0,000	0,166	0,258	0,341	0,000
360	0,000	0,000	0,138	0,000	0,150
n	23	30	29	22	30

EK-5. LEI0192 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
272	0.000	0.000	0.109	0.617	0.519
274	0.500	0.714	0.544	0.150	0.000
276	0.180	0.107	0.000	0.000	0.000
278	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000
280	0.180	0.000	0.000	0.000	0.000
282	0.000	0.000	0.044	0.000	0.000
284	0.000	0.000	0.065	0.000	0.000
286	0.000	0.000	0.000	0.133	0.481
288	0.000	0.125	0.238	0.000	0.000
290	0.140	0.054	0.000	0.000	0.000
n	25	28	23	30	27

EK-6. LEI0234 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
230	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000
232	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000
234	0.204	0.120	0.000	0.000	0.000
236	0.000	0.000	0.150	0.000	0.180
238	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000
282	0.000	0.060	0.000	0.000	0.000
290	0.000	0.080	0.000	0.000	0.000
292	0.167	0.320	0.000	0.554	0.280
294	0.000	0.240	0.050	0.304	0.260
296	0.000	0.120	0.000	0.000	0.000
304	0.148	0.000	0.133	0.000	0.060
306	0.000	0.000	0.017	0.000	0.120
310	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000
312	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
314	0.000	0.060	0.200	0.089	0.000
316	0.092	0.000	0.183	0.053	0.000
n	27	25	30	28	25

EK-7. MCW0020 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
175	0.000	0.000	0.100	0.000	0.167
177	0.179	0.017	0.300	0.517	0.183
179	0.179	0.379	0.100	0.350	0.433
181	0.000	0.225	0.367	0.133	0.217
183	0.642	0.379	0.133	0.000	0.000
n	28	29	30	30	30

EK-8. MCW0034 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
218	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000
220	0.000	0.000	0.000	0.000	0.036
222	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000
226	0.000	0.000	0.148	0.000	0.000
228	0.000	0.000	0.130	0.233	0.179
230	0.000	0.117	0.000	0.217	0.250
232	0.000	0.083	0.000	0.000	0.179
234	0.000	0.083	0.111	0.050	0.000
236	0.000	0.183	0.167	0.317	0.000
238	0.155	0.301	0.259	0.183	0.107
240	0.397	0.133	0.185	0.000	0.143
242	0.328	0.000	0.000	0.000	0.107
244	0.120	0.000	0.000	0.000	0.000
n	29	30	27	30	28

EK-9. MCW0037 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
146	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000
148	0.313	0.233	0.138	0.100	0.000
150	0.437	0.433	0.259	0.250	0.207
152	0.000	0.000	0.241	0.433	0.466
156	0.083	0.000	0.069	0.000	0.000
158	0.000	0.000	0.086	0.050	0.000
162	0.167	0.150	0.000	0.000	0.000
164	0.000	0.101	0.207	0.167	0.327
n	24	30	29	30	29

EK-10. MCW0067 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
170	0.000	0.000	0.121	0.000	0.000
172	0.000	0.000	0.000	0.617	0.333
174	0.167	0.724	0.603	0.083	0.389
176	0.383	0.000	0.000	0.000	0.000
178	0.100	0.000	0.000	0.000	0.111
180	0.117	0.000	0.190	0.000	0.000
182	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000
186	0.000	0.000	0.000	0.300	0.167
188	0.150	0.276	0.086	0.000	0.000
N	30	29	29	30	27

EK-11. MCW0069 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
152	0.089	0.167	0.267	0.207	0.033
154	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000
156	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
158	0.857	0.599	0.483	0.397	0.333
160	0.054	0.167	0.250	0.241	0.083
162	0.000	0.000	0.000	0.086	0.133
164	0.000	0.000	0.000	0.069	0.318
N	28	30	30	29	30

EK-12. MCW0078 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
133	0.087	0.233	0.000	0.276	0.000
135	0.000	0.000	0.117	0.086	0.000
137	0.293	0.000	0.000	0.000	0.000
139	0.052	0.167	0.167	0.000	0.000
141	0.241	0.217	0.200	0.241	0.000
143	0.086	0.133	0.200	0.310	0.232
145	0.241	0.083	0.100	0.087	0.125
147	0.000	0.167	0.216	0.000	0.643
N	29	30	30	29	28

EK-13. MCW0081 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
110	0.000	0.000	0.000	0.200	0.074
112	0.000	0.333	0.293	0.283	0.000
114	0.000	0.167	0.293	0.000	0.000
116	0.000	0.167	0.172	0.000	0.130
118	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000
126	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000
128	0.917	0.333	0.207	0.517	0.796
N	30	27	29	30	27

EK-14. MCW0111 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
96	0.103	0.167	0.233	0.103	0.067
98	0.828	0.767	0.700	0.707	0.933
100	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000
102	0.069	0.066	0.000	0.190	0.000
N	29	30	30	29	30

EK-15. MCW0123 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
92	0.000	0.172	0.103	0.000	0.069
94	0.850	0.828	0.794	0.900	0.914
96	0.117	0.000	0.000	0.100	0.017
98	0.033	0.000	0.103	0.000	0.000
N	30	29	29	29	29

