

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

**ANKARA TAVUKÇULUK ARAŞTIRMA İSTASYONUNDA BULUNAN
KAHVERENGİ YUMURTACI SAF HATLARDA GENETİK VARYASYONUN
MİKROSATELLİT MARKERLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Taki KARSLI

**DOKTORA TEZİ
ZOOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

2015

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

**ANKARA TAVUKÇULUK ARAŞTIRMA İSTASYONUNDA BULUNAN
KAHVERENGİ YUMURTACI SAF HATLARDA GENETİK VARYASYONUN
MİKROSATELLİT MARKERLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Taki KARSLI

**DOKTORA TEZİ
ZOOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

**(Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından 2013.03.0121.001 nolu proje ile desteklenmiştir.)**

2015

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

**ANKARA TAVUKÇULUK ARAŞTIRMA İSTASYONUNDA BULUNAN
KAHVERENGİ YUMURTACI SAF HATLARDA GENETİK VARYASYONUN
MİKROSATELLİT MARKERLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ**

Taki KARSLI

**DOKTORA TEZİ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

Bu tez .././2015 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT

Prof. Dr. Sedat AKTAN

Prof. Dr. Cengiz ELMACI

Doç. Dr. Kemal KARABAĞ

ÖZET

ANKARA TAVUKÇULUK ARAŞTIRMA İSTASYONU'NDA BULUNAN KAHVERENGİ YUMURTACI SAF HATLARDA GENETİK VARYASYONUN MİKROSATELLİT MARKERLER KULLANILARAK BELİRLENMESİ

Taki KARSLI

Doktora Tezi, Zootekni Anabilim Dalı
Danışman: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU
Nisan 2015, 117 sayfa

Bu çalışmada, Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu'ndaki altı farklı kahverengi yumurtacı saf hatta (RIRI, RIRII, BARI, BARIİ, L-54, COL) genetik varyasyon araştırılmıştır. RIRI (n=30), RIRII (n=30), BARI (n=30), BARIİ (n=30), L-54 (n=30), COL (n=30) hatlarına ait toplam 180 tavuk 22 mikrosatellit marker kullanılarak genotiplenmiştir.

Lokus başına ortalama allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) sırasıyla RIRI hattında 5.45, 3.11, 0.58; RIRII hattında 4.95, 2.44, 0.49; BARI hattında 5.00, 2.85, 0.55; BARIİ hattında 4.41, 2.62, 0.53; L-54 hattında 4.86, 2.64, 0.51 ve COL hattında 4.73, 2.47, 0.50 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis) değerleri sırasıyla RIRI hattında 0.48, 0.64, 0.28; RIRII hattında 0.31, 0.54, 0.46; BARI hattında 0.44, 0.61, 0.27, BARIİ hattında 0.50, 0.59, 0.18; L-54 hattında 0.47, 0.56, 0.16 ve COL hattında 0.37, 0.56, 0.35 olarak tespit edilmiştir.

Altı saf tavuk hattında F ististikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) sırasıyla 0.273, 0.493, 0.295 olarak belirlenmiştir. Hatlar arasındaki ikişerli F_{ST} değerleri ortalaması 0.294 ($p < 0.01$), genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) 0.274 olarak tespit edilmiştir. Moleküler varyans analizi (AMOVA) testi sonuçlarına göre toplam genetik varyasyonun %29.52'sinin popülasyonlar arasındaki farklılıktan, %17.09'unun popülasyonları oluşturan bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı saptanmıştır. NJ (neighbor joining- en yakın komşu) ağacı, faktöriyel uygunluk (FCA) ve genetik yapı (Structure) analizleri sonuçlarına göre hatlar genetik kökenlerine ve yetiştirilme geçmişlerine uygun olarak kümelenebilir.

Sonuç olarak çalışmada elde edilen bulgular; popülasyonlarda orta seviyede genetik çeşitliliği ve yüksek seviyede akrabalığı işaret etmektedir. Ayrıca popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın da yüksek seviyelerde olduğu görülmüştür. Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu'nda yürütülen çalışmaların sürekliliği açısından özellikle popülasyonlardaki akrabalığı azaltmak için çeşitli önlemler alınması önerilmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Genetik yapı, Polimorfizm, Saf tavuk hatları, Mikrosatellit marker

JÜRİ: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU (Danışman)
Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT
Prof. Dr. Sedat AKTAN
Prof. Dr. Cengiz ELMACI
Doç. Dr. Kemal KARABAĞ

ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY OF BROWN LAYER PURE LINES IN THE ANKARA POULTRY RESEARCH STATION BY USING MICROSATELLITE MARKES

Taki KARSLI

PhD. Thesis in Animal Science

Supervisor: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

April 2015, 117 pages

In this study, genetic diversity was investigated in different six brown layer lines (RIRI, RIRII, BARI, BARIİ, L-54, COL) in the Ankara Poultry Research Station. A total of 180 chickens belonging to six lines RIRI (n=30), RIRII (n=30), BARI (n=30), BARIİ (n=30), L-54 (n=30), COL (n=30) were genotyped using 22 microsatellite markers.

Mean number of alleles per locus (N_a), effective number of alleles (N_e), polymorphic information content (PIC) were calculated at RIRI line 5.45, 3.11, 0.58; RIRII line 4.95, 2.44, 0.49; BARI line 5.00, 2.85, 0.55; BARIİ line 4.41, 2.62, 0.53; L-54 line 4.86, 2.64, 0.51 and COL line 4.73, 2.47, 0.50 respectively. Observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e) and inbreeding coefficient (F_{is}) values were detected at RIRI line 0.48, 0.64, 0.28; RIRII line 0.31, 0.54, 0.46; BARI line 0.44, 0.61, 0.27, BARIİ line 0.50, 0.59, 0.18; L-54 line 0.47, 0.56, 0.16 and COL line 0.37, 0.56, 0.35, respectively.

F-statistics (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) were determined as 0.273, 0.493, 0.295, respectively across six chicken lines. Across lines mean pairwise F_{ST} value was 0.294 ($p < 0.01$), and coefficient of gene differentiation (G_{ST}) was found to be 0.274. According to results of Analyses of Molecular Variance (AMOVA), the total genetic variation arises from 29.5% differences among population and 17.09 % being within individuals among population. According to NJ tree, Factorial Correspondence Analysis (FCA) and Structure analysis, lines were clustered in accordance with genetic origins and breeding history.

As a result, findings obtained in this study have showed that populations had intermediate levels of polymorphism and high levels of inbreeding. Genetic differentiation was also determined to be high levels between populations. In terms of sustainability of the studies at Ankara Poultry Research Station would be useful to take various measures, particularly to reduce inbreeding level in populations.

KEYWORDS: Genetic structure, Polymorphism, Pure chicken lines, Microsatellite marker

COMMITTEE: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU (Supervisor)
Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT
Prof. Dr. Sedat AKTAN
Prof. Dr. Cengiz ELMACI
Doç. Dr. Kemal KARABAĞ

ÖNSÖZ

Türkiye’de hayvancılıkla ilgili sektörler arasında entansifleşme oranı en fazla olan tavukçuluk sektörüdür. Geçtiğimiz 30 yılda Türkiye tavukçuluk sektöründe, yumurta ve piliç eti üretimindeki artışla beraber damızlık işletmeleri, yem, aşı, ilaç sanayi, altyapı ve ekipman (kümes, kafes, suluk ve yemlik vb.) tedarikçileri, kesimhane, muhafaza ve pazarlama işletmeleri de oldukça büyümüş ve tüm bu alt sektörler iç içe geçerek tavukçuluğa endüstriyel bir yapı kazandırmıştır. Türkiye’de bugün doğrudan ya da dolaylı olarak yaklaşık 3 milyon insanın geçimini sağladığı tavukçuluk sektörünün yıllık cirosu 6 milyar dolara ulaşmıştır. Türkiye tavukçuluk sektöründe 2013 yılı verilerine göre yumurta tavukçuluğunun yıllık cirosu yaklaşık 1.5 milyar dolar, yıllık ihracat miktarı ise 407 milyon dolardır. Bu veriler ile Türkiye dünyada Hollanda’dan sonra ikinci sıradadır. Ne yazık ki 3 milyon kişinin geçimini sağladığı bu büyüklükteki bir sektör damızlık materyal bakımından yumurta tavukçuluğunda yaklaşık olarak % 98.5-99.0 oranında, et tavukçuluğunda ise %100 oranında yurt dışına bağımlıdır.

Türkiye’de damızlık materyal üretimine yönelik çalışmalar sadece Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu’nda yapılmaktadır. Kuruluşu 1930’lu yıllara dayanan istasyonda şu anda 5 adet beyaz [Black Line, Brown Line, Blue Line, Maroon Line, D-229], 6 adet kahverengi [Rhode Island Red I (RIRI), Rhode Island Red II (RIRII), Barred Rock I (BARI), Barred Rock II (BARII), Colombian Rock (COL), Line-54 (L-54)] yumurtacı olmak üzere 11 adet saf hat bulunmaktadır. Bu saf hatlar ile yapılan uzun çalışmalar sonucu ikisi kahverengi (ATAK, ATAK-S), biri beyaz (ATABEY) olmak üzere üç hibrit üretilmiştir. Bu hibritler Türk Patent Enstitüsü ve Ulusal Irk Tescil Komitesi tarafından tescil edilmiş olup, Türkiye’nin ticari değeri olan tescilli ilk hayvanlarıdır. Bu üç hibritin değişik bölgelerde yapılan performans testleri umut verici olsa da henüz cinsel olgunluk yaşı, cinsel olgunluk ağırlığı ve özellikle yemden yararlanma konusunda yurt dışından ithal edilen hibritlerin performanslarına ulaşamamıştır. Ancak Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu elinde bulunan saf hatlar ülkemizdeki tek damızlık materyal olması açısından oldukça önemlidir. Ayrıca uzun bir süredir Türkiye’de yetiştirilen ve bölgeye adapte olan bu hatların yerli gen kaynağı olarak korunması zorunludur. Son yıllarda dünyada gelişen ıslah ve koruma çalışmalarına paralel olarak bu hatlarda yapılan çalışmalar gözden geçirilerek bu çalışmalara gelişen DNA teknolojilerinin de eklenmesi yararlı olacaktır.

Gerek yapılacak ıslah çalışmalarında gerekse genetik kaynakların korunması programlarında ilk aşama popülasyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesidir. Koruma çalışmalarına başlanmadan önce popülasyonlardaki genetik varyasyonun saptanması koruma stratejilerinin belirlenmesinde oldukça önemlidir. Günümüzde DNA teknolojileri çiftlik hayvanlarında genetik kaynaklarının korunması programlarında, filogenetik analizlerde, ekonomik önemi olan özelliklerin (döl, et, süt verimi vb.) seleksiyonla miktar ve kalitesinin artırılmasında ve gen haritalama çalışmalarında kullanılmaktadır.

Bu tez çalışmasında; Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu'nda bulunan altı adet kahverengi yumurtacı saf tavuk hattında genetik yapının mikrosatellit markerler ile belirlenmesi, mevcut tavuk hatları içindeki ve arasındaki genetik çeşitliliğin karşılaştırılması, elde edilen moleküler genetik bilgilerin uzun süreden beri akrabalı yetiştirme yöntemiyle geliştirilen bu hatların korunması ve sürdürülebilirliği için kullanımının irdelenmesi ve ileride yapılması muhtemel marker destekli seleksiyon (MAS) çalışmaları için temel bilgilerin elde edilmesi amaçlanmıştır.

