

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ
YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI**

Onur VURAL

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

EYLÜL 2023

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ
YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI**

Onur VURAL

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

EYLÜL 2023

ANTALYA

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

**TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ
YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI**

Onur VURAL

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

EYLÜL 2023

ANTALYA

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

**TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ
YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI**

Onur VURAL

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

EYLÜL 2023

ANTALYA

Bu tez 13/09/2023 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Hasan MEYDAN (Danışman)

Doç. Dr. Demir ÖZDEMİR

Doç. Dr. Taki KARSLI

Doç. Dr. Ercüment AKSAKAL

Doç. Dr. Abdullah Nuri ÖZSOY

ÖZET

TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI

Onur VURAL

Doktora Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Hasan MEYDAN

Eylül 2023; 99 sayfa

Artan dünya nüfusuna bağlı olarak çiftlik hayvanları sektörü günümüzde çok büyük bir potansiyele sahip olmasına rağmen, hala istenilen düzeyde bir üretim yapılamamaktadır. Araştırmacılar gıda zincirinde önemli bir yere sahip olan keçi eti tüketiminin daha etkin olabilmesi için büyüme özelliklerine etki eden genler ile ilgili çalışmalar yapmaktadır. *IGF-I*, *GH1*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN* için büyüme özellikleri bakımından üzerinde en çok durulan aday genlerden bazılarıdır.

Bu çalışmada, Antalya’nın Korkuteli ve Elmalı ilçelerinde yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarından toplam 200 keçi materyal olarak kullanılmıştır. Bu keçilerde göğüs çevresi, sağrı yüksekliği, canlı ağırlık, vücut uzunluğu ve cidago yüksekliği ölçümleri yapılmıştır. Keçilerden alınan kanlardan tuz çöktürme yöntemi ile DNA izolasyonu gerçekleştirilmiş ve *GH1*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN* gen bölgeleri PCR ile amplifiye edilmiştir. Bu gen bölgelerindeki SNP’lerin belirlenmesi için DNA dizi analizi gerçekleştirilmiştir. Elde edilen DNA dizilerine göre her bir gen bölgesi için haplotipler, genetik çeşitlilik parametreleri ve bu iki popülasyonun genetik farklılık/benzerlikleri ortaya koyulmuştur. Tespit edilen SNP’ler ile üzerinde durulan fenotipik özellikler arasındaki ilişki Genel Lineer Model kullanılarak belirlenmiştir.

Analizler sonucunda, çalışılan Honamlı ve Kıl keçileri birlikte ele alındığında *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 23, 6, 14, 11 ve 8 haplotip tespit edilmiştir. En yüksek haplotip çeşitliliği ve nükleotit çeşitliliği değerleri sırasıyla 0.986 ± 0.011 ve 0.012 ± 0.001 olarak hesaplanmıştır. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik mesafe ve genetik farklılaşma katsayısı sırasıyla 0.0072-0.0207 ve 0.0008-0.0658 arasında hesaplanmıştır. Her bir gen bölgesi için yapılan AMOVA analizlerinde göre Honamlı ve Kıl keçilerinde görülen genetik farklılığın %93.33-100’ünün popülasyonların içindeki bireylerin birbirlerinden genetik olarak farklı olmasından kaynaklandığı görülmüştür. *GH1*, *IGF-I*, *LEP* ve *POU1F1* genlerindeki bazı SNP’lerin büyüme özellikleri ile ilişkili olduğu tespit edilirken *MSTN* geninde herhangi bir ilişki tespit edilememiştir. Özellikle *LEP*’teki 1084G>A SNP’inin hem Honamlı hem de Kıl keçilerinde günlük canlı ağırlık artışı ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Üzerinde durulan ve büyüme özellikleri ile alakalı olan bu genlerin, keçilerde canlı ağırlık ve et verimi yönünde yapılacak olan ıslah ve seleksiyon çalışmalarında kullanılabileceği ortaya konmuştur.

ANAHTAR KELİMELELER: Honamlı, Kıl, DNA dizi analizi, SNP, büyüme özellikleri

JÜRİ: Doç. Dr. Hasan MEYDAN
Doç. Dr. Demir ÖZDEMİR
Doç. Dr. Taki KARSLI
Doç. Dr. Ercüment AKSAKAL
Doç. Dr. Abdullah Nuri ÖZSOY



ABSTRACT

DEFINITION OF LOCAL HONAMLI AND HAIR GOATS IN TÜRKİYE IN TERMS OF MEAT PRODUCTION ON THE MOLECULAR LEVEL

Onur VURAL

PhD Thesis in Department of Agriculture Biotechnology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Hasan MEYDAN

September 2023; 99 pages

Due to the increasing world population, the livestock sector has significant potential today; however, production levels are still not at the desired level. Researchers have been studied on the genes that affect growth characteristics to make goat meat consumption more efficient in the food chain. *IGF-I*, *GH1*, *POU1F1*, *LEP*, and *MSTN* genes are some of the candidate genes that are highly focused on in terms of growth characteristics.

In this study, a total of 200 goats from Honamlı and Kıl populations reared in Korkuteli and Elmalı region of Antalya were sampled. Measurements of chest circumference, withers height, live weight, body length, and withers height were taken from these goats. DNA isolation was carried out by salting out method from blood samples collected from the goats, and *GH1*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP*, and *MSTN* gene regions were amplified by PCR. DNA sequence analysis were conducted to identify SNPs in these gene regions. Haplotypes, genetic diversity parameters, and the genetic differences/relationships between these two populations were determined based on the obtained DNA sequences of the genes. The association between the identified SNPs and the phenotypic traits of interest was determined by using General Linear Models.

As a result of the analyses, when Honamlı and Kıl goats were considered together, 23, 6, 14, 11, and 8 haplotypes were detected for *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1*, and *MSTN* genes, respectively. The highest haplotype diversity and nucleotide diversity values were calculated as 0.986 ± 0.011 and 0.012 ± 0.001 , respectively. The genetic distance and genetic differentiation coefficient between Honamlı and Kıl goat populations were calculated as 0.0072-0.0207 and 0.0008-0.0658, respectively. According to AMOVA analyses conducted for each gene region, it was observed that 93.33-100% of the genetic differences observed in Honamlı and Kıl goats were due to genetic differences among individuals within populations. While some SNPs in *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, and *POU1F1* genes were found to be associated with growth traits, no association was detected in the *MSTN* gene. Specifically, the 1084G>A SNP in the *LEP* was found to be associated with daily body weight gain in both Honamlı and Kıl goats. These genes that are related to growth traits can be used in breeding and selection programmes aimed at body weight and meat yield in goats.

KEYWORDS: Honamlı, Hair goat, DNA sequencing, SNP, growth traits

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Hasan MEYDAN
Assoc. Prof. Dr. Demir ÖZDEMİR
Assoc. Prof. Dr. Taki KARSLI
Assoc. Prof. Dr. Ercüment AKSAKAL
Assoc. Prof. Dr. Abdullah Nuri ÖZSOY



ÖNSÖZ

Dünyada hayvan genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımına ilişkin artan bilgi ve farkındalık nedeniyle, çiftlik hayvanı türlerinin genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi önemlidir. Ticari olarak önemli özellikleri kontrol eden genlerin ve transkripsiyonu aktif eden proteinlerin tanımlanması, hayvan ıslahında kullanımının önemli bir parçasıdır. DNA dizileme teknolojilerindeki gelişmeler, birçok popülasyondaki hayvan genetik çeşitliliği ve ıslah çalışmaları için büyük önem taşımaktadır.

Doktora eğitim sürecimin her aşamasında bilgisini, hoş görüşünü, gece gündüz fark etmeksizin zamanını benden esirgemeyerek yol gösteren özgür ve düzeyli bir çalışma imkânı sunan değerli danışman hocam Sayın Doç. Dr. Hasan MEYDAN'a en içten dileklerle teşekkürlerimi sunarım.

Tez savunma sınavında jüri üyesi olarak tezime katkı sağlayan değerli hocalarım Doç. Dr. Taki KARSLI'ya, Sayın Doç. Dr. Abdullah Nuri ÖZSOY'a, Sayın Doç. Dr. Demir ÖZDEMİR'e ve Sayın Doç. Dr. Ercüment AKSAKAL'a teşekkür ederim.

"Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi" kapsamında ıslah çalışmaları yapılan Honamlı ve Kıl keçilerinde bu tez çalışmasının yapılmasına dair yasal izinler konusunda yardımcı olan Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü (TAGEM)'ne teşekkür ederim. Ayrıca her türlü konuda yardımlarını esirgemeyen Antalya ili Damızlık Koyun-Keçi Yetiştiricileri Birliği'ne, Başkanına ve tüm personeline, özellikle saha çalışmalarında büyük bir özveri ile çalışan proje teknik personeline ve işletme sahiplerine çok teşekkür ederim.

Çalışmanın farklı aşamalarında yardımlarını esirgemeyen Sayın Arş. Gör. Dr. Mehmet TEKİN'e teşekkürlerimi sunarım.

Özveriyle beni yetiştiren, hayatımın her anında maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen, annem Sıdika VURAL'a, babam Murat VURAL'a, kardeşlerim Dr. Orhun VURAL'a ve Dr. Murathan VURAL'a sonsuz teşekkür ederim. Hayatımın her anında olduğu gibi bu süreçte de yanımda olan en büyük destekçim sevgili hayat arkadaşım Ebrar VURAL'a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	ii
ABSTRACT	iv
AKADEMİK BEYAN	x
ŞİMGELER VE KISALTMALAR	xi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xiii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xiv
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	5
2.1. Keçinin Önemi, Taksonomideki Yeri ve Evcilleştirilmesi	5
2.2. Halk Elinde Islah projesi.....	9
2.3. Türkiye’de Yetiştirilen Önemli Yerli Keçi Irkları	10
2.3.1. Kıl Keçisi.....	11
2.3.2. Honamlı keçisi.....	12
2.4. Keçilerde et verimi	14
2.5. Büyümenin hormonal mekanizması	17
2.6. Büyüme özelliği ile ilgili genler	19
2.6.1. Büyüme hormonu (<i>GH</i>) geni	20
2.6.2. İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü I (<i>IGF-I</i>) Geni.....	22
2.6.3 Leptin (<i>LEP</i>) geni	23
2.6.4. Pit-Oct-Unc 1 homeodomani (<i>POU1F1</i> veya Pit-1) Geni	24
2.6.5. Miyostatin (<i>MSTN</i>) Geni	25
2.7. DNA Dizi Analizi	25
3. MATERYAL VE METOT.....	28
3.1. Hayvan materyali ve örnek sayıları	28
3.2. Araç gereçler ve tampon Çözeltiler	30
3.3. Genomik DNA izolasyonu.....	30
3.4. Gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılması.....	32
3.5. PCR ürünlerinin Elektroforezi	34
3.6. Fenotipik (büyüme özellikleri) verilerinin elde edilmesi.....	35
3.7. Moleküler veri analizi	37
3.7.1. DNA dizilerinin kontrolü.....	37

3.7.2. Genotiplerin belirlenmesi	37
3.7.3. Allel ve genotip frekansları	39
3.7.4. Nükleotit yer deęiřtirme oranları.....	39
3.7.5. Genetik çeřitlilik ve haplotip analizleri	39
3.7.6. Nötralite test sonuçları.....	40
3.7.7. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA).....	40
3.7.8. Genetik uzaklık deęeri.....	40
3.7.9. İkiřerli (pairwise) F_{ST} deęeri	41
3.7.10. Genetik farklılařma katsayısı (G_{ST})	41
3.7.11. Gen akıř (N_m) deęerleri	42
3.8. Genotip-Fenotip iliřkilendirme Analizleri	43
4. BULGULAR VE TARTIřMA	44
4.1. DNA İzolasyonu	44
4.2. Gen bölgelerinin PCR ile çoęaltılması.....	45
4.3. DNA Dizi Analiz Sonuçları	45
4.3.1. <i>GH1</i> dizilerinin kontrolü.....	46
4.3.2. <i>GH1</i> nükleotit yer deęiřtirme oranları.....	48
4.3.3. <i>IGF-I</i> dizilerinin kontrolü	49
4.3.4. <i>IGF-I</i> nükleotit yer deęiřtirme oranları	51
4.3.5. <i>POU1F1</i> dizilerinin kontrolü.....	52
4.3.6. <i>POU1F1</i> nükleotit yer deęiřtirme oranları	54
4.3.7. LEPTİN (<i>LEP</i>) dizilerinin kontrolü.....	55
4.3.8. <i>LEP</i> nükleotit yer deęiřtirme oranları.....	57
4.3.9. <i>MSTN</i> dizilerinin kontrolü	58
4.3.10. <i>MSTN</i> nükleotit yer deęiřtirme oranları	60
4.4. Moleküler Veri Analizleri.....	61
4.4.1. Allel ve genotip frekansları	61
4.4.2. Genetik Çeřitlilik ve Haplotip Analizleri	64
4.4.3. Popölasyonlar arasındaki genetik farklılařma analizleri	69
4.4.4. AMOVA analizleri	71
4.4.5. Fenotipik (büyüme özellikleri) veriler.....	72
4.4.6. <i>GH1</i> , <i>IGF-I</i> , <i>POU</i> , <i>LEP</i> ve <i>MSTN</i> fenotipik özellikler üzerine etkisi.....	72

4.4.6.1. <i>GH1</i> SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi.....	72
4.4.6.2. <i>IGF-I</i> SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi	75
4.4.6.3. <i>LEP</i> SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi	76
4.4.6.4. <i>POU1F1</i> SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi.....	77
4.4.6.5. <i>MSTN</i> SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi	79
5. SONUÇ	81
6. KAYNAKLAR.....	84
8. EKLER	96
9. ÖZGEÇMİŞ	



AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum “TÜRKİYE’DEKİ YERLİ HONAMLI VE KIL KEÇİLERİNİN ET VERİMİ YÖNÜNDEN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI”adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

13/09/2023

Onur VURAL

İmzası

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A : Adenin Nükleotidi

bç : Baz Çifti

C : Sitozin Nükleotiti

°C : Santigrat Derece

G : Guanin Nükleotiti

g : Gram

kb : Kilobaz

M : Molar

mM : Milimolar

μM : Mikromolar

mm : Milimetre

MgCl₂ : Magnezyum Klorür

NaCl : Sodyum Klorür

T : Timin Nükleotiti

V : Volt

μl : Mikro Litre

% : Yüzde

vd : Ve diğerleri

Kısaltmalar

AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	: Deoksi nükleotit trifosfat
EDTA	: Ethylene Daimin Tetra Acetic Acid
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Organizasyonu
GH	: Büyüme Hormonu
Hd	: Haplotip Çeşitliliği
IGF	: İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü
LEP	: Leptin Geni
MSTN	: Miyostatin geni
MAS	: Markıra Dayalı Seleksiyon
NCBI	: National Center for Biotechnology Information
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RFLP	: Restriksiyon fragment uzunluğu polimorfizmi
SDS	: Sodyum Dodesil Sülfat
SNP	: Tek Nükleotit Polimorfizmi
TAGEM	: Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü
TÜBİTAK	: Türkiye Bilimsel ve Teknik Araştırma Kurumu
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu

Bu tezde ondalık ayıraç için nokta (.) kullanılmıştır (örneğin “16.07”).

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Bazı çiftlik hayvanlarının evcilleştirildiği bölgeler ve yaklaşık zamanlar.	1
Şekil 2.1. Keçi ve ağaçlarla keçi çobanının röllyef temsili.....	5
Şekil 2.2. Yabani keçilerin dünya üzerindeki dağılımı.....	8
Şekil 2.3. Evcil keçilerde mtDNA haplogruplarının coğrafi dağılımı	9
Şekil 2.4. Genel yetiştirme ıslah modeli	10
Şekil 2.5. Kıl keçisi dişi ve kıl keçi sürüleri	12
Şekil 2.6. Honamlı teke (erkek) ve Honamlı dişi.....	13
Şekil 2.7. Büyümenin salınımı ve <i>GH/IGF-I</i> etki mekanizması	18
Şekil 2.8. Keçi aday genlerinin et üretimi üzerindeki etkisinin özet şeması	19
Şekil 2.9. Sanger DNA dizileme metodu.....	26
Şekil 2.10. Floresan renk veren bantların izlenmesi ve kapiler jel elektroforezi ile DNA dizisinin okunması.....	26
Şekil 3.1. Keçilerden kan örneği toplama işlemi	28
Şekil 3.2. Elektroforez cihazı.....	34
Şekil 3.3. UV’de görüntülenme cihazı.....	34
Şekil 3.4. Keçilerde vücut ölçülerinin alındığı noktalar	35
Şekil 3.5. Keçilerde vücut ölçümlerinin alınması.....	36
Şekil 3.6. DNA dizi analiz sonuçlarına göre genotiplerin belirlenmesi	37
Şekil 4.1. Tuz çöktürme (salting-out) yöntemi ile Genomik DNA izolasyonu	42
Şekil 4.2. DNA’ların %2’lik agaroz jel elektroforez görüntüsü	42
Şekil 4.3. PCR ürünlerinin %2’ lik agaroz jel görüntüsü	43
Şekil 4.4. GH DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi.....	45
Şekil 4.5. GH’e ait 422 bp’lik DNA dizi analizi sonuçları	45
Şekil 4.6. <i>GH1</i> ’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının hizalanması (alignment).....	46
Şekil 4.7. DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi	48
Şekil 4.8. <i>IGF-I</i> ’e ait 363 bp’lik DNA dizi analizi sonuçları.....	48
Şekil 4.9. <i>IGF-I</i> ’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının hizalanması (alignment).....	49
Şekil 4.10. DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi	51
Şekil 4.11. <i>POU1F1</i> ’e ait 450 bp’lik DNA dizi analizi sonuçları	51
Şekil 4.12. <i>POU1F1</i> ’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının hizalanması (alignment).....	52
Şekil 4.13. DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi	54
Şekil 4.14. <i>LEP</i> ’e ait 412 bp’lik DNA dizi analizi sonuçları.....	54
Şekil 4.15. <i>LEP</i> ’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının hizalanması (alignment)	55
Şekil 4.16. DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi	57
Şekil 4.17. <i>MSTN</i> ’e ait 497 bp’lik DNA dizi analizi sonuçları.....	57
Şekil 4.18. <i>MSTN</i> ’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının hizalanması (alignment).....	58
Şekil 4.19. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarına ait haplotip listesi.. ..	63

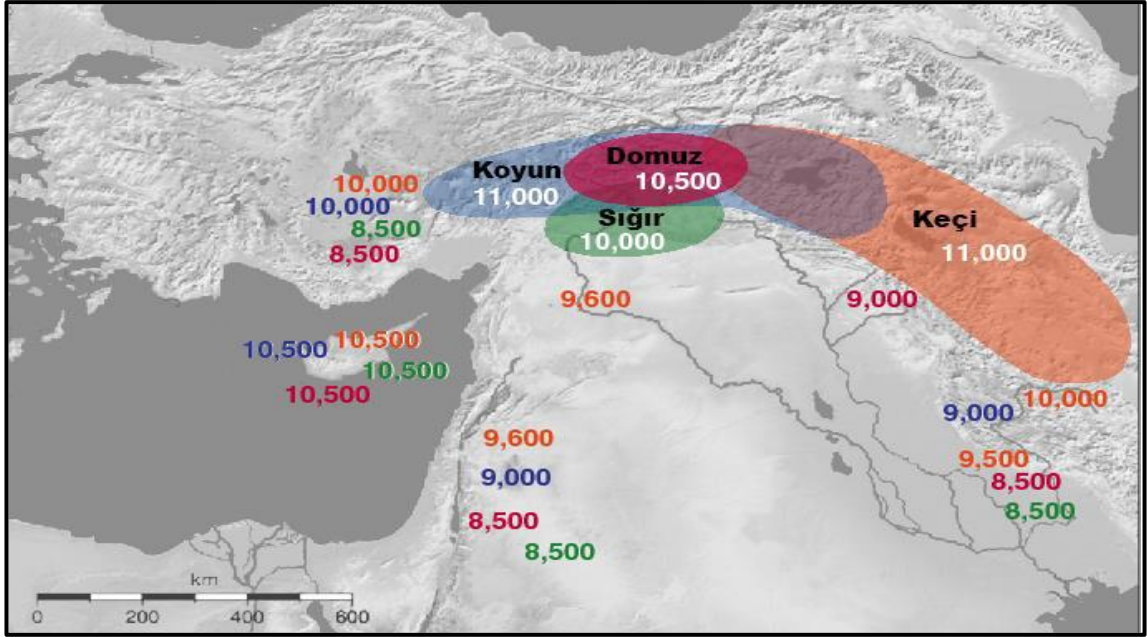
ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Capra cinsi altındaki türlerin taksonomisi ve coğrafi dağılımı.....	6
Çizelge 2.2. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri	12
Çizelge 2.3. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri	14
Çizelge 2.4. Türkiye’de kırmızı et üretimi.....	15
Çizelge 2.5. Keçi eti üretimi için yetiştirme kriterleri ve özellikleri.	17
Çizelge 2.6. Keçilerde ekonomik özelliği ile ilgili bazı önemli aday genler	20
Çizelge 3.1. Çalışılan keçi ırklarına ait bölgeler ve sayıları	27
Çizelge 3.2. Tampon çözeltilerin molarite/miktarı ve içerikleri.....	29
Çizelge 3.3. Çalışılacak olan gen bölgesine ait primer dizileri.....	31
Çizelge 3.4. Genler için PCR Stok Tampon Çözeltisi	31
Çizelge 3.5. Genler için PCR programı	32
Çizelge 4.1. <i>GH1</i> nükleotit yer değiştirme modelinin tahmini.....	48
Çizelge 4.2. <i>IGF-I</i> nükleotit yer değiştirme modelinin tahmini	51
Çizelge 4.3. <i>POU1F1</i> nükleotit yer değiştirme modelinin tahmini	54
Çizelge 4.4. <i>LEP</i> nükleotit yer değiştirme modelinin tahmini.....	57
Çizelge 4.5. <i>MSTN</i> nükleotit yer değiştirme modelinin tahmini	60
Çizelge 4.6. Üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından allel ve genotip frekansları...62	
Çizelge 4.7. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarına ait polimorfizm değerleri	65
Çizelge 4.8. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma değerleri.....	69
Çizelge 4.9. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında AMOVA analizi.....	71
Çizelge 4.10. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında ortalama fenotipik değerler	72
Çizelge 4.11. <i>GH1</i> için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi.....	74
Çizelge 4.12. <i>IGF-I</i> için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi.....	75
Çizelge 4.13. <i>LEP</i> için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi.....	76
Çizelge 4.14. <i>POU1F1</i> için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi.....	78
Çizelge 4.15. <i>MSTN</i> için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi.....	79

1. GİRİŞ

Hayvancılık, insan yaşam döngüsü ve ekosistem dengesinde yadsınamaz bir rol oynamaktadır. Geleneksel ve çağdaş tarımda çiftlik hayvanları; et, süt, deri, yün, post, gübre ve çekme gücü sağlayan değerli bir nimettir. Dahası, geleneksel bir toplumda, bir aile varlığını tasvir eden, sosyal yapının özlü bir parçasıdır ve göçebeler tarafından bir hayatta kalma aracı olarak değerlendirilirler. Dünya çapında, hayvancılık kırsal ekonomilerin iyileştirilmesinde önemli bir etkiye sahiptir. Hayvansal üretimin bir alt dalı olan küçükbaş hayvancılık, bakım, barınma ve beslenme açısından kolaylık sağlaması nedeniyle diğer hayvan türlerinin üretimine göre daha çok tercih edilmektedir.

Hayvancılığın tarihinde, özellikle dört çiftlik hayvanının evcilleştirilmesi ön plana çıkmaktadır: koyun, keçi, domuz ve sığır. Arkeolojik bulgular, bu hayvanların evcilleştirilmesinin yaklaşık 12.000 ila 13.000 yıl önce, yani MÖ 10.000–11.000 döneminde gerçekleştiğini göstermektedir (Zeder 2008). Bu evcilleştirme sürecinin tam olarak nerede başladığı konusunda kesin bir bilgi olmamakla birlikte, genellikle Orta Anadolu'dan kuzeybatı İran'a kadar uzanan ve "Verimli Hilal" olarak adlandırılan bölgede gerçekleştiği düşünülmektedir (Şekil 1.1). Bu bölge, yerleşik tarım ve hayvancılığa geçişin yanı sıra insan uygarlığının gelişiminde de önemli bir role sahip olmuştur. Bu bölgedeki evcilleştirme süreçleri, insanların çevresine ve doğaya hükmetme biçimlerini yeniden şekillendiren ve modern toplumların temellerini atan tarihsel dönüm noktaları olarak kabul edilir.



Şekil 1.1. Bazı çiftlik hayvanlarının evcilleştirildiği bölgeler ve yaklaşık zamanlar. Turuncu renk, keçilerin (*Capra hircus*) evcilleştirildiği bölgeleri, turuncu rakamlar ise keçilerin o bölgede ilk defa görüldüğü zamanı (MÖ) göstermektedir (Zeder 2008).

Arkeolojik ve genetik verilere dayanarak, keçilerin evcilleştirilme sürecinin MÖ 11.000 yılı civarında Verimli Hilal'in Orta Anadolu ile Zagros Dağları'nın kuzeyi gibi

alanları kapsayan bir bölgede başladığı düşünülmektedir. Bu coğrafi bölge günümüzde Türkiye, İran, Suriye, Filistin, Ürdün ve Irak'ı kapsamaktadır (Zeder 2008). Bu bölgelerin keçi popülasyonları, genetik çeşitlilik açısından Asya, Afrika ve Avrupa'daki diğer keçi popülasyonlarına kıyasla daha yüksek bir genetik çeşitlilik göstermektedir. Bu çeşitlilik mikrosatellit, SNP, mtDNA ve çekirdek DNA çalışmalarıyla belgelenmiştir. Bu genetik çeşitliliğin yüksek olması, söz konusu bölgelerin evcil hayvanların ilk evcilleştirilme merkezlerine yakın olması veya bu merkezleri içermesiyle ilişkilendirilmektedir (Naderi vd. 2007). Ayrıca, bu bölgede yaygın olan göçebe Bedevi hayvancılığı, bu ülkelerin keçi popülasyonları arasında genetik materyalin geniş çaplı bir şekilde alışverişini sağlamış olabilir. Diğer bir önemli gen akışı faktörü ise, Müslümanların Hac ibadeti sırasında her yıl kurban olarak sunulan ve bu sebeple genellikle Suudi Arabistan dışından getirilen küçükbaş hayvanlardır. Bu durum, hayvanların genetik dağılımının, insan hareketleri ve ticaretin bir sonucu olarak şekillendiğini destekleyen mevcut çalışmalarla uyumludur.

Keçiler (*Capra hircus*) dünya çapında et ve süt sağlayan ekonomik açıdan önemli bir canlı hayvan türüdür. Düşük ve orta gelirli ülkelerde sürdürülebilir tarımın önemli bir parçasıdır. Dayanıklılıkları ve zorlu ortamlara mükemmel uyum sağlama yetenekleri nedeniyle, keçiler çoğunlukla dünyanın tropikal ve subtropikal bölgelerinde geniş bir mera rejimi altında yetiştirilir ve genellikle küçük çiftçiler için önemli bir geçim aracıdır. Keçi üretimi, kırsal kesimde yaşayanların ve pastoral sistemlerin çoğunun ekonomik faaliyetlerinin büyük bir bölümünü oluşturur. Halkın ekonomik güvenliğini sağlar. İnsan kullanımı için iyi bir süt, et, deri ve kıl kaynağıdır. Keçiler, çiftlik atıklarını verimli bir şekilde kullanır, kısa bir gebelik süresine sahiptir ve yüksek üreme ve hastalık direncine sahiptir. Ayrıca sürdürülebilir mera kullanımına katkıda bulunmaları, her türlü zor koşulda verimliliklerini devam ettirebilmeleri, selülozu yüksek düzeyde sindirebilmeleri, yem kaynaklarından yararlanma oranlarının yüksek olması özellikleri ile gelecekte çiftlik hayvan yetiştiriciliğinde önemli türlerden birisi olarak dikkat çekmektedir.

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) tarafından 2021 yılında yayınlanan verilere göre, dünya genelinde yaklaşık bir milyar keçi yaşamaktadır. En yoğun keçi popülasyonuna sahip beş ülke; Hindistan (%13.6), Çin (%12.5), Nijerya (%7.5), Pakistan (%5.6) ve Bangladeş (%6.5) olarak belirlenmiştir. Bu veriler, dünya genelinde keçi yetiştiriciliğinin geniş çaplı bir yaygınlığa sahip olduğunu ortaya koymaktadır. 12 milyonu aşkın keçi varlığı ile Türkiye, Avrupa'nın keçi popülasyonunun yaklaşık %47'sini temsil etmektedir. Bu istatistik, Türkiye'yi Avrupa ülkeleri arasında keçi popülasyonu bakımından birinci sıraya yerleştirmektedir. Türkiye, toplam keçi varlığına katkısı bakımından dünyada ilk 20 ülke arasında yer almaktadır (FAO 2021).

Türkiye'de yetiştirilen yerli keçilerin çoğunluğu, Kıl Keçisi, Ankara, Kilis ve Honamlı ırklarından oluşmaktadır. Türkiye, canlı hayvan popülasyonu ve hayvan genetik kaynak çeşitliliği bakımından, Avrupa'nın önde gelen ülkeleri arasında önemli bir konumdadır (Yılmaz vd. 2012; Şen vd. 2020). Türkiye'nin bu zengin biyoçeşitliliği, ülkenin hayvancılık sektörü için önemli bir avantaj sağlamaktadır. Keçi yetiştiriciliği hem dünya genelinde hem de Türkiye özelinde, önemli bir tarımsal faaliyet olarak karşımıza çıkmaktadır. Özellikle Türkiye'nin keçi varlığı ve genetik çeşitliliği, ülkenin hayvancılık sektörüne ve global tarım ekonomisine önemli katkılarda bulunma potansiyelini taşımaktadır.

Türkiye’de yerli gen kaynaklarımızın önemi ve korunması ile ilgili son yirmi yılda çok sayıda çalışmalar yapılmakta ve desteklenmektedir. Bu kapsamda TÜBİTAK tarafından hazırlanan vizyon 2023 Teknoloji öngörü çalışma raporunda “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” olarak belirtilmiştir. Ayrıca Tarım ve Orman Bakanlığı tarafından 21.11.2019 tarihinde yayınlamış olan, III. Tarım Şûrası sonuç bildirgesinin 14. maddesinde “Kırmızı et sektöründe küçükbaş hayvan eti tüketiminin özendirilmesi ve pazar payının artırılması” ve 15. maddesinde “Küçük ve büyükbaş hayvancılıkta halk elinde ıslah ve benzeri projelerle yerli ırklarımızın muhafaza ve ıslahına yönelik çalışmaların artırılması” ibareleri yer almaktadır. Ayrıca Tarım ve Orman Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü (TAGEM) koordinatörlüğünde yürütülen "Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi " ülkemizin yerli koyun ve keçilerini doğal ortamlarında korumak ve verimlerini artırmak amacıyla uygulanan, ulusal hayvan ıslahı ARGE çalışmasıdır. TAGEM koordinatörlüğünde yürütülen “Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi”, 2005 yılında başlamış olup bugün itibarıyla 60 ilde 21 koyun ırkı ile 6 keçi ırkında, toplam 1 milyon 121 bin baş küçükbaş hayvan materyalinde uygulanmaktadır. Devam eden 178 ıslah projesinin 139’u koyun, 39’u ise keçilerde yürütülmekte olup Honamlı ve Kıl keçileri de bu projeler kapsamında halk elinde ıslah edilmektedir.

Artan dünya nüfusu ve gelir düzeyine bağlı olarak çiftlik hayvanları sektörü günümüzde çok büyük bir potansiyele sahip olmasına rağmen, hala istenilen ve gereken düzeyde bir üretim sergilenmemektedir. Araştırmacılar insan gıda zincirinde önemli bir yere sahip olarak gördükleri keçi eti tüketiminin daha etkin olabilmesi, hastalıklara dirençliliğin artırılarak ürün kayıplarının minimuma indirgenmesi, döl veriminin artırılması gibi amaçlar için bilimin sunduğu imkânlardan yararlanarak çeşitli yöntemlere başvurmaktadırlar. Farklı ırkların ya da ırkı oluşturan alt gruplardaki varyetelerin sahip olduğu kimi gen ya da gen kombinasyonları popülasyonların yetiştirildiği coğrafyada uzun yıllarda oluşmuş genetik kazanımlardır. Sürdürülebilir tarımın sağlanması için hayvan gen kaynakları ve bunlardaki genetik çeşitlilik vazgeçilmez unsurlardır. Özellikle canlı ağırlık ve et verimi gibi ekonomik değeri yüksek özellikler ile ilişkili olan aday genlerin belirlenmesi, bu genlerdeki varyasyonun korunması ve seleksiyon yöntemleriyle geliştirilmesi ülke hayvancılığı ve ekonomisi için bir zorunluluktur (Abdel-Aziem vd. 2018).

Keçi evcilleştirilmesi binlerce yıl öncesine dayanan bir süreç olup, günümüzde 576 farklı evcil keçi ırkı bulunmaktadır (Gootwine 2020). Bu çeşitlilik, keçi yetiştiriciliği için büyük bir kaynak oluştururken, aynı zamanda genetik çeşitliliğin korunması ve sürdürülebilirliği açısından da büyük bir öneme sahiptir. Keçi ırklarının korunması ve geliştirilmesi, ekonomik ve çevresel açıdan faydalar sağlamakta ve insanların geçim kaynaklarını desteklemektedir. Keçi ırklarının korunması ve geliştirilmesi için çeşitli stratejiler kullanılmaktadır. Bunlar arasında genetik kaynakların belirlenmesi, ırkların kaynak popülasyonlarının korunması, ırklar arası melezleme programları ve yetiştiricilere yönelik eğitim ve bilgilendirme faaliyetleri yer almaktadır. Bu stratejiler, keçi ırklarının genetik çeşitliliğini korumayı ve yetiştiricilerin ihtiyaçlarına cevap verecek şekilde ırkların geliştirilmesini sağlamayı amaçlamaktadır.

Keçi yetiştiriciliğinde et üretiminin artırılması için seleksiyon yoluyla genetik iyileştirme oldukça önemlidir. DNA belirteçleri, özellikle tek nükleotid polimorfizmleri (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), genotipik varyantlar olarak kolayca tanımlanabildikleri için keçilerin genetik ıslahında önemli bir rol oynamaktadır. SNP'ler, genomun farklı bölgelerindeki tek baz değişiklikleridir ve genetik çeşitlilik üzerinde belirgin etkilere sahiptirler. Bu nedenle, keçi yetiştiriciliğinde DNA polimorfizm çalışmaları, genetik ıslah programlarının etkinliğini artırmak için bilgi sağlar. İdeal olarak, belirli bir özellik için istenen genotipi sahip olan hayvanlar seleksiyon edilerek gelecek nesillere aktarılır. Bu şekilde, arzu edilen özelliklere sahip keçi popülasyonları oluşturulabilir ve et verimliliği, et kalitesi ve diğer ekonomik açılardan avantajlı genotipler elde edilebilir.

Ticari olarak önemli özellikleri kontrol eden genlerin ve transkripsiyonu aktif eden proteinlerin tanımlanması, hayvan ıslahında genomik kullanımının önemli bir parçasıdır. DNA dizileme teknolojilerindeki gelişmeler, birçok popülasyondaki hayvan genetik çeşitliliği ve seleksiyon analizlerinde devrim niteliği taşımaktadır. Canlı hayvan türlerinde bulunabilirliği, kesinliği ve maliyet etkinliği nedeniyle SNP genotipleme, genetik çeşitliliği analiz etmek için en iyi yaklaşımlardan biridir (Andersson ve Georges 2004). Mikrosatellitler, SNP çipleri, genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), dizileme ve diğer ilgili teknolojiler, çeşitli nedenlerle artık neredeyse tüm önemli hayvan türlerinde düzenli olarak kullanılmaktadır. Yeni nesil dizileme (NGS) teknolojilerindeki hızlı ilerleme nedeniyle, çeşitli hayvan türleri için yüksek yoğunluklu SNP dizileri keşfedilmiştir. Genomik seleksiyon, tüm genomu kapsayan işaretleyici alellere ilişkin genotipleme verilerinden elde edilen bilgilerin seleksiyonda temel kriter olarak kullanıldığı özel bir markıra dayalı seleksiyon (MAS, Marker Assisted Selection) biçimidir. Bu kapsamda etkili bir seleksiyon için genomik ve fenotipik bilgileri birleştirerek seleksiyon yapmak, çiftlik hayvanlarında daha hızlı genetik ilerlemeye yol açmaktadır (Panigrahi vd. 2022).

Literatür taramamıza göre, Türkiye'de yetiştiriciliği en fazla yapılan Kıl ve Honamlı keçi ırklarında et verimi ve büyüme özellikleri ile alakalı genlerin dizilenmesine, bu genler bakımından popülasyonların tanımlanmasına, polimorfizmlerin belirlenmesine ve elde edilen polimorfizmlerin büyüme özellikleri ile ilişkisinin ortaya konmasına yönelik yapılmış bilimsel bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Yürütülen bu doktora tezi çalışması kapsamında,

1- Honamlı ve Kıl keçi ırklarının fenotipik özellikleri (göğüs çevresi, sağrı yüksekliği, canlı ağırlık, vücut uzunluğu ve cidago yüksekliği) belirlenmiş,

2- Honamlı ve Kıl keçi ırklarında büyüme özellikleri ile alakalı genlerdeki (*GH1*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN*) polimorfizmler (SNP'ler) tespit edilmiş,

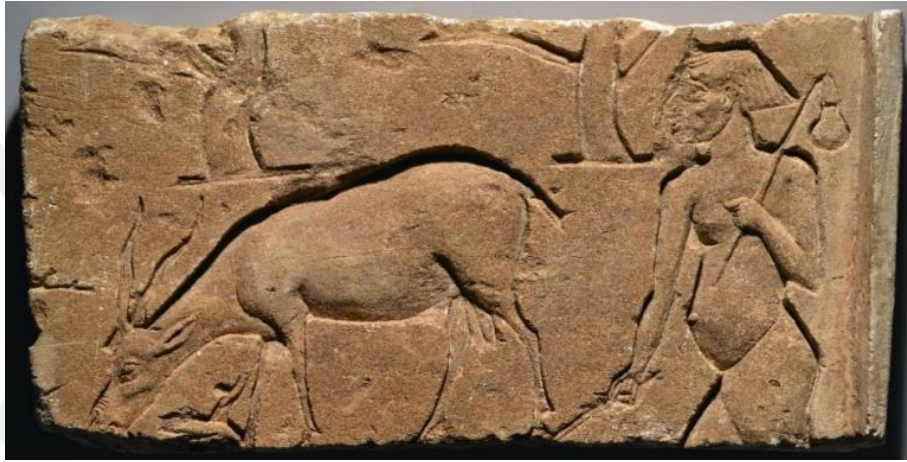
3- Üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarda genetik çeşitlilik analizleri yapılmış ve

3- Elde edilen SNP'lerin fenotopik veriler ile arasında ilişki analizleri yapılmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Keçinin Önemi, Taksonomideki Yeri ve Evcilleştirilmesi

Altmış ($2n=60$) kromozoma sahip olan keçi (*Capra hircus*), Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) tarafından "beş büyük" besi hayvanı türü arasında tanımlanmıştır (FAO 2021). Keçilerin, Neolitik devirde yaklaşık 11.000 yıl önce evcilleştirildiği düşünülmektedir (Şekil 2.1). Şimdiye kadar elde edilen arkeolojik bulgulara göre, "Verimli Hilal" bölgesinin keçi evcilleştirme merkezlerinden birisi olduğunu göstermektedir. Verimli Hilal, Orta Doğu ve Akdeniz havzasının ilk yerleşik tarım topluluklarının ortaya çıktığı ve Anadolu yarımadasından bugünkü İran'ın doğu topraklarına kadar uzanan bir alanı kapsadığı düşünülen bir bölgedir (Zeder ve Hesse, 2000).



Şekil 2.1. Keçi ve çobanının rölyef temsili. Yeni Krallık, Amarna dönemi, 18. Hanedan, MÖ 1350–1333, Brooklyn Müzesi, New York, ABD

Keçiler eski çağlardan itibaren insan toplulukları için ekonomik ve kültürel amaçlarla kullanılmaktadır. Küçükbaş hayvan türüne ait olan keçinin eti, sütü, kılı ve derisinin kullanılabilmesi sebepleriyle önemli bir çiftlik hayvanıdır. Keçinin taksonomik sınıflandırması aşağıda belirtilmiştir (Linnaeus 1758):

Alem	: Animalia	(Hayvanlar)
Şube	: Chordata	(Kordalılar, Sırt İplikliler)
Alt Şube	: Vertebrata	(Omurgalılar)
Sınıf	: Mammalia	(Memeliler)
Alt Sınıf	: Placentalia	(Yavru Zarlılar)
Takım	: Ungulata	(Tırnaklılar)
Alt Takım	: Artiodactyla (Paridigatata)	(Çift Tırnaklılar)
Grup	: Ruminantia	(Geviş Getirenler)
Familiya	: Bovinae	(İçi boş boynuzlular)
Alt Familiya	: Caprinae	(Keçiler)
Cins	: <i>Capra</i>	(Yabani ve Evcil Keçiler)
Türler	: <i>Capra hircus</i>	(Evcil Keçi)

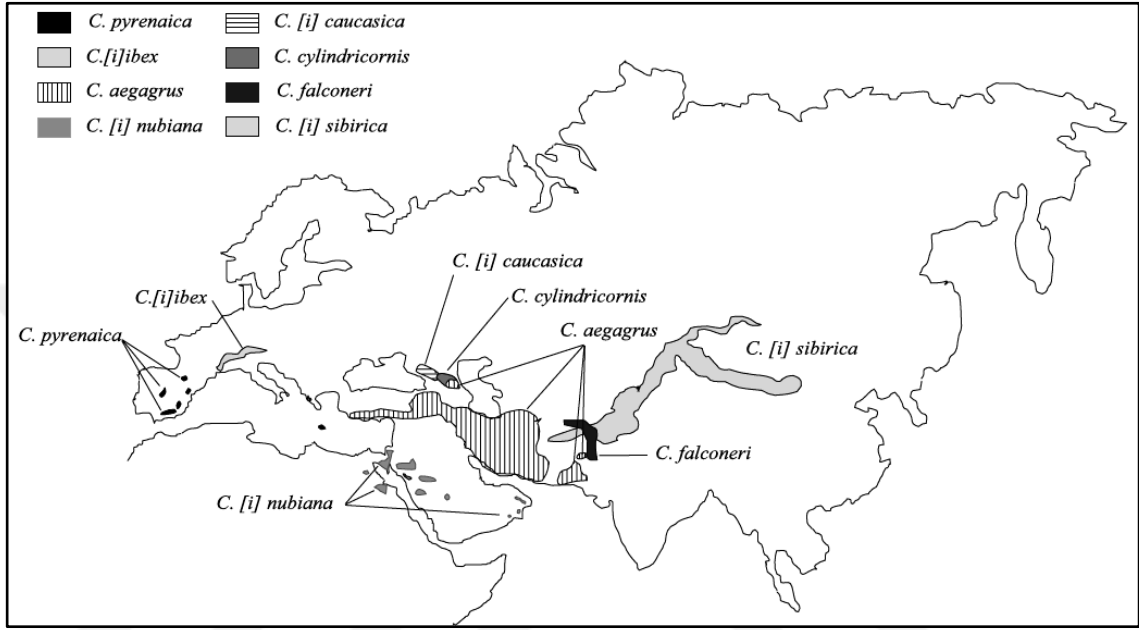
Dünya Doğa ve Doğal Kaynakları Koruma Birliği (International Union for Conservation of Nature, IUCN), *Capra* cinsinin taksonomisi ve coğrafi dağılımıyla ilgili olarak morfolojik karakterlere dayalı bir sınıflandırma yapmıştır. *Capra*'ya ait yabani türlerin sınıflandırılmasında, boynuz morfolojisi, yüz özellikleri ve kürk renkleri gibi morfolojik karakterler kullanılmıştır (Shackleton 1997; Pidancier vd. 2006). Çizelge 2.1'de ayrıntılı bir şekilde göülen bu sınıflandırma, *Capra* içinde bulunan yabani keçi türleri, bu türlerin coğrafi dağılımları ve dağılım desenleri hakkında önemli bir kaynak sunmaktadır.