EK-16. MCW0183 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
296	0.000	0.000	0.000	0.067	0.083
298	0.417	0.172	0.117	0.333	0.467
300	0.283	0.103	0.000	0.000	0.000
302	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000
304	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000
306	0.000	0.000	0.233	0.000	0.000
308	0.000	0.000	0.183	0.000	0.000
310	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000
314	0.083	0.000	0.217	0.600	0.367
316	0.217	0.483	0.000	0.000	0.083
318	0.000	0.242	0.000	0.000	0.000
N	30	29	30	30	30

EK-17. MCW0248 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
215	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000
217	0.296	0.417	0.535	0.466	0.333
219	0.185	0.083	0.224	0.103	0.350
221	0.241	0.250	0.155	0.345	0.150
223	0.000	0.250	0.086	0.086	0.167
N	27	30	29	29	30

EK-18. MCW0301 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
260	0.000	0.000	0.155	0.135	0.000
262	0.192	0.267	0.155	0.212	0.167
264	0.385	0.350	0.310	0.115	0.150
266	0.212	0.183	0.122	0.135	0.133
268	0.000	0.100	0.103	0.095	0.200
270	0.154	0.100	0.155	0.000	0.217
272	0.000	0.000	0.000	0.154	0.000
274	0.000	0.000	0.000	0.000	0.133
276	0.057	0.000	0.000	0.000	0.000
278	0.000	0.000	0.000	0.154	0.000
N	26	30	29	26	30

EK-19. MCW0330 lokusunda tespit edilen alleller ve frekansları

Allel	Blue	Brown	D-229	Black	Maroon
274	0.482	0.200	0.517	0.000	0.333
278	0.339	0.000	0.300	0.000	0.300
280	0.179	0.168	0.183	0.071	0.133
284	0.000	0.233	0.000	0.375	0.068
286	0.000	0.083	0.000	0.214	0.000
288	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033
290	0.000	0.233	0.000	0.143	0.133
292	0.000	0.083	0.000	0.197	0.000
n	28	30	30	28	30

ÖZGEÇMİŞ

Hüseyin Göktuğ FİDAN

goktugfidan@hotmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2015-2018	Fen Bilimleri Enstitüsü. Zootečni Anabilim Dalı. Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2010-2015	Ziraat Fakültesi. Zootečni Bölümü. Antalya

ESERLER

Ulusal Kongreler

1- **Fidan H.G.**, Aksoy T. Etçi Damızlıkların Erken Dönem Bakım ve Yönetimi. Elazığ. Ulusal Kümes Hayvanları Kongresi. 8 - 11 Ekim 2014. Poster Bildirisi

2- **Fidan H.G.**, Karşlı T. Türkiye'de Tavuklarda Yapılan Moleküler Genetik Çalışmalar. Antalya. 13. Ulusal Zootečni Öğrenci Kongresi. 26-27 Nisan 2018. (Poster Bildirisi - Tamamı Basılmış)

Uluslararası Kongreler

1- Karşlı T., Balcıoğlu M.S., Şahin E., **Fidan H.G.**, Karabağ K., Detection of B-Lactoglobulin Gene Polymorphism of Raised Hairgoats in Antalya Province by Using PCR-RFLP Method. VII International Scientific Agriculture Symposium. 2315-2318. Jahorina. Bosna Hersek. October 06 - 09. 2016. (Sözlü Bildiri - Tamamı Basılmış)

2- Karşlı T., Balcıoğlu M.S., Demir E., **Fidan H.G.**, Aslan M., Karşlı B.A. Determination of polymorphisms on Insulin-like growth factor-I (IGF-I) and Neuropeptide Y (NPY) genes in Denizli chickens by using PCR-RFLP method. 3rd International Agriculture Congress. 14-18 August. 2017. Skopje-Macedonia

3- Balcıoğlu M.S., Karşlı T., Demir E., **Fidan H.G.**, Aslan M., Aktan S., Kamanlı S., Şahin E., Karabağ K. Determination of Polymorphism in the Ovocalyxin-32 (OCX32) Gene in Different Six Brown Layer Lines Using PCR-RFLP Method. 3rd International Agriculture Congress. 14-18 August. 2017. Skopje-Macedonia

Yayınlar

1- Karşlı T., Balcıoğlu M.S., Demir E., **Fidan H.G.**, Aslan M., Aktan S., Kamanlı S., Karabağ K., Şahin E. 2017. Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde Yetiştirilen Yumurtacı Saf Tavuk Hatlarında Yumurta Verimi ile İlişkili IGF-I ve NPY Aday Genlerindeki Polimorfizmlerin Belirlenmesi. Türk Tarım – Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi. 5(9): 1051-1056.

Projeler

- 1- Beş Farklı Beyaz Yumurtacı Saf Tavuk Hattında Genetik Çeşitliliğin Populasyon Yapısının ve Koruma Önceliklerinin Mikrosatellit Markerler İle Değerlendirilmesi. Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Projeleri Koordinasyon Birimi (BAP). Yüksek Lisans Projesi. (Araştırmacı). (Bütçe 15.000 TL)
- 2- Antalya İlinde Yetiştirilen Kıl Keçisi Populasyonlarında Genetik Varyasyonun Mikrosatellit Markerler Kullanılarak Belirlenmesi. Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Projeleri Koordinasyon Birimi (BAP). Normal Araştırma Projesi. (Araştırmacı). (Bütçe 50.000 TL)