Bana bu konuda çalışma fırsatı veren ve tezin her aşamasında katkılarını esirgemeyen tez danışman hocam, Sayın Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU'na, tez izleme komitesinde olan ve tezin olgunlaşmasında destek veren değerli hocalarım Sayın Prof. Dr. Sedat AKTAN'a ve Sayın Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT'a teşekkür ederim.

Tez materyalinin temini konusunda yardımcı olan Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu eski müdürü Sayın Dr. Cengizhan MIZRAK'a ve yeni müdürü Sayın Dr. Serdar KAMANLI'ya, ayrıca örneklerden kan alma sırasında yardımlarını esirgemeyen tüm Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu çalışanlarına teşekkür ederim.

Teze maddi kaynak sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne teşekkür ederim.

Laboratuvar olanaklarını kullanmama izin veren Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Bülent UZUN'a, Biyoteknoloji Bölümü öğretim üyesi Sayın Doç. Dr. Kemal KARABAĞ'a, Bitki Koruma Bölümü öğretim üyesi Sayın Yrd. Doç. Dr. Cengiz İKTEN'e, teşekkür ederim. Ayrıca değerli yardımlarını gördüğüm Tarla Bitkileri Bölümü'nden Arş. Gör. Sayın Engin YOL'a ve Bitki Koruma Bölümü'nden Sayın Arş. Gör. İnci ŞAHİN'e teşekkür ederim.

Tezle ilgili çeşitli konularda yardımlarını esirgemeyen değerli hocalarım, Ordu Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü öğretim üyesi Sayın Doç. Dr. Sezai ALKAN'a ve Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Fehmi GÜREL'e teşekkür ederim.

Her zaman yanımda olan ve sürekli desteğini gördüğüm eşim Bahar ARGUN KARSLI'ya ve son olarak oğlum Toprak KARSLI'ya teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xiii
1. GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMALARI.....	6
2.1. Tavuğun Evcilleştirilmesi ve Zoolojik Sistematiikteki Yeri.....	6
2.2. Araştırmada Kullanılan Kahverengi Yumurtacı Saf Hatlar.....	7
2.2.1. Baba hatları.....	8
2.2.1.1. Rhode Island Red I (RIRI).....	8
2.2.1.2. Rhode Island Red II (RIRII).....	9
2.2.2. Ana hatları.....	9
2.2.2.1. Barred Rock I (BARI).....	9
2.2.2.2. Barred Rock II (BARII).....	10
2.2.2.3. Colombian Rock (COL).....	11
2.2.2.4. Line 54 (L-54).....	12
2.3. Mikrosatellit DNA Marker Yöntemi.....	12
2.4. Kaynak Taramaları.....	17
3. MATERYAL VE METOT.....	27
3.1. Materyal.....	27
3.1.1. Çalışmada kullanılan araç ve gereçler.....	27
3.2. Metot.....	28
3.2.1. Kan örneklerinin alınması.....	28
3.2.2. Genomik DNA izolasyonu.....	28
3.2.3. Genomik DNA miktarının hesaplanması.....	29
3.2.4. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi.....	29
3.2.5. PCR işlemi.....	33
3.2.6. Agaroz jel elektroforezi.....	34
3.2.6.1. Elektroforez çözeltisi.....	34
3.2.6.2. Jel'in hazırlanması.....	34
3.2.6.3. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi.....	34
3.2.6.4. Elektroforez işlemi.....	35
3.2.7. Mikrosatellit genotiplerin tespiti.....	35
3.2.8. Populasyon yapısı ve genetik varyasyonun değerlendirilmesi.....	37
3.2.8.1. Genetik varyasyon analizleri.....	37
3.2.8.1.1. Allelik Varyasyon.....	37
3.2.8.1.2. Allel genişliği (AG).....	38
3.2.8.1.3. Ortalama allel sayısı.....	38
3.2.8.1.4. Etkili allel sayısı.....	38
3.2.8.1.5. Gözlenen heterozigotluk (Ho).....	39
3.2.8.1.6. Beklenen heterozigotluk (He).....	39
3.2.8.1.7. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC).....	39
3.2.8.1.8. Özgün (Private) allel.....	40

3.2.8.2. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) ve F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}).....	40
3.2.8.2.1. Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}).....	40
3.2.8.2.2. F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) ve ikişerli F_{ST} değerleri.....	40
3.2.8.3. Genetik farklılıklar.....	43
3.2.8.3.1. Gen akışı (Nm).....	43
3.2.8.3.2. Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}).....	43
3.2.9. Moleküler varyans analizi (AMOVA).....	43
3.2.10. Genetik mesafe tahmini ve filogenetik ağaç oluşturma.....	45
3.2.10.1. Nei'nin genetik uzaklık (D_A) metodu	46
3.2.11. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA).....	46
3.2.12. Genetik yapı analizi (Structure).....	46
4. BULGULAR ve TARTIŞMA.....	48
4.1. DNA İzolasyonu ve PCR İşleminde Elde Edilen Bulgular.....	48
4.2. Mikrosatellit Analizlerinden Elde Edilen Bulgular.....	49
4.3. Sonuçların Değerlendirilmesi.....	53
4.3.1. Saf hatlar içinde lokuslarda tespit edilen gen frekansları ve bazı genetik varyasyon ölçütleri.....	53
4.3.2. RIRI hattında genetik varyasyon parametreleri.....	75
4.3.3. RIRII hattında genetik varyasyon parametreleri.....	78
4.3.4. BARI hattında genetik varyasyon parametreleri.....	81
4.3.5. BARIII hattında genetik varyasyon parametreleri.....	83
4.3.6. L-54 hattında genetik varyasyon parametreleri.....	84
4.3.7. COL hattında genetik varyasyon parametreleri.....	86
4.3.8. Saf hatların genelinde genetik varyasyon parametreleri.....	88
4.3.9. Özgün allel sayıları	90
4.3.10. F – istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) ve gen akışı (Nm) değeri	93
4.3.11. İkişerli F_{ST} değerleri.....	95
4.3.12. Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}).....	96
4.3.13. Moleküler varyans analizi (AMOVA)	97
4.3.14. Nei'nin genetik uzaklık (D_A) ve genetik benzerlik değerleri.....	97
4.3.15. Nei'nin genetik uzaklık (D_A) değeri kullanılarak yapılan kümeleme analizleri.....	98
4.3.16. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA).....	100
4.3.17. Genetik yapı analizi (Structure)	100
5. SONUÇ.....	103
6. KAYNAKLAR.....	106
ÖZGEÇMİŞ	

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

A	Adenin nükleotid
bç	Baz çifti
C	Sitozin nükleotid
°C	Santrigrat derece
dk	Dakika
g	Gram
G	Guanin nükleotid
kb	Kilobaz
kg	Kilogram
M	Molar
Mg	Magnezyum
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
ml	Mililitre
mM	Milimolar
NaCl	Sodyum Klorür
ng	Nanogram
rpm	Devir/dakika
sn	Saniye
T	Timin nükleotid
Tm	Erime sıcaklığı
V	Volt
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar

Kısaltmalar

AG	Allel Genişliği
AFLP	Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
AMOVA	Moleküler Varyans Analizi
BARI	Barred Plymouth Rock-1 hattı
BARII	Barred Plymouth Rock-2 hattı
COL	Colombian Plymouth Rock hattı
dNTP	Deoksinükleotid Trifosfat
DNA	Deoksiribonükleik Asit
D _{ST}	Genetik Farklılık
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetat
F	Forward (İleri) Primer
FAO	Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
FCA	Faktöriyel Uygunluk Analizi
F _{is}	Akrabalı Yetiştirme Katsayısı
G _{ST}	Genetik Farklılaşma Katsayısı
H _o	Gözlenen Heterozigotluk
H _e	Beklenen Heterozigotluk
L-54	Line 54 Hattı
MAS	Marker Destekli Seleksiyon
MÖ	Milattan Önce
N _a	Ortalama allel sayısı
N _e	Etkili allel sayısı
N _m	Gen Akışı
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PIC	Polimorfizm Bilgi İçeriği
R	Reverse (Geri) Primer
QTL	Kantitatif Özellik Lokusu
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RE	Restriksiyon Endonükleaz
RFLP	Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi
RIRI	Rhode Island Red-1 hattı
RIRII	Rhode Island Red-2 hattı
RT-PCR	Gerçek (Eş) Zamanlı PCR
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat
SNP	Tek Nükleotid Polimorfizmi
SSR	Basit Dizi Tekrarları
STR	Ardışık Basit Tekrarlar
UV	Ultra Viole
TAE	Tris Asetat EDTA
TE	Tris EDTA
vd	ve diğerleri
VNTR	Değişken Sayıda Ardışık Tekrarlar

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Plymouth Rock tavuk ırkı varyeteleri.....	7
Şekil 2.2. RIRI ve RIRII hattına ait horoz ve tavuk	8
Şekil 2.3. BARI ve BARIİ hattına ait horoz ve tavuk.....	10
Şekil 2.4. COL ve L-54 hattına ait horoz ve tavuk.....	11
Şekil 2.5. Tekrarlanan DNA dizilerinin çeşitli sınıflarının bir özeti.....	13
Şekil 2.6. Çeşitli mikrosatellit tekrar motifleri.....	14
Şekil 2.7. Homolog kromozomlar arasında eşit olmayan parça değişimi.....	14
Şekil 2.8. Replikasyon kayması ile mikrosatellit mutasyon modeli.....	15
Şekil 2.9. Mikrosatellit DNA marker yöntemi.....	16
Şekil 3.1. Fragment analiz cihazına yerleştirilen bir plakadaki grupların görüntüsü.	37
Şekil 4.1. RIRI hattında izole edilen bazı DNA'lara ait agaroz jel görüntüsü.....	48
Şekil 4.2. RIRI hattında MCW0330 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	48
Şekil 4.3. RIRII hattında LEI0234 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	48
Şekil 4.4. BARI hattında LEI0196 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	49
Şekil 4.5. BARIİ hattında MCW020 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	49
Şekil 4.6. L-54 hattında LEI0234 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	49
Şekil 4.7. COL hattında MCW0183 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü.....	49
Şekil 4.8. RIRI hattında MCW0330 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	50
Şekil 4.9. RIRII hattında MCW0123 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	50
Şekil 4.10. BARI hattında MCW0067 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	51

Şekil 4.11. BARIİ hattında LEI192 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	51
Şekil 4.12. L-54 hattında ADL0112 lokusu için için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	52
Şekil 4.13. COL hattında LEI0166 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü.....	52
Şekil 4.14. Çalışılan tavuk hatlarında genetik mesafe (<i>D</i>) değerleri kullanılarak yapılan UPGMA dendogramı.....	99
Şekil 4.15. Çalışılan tavuk hatlarında genetik mesafe (<i>D</i>) değerleri kullanılarak yapılan NJ ağacı.....	99
Şekil 4.16. Çalışılan tavuk hatlarında FCA analizi görüntüsü.....	100
Şekil 4.17. Structure Harvester programında elde edilen en yüksek ΔK değeri.....	101
Şekil 4.18. Çalışılan tavuk hatlarında Structure kümeleme analizi görüntüsü.....	101