Çizelge 2.1. *Capra* cinsi altındaki türlerin taksonomisi ve coğrafi dağılımı (Shackleton, 1997)

Türler	Yaygın İsmi	Coğrafi bölge
<i>Capra aegagrus</i>	Bezoar veya Yaban keçisi	Afganistan, Ermenistan, Azerbaycan (Nahçıvan), Lübnan (yok olmuş), Rusya (Doğu Kafkasya), Türkiye, Gürcistan, İran
<i>Capra caucasica</i>	Batı Kafkas Tur'u veya Kuban	Gürcistan, Rusya (Batı Kafkasya)
<i>Capra falconeri</i>	Markhor	Hindistan, Pakistan
<i>Capra ibex</i>	Alpine ibex	Avusturya, Fransa, Almanya, İtalya, İsviçre
<i>Capra nubiana</i>	Nubian dağ keçisi	Mısır, Etiyopya, İsrail, Ürdün, Lübnan (yok olmuş), Umman Suudi Arabistan, Sudan, Suriye (yok olmuş), Yemen
<i>Capra pyrenaica</i>	İspanya dağ keçisi	İspanya
<i>Capra sibirica</i>	Asya veya Sibirya dağ keçisi	Afganistan, Çin, Hindistan, Kazakistan, Tacikistan Kırgızistan, Moğolistan, Pakistan, Rusya (Altay, Sayan ve Tuva)
<i>Capra walie</i>	Walia dağ keçisi	Etiyopya

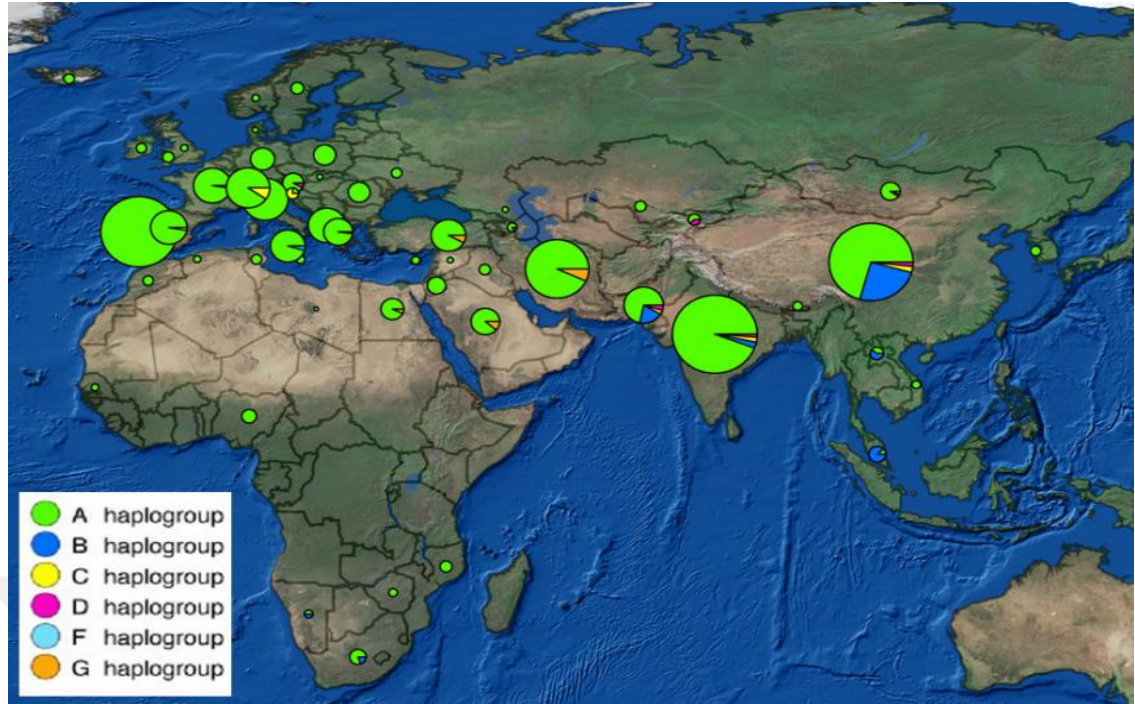
Koyun yetiştiriciliğinin yanı sıra keçi yetiştiriciliğinin ilk hayvansal üretim alanlarından biri olduğu düşünülmektedir. Şekil 2.2'de görüldüğü gibi evcil keçinin Verimli Hilal'de yaklaşık 11000 yıl önce evçilleştirilmeye başlandığını görülmektedir

(Zeder 2008; Luikard vd. 2001). Bazı araştırmalara göre evcil keçilerin (*Capra hircus*) kökeni üç temel yabani keçileye dayanmakta olup bunların *C. aegagrus*, *C. falconeri* ve *C. prisca* olduğu belirtilmektedir (Yarkın 1965). Diğer araştırmalara göre ise evcil keçinin beş yabani keçi türünden köken aldığı gösterilmiştir. Bu beş yabani keçi türleri *C. ibex*, *C. prisca*, *C. caucasica*, *C. aegagrus* (Bezoar) ve *C. falconeri* (Markhor)'dur (Batu 1951). Aşağıdaki Şekil 2.2.'de zoolojik sınıflandırma ile *Capra* cinsine ait yabani keçilerin dünya üzerindeki dağılımı gösterilmiştir.



Şekil 2.2. Yabani keçilerin dünya üzerindeki dağılımı (Pidancier vd. 2006)

Buna ek olarak evcil keçilerin genetik yapısını araştıran en önemli çalışmalardan bir tanesi Luikart vd. (2001) tarafından yapılmış olup dünyanın farklı bölgelerinde (Avrupa, Asya, Afrika, Ortadoğu ve Yakındoğu) yetiştiriciliği yapılan 88 keçi ırkından toplam 406 evcil ve 14 yabani keçi materyal olarak kullanılmıştır. Bu çalışma sonucunda elde edilen veriler, keçilerde evcilleştirme süreci ve ırkların ortaya çıkışına dair önemli bilgiler sunmuştur. Ayrıca yapılan mtDNA dizi analizlerine göre keçilerde 6 farklı haplogrup (A, B, C, D, F ve G) olduğu ve en yaygın haplogrubun A olduğu ortaya konulmuştur (Luikart vd. 2001) (Şekil 2.3.).



Şekil 2.3. Evcil keçilerde mtDNA haplogruplarının coğrafi dağılımı

Dünyanın birçok bölgesinde yetiştirilen keçilerin Mitokondriyal DNA (mtDNA) D-loop bölgesine dayalı olarak yapılan filogenetik analizlere göre, evcil keçilerin karmaşık bir evcilleştirme sürecinden geçtiği ortaya koyulmuştur. Araştırmalar, keçinin bezoar (*Capra aegagrus*), markhor (*Capra falconeri*), İber dağ keçisi (*Capra pyrenaica*) ve Alp dağ keçisi (*Capra ibex*) olmak üzere dört yabani türden evrimleştiğini göstermektedir (Pidancier vd. 2006). Bu evrimsel model, keçinin fenotipik çeşitliliğini ve çeşitli ortamlara yüksek adaptasyon kabiliyetini desteklemektedir. Yıllar içinde doğal seleksiyonun ve yapılan melezlemelerin etkisiyle, keçi türlerinde büyük bir genetik çeşitlilik ortaya çıkmıştır. Günümüzde dünya genelinde 576 farklı evcil keçi ırkı bulunmaktadır (Gootwine 2020). Bu ırklar, farklı coğrafyalarda ve iklim koşullarında yaşayan insanların ihtiyaçlarına cevap vermek üzere evcilleştirilmiş ve geliştirilmiştir. Bu çeşitlilik, keçi yetiştiriciliği için verimli bir kaynak oluştururken, aynı zamanda doğal kaynakların korunması ve sürdürülebilirliği açısından da büyük bir öneme sahiptir. Bu nedenle, keçi ırklarının korunması ve geliştirilmesi ekonomik ve çevresel açıdan büyük bir öneme sahiptir (Zeder 2008).

Keçi yetiştiriciliği, birçok insan topluluğu için hayati bir geçim kaynağı olmuştur. Evcilleştirilmiş keçiler genellikle dünya çapında et, süt, yağ, deri, post, lif veya kaşmir üretiminde kullanılmaktadır (Bertolini vd. 2018). Ayrıca keçi yetiştiriciliği, kırsal bölgelerde gelirin artırılmasına ve gıda güvenliğinin sağlanmasına katkıda bulunmaktadır. Keçi ırklarının sürdürülebilir bir şekilde yönetilmesi, genetik çeşitliliğin korunması ve sağlıklı bir popülasyonun devam ettirilmesi açısından önemlidir. Keçiler, zorlu iklim koşullarında bile hayatta kalma ve üreme kabiliyetleri sayesinde çok sayıda avantaja sahiptirler. Artan iklim değişiklikleriyle, keçi yetiştiriciliği önemli bir rol oynamaktadır. Bu durum, sadece keçilerin üretkenliğini sürdürme kapasitesi nedeniyle

değil, aynı zamanda diğer hayvanlara kıyasla daha düşük metan emisyonları ile iklim üzerinde daha az etkisi olmasından dolayıdır. Bu yüzden, keçi yetiştiriciliği iklim değişikliklerine karşı sadece dayanıklı bir hayvancılık seçeneği olarak değil, aynı zamanda çevreye daha az zararlı bir seçenek olarak ön plana çıkmaktadır (Darcan vd. 2018).

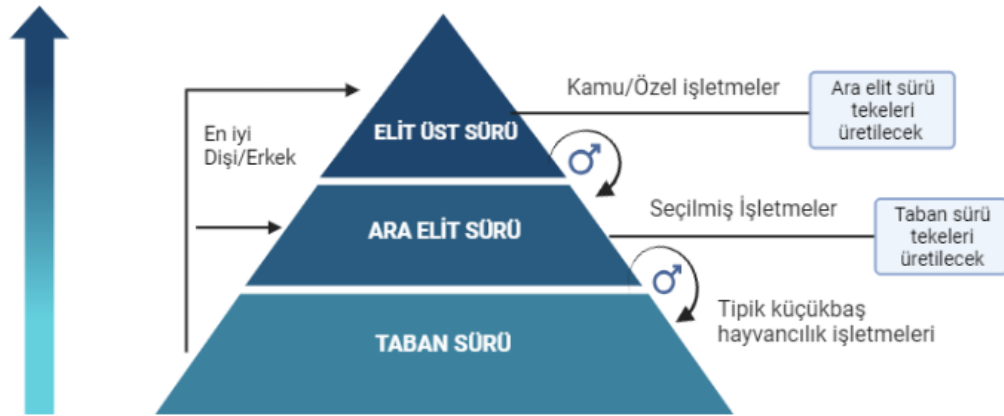
Keçi, dünya genelinde birçok ülkede yetiştirilmekte olan önemli bir hayvandır. Bu hayvan, et, süt ve lif üretimi için özel olarak yetiştirilen farklı ırklarıyla bilinmektedir. Keçi ırkları, özellikle Boer ve Landrace gibi ırklar, yüksek ve kaliteli et üretmek için damızlık olarak kullanılırken, Alpine ve Saanen gibi ırklar ise süt üretimi için damızlık olarak kullanılmaktadır. Bunun yanı sıra, Cashmere ve Ankara gibi ırklar ise yüksek kaliteli lif üretimi için tercih edilmektedir. Birçok ülkede keçi ırkları, bu üretim özellikleri dikkate alınarak seleksiyona tabi tutulmuştur. Bu sayede keçi yetiştiriciliği sektörü, farklı ihtiyaçlara yanıt verebilecek geniş bir yelpaze oluşturmuştur (Bertolini vd. 2018).

2.2. Halk Elinde Islah projesi

Tarım ve Orman Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü (TAGEM) koordinatörlüğünde yürütülen "Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi" (HEKIP) ülkemizin yerli koyun ve keçilerini korumak ve verimlerini artırmak amacıyla uygulanan bir projedir.

"Halk Elinde Küçükbaş Islah Projesi", hem yerel çiftçilere hem de genel ekonomiye önemli faydalar sağlamaktadır. Bu proje, Türkiye'nin yerli koyun ve keçi ırklarının verimliliklerini artırmayı amaçlamaktadır. Bu, et, süt ve kıl-tiftik üretiminin yanı sıra döl verimini de içerir. Proje ayrıca küçükbaş hayvancılıkta nitelikli damızlık hayvanların tedariki konusunda bir çözüm sunmayı ve damızlık işletmelerin oluşturulmasını hedeflemektedir. Projenin eğitim ve bilinçlendirme yönleri bulunmaktadır. Bu kapsamda, çiftçi ve hayvancılık kooperatiflerine hayvan ıslahı uygulamaları ve etkin organizasyon yöntemleri öğretilmektedir. Bu sayede çiftçilerin ve hayvancılık işletmelerinin ekonomik durumları iyileştirilmekte ve bu da genel olarak ülke ekonomisine pozitif katkı sağlamaktadır. Proje, yetiştiricilere finansal destek sağlar ve bu destekler doğrultusunda yetiştiriciler, projenin aktif birer parçası haline gelirler. Yetiştiriciler, veri toplama ve ıslah uygulamalarına doğrudan katılımlarıyla projeye değer katarlar. Proje aynı zamanda biyolojik çeşitliliğin korunmasına ve yerel hayvan ırklarının sürdürülebilirliğine de katkıda bulunur.

Proje kapsamında, her bir hayvan ırkı için özel bir yetiştirme sistemi planlanmıştır. Bu sistem, elit üst sürü (çekirdek), ara elit sürü ve taban sürülerden oluşmaktadır. Bu, her bir ırkın farklı genetik ve fiziksel özelliklerine göre özelleştirilmiş bir ıslah yaklaşımıdır. Bu yaklaşımla, proje bugüne kadar belirli ırklarda taban sürü, ara elit sürülerin ve elit sürülerin oluşumlarını başarıyla gerçekleştirmiştir. Bu, projenin genel hedeflerine ulaşmada önemli bir adım olmuştur (Şekil 2.4.).



Şekil 2.4. Genel yetiştirme ıslah modeli (Anonim 2018)

"Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi", Cumhuriyet tarihinin en kapsamlı ıslah çalışmasıdır. Hayvan yetiştiriciliğinde yapılan ıslah çalışmalarının uzun soluklu ve kesintiye uğramadan uzun yıllar devam etmesi elzemdir ki günümüze kadar ıslah projeleri anlamında belli bir ivme kazanılmıştır. Bunun da hem projenin yürütüldüğü illerin hem de ülkenin tarımsal faaliyetlerine önemli katkı sağlamakta olduğu aşikardır. Proje sayesinde; birçok paydaş bir araya gelerek yapılan uygulamalar ile doğrudan sahaya olumlu bir etki sağlanmaktadır. Bu sayede, ülkemizde yerli hayvanlara dayalı damızlıkçı işletmeler ve verim kaydı tutulan işletmelerden söz edilebilir noktaya gelinmiştir.

"Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi" kapsamında Antalya ilinde 3 adet keçi alt projesi bulunmakta olup bunlardan 2 tanesi Honamlı ve 1 tanesi de Kıl keçisi projesidir. Bu projelerin temel amacı; Antalya ilinde halk elinde yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçilerinin canlı ağırlık yönünde ıslah edilmesi, saf olarak korunması, yerli keçilerimizin et, süt ve döl verimlerinin artırılması, Küçükbaş hayvancılıkta nitelikli damızlık ihtiyacının karşılanması, damızlıkçı işletmelerin kurulması, Birlik ve yetiştiricilere hayvan ıslahı uygulamalarının ve organizasyonun öğretilmesi ve yetiştiricilerinin ekonomik seviyelerinin yükseltilerek ülke ekonomisine artı değer sağlanmasıdır. Ayrıca Antalya'nın farklı ilçelerinde yetiştirilen keçilerin yetiştirici elinde saf olarak korunması ve bölgedeki keçi yetiştiricilerinin damızlık değeri yüksek hayvanlara kolaylıkla ulaşması da projenin amaçları arasındadır.

2.3. Türkiye’de Yetiştirilen Önemli Yerli Keçi Irkları

Kıl Keçisi, ülkedeki en yaygın keçi ırkı olarak bilinir ve dayanıklılığı, iklim ve beslenme şartlarına uyumu ile süt ve et verimliliği nedeniyle birçok bölgede yetiştirilir. Ankara Keçisi (Angora), Kilis Keçisi, Honamlı ve Norduz keçi ırkları ise daha özelleşmiş ırklar olup, genellikle belirli coğrafi bölgelerde veya belirli yetiştiricilik sistemlerinde bulunurlar. Bu nedenle, genel keçi popülasyonuna oranla daha düşük bir yüzdeye sahip olmaları muhtemeldir (Resmî gazete 2002; TAGEM 2009; Ağaoğlu ve Ertuğrul 2012). Ülkemizde keçi yetiştiriciliğinin en yoğun bir şekilde yapıldığı bölge Akdeniz Bölgesi'dir. Bu bölgeyi sırasıyla Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu Bölgesi takip

eder. Keçi varlığımızın yaklaşık %30'u Akdeniz Bölgesi'nde yetiştirilir ve en önemli iller Mersin ve Antalya'dır.

Yerli keçi ırkları, kaynakları kısıtlı tarım sistemleri altında yetiştirilen önemli genetik kaynaklar olarak kabul edilirler. Bu keçiler, üretkenliklerinin artırılması potansiyeline sahiptir ve gıda güvenliği ve ulusun refahının artırılmasına yardımcı olabilir. Yerli keçiler, mevcut iklim ve çevresel koşullara uyum sağlama avantajına sahip olsalar da kültür (ticari) ırklarına göre daha düşük verim seviyesine sahiptirler. Bu nedenle, yerli keçilerin verimliliklerinin artırılması için kolay uygulanabilir seleksiyon programlarına ihtiyaç vardır. Bu programlar, yerli keçilerin genetik potansiyelini artırarak, ülkedeki keçi yetiştiriciliğinde önemli bir rol oynayabilirler. Keçi yetiştiriciliği, Türkiye'de geleneksel bir faaliyettir ve yerli keçi ırklarının korunması ve geliştirilmesi, sadece ülkenin kültürel mirasına katkı sağlamakla kalmaz, aynı zamanda tarım sektörünün sürdürülebilirliğine de katkı sağlar.

Hayvansal ürünlere olan talep, dünya nüfusunun ve günlük beslenme gereksinimlerinin artmasıyla doğru orantılı olarak artmaktadır. Bu nedenle, artan gereksinimleri karşılayabilmek için hayvansal ürünlerin miktarının ve kalitesinin artırılmasına yönelik ıslah ve seleksiyon programları uygulanmaktadır. Bu programlar, var olan genetik çeşitliliği koruyacak şekilde planlanmalıdır. Aksi takdirde var olan genetik çeşitliliğin azalmasına ve hatta yok olmasına neden olma ihtimali yüksektir. Halihazırda sahip olduğumuz ırkların düşük performansını iyileştirmeyi amaçlayan ıslah çalışmaları veya hibrit ırkların kullanımının yaygınlaşması nedeniyle yerli gen kaynaklarının yok olma tehdidi giderek daha önemli hale gelmektedir. Bu durum, yerli keçi ırklarının çok değerli genotipik yapıya sahip olduğu gerçeğini değiştirmez. Son araştırmalara göre, dünya genelinde yerli keçi ırklarının %18'inin tehdit altında olduğu veya neslinin tükendiği tahmin ediliyor (Benjelloun vd. 2015). Bu nedenle, yerli keçi popülasyonları arasındaki ve içindeki genetik farklılıkların belirlenmesi ve ekonomik açıdan önemli özelliklere ait genetik yapının belirlenmesi, bu ırkların sürdürülebilir bir şekilde yetiştirilmesi için önemlidir. Bu sayede, üzerinde durulan fenotipik özellikler ile alakalı aday genlerde meydana gelen mutasyonların (farklı allellerin) tanımlanması mümkün olacaktır (Benjelloun vd. 2015).

2.3.1. Kıl Keçisi

Kıl keçisi, geçmişi Anadolu'ya kadar uzanan ve bu topraklarla bütünleşmiş bir ırktır. Kıl keçisi, Anadolu'da sadece bir çiftlik hayvanı olarak değil, birçok kültürel değerini doğduğu sistemin bir parçası olarak kabul edilmektedir. Türkiye'deki toplam 12 milyon baş keçinin yaklaşık %98'ini Türk Kıl keçileri oluşturmaktadır (TÜİK 2022).

Kıl keçilerinin vücut yapısı genellikle orta irilikte olup, coğrafi bölgelere göre boyut farklılıkları gösterebilmektedir. Hem erkek hem de dişi keçiler genellikle boynuzlu olup, erkeklerde boynuzlar daha belirgin bir şekilde gelişmiştir ve uçları arasındaki mesafe 60-70 cm'ye kadar ulaşabilir. Dişi keçilerin boynuzları genellikle daha küçük, geriye doğru eğilimli ve bir ya da iki kıvrım yapabilme yeteneğine sahip olup, erkeklerinkine kıyasla daha zarif bir görünüm sergiler. Boynuzların kesiti genellikle oval ya da yuvarlak formda olabilir (Şekil 2.5.).



Şekil 2.5. Dişi kıl keçisi ve kıl keçi sürüleri (Fotoğraflar tarafımdan çekilmiştir)

Çok amaçlı verim özelliği gösteren kıl keçileri, göçebe, yarı göçebe ve yerleşik yetiştiriciler tarafından yetiştirilmektedir. Geleneksel yöntemlere bağlı kalınarak yetiştirilen Kıl keçileri, iyi sürü yapma içgüdüğü, yem aramak için uzun mesafeler yürüyebilme yeteneği, olumsuz iklim koşullarına karşı yüksek tolerans, kuraklığa dayanıklılık gibi aranan özelliklere sahiptirler. Kıl keçileri yaşlarına göre dört farklı şekilde isimlendirilirler: 6 aydan küçük olanı Oğlak, 6-12 ay arası Çebiç, 12-24 ay arası dişi keçiler Gezdan, iki ve daha yukarı yaşta aşımında kullanılan erkek keçiler ise Teke olarak bilinir. Dişilerin geriye doğru kıvrık boynuzları ve erkeklerin ise büyük, güçlü kavisli boynuzları vardır. Dişilerin cidago yüksekliği yaklaşık 67 cm, erkekler ise yaklaşık 70 cm'dir (TAGEM 2009) (Çizelge. 2.2).

Bu keçi ırkı, büyük ölçüde yüksek rakımlı ekime uygun olmayan ve nadasa bırakılan arazilerde yetiştirilir. Fundalıklar, çalı formundaki bitkiler, orman içi meralar, anızlar ve nadasa bırakılmış alanlardaki otlar, bu keçilerin beslenmesi için ideal kaynakları oluşturur. Bu türün yetiştiriciliği genellikle daha az maliyetli olup, çoğu zaman daha az bakım ve dikkat gerektirir. Genel olarak kıl keçilerinin verimleri düşüktür. Kıl keçisi ırkı, süt bileşimi bakımından yüksek kalitede süt üretse de süt verimi düşüktür. Süt genellikle bu keçilerin oğlakları tarafından tüketilir. Et hayvanlarının (oğlak ve yetişkin) satışından elde edilen kazanç, yetiştiricilerin temel gelir kaynağıdır (Gürsoy 2006).

Çizelge 2.2. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri (TAGEM 2009)

Özellikler	Erkek	Dişi
Cidago Yüksekliği (cm)		69
Vücut Uzunluğu (cm)		68
Doğum Ağırlığı (kg)	3.4	2.5
Ergin Canlı Ağırlık (kg)	45-90	40-65
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	160	
Damızlık Yaşı (ay)		18-20

2.3.2. Honamlı keçisi

Honamlı keçisi, Antalya, Isparta ve Konya üçgeninde, Akdeniz Bölgesi'nin Toros Dağları eteklerinde yetiştirilen bir keçi ırkıdır. Bu bölge, keçinin biyolojik ihtiyaçları ve iklimsel tercihlerine uygun özelliklere sahip olduğu için, ırkın bu bölgede gelişim

gösterdiği düşünülmektedir (Saatci ve Elmaz 2017). Honamlı keçisi, uzun yıllar boyunca göçer yetiştiricileri (Honamlı Yörükleri) tarafından yetiştirilmiş ve onların tercihlerine bağlı olarak ırkın özellikleri zamanla şekillenmiştir. Bu ırkın vücutları, iri, uzun ve yüksek yapılıdır. Kaba ve ince kılları, kıl keçisine oranla daha kısadır. Kuyruk yapıları da kıl keçilerinden daha uzun ve gelişmiştir. Boynuzları kıvrımlı, kulakları etrafında geriye doğru yay çizer, uçları aşağı ve öne doğru uzar. İri cüsseli ve yüksek bacaklıdır. Alt çeneleri, üst çeneden daha uzundur. Gözleri belirgin bir şekilde iri ve canlıdır. Kulakları küçük ve kalındır. Burnu belirgin bir şekilde dışbükeydir. Uysal ve insana çok yakın bir ırktır (TAGEM 2009; Resmî Gazete 2015) (Şekil 2.6).



Şekil 2.6. Honamlı tekesi (Fotoğraflar tarafımdan çekilmiştir)

Bu hayvanlar, geniş ölçüde Akdeniz bölgesinde Yörükler tarafından bulunan fundalıklar, çalı formundaki bitkiler, orman içi meralar, anızlar ve nadasa bırakılmış alanlardaki otlarla neredeyse masrafsız bir şekilde beslenirler. Ayrıca, yılın hemen tamamında merada barındırılabilen bir ırktır. Ancak, ağız yapılarından dolayı zayıf meralardan yeteri kadar yararlanamazlar. Zengin mera veya ek yemleme olanağına sahip işletmelerde başarıyla yetiştirilebilirler.

Honamlı keçisi hem morfolojik hem de fizyolojik özellikler bakımından kendine has özelliklere sahip olmasına rağmen, uzun süre Türk Kıl keçisi olarak değerlendirilmiştir. Ancak, 2015 yılında yapılan bir düzenleme ile bu keçi ırkı orijinal bir ırk olarak tescil edilmiştir (Resmî Gazete 2015). Son 10 yılda TAGEM tarafından yapılan “Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi” ıslah projeleri ile ırkın önemi kazanılmaya başlamıştır. Ancak, göçebe üretim sistemlerinde yetiştirilen Honamlı keçisinin besi performansına ilişkin bilgiler sınırlıdır. Bu durum, ırkın genotipinin tercih edilmesine rağmen, yetiştiricilerin devamlı göç halinde olmaları nedeniyle bilimsel araştırma yapılmasını zorlaştırmaktadır (Elmaz vd. 2012) (Çizelge 2.3).

Çizelge 2.3. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri (TAGEM 2009)

Özellikler	Erkek	Dişi
Cidago Yüksekliği (cm)	91	69
Vücut Uzunluğu (cm)	93	84
Doğum Ağırlığı (kg)	3.5	3
Ergin Canlı Ağırlık (kg)	97	72
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	200-250	
Damızlık Yaşı (ay)		18-20
Oğlak verimi		1.9
Oğlak Karkas Ağırlığı (6 ay, kg)		20-23

Şen vd. (2021), yerli Türk keçi ırklarına (Ankara, Kıl, Honamlı ve Kilis) ait erkek oğlakların sütten kesim evresindeki büyüme, kesim ve karkas özelliklerinin karşılaştırılması amaçlanmıştır. Araştırmanın sonuçlarına göre, Honamlı ırkına ait oğlakların diğer ırklara göre doğum ağırlığı, günlük ağırlık artışı, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları ve verimleri belirgin bir şekilde daha yüksek çıkmıştır ($p<0.05$). Bu bulgular, Honamlı ırkının diğer yerli Türk ırklarına göre sadece karkas özellikleri açısından değil, aynı zamanda büyüme hızı ve sütten kesim dönemindeki performansı açısından da diğer ırklardan daha üstün olduğunu göstermektedir. Bu nedenle, Honamlı ırkı, Türkiye'deki yerli keçi ırkları arasında tercih edilebilecek bir seçenek olabilir. Ayrıca, Honamlı ırkının verimli bir besi materyali genotipi olarak kullanılabileceği sonucu, Türkiye'deki yerli keçi ırklarının yetiştiriciliği ve genetik kaynaklarının korunması açısından önemlidir.

2.4. Keçilerde et verimi

Et, “gıda olarak tüketeceğimiz bir hayvanın eti” olarak tanımlanabilir ve hayvan karkasının yağsız et, yağ, bağırsaklar vb. yenilebilir kısımlarını içerir (Alexander vd. 2017). Tarihsel olarak, insanın evrimine ve gelişimine katkıda bulunan et, insan vücudundaki çeşitli fizyolojik işlevler için gerekli olan temel besinlerden biridir, özellikle proteinlerden oluşur. Diyetimizde tüketilen proteinlerin yaklaşık %15'ini sağlar ve tüm esansiyel amino asitleri içerir. Ayrıca, çeşitli yağ asitleri ve mikro besinler (örneğin, B vitamini kompleksi, Fe, Zn ve Se) içerir. Et proteini, yüksek sindirilebilirliğe sahip olan 0.92'ye ulaşan amino asit skoru ile öne çıkmaktadır. Ek olarak, Et, insan diyetinin ayrılmaz bir parçasıdır. İnsan nüfusu için diyet protein, yağ, vitamin ve minerallerin ana kaynaklarından biridir (Williams 2007).

Keçi eti *capretto* ya da *chevon* olarak pazarlanır; bu durum yerel örf ve tercihlere bağlıdır. *Capretto*, karkas ağırlığı 6-8 kg olan keçi yavrularından elde edilir. Fransa, Latin Amerika ve Akdeniz bölgesinde popülerdir (Pophiwa vd. 2020). Bu bölgelerde, *capretto*'ya olan talep, Noel ve Paskalya tatil dönemlerinde yüksektir. *Chevon*, 16-22 kg karkas ağırlığına sahip daha yaşlı keçilerden elde edilir ve özellikle Afrika'nın ve Hindistan'ın çoğu bölgesinde tercih edilir. Beslenme kalitesi açısından, *chevon* kası amino asit çeşitliliği açısından zengindir. Diğer türlerden daha az yağ içerir ve daha çok çoklu doymamış yağ asitleri içerir (Webb 2014). Keçilerde karkas kaplama yüzdesi yaklaşık %50-55'tir ve genellikle koyunlardan düşüktür. Bunun nedeni, keçilerde daha fazla kemik oranı olması ve farklı bir karkas yağ birikimi olmasıdır. Keçilerde yağ perivisceral bölgede (kaburga kenarlarından kuyruğa kadar olan ön bölge) birikirken,

koyunlarda deri altı veya kas içi yağ birikimi görülür. Aynı şekilde, keçi karkasının yağ örtüsü daha azdır; bu nedenle nem kayıpları (%8'e kadar ulaşabilir) koyunlardan daha fazladır. Bununla birlikte, keçilerde kas içi yağ birikimi daha az olduğundan, *chevon* (keçi eti), kuzu etine göre daha az sulu olma eğilimindedir. Keçi etinin özel aroması, 4-metilnonanoik asit ve 4-metiloktanoik asidin varlığı keçi eti aromasına katkıda bulunmaktadır (Webb ve O'Neill 2008; Mazhangara vd. 2019; Saleh vd. 2023).

Keçilerde vücut ağırlığı 5-6 yaşına kadar artmaya devam eder ve bu dönemden sonra azalmaya başlar. Literatür incelemelerine göre, erkeklerin dişilerden daha ağır olduğu ve doğan yavruların sayısı arttıkça canlı ağırlık artışında bir düşüşün olduğunu göstermektedir. Süt verimini arttırmak için seleksiyonda kullanılan kriterler, et/karkas özelliklerinin geliştirilmesini amaçlayanlar kriterlerden tamamen farklıdır. Bu durum, süt amacıyla yetiştirilen keçi ırklarının (ince ve üçgen şekiller) ve et amacıyla yetiştirilen keçi ırklarının (kısa, dikdörtgen ve vücut yapısı) karakteristik şekilleri arasındaki belirgin farkları açıklayabilir (Shrestha ve Fahmy 2007).

Son dönemlerde, küresel sağlık bilincinin artması ve tüketicilerin daha bilinçli diyet seçeneklerine yönelmesi, keçi etini önemli bir besin kaynağı olarak öne çıkarmıştır. Özellikle düşük kalorili ve düşük yağ içerikli alternatifler arayanlar, keçi etini en ideal kırmızı et kaynağı olarak değerlendirmektedirler. Keçi eti, besin değeri yüksek bir protein kaynağı olup, her 100 gramında yaklaşık olarak %21 protein, %4.7 yağ, %72.3 nem ve %1.1 kül bulundurur. Bu veriler ışığında, keçi eti, yüksek protein, düşük yağ içeriği ve uygun nem oranıyla, sağlıklı bir diyetin parçası olabilecek bir et seçeneği olarak karşımıza çıkmaktadır. Aynı zamanda, bu etin mineral zenginliği, genel sağlığın ve vücut işlevlerinin korunması açısından önemlidir. Dolayısıyla, keçi eti, bilinçli tüketiciler için ideal bir kırmızı et alternatifi olabilir (Webb ve O'Neill 2008).

TÜİK verilerine göre, Türkiye'nin kırmızı et üretimi son yıllarda artmıştır. Türkiye'nin 2022 yılındaki toplam kırmızı et üretimi 2 milyon 191 bin 625 ton olmuştur. Bu üretimin büyük bir kısmını sığır eti oluştururken, kalan kısmı ise koyun, keçi ve manda etinden oluşmaktadır. Türkiye'deki kırmızı et üretiminin sadece %5'lik kısmı keçi yetiştiriciliğinden sağlanmaktadır (TÜİK 2022) (Çizelge 2.4.). Sonuç olarak, Türkiye'nin kırmızı et ve özellikle keçi eti üretiminde önemli bir yeri bulunmaktadır. Bu sektör, Türkiye'nin tarım ve gıda üretimine önemli bir katkı sağlama ve ülke ekonomisi için değerli bir gelir kaynağı oluşturma potansiyeline sahiptir. Bu nedenle, Türkiye'nin bu alandaki üretimini artırmak ve keçi eti tüketimini teşvik etmek için politikalar geliştirmesi önemlidir (TAGEM 2020).

Çizelge 2.4. Türkiye'de kırmızı et üretimi (TÜİK 2022)

Yıl	Keçi Eti (ton)	Keçi etinin oranı (%)	Koyun Eti (ton)	Sığır Eti (ton)	Manda Eti (ton)
2018	82.839	4,98	291.179	1.281.234	6.515
2019	87.126	5,01	316.170	1.330.169	7.150
2020	90.443	5,06	345.639	1.341.446	8.424
2021	94.555	4,84	385.933	1.460.719	10.831
2022	115.938	5,29	489.354	1.572.747	13.586
Toplam	470.901	5,05	1.828.275	6.986.315	46.506

Keçi eti kalitesini etkileyen biyolojik faktörler arasında, uygun ırk/genotipe sahip hayvanların damızlık olarak kullanılması en önemli faktörler arasında yer almaktadır. Irk/genotip etkileri genellikle yağ birikim miktarı ve karkas kalitesi ile ilişkilidir (Pophiwa vd. 2020). Dhanda vd. (2003) tarafından yapılan bir çalışmada, altı keçi genotipi (Boer×Angora (BA), Boer×Yabani (BF), Boer×Saanen (BS), Yabani×Yabani (FF), Saanen×Angora (SA) ve Saanen×Yabani (SF)) ve iki kesim ağırlığı grubu (*Capretto* ve *Chevon*) olan erkek oğlaklar, büyüme, karkas ve et kalitesi açısından karşılaştırılmıştır. Bu çalışmada, keçi genotipinin oğlakların günlük canlılık ağırlık artışı üzerinde önemli bir etkisi olduğu bulunmuştur. Ayrıca, hayvanların yaşları ilerledikçe, günlük canlı ağırlık artışı ile önemli ölçüde azaldığı gözlemlenmiştir. Boer keçi et ırklarının ve melezlerinin, diğer ırklara kıyasla daha fazla deri altı ve kas içi yağ biriktirme eğiliminde olduğu ve bu nedenle daha iyi bir yem kalitesine sahip olduğu tespit edilmiştir.

Boer keçi ırkı, et üretimi açısından üstün özelliklere sahip olması nedeniyle dünya genelinde önemli bir ilgi görmüş ve yerel ırkların geliştirilmesinde birçok melezleme programında kullanılmıştır. Ancak, çevresel stres ve yetersiz beslenme gibi nedenlerle keçi melezlemesi üzerine yapılan araştırmalar genellikle başarısız olmuştur. Örneğin; yeterli bir şekilde beslenen ve uygun yaşta kesilen Güney Afrika'nın yerli keçilerinin kabul edilebilir kalitede et verdiği gösterilmiştir (Simela ve Merkel 2008; Pophiwa vd. 2017). Kaliteli keçi eti üretimi için seleksiyonda en uygun ırkın kullanılması kritiktir. Üreticilerin, et üretimi yapabilecek, çevreye uyum sağlayabilecek, hastalıklara karşı dirençli ve ticari özelliklere sahip bir ırk seçmeleri önemlidir (Casey ve Webb 2010). Günlük canlı ağırlık artışı, yaşama gücü, yem değerlendirme oranı ve karkas kesim randımanı (kasaplık hayvanlarda sıcak karkas ağırlığının kesim öncesi canlı ağırlığa % oranıdır), keçi ıslahı çerçevesinde en sık değerlendirilen nicel özellikler arasındadır. Çizelge 2.5.'de, keçi et üretimi için seleksiyon ile ilgili en sık ele alınan kriterler ve özellikleri özetlenmiştir (Salgado Pardo vd. 2022).

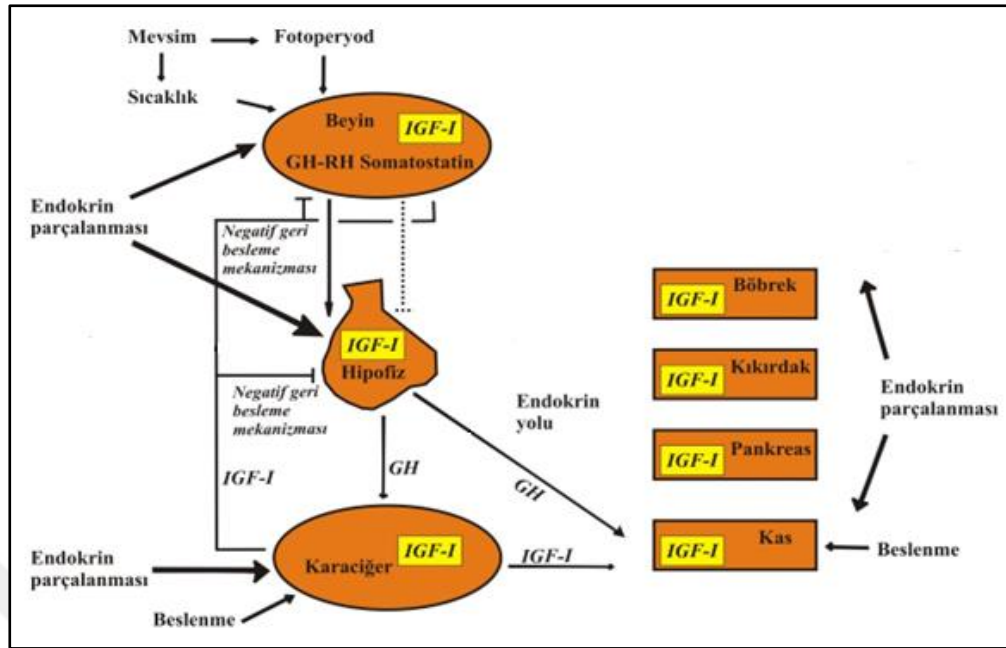
Çizelge 2.5. Keçi ıslahı için yetiştirme kriterleri ve özellikleri.

Yetiştirme kriterleri	Özellikler	Kaynak
Vücut ağırlığı	Doğum ağırlığı, 7, 14, 21 ve 28. günlerdeki canlı ağırlık, 18 aya kadar aylık tartım	Herrera vd. 2011
Büyüme	Sütten kesmeden önceki ortalama günlük canlı ağırlık artışı	Jembere vd. 2017
Bedensel yapı	Vücut uzunluğu, cidago yüksekliği, göğüs çevresi, sağrı yüksekliği ve omuz genişliği	Huson vd. 2014
Karkas kalitesi	Sıcak (kesimden hemen sonra) ve soğuk (soğutmadan önce) karkas ağırlığı; baş, deri, kalp, göğüs ve karın iç organlarının ağırlıkları; bacak uzunluğu, karkas genişliği, karkas yağ kapsamı, yağsız et ve kemik verim yüzdeleri	Zhang vd. 2020
Et kalitesi	Renk, pH ölçümleri, su tutma kapasitesi, besin bileşimi (protein, yağ ve kollajen yüzdeleri) ve yağ asidi profili	Herrera vd. 2011

2.5. Büyümenin hormonal mekanizması

Hayvanın büyümesi sürekli ve dinamik bir süreçtir. Büyüme süreci, hayvanın embriyonik yaşamından itibaren başlar ve organın kütle ve boyutunun zamana bağlı olarak olumlu yönde değişmesi olarak tanımlanabilmektedir. Ekonomik bir keçi yetiştiriciliğinde büyüme, kuşkusuz en önemli özelliklerden birisidir. Hayvanın değeri, büyüme hızından önemli ölçüde etkilenebilmektedir (An vd. 2011).

Çeşitli büyüme evrelerinde hayvanların metabolizmalarında görülen farklılıklar arasında somatotropik hormonlarının rolü önemlidir. Somatotropik eksen (somatostatin axis), vücut büyümesi ve gelişimiyle ilişkili olan bir hormonal düzenleyici sistemdir. Bu eksen, hipotalamus, hipofiz bezi ve hedef dokuları içerir. Temel olarak bu somatotropik eksen, büyüme hormonu salgılayan hormon (*GHRH*), büyüme hormonu (*GH*), insülin benzeri büyüme faktörleri I ve II (*IGF-I* ve *IGF-II*) ve bunlarla ilişkili bağlayıcı proteinler ve reseptörlerden (*GHRHR*, *GHR*, *IGF-IR* ve *IGF-IIR*) oluşmakta olup memeli büyümesinin metabolizması ve fizyolojisinin düzenlenmesinde anahtar rol oynamaktadır (Curi vd. 2005). *GH*, hedef dokulardaki *GHR*'ye bağlanarak somatik büyüme üzerindeki etkilerine aracılık eder. Hipotalamus, büyüme hormonu salgılatıcı hormon (*GHRH*) ve büyüme hormonu salgılatıcı inhibe edici hormon (*GHIH*) gibi hormonları salgılar. Bu hormonlar, hipofiz bezinin *GH* salgılamasını kontrol eder. Bu eksenle insülin, leptin veya tiroid hormonları gibi hormonlar, *GH* veya *IGF-I* sentezini düzenleyerek bu mekanizmaya etki eder. Ayrıca, somatotropik eksene göre hayvan verimliliğinin artırılmasına yönelik çalışmalar, verimliliğin yalnızca besin kaynağı ile alakalı olmayıp aynı zamanda hayvanın genetik potansiyeli ile de ilişkili olduğunu ortaya koymuştur (Renaville vd. 2002; Webb vd. 2012) (Şekil 2.7).