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Evcil tavuğun zoolojik sistemdeki yeri.....	6
Çizelge 2.2. RIR I hattında bazı performans özellikleri.....	9
Çizelge 2.3. RIR II hattında bazı performans özellikleri.....	9
Çizelge 2.4. BAR I hattında bazı performans özellikleri.....	10
Çizelge 2.5. BAR II hattında bazı performans özellikleri.....	11
Çizelge 2.6. COL hattında bazı performans özellikleri.....	12
Çizelge 2.7. L-54 hattında bazı performans özellikleri.....	12
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi.....	27
Çizelge 3.2. DNA izolasyonu için kullanılan tampon çözeltilerin molaritesi / miktarı ve içerikleri.....	29
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslar	31
Çizelge 3.4. PCR reaksiyon karışımı, miktar ve markaları.....	33
Çizelge 3.5. Elektroforez ve agaroz jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri	34
Çizelge 3.6. DNA marker yükleme karışımı.....	35
Çizelge 3.7. Fragment analizinde uygulanan multipleks gruplar ve muhtemel allel genişlikleri.....	36
Çizelge 3.8. Bir ırk birden fazla populasyon ile temsil edildiğinde moleküler varyans analizi tablosu ve formülleri.....	44
Çizelge 3.9. Bir ırk bir populasyon ile temsil edildiğinde moleküler varyans analizi tablosu ve formülleri.....	44
Çizelge 4.1. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0112 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	53
Çizelge 4.2. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0145 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	54

Çizelge 4.3. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0268 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	55
Çizelge 4.4. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0094 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	56
Çizelge 4.5. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0166 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	58
Çizelge 4.6. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0192 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	59
Çizelge 4.7. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0196 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	60
Çizelge 4.8. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0228 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	61
Çizelge 4.9. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0234 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	62
Çizelge 4.10. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0020 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	63
Çizelge 4.11. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0037 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	64
Çizelge 4.12. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0067 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	65

Çizelge 4.13. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0069 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	66
Çizelge 4.14. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0078 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	67
Çizelge 4.15. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0081 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	68
Çizelge 4.16. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0111 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	69
Çizelge 4.17. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0123 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	70
Çizelge 4.18. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0183 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	71
Çizelge 4.19. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0248 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	72
Çizelge 4.20. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0287 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	73
Çizelge 4.21. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0301 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	74
Çizelge 4.22. Çalışılan tavuk hatlarında MCW330 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	75

Çizelge 4.23. RIRI populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	76
Çizelge 4.24. RIRII populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	79
Çizelge 4.25. BARI populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	81
Çizelge 4.26. BARII populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	83
Çizelge 4.27. L-54 populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	85
Çizelge 4.28. COL populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	87
Çizelge 4.29. Çalışılan tavuk hatlarında tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis).....	89
Çizelge 4.30. Çalışılan tavuk hatlarında tespit edilen özgün alleller.....	92
Çizelge 4.31. Çalışılan tavuk hatlarında F – istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) ve gen akışı (Nm) değeri.....	94
Çizelge 4.32. Çalışılan altı saf tavuk hattı arasında tahmin edilen ikişerli F_{ST} değerleri.....	95
Çizelge 4.33. Çalışılan altı saf tavuk hattında heterozigotluklar (H_S , H_T), genetik farklılık (D_{ST}) ve genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}).....	96

Çizelge 4.34. Çalışılan tavuk hatlarında moleküler varyans analizi	97
Çizelge 4.35. Çalışmada kullanılan altı saf tavuk hattı arasındaki genetik mesafe (D_A) ve genetik benzerlik.....	97
Çizelge 5.1. Çalışılan altı saf tavuk hattında ortalama allel sayısı, etkili allel sayısı, beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri.....	103

1. GİRİŞ

Büyüme, gelişme ve sağlıklı bir yaşam sürme beslenme ile yakından ilişkilidir. Dengeli beslenme için yeterli düzey ve kalitede hayvansal protein tüketimi önemlidir. Günlük alınan proteinin %60'ı bitkisel, %40'ı ise hayvansal kaynaklı olmalıdır. Tavuklardan elde edilen hem beyaz et hem de yumurta hayvansal protein ihtiyacının karşılanmasında önemli bir yer tutmaktadır. Biyolojik değeri yüksek protein, dengeli yağ asidi kompozisyonu, zengin vitamin, mineral ve fosfolipid içeriğine sahip yumurta, tüm dünyada başta çocuklar ve gençler olmak üzere bütün yaş grupları için vazgeçilmez bir besin kaynağıdır (Akbaý vd 2000, Çelebi ve Karaca 2006). Bu üstün özelliklerinin yanı sıra diğer hayvansal proteinlere oranla daha ucuz ve kolay bulunabilir olması da yumurtayı beslenme açısından vazgeçilmez kılmaktadır.

Diğer çiftlik hayvanlarıyla karşılaştırıldığında, tavukların fizyolojik özelliklerinden kaynaklanan bazı avantajları olmasından dolayı, geçtiğimiz yirmi yıl boyunca gerek gelişmiş gerekse gelişmekte olan ülkeler özellikle kentlerde yoğunlaşan nüfusun kaliteli protein gereksinimlerini karşılamak için tavukçuluk sektörüne stratejik önem vermişlerdir. Tavuklar diğer çiftlik hayvanlarına göre yemi daha hızlı olarak et ve yumurta gibi kaliteli proteinlere dönüştürebilmektedir. Etlik piliç yetiştiriciliğinde bir kg canlı ağırlığa 1.6-1.8 kg yem ile ulaşılırken, sığır yetiştiriciliğinde bu rakam 8 kg, koyun yetiştiriciliğinde ise 6 kg'dır. Tavukçulukta et ve yumurta için yemden yararlanma bakımından yapılan ıslah çalışmalarının yoğun şekilde devam ettiği düşünülürse bu farkın gelecekte tavukçuluk lehine giderek artacağı açıktır (Akbaý vd 2000, Altın vd 2005, Anonim 2014a).

Tavuklar; hızlı üremeleri, birim alanda yoğun yetiştirilebilmeleri, yemden iyi yararlanmaları, mekanizasyona uygun olmaları gibi nedenlerle entansif yetiştiriciliğe en uygun çiftlik hayvanlarıdır. Türkiye'de hayvancılıkla ilgili sektörler arasında entansifleşme oranı en fazla olan sektör tavukçuluk sektörüdür. Özellikle son 20 yılda yumurta ve piliç eti üretimindeki artışla beraber tavukçuluk sektöründe damızlık işletmeleri, yem, aşı, ilaç sanayi, altyapı ve ekipman (kümes, kafes, suluk ve yemlik vb.) tedarikçileri, muhafaza ve pazarlama işletmeleri de oldukça büyümüş ve tüm bu alt sektörler iç içe geçerek tavukçuluğa endüstriyel bir yapı kazandırmıştır (Öztürk ve Türkođlu 2012). Türkiye'de bugün doğrudan ya da dolaylı olarak yaklaşık 3 milyon insanın geçimini sağladığı tavukçuluk sektörünün yıllık cirosu 6 milyar dolara ulaşmıştır. (Baykalır ve Şimşek 2014, Koca 2014).

FAO'nun 2012 yılı verilerine göre Türkiye yıllık yumurta üretimi bakımından dünyada 10. sırada yer almasına karşın ne yazık ki yumurtacı damızlık tavuk bakımından neredeyse tamamen dışa bağımlıdır (Anonim 2014b, Sarıca vd 2012). Yumurta Üreticileri Merkez Birliği (YUM-BİR) kayıtlarına göre 2013 yılında yaklaşık 650 bin adet yumurtacı tavuk ithal edilmiştir. Aynı yıl ithal edilen bu materyallerden yaklaşık 52 milyon adet yumurtacı hibrit elde edilmiş, bu hibritlerden ise yaklaşık 16.7 milyar adet yumurta üretilmiştir (Anonim 2013). Türkiye'de yumurta tavukçuluğunun yıllık cirosu yaklaşık 1.5 milyar dolar, yıllık ihracat miktarı ise 407 milyon dolardır. Bu veriler bakımından Türkiye dünyada Hollanda'dan sonra ikincidir (Anonim 2013, Baykalır ve Şimşek 2014).

Türkiye’de tavukçuluk sektöründe yaşanan hızlı gelişme sadece üretim teknikleri ve miktarıyla sınırlı kalmış, buna karşılık damızlık materyal temini dışa bağımlı olmaya devam etmiştir. Damızlık materyal yumurta tavukçuluğunda yaklaşık olarak % 98.5-99.0 oranında, et tavukçuluğunda ise %100 oranında yurtdışından temin edilmektedir (Sarıca vd 2012). Ne yazık ki 3 milyon kişinin geçimini sağladığı bu büyüklükteki bir sektörde damızlık bakımından süren dışa bağımlılık bir takım risk ve sorunları da beraberinde getirmektedir. Herhangi bir nedenle yurt dışından damızlık materyal ithal edilememesi durumunda, Türkiye’de 6 ay içinde ne etlik, ne de yumurtacı tavuk bulmak imkansız hale gelecektir. Örneğin 2003-2007 yılları arasında görülen kuş gribi nedeniyle bazı yasaklama ve kısıtlamaların olabileceğinin konuşulması bile ülkemizde tavukçuluk sektörüne zor günler yaşattır (Mızrak vd 2007a). Tavukçuluk sektöründe yaşanan bu sıkıntının ülke ekonomisine verdiği zararlar Türkiye gündemini uzun süre meşgul etmiştir. Tavukçuluk sektörü, yarattığı istihdam ve yaptığı ihracat göz önüne alındığında Türk ekonomisini etkileyecek kadar büyümüştür (Çakı 2007). Ayrıca kendi damızlık materyalimizi üretmemiz yurt dışına döviz çıkışını düşürecek, bu sayede son günlerde sıkça konuşulan Türk ekonomisinin verdiği cari açık bir nebze azaltılacaktır.

Ülkemizde damızlık materyal üretimine yönelik çalışmalar sadece Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu’nda yapılmaktadır. Kuruluşu 1930’lu yıllara dayanan istasyonda yumurtacı ve etçi hibrit elde etmek için uzun yıllar yapılan yoğun çalışmalarda yabancı hibrit ebeveynlerinden geriye melezleme ile üretilen baba ve ana hatlarının seleksiyonla ıslahı ve uygun melez kombinasyonlarının belirlenmesine çalışılmıştır. Ancak elde edilen yerli hibritlerin yumurta verimi ve cinsi olgunluk yaşı bakımından yabancı hibritlerle yarışmadığı görülmüştür. Yapılan ıslah çalışmalarında elde edilen hat sayısının yetersiz olduğunun anlaşılması üzerine 1995 yılında Kanada’dan 4 adet beyaz [Black Line, Brown Line, Blue Line, Maroon Line], 6 adet kahverengi [Rhode Island Red I (RIRI), Rhode Island Red II (RIRII), Barred Rock I (BARI), Barred Rock II (BARII), Colombian Rock (COL), Line-54 (L-54)] yumurtacı olmak üzere 10 adet saf hat ithal edilerek yerli damızlıkların elde edilmesi yönünde çalışmalara devam edilmiştir. Hatlar üzerinde yapılan çalışmalarla, elde edilecek melezlerin yumurta veriminin arttırılması, cinsel olgunluk yaşının ve cinsel olgunluk ağırlığının azaltılması veya optimum seviyede tutulması hedeflenmiştir (Durmuş vd 2008, Anonim 2014c).

Günümüz tavukçuluğunda ticari üretimde kullanılan etçi ya da yumurtacı hibritler, hat içi seleksiyonla verim seviyesi yükseltilmiş saf hatlar (pure lines), bunların melezlenmesiyle elde edilen büyük ebeveynler (grand-parents) ve büyük ebeveynlerin melezlenmesi sonucu ortaya çıkan ebeveynlerden (parent) üretilmektedir. Dolayısıyla hibritlerin performansları; saf hat kademesinden başlamak üzere, ebeveynlerinin genel ve özel kombinasyon kabiliyetlerine bağlı olarak şekillenmektedir. Bu nedenle hibritlerin verimlerinin arttırılması için yapılacak genetik ıslah çalışmaları, ilk aşamada ebeveynlerin genel kombinasyon kabiliyetlerini iyileştirmeyi, daha sonraki aşamada ise özel kombinasyon kabiliyetlerini geliştirmeyi gerektirmektedir (Göger vd 2007).

Kanada'dan 1995 yılında ithal edilen saf hatlar öncelikle akrabalığın artmamasına dikkat edilerek kendi içinde çoğaltılmış, sonra önemli görülen bazı özelliklerin geliştirilmesi için hat içi seleksiyon çalışmalarına başlanmıştır. Daha sonra saf hatlar arasında ikili ya da üçlü melezleme ile büyük ebeveyn ve ebeveynler elde edilmiştir. Ebeveynlerden elde edilen hibrit civcivler ise çeşitli performans testlerine tabi tutularak en uygun kombinasyonlar belirlenmeye çalışılmıştır (Erkuş ve Akman 2001, Akman vd 2005, Göger vd 2007). Yürütülen çalışmalar sonucunda ikisi kahverengi (ATAK, ATAK-S), biri beyaz (ATABEY) olmak üzere üç hibrit üretilmiştir (Mızrak vd 2007b). Bu hibritler Türk Patent Enstitüsü ve Ulusal Irk Tescil Komitesi tarafından tescil edilmiş olup, ülkemizin ticari değeri olan tescilli ilk hayvanlarıdır. (Anonim 2014c). Kahverengi (ATAK-S, ATAK) hibritlerin elde edilmesinde baba hatları olarak Rhode Island Red-I ve Rhode Island Red-II; ana hatları olarak Barred Rock-I, Line-54 hatları kullanılmıştır. Beyaz hibritin (ATABEY) elde edilmesinde ise baba hattı olarak Black Line, ana hattı olarak Blue Line hattı kullanılmaktadır (Akunal 2009).

Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu elinde bulunan saf hatlardan elde edilen hibritlerin (ATAK, ATAK-S, ATABEY) değişik bölgelerde yapılan performans testleri umut verici olsa da (Durmuş vd 2008) henüz cinsel olgunluk yaşı, cinsel olgunluk ağırlığı ve özellikle yemden yararlanma konusunda yurt dışından ithal edilen hibritlerin performanslarına ulaşamamıştır. Ancak Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu elinde bulunan saf hatlar ülkemizdeki tek damızlık materyal olması açısından oldukça önemlidir. Ülkemizin uzun vadeli çıkarları düşünülerek bu hatlar üzerinde yapılan ıslah çalışmalarının artarak devam etmesi yukarıda belirtilen sebeplerden dolayı son derece önemlidir. Ayrıca 20 yıl gibi uzun bir süredir Türkiye'de yetiştirilen ve bölgeye adapte olan bu hatların yerli gen kaynağı olarak korunması zorunludur. Son yıllarda dünyada gelişen ıslah ve koruma çalışmalarına paralel olarak bu hatlarda yapılan çalışmalar gözden geçirilerek bu çalışmalara gelişen DNA teknolojilerinin de eklenmesi yararlı olacaktır.

Günümüzde DNA teknolojileri birçok alanda olduğu gibi çiftlik hayvanlarında da yoğun şekilde kullanılmaktadır. DNA'nın yapısının belirlenmesinden sonra Restriksiyon Enzimleri ve PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) tekniği keşfedilmiştir. PCR'ın keşfinden sonra çok sayıda PCR temelli moleküler marker yöntemi geliştirilmiştir. Bugün hayvansal üretim alanında en yaygın kullanılan DNA marker yöntemleri arasında PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu), RT-PCR (Gerçek Zamanlı PCR), RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi), AFLP (Çoğaltılmış Uzunluk Parça Polimorfizmi), DNA Dizi Analizi, Mikrosatellit DNA Analizi ve SNP (Tek Nükleotid Polimorfizmi) gösterilebilir. Bu DNA marker yöntemleri çiftlik hayvanlarında genetik kaynakların korunması programlarında, filogenetik analizlerde, ekonomik önemi olan özelliklerin (döl, et, süt verimi vb.) seleksiyonla miktar ve kalitesinin artırılmasında ve gen haritalama çalışmalarında kullanılmaktadır (Karslı vd 2013).

Gerek yapılacak ıslah çalışmalarında gerekse genetik kaynakların korunması programlarında ilk aşama popülasyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesidir. Koruma çalışmalarına başlanmadan önce popülasyonlardaki genetik varyasyonun saptanması koruma stratejilerinin belirlenmesinde oldukça önemlidir. Genetik çeşitlilik

populasyonların geçmişinden günümüze kadar geçen süreçte şekillenir. Bu süreç türlerin sürdürülebilirliği ve populasyonların geleceği için oldukça önemlidir. Populasyonlarda mevcut genetik çeşitliliğin korunması türlerin uzun süre hayatta kalmalarında anahtar rol oynamaktadır. Çiftlik hayvanlarında genetik çeşitlilik değişik çevre koşullarında bugünkü üretimi karşılamak ve gelecekte değişmesi muhtemel ıslah amacına uyum sağlamak için gerekmektedir (Mahmoudi vd 2010).

Çiftlik hayvanlarında evcilleştirmeden sonraki yıllarda mutasyon, seleksiyon, adaptasyon, izolasyon ve göç yerel populasyonlarda çok büyük genetik çeşitlilik yaratmıştır. Ancak geçtiğimiz 50 yılda çiftlik hayvanlarında çeşitli verimlerin artırılması için uygulanan yoğun ıslah çalışmaları ya da yüksek verimli ırkların yerli ırklara tercih edilmesi genetik varyasyonun azalmasına neden olmuştur (Ertuğrul vd 2010). Bu durum tavukçulukta daha dramatik bir hal almış, ticari kanatlı hayvan üretiminde yetiştirme tarzından dolayı üretimde kullanılan kanatlı ırklarının sayısı oldukça azalmıştır. Bugün dünya çapında yumurtacılar üç, broilerlerde ise dört baskın genotip bulunmaktadır. Kullanılan bu genotiplerde ise uygulanan yetiştirme sisteminden dolayı mevcut genetik varyasyon oldukça azalmıştır (Flock ve Preisinger 2002). Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu elinde bulunan saf hatlarda genetik varyasyonun belirlenmesi konusunda bir çalışma şimdiye kadar yapılmamış olup, bu hatlar ile ilgili genetik bilgiler yurt dışında benzer hatlarla yapılan çalışmalarla sınırlıdır.

Genetik varyasyonun belirlenmesinde günümüze kadar birçok moleküler yöntem (RAPD, AFLP, Mikrosatellit, SNP, vb.) kullanılmıştır. Ancak son zamanlarda en sık kullanılan yöntem Mikrosatellitler ve SNP'lerdir (Karşı vd 2013). Mikrosatellitler ökaryotik genom boyunca hem kodlanan hem de kodlanmayan bölgelere yaygın olarak dağılmış halde bulunan, 1-6 nükleotid uzunluğundaki kısa tekrarlardan oluşan DNA parçalarıdır (Arif ve Khan 2009, Teneva 2009, Sabir vd 2014). Mikrosatellit markerler genom boyunca çok sayıda olması, polimorfizm oranının yüksek olması, kodominant kalıtım göstermesi, tekrarlanabilirliğinin yüksek olması gibi nedenlerden ötürü populasyonlardaki genetik varyasyonun gösterilmesinde tercih edilmektedir (Hillel vd 2003, Chatterjee vd 2010, Tadano vd 2011). Günümüzde tüm dünyada çiftlik hayvanları, evcil ve yabani hayvan populasyonlarında genetik varyasyonun belirlenmesinde mikrosatellit markerler yoğun şekilde kullanılmaktadır (Acosta vd 2013, Chuluunbat vd 2014, O'Leary vd 2014, Revidatti vd 2014, Tadano vd 2014a, Tadano vd 2014b, Tende vd 2014).

Mikrosatellit markerler çiftlik hayvanlarında genetik varyasyonun gösterilmesi yanında genom bağlantı haritalarının oluşturulmasında ve kantitatif özellik lokuslarının (QTL) belirlenmesinde SNP'ler ile birlikte yaygın olarak kullanılmaktadır (Teneva vd 2013). Kantitatif özellik lokuslarının (QTL) belirlenmesi ve aday gen yaklaşımı ile bu lokusların Marker Destekli Seleksiyon (MAS) programlarında kullanılması önemli avantajlar sağlama potansiyeline sahiptir. Bu bağlamda tavuklarda mikrosatellit markerler kullanılarak yapılan QTL araştırmaları sonucunda bazı mikrosatellit lokusların Koksidiyoz, Newcastle ve Marek hastalıklarına dirençle ilişkili olduğu gösterilmiştir (Pinard-van der Laan vd 2009, Izadi vd 2011, Hako Touko vd 2013, Wang vd 2014). Ayrıca Japon bildircinlerinde mikrosatellitler kullanılarak yapılan QTL çalışmalarında bazı lokusların büyüme, yem tüketimi, yumurta verimi, tonik immobilitate ve vücut sıcaklığıyla ilişkili olduğu belirlenmiştir (Minvielle vd 2005).

Ankara Tavukçuluk Arařtırma İstasyonu bünyesinde yetiřtirilen 6 kahverengi yumurtacı saf hat 1995 yılında Kanada'dan getirilmiř ve günümüze kadar ıslah çalıřmalarına tabi tutulmuřtur. Ancak, bu güne kadar kendi içlerinde yetiřtirilen bu hatlarda genetik varyasyonun belirlenmesine yönelik moleküler yöntemlerin kullanıldıđı herhangi bir çalıřmaya rastlanmamıřtır. Yürütölen bu tez çalıřmasında; Ankara Tavukçuluk Arařtırma İstasyonu'nda bulunan altı adet kahverengi yumurtacı saf tavuk hattında genetik yapının mikrosatellit markerler ile belirlenmesi, mevcut tavuk hatları içindeki ve arasındaki genetik çeřitliliđin karřılařtırılması, elde edilen moleküler genetik bilgilerin uzun süreden beri akrabalı yetiřtirme yöntemiyle geliřtirilen bu hatların korunması ve sürdürülebilirliđi için kullanımının irdelenmesi ve ileride yapılması muhtemel marker destekli seleksiyon (MAS) çalıřmaları için temel bilgilerin elde edilmesi amaçlanmıřtır.