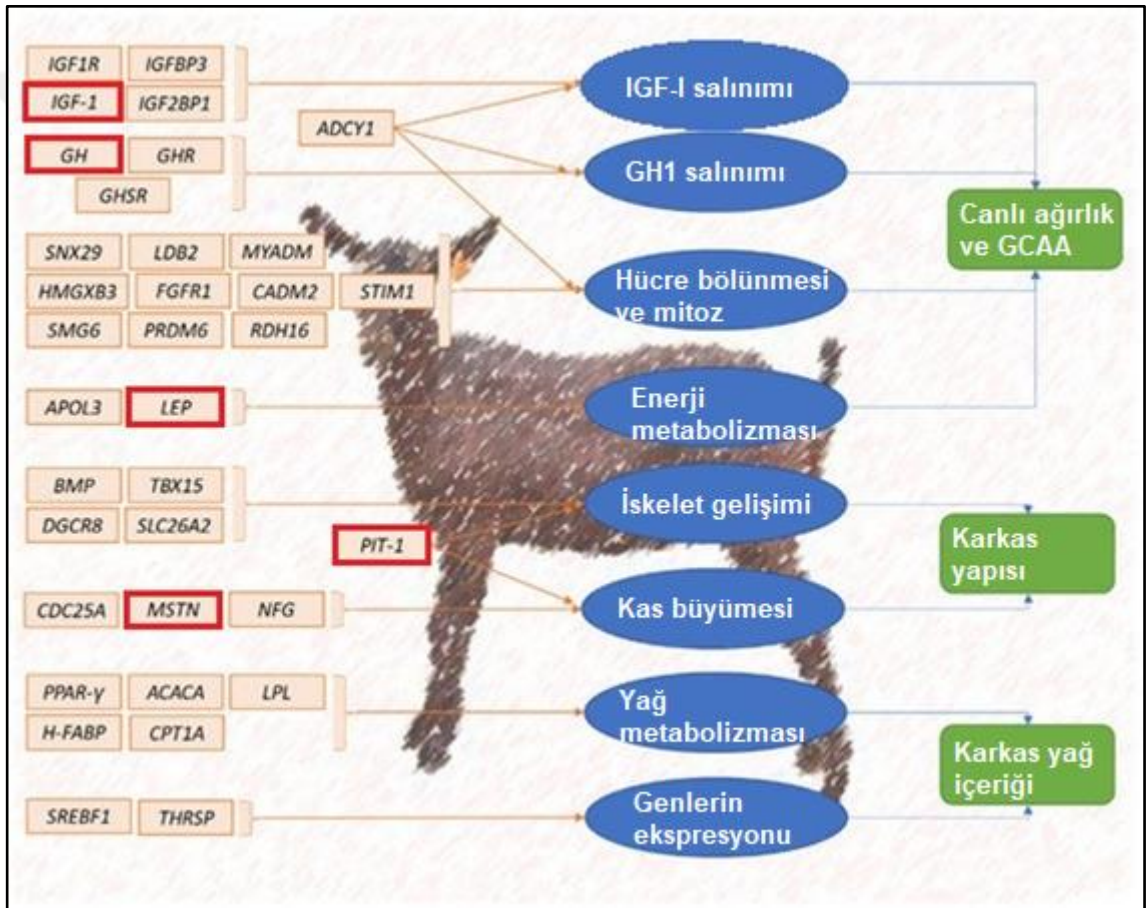
Şekil 2.7. Büyümenin salınımı ve *GH/IGF-I* etki mekanizması (Reinecke vd. 2010; Vural, 2015)

Somatotropin ekseninde görev yapan ve omurgalıların bedensel gelişiminde yer alan ana hormonu kodlayan *GH*, oğlaklarda doğumdan hemen sonraki süreçte günlük canlı ağırlık artışı ile güçlü bir şekilde ilişkili olduğu rapor edilmiştir (Devaraj vd. 2023). *GH*'ın karaciğerdeki pek çok görevi arasında başlıca rolü, *IGF*-bağlayıcı proteinlerin (*IGFBP*'ler) transkripsiyonunu uyarmasıdır (Fang vd. 2023). *GH*'nin büyümeyi teşvik edici aktivitesine, *GH/IGF-I* eksenini olarak adlandırılan işlevsel bir birimde temel olarak *IGF-I* aracılık eder. İnsülin gibi diğer anabolik uyarıların katılımı *GH/IGF-I* eksenini tarafından desteklenir (Poudel vd. 2020). *GH/IGF-I* seviyeleri yaşla birlikte önemli ölçüde azalmaktadır. Bu, *IGF-I* biyolojik aktivitesindeki azalmanın organizmada yaşa bağlı değişikliklerle ilişkili olduğunu düşündürmektedir (Junnla vd. 2013). Berryman vd. (2008) tarafından yürütülen bir araştırmada, azaltılmış *GH* veya *IGF-I* seviyesine sahip fare gruplarının, kontrol gruplarıyla karşılaştırıldığında daha uzun ömürlü oldukları tespit edilmiştir. Bu sonuçlar yaşlanmaya katkıda bulunan faktörlere dair bazı ipuçları sunmaktadır.

Beslenme durumu, dolaşımdaki *GH*, *IGF-I* seviyeleri ve bu hormonların bağlayıcı proteinleri ile hücre zarı reseptörlerinin düzenlenmesinde önemli bir rol oynar. Hayvanlarda uzun süreli açlık, *GH* plazma konsantrasyonlarının yükselmesini teşvik ederken, yem kısıtlamasına tabi tutulan hayvanlarda dolaşımdaki *GH* seviyelerinin değişmediği gözlemlenmiştir. Bu gözlemler, düşük beslenme durumunda *GH*'ın metabolik oranının azaldığını göstermektedir (Breier 1999; Renaville vd. 2002). *GH/IGF-I* eksenini aynı zamanda kemik mineral yoğunluğunun elde edilmesine aracılık ederek iskelet sistemini de etkilemektedir (Tritos ve Biller 2009).

2.6. Büyüme özelliği ile ilgili genler

Son yıllarda çiftlik hayvanlarda yapılan ıslah çalışmalarında kalıtım derecesini artırmak için birçok aday gen çalışılmış ve bu genler ile ekonomik önemi olan fenotipik özellikler arasındaki ilişkiler araştırılmıştır. Büyüme özellikleri, birden fazla gen, lokus ve etkileşimi içeren (poligenik kalıtım modeli) karmaşık kantitatif özelliklerdir. Bu nedenle, verimi artırmak için yapılan seleksiyon çalışmalarında, birden fazla aday gen kullanılmaktadır. Çiftlik hayvanlarında, büyüme, üreme, et, süt, yün ve hastalıklara direnç gibi ekonomik özellikleri etkileyen aday genler ekonomik olarak çiftçiye fayda sağladıkları göz önüne alındığında, keçi yetiştiriciliğinde en önemli özellikler arasında yer almaktadır (Webb vd. 2012). Litaratür araştırmalarına göre, keçilerde et ve büyüme özelliklerine ilişkin en çok dikkate alınan aday genler Şekil 2.8’de gösterilmiştir (Salgado Pardo vd. 2022).



Şekil 2.8. Keçi aday genlerinin et üretimi üzerindeki etkisinin özet şeması (Salgado Pardo vd. 2022)

Aday genler, fizyolojik ve biyokimyasal farklılıklar ile verim özellikleri arasındaki ilişkiye dayanarak tespit edilmektedir. Moleküler biyoloji tekniklerinin hayvan genetik gelişimine uygulanmasının temel amacı, hayvanlarda ekonomik değeri olan özellikler ile ilgili ana metabolik yollarda yer alan genlerin polimorfizmlerini tanımlamak, haritalamak ve analiz etmektir. Keçi yetiştiriciliğinde aday genler; büyüme, üreme, tiftik ve hastalık direnci gibi özelliklerin belirlenmesinde rol oynamaktadır.

Keçilerde büyüme, gelişme ve et verimi ile ilişkili olduğu tespit edilen bazı aday genler *GH1*, *IGF-1*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* genleri olup (Çizelge 2.6) bu genler bazı ülkelerde canlı ağırlık ve karkas üretimi için yapılan seleksiyon programlarında genomik seleksiyon kriteri olarak kullanılabilmektedir (Alakilli vd. 2012; Ncube vd. 2022).

Çizelge 2.6. Keçilerde ekonomik özelliği ile ilgili bazı önemli aday genler

Aday gen	Kromozom	Ekzon	Fonksiyon	Kaynak
<i>GH1</i>	19	5	Büyüme ve süt verimi	Missoho vd. 2006
<i>IGF-I</i>	5	7	Büyüme, yem dönüşüm etkinliği ve üreme verimi	Lan vd. 2007
<i>LEP</i>	4	3	Büyüme gelişimi, yem dönüşüm etkinliği ve süt verimi	Whitley vd. 2005
<i>POU1F1</i>	1	6	Büyüme, karkas, süt ve yün verimi	Lan vd. 2007
<i>MSTN</i>	2	3	Büyüme gelişimi ve et verimi	Li vd. 2006

2.6.1. Büyüme hormonu (*GH*) geni

Büyüme hormonu geni, keçinin 19. Kromozomunda bulunmakta olup 5 ekzon ve 4 intron bölgeden oluşmaktadır (Schibler vd. 1998). *GH*, hipofiz bezinin ön lobundan salgılanır; *IGF-I* etkisiyle kemiklerin ve iskelet kaslarının büyümesinin uyarılmasıyla ilişkilendirilir. *GH* geniş bir biyolojik aktivite spektrumuna sahiptir ve tüm vücut hücrelerini etkiler. Protein, DNA, RNA ve glikojenin biyosentezini güçlendirir. Vücut boyutunda bir artış ve iskelet büyümesinin uyarılmasıyla birlikte anabolik süreçlerin aktivasyonunu sağlar. Büyüme endokrin bezleri tarafından salgılanan, çoklu genleri, lokusları ve etkileşimleri içeren karmaşık niceliksel özelliklerdir. Çiftlik hayvan türlerinin büyümesi, laktasyonu, üremesi, protein, lipid ve karbonhidrat metabolizması gibi farklı biyolojik özellikleri önemli ölçüde etkilemektedir (Singh vd. 2009).

Günümüze kadar *GH* geni ile alakalı yapılan literatür taramasında *GH*'ın 10'dan fazla varyantı tespit edilmiştir. Bu gen ile alakalı çalışmaların bazıları (Boutinaud vd. 2003, Malveiro vd. 2001) et ve süt verim özellikleri ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik iken bazı çalışmalar (Hua vd. 2005; Gupta vd. 2007) ise yalnızca bu gende meydana gelen mutasyonları (polimorfizmi) tanımlamaya yöneliktir. Bu kapsamda, keçilerde et miktarı ve büyüme performansı ile alakalı *GH* mutasyonlarını tespit eden, ıslah programları için önerilerde bulunan ve fenotipik ilişki analizlerinin yapıldığı ulusal ve uluslararası çalışmalar aşağıda belirtilmiştir.

Hua vd. (2009), Boer keçi oğlaklarında yapmış oldukları çalışmada, DNA sekans analizi ve PCR-RFLP yöntemi kullanılarak *GH*'ta iki adet SNP tespit etmişlerdir: A781G (Ser /Gly35) ve A1575G (Leu147). AA genotipli yavruların göğüs çevresi uzunluklarının ve süttan kesim ağırlıklarının AB genotipine göre önemli seviyede düşük olduğu, CC

genotipi oğlakların cidago yüksekliğinin CD genotipine göre daha yüksek olduğu gözlemlenmiştir. AACD genotipine sahip Boer oğlaklarının, fenotipik ölçüm değerleri, sütten kesim öncesi canlı ağırlık artışı ve 11 aylık yaşa kadar olan canlı ağırlık artışı açısından düşük seviyeye sahip oldukları belirlenmiştir. Keçilerde büyüme özellikleri ile ilişkili iki SNP'in, Boer oğlaklarında yapılan ıslah programlarında büyüme ve yağlanma özellikleri için avantajlı bir şekilde kullanılabileceği bildirilmiştir.

El-Halawany vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada, Zaraibi, Barki ve Baladi olmak üzere üç farklı Mısır keçi ırkında sanger dizileme yöntemi kullanılarak *GH* karakterizasyonu ve polimorfik bölgeler ortaya koyulmuştur. Bu çalışma sonucunda 2500 baz çiftinden oluşan bir DNA parçası elde edilmiştir ve 15 adet SNP belirlenmiştir. Bu SNP'lerden altısı yeni keşfedilmiş olup üç tanesi non-sinonimdir. Bu çalışma sonucunda, *GH* SNP'leri ile ekonomik olarak önemli fenotipik özelliklerin ilişkilendirilmesiyle, Mısır keçi ırklarında yapılacak olan MAS çalışmalarında kullanılmasının ekonomik özelliklerin gelişimine katkı sağlayabileceği önerilmiştir.

Gitanjli vd. (2020) tarafından yürütülen çalışmada, Hindistan Gaddi keçi ırkı materyal olarak kullanılmış ve PCR-RFLP ve SSCP kullanılarak *GH* lokusu (*GH1*, *GH2*, *GH3* ve *GH4*) analiz edilmiştir. Sonuçlar, *GH1* (ekzon 2 ve 3) için 3 farklı genotip (AA, AB, BB), *GH2* (ekzon 4) için 2 farklı genotip (AB ve BB), *GH3* için 3 farklı genotip (AB, BB ve AA) ve *GH4*'ün monomorfik olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca, 9 aylık canlı ağırlık ile *GH1* arasında, 9-12 aylık keçilerin kalp çevresi uzunluğu ile *GH2* arasında ve 6 aylık canlı ağırlık, cidago yüksekliği ve vücut uzunluğu ile *GH3* arasında önemli ilişkiler bulunmuştur. Tanımlanan genotiplerin Hindistan keçilerinde büyüme özellikleri ile önemli bir ilişkisi olduğu ve ilgili genotiplerin ırkın ıslah çalışmalarında değerlendirilmesi gerektiği belirtilmiştir.

Kumar vd. (2023) Hindistan yerli keçileri olan Sirohi ve Assam keçilerinde *GH* varyasyonlarını ve bu varyasyonların büyüme özellikleriyle ilişkisini araştırmayı amaçlamıştır. PCR-RFLP yöntemi kullanılarak, iki farklı polimorfik lokus (*GH1*-HaeIII ve *GH2*-HaeIII) saptanmıştır. *GH1*-HaeIII lokusunda iki alel (A ve B) ve *GH2*-HaeIII lokusunda iki alel (C ve D) bulunmuştur. Her iki keçi ırkında alel frekansları ve genotipler belirlenmiş, bu lokusların Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiği tespit edilmiştir. Assam keçisinde, *GH* varyasyonlarının bazı büyüme özellikleriyle ilişkili olduğu gösterilmiştir. Özellikle AB ve CD genotiplerinin, AA ve CC genotiplerine kıyasla daha yüksek büyüme değerleri sergilediği belirlenmiştir. Sonuç olarak, *GH* geninin bu iki lokusu, keçilerde büyüme özelliklerini artırmak için MAS çalışmalarında kullanılabilirliği tespit edilmiştir.

Korkmaz-Ağaoğlu vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada, Honamlı ve Kıl keçi ırklarında *GH1* ve *GH2* genlerinin gen polimorfizmi PCR-RFLP yöntemiyle araştırılmıştır. *GH* HaeIII polimorfizmi açısından 2 alel (A ve B) ve 2 genotip (AA ve AB) tespit edilmiştir. Honamlı ve Kıl keçilerinde *GH1* genotiplerinin 90, 120, 180 ve 365. gün canlı ağırlık ve fenotipik vücut ölçüleri üzerinde istatistiksel olarak önemli bir etkisi bulunmamıştır. Bu nedenle, Honamlı ve Kıl keçi ırklarıyla ilgili dizi analiz çalışmalarının önemi vurgulanmıştır.

2.6.2. İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü I (*IGF-I*) Geni

IGF-I hormonu, somatotropin büyüme hormonunun bir bileşenidir ve doğum sonrası büyüme ve metabolizmada önemli bir rol oynar. *IGF-I*, 70 amino asitten oluşan ve insüline benzer bir moleküler yapıya sahip olan bir peptittir. Bu hormonun moleküler ağırlığı 7649 kDa'dır. Rinderknecht ve Hunzel (1978) insülin benzeri faktörleri keşfetmiş olup bu faktörler IGFBPs (Insulin like binding growth factor) olarak adlandırılmıştır çünkü insülinle yapısal benzerlik gösterdikleri belirlenmiştir. Düşük konsantrasyonlarda, bu faktörlerin büyüme *in vitro* olarak teşvik ettiği tespit edilmiştir. IGFBP'ler, memelilerde altı proteinden (IGFBP 1-6) oluşmaktadır (Vitale vd. 2019).

IGF-I esas olarak karaciğerde üretilir ve üretimi ve diğer dokulara dağılımı esas olarak GH tarafından kontrol edilir. *IGF-I* ayrıca vücuttaki her dokuda ifade edilebilmektedir (Junnla vd. 2013). *In vivo* ve *in vitro* çalışmalar ile, *IGF-I*'in hücre büyümesini ve hedeflenen dokuların farklılaşmasını teşvik edecek güçlü biyoaktiviteye sahip olduğu gösterilmiştir (Hakuno ve Takahashi 2018). Ayrıca doğum öncesi ve doğum sonrası büyümenin önemli bir parçası olarak kabul edilir; Omurgalıların doğum öncesinde *IGF-I*, fetal amino asit ve glukoz alımını artırarak fetal organların, endokrin bezlerin gelişimini ve iskelet olgunlaşmasını desteklemektedir. Ağaoğlu vd. (2023), Kıl keçilerinde gebelik sırasında *IGF*'lerin uterus ve yumurtalıktaki hücresel olaylarda *IGF-I* ve *IGF-II* ekspresyonlarının hamileliğin düzenlenmesinde önemli bir rol oynadığını tespit etmişlerdir. Doğum sonrası ise *IGF-I*'in kemik büyümesi üzerinde önemli bir etkiye sahip olduğu bildirilmiştir (Junnla vd. 2013; Vitale vd. 2019). *IGF-I*, sığır (Grossi vd. 2015), koyun (Li vd. 2021) ve keçi (Rasouli vd. 2017; Sankhyan vd. 2020) büyüme özellikleri için aday bir gen olduğu tespit edilmiştir.

Lestari vd. (2020) Endonezya'da yetiştirilen yerel Kejobong keçisinde *IGF-I* SNP'lerinin; canlı ağırlıkları (BW), göğüs genişliği (CW), kalça yüksekliği (HH), kalça genişliği (HW) ve kalp çevresi (HG) ile ilişkisini incelemişlerdir. Allel frekansları sırasıyla %43 ve %57 olmak üzere, iki allel ve iki genotip tespit etmişlerdir. Sonuç olarak *IGF-I* geninin intron 4'ündeki bir SNP (g5752G >C), günlük canlı ağırlığı ve vücut ölçüleriyle önemli ölçüde ilişkilendirilmiştir. Sonuç olarak, Mısır keçi ırklarında yapılacak olan MAS çalışmalarında kullanılmasının ekonomik özelliklerin gelişimine katkı sağlayabileceği önerilmiştir.

Chalbi vd. (2023) tarafından yapılan çalışmada, 263 baş yerli Tunus keçi popülasyonunda, *IGF-I*, *MSTN* ve *BMP2* SNP'lerin değişkenliğini ve haplotip yapısı değerlendirilmiştir. SNP'ler ile keçilerin fenotipik özellikleri ilişkilendirilmiştir. Mevcut araştırma sonuçlarına göre, *IGF-I*'de genotiplenen on iki SNP'den yedisi keçilerde fenotipik özelliklerle önemli bir ilişki olduğu tespit edilmiştir. Buna göre, *IGF-I*'in keçilerde; vücut uzunluğu, kulak uzunluğu, kuyruk uzunluğu ve göğüs çevre uzunluğu ile önemli bir ilişkisi olduğu belirtilmiştir.

Zeytönlü (2015) tarafından yapılan çalışmada, Honamlı ve Kıl keçilerinde *IGF-I* *HaeIII* (g5752G>C) polimorfizmi, genetik yapı ve allel frekansları ve polimorfizmin büyüme performansı üzerindeki etkileri incelenmiştir. PCR-RFLP yöntemi kullanılarak genotipler belirlenmiştir. Kıl keçisi ırkında *IGF-I* geni *HaeIII* polimorfizmi için 2 allel (G ve C), 3 genotip (GG, GC ve CC) belirlenmiştir. Honamlı keçi ırkında ise 2 allel (G ve C), 2 genotip (GG ve GC) tespit edilmiştir. Honamlı keçilerin doğum ağırlığı, canlı

ağırlıkları ve fenotipik vücut ölçü değerlerinin Kıl keçilerine kıyasla daha yüksek olduğu bulunmuştur. Ancak, her iki ırkta da 90, 120, 180 ve 365 günlük canlı ağırlık ve fenotipik vücut ölçüleri gibi büyüme özellikleri üzerindeki polimorfizmin istatistiksel olarak anlamlı bir etkisi bulunamamıştır.

2.6.3 Leptin (*LEP*) geni

LEP, canlılarda obezite ve vücudun enerji dengesi ile ilişkili bir gen olarak bilinmektedir. Bu genin mutasyonları, keçilerde vücut ağırlığı, süt üretimi, günlük canlı ağırlık artışı, doğurganlık ve yağ tutma kapasitesi gibi birçok özelliklerle ilişkilendirilmiştir. Örneğin, Liefers vd. (2002) tarafından yapılan bir çalışmada, *LEP* mutasyonların keçilerde vücut ağırlığının artışıyla ilişkili olduğu bulunmuştur. Benzer şekilde, Singh vd. (2009) tarafından yapılan bir araştırmada da *LEP* mutasyonlarının süt üretimi üzerinde etkili olduğu tespit edilmiştir. Son zamanlarda yapılan bir çalışmada ise Avondo vd. (2019) *LEP* mutasyonların keçilerde yağ tutma kapasitesi ve doğurganlık üzerinde de etkili olabileceğini göstermiştir. Bu bulgular, *LEP*'in keçilerde çeşitli fizyolojik özelliklerle ilişkili olduğunu göstermektedir.

Alim vd. (2019) tarafından yapılan çalışmada, Kara Bengal keçilerinde doğurganlık ile *LEP* arasındaki ilişki incelenmiştir. Bu çalışmada, intron 3'te iki SNP (g.104911A>G ve g.105151A>G) belirlenmiştir. Heterozigot genotip AG'ye sahip keçilerin, diğer homozigot genotiplerle karşılaştırıldığında en yüksek büyüme performansını sergilediği tespit edilmiştir. Sonuçlar, *LEP*'in keçilerde doğurganlıkla ilişkili olabileceğini vurgulamışlardır.

El-Shorbagy vd. (2022) Zaraibi keçisinde prolaktin reseptörü (*PRLR*), *IGF-1* ve *LEP*'in polimorfizmleri büyüme özellikleri ile ilişkilendirilmiştir. *LEP* için, sadece intron 2'de (G281A) bir polimorfizm tespit edilmiştir. Tespit edilen polimorfizm, keçinin süt üretimi ve büyüme özellikleriyle ilişkili olduğu gösterilmiştir. SNP'in büyüme ve süt perfonmasına yönelik MAS çalışmalarında kullanılabilirliği tespit edilmiştir.

Singh vd. (2009) tarafından Barbari ve Jamunapari keçilerinde *LEP*'in ekzon 2 ve intron 2 bölgelerindeki polimorfizmlerini analiz etmek amacıyla DNA-dizileme ve RFLP analizi yapılmıştır. 111 oğlakta genotipleme yapılmıştır. Her iki ırkta da ekzon 2 bölgesinde 60 bç pozisyonunda ve intron 2 bölgesin 100 bç pozisyonunda mutasyon tespit edilmiştir. BLAST analizinde keçilerin ekzon 2 bölgesi dizilerinin diğer hayvan türleriyle karşılaştırıldığında tespit edilen bu mutasyonların keçiyeye özgü olduğu bulunmuştur.

Wang vd. (2015) tarafından yapılan çalışmada, beş Çin keçi ırkından 411 baş keçiye *LEP* polimorfizmleri belirlenmiştir. Çalışmada, altı yeni SNP (g.117 T>C, g.1642 G>A, g.2883 G>A, g.3053 T>C, g.3190 G>A ve g.3314 T>C) DNA dizi analizi kullanılarak tespit edilmiştir. Tespit edilen SNP'lerin, büyüme özellikleriyle ilişkili olduğu belirtilmiştir. Özellikle, g.1642G > A ve g.3190G > A lokuslarında GG genotipine sahip olan keçilerin doğum ağırlığının daha yüksek olduğu gözlemlenmiştir. Çalışma bulgularına göre, elde edilen altı yeni SNP'in MAS çalışmalarında kullanılabileceği önerilmiştir.

Korkmaz-Ağaoğlu vd. (2019) Honamlı ve Kıl keçi ırklarında yapmış oldukları çalışmada; *LEP* polimorfizmini PCR-RFLP yöntemi ile araştırılmıştır. *LEP*'in 2.

ekzonunda yer alan *HinfI* ile 2. intronunda yer alan *Sau3AI* kesim bölgeleri açısından monomorfik olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda; Honamlı ve Kıl Keçilerinde ilgili genin dizi analizi ile belirlenerek değerlendirilmesi gerektiği vurgulanmıştır.

2.6.4. Pit-Oct-Unc 1 homeodomani (*POU1F1* veya Pit-1) Geni

POU (Pit-Oct-Unc) sınıf 1 homeodomani 1 (*POU1F1* veya *Pit-1*), hipofiz Spesifik Transkripsiyon Faktörü-1 olarak bilinen transkripsiyon faktörünü kodlamaktadır. *POU1F1*, omurgalı genomunun 1q21-22 kromozomu üzerinde bulunan 16078 bp uzunluğunda altı ekzon ve beş introndan oluşmaktadır. *POU1F1* ön hipofizde salgılanır. *GH*, *PRL* ve tiroid uyarıcı hormon β (*TSH-β*) düzenlenmesinde önemli bir rol oynamaktadır. Özellikle *POU1F1* mutasyonları, *GH*, *PRL* ve *TSH-β*'lerin yetersiz üretimine neden olmaktadır. Bunun sonucu olarak yavrularda büyüme geriliği, cücelik ve diğer sağlık sorunlarına neden olabilmektedir (Lan vd. 2007).

POU1F1 varyasyonların, çiftlik hayvanlarında et, süt ve kaşmir ırklarında büyüme, karkas, süt ve yün özellikleri ile ilişkili olduğu bulunmuştur (Dorjay ve Abraham 2022). Bu polimorfizmlerin vücut ağırlığıyla ilişkisi çeşitli ırklarda belirlenmiştir. Sığırlarda süt özellikleriyle ilişkilidir (Viale vd. 2017), koyunlarda süt üretimi ve süttan kesim ağırlığı özellikleriyle ilişkilidir (Ozmen vd. 2014), keçilerde ise büyüme ve ekonomik özelliklerle önemli derecede ilişkilidir. Yapılan çalışmalar, *POU1F1*'in keçi yetiştiriciliğinde üreme, büyüme, et, süt ve kaşmir özelliklerini geliştirmek için aday gen olarak değerlendirilebileceğini göstermiştir (Zhu vd. 2019).

Lan vd. (2007) tarafından yapılan çalışmada, Çin'de yetiştirilen yerli keçi ırklarında *POU1F1*'de bir mutasyonun PCR-RFLP yöntemi kullanılarak tespit edildiği belirtilmiştir. 663 keçinin sekiz büyüme özelliği analiz edilmiş ve TC ve TT genotiplerinin süt verimi ve doğum ağırlığı için MAS çalışmalarında kullanılmasının ekonomik özelliklerin gelişimine katkı sağlayabileceği önerilmiştir.

Zhu vd. (2019) tarafından yapılan bir araştırmada, Shaanbei Beyaz Kaşmir keçilerinde *POU1F1* polimorfizimleri belirlenmiş ve üç farklı SNP belirlenmiştir. Yapılan haplotip analizi sonucunda yedi farklı *POU1F1* haplotipi tespit edilmiştir. En yüksek haplotip frekansı %56 ile Hap3 (GTTT) olarak belirlenmiştir. c.682G> T lokusunun GT genotipi ve c.837T> C lokusunun TT genotipi, daha iyi büyüme özellikleri ve bir batında doğan yavru sayısı ile ilişkili bulunmuştur. Ayrıca, c.682G> T lokusunun tespiti için uygun ve ekonomik bir yöntem olan PCR-RFLP kullanılarak *HinfI* restriksiyon endonükleaz enzimi kullanılmıştır. Analiz sonuçları, bu lokusların yavru sayısı ve büyüme özellikleri üzerinde güçlü bir etkisi olduğunu ortaya koymaktadır. Kullanılan SNP'lerin keçi yetiştiriciliğinde genomik seleksiyon için etkili SNP markırları olarak kullanılabileceği tespit edilmiştir.

Korkmaz-Ağaoğlu vd (2019) tarafından yapılan çalışmada, Honamlı ve Kıl keçilerinde *POU1F1-PstI* polimorfizmi için 2 farklı allel (C ve T) ve 2 farklı genotip (TC ve TT) tespit edilmiştir. Araştırma sonuçlarına göre, her iki keçi ırkında da *POU1F1-PstI* polimorfizmi için en yaygın genotipin TT olduğu bulunmuştur. Yapılan analizler incelenen ırkların *POU1F1-Pst1* polimorfizmi açısından Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu gösterilmiştir. Ayrıca, her iki genotipin 90, 120, 180 ve 365 günlerde fenotipik ölçümler üzerinde anlamlı bir etkisi olmadığı belirlenmiştir ($p>0.05$).

2.6.5. Miyostatin (*MSTN*) Geni

MSTN, keçilerde 3 ekzon ve 2 intron içermektedir. *MSTN*, aynı zamanda büyüme farklılaşma faktörü 8 (*GDF8*) olarak da bilinmektedir (Rodriguez vd. 2014). İskelet kasının korunmasında önemli bir rol oynayan *TGF-β* (Transforme edici büyüme faktörü-beta, Transforming growth factor-beta) ailesinin bir parçasıdır (Li vd. 2006). *MSTN* mutasyonu memelilerde kas hacim artışına neden olabilmektedir. *MSTN*, büyüme özelliklerinin yanı sıra özellikle kas kütesinin artışında önemli bir rol oynamaktadır. Bu nedenle, çiftlik hayvanlarında önemli bir aday gen olarak kabul edilebilmektedir (Bellinge vd. 2005).

Bi vd. (2020), Shaanbei Beyaz Kaşmir keçilerinde büyüme özellikleri için *MSTN*'in 5' UTR bölgesinde meydana gelen 5 baz çiftlik insersiyonun (c.-120 ins) etkisini DNA dizi analiziyle araştırmışlardır. Homozigot (DD, 206 bç) ve heterozigot (ID, 211 bç ve 206 bç) olmak üzere iki farklı genotip belirlenmiş olup, 5 bç'lik mutasyonun büyüme özellikleri üzerinde anlamlı bir etkisi olmadığı, ancak 602 oğlağın vücut yüksekliği, kalça uzunluğu ve göğüs genişliği uzunlukları ile önemli ölçüde ilişkili olduğu gösterilmiştir ($p < 0.05$).

Zhang vd. (2012) tarafından yürütülen bir araştırmada, dört farklı keçi ırkında (Boer, Matou, Haimen ve Nubi) toplam 687 baş keçide *MSTN* polimorfizmi araştırılmıştır. Araştırmada DNA dizi analizi ve PCR-RFLP yöntemi kullanılmıştır. Dört ırkta, 5' UTR bölgesinde 5 bç'lik bir insersiyon (1256 TTTTA / -) ve üç farklı genotip (AA, AB ve BB) belirlenmiştir. Ekson 1 bölgesinde T/A yer değişimi sonucu oluşan polimorfizm (CC, CD ve DD) sadece Boer ırkında tespit edilmiştir. Her iki mutasyon için heterozigot bireylerin (AB veya CD) doğumda, 90. ve 300. günlerde daha yüksek canlı ağırlıkları ve vücut uzunlukları bildirilmiştir ($p < 0.05$). Her iki polimorfizm bir araya getirildiğinde, ABCD genotipine sahip hayvanların daha iyi büyüme performansı sergilediği gözlemlenmiştir ($p < 0.05$). Sonuçlar, *MSTN*'de meydana gelen bu iki mutasyonunun keçi büyüme performansı üzerinde önemli bir etkisi olduğunu ve keçi yetiştiriciliği ve ıslahında potansiyel olarak seleksiyon çalışmalarında kullanılabileceğini göstermiştir.

Korkmaz-Ağaoğlu vd. (2019), Honamlı ve Kıl keçilerinde *MSTN* polimorfizmlerini belirlemek ve bunların büyüme performansı üzerindeki etkilerini araştırmak amacıyla çalışma yapmışlardır. *MSTN-DraI* polimorfizmi için, her iki keçi ırkında iki allel ve üç genotip tespit edilmiştir. Honamlı keçilerinde AB genotipi, kıl keçilerinde ise AA genotipi en yaygın genotip olarak belirlenmiştir. AA genotipli bireylerin 90. günde diğer genotiplere göre daha fazla canlı ağırlığa sahip olduğu, ancak 120., 180. ve 365. günlerde BB genotipine sahip bireylerin diğer genotiplere göre daha yüksek canlı ağırlığa sahip olduğu görülmüştür. Sonuç olarak, Honamlı ve Kıl keçi ırkları arasında *MSTN-DraI* polimorfizmi ile büyüme özellikleri arasında bir ilişki bulunamamıştır.

2.7. DNA Dizi Analizi

DNA dizi analizi, bir DNA molekülündeki adenin, sitozin, guanin ve timin gibi nükleotitlerin doğru sırasını belirlemek için kullanılan bir yöntemdir. Bu yöntem, organizmaların genetik yapısını belirler ve birçok alanda kullanılır. Nükleotit dizilerinin

belirlenmesi için iki temel yöntem mevcuttur. Maxam-Gilbert kimyasal yöntemi, nükleotitlerin kimyasal parçalama reaksiyonları ile ayrılmasına dayanmaktadır. Diğer yöntem olan Sanger yöntemi ise DNA replikasyonunun kontrollü bir şekilde *in-vitro* koşullarda yarıda bırakılmasına dayanmaktadır. Her iki yöntemin de avantajları ve dezavantajları vardır ve kullanılacak yöntem, analizin amaçlarına ve gereksinimlerine bağlı olarak değişebilmektedir (Maxam ve Gilbert 1977; Sanger vd. 1977; Pervez vd. 2022).

2.7.1. Maxam-Gilbert Yöntemi

Maxam-Gilbert yöntemi, 1970'lerin sonunda keşfedilen, DNA parçalanmasına dayanan bir kimyasal yöntemdir. Bu yöntem, DNA örneğini tek bir iplikçik haline getirmeyi amaçlar ve bu sayede DNA'nın baz dizilimini belirlemeye olanak sağlamaktadır (Maxam ve Gilbert 1977).

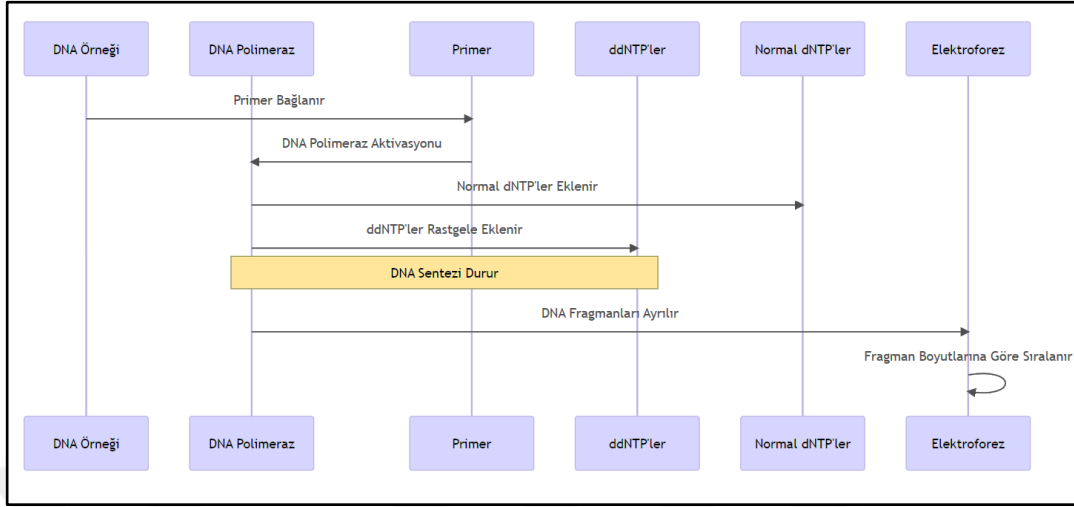
Öncelikle, DNA parçası bir ucundan radyoaktif bir etiket (P32) ile işaretlenir. Daha sonra, işaretlenen DNA parçası, dört örnek olarak bölünür ve her bir örnekte, DNA'daki bazlardan biri tahrip edilecek şekilde bir kimyasal madde eklenir. Örneğin, dimetil sülfat ve piperidine kullanılarak örneğe muamele edildiğinde DNA sadece Guanin (G) nükleotitlerinden kırılır. Bu sayede her bir örnekte, farklı bir baz hasar görmüş olur ve bu hasarlı bazların bulunduğu yerlerde, iki eksenli DNA molekülünde fosfodiester bağları ayrılır ve DNA molekülü kesilir. Sonuçlar oto radyografi ile değerlendirilir ve DNA'nın baz dizilimi belirlenir (Eren vd. 2022).

2.7.2. Sanger yöntemi

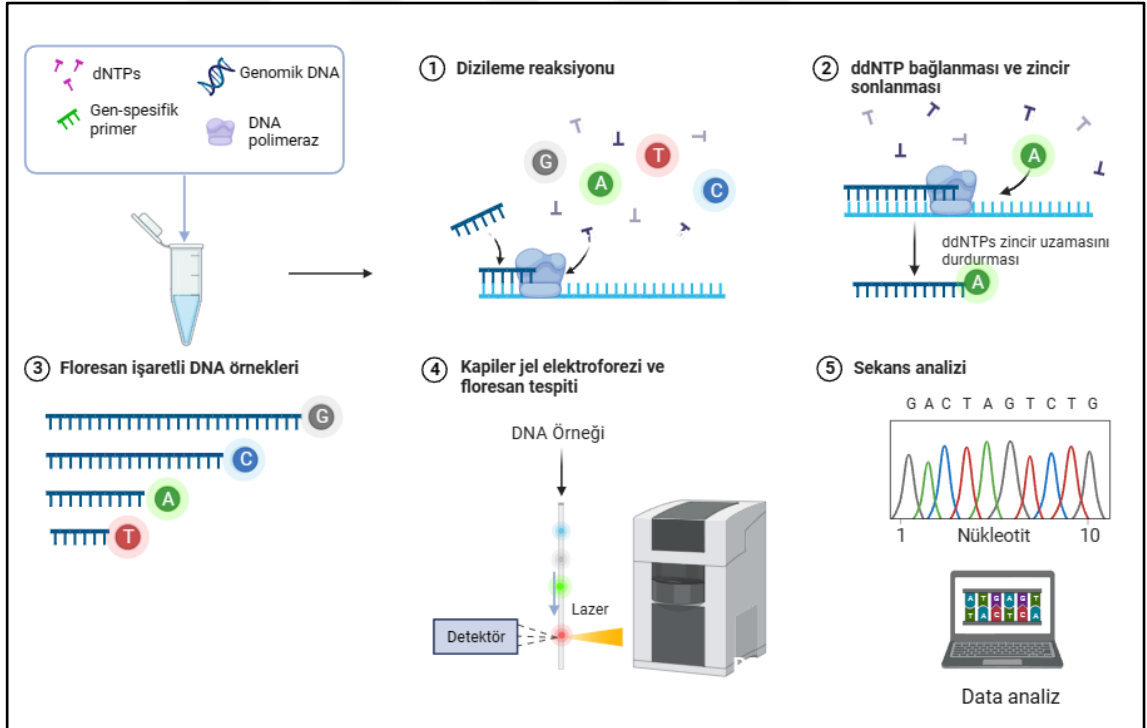
Sanger yöntemi (Sanger vd. 1977), diğer adıyla zincir sonlandırma yöntemi, biyolojideki en temel kavramlardan biri olan DNA dizi analizinde kullanılan en yaygın yöntemlerden biridir. Bu yöntem, DNA replikasyonunu kontrollü bir şekilde yarıda kesmek esasına dayanır. İşlem, ilk olarak DNA'nın çift zincir halinden tek zincir haline getirilmesiyle başlar. Daha sonra, DNA polimeraz ve deoksiniükleotitlerin (dNTP) karışımı yanı sıra 4 farklı dideoksiniükleotittrifosfat (ddATP, ddGTP, ddCTP, ddTTP) içeren bir karışım kullanılır. Normal deoksiniükleotitlere benzer olan dideoksiniükleotittrifosfatlar, 3 'uçlarında hidroksil grupları olmadığı için (sadece H içerir) zincir uzamasını durdurmaktadır. Bu nedenle, bu moleküller zincirin son nükleotitini oluşturur. Böylece, DNA dizisindeki her bir nükleotitin renk kodu, bir ölçüm cihazı tarafından okunarak belirlenir. Sanger yöntemi, yüksek doğruluk ve güvenilirlikle birlikte, bazı dezavantajlara da sahiptir. Örneğin, uzun DNA dizilerinin analizi için yavaş ve masraflı bir yöntemdir. Ayrıca, tek bir uzun diziyi analiz etmek için çok sayıda reaksiyon gerektirir. Bununla birlikte, bu yöntem, genetik araştırmalarda ve DNA analizlerinde günümüzde yaygın olarak kullanılmaktadır (Eren vd. 2022; Pervez vd. 2022).

Deoksiribonükleotitlerin zincirleri, bağlandıkça uzamaya devam eder. Ancak, rastgele olarak dideoksiribonükleotit bağlandığında zincir uzaması durur ve bu şekilde farklı uzunluklarda birçok DNA parçası elde edilir. Daha sonra, DNA parçaları elektroforez yöntemiyle birbirlerinden ayrılır ve bu sayede farklı büyüklüklerdeki parçaların belirlenmesi mümkün olur. Jel üzerindeki bantların farklı floresan renkleri,

DNA dizisinin belirlenmesinde önemli bir faktördür. Bu bantlar, oto radyografi yöntemi ile değerlendirilir ve sonuçta DNA dizisi doğrudan okunabilir hale gelir.



Şekil 2.9. Sanger DNA dizileme metodu



Şekil 2.10. Floresan renk veren bantların izlenmesi ve kapiler jel elektroforezi ile DNA dizisinin okunması

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Hayvan materyali ve örnek sayıları

Doktora tez çalışmasında, TAGEM tarafından yürütülen Antalya İlinde Halk Elinde Kıl Keçisi 1 Islah Projesi 07KIL-2011-01, Antalya İli Halk Elinde Honamlı Keçisi Islah Projesi-1 07HON-2011-01 ve Antalya İli Halk Elinde Honamlı Keçisi Islah Projesi-2 07HON-2017-02 kapsamında halk elinde yetiştirilen keçiler materyal olarak kullanılmıştır. Bu kapsamda, toplam 200 baş keçi, Honamlı (n=100) ve Kıl (n=100) rastgele örnekleme yöntemiyle seçilmiştir. Homojen bir örnekleme yapmak ve yaş faktörünü elemine edebilmek için, Tarım ve Orman Bakanlığı'nın Hayvancılık Bilgi Sistemi'nden (HAYBİS) yararlanarak 2019 doğumlu keçiler seçilmiştir (Çizelge 3.1).

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarından örnekleme yapılmadan önce hem Tarım ve Orman Bakanlığı'ndan (03.06.2021 tarih ve E-92190712-604.01.01-1589198 sayılı izin belgesi, EK-1) hem de Kıl ve Honamlı keçilerinde yürütülen Halk Elinde Islah projelerinin Proje Liderleri olan Doç. Dr. Taki KARSLI ve Doç. Dr. Hasan MEYDAN'dan gerekli resmi izinler (EK-2) alınmıştır. Ayrıca bu tez çalışması için Akdeniz Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurul'undan çalışmanın yürütülebilmesi için gerekli etik raporu (20.06.2022 tarih ve 1453/2022.06.008 sayılı rapor, EK-3) alınmıştır.

Çizelge 3.1. Çalışılan keçi ırklarına ait bölgeler ve sayıları

İrk	Alındığı bölge	n
Honamlı	Antalya-Elmalı-Bozhöyük	40
Honamlı	Antalya-Korkuteli-İmecik	30
Honamlı	Antalya-Korkuteli-Ardan	30
Kıl Keçisi	Antalya-Elmalı-İslamlar	30
Kıl Keçisi	Antalya-Elmalı-Ahatlı	30
Kıl Keçisi	Antalya-Elmalı-İslamlar	40
Toplam		200

Çizelge 3.1'de belirtilen sürülerdeki keçilerden K3-EDTA'lı ve vakumlu tüpler kullanılarak *vena jugularis* damarından toplam 10 ml kan örneği alınmıştır (Şekil 3.1). Alınan kan örnekleri soğuk zincirde Akdeniz Üniversitesi Hayvan Biyoteknolojisi Anabilim Dalı Genetik laboratuvarına getirilmiştir. DNA izolasyonu için kullanılabilecek kadar -20 °C'de derin dondurucuda muhafaza edilmiştir.



Şekil 3.1. Keçilerden kan örneği toplama işlemi

Üzerinde durulan gen bölgelerindeki SNP'lerin belirlenmesi amacıyla yapılan DNA dizi analizi için Honamlı (n=20) ve Kıl (n=20) keçi popülasyonlarından toplam 40 baş keçi damızlık değer tahminlerine göre seçilmiştir. Günlük canlı ağırlık artışı ve cıdago yüksekliği özellikleri için damızlık değer tahminleri çok değişkenli hayvan modeli temel alınarak bulunmuştur. Aşağıdaki förmülde de görüleceği üzere, çok değişkenli hayvan modelinde cinsiyet, doğum tipi ve ana yaşı faktörleri de modele dahil edilmiş ve her bir ırktaki 100 baş hayvan damızlık değerlerine göre yüksek, orta ve düşük olmak üzere 3 gruba ayrılmıştır. Dolayısıyla her bir ırktan yüksek, orta ve düşük damızlık değerine sahip 20 keçiye ait PCR ürünleri (2 ırk X 20 baş keçi X 5 gen = 200 örnek) DNA dizi analizine gönderilmiştir.

$$\text{GCAA özelliği için; } Y_1 = X_1 b_1 + Z_1 a_1 + e_1$$

$$\text{Cıdago özelliği için; } Y_2 = X_2 b_2 + Z_2 a_2 + e_2$$

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Yukarıdaki denklem sistemindeki unsurlar

Y_i = i. Özelliğe ait gözlem değerleri vektörü

b_i = i. Özellik için sabit etkili faktörler anne yaşı, doğum tipi ve cinsiyet vektörü

a_i = i. Özellik için şansa bağlı hayvan etkisi

e_i = i. Özellik için şansa bağlı çevre etkisi vektörünü tanımlamaktadır.

3.2. Araç gereçler ve tampon Çözeltiler

Araştırma olanakları bakımından çalışmanın yürütüleceği bölüm laboratuvarında temel genetik analizler (DNA izolasyonu, PCR çalışmaları, elektroforez vb.) için yeterli altyapı imkânı bulunmaktadır. Ancak ileri genetik analizler (DNA dizi analizi) için hizmet alımı yapılmıştır (Çizelge 3.2.) Genomik DNA moleküllerinin izolasyonunda kullanılmış olan tampon çözeltiler Çizelge 3.2 'de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Tampon çözeltilerin molarite/miktarı ve içerikleri

TamponÇözelti	Molarite/Miktar		İçerik
Eritrosit Lizis Tampon Çözeltisi	0.32	M	Sukroz
	10.00	mM	EDTA
	5.00	mM	MgCl ₂
Fizyolojik Tampon Çözeltisi	75.00	mM	NaCl
	25.00	mM	EDTA
Lizis TE Tampon Çözeltisi	500.0	mM	Tris-HCl
	20.00	mM	EDTA
	10.00	mM	NaCl
SDS Solusyonu (%10)	10.00	g	SDS
	100.0	ml'ye tamamlanır.	Saf dH ₂ O
6M NaCl Çözeltisi	3.51	g	NaCl
	10.00	ml'ye tamamlanır.	Saf dH ₂ O
DNA Yükleme Tampon Çözeltisi	5.00	ml	Gliserol
	2.00	ml	Bromfenol Blue
	1.50	ml	EDTA
	1.50	ml	Saf dH ₂ O
10 X TBE Elektroforez/Jel Stok Tampon Çözeltisi	108.0	g	Tris
	55.0	g	Borik Asit
	40.0	ml	0.5M EDTA (ph 8.0)
	1000	ml'ye tamamlanır.	Saf dH ₂ O
1 X TBE	100	ml	10 X TBE
Elektroforez/JelTampon Çözeltisi	1000	ml'ye tamamlanır	Saf dH ₂ O

3.3. Genomik DNA izolasyonu

Genomik DNA izolasyonu için, Meydan (2007) tarafından optimize edilen Miller vd. (1988) tarafından bildirilen protokol kullanılmıştır. Protokol aşağıdaki adımlarla gerçekleştirilmiştir:

1. 500 µl kan örneği 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne alınmıştır.
2. Örneklerin üzerine 1.000 µl Eritrosit Lizis Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.2) ilave edilmiş ve kısa bir süre vorteksle karıştırılmıştır. Daha sonra 10 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir.

3. Örnekler 3.000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
4. Tüplerin üst kısmında toplanan sıvı faz (süpernatant) dikkatlice uzaklaştırılmıştır. Dipte kalan peletlerin (hücre kısmı) rengi beyaz olana kadar Eritrosit Lizis Tampon Çözeltisi ile tekrar (en fazla 3 defa) muamele edilmiştir.
5. Peletlerin üzerine 1.000 µl Fizyolojik Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve kısa bir süre vortekslenmiştir.
6. Örnekler 3.000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiş ve santrifüj sonunda sıvı kısım dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır.
7. Peletlerin üzerine 600 µl Lisis TE Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve peletler iyice çözdürülmüştür.
8. Çözünen peletlerin üzerine 100 µl %10'luk SDS solusyonu (Çizelge 3.2.) ve 5 µl proteinaz K (10 mg/ml) eklenerek hafifçe vortekslenmiş ve 65 °C'de 30 rpm'de 1,5 saat çalkalamalı su banyosunda bekletilmiştir.
9. Örneklerin üzerine 200 µl 6M NaCl Çözeltisi (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve 15 dakika vortekslenmiştir. Ardından 11.000 rpm de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
10. Santrifüj sonunda supernatant yeni bir mikrosantrifüj tüpüne aktarılmıştır.
11. Örnekler 10.000 rpm de 5 dakika santrifüj edilmiş ve süpernatant yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarılmıştır. Örnekler üzerine yaklaşık 1.000 µl %99,9'luk etil alkol (-20 °C'den alınan) ilave edilmiştir.
12. Kümeleşen DNA iplikçiklerinin tüpün dibine çökmesi için tüp 10.000 rpm de 5 dakika santrifüj edilmiştir.
13. DNA peletinin üzerine 1.000 µl %70'lik etil alkol eklenerek 10.000 rpm'de 5 dakika santrifüj edilmiştir.
14. Santrifüjün ardından tüpün üstünde yer alan alkol uzaklaştırılmıştır.
15. Örnekler çeker ocak içerisinde kurumaya bırakılmıştır.
16. Tamamen kuruyan örneklerin üzerine 100 µl saf su ilave edilmiştir.
17. Örneklerden izole edilen genomik DNA moleküllerinin kalite ve miktarları %2'lik agaroz jelde ve BioDrop spektrofotometre cihazında kontrol edilmiştir.
18. Spektrofotometre ölçümleri sonucunda 260/280 dalga boylarında 1.8–2.0 saflık ve miktar olarak 50 ng/µl'den fazla olan örnekler PCR işlemine kadar +4 °C 'de muhafaza edilmiştir.

3.4. Gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılması

Bu tez çalışması kapsamında, keçilerde vücut ağırlığı, günlük canlı ağırlık artışı, kas kütlesi ve karkas özellikleri ile ilişkili aday genler (*GH1*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN*) seçilmiştir.

Keçilerde büyüme ile alakalı özellikleri kontrol eden ve büyümenin merkezi sistemini oluşturan *GH* ve *IGF-I* lokuslarının çoğaltımı için Hua vd. (2009) tarafından geliştirilen primerler kullanılmıştır. Keçi yetiştiriciliğinde büyümenin sonucu olarak üreme, et verimi ve süt verimi gibi ekonomik özellikleri kontrol eden *POU1F1* lokusu için Lan vd. (2009) tarafından geliştirilen primeler kullanılmıştır. Keçilerin vücut büyümesinde, bağışıklık fonksiyonunun kontrolünde obez gen olarak bilinen *LEP* lokusunun çoğaltılmasında Wang vd. (2015) tarafından belirlenen primerler kullanılmıştır. Kas kütle artışının potansiyel göstergesi olarak nitelendirilen *MSTN* lokusunu çoğaltmak için ise Li vd. (2008) tarafından tasarlanan primer dizileri kullanılmıştır (Çizelge 3.3).

Çizelge 3.3. Çalışılacak olan gen bölgesine ait primer dizileri.

Gen	Primer dizileri	PCR	Kaynak
<i>GH</i>	F: 5'CTCTGCCTGCCCTGGACT 3' R: 5' GGAGAAGCAGAAGGCAACC 3'	422 bç	Hua vd. 2009
<i>IGF-I</i>	F: 5' CACAGCGTATTATCCAC 3' R: 5' CTTCTGGCTCATAGTGTC 3'	363 bç	Hua vd. 2009
<i>LEP</i>	F: 5' CCATCATCTCCCTTCTT 3' R: 5' AATGTACAATGTGCCTTCTGAG 3'	450 bç	Lan vd. 2009
<i>POU1F1</i>	F: 5' ATGTGGGTGGTAACGGAGCA 3' R: 5' GGTGGGAGGCAAGGGAAGT 3'	412 bç	Wang vd. 2015
<i>MSTN</i>	F: 5' TGGCGTTACTCAAAAGCAAA 3' R: 5' AACAGCAGTCAGTCAGCAGAGTCG3'	497 bç	Li vd. 2008

Üzerinde durulan gen bölgelerinin amplifiye edilebilmesi için Çizelge 3.4'te verilen PCR Stok Tampon Çözeltileri örnek sayısı ile uyumlu olacak şekilde hazırlanmıştır. Daha sonra tüpler PCR cihazına yerleştirilmiş ve Çizelge 3.5'te verilen PCR programı uygulanmıştır. Primerlerin bağlanma sıcaklıkları farklı olduğu için her bir lokusa özgü primerlerin bağlanma sıcaklıkları Gradient PCR uygulaması (Thermo Scientific) yapılarak en uygun bağlanma sıcaklığı belirlenmiştir. Bu optimizasyon sonucunda *GH1* için 58°C, *IGF-I* için 52.5°C, *LEP* için 53.5°C, *POU1F1* için 54°C ve *MSTN* için 60°C'nin en uygun bağlanma sıcaklığı olduğuna karar verilmiş ve uygulanmıştır.

Çizelge 3.4. Genler için PCR Stok Tampon Çözeltilisi

Gen bölgesi	Miktar	İçerik	Derişim
<i>GH1</i>	0.5 µl	DNA	100ng
	2.5µl	Buffer	10X
	2.0 µl	MgCl ₂	25mM
	0.5 µl	dNTPs	2mM
	0.3 µl	Forward Primer	10pmol
	0.3 µl	Reverse Primer	10pmol
	0.2 µl	<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/ng
	14.0 µl	H ₂ O	
	20 µl	Toplam	
<i>IGF</i>	0.5 µl	DNA	100ng
	2.5 µl	Buffer	10X
	2.0µl	MgCl ₂	25mM
	0.5 µl	dNTPs	2mM
	0.2 µl	Forward Primer	10pmol
	0.2µl	Reverse Primer	10pmol
	0.2 µl	<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/ng
	13.9 µl	H ₂ O	
	20 µl	Toplam	
<i>LEP</i>	0.5 µl	DNA	100ng
	2.5µl	Buffer	10X
	2.0µl	MgCl ₂	25mM
	0.3 µl	dNTPs	2mM
	0.3 µl	Forward Primer	10pmol
	0.3 µl	Reverse Primer	10pmol
	0.5 µl	<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/ng
	13.6 µl	H ₂ O	
	20 µl	Toplam	
<i>POU1F1</i>	0.5 µl	DNA	100ng
	2.5µl	Buffer	10X
	2.5µl	MgCl ₂	25mM
	0.5 µl	dNTPs	2mM
	0.5 µl	Forward Primer	10pmol
	0.5 µl	Reverse Primer	10pmol
	0.2 µl	<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/ng
	12.8 µl	H ₂ O	
	20 µl	Toplam	
<i>MSTN</i>	0.5 µl	DNA	100ng
	2.5 µl	Buffer	10X
	2.5 µl	MgCl ₂	25mM
	0.5 µl	dNTPs	2mM
	0.5 µl	Forward Primer	10pmol
	0.5 µl	Reverse Primer	10pmol
	0.2 µl	<i>Taq</i> DNA polimeraz	5U/ng
	12.8 µl	H ₂ O	
	20 µl	Toplam	

Çizelge 3.5. Genler için PCR programı

94°C	→ 1 dk		DNA eksenlerinin birbirinden ayrılması (<i>initial denaturation</i>)
94°C	→ 1dk	} 35 döngü	DNA eksenlerinin birbirinden ayrılması (<i>denaturation</i>)
Tm	→ 45 sn		Primerlerin komplementer kalıp DNA eksenine bağlanması (<i>annealing</i>)
72°C	→ 45 sn		Üzerinde durulan DNA bölgesinin sentezinin yapılması (<i>extension</i>)
72°C	→ 10 dk		Üzerinde durulan DNA bölgesinin sentezinin son kez yapılması (<i>final extension</i>)

3.5. PCR ürünlerinin Elektroforezi

Örneklerin elektroforez işlemi için tampon çözeltisi olarak Çizelge 3.3'te içeriği verilen 10X Elektroforez/Jel Stok Tampon Çözeltisi kullanılmıştır. Bu 10xTBE (Tris/Borik asit/EDTA) çözeltisi, 54 g/L Tris-HCl, 27.5 g/L borik asit ve 40 mL EDTA (0.5 M, pH: 8.3) kullanılarak hazırlanmıştır. Hazırlanan stok 10X TBE çözeltisi, 9 kat saf su ile sulandırılarak 1X TBE Elektroforez/Jel Tampon Çözeltisi elde edilmiştir. Elde edilen 1X TBE çözeltisi hem elektroforez tankı için ve hem de agaroz jelin hazırlanması için kullanılmıştır.

Gerçekleştirilen PCR işleminin çalışıp çalışmadığı ve elde edilen PCR ürünlerinin kalitesi %2'lik agaroz jellerinden yararlanılarak kontrol edilmiştir. Toz halindeki agaroz (Sigma, Cat No: 17850)'dan 4 g tartılıp erlen mayerin içine konmuş ve üzerine 1X TBE Elektroforez/Jel Tampon Çözeltisi eklenerek 200 ml'e tamamlanmıştır. Daha sonra mikro dalga fırında homojen bir şekilde çözünmesini sağlamak amacıyla 2-4 dk kaynatılmıştır. Tamamen çözündüğü zaman erlen mayer çeker ocak içerisinde biraz soğutulmuş ve üzerine 5 µl etidyum bromid (Et-Br) (15 mg/ml) çözeltisi eklenmiştir. Hazırlanmış olan jel, 24 kuyucuklu tarak bulunan jel tablasına dikkatli bir şekilde dökülerek oda sıcaklığında yaklaşık 30 dk soğutulmuştur. Daha sonra taraklar dikkatli bir şekilde çıkarılmış ve jel elektroforez tankına yerleştirilmiştir (Şekil 3.2).

PCR ürünlerinden 5 µl alınarak 0.2 µl'lik PCR tüplerine konulmuş ve üzerine 2 µl DNA Yükleme Tampon Çözeltisi (Çizelge 3.2) eklenmiştir. PCR ürünlerinin büyüklüğünü tahmin etmek için jeldeki kuyucuğun bir tanesine 100 bp'lik (Thermo Scientific, Cat No:1562801) standart DNA markırı (DNA Ladder) yüklenmiştir. Elektroforez işlemi 80 voltta yaklaşık olarak 60 dk sonra tamamlanmıştır (Şekil 3.2). Elektroforez işleminden sonra jel, UV görüntüleme cihazına koyularak PCR ürünlerinin varlığı kontrol edilmiş ve jel resmi bilgisayar ortamına aktarılmıştır (Şekil 3.3). Yeterli kalitede elde edilen PCR örneklerinden 15 µl ve sekans PCR işlemi için forward ve reverse primerler, DNA dizi analizi için hizmet alımı yapılan firmaya gönderilmiştir.

Gönderilen PCR örnekleri DNA dizi analizi işleminden önce purifiye edilmiş ve DNA dizi analizi gerçekleştirilmiştir.



Şekil 3.2. Elektroforez cihazı



Şekil 3.3. UV’de görüntülenme cihazı

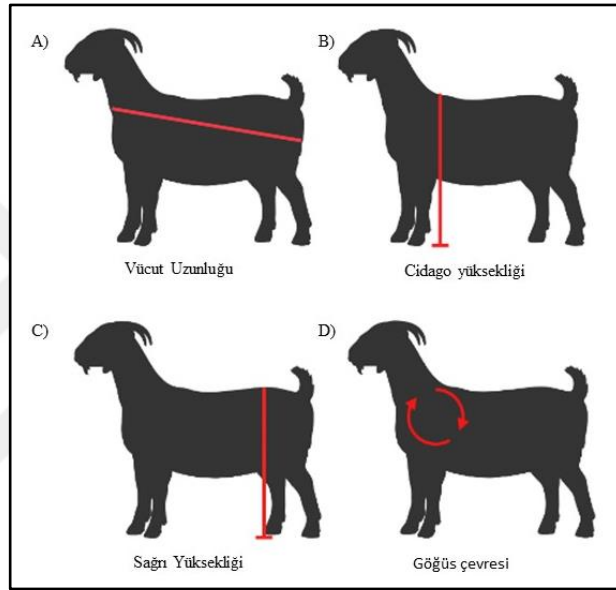
3.6. Fenotipik (büyüme özellikleri) verilerinin elde edilmesi

Çalışmada materyal olarak kullanılan her bir Honamlı ve Kıl keçisine ait GCAA, vücut uzunluğu, cidago yüksekliği, sağrı yüksekliği ve göğüs çevresi fenotipik verileri

ilişkilendirme analizleri için kullanılmıştır. Bu verilerden doğum ağırlığı ve 90. gün canlı ağırlıkları, 100 g hassasiyetli tabla baskül kullanarak ölçülmüştür. Daha sonra aşağıdaki formüle göre keçilerin GCAA değerleri hesaplanmıştır.

$$GCAA = \frac{90. \text{gün canlı ağırlığı} - \text{doğum ağırlığı}}{\text{ölçümün yapıldığı gün}}$$

Vücut uzunluğu, cidago yüksekliği, sağrı yüksekliği ve göğüs çevresi uzunlukları ise ölçü bastonu ve ölçü şeridi kullanılarak elde edilmiştir. Bu büyüme özellikleri için ölçümler, Şekil 3.4'te gösterildiği gibi gerçekleştirilmiştir.



Şekil 3.4. Keçilerde vücut ölçülerinin alındığı noktalar

Canlı ağırlık (CA): Hayvanın belirlenen günlerde tabla baskül kullanarak ölçülen vücut ağırlığıdır. Cidago yüksekliği (CD): Sırt omurlarından en uzun kemik noktası (cidagonun en yüksek kısmı) ile zemin arasındaki mesafe ölçülmüştür. Sağrı yüksekliği (SY): Sağrı kemiğinin en yüksek noktası ile yere kadar olan dikey mesafe ölçülmüştür. Göğüs çevresi (GÇ): Hayvanlarda göğüsün en geniş yerinden alınan mesafe ölçülmüştür. Vücut uzunluğu (VU): Omuz başı ve oturma yumrusu (ön sağrı ve arka sağrı arası) arasındaki mesafe ölçülmüştür (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. Keçilerde vücut ölçümlerinin alınması

3.7. Moleküler veri analizi

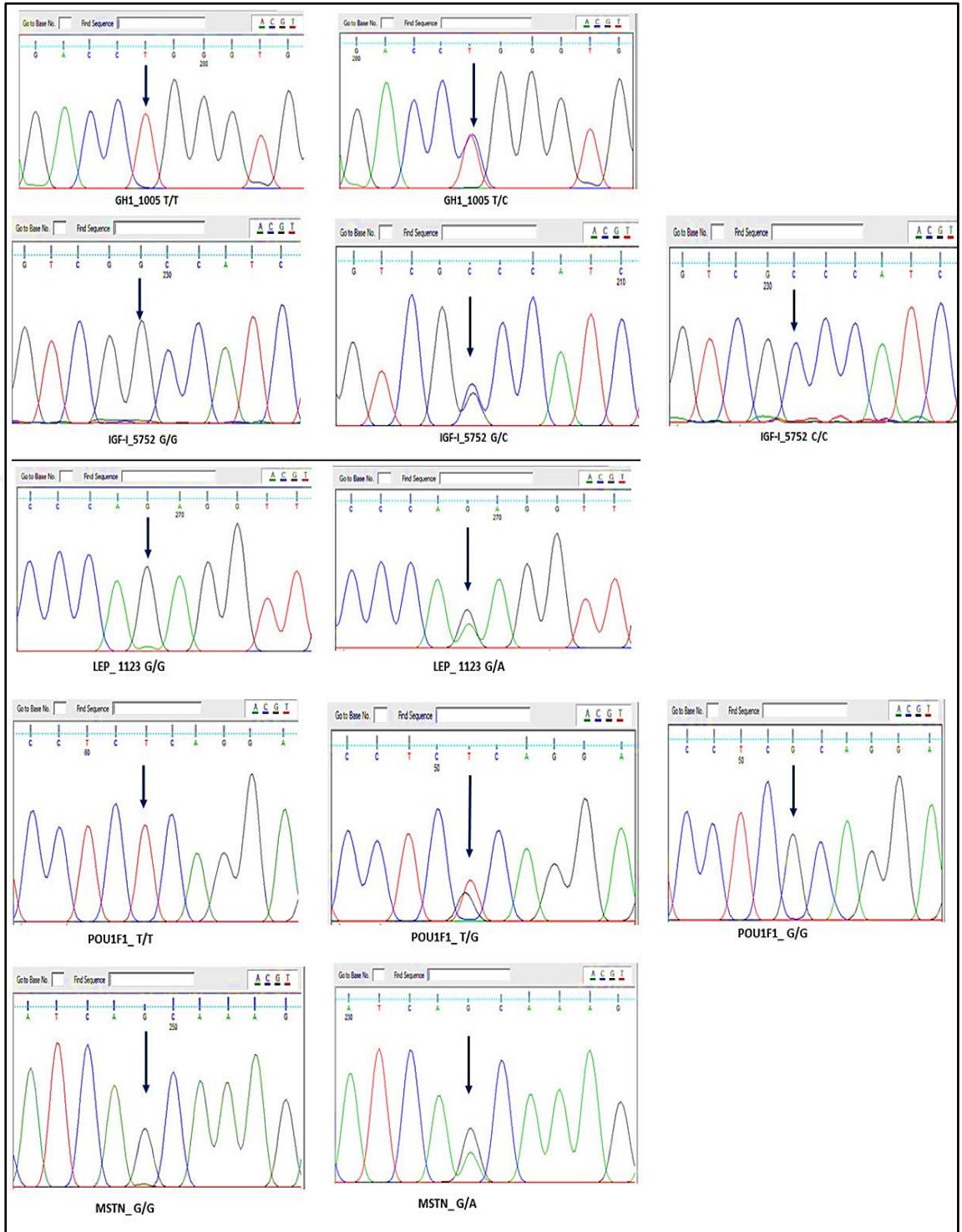
Bu tez çalışması kapsamında elde edilen dizi analizi sonuçlarının değerlendirilebilmesi ve yorumlanabilmesi için bir çok istatistik parametre ve biyoinformatik yöntem kullanılmıştır. Bu parametrelerin hesaplanabilmesi ve yöntemler için de bir çok yazılımdan yararlanılmıştır.

3.7.1. DNA dizilerinin kontrolü

Hizmet alımı olarak gerçekleştirilen DNA dizi analizi sonuçları FinchTV 1.5.0 (Geospiza Inc., Seattle, WA) programı kullanılarak görüntülenmiştir. Firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı dizileme sonuç dosyaları) bu programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilerek var olan mutasyonlar (SNP'ler) tespit edilmiştir. Örneklere ait DNA dizi analizi sonuçlarının FinchTV programı ile kontrol edilmesinden sonra, tüm örneklere ait DNA dizileri MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programına girilmiş ve ClustalW algoritması kullanılarak hizlanmışlardır (alignent).

3.7.2. Genotiplerin belirlenmesi

Çalışılan Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarına ait bireylerin genotipleri, üzerinde durulan 5 lokus bakımından otomatik DNA dizi analizi ile belirlenmiştir. Genotiplerin belirlenebilmesi amacıyla her bir örneğe ait DNA dizi analizi sonuçlarındaki pikler tek tek kontrol edilmiş ve olası SNP'lere bakılarak her bir hayvanın genotipine (AA, AB veya BB) karar verilmiştir (Şekil 3.6).



Şekil 3.6. DNA dizi analiz sonuçlarına göre genotiplerin belirlenmesi

3.7.3. Allel ve genotip frekansları

Bu tez çalışması kapsamında Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında üzerinde durulan lokuslar bakımından allel ve genotip frekansları, elde edilen DNA dizilerinden Nei (1987)'nin gen (allel) sayma (counting the number of gene) yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır. Gen frekansları hesaplanırken POPGENE v1.32 (Yeh vd. 1997) paket programı kullanılmıştır.

3.7.4. Nükleotit yer değiştirme oranları

Çalışılan bölgelerdeki nükleotit yer değiştirme oranlarının belirlenebilmesi için MEGA7 (Kumar vd. 2016) programı kullanılmıştır. Çalışılan tüm örneklerde Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2004; 2013) modeli kullanılarak nükleotit değişimleri (transition/transversion eğilimi, *transition/transversion bias*, R) hesaplanmıştır. Bu hesaplama yapılırken aşağıdaki formül (Tamura vd. 2004; 2013) kullanılmıştır:

$$R = [A*G*k1 + T*C*k2]/[(A+G)*(T+C)]$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k1: pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ve k2: pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi.

Herhangi bir gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğiliminin, DNA dizisinde meydana gelen evrimin genel bir özelliği olduğu bilinmekle birlikte, hayvan mitokondriyal DNA'larında (mtDNA) nükleer (nDNA) veya kloroplast DNA (cpDNA)'larına göre daha belirgindir (Wakeley 1996). Toplam transisyon/transversiyon eğiliminin (R) tahmin edilmesi, sadece DNA diziliminin evrimini anlamamız açısından değil, aynı zamanda DNA dizi mesafeslerinin ve filogenetik yapılandırılmanın daha güvenilir olması açısından önemlidir.

3.7.5. Genetik çeşitlilik ve haplotip analizleri

Çalışılan keçi popülasyonlarında yapılan genetik çeşitliliğin belirlenebilmesi için haplotip sayısı (h), haplotip çeşitliliği (Hd), polimorfik bölge sayısı (S), ortalama nükleotit farklılık sayısı (k) ve nükleotit çeşitliliği (π) istatistik parametreleri, DnaSP (Librado ve Rozas 2009) programından yararlanılarak hesaplanmıştır. Bunun için MEGA7 programı sonrası .meg olarak ya da fasta formatında kaydedilen dosyalar DnaSP programında açılmış ve “Generate” → “Haplotype Data File” seçenekleri kullanılarak haplotip analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu analiz sonucunda elde edilen veriler RDF dosyası (.rdf, Roehl Data File) olarak ve Nexus dosyası olarak kaydedilmiştir.

Popülasyonlar içinde veya arasında var olan nükleotit çeşitliliğini ortaya çıkarmak popülasyon genetiği çalışmalarının en önemli amaçlarından birisidir. Nükleotit çeşitliliği, DNA dizilimindeki farklı nükleotitlerin veya bölgelerinin belirlenmesi ve bu bölgelerin diziyi oluşturan nükleotit sayısına bölünmesi ile tahmin edilmektedir. Bu tahmin edilen değerler, popülasyonlar arasındaki ve içindeki genetik çeşitliliği ortaya koyabilmek için yoğun bir şekilde kullanılmaktadır (Nei ve Kumar 2000). Nükleotit çeşitliliği (π), iki dizi arasındaki bölge başına ortalama nükleotit farklılığı sayısı olarak da adlandırılır ve bir

popülasyonun genetik çeşitliliğinin bir ölçüsüdür. Rastgele çiftleşen popülasyonlarda nükleotit düzeyinde heterozigotluktur (Nei 1987). Haplotip çeşitliliği (Hd) ise, bir veri setinde (popülasyon) rastgele seçildiklerinde iki dizinin farklı haplotiplerinin ortaya çıkma olasılığını ölçer. Bir popülasyondaki heterozigotluk seviyesi bu ölçü ile tahmin edilebilir.

3.7.6. Nötralite test sonuçları

Kimura (1968) tarafından ortaya atılan nötral teori, genetik çeşitliliğin büyük kısmının seleksiyonla değil, genetik sürüklenme ve mutasyonlar ile ortaya çıktığını ve bunun sonucunda da bazı allellerin rastgele nötral durumda kaldığını savunmaktadır. Bu nedenle nötralite teorisi, popülasyondaki çeşitliliğin yapılan pozitif ya da negatif bir seleksiyondan mı yoksa rastgele mi olduğunun test edilmesinde kullanılmaktadır (Hedrick 2005). Çalışılan Honamlı ve Kıl popülasyonlarında nötral teorisinin test edilmesi amacı ile ARLEQUIN (Excoffier vd. 2005) programından faydalanılmış ve Tajima's D istatistikleri hesaplanmıştır.

Tajima'nın D değerinin negatif bir değer almasının sebebi, düşük heterozigotluktan ve haplotip sayısının beklenenden düşük olmasından kaynaklanmaktadır. Başka bir deyişle beklentiye göre düşük frekanslı polimorfizmlerin fazlalığına ve nadir görülen allellerin fazla olmasına işaret eder. Negatif Tajima'nın D değeri popülasyonda genişlemenin olduğuna işaret etmektedir. Tajima'nın D değerinin pozitif olmasının sebebi ise heterozigotluk değerinin yüksek olması ve beklenenden yüksek haplotip sayısının olmasından kaynaklanmaktadır. Başka bir deyişle nadir görülen allellerin çok az olmasına ve hem düşük hem de yüksek frekanslı polimorfizmlerin düşük seviyelerde olmasına işaret eder. Pozitif Tajima'nın D değeri popülasyonda dengeli bir seleksiyon (balancing selection) olduğunun göstergesidir (Tajima 1989).

3.7.7. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

Moleküler marker yöntemleri kullanılarak elde edilen verilerin istatistik analizlerinde Moleküler Varyans Analizi (Analysis of Molecular Variance, AMOVA) kullanılmaktadır. Bu analiz Excoffier vd. (1992) tarafından Varyans Analizi (ANOVA) formülleri moleküler verilere göre düzeltilerek geliştirilen çok değişkenli bir analiz yöntemidir. AMOVA yöntemi esas olarak bir popülasyonda rastgele ele alınan iki bireyin rastgele ele alınan allelleri arasındaki genetik korelasyonunu dikkate almaktadır. Böylece bir popülasyonda tespit edilen toplam genetik varyansın bileşenlerine ayrılarak her bir faktörün toplam varyasyondaki paylarının belirlenmesi AMOVA analizinin temelini oluşturmaktadır. AMOVA ile toplam genetik varyasyonun ne kadarının çalışılan popülasyonların farklı olmasından (among population), ne kadarının ise popülasyonlardaki bireylerin farklı olmasından (within population) kaynaklandığı belirlenebilmektedir. Bu çalışmada AMOVA analizi için ARLEQUIN (Excoffier ve Heckel 2006) paket programı kullanılmıştır.

3.7.8. Genetik uzaklık değeri

Genetik mesafe, (ister ortak atadan itibaren geçen süreyi ister farklılaşma derecesini ölçsün) türler arasındaki veya bir tür içindeki popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın bir ölçüsüdür (Nei 1987). Birçok benzer allele sahip popülasyonların genetik

mesafeleri küçük olmakla birlikte bu durum yakın akraba olduklarını ve yakın zamanda ortak bir ataya sahip olduklarını göstermektedir. Bu değer biyolojik çeşitliliğin kökenini anlamak için de kullanılmaktadır. Örneğin, evcilleştirilmiş hayvanların farklı ırkları arasındaki genetik mesafeler, genetik çeşitliliği korumak için hangi ırkların korunması gerektiğini belirlemek amacıyla sıklıkla araştırılmaktadır. Ayrıca aynı tür içerisindeki farklı ırkların da evcilleştirme süreci boyunca birbirlerinden genetik olarak ne kadar farklılaştıklarını göstermektedir.

Popülasyonlar, geçmişte gruplara bölünerek, gen akışı, genetik sürüklenme veya aynı seleksiyon etkisine maruz kalma sonucunda birbirlerine benzerlik gösterebilir. Bu durumda, genetik uzaklık değerleri düşük olur. Tam tersine, uzun süre boyunca herhangi bir gen akışı olmaması, etkili genetik sürüklenme veya farklı seleksiyon etkileri sonucunda popülasyonlar arasında büyük farklar oluşabilir ve genetik uzaklık değerleri yüksek çıkabilir. Genetik uzaklık değeri, teorik olarak 0 ile 1 arasında hesaplanır ve değer yükseldikçe popülasyonlar arasındaki farklılık artar. Bu tez çalışmasında, Nei'nin genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri POPGENE v1.32 (Yeh vd. 1997) programı kullanılarak hesaplanmıştır.

3.7.9. İkişerli (pairwise) F_{ST} değeri

F_{ST} değeri, alt popülasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ölçülmesi olup, alt popülasyonlardan rastgele ele alınan iki gametin ortak atadan gelme ihtimalini belirtmektedir. Bir lokus açısından popülasyonları karşılaştırmada kullanılmaktadır. Popülasyonlarda genetik farklılaşmaların ölçümünde en yaygın kullanılan değerdir. F_{ST} 0 ile 1 arasında bir değer alır. Belirlenen F_{ST} değeri 1'e ne kadar yakın ise alt popülasyonlar ortak atadan oldukça uzak olduğu dolayısıyla F_{ST} değeri küçük olduğu zaman popülasyonların arasındaki varyasyonun da az olduğu söylenebilir. Yani iki popülasyon birbirine genetik olarak benziyor demektir.

Hartl ve Clark (2007)'a göre, popülasyonlar arasındaki genetik farklılık 4 farklı grupta toplanmıştır. Wright (1978)'a göre popülasyonlar arasındaki genetik farklılıklar 0.05'ten daha küçük ise bu farklılıkların biyolojik olarak herhangi bir anlam taşımadığı bildirilmiştir.

Eğer iki popülasyon arasındaki F_{ST} değeri;

- 0.00-0.05 arasında bir değer alıyor ise küçük bir genetik farklılaşma;
- 0.05-0.15 arasında bir değer alıyor ise orta düzeyde farklılaşma;
- 0.15-0.25 arasında bir değer alıyor ise büyük bir genetik farklılaşma;
- 0.25'ten büyük değerler alıyorsa çok büyük bir genetik farklılaşmanın mevcut olduğu söylenebilir (Hartl ve Clark 2007).

Bu tez çalışması kapsamında ikişerli F_{ST} değerleri ARLEQUIN (Excoffier vd. 2006) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

3.7.10. Genetik farklılaşma katsayısı (G_{st})

Çoklu allelik yapının var olduğu alt popülasyonlar arasındaki genetik farklılığın tanımlanmasında F_{ST} 'nin G_{st} ile gösterilebileceği belirtilmektedir. Bu durumda G_{st} ,

F_{ST} 'nin tartılı ortalaması olarak değerlendirilmekte ve genetik farklılaşma katsayısı (coefficient of gene differentiation) olarak ifade edilmektedir. Bu tez çalışması kapsamında Honamlı ve Kıl popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma katsayısı DnaSP (Librado ve Rozas 2009) programından yararlanılarak hesaplanmıştır.

3.7.11. Gen akış (Nm) değerleri

Farklı popülasyonlar arasındaki farklılıkların belirlenmesinde söz konusu popülasyonlar arasında meydana gelen göçün etkisi göz ardı edilmemelidir. Farklı popülasyonlar arasında her generasyon göç eden bireylerin gerçek sayısı ise, gen akışı (Nm , *gene flow*) ile ifade edilmektedir. Bir popülasyondaki bir bireyin başka bir bölgedeki popülasyona genetik faktör olarak katkıda bulunması göç (m , *migration*) olarak ifade edilmektedir. Hartl ve Clark (2007)'e göre göç, popülasyonların birbirlerinden farklılaşmasını önleyen temel bir faktör olarak ele alınmaktadır.

Nm değeri iki farklı yöntemle hesaplanmaktadır.

1- Nm hesaplama yönteminde özgün allellerin frekanslarından yararlanılmaktadır. Farklı popülasyonlardan hesaplanan özgün allellerin ortalama gen frekanslarının doğrusal bir fonksiyonu olarak Nm değerinin logaritmik azalmalarına dayandırılan yöntemdir

2- Nm değerinin F_{ST} 'ye bağlı olarak tahmin edilmesidir. Nm değeri, F_{ST} 'ye bağlı olarak ters bir ilişki içinde değişmektedir. F_{ST} küçüldükçe göç eden bireylerin sayısı artmaktadır. Popülasyonlar arasında tam bir genetik izolasyon söz konusu ise $Nm = 0$ ($F_{ST} = 1$) olmaktadır. Popülasyonlar arasında meydana gelen gen akışı, F_{ST} değerine bağlı olarak, $F_{ST} = 1 / (1 + 4 Nm)$ eşitliği kullanılarak tahmin edilir (Yeh vd. 1997).

$Nm = 0.25$ ise, popülasyonlar arasında her dört generasyonda bir birey göç etmektedir.

$Nm = 0.50$ ise, popülasyonlar arasında her iki generasyonda bir birey göç etmektedir.

$Nm = 1.00$ ise, popülasyonlar arasında her generasyon bir birey göç etmektedir.

$Nm = 2.00$ ise, popülasyonlar arasında her generasyon iki birey göç etmektedir.

3.8. Genotip-Fenotip ilişkilendirme Analizleri

Tespit edilen SNP'lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler (GCAA, cidago yüksekliği, sağrı yüksekliği, vücut uzunluğu ve göğüs çevresi) ile alakalı olup olmadığının belirlenmesi için MINITAB 19 paket programı kullanılarak varyans analizi (ANOVA) yapılmıştır. Genel Lineer Model kullanılarak yapılan analizde, fenotipik özelliklere SNP'lerin etkilerini ortaya koyabilmek için diğer değişkenler olan cinsiyet, anne yaşı ve doğum tipi de modele dahil edilmiştir. Kullanılan istatistik model aşağıdaki gibidir:

$$Y_{ijklm} = \mu + G_i + C_j + D_k + A_l + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm} : i. genotipteki, j. cinsiyette olan, k. doğum tipinde ve l. ana yaşında doğan m. oğlağın Y özelliğine ait değeri,

μ : Popülasyon ortalaması

G_i : i. genotipteki oğlakların etki miktarı (i: AA, AB, BB)

C_j : j. cinsiyetteki oğlakların etki miktarı (j: dişi, erkek)

D_k : k. doğum tipinde doğan oğlakların etki miktarı (k: tekiz, ikiz)

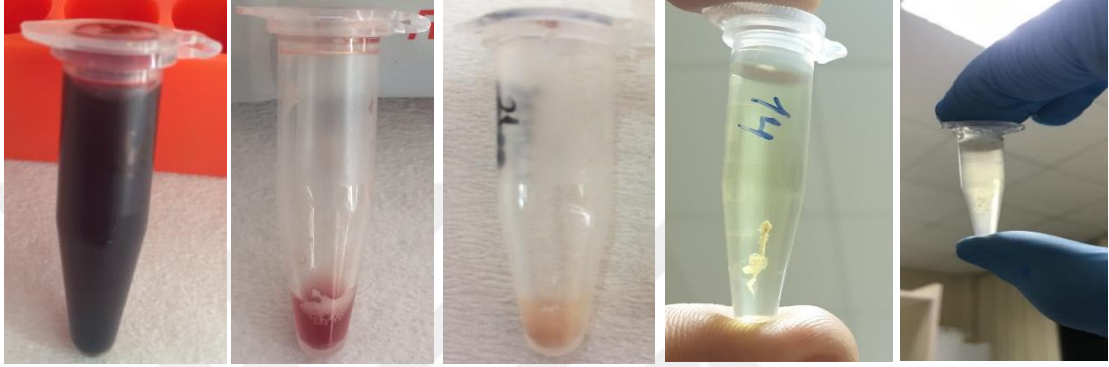
A_l l. ana yaşında doğan oğlakların etki miktarı (l: 1, 2, 3, 4, 5+)

e_{ijklm} : hata terimi (rastgele etki miktarı)

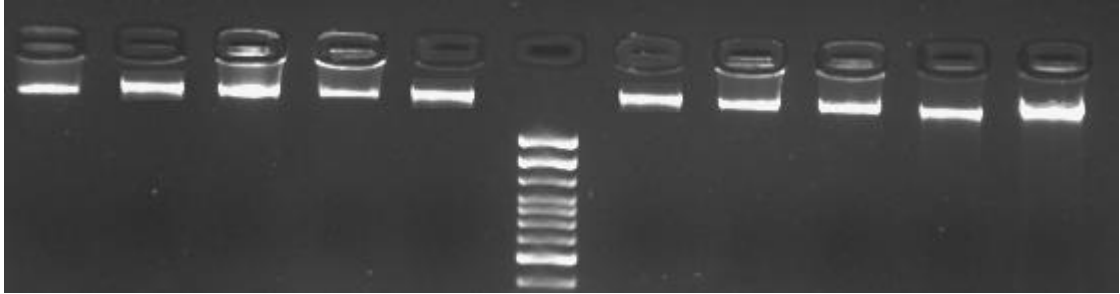
4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. DNA İzolasyonu

Honamlı ve Kıl ırkı keçileriden alınan kanlardan Miller vd. (1988) tarafından geliştirilen tuz çöktürme (salting-out) yöntemi kullanılarak genomik DNA izolasyonu yapılmıştır (Şekil 4.1). DNA izolasyonu sonucunda elde edilen DNA moleküllerinin kırılmadığı ve tek parça halinde bulundukları %2'lik agaroz jelleri ile kontrol edilmiştir. Elde edilen genomik DNA'ların kalitatif (BioDrop) ve kantitatif tayinleri (Elektroforez) yeterli seviyede olduktan sonra PCR işlemine geçilmiştir (Şekil 4.2).