2. KURAMSAL BİLGİLER VE KAYNAK TARAMALARI

2.1. Tavuğun Evcilleştirilmesi ve Zoolojik Sistematikteki Yeri

Tavuğun evcilleştirilme tarihi birçok araştırmacı tarafından tartışma konusu olsa da evcilleştirilme yerinin Asya olduğu konusunda fikir birliği sağlanmıştır. Bugünkü evcil tavuk Hindistan ve Güneydoğu Asya'da evcilleştirilmiştir. Mohenjo-Daro'daki arkeolojik bulgulara göre M.Ö. 2000'li yıllarda İndus vadisinde evcilleştirildiği düşünülen tavuğun, buradan Mezopotamya yolu ile Anadolu, Yunanistan ve tüm Avrupa'ya yayıldığı düşünülmektedir. Daha yeni arkeolojik bulgulara göre ise tavuğun M.Ö. 6000'li yıllarda Çin'de evcilleştirilip buradan Rus steplerindeki kabileler yoluyla Avrupa'ya yayıldığı düşünülmektedir (Türkoğlu vd 1997, Taşkesen 2010).

Güneydoğu Asya'da yaşayan dört farklı yabani tavuk türünün tavuğun evcilleştirilmesine katkısı olduğu düşünülmektedir. Bu türler *Gallus gallus* veya *Gallus bankiva* (kırmızı orman tavuğu), *Gallus lafayetti* (seylan orman tavuğu), *Gallus sonnerati* (gri orman tavuğu), ve *Gallus varius*'dur (siyah veya yeşil orman tavuğu). Tavuğun hangi türden evcilleştirildiği hakkında çeşitli görüşler vardır. Stevens (1991) tarafından bildirildiğine göre, Darwin tavuğun kırmızı orman tavuğundan yani tek bir türden evcilleştirildiğini ileri sürmüştür. Bu görüşü benimseyen çeşitli araştırmalar bulunmaktadır (Hillel vd 2003, Eriksson vd 2008). Ancak bu görüşün aksine tavuğun birden fazla türden köken alarak evcilleştirildiği görüşü hakkındaki çalışmalar da azımsanamayacak ölçüdedir (Nishibori vd 2005, Liu vd 2006, Tixier-Boichard vd 2011).

Evcil tavuğun sistematikteki yeri Çizelge 2.1'de verilmiştir.

Çizelge 2.1. Evcil tavuğun zoolojik sistemdeki yeri

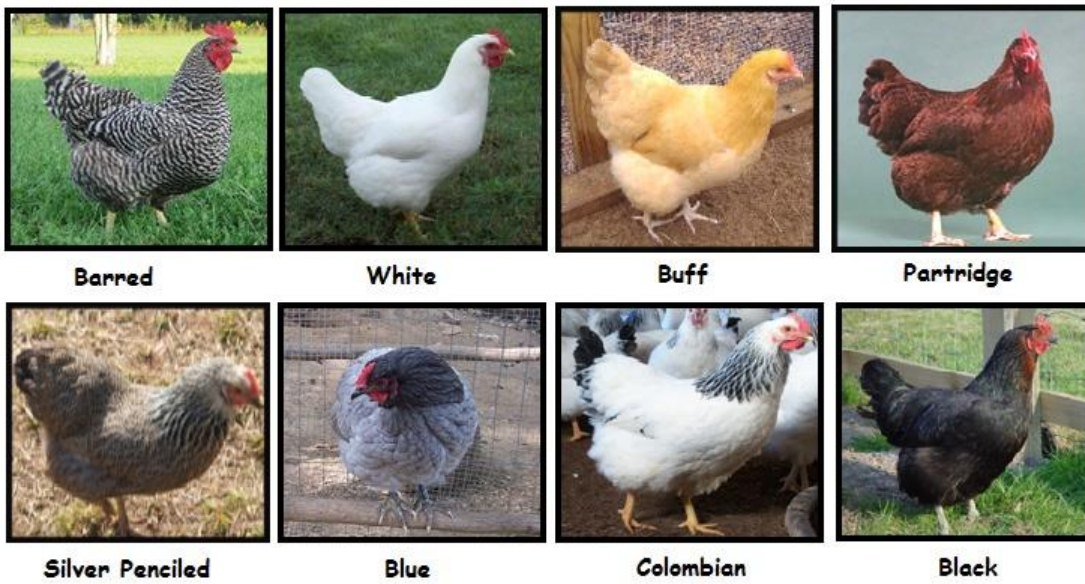
Kingdom (Alem)	Animalia	Hayvanlar
Phylum (Şube)	Chordata	Kordalılar
Subphylum (Alt şube)	Vertabrata	Omurgalılar
Class (Sınıf)	Aves	Kuşlar
Ordo (Takım)	Galliformes	Tavuksular
Subordo (Alt takım)	Galli	Tavuklar
Familia (Aile)	Phasianidae	Sülüngiller
Subfamilia (Alt aile)	Phasianinae	Sülünler
Genus (Cins)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

2.2. Araştırmada Kullanılan Kahverengi Yumurtacı Saf Hatlar

Dünyada kullanılan ticari yumurtacı saf hatların sayısı son yıllarda oldukça azalmıştır. Günümüzde beyaz yumurtacıların ana ve baba hatlarında kullanılan baskın ırk Beyaz Leghorn'lardır. Kahverengi yumurtacılar ise baba hatları olarak Rhode Island Red ve New Hampshire, ana hatları olarak Barred (Çubuklu), ya da Silver (Gümüş) Colombian Plymouth hatları yoğun olarak kullanılmaktadır (O'sullivan vd 2010).

Plymouth Rock, dünyada oldukça yoğun yetiştirilen ve kısaca Rock ya da Barred Rock (popüler ya da tercih edilen renkten dolayı) olarak adlandırılan bir tavuk ırkıdır. Amerika kökenli bu ırk, 19. yüzyılın ortalarında İngiltere'de geliştirilmiş ve ilk kez 1849 yılında bir ırk olarak tanımlanmıştır. Et ve yumurta verim yönlü kullanılabilen bu ırkın elde edilmesinde Dominik (Dominiques), Siyah Java (Black Javas) ve Koşin (Cochin) ırklarından yararlanılmıştır. Bazı tarihsel kayıtlara göre Malay ve Dorking ırklarından da yararlanıldığı belirtilmektedir. Barred Rock'lar ilk defa 1874'de Amerikan standartlarına alınmıştır. Plymouth Rock ırkı genellikle Barred (Çubuklu) Rock olarak adlandırılrsa da tüy renklerine göre çeşitli varyeteleri bulunmaktadır. Amerika, Kanada ve İngiltere standartlarına göre sekiz varyetesi vardır. (Türkoğlu vd 1997, Anonim 2015a). Bu varyeteler aşağıda gösterilmiştir.

- Barred (Çubuklu)
- White (Beyaz)
- Buff (devetüyü, ten rengi)
- Partridge
- Silver Penciled
- Blue (mavi)
- Colombian
- Black (siyah)



Şekil 2.1. Plymouth Rock tavuk ırkı varyeteleri

Amerika, Kanada ve İngiltere standartlarından farklı olarak Avustralya tavukçuluk standartlarına göre Barred Rock, Light (açık) Barred ve Dark (koyu) Barred olarak kendi içerisinde ikiye ayrılmaktadır. Çubuklu Plymouth Rock'lar kahverengi yumurta üretim hatlarında otoseksin eldesinde kullanılmışlardır. Rhode Island Red gibi çubuksuz ırkların erkekleri ile çiftleştirmelerde otoseksle cinsiyet ayrımı sağlanmaktadır. Ayrıca yumurta ıslah programlarında, ağır yumurta elde edilmesi amacıyla kullanılmaktadır (Türkoğlu vd 1997, Anonim 2015a).

Rhode Island Red (RIR) Plymouth Rock'lara benzer olarak et ve yumurta amaçlı olsa da daha ziyade yumurta amaçlı kullanılmaktadır. Amerika'nın Massachusetts ve Rhode Island eyaletlerinde geliştirilen bu ırk; Buff Cochin, Langsh, Black Red Malay, Hamburg ve Gül İbikli Leghorn (Rose Combed Leghorns) ırkları arasındaki melezlemelerle elde edilmiştir. 1850'li yıllarda elde edilen bu ırk için Rhode Island Red ismi ilk kez 1880 yılında kullanılmış ve 1904 yılında Amerika tavukçuluk standartlarına girmiştir (Türkoğlu vd 1997, Anonim 2015b, Anonim 2015c).

Bu araştırmada kullanılan iki Rhode Island Red (RIRI ve RIRII) ve dört Plymouth Rock (BARI, BARIİ, COL ve L-54) hattına ait bazı verim özellikleri aşağıda özetlenmiştir.

2.2.1. Baba hatları

2.2.1.1. Rhode Island Red I (RIRI)

Üzerinde 50 yıldan daha uzun süredir çalışılan bu hat Massachusetts'te geliştirilen bir hattan üretilmiştir. Yumurta kabuğu sağlam ve koyu kahverengidir. Yem değerlendirme oranı ve yumurta verimi yüksek düzeydedir. İlk dört ayda %90'ın üzerinde yumurta verimine ulaşabilmektedir. Çiftleştirmelerde iyi bir baba hattı özelliğine sahiptir. Rhode Island Red I ve Rhode Island Red II hatlarında ilk zamanlar %50 civarında olan ayak ve bacak problemleri Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu'nda yapılan ayıklamalar sonucu %1 civarına gerilemiştir. RIRI hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.2'de verilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).



Şekil 2.2. RIRI ve RIRII hattına ait horoz ve tavuk

Çizelge 2.2. RIRI hattında bazı performans özellikleri

Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	278.0
Kuluçka randımanı (%)	84.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	63.7
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1730.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2268.0
Yaşama gücü (%)	95.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	123.0
% 50 verim yaşı (gün)	145.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	126.9

2.2.1.2. Rhode Island Red II (RIRII)

1964 yılından bu yana Amerikan ve İngiliz hatlarının melezlenip, kapalı yetiştirilmeleri sonucu elde edilmiştir. Bu hat saflaştıkça Rhode Island Red I' e yakın özellikler göstermiştir. İyi bir baba hattı özelliğine sahiptir. Bu hatta az miktarda mevcut olan yavaş tüylenme istenirse elemine edilebilir. RIRII hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.3'de verilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).

Çizelge 2.3. RIRII hattında bazı performans özellikleri

Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	276.0
Kuluçka randımanı (%)	83.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	63.3
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1710.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2223.0
Yaşama gücü (%)	94.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	125.0
% 50 verim yaşı (gün)	146.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	124.7

2.2.2. Ana hatları

2.2.2.1. Barred Rock I (BARI)

Barred Rock' ların içinde en yüksek verime sahip olan bu hat dayanıklılığı ve ortama çabuk adapte olabilirdiği ile tanınmaktadır. Üç aydan daha uzun süre % 90' dan fazla yüksek kalitede kahverengi yumurta verebilmektedir. Rhode Island Red' lerle çok

iyi bir kombinasyona sahiptir. BARI hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.4’de gösterilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).



Şekil 2.3. BARI ve BARIİ hattına ait horoz ve tavuk

Çizelge 2.4 BARI hattında bazı performans özellikleri

Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	266.0
Kuluçka randımanı (%)	79.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	61.9
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1868.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2268.0
Yaşama gücü (%)	94.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	132.0
% 50 verim yaşı (gün)	150.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	127.6

2.2.2.2. Barred Rock II (BARIİ)

Ontario Agricultural College’ de 70 yıl önce elde edilmiş bir saf hattır. BARI hattı ile bir ilgisi yoktur. Ancak onlarla melezlendiğinde yüksek performanslı döller elde edilebilmektedir. Barred Rock-I’e göre daha kısa ve kalın yapıdadır. Rhode Island Red hatları ile yüksek bir kombinasyon kabiliyetine sahiptir. BARIİ hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.5’de gösterilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).

Çizelge 2.5. BARIİ hattında bazı performans özellikleri

Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	268.0
Kuluçka randımanı (%)	78.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	62.4
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1860.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2268.0
Yaşama gücü (%)	91.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	130.0
% 50 verim yaşı (gün)	149.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	127.4

2.2.2.3. Colombian Rock (COL)

Rhode Island Red' lerle çok iyi bir kombinasyon kabiliyetine sahiptir. 1959 yılından bu yana pedigri olarak yetiştirilen hattın canlı ağırlığı ve yem tüketimi azaltılarak yumurta verimi artırılmıştır. COL hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.6'da gösterilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).



Şekil 2.4. COL ve L-54 hattına ait horoz ve tavuk

Çizelge 2.6. COL hattında bazı performans özellikleri

Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	260.0
Kuluçka randımanı (%)	76.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	60.5
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1850.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2360.0
Yaşama gücü (%)	92.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	133.0
% 50 verim yaşı (gün)	156.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	124.5

2.2.2.4. Line 54 (L-54)

Sentetik bir hat olarak 1974 yılında elde edilmiştir. %15 Leghorn kanı taşıdığı için canlı ağırlığı az ve yumurta kabuk rengi oldukça açık kahverengidir. Bu hat pedigrili yetiştirme için büyük bir potansiyele sahiptir. L-54 hattında bazı performans özellikleri Çizelge 2.7’de gösterilmiştir (Göger ve Erdurmuş 2003).

Çizelge 2.7. L-54 hattında bazı performans özellikleri

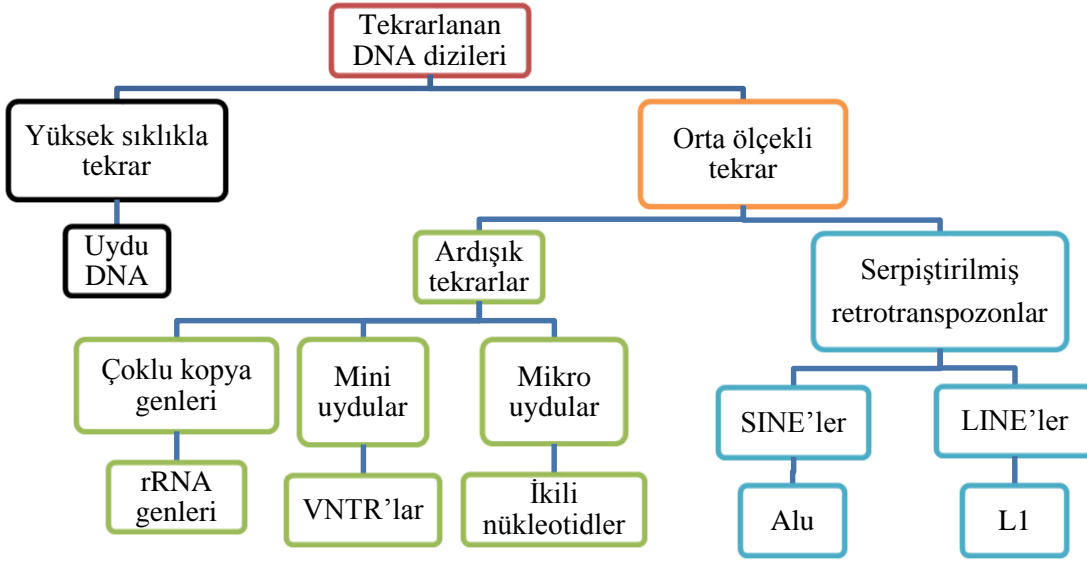
Bazı ekonomik özellikler	
72. hafta sonunda yumurta verimi (adet)	258.0
Kuluçka randımanı (%)	80.0
Ortalama yumurta ağırlığı (gr)	59.3
18. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	1710.0
72. hafta sonu canlı ağırlığı (gr)	2087.0
Yaşama gücü (%)	92.0
Cinsi olgunluk yaşı (gün)	121.0
% 50 verim yaşı (gün)	142.0
Tavuk dönemi yem tüketimi (gr/gün)	123.0

2.3. Mikrosatellit DNA Marker Yöntemi

Ökaryotik genomun çöktürme denge santrifüjü ile incelenmesi sonucu, DNA üzerinde satellit (uydu) olarak adlandırılan ve türe göre farklılık gösteren bölgelerin olduğu bildirilmiştir. Uydu DNA’ların önemi, bu bölgelerin birbirinin aynı çok kopyalı tekrarlanan birimlerden oluştuğu 1970’li yıllarda gösterilene kadar pek anlaşılammıştır. Yoğun olarak kromozomların sentromer ve telomer (uç) kısımlarında bulunan tekrarlanan bölgelerin tüm genoma dağıldığı yine aynı yıllarda gösterilmiştir

(Klug vd 2011). 1981 yılında ilk kez bir gen (β -globin) üzerinde deęişken sayılarda kısa tekrar motifleri gösterilmiştir (Miesfeld vd 1981). 1985 yılında insan DNA'sında tekrarlı bölgelerdeki geniş varyasyonun DNA parmak izi yöntemi olarak kullanılabilceęi bildirilmiştir (Jeffreys vd 1985). 1989 yılında ise ilk kez PCR temelli mikrosatellit genotipleme yapılmış ve DNA marker yöntemi olarak kullanılabilceęi gösterilmiştir (Tautz 1989, Weber ve May 1989).

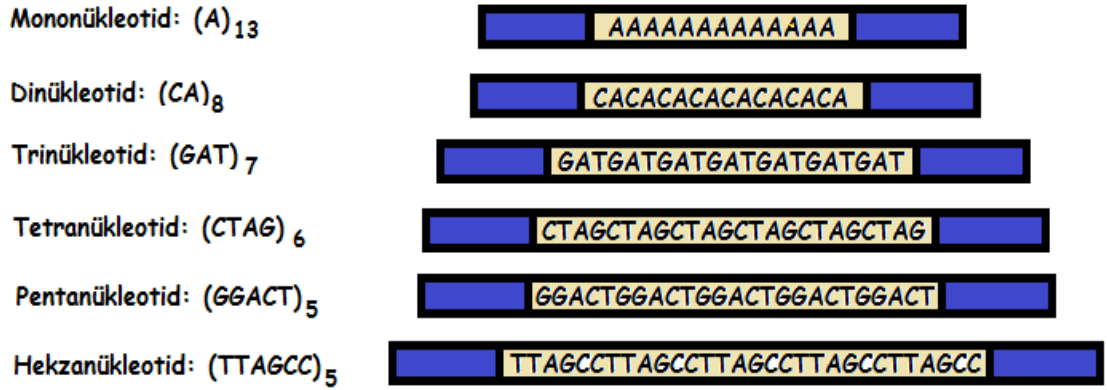
Tekrarlanan DNA dizileri genomda görülme sıklığına göre sınıflandırılmaktadır. Ardışık tekrarlı bölgeler genel olarak minisatellit ve mikrosatellitler olarak sınıflandırılabilir. Minisatellitler genellikle 10-100 bç uzunluęunda 2-100 kez arası tekrar eden DNA sıralarıdır. İlk kez insan insülin gen lokusunda keşfedilen minisatellitler *Deęişken Sayıda Ardışık Tekrarlar* (Variable Number of Tandem Repeats, VNTR) olarak da adlandırılmaktadır (Klug vd 2011, Abdul-Muneer 2014)



Şekil 2.5. Tekrarlanan DNA dizilerinin çeşitli sınıflarının bir özeti (Klug vd 2011)

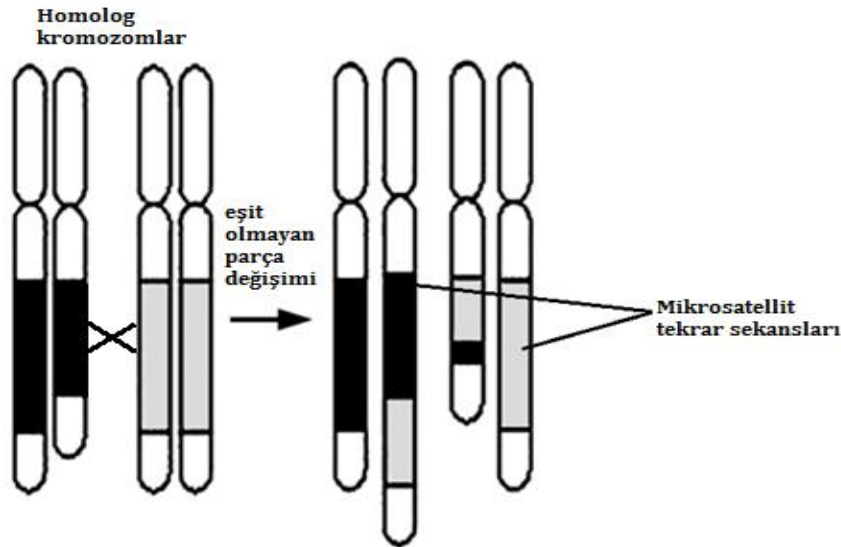
Mikrosatellitler ise tüm ökaryotik genomda intron ve ekzon bölgelerinde bulunabilen, genellikle 1-6 bç uzunluęunda, deęişken sayılarda (5-100 kez arası) tekrar eden kısa DNA parçalarıdır. Mikrosatellitler *Kısa Ardışık Tekrarlar* (Short Tandem Repeats, STR) ya da *Basit Dizi Tekrarları* (Simple Sequence Repeats, SSR) olarak da adlandırılmaktadır (Liu ve Cordes 2004, Kaya 2008, Arif ve Khan 2009, Arif vd 2010).

Mikrosatellitler genomun % 3'nü oluşturan ve genellikle mono (tekli), di (ikili), tri (üçlü), tetra (dörtlü), penta (beşli) ya da hekza (altılı) şeklinde tekrar eden nükleotidlerden oluşan tekrar birimleridir. Memeli genomunda en fazla bulunan $(CA)_n$ motifidir ve buradaki n tekrar sayısını göstermektedir. $(CA)_n$ motifinden sonra frekansı en fazla olan dinükleotidler sırasıyla $(AT)_n$, $(GA)_n$ ve $(GC)_n$ ' dir. Tekrar birimlerinin sağdaki ve solundaki bölgelere flanking bölgesi denilmektedir. Mikrosatellit polimorfizmini belirlemek için tekrar bölgesinin PCR ile çoğaltılmasında flanking bölgesinin bilinmesi ve bu bölgelere uygun primer sentezlenmesi gerekmektedir (Schlötterer ve Harr 2001, Arif vd 2010, Klug vd 2011, Abdul-Muneer 2014).