Şekil 4.1. Tuz çöktürme (salting-out) yöntemi ile Genomik DNA izolasyonu

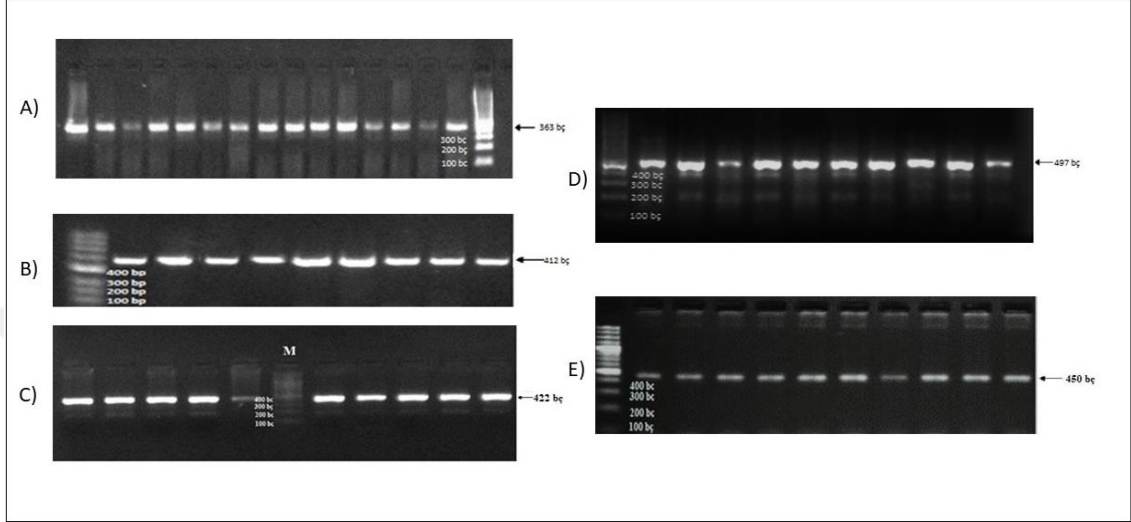


Şekil 4.2. DNA'ların %2'lik agaroz jel elektroforez görüntüsü

BioDrop analizlerine göre Kıl ve Honamlı keçilerine ait laboratuvarımızda izole edilen DNA'ların ortalama miktarı ve 260/280 saflık oranları sırasıyla 183.56 ± 4.71 ng/ μ l ve 1.79 ± 0.03 olarak hesaplanmıştır. Bu değerler Honamlı ve Kıl keçileri için sırasıyla 193.22 ± 7.01 ng/ μ l ve 1.81 ± 0.03 ; 175.70 ± 6.12 ng/ μ l ve 1.78 ± 0.04 olarak bulunmuştur. Elde edilen genomik DNA'nın miktarı yapılan çalışma için yeterli görülmüş ve PCR reaksiyonları için uygun oranda seyreltilerek kullanılmıştır. Elde edilen DNA'nın saflık oranı (260/280) ise istenilen aralıktadır. Çünkü DNA saflık oranının PCR analizleri için 1.70-1.90 arasında olması istenir. Görüleceği üzere tarafımızdan elde edilen DNA'ların saflık oranı bu aralıktadır.

4.2. Gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılması

Bu tez çalışmasında kullanılan *GH*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN* genlerine ait PCR koşulları laboratuvar koşullarına göre optimize edilerek ilgili genlerin çoğaltma işlemleri gerçekleştirilmiştir. Bazı keçi örneklerine ait PCR ürünlerinin %2' lik agaroz jel görüntüsü Şekil 4.3 verilmiştir.



Şekil 4.3. PCR ürünlerinin %2' lik agaroz jel görüntüsü. A: *IGF* (363bp.), B: *LEPTİN* (412bp.), C: *GH* (422bp.), D: *MSTN* (497bp.) E: *POU1F1* (450bp.)

Bu tez çalışması kapsamında üzerinde durulan genlere ait bölgeler literatürde bildirilen primerler ile PCR'da başarılı bir şekilde amplifiye edilmiştir. PCR ürünlerinin jel üzerinde kontrolü yapıldıktan sonra yeterli miktar ve kalitede olduğuna karar verilen örnekler DNA dizi analizi için +4 C'de muhafaza edilmiştir. PCR ürünlerinde sıkıntı yaşanan örnekler tekrar PCR işlemine tabi tutulmuş ve DNA dizi analizi için hazır hale getirilmiştir.

4.3. DNA Dizi Analiz Sonuçları

Şimdiye kadar gerçekleştirilen arkeolojik kanıtlara göre, Anadolu'da insanoğlu tarafından evcilleştirilen en eski çiftlik hayvanlarından bir tanesi de keçidir (Zeder 2008). Evcilleştirilmiş keçiler (*Capra hircus*), artık dünya çapında neredeyse her yere dağılmış durumdadır ve tüm çiftlik hayvanları arasında en bol bulunanlar arasındadır. Yerli keçiler geleneksel olarak hayvancılık sektöründe önemli bir rol oynamış, genellikle, su ve yem kıtlığında, ekstansif koşullar altında ise yüksek kaliteli ürünler üretmiştir. Genel olarak, bu hayvanlar yıllar içinde zorlu koşullara çok iyi adapte olmuştur, ancak marjinal alanlarda tarımın giderek terk edilmesi ve kültür ırklarıyla kontrolsüz melezlenmeleri nedeniyle varlıkları tehdit altındadır.

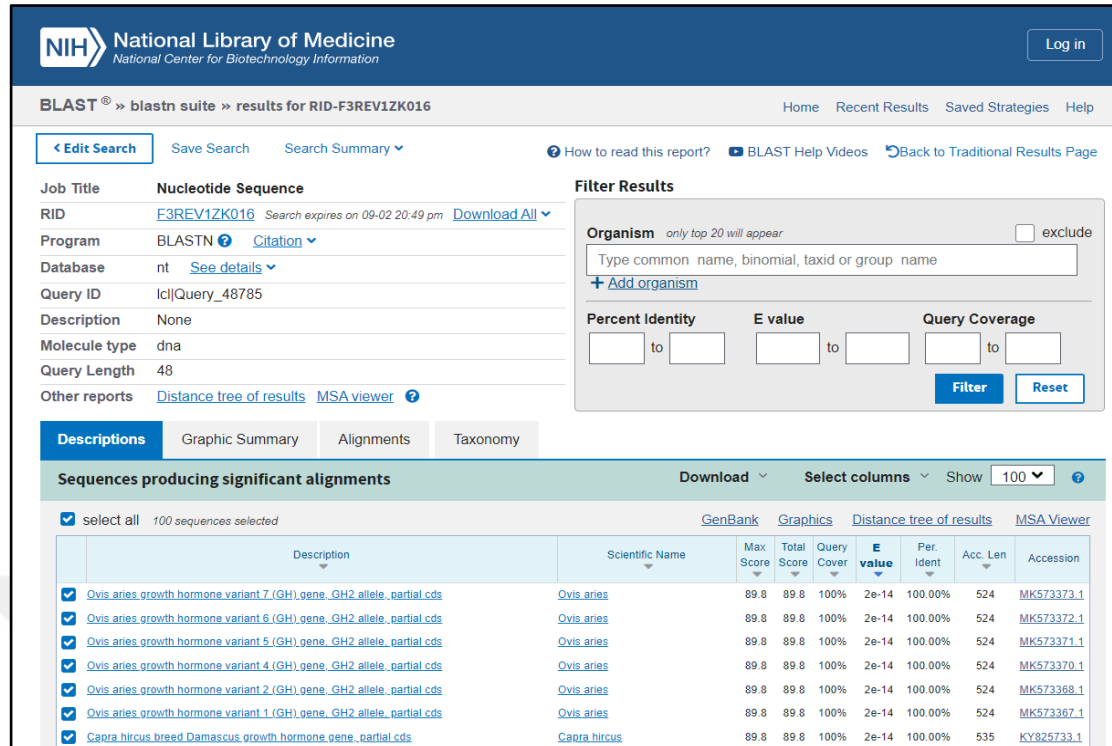
Dünya çapında hayvan genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımına ilişkin artan bilgi ve farkındalık nedeniyle, çiftlik hayvanı türlerinin genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi önemlidir. Evcilleştirme ve dağılım geçmişlerinin anlaşılması da önemli konular haline gelmiştir. Aslında, daha önce yapılan çok sayıda çalışma, dünyanın çeşitli bölgelerindeki evcil keçi popülasyonlarının/ırklarının coğrafi

dağılımının ve kökeninin mevcut anlayışına katkıda bulunmuştur. Daha önce de belirtildiği gibi Anadolu, insan göçünde ve Asya ile Afrika arasında deniz ve kara koridorları aracılığıyla malların, bitkilerin, mahsullerin ve hayvanların yayılmasında önemli bir rol oynamıştır (Pidancier vd. 2006). Evcilleştirme merkezine yakın bölgelerde yetiştirilen çiftlik hayvanlarının önemli bir gen kaynağı olması sebebiyle, bu tez çalışması kapsamında Türkiye yerli keçi ırklarından olan Honamlı ve Kıl keçilerinin genetik çeşitliliğinin ortaya konması, bu ırkların genetik ilişkileri hakkındaki bilgi birikiminin artırılması ve üzerinde durulan gen bölgelerindeki SNP'ler ile büyüme özellikleri arasındaki korelasyonların belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu amaca yönelik olarak, Antalya'nın Korkuteli ve Elmalı ilçelerinde yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarından büyüme özellikleri ile alakalı 5 tane gen bölgesine ait DNA dizi verileri elde edilmiştir. Her bir gen bölgesinin DNA dizi analizleri ile ilgili sonuçlar aşağıda sunulmuştur.

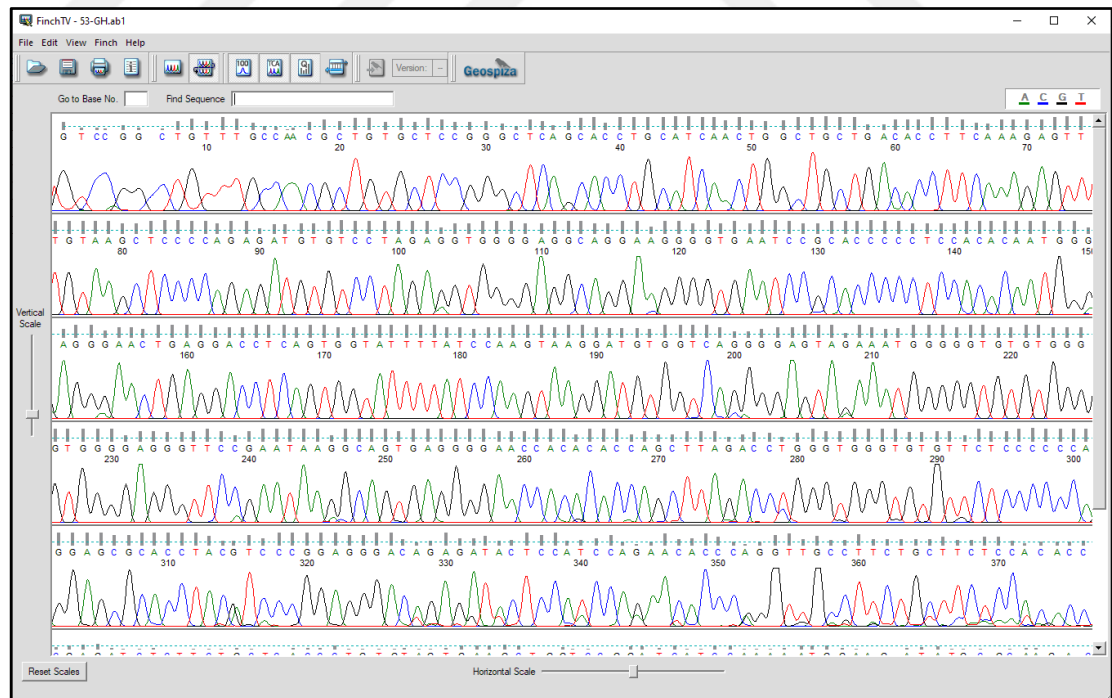
4.3.1. *GH1* dizilerinin kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında *GH1* bölgesinin dizi analizi için BM Labosis (BM Yazılım Danis. ve Lab. Sis. Ltd. Şti) firmasından hizmet alımı gerçekleştirilmiştir. Firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçları öncelikle BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) edilerek sonuçların doğruluğu kontrol edilmiştir. BLAST sonuçları incelendiğinde firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçlarının, daha önceden yürütülmüş olan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.4).

BLAST işleminden sonra, firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı sekans sonuç dosyaları) Finch TV isimli programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilmiştir. Özellikle kontrol işlemi yapılırken sekans piklerine dikkat edilmiş ve var olan mutasyonlar tespit edilmiştir (Şekil 4.5). Kontrol işlemi esnasında bazı örnekler için sekans sonuçlarının düzgün olmadığı/çalışmadığı tespit edilmiş olup bu örnekler için tekrar PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve dizi analizi için firmaya tekrar gönderilmiştir.

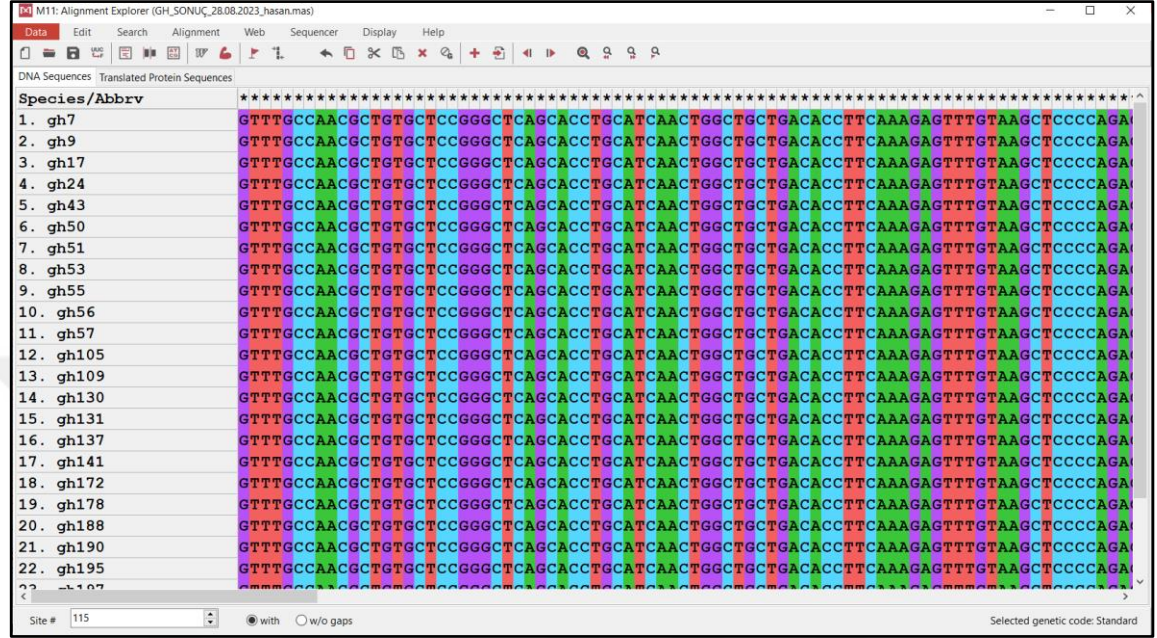


Şekil 4.4. *GH1* DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi



Şekil 4.5. *GH1*'e ait 422 bç'lik DNA dizi analizi sonuçları

Bütün örnekler için DNA dizi analizi sonuçlarının kontrol edilmesinden sonra, örnekler için DNA dizilerinin MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programı ile hizalanmış (ClustalW algoritması kullanılarak) hali Şekil 4.6'da görülmektedir. Örneklerin hizalanmasından sonra MEGA7 programında hazırlanan dosya analizler için .mas ve .meg uzantılı olarak kaydedilmiştir.



Şekil 4.6. *GH1*'e ait DNA dizi analizi sonuçlarının MEGA7 programı ile hizalanması (alignment)

4.3.2. *GH1* nükleotit yer değiştirme oranları

MEGA7 programında Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2021) modeli kullanılarak hesaplanan nükleotit değişimleri (toplam transisyon/transversiyon eğilimi; transition/transversion bias, R) Çizelge 4.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.1. *GH1*'in nükleotit yer değiştirme modelinin maksimum bileşik olabilirlik tahmini

	A	T	C	G
A	-	4.11	5.23	24.94
T	4.81	-	8.56	6.47
C	4.81	6.72	-	6.47
G	18.53	4.11	5.23	-

Her bir veri, bir nükleotitten (sıra) başka bir nükleotide (sütun) yer değiştirme olasılığını (r) göstermektedir. Tabloda bulunan olasılık (r) değerlerinin toplamı 100'e eşittir. Transisyon (transition) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları koyu harflerle, transversiyon (transversion) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları ise italik harflerle gösterilmiştir. Tablodan da anlaşılacağı üzere transisyon tipi nükleotit yer değişim oranları çok yüksek bulunmuştur.

Bu tez kapsamında üzerinde durulan gen bölgesindeki nükleotit frekansları %23.31 (Adenin), %19.92 (Timin), %25.39 (Sitozin) ve %31.38'dir (Guanin) şeklinde hesaplanmıştır. Bu gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğilimi (toplam transisyon ve transversiyon eğilimi, bias) aşağıdaki eşitlik kullanılarak $R=2.2$ olarak tahmin edilmiştir. Her ne kadar R değerinin evrensel olmadığına dair çalışmalar bulunsun da genomik DNA için bu değerin 2:1 olduğu bildirilmiştir. Bu çalışmada da yaklaşık 2:1 olarak hesaplanmıştır.

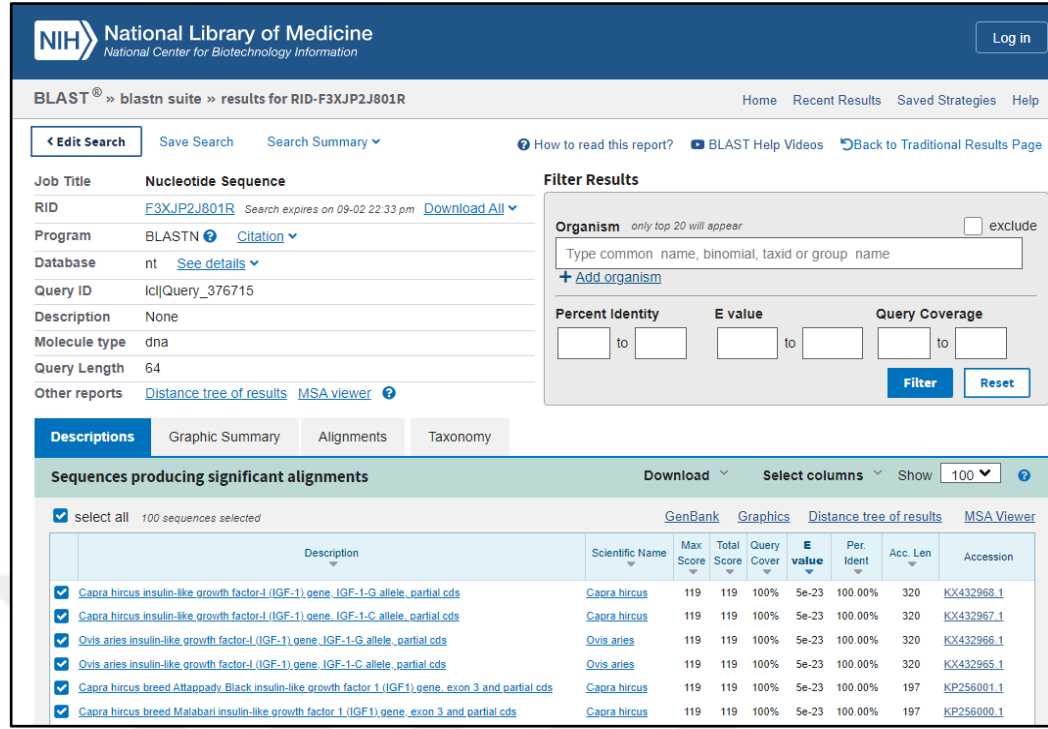
$$R = [A \cdot G \cdot k_1 + T \cdot C \cdot k_2] / [(A+G) \cdot (T+C)] \text{ (Tamura vd. 2004; 2013)}$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k1: pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_1=6.48$) ve k2: pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_2=1.405$).

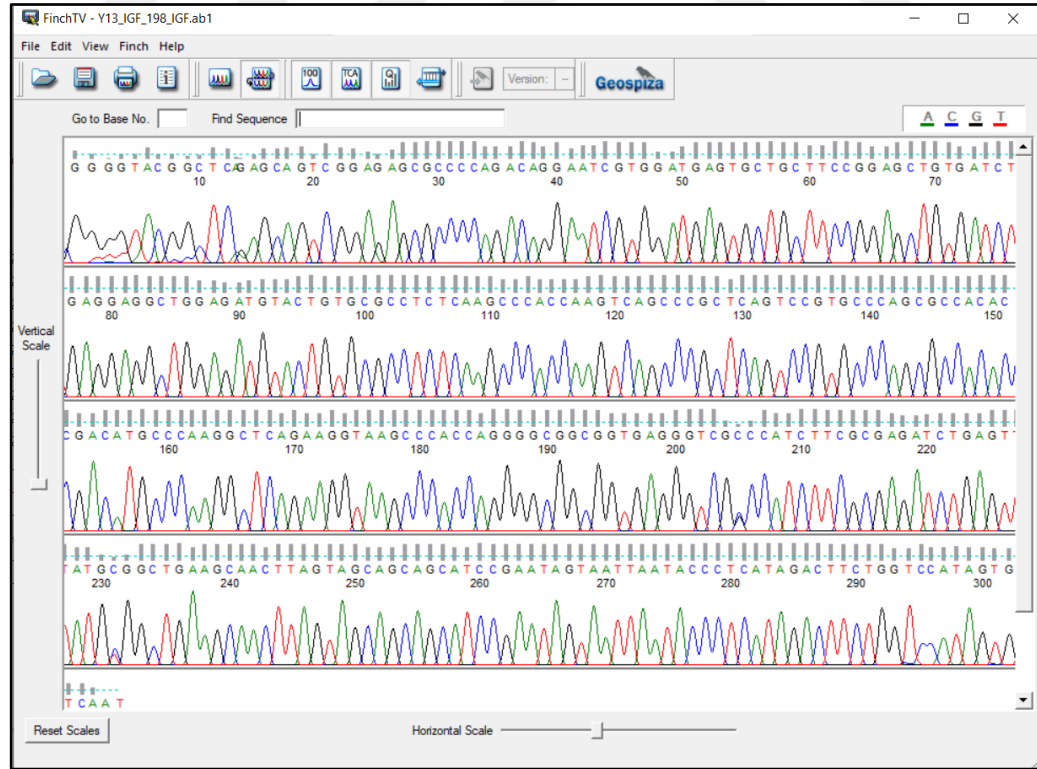
4.3.3. *IGF-I* dizilerinin kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında *IGF-I* bölgesinin dizi analizi için BM Labosis (BM Yazılım Danis. ve Lab. Sis. Ltd. Şti) firmasından hizmet alımı gerçekleştirilmiştir. Firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçları öncelikle BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) edilerek sonuçların doğruluğu kontrol edilmiştir. BLAST sonuçları incelendiğinde firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçlarının, daha önceden yürütülmüş olan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.7).

BLAST işleminden sonra, firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı sekans sonuç dosyaları) Finch TV isimli programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilmiştir. Özellikle kontrol işlemi yapılırken sekans piklerine dikkat edilmiş ve var olan mutasyonlar tespit edilmiştir (Şekil 4.8). Kontrol işlemi esnasında bazı örnekler için sekans sonuçlarının düzgün olmadığı/çalışmadığı tespit edilmiş olup bu örnekler için tekrar PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve dizi analizi için firmaya tekrar gönderilmiştir.

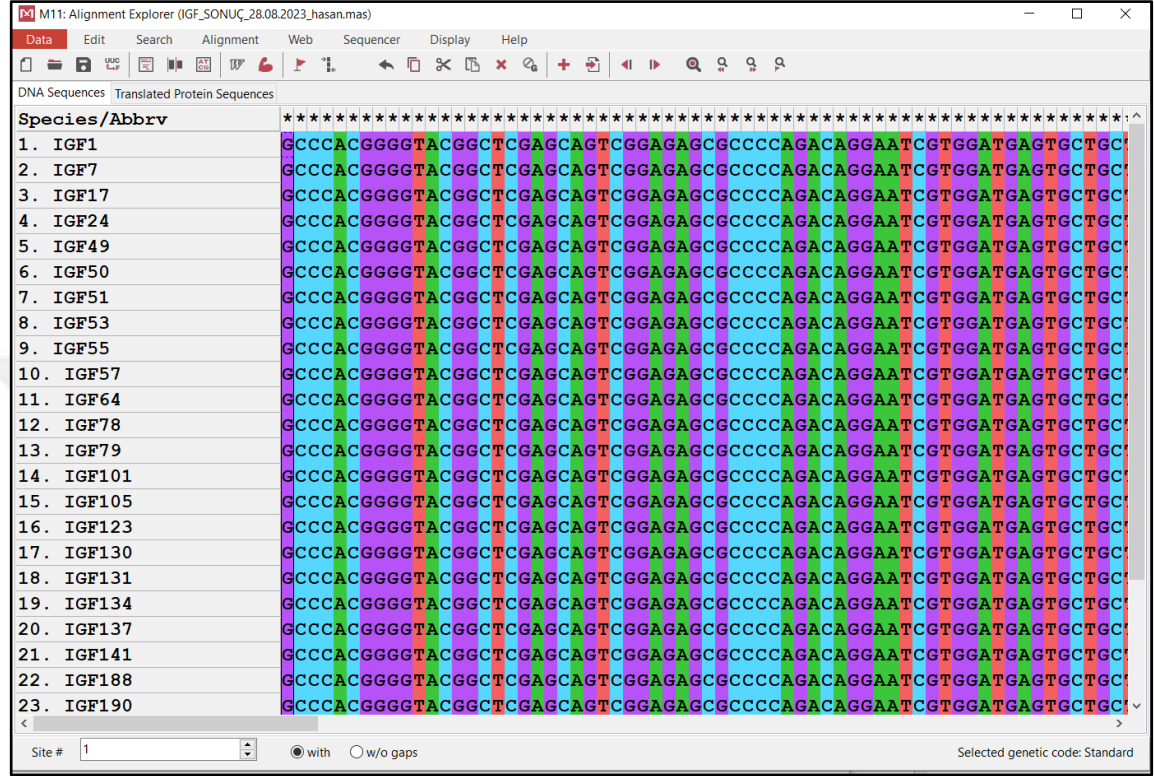


Şekil 4.7. IGF-I DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi



Şekil 4.8. IGF-I'e ait 363 bç'lik DNA dizi analizi sonuçları

Bütün örneklerle ait DNA dizi analizi sonuçlarının kontrol edilmesinden sonra, örneklerle ait DNA dizilerinin MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programı ile hizalanmış (ClustalW algoritması kullanılarak) hali Şekil 4.9'da görülmektedir. Örneklerin hizalanmasından sonra MEGA7 programında hazırlanan dosya analizler için .mas ve .meg uzantılı olarak kaydedilmiştir.



Şekil 4.9. *IGF-I*'e ait DNA dizi analizi sonuçlarının MEGA7 programı ile hizalanması (alignment)

4.3.4. *IGF-I* nükleotit yer değiştirme oranları

MEGA7 programında Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2004; 2013) modeli kullanılarak hesaplanan nükleotit değişimleri (toplam transisyon/transversiyon eğilimi; transition/transversion bias, R) Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.2. *IGF-I* geninin nükleotit yer değiştirme modelinin maksimum bileşik olabilirlik tahmini

	A	T	C	G
A	-	1.62	2.63	0.00
T	2.03	-	50.74	2.77
C	2.03	31.16	-	2.77
G	0.00	1.62	2.63	-

Her bir veri, bir nükleotitten (sıra) başka bir nükleotide (sütun) yer değiştirme olasılığını (r) göstermektedir. Tabloda bulunan olasılık (r) değerlerinin toplamı 100'e eşittir. Transisyon (transition) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları koyu harflerle, transversiyon (transversion) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları ise italik harflerle gösterilmiştir. Tablodan da anlaşılacağı üzere transisyon tipi nükleotit yer değişim oranları çok yüksek bulunmuştur.

Bu tez kapsamında üzerinde durulan gen bölgesindeki nükleotit frekansları %22.41 (Adenin), %17.88 (Timin), %29.11 (Sitozin) ve %30.61'dır (Guanin) şeklinde hesaplanmıştır. Bu gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğilimi (toplam transisyon ve transversiyon eğilimi, bias) aşağıdaki eşitlik kullanılarak $R=4.02$ olarak tahmin edilmiştir. Her ne kadar R değerinin evrensel olmadığına dair çalışmalar bulunsun da genomik DNA için bu değer 2:1 olduğu bildirilmiştir. Bu çalışmada ise evrensel değerden daha yüksek yaklaşık 4:1 olarak hesaplanmıştır.

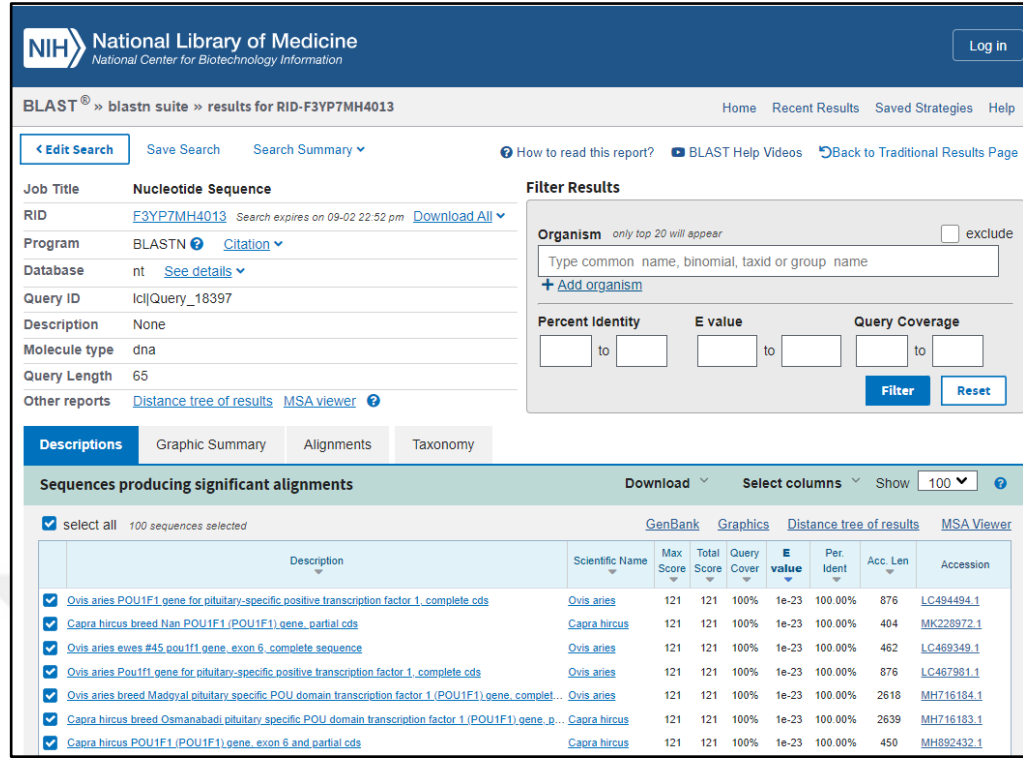
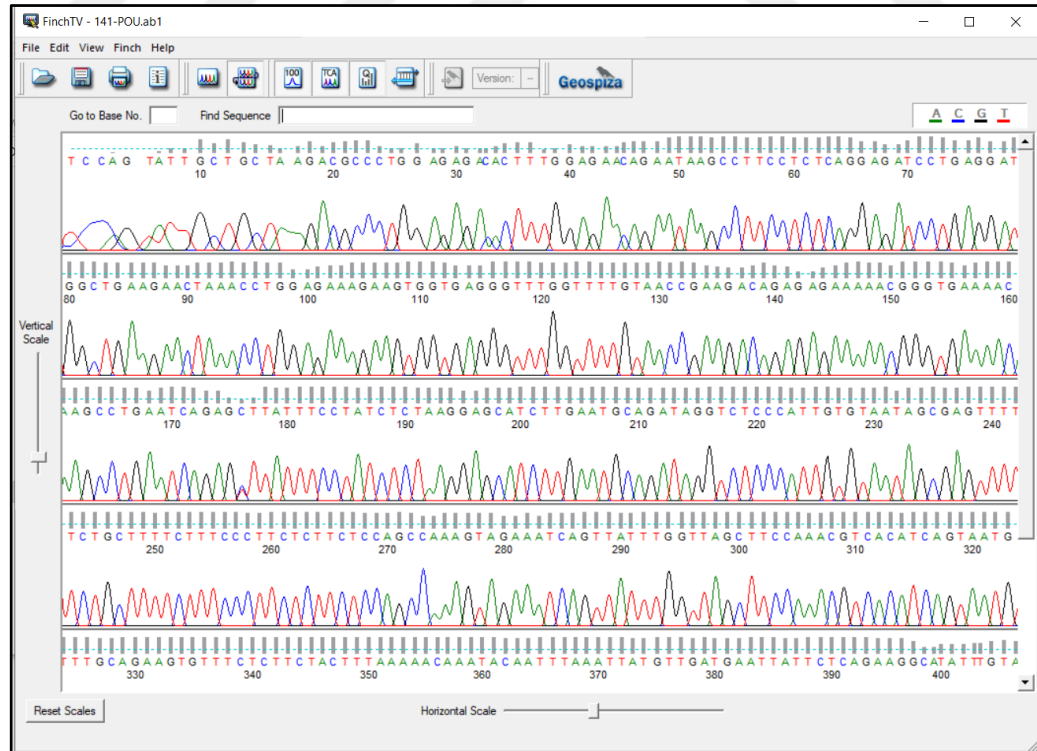
$$R = [A \cdot G \cdot k_1 + T \cdot C \cdot k_2] / [(A+G) \cdot (T+C)] \quad (\text{Tamura vd. 2004; 2013})$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k_1 : pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_1=0$) ve k_2 : pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_2=6.155$).

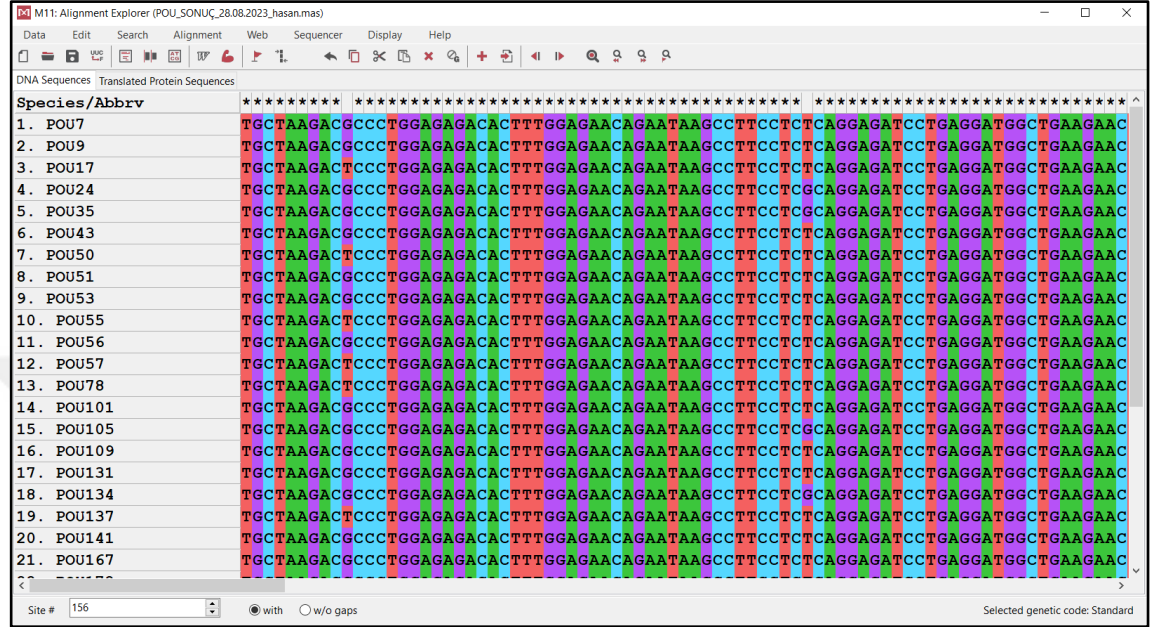
4.3.5. *POU1F1* dizilerinin kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında *POU1F1* bölgesinin dizi analizi için BM Labosis (BM Yazılım Danis. ve Lab. Sis. Ltd. Şti) firmasından hizmet alımı gerçekleştirilmiştir. Firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçları öncelikle BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) edilerek sonuçların doğruluğu kontrol edilmiştir. BLAST sonuçları incelendiğinde firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçlarının, daha önceden yürütülmüş olan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.10).

BLAST işleminden sonra, firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı sekans sonuç dosyaları) Finch TV isimli programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilmiştir. Özellikle kontrol işlemi yapılırken sekans piklerine dikkat edilmiş ve var olan mutasyonlar tespit edilmiştir (Şekil 4.11). Kontrol işlemi esnasında bazı örnekler için sekans sonuçlarının düzgün olmadığı/çalışmadığı tespit edilmiş olup bu örnekler için tekrar PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve dizi analizi için firmaya tekrar gönderilmiştir.

Şekil 4.10. *POU1F1* DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesiŞekil 4.11. *POU1F1*'e ait 450 bp'lik DNA dizi analizi sonuçları

Bütün örneklere ait DNA dizi analizi sonuçlarının kontrol edilmesinden sonra, örneklere ait DNA dizilerinin MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programı ile hizalanmış (ClustalW algoritması kullanılarak) hali Şekil 4.12’de görülmektedir. Örneklerin hizalanmasından sonra MEGA7 programında hazırlanan dosya analizler için .mas ve .meg uzantılı olarak kaydedilmiştir.



Şekil 4.12. *POU1F1*’e ait DNA dizi analizi sonuçlarının MEGA7 programı ile hizalanması (alignment)

4.3.6. *POU1F1* nükleotit yer değiştirme oranları

MEGA7 programında Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2013) modeli kullanılarak hesaplanan nükleotit değişimleri (toplam transisyon/transversiyon eğilimi; transition/transversion bias, R) Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3. *POU1F1* geninin nükleotit yer değiştirme modelinin maksimum bileşik olabilirlik tahmini

	A	T	C	G
A	-	7.42	4.45	0.00
T	7.56	-	19.05	5.16
C	7.56	31.78	-	5.16
G	0.00	7.42	4.45	-

Her bir veri, bir nükleotitten (satur) başka bir nükleotide (sütun) yer değiştirme olasılığını (r) göstermektedir. Tabloda bulunan olasılık (r) değerlerinin toplamı 100’e eşittir. Transisyon (transition) nükleotit yer değiştirmelerinin (subsitution) oranları koyu

harflerle, transversiyon (transversion) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları ise italik harflerle gösterilmiştir. Tablodan da anlaşılabacağı üzere transisyon tipi nükleotit yer değişim oranları çok yüksek bulunmuştur.

Bu tez kapsamında üzerinde durulan gen bölgesindeki nükleotit frekansları %30.75 (Adenin), %30.17 (Timin), %18.08 (Sitozin) ve %21.00'dır (Guanin) şeklinde hesaplanmıştır. Bu gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğilimi (toplam transisyon ve transversiyon eğilimi, bias) aşağıdaki eşitlik kullanılarak $R=0.936$ olarak tahmin edilmiştir. Her ne kadar R değerinin evrensel olmadığına dair çalışmalar bulunsada genomik DNA için bu değerin 2:1 olduğu bildirilmiştir. Bu çalışmada yaklaşık $R=1$ (1:1) olarak hesaplanmıştır.

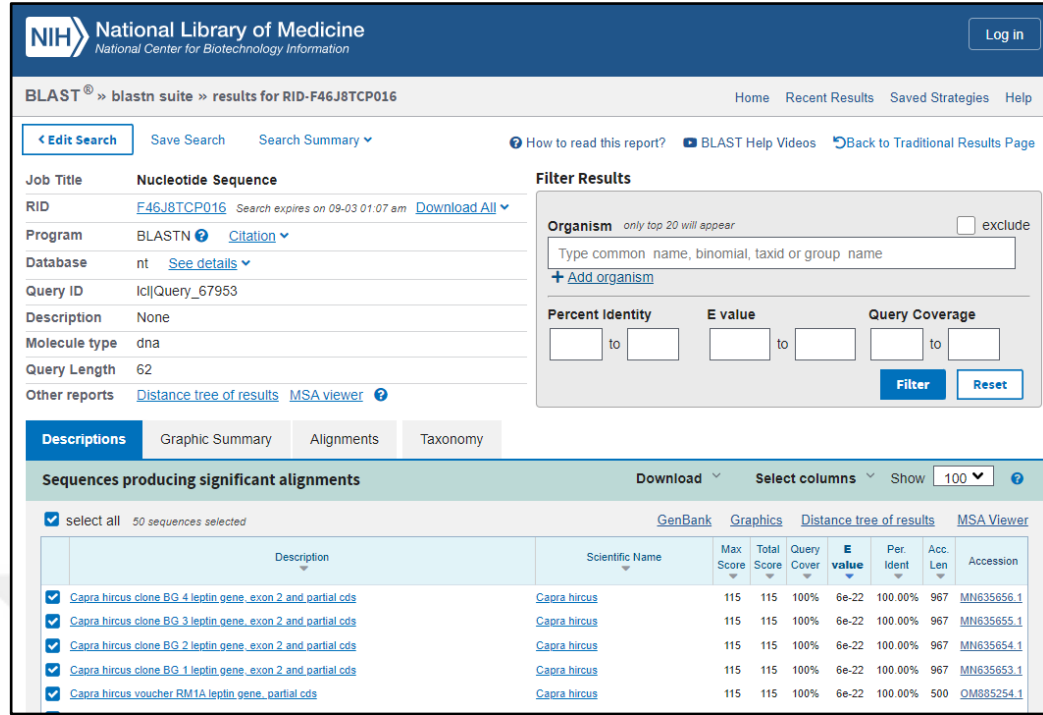
$$R = [A \cdot G \cdot k_1 + T \cdot C \cdot k_2] / [(A+G) \cdot (T+C)] \text{ (Tamura vd. 2004; 2013)}$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k_1 : pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_1=0$) ve k_2 : pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k_2=4.285$).

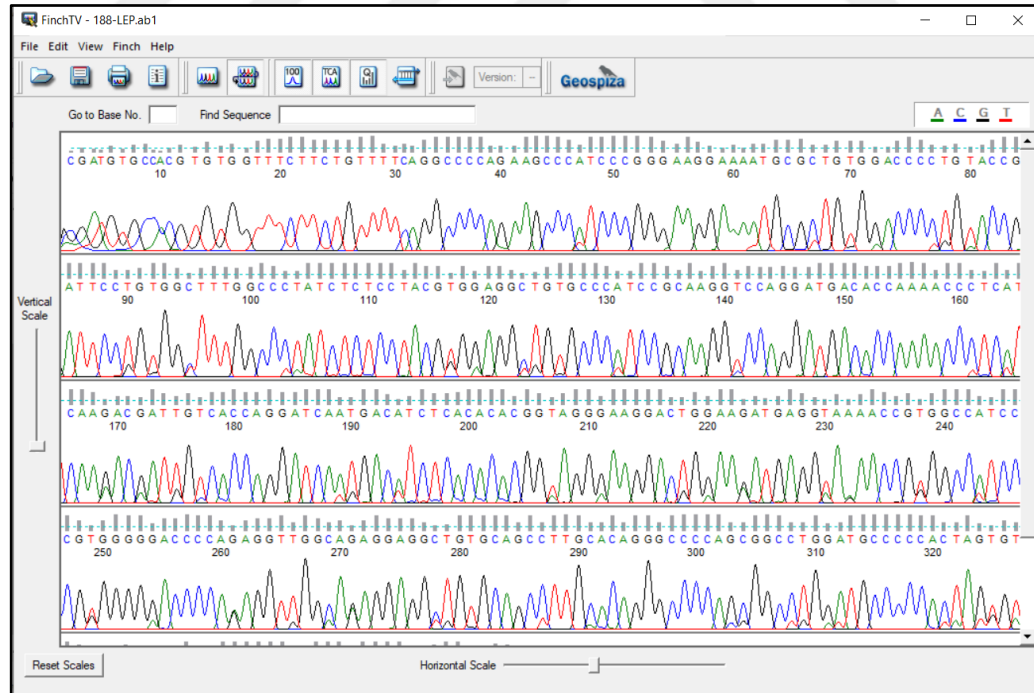
4.3.7. LEPTİN (*LEP*) dizilerinin kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında *LEP* bölgesinin dizi analizi için BM Labosis (BM Yazılım Danis. ve Lab. Sis. Ltd. Şti) firmasından hizmet alımı gerçekleştirilmiştir. Firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçları öncelikle BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) edilerek sonuçların doğruluğu kontrol edilmiştir. BLAST sonuçları incelendiğinde firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçlarının, daha önceden yürütülmüş olan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.13).