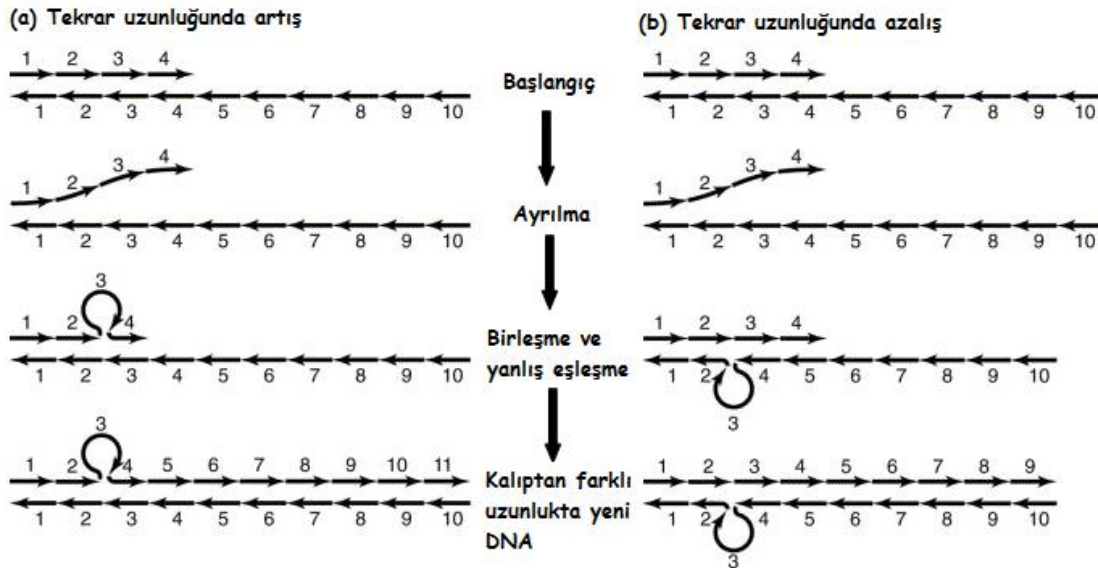
Şekil 2.6. Çeşitli mikrosatellit tekrar motifleri

Mikrosatellitler yüksek derecede polimorfiktir ve bu polimorfizminin temelinde tekrar sayılarındaki farklılıklar vardır. Oluşan bu farklılıklar yani yüksek derecedeki polimorfizm mikrosatellit bölgelerindeki yüksek mutasyon oranından kaynaklanmaktadır. Mikrosatellitlerde her generasyonda lokus başına mutasyon oranı 10^{-3} - 10^{-4} arasında değişmektedir. Tüm genomda olduğu gibi mikrosatellit lokuslarda da mutasyona neden olan birçok faktör vardır. Ancak mikrosatellit lokuslarda iki önemli mekanizmanın mutasyon oluşumuna daha çok neden olduğu bildirilmiştir. Bunlardan birincisi krossing-over sırasında eşit olmayan parça değişimi sonucu oluşan yeni kombinasyonlar (Unequal Crossing Over, UCA) diğeri ise replikasyon sırasındaki DNA eksen kayması (slippage) ya da diğeri bir ismi ile replikasyon kaymasıdır. Mikrosatellit mutasyonlarının meydana gelmesinde slippage mekanizmasının eşit olmayan parça değişimine göre daha etkili olduğu düşünülmektedir (Beuzen vd 2000, Schlotterer ve Harr 2001, Korkmaz Ağaoglu ve Ertuğrul 2010, Joukhadar ve Jighly 2012).



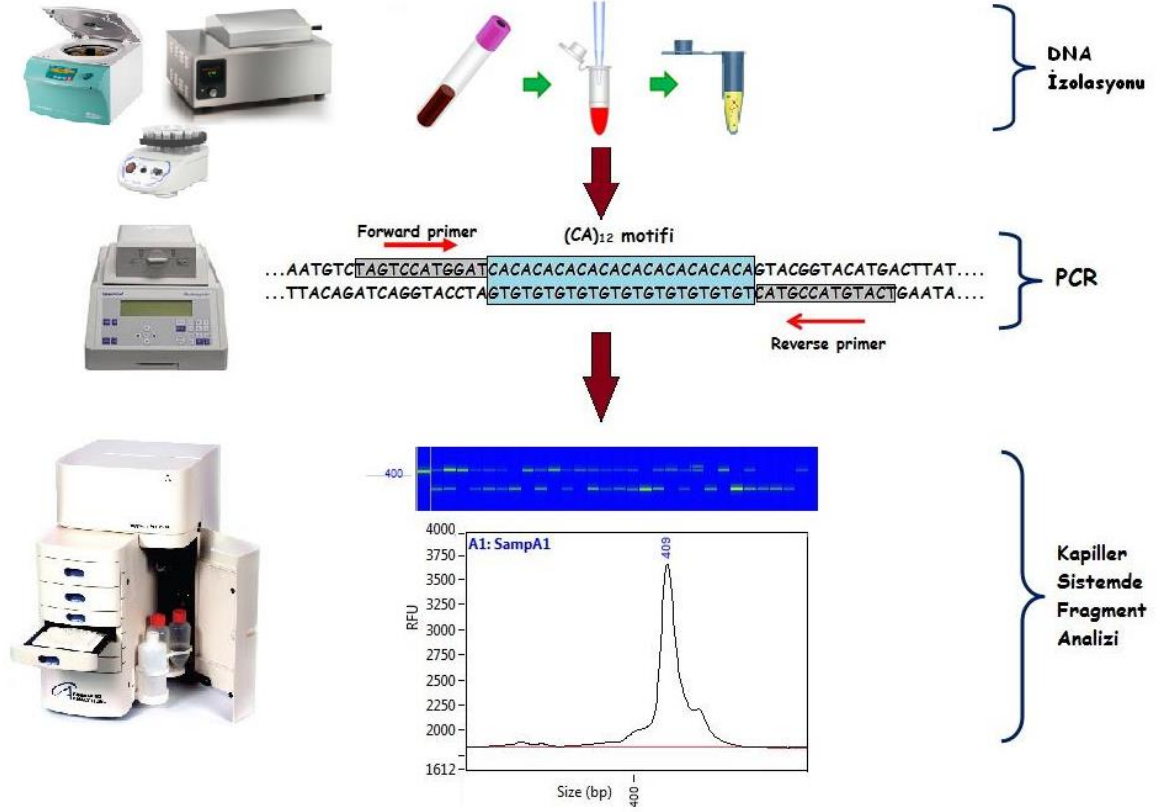
Şekil 2.7. Homolog kromozomlar arasında eşit olmayan parça değişimi (Jain vd 2014)

Replikasyon kayması (Replication Slippage) DNA'nın replikasyonu sırasında DNA iplikçiklerinin ayrılmasından sonra yeni zincirin sentezlenmesi esnasında mikrosatellitlerin tekrarlı yapısından dolayı tekrar bölgelerini içeren kısımların yanlışlıkla eşleşerek bir ilmik yapısı oluşturması, DNA polimerazında bu ilmik yapısındaki nükleotidleri göremeyerek yeni zincirde bir delesyonun oluşmasıdır. Yani, oluşan yeni DNA iplikçığında kalıp DNA'ya göre bir ya da birkaç tekrar motifinin eksilmesidir. Ancak bu durumun terside mümkündür. DNA polimeraz kalıp zincirde bulunmayan nükleotidleri tekrar tekrar yerleştirerek yeni sentezlenen zincirde eşleşmeyen ilmik oluşturacak şekilde bir ya da daha fazla sayıda nükleotidin insersiyonuna neden olabilir. Bu durumda yeni sentezlenen DNA zincirinde bir ya da birkaç tekrar motifi fazla olabilir. Özetle, DNA replikasyonu tamamlandığında yeni oluşan DNA iplikçığında kayıplar ya da artışlar olabilir. Mikrosatellit lokuslarda replikasyon kaymasının yoğun olmasının nedeni tekrar bölgelerinin doğasından ve DNA polimeraz enziminin aktivitesinin zayıf olmasından kaynaklıdır. Normalde DNA replikasyonu sırasındaki yanlış eşleşmeler DNA polimerazın hata okuma yeteneği sayesinde yanlış eşleşme tamir mekanizmaları (Mismatch Repair System) tarafından düzenlenir. Ancak bu durumda bile küçük bir kısım mutasyon olarak kalabilir. Ökaryot ya da prokaryotlardan pürifiye edilen enzimlerin kullanıldığı in vitro denemeler kayma için gerekli tek enzimatif aktivitenin DNA Polimeraz olduğu gösterilmiştir (Schlotterer ve Harr 2001, Ellegren 2004, Klug vd 2011).



Şekil 2.8. Replikasyon kayması ile mikrosatellit mutasyon modeli (Ellegren 2000)

Mikrosatellit marker yöntemi herhangi bir lokusta tekrar birimlerini içeren bölgenin PCR ile çoğaltılması, daha sonra bu çoğaltılan PCR ürünlerinin elektroforetik ayırımına dayanmaktadır. PCR ile çoğaltılan tekrar birimlerinin büyüklüklerinin belirlenmesinde geçmiş yıllarda yoğunlukla poliakrilamid jel kullanılırken (Andrew Symons vd 2000, Canon vd 2001), günümüzde daha çok kapiller sistemler (Yılmaz vd 2014, Ceccobelli vd 2015) kullanılmaktadır. Kapiller sistemlerin maliyeti poliakrilamid jele göre yüksektir. Ancak uygulamada sağladıkları kolaylıklar ve güvenilirliklerinin yüksek olması gibi nedenlerden ötürü tercih edilmektedir.



Şekil 2.9. Mikrosatellit DNA marker yöntemi

Mikrosatellit marker yöntemi günümüzde çiftlik hayvanlarında genetik kaynakların korunması ve ıslah çalışmaları için genetik varyasyonun belirlenmesinde (Zanetti vd 2010), ırklar ya da akrabalı yetiştirilmiş hatlar arasındaki filogenetik ilişkinin tespitinde (Tadano vd 2012, Ceccobelli vd 2015), MAS çalışmaları için ekonomik önemi olan çeşitli verimler ve bazı hastalıklara dirençli lokusların belirlenmesinde (Minvielle vd 2005, Hako Touko vd 2013) ve ebeveyn tespitinde (Özşensoy vd 2014) yoğun olarak kullanılmaktadır. Diğer marker yöntemleriyle kıyaslandığında mikrosatellit markerlerin çiftlik hayvanlarında bu kadar yoğun kullanım alanı bulmasının nedeni bazı üstünlüklerinin olmasıdır. Bunlar kısaca aşağıdaki şekilde özetlenebilir;

- 1- Yöntemin uygulanması için çok düşük miktarlarda DNA örneği (10 ng) yeterlidir. Özellikle ebeveyn testleri ve adli vakalarda çok az miktarlarda örneklerden (bir saç teli ya da tükrük gibi) elde edilen DNA bile yeterlidir.
- 2- Mikrosatellitler ko-dominant markerlerdir. Bu özellikleri sayesinde homozigot veya heterozigot bireyler tespit edilebilir. RAPD ya da polimorfizm düzeyi çok daha yüksek olan AFLP gibi dominant marker yöntemlerinin eksikliklerine göre bu bakımdan avantajlıdır.
- 3- Yüksek derecede polimorfiktir. Heterozigotluk oranı başka ko-dominant marker yöntemi olan restriksiyon parça uzunluk polimorfizmine (RFLP) göre 7-10 kat daha fazladır. En yakın türler ya da populasyonlar arasında ya da akrabalı yetiştirilmiş populasyonlar içinde dahi genetik varyasyon tespit edilebilir.