BLAST işleminden sonra, firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı sekans sonuç dosyaları) Finch TV isimli programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilmiştir. Özellikle kontrol işlemi yapılırken sekans piklerine dikkat edilmiş ve var olan mutasyonlar tespit edilmiştir (Şekil 4.14). Kontrol işlemi esnasında bazı örnekler için sekans sonuçlarının düzgün olmadığı/çalışmadığı tespit edilmiş olup bu örnekler için tekrar PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve dizi analizi için firmaya tekrar gönderilmiştir.



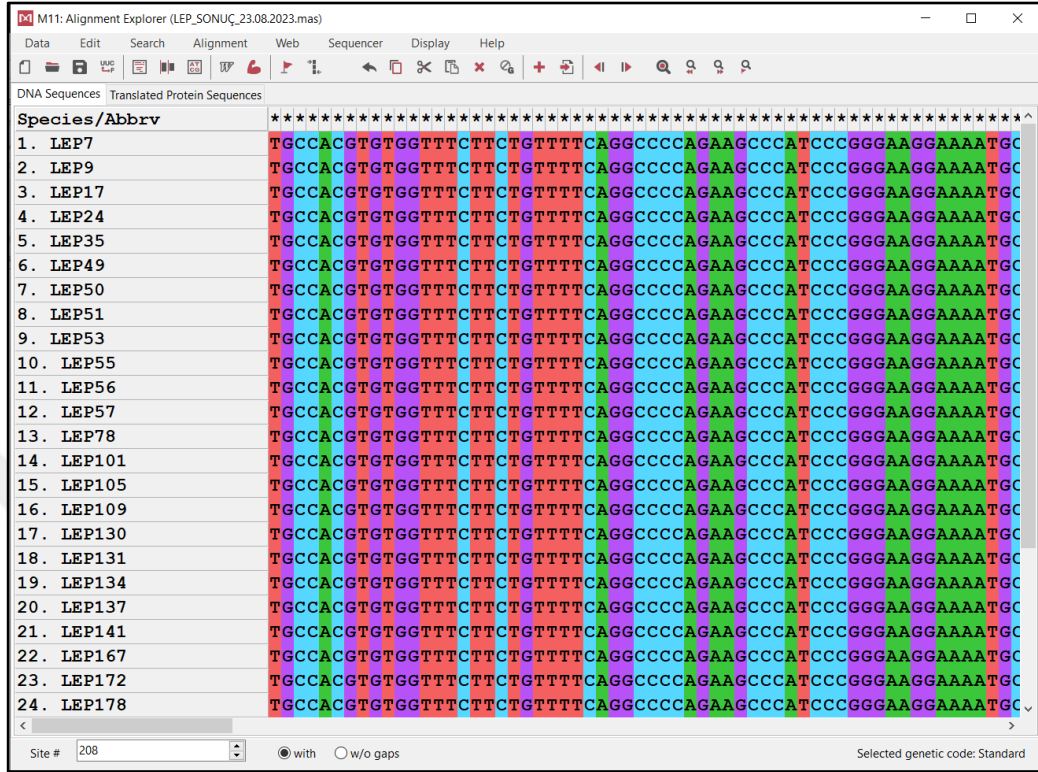
Şekil 4.13. LEP DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi



Şekil 4.14. LEP'e ait 412 bç'lik DNA dizi analizi sonuçları

Bütün örneklere ait DNA dizi analizi sonuçlarının kontrol edilmesinden sonra, örneklere ait DNA dizilerinin MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programı ile hizalanmış

(ClustalW algoritması kullanılarak) hali Şekil 4.15'te görülmektedir. Örneklerin hizalanmasından sonra MEGA7 programında hazırlanan dosya analizler için .mas ve .meg uzantılı olarak kaydedilmiştir.



Şekil 4.15. *LEP*'e ait DNA dizi analizi sonuçlarının MEGA7 programı ile hizalanması (alignment)

4.3.8. *LEP* nükleotit yer değiştirme oranları

MEGA7 programında Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2013) modeli kullanılarak hesaplanan nükleotit değişimleri (toplam transisyon/transversiyon eğilimi; transition/transversion bias, R) Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Çizelge 4.4. *LEP* geninin nükleotit yer değiştirme modelinin maksimum bileşik olabilirlik tahmini

	A	T	C	G
A	-	0.69	1.08	50.76
T	0.74	-	0.00	0.88
C	0.74	0.00	-	0.88
G	42.47	0.69	1.08	-

Her bir veri, bir nükleotitten (sıra) başka bir nükleotide (sütun) yer değiştirme olasılığını (r) göstermektedir. Tabloda bulunan olasılık (r) değerlerinin toplamı 100'e eşittir. Transisyon (transition) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları koyu harflerle, transversiyon (transversion) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları ise italik harflerle gösterilmiştir. Tablodan da anlaşılacağı üzere transisyon tipi nükleotit yer değişim oranları çok yüksek bulunmuştur.

Bu tez kapsamında üzerinde durulan gen bölgesindeki nükleotit frekansları %21.81 (Adenin), %20.27 (Timin), %37.85 (Sitozin) ve %26.07'dir (Guanin) şeklinde hesaplanmıştır. Bu gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğilimi (toplam transisyon ve transversiyon eğilimi, bias) aşağıdaki eşitlik kullanılarak $R=5.961$ olarak tahmin edilmiştir. Her ne kadar R değerinin evrensel olmadığına dair çalışmalar bulunsun da genomik DNA için bu değerin 2:1 olduğu bildirilmiştir. Bu çalışmada yaklaşık $R=6:1$ olarak hesaplanmıştır.

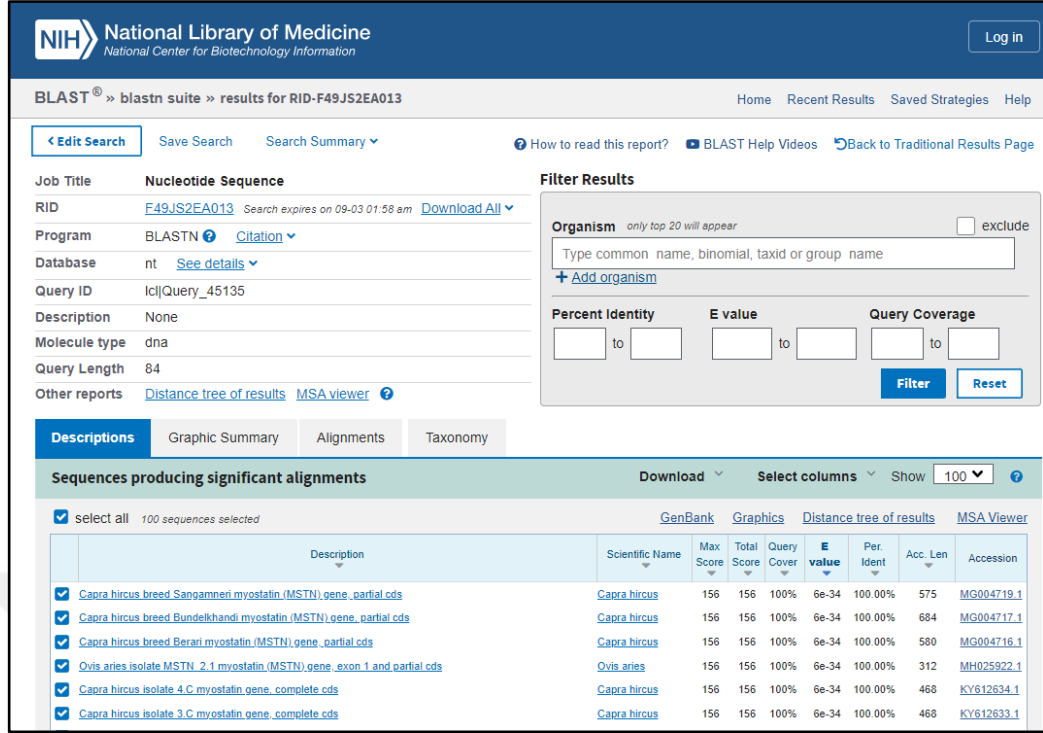
$$R = [A*G*k1 + T*C*k2]/[(A+G)*(T+C)] \text{ (Tamura vd. 2004; 2013)}$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k1: pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k1=26.165$) ve k2: pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k2=0$).

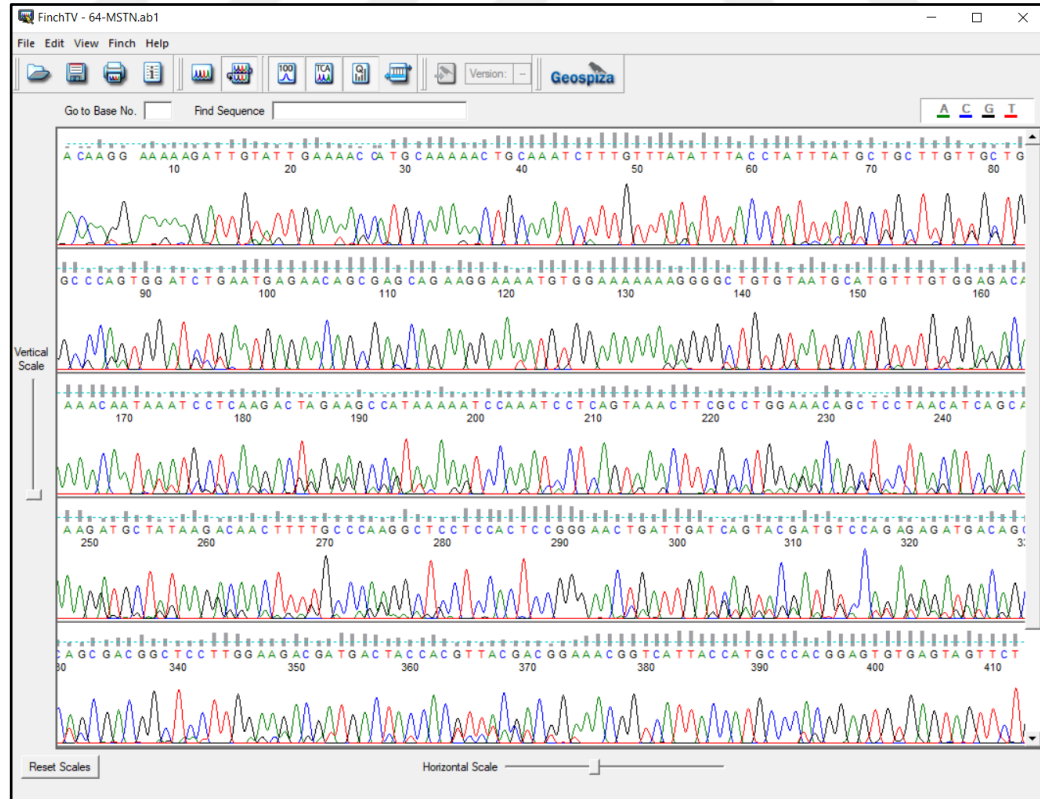
4.3.9. *MSTN* dizilerinin kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında *MSTN* bölgesinin dizi analizi için BM Labosis (BM Yazılım Danis. ve Lab. Sis. Ltd. Şti) firmasından hizmet alımı gerçekleştirilmiştir. Firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçları öncelikle BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) edilerek sonuçların doğruluğu kontrol edilmiştir. BLAST sonuçları incelendiğinde firmadan gelen DNA dizi analizi sonuçlarının, daha önceden yürütülmüş olan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.16).

BLAST işleminden sonra, firmadan gelen her bir sonuç dosyası (.ab1 uzantılı sekans sonuç dosyaları) Finch TV isimli programda açılmış ve her bir örneğin dizi analizleri tek tek gözle kontrol edilmiştir. Özellikle kontrol işlemi yapılırken sekans piklerine dikkat edilmiş ve var olan mutasyonlar tespit edilmiştir (Şekil 4.17). Kontrol işlemi esnasında bazı örnekler için sekans sonuçlarının düzgün olmadığı/çalışmadığı tespit edilmiş olup bu örnekler için tekrar PCR işlemi gerçekleştirilmiş ve dizi analizi için firmaya tekrar gönderilmiştir.

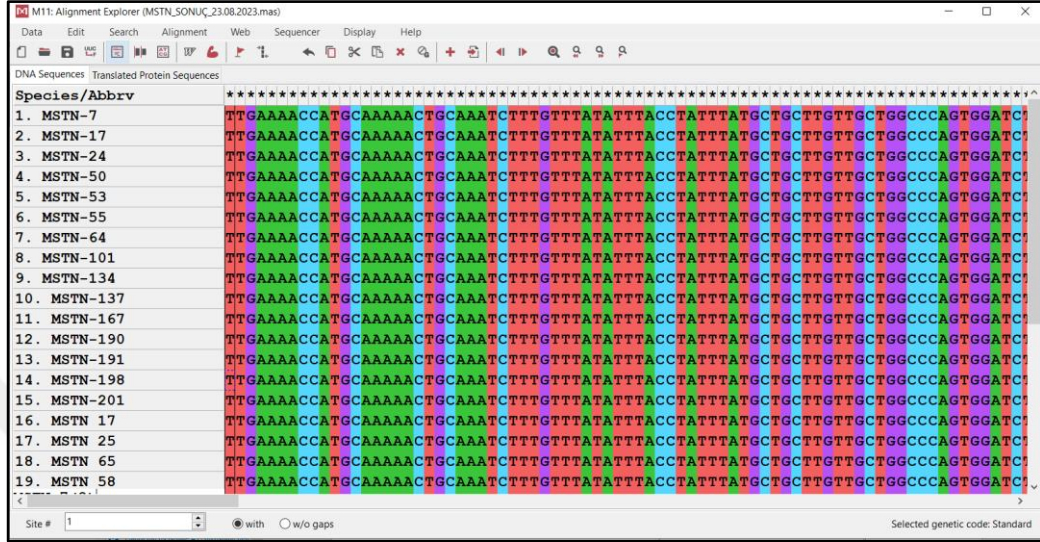


Şekil 4.16. MSTN DNA dizi analizi sonuçlarının BLAST ile kontrol edilmesi



Şekil 4.17. MSTN'e ait 497 bp'lik DNA dizi analizi sonuçları

Bütün örnekler için DNA dizi analizi sonuçlarının kontrol edilmesinden sonra, örnekler için DNA dizilerinin MEGA 7 (Kumar vd. 2016) programı ile hizalanmış (ClustalW algoritması kullanılarak) hali Şekil 4.5'te görülmektedir. Örneklerin hizalanmasından sonra MEGA7 programında hazırlanan dosya analizler için .mas ve .meg uzantılı olarak kaydedilmiştir.



Şekil 4.18. *MSTN*'e ait DNA dizi analizi sonuçlarının MEGA7 programı ile hizalanması (alignment)

4.3.10. *MSTN* nükleotit yer değiştirme oranları

MEGA7 programında Maximum Likelihood istatistik metodu ve Tamura-Nei (Tamura vd. 2013) modeli kullanılarak hesaplanan nükleotit değişimleri (toplam transisyon/transversiyon eğilimi; transition/transversion bias, R) Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Çizelge 4.5. *MSTN* geninin nükleotit yer değiştirme modelinin maksimum bileşik olabilirlik tahmini

	A	T	C	G
A	-	3.24	3.04	21.51
T	4.41	-	9.64	3.05
C	4.41	10.27	-	3.05
G	31.12	3.24	3.04	-

Her bir veri, bir nükleotitten (sıra) başka bir nükleotide (sütun) yer değiştirme olasılığını (r) göstermektedir. Tabloda bulunan olasılık (r) değerlerinin toplamı 100'e eşittir. Transisyon (transition) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution) oranları koyu harflerle, transversiyon (transversion) nükleotit yer değiştirmelerinin (substitution)

oranları ise italik harflerle gösterilmiştir. Tablodan da anlaşılacağı üzere transisyon tipi nükleotit yer değişim oranları çok yüksek bulunmuştur.

Bu tez kapsamında üzerinde durulan gen bölgesindeki nükleotit frekansları %32.09 (Adenin), %23.58 (Timin), %22.14 (Sitozin) ve %22.19'dır (Guanin) şeklinde hesaplanmıştır. Bu gen bölgesindeki toplam nükleotit yer değiştirme eğilimi (toplam transisyon ve transversiyon eğilimi, bias) aşağıdaki eşitlik kullanılarak $R=2.70$ olarak tahmin edilmiştir. Her ne kadar R değerinin evrensel olmadığına dair çalışmalar bulunsa da genomik DNA için bu değer 2:1 bildirilmiştir. Bu çalışmada yaklaşık $R=2:1$ olarak hesaplanmıştır.

$$R = [A*G*k1 + T*C*k2] / [(A+G) * (T+C)] \text{ (Tamura vd. 2004; 2013)}$$

A: adenin, G: guanin, T: timin, C: sitozin, k1: pürinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k1=9.335$) ve k2: pirimidinler için toplam transisyon/transversiyon eğilimi ($k2=0.425$).

4.4. Moleküler Veri Analizleri

4.4.1. Allel ve genotip frekansları

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında büyüme özelliği ile alakalı olan 5 adet gen üzerinde durulmuştur. *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* genlerine ait allel ve genotip frekansları Nei (1987)'nin gen sayma (the counting the number of the genes) göre yöntemine hesaplanmıştır (Çizelge 4.6.).

Honamlı popülasyonlarında *GH1*'deki 863. SNP'te herhangi bir varyasyon bulunmazken Kıl keçilerinde ise 966. SNP'te herhangi bir varyasyon tespit edilememiştir. Honamlı popülasyonlarında *LEP*'teki 1021. SNP'te tek bir allel tespit edilmiş olup, yine Honamlı keçilerinde *POU1F1*'in 896. ve 912. SNP bölgelerinde herhangi bir varyasyon tespit edilememiştir.

GH1 geni bakımından 863T ve 966T allellerinin sadece Honamlı ırkında görülmesi ve frekansının %5'ten yüksek olmasından dolayı bu allellerin Honamlı ırkına özgün allel olduğu söylenebilir. Aynı şekilde *LEP* geni bakımından da 1021A allelinin sadece Kıl keçilerinde yüksek frekansta (%21) görülmesi bu allelin Kıl keçilerine özgü bir allel olduğunu ortaya koymuştur.

Çizelge 4.6. Üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından allel ve genotip frekansları

Gen	SNP	Allel	HON	KIL	Genotip	HON	KIL
GH1	827G>A	G	0.90	0.94	GG	0.82	0.88
		A	0.10	0.06	GA	0.18	0.12
	863C>T	C	1.00	0.94	CC	1.00	0.88
		T	-	0.06	CT	-	0.12
	872A>T	A	0.90	0.97	AA	0.82	0.94
		T	0.10	0.03	AT	0.18	0.06
	927G>A	G	0.77	0.84	GG	0.55	0.69
		A	0.23	0.16	GA	0.45	0.31
	934G>A	G	0.68	0.88	GG	0.36	0.75
		A	0.32	0.12	GA	0.64	0.25
	966 G>T	G	0.86	1.00	GG	0.72	1.00
		T	0.14	-	GT	0.28	-
	1001G>A	G	0.86	0.94	GG	0.72	0.88
		A	0.14	0.06	GT	0.28	0.12
	1005T>C	T	0.59	0.53	TT	0.18	0.06
		C	0.41	0.47	TC	0.82	0.94
	1009T>G	T	0.96	0.94	TT	0.90	0.88
		G	0.04	0.06	TG	0.10	0.12
	1041A>T	A	0.86	0.94	AA	0.72	0.88
		T	0.14	0.06	AT	0.28	0.12
	1057G>A	G	0.86	0.94	GG	0.72	0.88
		A	0.14	0.06	GA	0.28	0.12
	1070G>A	G	0.59	0.72	GG	0.18	0.44
		A	0.41	0.28	GA	0.82	0.56
	1078A>G	A	0.77	0.97	AA	0.54	0.94
		G	0.23	0.03	AG	0.46	0.06
	1097C>A	C	0.82	0.82	CC	0.63	0.63
		A	0.18	0.18	CA	0.37	0.37
IGF-I	5752G>C	G	0.86	0.63	GG	0.71	0.33
		C	0.14	0.37	GC	0.29	0.60
					CC	-	0.07
	5778C>T	C	0.93	0.97	CC	0.93	0.93
		T	0.07	0.03	CT	-	0.07
					TT	0.07	-
	5841C>T	C	0.82	0.80	CC	0.64	0.67
		T	0.18	0.20	CT	0.36	0.27
					TT	-	0.06

Çizelge 4.6.'nın devamı

Gen	SNP	Allel	HON	KIL	Genotip	HON	KIL
LEPTIN	1021G>A	G	1.00	0.79	GG	1.00	0.58
		A	-	0.21	GA	-	0.42
	1075G>A	G	0.89	0.82	GG	0.79	0.63
		A	0.11	0.18	GA	0.21	0.37
	1084G>A	G	0.82	0.82	GG	0.64	0.63
		A	0.18	0.18	GA	0.36	0.37
	1113G>A	G	0.71	0.68	GG	0.43	0.37
		A	0.29	0.32	GA	0.57	0.63
	1123G>A	G	0.79	0.76	GG	0.57	0.53
		A	0.21	0.24	GA	0.43	0.47
	1224C>A	C	0.71	0.55	CC	0.43	0.11
		A	0.29	0.45	CA	0.57	0.89
POU1F1	682G>T	G	0.82	0.89	GG	0.64	0.79
		T	0.18	0.11	GT	0.36	0.21
	723T>G	T	0.93	0.76	TT	0.86	0.63
		G	0.07	0.24	TG	0.14	0.26
					GG	-	0.11
	837T>C	T	0.87	0.87	TT	0.71	0.74
		C	0.13	0.13	TC	0.19	0.26
	896C>T	C	1.00	0.96	CC	1.00	0.89
		T	-	0.04	CT	-	0.11
	912T>C	T	1.00	0.96	TT	1.00	0.89
		C	-	0.04	TC	-	0.11
	986T>C	T	0.96	0.97	TT	0.93	0.95
		C	0.04	0.03	TC	0.07	0.05
MSTN	330 G>A	G	0.75	0.86	GG	0.50	0.71
		A	0.25	0.14	GA	0.50	0.29
	440 G>A	G	0.69	0.79	GG	0.38	0.57
		A	0.31	0.21	GA	0.62	0.43
	501 G>A	G	0.69	0.93	GG	0.38	0.86
		A	0.31	0.07	GA	0.62	0.14
	513 G>T	G	0.69	0.79	GG	0.38	0.57
		T	0.31	0.21	GT	0.62	0.43
	526 A>T	A	0.69	0.79	AA	0.38	0.57
		T	0.31	0.21	AT	0.62	0.43
	527 G>C	G	0.69	0.79	GG	0.38	0.57
		C	0.31	0.21	GC	0.62	0.43
	547 G>A	G	0.88	0.93	GG	0.75	0.86
		A	0.12	0.07	GA	0.25	0.14
	638 C>T	C	0.81	0.86	CC	0.63	0.71
		T	0.19	0.14	CT	0.37	0.29

4.4.2. Genetik Çeşitlilik ve Haplotip Analizleri

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında var olan genetik çeşitliliğin değerlendirilebilmesi için haplotip sayısı (h), haplotip çeşitliliği (Hd), polimorfik bölge sayısı (S), ortalama nükleotit farklılık sayısı (k), nükleotit çeşitliliği (π) ve Tajima'nın nötralite D parametreleri tahmin edilmiştir (Çizelge 4.7).

Honamlı keçi popülasyonlarında yapılan analizler sonucunda, *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 13, 3, 5, 4 ve 8 polimorfik bölge (S) tespit edilmiştir. Büyüme özelliği ile alakalı olan ve üzerinde durulan genler içinde en yüksek polimorfik bölge sayısı *GH1* için elde edilmiştir. Haplotip sayıları (h) ise sırasıyla 11, 5, 9, 6 ve 6 olarak hesaplanmıştır (Şekil 4.19). En yüksek haplotip çeşitliliği (hd) *GH1* için 1.000 ± 0.039 olarak tespit edilirken en düşük haplotip çeşitliliği (hd) ise *IGF-I* için 0.791 ± 0.067 olarak tespit edilmiştir. Ortalama nükleotit farklılık sayısı (k) 1.076 (*IGF-I*) ile 5.345 (*GH1*) arasında hesaplanmıştır. *IGF-I* ve *POU1F1* için en düşük (0.003 ± 0.001) nükleotit çeşitliliği (π) değeri tahmin edilmişken, en yüksek (0.014 ± 0.002) nükleotit çeşitliliği (π) değeri ise *GH1* için hesaplanmıştır. En yüksek Tajima'nın D değeri *LEP* için 1.909 olarak hesaplanırken en düşük Tajima'nın D değeri ise *POU1F1* için 0.216 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.7).

Kıl keçi popülasyonlarında yapılan analizler sonucunda, *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 13, 3, 6, 6 ve 8 polimorfik bölge (S) tespit edilmiştir. Büyüme özelliği ile alakalı olan ve üzerinde durulan genler içinde en yüksek polimorfik bölge sayısı *GH1* için elde edilmiştir. Haplotip sayıları (h) ise sırasıyla 13, 6, 8, 9 ve 4 olarak hesaplanmıştır. En yüksek haplotip çeşitliliği (hd) *GH1* için 0.967 ± 0.036 olarak tespit edilirken en düşük haplotip çeşitliliği (hd) ise *MSTN* için 0.714 ± 0.181 olarak tespit edilmiştir. Ortalama nükleotit farklılık sayısı (k) 1.200 (*IGF-I*) ile 3.809 (*MSTN*) arasında hesaplanmıştır. *IGF-I* için en düşük (0.004 ± 0.003) nükleotit çeşitliliği (π) değeri tahmin edilmişken, en yüksek (0.010 ± 0.001) nükleotit çeşitliliği (π) değeri ise *GH1* için hesaplanmıştır. En yüksek Tajima'nın D değeri *LEP* için 1.592 olarak hesaplanırken en düşük Tajima'nın D değeri ise *GH1* için -0.279 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.5).

Honamlı ve Kıl keçi popülasyonları tek bir popülasyon olarak ele alındığında yapılan analizler sonucunda, *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 14, 3, 6, 6 ve 8 polimorfik bölge (S) tespit edilmiştir. Haplotip sayıları (h) ise sırasıyla 23, 6, 14, 11 ve 8 olarak hesaplanmıştır. En yüksek haplotip çeşitliliği (hd) *GH1* için 0.986 ± 0.011 olarak tespit edilirken en düşük haplotip çeşitliliği (hd) ise *MSTN* için 0.790 ± 0.105 olarak tespit edilmiştir. Ortalama nükleotit farklılık sayısı (k) 1.177 (*IGF-I*) ile 4.472 (*GH1*) arasında hesaplanmıştır. *POU1F1* için en düşük (0.003 ± 0.001) nükleotit çeşitliliği (π) değeri tahmin edilmişken, en yüksek (0.012 ± 0.001) nükleotit çeşitliliği (π) değeri ise *GH1* için hesaplanmıştır. En yüksek Tajima'nın D değeri *MSTN* için 2.275 olarak hesaplanırken en düşük Tajima'nın D değeri ise *POU1F1* için 0.190 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.5.).

Çizelge 4.7. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarına ait polimorfizm değerleri

İrk	Gen	S	h	hd±SS	k	π ±SS	D
HONAMLI	<i>GH1</i>	13	11	1.000±0.039	5.345	0.014±0.002	0.894
	<i>IGF-I</i>	3	5	0.791±0.067	1.076	0.003±0.001	0.433
	<i>LEP</i>	5	9	0.912±0.059	2.439	0.006±0.001	1.909
	<i>POU1F1</i>	4	6	0.865±0.070	1.340	0.003±0.001	0.216
	<i>MSTN</i>	8	6	0.893±0.111	4.214	0.009±0.002	1.769
KIL	<i>GH1</i>	13	13	0.967±0.036	3.633	0.010±0.001	- 0.279
	<i>IGF-I</i>	3	6	0.800±0.077	1.200	0.004±0.003	0.894
	<i>LEP</i>	6	8	0.883±0.042	2.561	0.007±0.001	1.592
	<i>POU1F1</i>	6	9	0.895±0.040	1.754	0.004±0.001	0.071
	<i>MSTN</i>	8	4	0.714±0.181	3.809	0.008±0.002	0.875
GENEL	<i>GH1</i>	14	23	0.986±0.011	4.472	0.012±0.001	0.789
	<i>IGF-I</i>	3	6	0.800±0.038	1.177	0.004±0.001	1.286
	<i>LEP</i>	6	14	0.922±0.023	2.598	0.007±0.001	2.112*
	<i>POU1F1</i>	6	11	0.864±0.033	1.579	0.003±0.001	0.190
	<i>MSTN</i>	8	8	0.790±0.105	3.980	0.009±0.001	2.275

S: polimorfik bölge sayısı (number of variable sites); h: haplotip sayısı (number of haplotypes); hd: haplotip çeşitliliği (haplotype diversity); k: ortalama nükleotit farklılık sayısı (Average number of nucleotide differences); π : nükleotit çeşitliliği (nucleotide diversity-per site); D: Tajima'nın D değeri (Tajima's D); SS: standart sapma (standart deviation). *p<0.05

	<u>GH1</u>	<u>IGF-I</u>	<u>LEP</u>	<u>POU1F1</u>	<u>MSTN</u>
	88899911111111	555	111111		
	26723600000070	774	000112	678899	34555556
	73274600045709	574	278122	823918	34012243
	15917087	281	154334	237626	00136778
H1	ACAGATACTTAGAA	GCC	GAAAAA	GTTCTT	AAATTCGT
H2	G..A.GGT.AGAGC	.T.	.G..G.	..C...	AC
H3	G.....GA.C	C.T	.GG...	T.....	GGGGAG.C
H4	G.TAG.GT.A.AGC	..T	.GGGGC	.G...C	C
H5	G....GG.GAGA..	C..	.G....	.G....	G.....
H6	G....GG..AGAG.	CTT	.GG.G.	T.C...	A.
H7	..TAGG.T...A..		..GG.C	.G.TC.	G.G.....
H8	G....GG..AG.GC		.GG.GC	...TC.	..G.....
H9	G..AGGG..AGA.C		.G.GG.	C	
H10	G....GG..AGAGC		A.....	.GC...	
H11	G....GG..AGA.C		A.G...	TGC...	
H12	G..AGGG..AGA..		.GGGG.		
H13	G....G..GA.A..		AGG...		
H14	G...GGG..AGA.C		A...G.		
H15	G.T.GGG..AG...				
H16	.T...G.....A..				
H17	G....GG.G.GA..				
H18	G...GGG..AG..C				
H19	G..A.GG..AGAGC				
H20	G..AGGG..AG..C				
H21	G...GGG..AG...				
H22	GT..GGGT.AG..C				
H23	...AGGG..AGA.C				

Şekil 4.19. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarına ait haplotip listesi. Honamlı keçilerine özgün olan haplotip kırmızı ile, Kıl keçilerine özgün olan haplotipler ise mavi ile işaretlenmiştir.

Teorik olarak, evcilleştirme bölgesinden uzaklaştıkça, bu bölgelerden giden hayvanların (gen havuzlarının) sınırlı sayıda haplotip/allel taşıması nedeniyle genetik çeşitliliğin düşük olması beklenmektedir (Loftus vd. 1999; MacHugh ve Bradley 2001; Bellwood 2023). Anadolu’da yetiştirilen keçi popülasyonları yüksek seviyede genetik çeşitlilik göstermektedir. Genel olarak, genetik çeşitlilik endeksleri (h ve π) gözle görülür derecede yüksektir. Çünkü evcilleştirme merkezine yakın bir bölgede yetiştirilen hayvanlardaki genetik çeşitliliğin daha yüksek olması (yani daha yüksek h ve π) beklenir (Meadows vd. 2007).

Bu tez çalışması kapsamında, var olan genetik çeşitliliğin değerlendirilebilmesi için haplotip sayısı (h), haplotip çeşitliliği (H_d), polimorfik bölge sayısı (S), ortalama nükleotit farklılık sayısı (k) ve nükleotit çeşitliliği (π) parametreleri tahmin edilmiştir. Yapılan haplotip analizleri sonucunda en yüksek haplotip sayısı ($h=13$) Kıl

popülasyonunda *GHI* için, en düşük haplotip sayısı ise ($h=4$) Kıl popülasyonunda *MSTN* geni için hesaplanmıştır. *GHI*, *IGF-I* ve *POUIF1* için Kıl popülasyonlarında daha yüksek haplotip sayısı elde edilirken *LEP* ve *MSTN* için Honamlı popülasyonlarında daha yüksek haplotip sayısı elde edilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre *GHI*, *IGF-I* ve *MSTN* için eşit sayıda polimorfik bölge gözlenirken, *LEP* ve *POUIF1* için Kıl keçisi popülasyonlarında daha yüksek polimorfik bölge sayısı görüldüğü söylenebilir.

Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarından elde edilen haplotip çeşitliliği değerlerine bakıldığında en yüksek değerin Honamlı'da *GHI* için elde edildiği, en düşük değerin ise Kıl'da *MSTN* için belirlendiği görülmüştür. Her ne kadar küçük farklılıklar gözlenirse de her iki keçi popülasyonunda da haplotip çeşitliliği bakımından yüksek değerler hesaplandığı ve polimorfik olduğu aşıkardır. Aynı şekilde Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları için birbirine benzer nükleotit çeşitliliği değerleri hesaplanmış olup en yüksek değer Honamlı'da *GHI* için elde edilmiştir.

Ortalama nükleotit farklılık sayısı bakımından en yüksek değer Honamlı'da *GHI* için hesaplanmış olup bu durum popülasyon içindeki hayvanlarda en polimorfik gen bölgesinin ve aynı zamanda en çok mutasyona uğrayan gen bölgesinin *GHI* olduğunu işaret etmektedir. Öte yandan, ortalama nükleotit farklılık sayısının en düşük Honamlı'da *IGF-I* için hesaplandığı, dolayısıyla popülasyon içindeki hayvanlarda en az varyasyona sahip gen bölgesinin ve aynı zamanda en az mutasyona uğrayan gen bölgesinin *IGF-I* olduğu görülmüştür. Aynı şekilde Kıl popülasyonunda da en yüksek ve en düşük ortalama nükleotit farklılık sayısı sırasıyla *GHI* ve *IGF-I* için hesaplanmıştır. Dolayısıyla Kıl keçilerinde de *GHI*'in en polimorfik, *IGF-I*'in ise en düşük varyasyonlu gen olduğu söylenebilir.

Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarından elde edilen nötralite test istatistiklerine göre Tajima'nın D değerinin sonuçlarına bakıldığında, elde edilen pozitif ve negatif değerlerin önem seviyesi bakımından önemli olmadığı ve sadece Honamlı ve Kıl popülasyonları birlikte ele alındığında *LEP* için elde edilen Tajima D değerinin önemli ($p<0.05$) olduğu görülmüştür. Ayrıca bu tez çalışması kapsamında Tajima'nın D değeri Honamlı popülasyonlarında çalışılan tüm gen bölgeleri için pozitif olarak hesaplanmış olup Kıl popülasyonlarında ise *GHI* hariç tüm bölgeler için pozitif olarak hesaplanmıştır. Honamlı ve Kıl popülasyonları birlikte değerlendirildiğinde de tüm genler için pozitif Tajima D değeri elde edilmiştir. Bu durum Korkuteli ve Elmalı bölgelerinde yetiştirilen Honamlı ve Kıl popülasyonlarında heterozigotluk değerinin yüksek olduğunu ve beklenenden yüksek haplotip sayısının elde edildiğini göstermektedir.

Antalya'da yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarındaki genetik çeşitliliği belirlemek için haplotip analizleri yapılmıştır. Çünkü popülasyonlarda var olan genetik çeşitliliğin derecesini belirleme kriterlerinden bir tanesi de haplotip sayıları ve haplotip çeşitliliğinin belirlenmesidir. Ayrıca nükleotit çeşitliliği de bu kriterlerden bir tanesidir. Haplotip çeşitliliği yalnızca bir popülasyonda rastgele seçildiklerinde iki dizinin farklı haplotiplerinin meydana gelme olasılığını ölçerken, nükleotit çeşitliliği iki dizi arasındaki bölge başına ortalama nükleotit farkı sayısıdır. Bu çalışmada da elde edilen haplotip ve nükleotit çeşitlilik değerleri hem daha önceden Honamlı ve Kıl keçilerinde yapılan çalışmalarla hem de dünya keçi ırklarında yapılan çalışmalarla karşılaştırılarak değerlendirilmiştir.

Ankara Üniversitesi veteriner Fakültesi'nde yapılan bir doktora tez çalışmasında Ankara, Honamlı, Kilis, Kıl ve Norduz keçilerinden toplam 252 baş hayvan materyal olarak kullanılış ve bu ırklarda genetik çeşitlilik analizleri yapılmıştır (Çınar Kul 2010). Yapılan bu analizler sonucunda haplotip çeşitliliği (hd) değeri Honamlı ve Kıl keçileri için sırasıyla 0.993 ± 0.006 ve 0.996 ± 0.005 olarak tespit edilmiştir. Yürütülen bu tez çalışması kapsamında ise ortalama haplotip çeşitliliği değeri Honamlı ve Kıl keçileri için sırasıyla 0.892 ± 0.006 ve 0.852 ± 0.086 olarak tespit edilmiştir. Her ne kadar Çınar Kul (2010) tarafından yürütülen çalışmada bulunan değerler daha yüksek olsa da her iki çalışmada bulunan değerler Honamlı ve Kıl keçilerinin yüksek genetik varyasyon gösterdiğini ortaya koymaktadır. Yine aynı çalışmada nükleotit çeşitliliği (π) değeri Honamlı ve Kıl keçileri için sırasıyla 0.0233 ± 0.0018 ve 0.0203 ± 0.0010 olarak tespit edilmiştir. Yürütülen bu tez çalışması kapsamında ise ortalama haplotip çeşitliliği değeri Honamlı ve Kıl keçileri için sırasıyla 0.007 ± 0.001 ve 0.006 ± 0.001 olarak tespit edilmiştir. Çınar Kul (2010) tarafından yürütülen çalışmada bulunan değerler bu tez çalışmasında bulunan değerlerden daha yüksektir. Çınar Kul (2010) tarafından yürütülen çalışmada bulunan değerlerin yüksek olmasının sebebi, mtDNA çalışması ve mtDNA'da genetik varyasyonun nDNA'ya göre daha yüksek olması veya örneklemelerin farklı bölgelerden yapılmış olması olabilir.

Bu tez çalışması kapsamında Tajima'nın D değeri Honamlı popülasyonlarında çalışılan tüm gen bölgeleri için pozitif olarak hesaplanmıştır. Kıl popülasyonlarında ise *GH1* hariç tüm bölgeler için pozitif olarak hesaplanmıştır. Honamlı ve Kıl popülasyonları birlikte değerlendirildiğinde de tüm genler için pozitif Tajima D değeri elde edilmiştir. Çınar Kul (2010) tarafından yürütülen çalışmada ise Tajima'nın D değeri hem Honamlı hem de Kıl keçi popülasyonları için negatif olarak hesaplanmıştır. Dolayısıyla bu tez çalışması kapsamında çalışılan popülasyonlarda heterozigotluk değerinin yüksek olduğunu ve beklenenden yüksek haplotip sayısının elde edildiği, Çınar Kul (2010) tarafından yürütülen çalışmadaki popülasyonlarda ise heterozigotluğun düşük olduğunu ve haplotip sayısının beklenenden daha düşük olduğunu söylenebilir.

Bu tez çalışmasında elde edilen genetik çeşitlilik değerlerinin dünya ırklarıyla karşılaştırılması amacıyla literatür incelendiğinde Avrupa ırkları ile karşılaştırmada kullanılabilecek az sayıda çalışma bulunmaktadır. Bunlardan birisi Sardina vd. (2006) tarafından Sicilya yerli keçi ırklarında yapılmıştır. Toplam 67 örneğin analiz edildiği bu çalışmada Sicilya'ya özgü üç yerli keçi ırkı incelenmiş ve nükleotit çeşitliliği %0.9 ile %2.4 aralığında, haplotip çeşitliliği ise 0.806 ile 0.963 aralığında bulunmuştur ve genetik çeşitliliğin düşük olması bu ırklardan hayvanların sayılarının giderek azalmasına bağlanmıştır. Bir diğer çalışma ise Pereira vd. (2005) tarafından Portekiz yerli keçilerinde yapılan çalışmadır ve 288 baş keçi incelenerek ortalama haplotip çeşitliliği ise 0.977 olarak bulunmuştur. Afrika keçi ırkları ile ilgili olarak ise Royo vd. (2009), Batı Afrika keçi ırklarını ortalama 14'er örnekle incelemişler ve nükleotit çeşitliliğini %1 ile %3.3 arasında, haplotip çeşitliliğini ise ortalama 0.748 bulmuşlardır. Sunulan bu tez çalışmasında ise her ırk için mümkün olduğunca farklı bölgelerden ve akraba olmayan sürülerden seçilen Honamlı ve Kıl keçileri incelenmiştir ve ırkların yeterince temsil edildiği düşünülmektedir. Buna bağlı olarak elde edilen haplotip ve nükleotit çeşitlilik sonuçları, yukarıda özetlenen keçi ırkları ile karşılaştırıldığında birbirlerine benzerlik gösterdiği görülmektedir.

4.4.3. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma analizleri

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik farklılaşmanın değerlendirilebilmesi için haplotip frekanslarına dayalı genetik farklılaşma değeri (G_{ST}), ikiyeşerli genetik farklılaşma katsayısı (F_{ST}), gen akış değeri (N_m), genetik uzaklık (GU) ve genetik benzerlik (GB) değerleri, popülasyonlar arasındaki nükleotit farklılıklarının ortalama oranı (K_{xy}) ve popülasyonlar arasındaki bölge başına ortalama nükleotit yer değişimi sayısı (D_{xy}) hesaplanmış olup Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarının birbirinden genetik olarak ne kadar farklılaştığını ortaya koymak amacıyla yapılan genetik farklılaşma analizleri sonucunda, genetik farklılaşma değeri (G_{ST}) bakımından en yüksek (0.0290) değer *LEP* için hesaplanırken en düşük (-0.0058) değer *POU1F1* için hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasındaki ikiyeşerli genetik farklılaşma katsayısı (F_{ST}) ise en yüksek (0.0658) değer *LEP* için hesaplanırken en düşük (0.0008) değer *POU1F1* için hesaplanmıştır. Gen akış (N_m) değeri 3.51 (*LEP*) ile 260.88 (*POU1F1*) arasında değişmektedir. Her ne kadar genetik uzaklık (GU) ve genetik benzerlik (GB) değerleri tüm genler için birbirine çok yakın tahmin edilmiş olsa da en yüksek genetik uzaklık değeri (0.0207) *MSTN* için hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasındaki nükleotit farklılıklarının ortalama oranı olan K_{xy} değerleri, *IGF* ve *GH* için 1,2095 ile 4,7727 arasında hesaplanırken, popülasyonlar arasındaki bölge başına ortalama nükleotit yer değişimi sayısı olan D_{xy} değerleri *POU1F1* ve *GH* için 0,0038 ile 0,0131 arasında değişmektedir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma değerleri

	G_{ST}	F_{ST}	N_m	GU	GB	K_{xy}	D_{xy}
GH	0.0066	0.0593	3.96	0.0117	0.9883	4.7727	0.0131
IGF	0.0057	0.0587	4.01	0.0165	0.9836	1.2095	0.0040
LEP	0.0290	0.0658	3.51	0.0167	0.9834	2.6766	0.0073
POU1F1	-0.0058	0.0008	260.88	0.0072	0.9929	1.5488	0.0038
MSTN	0.0221	0.0212	12.04	0.0207	0.9795	3.9280	0.0091

G_{ST} : haplotip frekanslarına dayalı genetik farklılaşma değeri (Genetic differentiation index based on the frequency of haplotypes); F_{ST} : ikiyeşerli genetik farklılaşma katsayısı (Pairwise genetic differentiation); N_m : gen akış değeri (gene flow); GU : genetik uzaklık (genetic distance), GB : genetik benzerlik (genetic identity), K_{xy} : popülasyonlar arasındaki nükleotit farklılıklarının ortalama oranı (Average proportion of nucleotide differences between populations); D_{xy} : popülasyonlar arasındaki bölge başına ortalama nükleotit yer değişimi sayısı (The average number of nucleotide substitutions per site between populations).

Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik farklılaşmanın değerlendirilebilmesi için yapılan analizler sonucunda hesaplanan tüm değerler bakımından da popülasyonlar arasında genetik farklılık olmadığı ve genetik olarak Honamlı ve Kıl popülasyonlarının birbirlerine çok fazla benzerlik gösterdiği ortaya koyulmuştur. Özellikle *POU1F1* bakımından popülasyonların birbirlerinden hiçbir farklılık göstermediği hem negatif olarak hesaplanan G_{ST} değerinden hem de sıfıra yakın olarak hesaplanan F_{ST} değerinden anlaşılmaktadır. Ayrıca bu gen bölgesi için Honamlı ve Kıl popülasyonları arasında hesaplanan genetik uzaklık (GU) değeri %1’in altında bulunmuştur ve bu iki popülasyonun %99.29 (GB) oranında birbirlerine benzediği tespit edilmiştir. En yüksek genetik farklılaşma (G_{ST}) değeri *LEP* için tahmin edilirken en yüksek genetik uzaklık (GU) değeri ise *MSTN* için hesaplanmıştır.

İkişerli F_{ST} değeri popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmayı göstermektedir ve çalışılan popülasyonlarda özgül allellere göre, orta frekansa sahip allellerden daha çok etkilenebilir. Bu tez çalışmasında Antalya’da yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarının birbirinden genetik olarak ne kadar farklılaştığını ortaya koymak için popülasyonlar arasındaki ikişerli genetik farklılaşma katsayıları (pairwise F_{ST}) hesaplanmış olup 0.0008 ile 0.0658 arasında değerler bulunmuştur. Wright (1978)’a göre çalışılan popülasyonlar arasında hesaplanan genetik farklılaşma katsayıları 0.05’ten küçük ise görülen bu farklılıkların biyolojik olarak herhangi bir önemi yoktur ve o popülasyonlar birbirine benzer olarak nitelendirilir. Bu bağlamda *POUIF1* ve *MSTN* için bu iki keçi popülasyonu arasındaki farklılıkların biyolojik açıdan bir önemi olmadığı söylenebilir. Hartl ve Clark (2007)’ın açıklamalarına göre, *GHI*, *IGF-I* ve *LEP* bakımından Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasında orta seviyede bir genetik farklılaşma söz konusudur. Çünkü bu ikili popülasyonlar arasında hesaplanan değerler 0.05 ile 0.15 arasındadır.

Çınar Kul (2010), Yıldırım (2015) ve Aslan (2019) tarafından yapılan çalışmalarda Honamlı ve Kıl popülasyonlarında hesaplanan F_{ST} değerlerinin sırasıyla 0.007, 0.029 ve 0.020 olduğu belirlenmiştir. Bu doktora tez çalışmasında ise F_{ST} değerleri 0.0008 ile 0.0658 arasında hesaplanmış olup, mtDNA, mikrosatellit ve MHC gen bölgelerine göre daha fazla genetik farklılaşma görülmüştür. Bu tez çalışması, Çınar Kul (2010), Yıldırım (2015) ve Aslan (2019) çalışmalarıyla karşılaştırıldığında, kullanılan farklı gen bölgeleri ve farklı örneklemeyle ilgili olarak genetik farklılaşma değerlerinin değişebileceğini göstermektedir. Ancak genel olarak, bu üç çalışma da Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasında belirgin bir genetik farklılaşma olmadığını göstermektedir.

Litaratür taramalarımıza göre, Çınar Kul (2010) tarafından mtDNA üzerinde yapılan çalışmada, Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonları arasındaki genetik uzaklığın 0.00015 olduğu tespit edilmiştir. Öte yandan, Aslan (2019) tarafından MHC gen kompleksi üzerinde yapılan çalışmada ise bu değer 0.16 olarak tahmin edilmiştir. Mikrosatellit lokuslar kullanılarak yürütülen bir diğer çalışmada ise Yıldırım (2015) tarafından 0.093 olarak hesaplanmıştır. Bu tez çalışması kapsamında ise genetik uzaklık değeri üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından 0.0072 ile 0.0207 arasında hesaplanmıştır. Bu tez çalışması ile Yıldırım (2015) ve Çınar Kul (2010) tarafından yapılan çalışmalar göz önüne alındığında, her ne kadar bu çalışmada hesaplanan değer yüksek olsa da Honamlı ve Kıl popülasyonları arasındaki genetik uzaklığın oldukça düşük olduğu görülmektedir. Diğer yandan, Aslan (2019) tarafından yapılan çalışmada hesaplanan değer bu tez çalışmasında bulunan değerden oldukça yüksektir. Genetik uzaklık değerleri bakımından görülen bu farklılığın sebebi, bu iki çalışmada farklı gen bölgelerinin üzerinde durulması (Honamlı ve Kıl popülasyonları MHC gen bölgeleri bakımından genetik olarak birbirinden daha çok farklılaşmış olabilir) veya farklı sürülerden örnekleme yapılması olabilir.

Çınar Kul (2010) tarafından yapılan çalışmada, iki popülasyon için Dxy değeri (popülasyonlar arasındaki bölge başına ortalama nükleotit yer değişimi sayısı) 0.0226 olarak bulunmuştur. Bu değer yapılan bu tez çalışmasında ise 0.0040 ile 0.0131 arasında tahmin edilmiştir ve Çınar Kul (2010) tarafından yapılan çalışmaya göre nispeten düşüktür. Bunun nedeni, mtDNA’nın nükleer DNA’ya göre daha hızlı bir mutasyon oranına sahip olması olabilir. Bu, mitokondrial genomun daha hızlı evrimleştiği anlamına

gelebilir ve bu da iki popülasyon arasındaki genetik farklılıkların daha belirgin olmasına neden olabilir.

4.4.4. AMOVA analizleri

Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarında üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından genetik varyasyonun kaynağının tespit edilmesi amacıyla yapılan AMOVA analiz sonucu Çizelge 4.9’da verilmiştir. Yapılan AMOVA analiz sonucunda var olan genetik varyasyonun 0 ila %6.67’sinin üzerinde durulan Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarının farklı olmasından, %93,33 ila %100’ünün ise popülasyon içi bireylerin birbirlerinden genetik olarak farklı olmasından kaynaklandığı görülmüştür. AMOVA analiz sonuçlarına göre popülasyonlar arasında önemli bir fark gözlemlenmediği, farklılığın çok yüksek bir kısmının popülasyonlar içindeki bireyler arasında gerçekleştiği ortaya konulmuştur.

Çizelge 4.9. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında AMOVA analizi

	Varyasyon Kaynağı	SD	Kareler Toplamı	Varyans Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi
GH1	Popülasyonlar arası	1	4.171	0.1543	6.67
	Popülasyon içi	25	53.977	2.1590	93.33
	Toplam	26	58.148	2.3134	
IGF-I	Popülasyonlar arası	1	1.083	0.0353	5.84
	Popülasyon içi	27	15.400	0.5703	94.16
	Toplam	28	16.483		
LEP	Popülasyonlar arası	1	2.66	0.087	6.52
	Popülasyon içi	31	38.91	1.255	93.48
	Toplam	32	41.57	1.342	
POU1	Popülasyonlar arası	1	0.769	0.000	0.00
	Popülasyon içi	31	24.504	0.789	100.00
	Toplam	32	25.273	0.789	
MSTN	Popülasyonlar arası	1	1.68	0.00	0.00
	Popülasyon içi	13	26.17	1.970	100.00
	Toplam	14	41.57	1.970	

Daha önceden yapılan çalışmalar koyun ve keçi gibi göç esnasında kolay taşınabilen evcil hayvanlarda popülasyon içindeki varyasyonun popülasyonlar arasındaki varyasyondan çok daha yüksek olduğunu ortaya koymuştur. Özellikle, Asya ve Avrupa keçilerinde şimdiye kadar yapılan çalışmalar toplam genetik varyasyonunun $\approx$ %14’ünün popülasyonlar arasındaki genetik varyasyondan kaynaklandığını ortaya koymuştur (Luikart vd. 2001). Bu oran evcil koyunlarda gözlenenenden ($\approx$ %20) biraz daha düşüktür (Chen vd. 2006). Çünkü evcilleştirilmiş hayvan türlerinde, popülasyon içi genetik

varyasyon, popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmadan çok daha yüksektir (Gizaw vd. 2014). Bu tez çalışması kapsamında da benzer sonuçlar elde edilmiştir. Antalya’da yetiştirilen Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarındaki genetik varyasyonun kaynağının tespit edilmesi amacıyla yapılan AMOVA analiz sonucunda gözlenen genetik varyasyonun çok büyük kısmının (%93,33 - %100) popülasyonlar içindeki bireylerin farklı olmasından kaynaklandığı ve popülasyonlar arasındaki genetik varyasyonun çok düşük olduğu görülmüştür (Çizelge 4.9).

Honamlı ve Kıl keçilerinde daha önceden yapılmış çalışmalar incelendiğinde popülasyonlar arası genetik varyasyonun Çınar Kul (2010) tarafından %1.41 ve Aslan (2019) tarafından %8.62 olarak tahmin edildiği görülmüş olup bu tez kapsamında elde edilen değerler ile önceki çalışmalar benzerlik göstermiştir.

4.4.5. Fenotipik (büyüme özellikleri) veriler

Bu çalışmada, Elmalı ve Korkuteli ilçelerine gidilerek, her bir baş Honamlı (n=100) ve Kıl (n=100) keçilerine ait fenotipik veriler ölçülmüştür. Bu veriler (cidago yüksekliği, sağrı yüksekliği, göğüs çevresi, vücut uzunluğu) ölçü bastonu ve ölçü şeridi kullanılarak alınmıştır. GCAA ise 100 g hassasiyetli tabla baskül kullanarak ölçülmüştür. Bu keçi popülasyonlarına ait ortalama fenotipik veriler Çizelge 4.10’da gösterilmiştir.

Çizelge 4.10. Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarında ortalama fenotipik değerler

	GCAA (g)	Cidago Yüksekliği (cm)	Sağrı Yüksekliği (cm)	Göğüs Çevresi (cm)	Vücut Uzunluğu (cm)
Honamlı	159	87	88	88	94
Kıl	158	82	81.2	88	83.6

4.4.6. *GH1*, *IGF-I*, *POU*, *LEP* ve *MSTN* fenotipik özellikler üzerine etkisi

Sunulan doktora tez çalışmasında Honamlı ve Kıl keçilerinde, üzerinde durulan *GH1*, *IGF-I*, *POU*, *LEP* ve *MSTN* genleri DNA dizi analizi yöntemiyle dizilenmiş ve bu gen bölgelerinde var olan SNP’ler tespit edilmiştir. Yapılan DNA dizi analizi sonucunda *GH1*’de 14 SNP, *IGF-I*’de 3 SNP, *POU1F1*’de 6 SNP, *LEP*’te 6 SNP ve *MSTN*’de 6 SNP tespit edilmiştir.

4.4.6.1. *GH1* SNP’lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi

Yukarıdaki model kullanılarak yapılan istatistik analizlerde *GH1*’de 14 tane SNP bulunmuş olup bu SNP’lere ait her bir genotipin ortalamaları arasındaki farkın istatistik önem dereceleri (*p*) Çizelge 4.11’de verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda;

927. SNP (927G>A) sadece Honamlı ırkında sağrı yüksekliği (*p*=0.05) bakımından önemli farklılık bulunmuştur. Bu SNP bakımından GA genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek sağrı yüksekliğine sahip olduğu ortaya koyulmuştur.

934. SNP (934G>A) sadece Kıl ırkında; sağrı yüksekliği ($p=0.05$), göğüs çevresi ($p=0.04$) ve vücut uzunluğu ($p=0.04$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından GA genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek sağrı yüksekliği, göğüs çevresi ve vücut uzunluğuna sahip olduğu tespit edilmiştir.

966. SNP (966G>T) sadece Honamlı ırkında; GCAA ($p=0.04$) fenotipik özelliğinde önemli farklılık bulunmuştur. Bu SNP bakımından GT genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek günlük canlı ağırlık artışına sahip olduğu ortaya koyulmuştur.

1005. SNP (1005T>C) sadece Honamlı ırkında; cidago yüksekliği ($p=0.02$) ve vücut uzunluğu ($p=0.02$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından TT genotipine sahip keçilerin TC genotipine göre daha yüksek cidago yüksekliğine ve vücut uzunluğuna sahip olduğu belirtilmiştir.

1009. SNP (1009T>G) sadece Kıl ırkında; cidago yüksekliği ($p=0.03$) ve göğüs çevresi ($p=0.01$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından TG genotipine sahip keçilerin TT genotipine göre daha yüksek cidago yüksekliğine ve vücut uzunluğuna sahip olduğu tespit edilmiştir.

1097. SNP (1097C>A) sadece Kıl ırkında göğüs çevresi ($p=0.02$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından CA genotipine sahip keçilerin CC genotipine göre daha yüksek göğüs çevresi uzunluğuna sahip olduğu tespit edilmiştir. *GH1*’de tespit edilen diğer SNP’lere ait genotipler bakımından ortalamalar arasında herhangi bir önemli fark bulunmamıştır (Çizelge 4.11).

Keçilerde *GH1*’in fenotipik özellikler ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik az sayıda çalışmaya rastlanılmış olup bu çalışmaların birçoğu PCR-RFLP yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve sadece bir SNP bölgesi üzerinde durulmuştur. Honamlı ve Kıl keçilerinde *GH1*’in sadece PCR-RFLP ile çalışıldığı bir araştırmada bu gen bakımından tespit edilen polimorfizmlerin doğum ağırlığı, vücut uzunluğu ve canlı ağırlık özellikleri ile ilişkili olmadığı bildirilmiştir (Korkmaz Ağaoğlu vd. 2019). Hua vd. (2009) tarafından Boer keçi ırkında yapılan araştırmada iki adet SNP (A781G ve A1575G) tespit edilmiş olup *GH1*’in büyüme özellikleri (doğum göğüs çevresi, vücut ağırlığı ve sütten kesim ağırlığı) ile ilişkili olduğu ve bu özellikler için belirleyici bir marker olabileceği bildirilmiştir. Boer keçilerinde yapılan bir başka çalışmada (Zhang vd. 2011) da yine iki adet SNP (A781G ve A1575G) belirlenmiş olup *GH1*’in süperovulasyon ve yavru doğum ağırlığı ile ilişkili olduğu bildirilmiştir. An vd. (2010) tarafından Çin yerli keçilerinde yürütülen bir çalışmada 5 adet SNP tespit edilmiş olup *GH1*’in vücut ağırlığı, cidago yüksekliği, vücut uzunluğu ve göğüs çevresi özellikleri ile ilişkili olduğu ortaya koyulmuştur. Hindistan yerli keçi ırklarında yürütülen bir çalışmada *GH1*’in canlı ağırlık ve vücut uzunluğu ile alakalı olup bu özellikler için seleksiyon programlarında marker olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir (Gitanjli vd. 2020). Bu çalışmalar dışında da *GH1*’i üzerinde başka çalışmalar (Alakilli vd. 2012; Gupta vd. 2007, 2009; Mahrous vd. 2018) yapılmış olup bunlar sadece polimorfizm belirlemeye yönelik çalışmalardır.

Çizelge 4.11. *GH1* için elde edilen SNP'ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP'lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi

SNP ¹	GE	GCAA (g)		Cidago Yüksekliği (cm)		Sağrı Yüksekliği (cm)		Göğüs Çevresi (cm)		Vücut Uzunluğu (cm)	
		H	K	H	K	H	K	H	K	H	K
827G>A	GG	191.8	151	84.5	81.6	85.8	80.3	88.4	86.9	84.3	85.4
	GA	145.7	163	86.0	83.5	92.0	83.5	91.5	89.5	84.0	91.5
	p	0.40	0.75	0.89	0.69	0.25	0.38	0.60	0.38	0.52	0.57
863C>T	CC	154.1	153	84.8	82.0	87.0	80.0	89.0	87	84.3	86
	CT	-	147	-	77	-	79	-	83	-	82
	p	-	0.84	-	0.83	-	0.18	-	0.97	-	0.69
872A>T	AA	162.6	152	85.6	82	89.5	81	89.5	87	84.7	86
	AT	116.0	153	81.0	74	86.5	76	86.5	84	82.0	84
	p	0.10	0.89	0.65	0.08	0.23	0.44	0.95	0.68	0.51	0.59
927G>A	GG	172.8	148	84.8	80	84.8	79	88.0	86	83.3	85
	GA	131.7	161	84.8	84	89.6	82	90.2	88	85.4	88
	p	0.22	0.56	0.85	0.53	0.05*	0.43	0.79	0.47	0.11	0.25
934G>A	GG	146.6	150	86.0	79	89.7	78	91.5	84	85.5	83
	GA	158.4	160	84.1	87	85.4	86	87.5	95	83.5	94
	p	0.64	0.97	0.34	0.06	0.07	0.05*	0.34	0.04*	0.16	0.04*
966 G>T	GG	149.8	152	84.0	81	86.5	80	88.0	87	84.5	86
	GT	165.4	-	87.0	-	88.3	-	91.6	-	83.6	-
	p	0.04*	-	0.23	-	0.93	-	0.09	-	0.76	-
1001G>A	GG	142.6	153	84.7	82	86.1	80	88.1	87	85.0	86
	GA	184.7	148	85.0	80	89.3	81	91.3	86	82.3	86
	p	0.73	0.94	0.47	0.10	0.28	0.95	0.07	0.11	0.37	0.96
1005T>C	TT	123.3	142	88.5	79	90.5	80	89.5	81	88.5	79
	TC	160.9	153	84.0	82	86.2	80	88.8	87	83.3	86
	p	0.62	0.49	0.02*	0.86	0.16	0.51	0.29	0.68	0.02*	0.42
1009T>G	TT	160.8	151	84.9	80	87.0	80	89.2	86	84.3	84
	TG	87.0	161	84.0	89	87.0	85	87.0	96	84.0	95
	p	0.86	0.77	0.62	0.03*	0.88	0.28	0.21	0.01**	0.22	0.09
1041A>T	AA	142.6	151	84.7	81	86.1	80	88.1	86	85.0	85
	AT	184.7	164	85.0	85	89.3	83	91.3	94	82.3	93
	p	0.73	0.65	0.47	0.64	0.28	0.56	0.07	0.12	0.37	0.12
1057G>A	GG	153.0	153	84.6	82	85.7	80	88.6	87	84.3	86
	GA	156.8	148	85.3	80	90.3	81	90.0	86	84.0	86
	p	0.40	0.94	0.89	0.10	0.25	0.95	0.60	0.11	0.52	0.96
1070G>A	GG	214.9	146	90.5	78	89.5	77	93.5	81	91.0	80
	GA	140.6	157	83.5	84	86.4	83	88.0	91	82.7	90
	p	0.86	0.59	0.62	0.31	0.88	0.88	0.21	0.77	0.22	0.60
1078A>G	AA	158.2	151	84.8	80	87.1	79	90.0	86	83.3	85
	AG	149.2	166	84.8	97	86.8	96	87.8	105	85.4	102
	p	0.64	0.86	0.35	0.80	0.39	0.54	0.09	0.37	0.48	0.69
1097C>A	CC	141.6	148	85.0	82	86.4	81	90.8	86	86.2	85
	CA	176.1	160	84.5	80	88.0	79	85.7	88	80.7	86
	p	0.37	0.08	0.95	0.63	0.85	0.77	0.69	0.02*	0.90	0.88

¹ SNP noktaları KX032517.1 (NCBI accession number)'e göre verilmiştir.

*p<0.05; H: Honamlı; K: Kıl.

4.4.6.2. IGF-I SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi

Yukarıdaki model kullanılarak yapılan istatistik analizlerde *IGF-I*'de 3 tane SNP bulunmuştur. Bu SNP'lere ait her bir genotipin ortalamaları arasındaki farkın istatistik önem dereceleri (p) Çizelge 4.10'da verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda sadece 5752. SNP (5752G>C) bakımından Honamlı ırkında göğüs çevresi ($p=0.03$) ve vücut uzunluğu ($p=0.03$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından GC genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek göğüs çevresi ve vücut uzunluğuna sahip olduğu ortaya koyulmuştur. *IGF* gen bölgesinde tespit edilen diğer SNP'lere ait genotipler bakımından ortalamalar arasında herhangi bir önemli fark bulunmamıştır (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12. *IGF-I* için elde edilen SNP'ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP'lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi

SNP ¹	Genotip	GCAA (g)		Cidago Yüksekliği (cm)		Sağrı Yüksekliği (cm)		Göğüs Çevresi (cm)		Vücut Uzunluğu (cm)	
		H	K	H	K	H	K	H	K	H	K
5752G>C	GG	148.6	153.6	86.7	82.6	87.7	82.8	91.5	90.2	86.1	85.8
	GC	213.8	161.2	95.2	80.5	95.0	78.7	107.7	87.0	106.0	86.6
	CC	--	152.3	--	76.0	--	79.0	-	85.0	-	85.0
	p	0.28	0.54	0.38	0.73	0.10	0.20	0.03*	0.83	0.03*	0.42
5778C>T	CC	167.8	160.1	88.85	81.6	89.4	81.0	96.4	89.2	91.6	87.6
	CT	-	144.6	-	76.0	-	74.0	-	79.5	-	77.5
	TT	159.7	-	93.00	-	94.0	-	92.0	-	93.0	-
	p	0.37	0.47	0.37	0.79	0.24	0.41	0.79	0.61	0.39	0.60
5841C>T	CC	178.9	154.14	92.56	79.2	92.00	79.0	98.00	86.3	96.22	84.4
	CT	146.1	169.8	83.00	85.7	85.80	84.5	92.80	94.5	83.80	93.2
	TT	-	151.0	-	79.0	-	74.0	-	78.0	-	77.0
	p	0.21	0.40	0.68	0.59	0.91	0.79	0.62	0.43	0.22	0.16

¹ SNP noktaları HQ731040.1 (NCBI accession number)'e göre verilmiştir.

* $p<0.05$; H: Honamlı; K: Kıl.

Keçilerde *IGF-I*'in fenotipik özellikler ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik çalışmaların birçoğu PCR-RFLP yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve sadece bir SNP bölgesi üzerinde durulmuştur. Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi'nde yürütülen bir yüksek lisans tez çalışmasında *HaeIII* enzimi kullanılarak *IGF-I*'deki 5752G>C SNP'indeki polimorfizmler belirlenmiş olup ilgili polimorfizmin, her iki ırkta da 90, 120, 180 ve 365 günlük canlı ağırlık ve vücut ölçüleri gibi büyüme özellikleri üzerine etkisi istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur (Zeytüllü 2015). Zhang vd. (2008) tarafından Çin'de yetiştirilen Nanjiyang Huan keçi ırkında yapılan araştırmada *IGF-I*'deki 5752G>C SNP'inin doğum ağırlığı, canlı ağırlık ve vücut uzunluğu ile yüksek ilişkili olduğu bildirilmiştir. Çin'de yetiştirilen Sanen keçilerinde yürütülen bir çalışmada ise *IGF-I*'deki 5752G>C SNP'inin vücut uzunluğu ve göğüs çevresi uzunluk ölçüleri ile yüksek ilişkili olduğu ve ayrıca süt verim özellikleri ile de alakalı olduğu bildirilmiştir (Deng vd. 2010). Endonezya'nın Kejobong keçi ırkında yapılan araştırmada *IGF-I*'deki 5752G>C SNP'inin canlı ağırlık ve vücut uzunluk ölçüleri ile yüksek ilişkili olduğu bildirilmiştir (Lestari vd. 2020). Yürütülen bu doktora tez çalışmasında da *IGF-I*'deki 5752G>C SNP bakımından Honamlı ırkında göğüs çevresi ($p=0.03$) ve vücut uzunluğu ($p=0.03$) bakımından önemli farklılıklar bulunmuştur.

4.4.6.3. *LEP* SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi

Yukarıdaki model kullanılarak yapılan istatistik analizlerde *LEP*'de 6 tane SNP bulunmuştur. Bu SNP'lere ait her bir genotipin ortalamaları arasındaki farkın istatistik önem dereceleri (p) Çizelge 4.13'te verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda;

1084. SNP (1084G>A) Honamlı ve Kıl ırkında GCAA (sırasıyla $p=0.03$, $p=0.04$) fenotipik özelliğinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP her iki ırkda da GA genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek günlük canlı ağırlık artışına sahip olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Honamlı ırkında cidago uzunluğu ($p=0.02$) fenotipik özelliğinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından GA genotipine sahip keçilerin GG genotipine göre daha yüksek cidago uzunluğuna sahip olduğu tespit edilmiştir.

1224. SNP (1224C>A) sadece Kıl ırkında göğüs çevresi ($p=0.01$) ve vücut uzunluğu ($p=0.05$) fenotipik özelliklerinde önemli farklılıklar bulunmuştur. Bu SNP bakımından CA genotipine sahip keçilerin CC genotipine göre daha yüksek göğüs çevresi ve vücut uzunluğuna sahip olduğu tespit edilmiştir. *LEP* gen bölgesinde tespit edilen diğer SNP'lere ait genotipler bakımından ortalamalar arasında herhangi bir önemli fark bulunmamıştır (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. *LEP* için elde edilen SNP'ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP'lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi

SNP	Genotip	GCAA (g)		Cidago Yüksekliği (cm)		Sağrı Yüksekliği (cm)		Göğüs Çevresi (cm)		Vücut Uzunluğu (cm)	
		H	K	H	K	H	K	H	K	H	K
1021G>A	GG	158	151.5	86	82.7	87	81.3	91	88.4	87	86.6
	GA	-	159.4	-	82.6	-	81.8	-	88.7	-	88.0
	p	-	0.12	-	0.92	-	0.66	-	0.78	-	0.48
1075G>A	GG	162	151.6	85	82.1	87	81.7	92	88.1	87	86.5
	GA	145	160.4	88	83.5	89	82.2	90	89.2	86	88.4
	p	0.66	0.19	0.17	0.98	0.25	0.97	0.78	0.96	0.60	0.90
1084G>A	GG	142	151.1	82	81.9	85	81.0	83	87.7	88	86.4
	GA	187	168.7	92	85.5	93	83.7	92	91.7	98	90.2
	p	0.03*	0.04*	0.02*	0.80	0.20	0.82	0.13	0.65	0.20	0.78
1113G>A	GG	149	148.1	85	82.7	87	81.0	96	88.4	91	86.7
	GA	165	158.7	86	82.6	88	81.9	88	88.6	84	87.5
	p	0.90	0.24	1.00	0.82	0.86	0.65	0.45	0.46	0.52	0.87
1123G>A	GG	162	149.6	84	82.4	86	80.6	93	87.3	88	86.0
	GA	154	160.6	88	83.0	89	82.6	93	90.0	84	88.5
	p	0.83	0.14	0.31	0.66	0.46	0.77	0.98	0.78	0.98	0.77
1224C>A	CC	140	162.1	80	94.5	84	88.0	89	104.5	83	102.5
	CA	172	154.0	90	81.2	90	80.8	93	86.7	90	85.4
	p	0.06	0.82	0.26	0.07	0.66	0.45	0.70	0.01**	0.54	0.05*

¹ SNP noktaları JQ739233.1 (NCBI accession number)'e göre verilmiştir.

* $p<0.05$; H: Honamlı; K: Kıl.

Keçilerde *LEP*'in fenotipik özellikler ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik az sayıda çalışmaya rastlanılmış olup bu çalışmaların birçoğu PCR-RFLP yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve sadece bir SNP bölgesi üzerinde durulmuştur. Honamlı ve Kıl keçilerinde *LEP*'in sadece PCR-RFLP ile çalışıldığı bir araştırmada bu gen

bakımından tespit edilen polimorfizmlerin doğum ağırlığı, vücut uzunluğu ve canlı ağırlık özellikleri ile ilişkili olmadığı bildirilmiştir (Korkmaz Ağaoğlu vd. 2019). Wang vd. (2015) tarafından Çin’de yetiştirilen 5 farklı keçi ırkında yapılan araştırmada altı adet SNP tespit edilmiş olup bu polimorfizmlerin *LEP*’in büyüme özellikleri (doğum ağırlığı, canlı ağırlığı ve vücut uzunluğu) ile ilişkili olduğu ve bu özellikler için belirleyici bir marker olabileceği bildirilmiştir.

Yürütülen bu tez çalışmasında elde edilen en önemli sonuçlardan bir tanesi *LEP* genindeki 1084G>A SNP’sinin hem Honamlı hem de Kıl keçilerinde GCAA ile ilişkili olarak bulunmasıdır. Dolayısıyla bu SNP bölgesinin canlı ağırlık ile alakalı yapılacak olan seleksiyon programlarında marker olarak kullanılması önerilebilir.

4.4.6.4. *POU1F1* SNP’lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi

Yukarıdaki model kullanılarak yapılan istatistik analizlerde *POU1F1*’de 6 tane SNP bulunmuştur. Bu SNP’lere ait her bir genotipin ortalamaları arasındaki farkın istatistik önem dereceleri (p) Çizelge 4.14’te verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda;

723. SNP (723T>G) sadece Honamlı ırkında GCAA ($p=0.02$) fenotipik özelliğinde önemli farklılık bulunmuştur. Bu SNP bakımından TG genotipine sahip keçilerin TT genotipine göre daha yüksek günlük canlı ağırlık artışına sahip olduğu tespit edilmiştir.

837. SNP (837T>C) sadece Honamlı ırkında GCAA ($p=0.02$) fenotipik özelliğinde önemli farklılık bulunmuştur. Bu SNP bakımından TC genotipine sahip keçilerin TT genotipine göre daha yüksek günlük canlı ağırlık artışına sahip olduğu tespit edilmiştir. *POU1F1* gen bölgesinde tespit edilen diğer SNP’lere ait genotipler bakımından ortalamalar arasında herhangi bir önemli fark bulunmamıştır (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.14. *POU1F1* için elde edilen SNP’ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP’lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi

SNP ¹	Genotip	GCAA (g)		Cidago Yüksekliği (cm)		Sağrı Yüksekliği (cm)		Göğüs Çevresi (cm)		Vücut Uzunluğu (cm)	
		H	K	H	K	H	K	H	K	H	K
682G>T	GG	163	154	83	83	86	81	86	87	82	89
	GT	153	155	90	81	91	80	99	84	95	84
	p	0.69	0.94	0.20	0.74	0.40	0.75	0.36	0.54	0.77	0.91
723T>G	TT	159	154	86	82	88	80	93	86	88	85
	TG	162	158	86	85	87	83	82	92	77	90
	GG	-	152	-	79	-	81	-	90	-	85
	p	0.02*	0.25	0.48	0.27	0.55	0.63	0.30	0.80	0.39	0.58
837T>C	TT	157	153	84	81	87	80	87	84	83	86
	TC	165	158	89	87	90	84	101	93	97	93
	p	0.02*	0.75	0.09	0.38	0.37	0.51	0.10	0.38	0.09	0.24
896C>T	CC	159	153	86	83	87	82	91	87	87	89
	CT	-	160	-	77	-	78	-	81	-	82
	p	-	0.44	-	0.46	-	0.43	-	0.92	-	0.94
912T>C	TT	159	153	86	83	87	82	91	87	87	89
	TC	-	160	-	77	-	78	-	81	-	82
	p	-	0.46	-	0.46	-	0.43	-	0.92	-	0.94
986T>C	TT	159	155	85	82	87	81	92	88	87	87
	TC	163	133	87	79	89	80	80	80	79	80
	p	0.02*	0.09	0.48	0.74	0.55	0.41	0.30	0.69	0.39	0.83

¹ SNP noktaları Zhu vd. (2019)’e göre verilmiştir.

*p<0.05; H: Honamlı; K: Kıl.

Keçilerde *POU1F1*’in fenotipik özellikler ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik az sayıda çalışmaya rastlanılmış olup bu çalışmaların birçoğu PCR-RFLP yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve sadece bir SNP bölgesi üzerinde durulmuştur. Ege Üniversitesi’nde yürütülen bir doktora tez çalışmasında PCR-RFLP ve DNA dizi analiz yöntemleri kullanılarak *POU1F1*’deki polimorfizmler belirlenmiş olup ilgili polimorfizmler ile laktasyon süt verimi, doğumda oğlak sayısı ve oğlak doğum ağırlığı özellikleri arasında önemli ilişki bulunmuştur (Işık 2016). Honamlı ve Kıl keçilerinde *POU1F1*’in sadece PCR-RFLP ile çalışıldığı bir çalışmada bu gen bakımından tespit edilen polimorfizmlerin doğum ağırlığı, vücut uzunluğu ve canlı ağırlık özellikleri ile ilişkili olmadığı bildirilmiştir (Korkmaz Ağaoğlu vd. 2019).

Çin’de yetiştirilen Kaşmir keçilerinde yürütülen bir çalışmada (Zhu vd. 2019) *POU1F1*’deki SNP’lerin vücut yüksekliği, vücut ağırlığı, vücut uzunluğu, kalça yüksekliği, göğüs çevresi, göğüs derinliği, göğüs genişliği ve kalça genişliği özellikleri ile ilişkili olup olmadığı araştırılmıştır. Sonuç olarak 682G>T SNP’inin vücut yüksekliği, vücut uzunluğu, kalça yüksekliği, göğüs çevresi ve göğüs genişliği ile alakalı olduğunu, 723T>G SNP’inin kalça genişliği, vücut uzunluğu ve göğüs çevresi ile alakalı olduğunu, 837T>C SNP’inin kalça yüksekliği, göğüs çevresi, göğüs derinliği, göğüs genişliği ve vücut uzunluğu ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Bu doktora tez çalışması kapsamında da 723T>G ve 837T>C SNP’lerinin GCAA ile alakalı olduğu tespit edilmiştir.

4.4.6.5. *MSTN* SNP'lerin fenotipik özellikler üzerine etkisi

Yukarıdaki model kullanılarak yapılan istatistik analizlerde *MSTN*'de 6 tane SNP bulunmuştur. Bu SNP'lere ait her bir genotipin ortalamaları arasındaki farkın istatistik önem dereceleri (*p*) Çizelge 4.15'te verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda; Honamlı ve Kıl keçi ırkında *MSTN*'de tespit edilen SNP'lere ait genotipler bakımından ortalamalar arasında herhangi bir önemli fark bulunmamıştır (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.15. *MSTN* için elde edilen SNP'ler bakımından genotiplere ait ortalamalar ve SNP'lerin üzerinde durulan fenotipik özellikler ile ilişkisi

SNP	Genotip	GCAA (g)		Cidago Yüksekliği (cm)		Sağrı Yüksekliği (cm)		Göğüs Çevresi (cm)		Vücut Uzunluğu (cm)	
		H	K	H	K	H	K	H	K	H	K
330 G>A	GG	158.4	153.1	86.3	83.6	87.5	82.2	92.0	91.2	83.5	87.8
	GA	151.6	148.7	85.8	79.0	86.5	79.0	89.5	83.0	90.2	82.0
	p	0.56	0.55	0.86	0.77	0.98	0.73	0.32	0.98	0.09	0.88
440 G>A	GG	172.6	154.6	89.6	80.7	90.3	80.5	91.0	87.7	85.6	84.0
	GA	144.4	148.1	83.8	84.3	85.0	82.3	90.6	90.3	87.6	89.0
	p	0.99	0.09	0.47	0.77	0.43	0.27	0.39	0.55	0.75	0.65
501 G>A	GG	172.6	151.3	89.6	82.8	90.3	81.8	91.0	89.5	85.6	86.3
	GA	144.4	154.8	83.8	79.0	85.0	78.0	90.6	85.0	87.6	85.0
	p	0.99	0.67	0.47	0.62	0.43	0.49	0.39	0.21	0.75	0.11
513 G>T	GG	172.6	154.6	89.6	80.7	90.3	80.5	91.0	87.7	85.6	84.0
	GT	144.4	148.1	83.8	84.3	85.0	82.3	90.6	90.3	87.6	89.0
	p	0.99	0.09	0.47	0.77	0.43	0.27	0.39	0.55	0.75	0.65
526 A>T	AA	172.6	154.6	89.6	80.7	90.3	80.5	91.0	87.7	85.6	84.0
	AT	144.4	148.1	83.8	84.3	85.0	82.3	90.6	90.3	87.6	89.0
	p	0.99	0.09	0.47	0.51	0.43	0.49	0.39	0.21	0.75	0.11
527 G>C	GG	172.6	154.6	89.6	80.7	90.3	80.5	91.0	87.7	85.6	84.0
	GC	144.4	148.1	83.8	84.3	85.0	82.3	90.6	90.3	87.6	89.0
	p	0.99	0.09	0.47	0.51	0.43	0.49	0.39	0.21	0.75	0.11
547 G>A	GG	164.1	151.3	87.5	82.8	88.1	81.8	91.6	89.5	86.8	86.3
	GA	127.7	154.8	81.5	79.0	83.5	78.0	88.0	85.0	87.0	85.0
	p	0.32	0.67	0.58	0.62	0.50	0.49	0.66	0.21	0.49	0.11
638 C>T	CC	159.2	154.7	88.0	80.4	88.6	80.0	90.0	87.2	87.0	84.2
	CT	147.9	144.8	82.6	87.0	84.3	84.5	92.0	93.0	86.6	91.0
	p	0.39	0.21	0.50	0.46	0.63	0.38	0.21	0.24	0.49	0.34

¹ SNP noktaları DQ167575.2 (NCBI accession number)'e göre verilmiştir.

Keçilerde *MSTN*'nin fenotipik özellikler ile ilişkisini ortaya koymaya yönelik az sayıda çalışmaya rastlanılmış olup bu çalışmaların birçoğu PCR-RFLP yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve sadece bir SNP bölgesi üzerinde durulmuştur. Honamlı ve Kıl keçilerinde *MSTN*'nin sadece PCR-RFLP ile çalışıldığı bir araştırmada bu gen bakımından tespit edilen polimorfizmlerin doğum ağırlığı, vücut uzunluğu ve canlı ağırlık özellikleri ile ilişkili olmadığı bildirilmiştir (Korkmaz Ağaoğlu vd. 2019). Bi vd. (2020) tarafından Çin'de yetiştirilen Kaşmir keçilerinde yapılan araştırmada *MSTN*'nin göğüs derinliği ile yüksek seviyede ilişkili olduğu ve bu özellikler için belirleyici bir marker olabileceği bildirilmiştir. Boer keçilerinde yapılan bir çalışmada (Zhang vd. 2012) da yine

iki adet SNP belirlenmiř olup *MSTN*'nin doęum, 90. gn ve 300. gn canlı aęılıklarıyla ve vcut uzunluęu ile kuvvetli iliřkili olduęu bildirilmiřtir. Zhang vd. (2013) tarafından Çin'de yetiřtirilen Boer ve Anhui keęilerinde yrtlen bir alıřmada 2 adet SNP (197G>A ve 345A>T) tespit edilmiř olup *MSTN*'deki bu varyasyonların canlı aęırlık, vcut uzunluęu ve vcut ykseklilięi zellikleri ile iliřkili olduęu tespit edilmiřtir. Sunulan bu doktora tez alıřmasında ise *MSTN*'de tespit edilen 8 SNP'ten hi birisi herhangi bir fenotipik zellik ile iliřkili bulunamamıřtır.



5. SONUÇ

Keçilerin evcilleştirilmesine dair en eski kanıtlar, Anadolu (Türkiye)'nin da içinde yer aldığı Mezopotamya bölgelerinde bulunmuştur. Asya ile Avrupa'nın kesişim noktasındaki coğrafi konumu nedeniyle ve bu iki kıta arasındaki köprü vazifesi sebebiyle Anadolu, tarih öncesi çağlardan beri birçok medeniyete ev sahipliği yapmıştır. Bu bölgelerde keşfedilen birkaç Neolitik insan yerleşiminden elde edilen veriler, buranın özellikle keçiler ve koyunlar olmak üzere birçok evcil hayvan için önemli bir evcilleştirme merkezi olduğunu güçlü bir şekilde göstermektedir. Şimdiye kadar yapılan arkeolojik ve moleküler temelli çalışmalar, sığır, domuz, koyun ve keçilerin evcilleştirilmesinde Anadolu'nun çok önemli olduğunu ve bu iki türün Anadolu üzerinden Avrupa'ya yayıldığını bildirmektedir (Zeder 2008). Evcilleştirme tarihinde önemli bir yeri olan Türkiye'nin yerli keçi ırklarından olan Honamlı ve Kıl keçilerinde moleküler temelli yapılan çalışma sayısı oldukça azdır. Bu yüzden Türkiye'de yetiştirilen yerli çiftlik hayvanlarının araştırılması büyük önem arz etmektedir.

Yapılan tez çalışması, Türkiye' de endemik bir ırk olan ve sadece Teke Yöresi'nde yetiştirilen Honamlı Keçi ırkı ile Türkiye'de %98 oranında yetiştiriciliği yapılan Kıl keçi ırkının büyüme özelliği ile alakalı *GH*, *IGF-I*, *POU1F1*, *LEP* ve *MSTN* genlerinin polimorfizmleri (SNP) DNA dizi analizi yöntemi ile belirlenmeye çalışılmış ve genetik çeşitlilik analizlerinin yapılmıştır. Bu genlerde tespit edilen SNP'lerin ve büyüme ile alakalı fenotipik özelliklere (göğüs çevresi, sağrı yüksekliği, canlı ağırlık, vücut uzunluğu ve cıdago yüksekliği) etkilerinin olup olmadığı araştırılmıştır. Yürütülen bu tez kapsamında elde edilen temel sonuçlar aşağıdaki gibidir:

- 1) Türkiye yerli keçi popülasyonlarından olan Honamlı ve Kıl keçilerinde *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* genlerinin dizilenmesi sonucunda, Honamlı popülasyonlarında *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 13, 3, 5, 4 ve 8 polimorfik bölge, Kıl popülasyonlarında ise sırasıyla 13, 3, 6, 6 ve 8 polimorfik bölge (S) tespit edilmiştir. Bu polimorfik bölgeler temelinde Honamlı popülasyonlarında *GH1*, *IGF-I*, *LEP*, *POU1F1* ve *MSTN* için sırasıyla 11, 5, 9, 6 ve 6 farklı haplotip, Kıl popülasyonlarında ise sırasıyla 13, 6, 8, 9 ve 4 farklı haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.7).
- 2) Honamlı ve Kıl keçilerinde genetik çeşitliliğin değerlendirilebilmesi için haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotit çeşitliliği (π) parametreleri tahmin edilmiştir. Haplotip çeşitliliği bakımından Honamlı keçilerinde en yüksek varyasyon (0.014 ± 0.002) *GH1*'de görülürken en düşük varyasyon ise (0.003 ± 0.001) *IGF-I* ve *POU1F1*'de görülmüştür. Kıl keçilerinde ise en yüksek haplotip çeşitliliği *GH1* için 0.967 ± 0.036 olarak tespit edilirken en düşük haplotip çeşitliliği ise *MSTN* için 0.714 ± 0.181 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.7).
- 3) Popülasyondaki çeşitliliğin yapılan pozitif ya da negatif bir seleksiyondan mı yoksa rastgele mi olduğunun test edilmesi için nötralite testleri yapılmıştır. Honamlı keçilerinde en yüksek Tajima'nın D değeri *LEP* için 1.909 olarak hesaplanırken en düşük Tajima'nın D değeri ise *POU1F1* için 0.216 olarak hesaplanmıştır. Kıl keçilerinde ise en yüksek Tajima'nın D değeri *LEP* için 1.592 olarak hesaplanırken en düşük Tajima'nın D değeri ise *GH1* için -0.279 olarak hesaplanmıştır. Honamlı ve Kıl popülasyonları birlikte değerlendirildiğinde tüm genler için pozitif Tajima D değeri

elde edilmiştir. Bu durum Korkuteli ve Elmalı bölgelerinde yetiştirilen Honamlı ve Kıl popülasyonlarında heterozigotluk değerinin yüksek olduğunu ve beklenenden yüksek haplotip sayısının elde edildiğini göstermektedir (Çizelge 4.7).

- 4) Honamlı ve Kıl keçisi popülasyonlarının birbirinden genetik olarak ne kadar farklılaştığını ortaya koymak amacıyla yapılan analizler sonucunda, genetik farklılaşma değeri (G_{ST}) bakımından en yüksek (0.0290) değer *LEP* için hesaplanırken en düşük (-0.0058) değer *POU1F1* için hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasındaki ikişerli genetik farklılaşma katsayısı (F_{ST}) ise en yüksek (0.0658) değer *LEP* için hesaplanırken en düşük (0.0008) değer *POU1F1* için hesaplanmıştır. Gen akışı (N_m) değeri 3.51 (*LEP*) ile 260.88 (*POU1F1*) arasında değişmektedir. Her ne kadar genetik uzaklık (GU) ve genetik benzerlik (GB) değerleri tüm genler için birbirine çok yakın tahmin edilmiş olsa da en yüksek genetik uzaklık değeri (0.0207) *MSTN* için hesaplanmıştır. Yapılan analizler sonucunda hesaplanan tüm değerler bakımından da popülasyonlar arasında genetik farklılık olmadığı ve genetik olarak Honamlı ve Kıl popülasyonlarının birbirlerine çok fazla benzerlik gösterdiği ortaya koyulmuştur (Çizelge 4.8).
- 5) Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarında üzerinde durulan gen bölgeleri bakımından genetik varyasyonun kaynağının tespit edilmesi amacıyla yapılan AMOVA analiz sonucunda var olan genetik varyasyonun 0 ila %6.67'sinin üzerinde durulan Honamlı ve Kıl keçi popülasyonlarının farklı olmasından, %93,33 ila %100'ünün ise popülasyon içi bireylerin birbirlerinden genetik olarak farklı olmasından kaynaklandığı görülmüştür (Çizelge 4.9).
- 6) Honamlı ve Kıl keçilerinde, üzerinde durulan *GH1*, *IGF-I*, *POU*, *LEP* ve *MSTN* DNA dizi analizi yöntemiyle dizilenmiş ve bu gen bölgelerinde var olan SNP'ler tespit edilmiştir. Yapılan DNA dizi analizi sonucunda *GH1*'de 14 SNP, *IGF-I*'de 3 SNP, *POU1F1*'de 6 SNP, *LEP*'te 6 SNP ve *MSTN*'de 6 SNP tespit edilmiştir.
- 7) Üzerinde durulan gen bölgelerinde tespit edilen SNP'lerin büyüme özelliğiyle alakalı fenotipik değerler (GCAA, cidago yüksekliği, sağrı yüksekliği, vücut uzunluğu ve göğüs çevresi) ile alakalı olup olmadığının belirlenmesi için Genel Lineer Model kullanılarak analizler yapılmış ve bu analizler sonucunda aşağıdaki sonuçlar bulunmuştur:
 - *GH1*'deki 966 G>T'nin GCAA, 1005T>C ve 1009T>G'nin Cidago yüksekliği, 927G>A ve 934G>A'nın sağrı yüksekliği, 934G>A, 1009T>G ve 1097C>A'nın göğüs çevresi, 934G>A, 1005T>C, 1009T>G ve 1097C>A'nın ise vücut uzunluğu ile ilişkili olduğu (Çizelge 4.11),
 - *IGF-I*'deki 5752 G>C'nin hem göğüs çevresi hem de vücut uzunluğu ile ilişkili olduğu (Çizelge 4.12),
 - *LEP*'teki 1084 G>A'nın hem GCAA hem de cidago yüksekliği ile ve 1224 C>A'nın göğüs çevresi hem de vücut uzunluğu ile ilişkili olduğu (Çizelge 4.13),
 - *POU1F1*'deki 723 T>G, 837 T>C ve 986 T>C'nin GCAA ile ilişkili olduğu (Çizelge 4.14),
 - *MSTN*'deki tespit edilen SNP'leri herhangi bir fenotipik değer ile ilişkili olmadı tespit edilmiştir (Çizelge 4.15).

Türkiye yerli keçi popülasyonlarının koruma ve ıslah çalışmaları Tarım ve Orman Bakanlığı TAGEM tarafından "Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projesi" başlatılmıştır. Yapılan ve yapılacak olan ıslah çalışmaları ırkların genetik yapılarının tanımlanması ile hayvanların genetik yapıları hakkında daha ayrıntılı bilgilere sahip olunacaktır. Bu nokta itibarıyla, Türkiye yerli keçi popülasyonlarındaki genetik çeşitliliğin tanımlanması programlarının geliştirilmesi için son derece önemlidir. Araştırma sonucunda elde edilen verilere göre Türkiye yerli keçi ırklarından olan Honamlı ve Kıl keçilerinin büyüme özellikleri ile ilgili olarak önemli sonuçlara ulaşılmıştır. Elde edilen bu sonuçların keçilerde yapılacak olası seleksiyon ve genomik ıslah çalışmalarına katkı sağlayacağı aşikardır.

Arkeolojik veriler ile moleküler genetik çıktılar birlikte değerlendirildiğinde koyun, keçi, sığır, domuz gibi çiftlik hayvanlarının ilk defa evcilleştirildikleri bölge olarak bildirilen Anadolu'nun da içinde yer aldığı bölge oldukça önemli bir pozisyonda bulunmaktadır ve bu bölgede yetiştirilen çiftlik hayvanları genotipleri açısından çok değerlidir. Bu tez çalışması kapsamında bu değerli genotiplerden Honamlı ve Kıl keçilerinin materyal olarak kullanılması çalışmanın özgünlüğünü arttırmaktadır.

6. KAYNAKLAR

- Abdel-Aziem, S.H., Mahrous, K.F., Abd El-Hafez, M.A.M., Mordy, M.A. 2018. Genetic variability of myostatin and prolactin genes in popular goat breeds in Egypt. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 16(1), 89-97.
- Ağaoğlu, Ö.K., Ağaoğlu, A.R., Özmen, Ö., Turgut, A.O., Saatci, M. 2023. Expression and localization of insulin-like growth factor gene family members in the caprine ovarian and uterine tissues during different pregnancy stages. *Tropical Animal Health and Production*, 55(5), 301.
- Ağaoğlu, Ö.K. and Ertuğrul, O. 2012. Assessment of genetic diversity, genetic relationship and bottleneck using microsatellites in some native Turkish goat breeds. *Small Ruminant Research*, 105(1-3), 53-60.
- Alakilli, S.Y., Mahrous, K.F., Salem, L.M., Ahmed, E.S. 2012. Genetic polymorphism of five genes associated with growth traits in goat. *African Journal of Biotechnology*, 11(82), 14738-14748.
- Alexander, P., Brown, C., Arneth, A., Dias, C., Finnigan, J., Moran, D., Rounsevell, M. D. 2017. Could consumption of insects, cultured meat or imitation meat reduce global agricultural land use? *Global Food Security*, 15, 22-32.
- Alim, M.A., Hossain, M.M. K., Nusrat, J., Salimullah, M., Shu-Hong, Z., Alam, J. 2019. Genetic effects of leptin receptor (*LEPR*) polymorphism on litter size in a Black Bengal goat population. *Animal Biology*, 69(4), 411-420.
- An, X.P., Wang, J.G., Hou, J.X., Zhao, H.B., Bai, L., Li, G., Cao, B.Y. 2011. Polymorphism identification in the goat *MSTN* gene and association analysis with growth traits. *Czech Journal of Animal Science*, 56(12), 529-535.
- Andersson, L. and Georges, M. 2004. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 5(3), 202-212.
- Aslan, M. 2019. Kıl, honamlı, kabakulak ve norduz keçilerinde majör doku uygunluk kompleksi (MHC) ile ilişkili lokuslar kullanılarak genetik çeşitliliğin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Akdeniz Üniversitesi, Antalya.
- Avondo, M., Di Trana, A., Valenti, B., Criscione, A., Bordonaro, S., De Angelis, A., Di Gregorio, P. 2019. *Leptin* gene polymorphism in goats fed with diet at different energy level: Effects on feed intake, milk traits, milk fatty acids composition, and metabolic state. *Animals*, 9(7), 424.
- Batu, S. 1951. Türkiye Yerli Keçi Irkları ve Keçi Yetiştirme Bilgisi. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Kitabı No:2
- Bellinge, R.H.S., Liberles, D.A., Iaschi, S.P.A., O'brien, P.A., Tay, G.K. 2005. Myostatin and its implications on animal breeding: a review. *Animal Genetics*, 36(1), 1-6.
- Bellwood, P. 2023. First farmers: the origins of agricultural societies. *John Wiley and Sons*.
- Benjelloun, B., Alberto, F.J., Streeter, I., Boyer, F., Coissac, E., Stucki, S., NextGen Consortium. 2015. Characterizing neutral genomic diversity and selection signatures in indigenous populations of Moroccan goats (*Capra hircus*) using WGS data. *Frontiers in Genetics*, 6, 107.

- Berryman, D.E., Christiansen, J.S., Johannsson, G., Thorner, M.O., Kopchick, J.J. 2008. Role of the GH/IGF-1 axis in lifespan and healthspan: lessons from animal models. *Growth Hormone and IGF Research*, 18(6), 455-471.
- Bertolini, F., Servin, B., Talenti, A., Rochat, E., Kim, E. S., Oget, C., Crepaldi, P. 2018. Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication. *Genetics Selection Evolution*, 50(1), 1-24.
- Bi, Y., Feng, B., Wang, Z., Zhu, H., Qu, L., Lan, X., Song, X. 2020. Myostatin (*MSTN*) gene indel variation and its associations with body traits in Shaanbei white cashmere goat. *Animals*, 10(1), 168.
- Breier, B.H. 1999. Regulation of protein and energy metabolism by the somatotrophic axis. *Domestic Animal Endocrinology*, 17(2-3), 209-218.
- Casey, N.H., Webb, E.C. 2010. Managing goat production for meat quality. *Small Ruminant Research*, 89(2-3), 218-224.
- Chalbi, S., Dettori, M.L., Djemali, M.N., Vacca, G.M., Petretto, E., Pazzola, M., Bedhiaf-Romdhani, S. 2023. Haplotype structure of *MSTN*, *IGF1*, and *BMP2* genes in Tunisian goats (*Capra hircus*) and their association with morphometric traits. *Tropical Animal Health and Production*, 55(1), 2.
- Chen, S.Y., Duan, Z.Y., Sha, T., Xiangyu, J., Wu, S. F., Zhang, Y.P. 2006. Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene*, 376(2), 216-223.
- Curi, R.A., De Oliveira, H.N., Silveira, A.C., Lopes, C.R. 2005. Association between *IGF-I*, *IGF-IR* and *GHRH* gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle. *Livestock Production Science*, 94(3), 159-167.
- Çınar Kul, B. 2010. Türkiye yerli keçi ırklarının mitokondrial DNA çeşitliliği ve filocoğrafyası. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi, Ankara.
- Darcan, N.K. and Silanikove, N. 2018. The advantages of goats for future adaptation to Climate Change: A conceptual overview. *Small Ruminant Research*, 163, 34-38.
- Devaraj, C., Nair, M.R., Sejian, V. 2023. Physiology of Growth. In Textbook of Veterinary Physiology. Singapore: Springer Nature Singapore. pp. 677-693.
- Dhanda, J.S., Taylor, D.G., Murray, P. J. 2003. Part 1. Growth, carcass and meat quality parameters of male goats: effects of genotype and liveweight at slaughter. *Small Ruminant Research*, 50(1-2), 57-66.
- Dong, Y., Xie, M., Jiang, Y. U., Xiao, N., Du, X., Zhang, W., Wang, W. 2013. Sequencing and automated whole-genome optical mapping of the genome of a domestic goat (*Capra hircus*). *Nature Biotechnology*, 31(2), 135-141.
- Dorjay, C., and Abraham, B.L. 2022. Association of *POU1F1* gene polymorphism with pre-pubertal body weight in Attappady Black goats of India. *Small Ruminant Research*, 211, 106681.
- El-Halawany, N., El-Werdany, A., El-Sayed, Y.A., Abd-El-Monsif, A.S., Al-Tohamy, A.F., Abdel-Shafy, H., Abd-El-Razek, F.M. 2019. Characterization of growth hormone gene (GH) in three egyptian goat breeds. *Meta Gene*, 20, 100556.

- Elmaz, Ö., Saatcı, M., Dağ, B., Aktaş, A. H., Ata, A., Gülay, M. Ş., Gök, B. 2012. Some descriptive characteristics of a new goat breed called Honamli in Turkey. *Tropical Animal Health and Production*, 44(8), 1913-1920.
- El-Shorbagy, H.M., Abdel-Aal, E.S., Mohamed, S.A., El-Ghor, A.A. 2022. Association of *PRLR*, *IGFI*, and *LEP* genes polymorphism with milk production and litter size in Egyptian Zaraibi goat. *Tropical Animal Health and Production*, 54(5), 321.
- Eren, K., Taktakoğlu, N., Pirim, I. 2022. DNA Sequencing Methods: From Past to Present. *Eurasian Journal of Medicine*, 54.
- Excoffier, L. and Heckel, G. 2006. Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nature Reviews Genetics*, 7(10), 745-758.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S. 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, 1, 117693430500100003.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.
- Fang, J., Zhang, X., Chen, X., Wang, Z., Zheng, S., Cheng, Y., Hao, L. 2023. The role of insulin-like growth factor-1 in bone remodeling: A review. *International Journal of Biological Macromolecules*, 124125.
- FAO, 2021. Faostat, Live Animals Data. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QA> [Erişim Tarihi: 10.08.2023]
- Gitanjali, G., Sankhyan, V., Thakur, Y.P., Dogra, P.K. 2020. Effect of growth hormone gene polymorphism on growth traits in migratory Gaddi goats of Western Himalayas, India. *Tropical Animal Health and Production*, 52(4), 2091-2099.
- Gizaw, S., Getachew, T., Goshme, S., Valle-Zárate, A., van Arendonk, J.A., Kemp, S., Dessie, T. 2014. Efficiency of selection for body weight in a cooperative village breeding program of Menz sheep under smallholder farming system. *Animal*, 8(8), 1249-1254.
- Gootwine, E. 2020. Genetics and breeding of sheep and goats. *In Animal Agriculture Academic Press*. pp. 183-198.
- Grossi, D.D.A., Buzanskas, M.E., Grupioni, N.V., de Paz, C.C.P., Regitano, L.C.D.A., de Alencar, M.M., Munari, D.P. 2015. Effect of *IGF1*, *GH*, and *PIT1* markers on the genetic parameters of growth and reproduction traits in Canchim cattle. *Molecular Biology Reports*, 42(1), 245-251.
- Gupta, N., Ahlawat, S.P.S., Kumar, D., Gupta, S.C., Pandey, A., Malik, G. 2007. Single nucleotide polymorphism in growth hormone gene exon-4 and exon-5 using PCR-SSCP in Black Bengal goats—A prolific meat breed of India. *Meat Science*, 76(4), 658-665.
- Gupta, N., Pandey, A., Malik, G., Gupta, S.C. 2009. Single nucleotide polymorphism (SNP) in growth hormone gene of Jakhrana, a prominent milk goat breed in India. *Small Ruminant Research*, 81(1), 35-41.

- Gürsoy, O. 2006. Economics and profitability of sheep and goat production in Turkey under new support regimes and market conditions. *Small Ruminant Research*, 62(3), 181-191.
- Hakuno, F. and Takahashi, S.I. 2018. *IGF1* receptor signaling pathways. *Journal of Molecular Endocrinology*, 61(1), T69-T86.
- Hartl, D.L. and Clark, A.G. 2007. Principles of population genetics fourth edition. *Sinauer and Associates Publishing*, Sunderland MA, USA.
- Hedrick, P.W. 2005. A standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, 59(8), 1633-1638.
- Herrera, P.Z., Bermejo, J.V.D., Henríquez, A.A., Vallejo, M.E.C., Costa, R. G. 2011. Effects of extensive system versus semi-intensive and intensive systems on growth and carcass quality of dairy kids. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 40, 2613-2620.
- Hua, G.H., Chen, S.L., Yu, J.N., Cai, K.L., Wu, C.J., Li, Q.L., Yang, L.G. 2009. Polymorphism of the growth hormone gene and its association with growth traits in Boer goat bucks. *Meat Science*, 81(2), 391-395.
- Huson, H.J., Sonstegard, T.S., Silverstein, J., Woodward-Greene, M.J., Masiga, C., Muchadeyi, F. C., Network, A.G.I. 2014. Genetic and phenotypic characterization of African goat populations to prioritize conservation and production efforts for small-holder farmers in Sub-Saharan africa. *American Society of Animal Science*.
- Ipsa, E., Cruzat, V.F., Kagize, J.N., Yovich, J.L., Keane, K.N. 2019. Growth hormone and insulin-like growth factor action in reproductive tissues. *Frontiers in Endocrinology*, 10, 777.
- Işık, R. 2016. Saanen ırkı keçilerde *POU1F1* geni polimorfizmi ve verim özellikleri ile ilişkilerinin belirlenmesi. Doktora Tezi. Ege Üniversitesi, İzmir.
- Jembere, T., Dessie, T., Rischkowsky, B., Kebede, K., Okeyo, A.M., Haile, A. 2017. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Ruminant Research*, 153, 71-80.
- Junnila, R.K., List, E.O., Berryman, D.E., Murrey, J.W., Kopchick, J.J. 2013. The *GH/IGF-I* axis in ageing and longevity. *Nature Reviews Endocrinology*, 9(6), 366-376.
- Kimura, M. 1968. Evolutionary rate at the molecular level. *Nature*, 217(5129), 624-626.
- Korkmaz-Ağaoğlu, Ö., Elmaz, Ö., Akyüz, B., Zeytünlü, E., Saatci, M. 2019. Identifying polymorphism in some genes and their effects on growth performance in Honamli and hair goat breeds. *Genetika*, 51(3), 995-1008.
- Kumar, R., Govindasamy, K., Khargharia, G., Lyngdoh, E., Singh, M., Das, M., Mishra, V. 2023. Genetic polymorphism of the growth hormone gene and their effects on growth metrics in the Assam Hill and Sirohi goats under subtropical climatic condition.
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870-1874.

- Lan, X.Y., Pan, C.Y., Chen, H., Zhang, C.L., Li, J.Y., Zhao, M., Zhang, L. 2007. An *AluI* PCR-RFLP detecting a silent allele at the goat *POU1F1* locus and its association with production traits. *Small Ruminant Research*, 73(1-3), 8-12.
- Lestari, D.A., Oikawa, T., Sutopo, S., Purbowati, E., Setiaji, A., Kurnianto, E. 2020. Effect of insulin-like growth factor 1 gene on growth traits of Kejobong goat and its growth analysis. *Veterinary World*, 13(1), 127.
- Li, S., Zhou, H., Zhao, F., Fang, Q., Wang, J., Liu, X., Hickford, J.G. 2021. Nucleotide Sequence Variation in the Insulin-Like Growth Factor 1 Gene Affects Growth and Carcass Traits in New Zealand Romney Sheep. *DNA and Cell Biology*, 40(2), 265-271.
- Li, X.L., Wu, Z.L., Gong, Y. F., Liu, Y.Q., Liu, Z.Z., Wang, X.J., Ji, Q. 2006. Single-nucleotide polymorphism identification in the caprine myostatin gene. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123(2), 141-144.
- Li, X.L., Wu, Z.L., Liu, Z.Z., Gong, Y.F., Zhou, R.Y., Zheng, G.R. 2006. SNP identification and analysis in part of intron 2 of goat *MSTN* gene and variation within and among species. *Journal of Heredity*, 97(3), 285-289.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Liefers, S.C., Te Pas, M.F.W., Veerkamp, R.F., Van Der Lende, T. 2002. Associations between *Leptin* gene polymorphisms and production, live weight, energy balance, feed intake, and fertility in Holstein heifers. *Journal of Dairy Science*, 85(6), 1633-1638.
- Loftus, R.T., Ertugrul, O., Harba, A.H., El-Barody, M.A.A., MacHugh, D.E., Park, S.D. E., Bradley, D.G. 1999. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8(12), 2015-2022.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J. D., Bouvet, J., Taberlet, P. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10), 5927-5932.
- MacHugh, D.E. and Bradley, D.G. 2001. Livestock genetic origins: goats buck the trend. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10), 5382-5384.
- Mahrous, K.F., Abdel-Aziem, S.H., Abdel-Hafez, M.A., Abdel-Mordy, M., Rushdi, H.E. 2018. Polymorphism of growth hormone gene in three goat breeds in Egypt. *Bulletin of the National Research Centre*, 42(1), 1-7.
- Maxam, A. M. and Gilbert, W. 1977. A new method for sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74(2), 560-564.
- Mazhangara, I.R., Chivandi, E., Mupangwa, J.F., Muchenje, V. 2019. The potential of goat meat in the red meat industry. *Sustainability*, 11(13), 3671.
- Meadows, J.R., Cemal, I., Karaca, O., Gootwine, E., Kijas, J.W. 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175(3), 1371-1379.
- Meydan, H. 2007. Türkiye’de Yetiştirilen Siyah Alaca Sığır Irkında Lökosit Adhezyon Yetersizliği (BLAD; Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency)’nin PRC-RFLP

- Yöntemi Kullanılarak Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Ankara Üniversitesi, Ankara.
- Miller, S.A., Dykes, D.D. and Polesk, H.F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16(3):1215.
- Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S.A., Naghash, H.R., el-Barody, M.A., Ertugrul, O., Pompanon, F. and Econogene, C. 2007. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS One*, 2: e1012.
- Ncube, K.T., Dzomba, E.F., Rosen, B.D., Schroeder, S. G., Van Tassell, C.P., Muchadeyi, F. 2022. Differential gene expression and identification of growth-related genes in the pituitary gland of South African goats. *Frontiers in Genetics*, 13, 811193.
- Nei, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia university press.
- Nei, M. and Kumar, S. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. *Oxford University Press*, USA.
- Ozmen, O., Kul, S., Unal, E.O. 2014. Polymorphism of sheep pou1f1 gene exon 6 and 3'UTR region and their association with milk production traits. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 15(4), 331.
- Panigrahi, M., Kumar, H., Saravanan, K.A., Rajawat, D., Nayak, S.S., Ghildiyal, K., Dutt, T. 2022. Trajectory of livestock genomics in South Asia: A comprehensive review. *Gene*, 146808.
- Pereira, F., Pereira, L., Van Asch, B., Bradley, D.G., Amorim, A. 2005. The mtDNA catalogue of all Portuguese autochthonous goat (*Capra hircus*) breeds: high diversity of female lineages at the western fringe of European distribution. *Molecular Ecology*, 14(8), 2313-2318.
- Pervez, M.T., Abbas, S.H., Moustafa, M.F., Aslam, N., Shah, S.S.M. 2022. A comprehensive review of performance of next-generation sequencing platforms. *BioMed Research International*.
- Pidancier, N., Jordan, S., Luikart, G., Taberlet, P. 2006. Evolutionary history of the genus *Capra* (*Mammalia*, *Artiodactyla*): discordance between mitochondrial DNA and Y-chromosome phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40(3), 739-749.
- Pophiwa, P., Webb, E. C., Frylinck, L. 2020. A review of factors affecting goat meat quality and mitigating strategies. *Small Ruminant Research*, 183, 106035.
- Pophiwa, P., Webb, E.C., Frylinck, L. 2017. Carcass and meat quality of Boer and indigenous goats of South Africa under delayed chilling conditions. *South African Journal of Animal Science*, 47(6), 794-803.
- Poudel, S.B., Dixit, M., Neginskaya, M., Nagaraj, K., Pavlov, E., Werner, H., Yakar, S. 2020. Effects of *GH/IGF* on the Aging Mitochondria. *Cells*, 9(6), 1384.
- Rasouli, S., Abdolmohammadi, A., Zebarjadi, A., Mostafaei, A. 2017. Evaluation of polymorphism in *IGF-I* and *IGFBP-3* genes and their relationship with twinning rate and growth traits in Markhoz goats. *Ann. Anim. Sci*, 17(1), 89-103.

- Reinecke, M. 2010. Influences of the environment on the endocrine and paracrine fish growth hormone–insulin-like growth factor-I system. *Journal of Fish Biology*, 76(6), 1233-1254.
- Renaville, R., Hammadi, M., Portetelle, D. 2002. Role of the somatotrophic axis in the mammalian metabolism. *Domestic Animal Endocrinology*, 23(1-2), 351-360.
- Resmî gazete, 2002. Hayvan Gen Kaynaklarının Korunması Hakkında Yönetmelik. Sayı: 25145.
- Resmî gazete, 2015. Yerli Hayvan Irk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ. Tebliğ No: 2015/43
- Rinderknecht, E. and Humbel, R.E. 1978. Primary structure of human insulin-like growth factor II. *FEBS letters*, 89(2), 283-286.
- Rodriguez, J., Vernus, B., Chelh, I., Cassar-Malek, I., Gabillard, J.C., Hadj Sassi, A., Bonniieu, A. 2014. Myostatin and the skeletal muscle atrophy and hypertrophy signaling pathways. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 71(22), 4361-4371.
- Royo, L.J., Traoré, A., Tambourá, H.H., Álvarez, I., Kaboré, A., Fernández, I., Goyache, F. 2009. Analysis of mitochondrial DNA diversity in Burkina Faso populations confirms the maternal genetic homogeneity of the West African goat. *Animal Genetics*, 40(3), 344-347.
- Saatcı, M. and Elmaz, Ö. 2017. Honamlı, Newly registered special goat breed of Turkey. *Sustainable Goat Production in Adverse Environments: Volume II: Local Goat Breeds*, 131-146.
- Saleh, A.A., Rashad, A.M., Hassanine, N.N., Sharaby, M. A., Sallam, S.M. 2023. History of the Goat and Modern Versus Old Strategies to Enhance the Genetic Performance.
- Salgado Pardo, J.I., Delgado Bermejo, J.V., González Ariza, A., León Jurado, J.M., Marín Navas, C., Iglesias Pastrana, C., Navas González, F.J. 2022. Candidate Genes and Their Expressions Involved in the Regulation of Milk and Meat Production and Quality in Goats (*Capra hircus*). *Animals*, 12(8), 988.
- Sankhyan, V., Thakur, Y.P., Dogra, P.K. 2020. Genetic polymorphism in *IGF-1* gene in four sheep and goat breeds and its association with biometrical traits in migratory Gaddi goat breed of western Himalayan state of Himachal Pradesh, India. *Indian Journal of Animal Research*, 54(4), 508-512.
- Sardina, M.T., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., Van Kaam, J.B.C.H.M., Portolano, B., Folch, J. M. 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*, 37(4), 376-378.
- Schibler, L., Vaiman, D., Oustry, A., Giraud-Delville, C., Cribiu, E. P. 1998. Comparative gene mapping: a fine-scale survey of chromosome rearrangements between ruminants and humans. *Genome Research*, 8(9), 901-915.
- Shackleton, D.M. 1997. Wild Sheep and Goats and their Relatives: Status Survey and Conservation Action Plan for Caprinae. IUCN, Gland, Switzerland.
- Shrestha, J.N.B., and Fahmy, M.H. 2007. Breeding goats for meat production: 3. Selection and breeding strategies. *Small Ruminant Research*, 67(2-3), 113-125.

- Simela, L., and Merkel, R. 2008. The contribution of chevon from Africa to global meat production. *Meat science*, 80(1), 101-109.
- Singh, S.K., Rout, P.K., Agarwal, R., Mandal, A., Singh, S.K., Shukla, S.N., Roy, R. 2009. Characterization of exon 2 and intron 2 of *Leptin* gene in Indian goats. *Animal biotechnology*, 20(2), 80-85.
- Şen, U., Şirin, E., Filik, A. G., Önder, H., Piwczyński, D., Kolenda, M. 2021. Growth and slaughter characteristics of weaning male kids of turkish native goat breeds. *Animals*, 11(10), 2788.
- Şen, U., Şirin, E., Filik, G., Soydan, E. 2020. The effect of breed on instrumental meat quality traits of weaning kids from Turkish indigenous goat breeds. *Large Animal Review*, 26(1), 19-24.
- TAGEM, 2009. Türkiye Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Tanıtım Kataloğu, Ankara
- TAGEM, 2020. Türkiye Kırmızı Et Sektör Uygulama Belgesi Tanıtım Kataloğu, Ankara
- Tajima, F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585-595.
- Tamura, K., Nei, M., Kumar, S. 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(30), 11030-11035.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729.
- Tosser-Klopp, G., Bardou, P., Bouchez, O., Cabau, C., Crooijmans, R., Dong, Y. 2014. International Goat Genome Consortium. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PloS one*, 9(1), e86227.
- Tritos, N.A. and Biller, B.M. 2009. Growth hormone and bone. *Current Opinion in Endocrinology, Diabetes and Obesity*, 16(6), 415-422.
- TÜİK, 2022. “Türkiye Kırmızı Et Üretim İstatistikleri. Ankara, Türkiye: TÜİK. [Son erişim tarihi: 15.01.2023].
- TÜİK, 2022. “Türkiye Küçükbaş Hayvan Sayısı İstatistikleri. Ankara, Türkiye: TÜİK. [Son erişim tarihi: 15.01.2023].
- Viale, E., Tiezzi, F., Maretto, F., De Marchi, M., Penasa, M., Cassandro, M. 2017. Association of candidate gene polymorphisms with milk technological traits, yield, composition, and somatic cell score in Italian Holstein-Friesian sires. *Journal of Dairy Science*, 100(9), 7271-7281.
- Vitale, G., Pellegrino, G., Vollery, M., Hofland, L.J. 2019. Role of *IGF-1* system in the modulation of longevity: controversies and new insights from a centenarians' perspective. *Frontiers in Endocrinology*, 10, 27.
- Vural, O. 2015. Arı sütünün zebra balığı (*Danio rerio*) diyetlerinde bazı büyüme (*GH* ve *IGF-I*) ve immün sistem (*TGF-β*) doku spesifik gen ekspresyonları üzerine olan etkisi Yüksek Lisans Tezi. Atatürk Üniversitesi, Erzurum.

- Wakeley, J. 1996. The excess of transitions among nucleotide substitutions: new methods of estimating transition bias underscore its significance. *Trends in Ecology and Evolution*, 11(4): 158-162.
- Wang, C., Zhang, H., Niu, L., Guo, J., Jia, X., Wang, L., Zhong, T. 2015. The novel SNPs of leptin gene and their associations with growth traits in Chinese Nanjiang Yellow goat. *Gene*, 572(1), 35-41.
- Webb, E.C. 2014. Goat meat production, composition, and quality. *Animal Frontiers*, 4(4), 33-37.
- Webb, E.C., Casey, N.H., Simela, L. 2012. Growth, development and growth manipulation in goats. *Goat meat production and quality* 196-208. Wallingford UK: CABI.
- Webb, E.C., O'Neill, H.A. 2008. The animal fat paradox and meat quality. *Meat Science*, 80(1), 28-36.
- Whitley, N.C., Walker, E.L., Harley, S.A., Keisler, D.H., Jackson, D.J. 2005. Correlation between blood and milk serum leptin in goats and growth of their offspring. *Journal of Animal Science*, 83(8), 1854-1859.
- Williams, P. 2007. Nutritional composition of red meat. *Nutrition Dietetics*, 64, S113-S119.
- Wright, L. D. 1978. River deltas. Coastal sedimentary environments, 5-68.
- Yarkın, İ. 1965. Keçi, deve, domuz yetiştirilmesi. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Kitabı: 82, Ankara, 243 s.
- 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.
- Yıldırım, S.İ. 2015. Türkiye'de bulunan evcil ve yaban keçilerinin genetik benzerlik ve farklılıklarının mikrosatellitlerle araştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi, Konya.
- Yılmaz, O., Kor, A., Ertugrul, M., Wilson, R. T. 2012. The domestic livestock resources of Turkey: goat breeds and types and their conservation status. *Animal Genetic Resources*, 51, 105-116.
- Zeder, M.A. 2008. Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 105(33), 11597-11604.
- Zeder, M.A. and Hesse, B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science*, 287(5461), 2254-2257.
- Zeng, Y., Huang, Y., Han, Y., Ni, W., Na, R. 2021. Association Analysis of Growth Hormone (GH) Gene and Insulin-Like Growth Factor I (IGF-I) Gene with Growth Traits in Dazu Black Goat.
- Zeytinli, E. 2015. Honamlı ve Kıl Keçisi Irklarında İnsulin Benzeri Büyüme Faktörü-I (IGF-I) Geni Polimorfizminin Belirlenmesi ve Büyüme Performansları Üzerine Etkisi. Yüksek Lisans Tezi. Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Burdur.

- Zhang, C., Liu, Y., Huang, K., Zeng, W., Xu, D., Wen, Q., Yang, L. 2011. The association of two single nucleotide polymorphisms (SNPs) in growth hormone (*GH*) gene with litter size and superovulation response in goat-breeds. *Genetics and Molecular Biology*, 34, 49-55.
- Zhang, C., Liu, Y., Xu, D., Wen, Q., Li, X., Zhang, W., Yang, L. 2012. Polymorphisms of myostatin gene (*MSTN*) in four goat breeds and their effects on Boer goat growth performance. *Molecular Biology Reports*, 39(3), 3081-3087.
- Zhang, C., Zhang, W., Luo, H., Yue, W., Gao, M., Jia, Z. 2008. A new single nucleotide polymorphism in the *IGF-I* gene and its association with growth traits in the Nanjiang Huang goat. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 21(8), 1073-1079.
- Zhang, N., Teng, Z., Qi, Q., Hu, G., Lian, H., Gao, T. 2020. Carcass traits, meat quality characteristics, and lipid metabolism-related gene expression pattern of Yaoshan white goats raised in traditional extensive production system: Effects of slaughter age and meat cuts. *Small Ruminant Research*, 182, 29-36.
- Zhang, Z. J., Ling, Y.H., Wang, L.J., Hang, Y.F., Guo, X.F., Zhang, Y.H., Zhang, X.R. 2013. Polymorphisms of the myostatin gene (*MSTN*) and its relationship with growth traits in goat breeds. *Genet. Mol. Res*, 12(2), 965-971.
- Zhu, H., Zhang, Y., Bai, Y., Yang, H., Yan, H., Liu, J., Qu, L. 2019. Relationship between SNPs of *POU1F1* gene and litter size and growth traits in Shaanbei white cashmere goats. *Animals*, 9(3), 114.

8. EKLER

EK-1. Tarım ve Orman Bakanlığı izin belgesi



T.C.
TARIM VE ORMAN BAKANLIĞI
Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü

Sayı : E-92190712-604.01.01-1589198

03.06.2021

Konu : Antalya - Yayın izni

AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ REKTÖRLÜĞÜNE
(Ziraat Fakültesi Dekanlığı)
(Doç. Dr. Hasan MEYDAN)

İlgi : Doç. Dr. Hasan MEYDAN'ın 01.06.2021 tarihli ve 43202761 sayılı yazısı.

İlgi yazı incelenmiş olup, "Halk Elinde Hayvan Islahı Ülkesel Projesi" kapsamında Antalya ilinde yürütülen Honamlı-I (07HON2011-I), Honamlı-II (07HON2017-II) ve Kıl Keçisi-I (07KIL2011-I) sürülerinden Öğretim Görevlisi Onur VURAL'ın doktora tezi olan "Türkiye'deki Honamlı ve Kıl Keçilerinin Et Verim ve Kalitesi Yönünden Moleküler Düzeyde Tanımlanması" için kan örneklerinin alınması talep edilmektedir.

Hayvan sahiplerinden ve Doç. Dr. Taki KARSLI'dan yazılı izin alınması ve söz konusu çalışmanın başlığı altında, hayvan materyalinin Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı Ülkesel Projelerinden sağlandığının belirtilmesi, teşekkür kısmında Bakanlığımıza atıfta bulunulması, çalışma çıktılarının bir nüshasının Genel Müdürlüğümüze gönderilmesi koşulu ile izin verilmiştir.

Bilgilerinize rica ederim.

İhsan ASLAN
Bakan a.
Genel Müdür Yardımcısı

Bu belge, güvenli elektronik imza ile imzalanmıştır.

Doğrulama Kodu: 661422A0-B783-41C5-8496-06AC22804B86

Doğrulama Adresi: <https://www.turkiye.gov.tr/tarim-ebys>

Üniversiteler Mah. Dumlupınar Bulvarı, Eskişehir Yolu 10. Km, 06800

Çankaya/Ankara

Tel: (0312) 307 60 00 Faks:

<http://www.tarim.gov.tr/TAGEM> tagem@gtbb.hs01.kep.tr

Bilgi için: İrfan GÜNGÖR

Mühendis

Telefon No: (312) 307 61 37



EK-2. Kıl keçilerinde halk elinde ıslah projesinin izin dilekçesi

04.06.2021

Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi
Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü

Sn. Doç. Dr. Hasan Meydan

Tarım ve Orman Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü koordinatörlüğünde “Halk Elinde Küçükbaş Hayvan Islahı” projesi kapsamında Antalya ilinde yürütülen ve proje liderliğini yaptığım Kıl Keçisinin Halk Elinde Islahı (07KIL2011-01) alt projesi kapsamındaki hayvanlardan, doktora öğrenciniz Onur VURAL’ın “*Türkiye’deki Honamlı ve Kıl Keçilerin Et Verimi ve Kalitesi Yönünden Moleküler Düzeyde Tanımlanması*” başlıklı doktora tez çalışmasında kullanılmak üzere kan örneği alınmasında tarafımdan bir sakınca yoktur.

Proje Lideri
Doç. Dr. Taki KARSLI

EK-3. Yerel etik kurul belgesi

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
Deney Hayvanları Uygulama ve Araştırma
Merkezi
Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu

28.05/2022

Sayı : B.30.2.AKD.0.05.07.00/
Konu : Etik Kurul Kararı Hak.

Sayın

Doç.Dr.Hasan MEYDAN
Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi
Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Hayvansal Biyoteknoloji

Değerlendirilmek üzere Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulumuza başvuruda bulunduğunuz, "Honamlı ve Kıl Keçilerinin Et Verimi Yönünden Moleküler Düzeyde Tanımlanması" adlı araştırma projeniz ile ilgili olarak alınan kurul kararı ekte sunulmuştur.

Çalışmanız tamamlandıktan sonra <http://akhadyek.akdeniz.edu.tr/proje-sonuc-bildirimi> adresinde bulunan linkten projenizin sonuç raporunun tarafımıza gönderilmesi konusunda bilgilerinizi ve gereğini rica ederim.

Prof.Dr. Nazmi YARAŞ
Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu
Başkanı

Eki: Kurul Kararı

Not:Deney hayvanı kullanımı planlanması ve fiyatlandırma için Deney Hayvanları Uygulama ve Araştırma Merkezi ile iletişime geçilmesi gerekmektedir. (0 242 227 44 00 –Dahili:3880 veya 3882)

Adres : Dumlupınar Bulvarı, Kampüs 07070 ANTALYA
Tel : (242) 249 69 54
Faks : (242) 249 69 03
e-posta : akhadyek@akdeniz.edu.tr

EK-3 devamı. Yerel etik kurul belgesi

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
Deney Hayvanları Uygulama ve Araştırma Merkezi
Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu
2022
KARAR

ETİK KURUL BİLGİLERİ	ETİK KURULUN ADI	Akdeniz Üniversitesi Deney Hayvanları Uygulama ve Araştırma Merkezi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu		
	AÇIK ADRESİ:	Akdeniz Üniversitesi Tıp Fakültesi Dekanlığı Morfoloji Binası A Blok 1. Kat No: A1-05 Kampüs /ANTALYA		
	TELEFON	0 (242) 249 69 54		
	FAKS	0 (242) 249 69 03		
	E-POSTA	akhadye@akdeniz.edu.tr		
SORUMLU ARAŞTIRMACI UNVANI/ADI/SOYADI	Doç.Dr.Hasan MEYDAN			
ARAŞTIRMANIN AÇIK ADI	Honamlı ve Kıl Keçilerinin Et Verimi Yönünden Moleküler Düzeyde Tanımlanması			
BAŞVURU FORMU ID/ PROTOKOL NO	1453/2022.06.008			
Çalışma süresi	Denek türü	Denek Sayısı	Denek Cinsiyeti	
1 yıl	Honamlı ve Kıl Keçisi	40+40	Erkek ve Dişi	
Araştırma Sonunda Deneklere Uygulanacak İşlemler	Deney protokolünün uygulanmasından sonra ötenazi yapılmayacaktır.			
KARAR BİLGİLERİ	Karar No: 63	Tarih: 20.06.2022		
	Yukarıda bilgileri verilen başvuru görüşülerek, ilgili projenin etik açıdan bir sakınca içermediği tespit edildiğinden, çalışmanın yapılmasının uygun olduğuna oy birliği ile karar verildi ancak; çalışmanın yapılabilmesi için, Tarım ve Orman Bakanlığı'dan izin alınması gerekmektedir.			

Prof.Dr. Nazmi YARAŞ
Etik Kurul Başkanı

ÖZGEÇMİŞ

Onur VURAL

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Doktora	Akdeniz Üniversitesi
2016-2023	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Antalya
Yüksek Lisans	Atatürk Üniversitesi
2013-2015	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Erzurum
Lisans	Atatürk Üniversitesi
2009-2013	Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Erzurum

MESLEKİ GÖREVLER

Öğretim Görevlisi	Akdeniz Üniversitesi
2019-Devam ediyor	Kumluca Meslek Yüksek Okulu, Bitkisel ve hayvansal Üretim Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayınlanan makaleler

- 1- **Vural, O.**, Silici, S., Aksakal, E. 2021. The effect of royal jelly dietary on growth performance and expression of genes related to growth and immunity of zebrafish, *Danio rerio*. *Aquaculture Reports*, 20, 100652.
- 2- **Vural, O.**, Tunç, A., Kamaszewski, M., Aksakal, E. 2023. Is royal jelly a sustainable alternative lipid source in aquaculture? Influence of dietary royal jelly levels on fatty acid composition in zebrafish. *Journal of Animal and Feed Sciences*.
- 3- Aksakal, E., **Vural, O.**, Tunç, A., Kamaszewski, M., Ekinci, D. 2023. Effects of dietary replacement of fish oil with different lipid sources on growth, fatty acid composition, mineral content and expression levels desaturase and elongase genes in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture Reports*, 29, 101519.
- 4- Aksakal, E., Soydan, E., Tunç, A., **Vural, O.**, Kamaszewski, M., Ekinci, D. 2023. Chronic hypoxia and hyperoxia alter tissue-specific fatty acid profile and FD6D and elongase gene expression levels in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Journal of Comparative Physiology B*, 1-12.

Hakemli Kongre / Sempozyum Bildiri Kitaplarında Yer Alan Yayınlar

- 1- **Vural, O.**, Meydan, H. 2018. Importance of Native Animal Genetic Resources. IV. International Agriculture Congress, Nevşehir, Turkey
- 2- **Vural, O.**, Meydan, H. 2019. International Confress on Domestic Animal Breeding Genetics and Husbandry, Prague, Czech Republic