- 4- Genom boyunca bol miktarda dağılmış olmaları ekonomik önemi olan çeşitli verimlerle bağlantılı kantitatif karakter lokuslarının (QTL) belirlenmesinde ve belirlenen bu lokusların aday gen yaklaşımı ile marker destekli seleksiyonda (MAS) kullanılmasına olanak verir.
- 5- Tekrarlanabilirliği çok yüksektir. RAPD ve AFLP gibi marker yöntemlerinin aksine laboratuvar koşullarına, araştırmacıya bağlı olarak her denemede değişik sonuçlar elde edilmez. Bu da yöntemin güvenilirliğini arttırmaktadır.
- 6- Farklı jel koşullarına uygun olmakla birlikte kapiller sistemlerle otomasyona uygundur.
- 7- Multipleks PCR ya da tek tek yapılan PCR ürünlerinin kapiller sistemde birleştirilerek multipleks fragment analizi sayesinde iş gücünden ve maliyetlerden tasarruf edilebilir.

Yukarıda belirtilen avantajları yanı sıra mikrosatellit markerlerin gösterilebilecek dezavantajı; yeni mikrosatellit lokusların belirlenmesinde primer dizaynı için tekrarlı bölgelerin sağındaki ve solundaki flanking bölgelerinin bilinmesi zorunluluğudur. Bu da DNA dizi analizi ile mümkündür.

2.4. Kaynak Taramaları

Günümüzde çiftlik hayvanlarında tür, ırk ya da hat düzeyinde genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve bunlar arasındaki filogenetik ilişkinin ortaya çıkarılmasında mikrosatellit marker yöntemi oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır. Son 15 yıl içerisinde mikrosatellit marker yöntemi kullanılarak çiftlik hayvanlarında genetik varyasyonun belirlenmesine yönelik çok sayıda çalışma yapılmıştır. Bu bölümde, değişik çiftlik hayvanlarında mikrosatellit markerler kullanılarak yapılan birkaç çalışma hakkında bilgi verildikten sonra yerel tavuk ırklarında ve özellikle ticari tavuk hatlarında yapılan genetik varyasyon çalışmaları belli bir bütünlük içerisinde özetlenmeye çalışılmıştır.

Acosta vd (2013) beş Küba sığır ırkında (Siboney de Cuba, Criollo Cubano, Cebu Cubano, Mambi de Cuba ve Taino de Cuba) 30 mikrosatellit lokus kullanarak yaptıkları çalışmada tüm mikrosatellit markerlerin yüksek derecede polimorfik olduğunu göstermişlerdir. Irklarda beklenen heterozigotluğun 0.67-0.75 aralığında, gözlenen heterozigotluğun ise 0.66-0.73 aralığında değiştiğini tespit etmişlerdir. Sonuç olarak çalışılan ırklarda önemli derecede genetik varyasyon olduğunu ve Siboney de Cuba ile Mambi de Cuba ırklarının diğer ırklara nazaran filogenetik olarak daha yakın olduklarını bildirmişlerdir.

Khanshour vd (2013) değişik coğrafyalarda (İran, Suudi Arabistan, Suriye, Macaristan, Polonya ve Amerika) yetiştirilen 7 farklı Arap atı populasyonundan 682 örnekte 15 mikrosatellit lokus kullanarak genetik yapıyı incelemişlerdir. Ortadoğu populasyonları içinde batı populasyonlarına kıyasla daha yüksek genetik varyasyon belirlenmiştir. Ortadoğu populasyonlarında genetik farklılaşma önemli değilken Amerika populasyonlarının Ortadoğu populasyonlarından önemli derecede farklılaştığını bildirmişlerdir.

Mahmoudi vd (2014) altı İran keçi ırkından 299 örnekte 13 mikrosatellit lokus kullanarak yaptıkları araştırmada polimorfik bilgi içeriği (PIC) ortalamasının 0.74, ortalama heterozigotluğun 0.80 olduğunu bildirmişlerdir. Yapılan filogenetik analizler sonucu incelenen altı ırkın iki ana kümede toplandığını tespit etmişlerdir. Yapılan darboğaz (bottleneck) testi sonucunda altı ırktan ikisinin (Tali, Markhoz) geçmişte bir darboğaza maruz kaldığını bildirmişlerdir. Mikrosatellit markerlerin popülasyonda mevcut genetik varyasyonun belirlenmesinde olduğu kadar popülasyonların geçmişi hakkında da önemli bilgiler verdiği belirtilmiştir.

Ceccobelli vd (2015) üç İtalya (Cornigliese, Bergamasca, Appenninica), bir İspanya (Spanish Merino) yerel koyun ırkında 27 mikrosatellit lokus kullanarak yaptıkları çalışmada toplam 344 allel belirlemiştir. Lokus başına ortalama allel sayısının 11.9, PIC değerinin ise 0.65 olduğu bildirilmiştir. Beklenen heterozigotluğun 0.68-0.77 aralığında değiştiği, yapılan kümeleme analizi sonucu Cornigliese ırkının Bergamasca ve İspanyol Merinos ırkı ile ilişkili olduğu ve bu ırklar arasında geçmişte gen akışı yaşandığı bildirilmiştir. Araştırmacılar yapılan çalışmadan elde edilen sonuçların bu yönde olan tarihsel yazılı kayıtları doğruladığını, moleküler çalışmaların popülasyonların geçmişi hakkında doğru ve yararlı bilgiler verdiğini bildirmişlerdir.

Pang vd (1999) tavuklarda kullanılan 48 mikrosatellit primer ile Japon bıldırcınlarında genetik varyasyonu değerlendirmişlerdir. Çalışılan 48 primerden 11 tanesi PCR ürünü vermiştir. Bu 11 lokustan ise 8 tanesinin polimorfik olduğu, diğer üç tanesinin ise monomorf olduğu bildirilmiştir. Başka bir araştırma grubu ise 520 adet tavuk mikrosatellit primerini hindilerde denemiş ve bunlardan 57 tanesinin PCR ürünü verdiği ve çalışılan 57 lokusun 20 tanesinin hindilerde polimorfik olduğu bildirilmiştir (Reed vd 2000). Benzer şekilde Mukesh vd (2011) Hindistan'da yetiştiriciliği yapılan üç farklı ördek popülasyonunda (Assam, West Bengal ve Uttarakhand) 30 tavuk mikrosatellit lokusu kullanarak genetik varyasyonu belirlemeye çalışmışlardır. Araştırmada kullanılan 30 lokustan 23'ü PCR'da başarı ile çoğaltılmış, bunlardan 17 tanesinin ise polimorfik olduğu saptanmıştır. Araştırmacılar yerli ördek popülasyonlarında tüm lokuslarda gözlenen heterozigotlukların birbirine yakın ve yüksek olduğunu, lokuslardaki polimorfik bilgi içeriğinin (PIC) 0.43-0.92 aralığında değiştiğini, PIC ortalamasının ise 0.68 olduğunu bildirmişlerdir. Polimorfik olan 17 lokusun 14'ünde PIC değeri 0.5'den yüksek bulunmuştur. Araştırmacılar elde edilen heterozigotluk ve PIC değerlerine dayanarak tavuklarda kullanılan bu lokusların ördek popülasyonlarında genetik varyasyonun belirlenmesinde güvenle kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Yukarıdaki çalışmalar tavuk mikrosatellit markerlerin yakın türler arasında da kullanılabileceğini göstermektedir.

Türkiye'de yerli tavuk ırklarında genetik çeşitliliğin gösterilmesi ya da popülasyonlar arasındaki ilişkinin belirlenmesi için moleküler markerler kullanılarak yapılan çalışma sayısı oldukça azdır. Kaya ve Yıldız (2008) Denizli ve Gerze ırklarında 10 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Araştırmacılar yaptıkları çalışmada toplam 125 allelin tespit edildiğini, lokus başına allel sayısının 7.5 olduğunu, beklenen heterozigotluğun 0.665, PIC değerinin ise 0.610 olduğunu bildirmişlerdir. Beklenen heterozigotluğun Denizli ırkında (0.656) Gerze ırkından (0.475) daha yüksek çıktığı çalışma sonuçlarına göre, Denizli ve Gerze ırklarının yüksek genetik çeşitlilik gösterdiği, mikrosatellit lokusların genetik varyasyonun

belirlenmesinde ve koruma stratejilerinin geliştirilmesinde önemli olduğu vurgulanmıştır.

Tavuk populasyonlarında mikrosatellit markerler ile yapılan en kapsamlı çalışmalardan birisi Hillel vd (2003) tarafından 52 tavuk populasyonunda 22 dinükleotid mikrosatellit marker kullanılarak yapılan araştırmadır. Avrupa Komisyonu tarafından desteklenen ve 8 laboratuvarın işbirliği ile gerçekleştirilen çalışmada çoğu Avrupa olmak üzere değişik kıta ve ülkelerden seçilen ve farklı yetiştirme geçmişi olan (yabani ırklar, yerel ırklar, etlik piliç hatları, kahverengi ve beyaz yumurtacı hatlar) populasyonlarda genetik yapı incelenmiştir. Polimorfizm ölçümleri sonucu genetik varyasyonun en düşük olduğu populasyon Çek Cumhuriyetindeki melez C hattı, en yüksek olduğu populasyonun ise Tayland'daki yabani bir populasyon olan *Gallus gallus spadiceus* olduğu bildirilmiştir. Populasyonlarda elde edilen lokus başına allel sayısı 1.3 ile 5.2 aralığında değişirken ortalama allel sayısı 3.5 olarak tespit edilmiştir. Populasyonlarda genetik çeşitlilik 0.05 ile 0.64 aralığında, tüm populasyonların ortalaması ise 0.47 olarak hesaplanmıştır. Polimorfik marker oranı populasyonlarda 0.25 ile 1.00 aralığında değişirken, populasyonların tümünün ortalaması 0.91 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar 52 populasyonu yetiştirme şekline göre sınıflandırmış ve çeşitli polimorfizm değerleri bildirmişlerdir. Buna göre; yabani, seleksiyon uygulanmamış yerli, morfolojik olarak seleksiyon uygulanmış, yumurtacı ana-baba hatları, etlik piliç ana-baba hatları ve hibrit populasyonlarda lokus başına allel sayısı sırasıyla, 4.8, 4.1, 3.5, 3.4, 3.6 ve 1.3 olarak belirtilmiştir. Sınıflandırılan populasyonlarda tüm markerlerdeki genetik çeşitlilik ortalaması sırasıyla 0.62, 0.56, 0.46, 0.45, 0.57 ve 0.05 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar çalışmadan elde ettikleri sonuçlara dayanarak seleksiyon uygulanmayan populasyonlarda seleksiyon uygulanan populasyonlara göre daha yüksek genetik varyasyon olduğu sonucuna ulaşmışlardır. Araştırmacılar etçi tavuk hatları ile yumurtacı tavuk hatlarında genetik varyasyon benzer olmakla beraber etçilerde çok az daha yüksek olduğunu, yumurtacı hatlar içinde genetik varyasyonun kahverengi yumurtacılar beyaz yumurtacılar göre biraz daha fazla olduğunu bildirmişlerdir. Benzer şekilde beyaz yumurtacı populasyonlar içinde Beyaz Leghorn populasyonlarında genetik varyasyon diğer beyaz yumurtacı populasyonlara göre daha düşük düzeyde bulunmuştur. Sonuç olarak araştırmacılar, araştırmadan elde edilen verilerin genel olarak bu populasyonların geçmişi (tarihi) ile ilgili daha önce yapılan bilimsel çalışmalardan elde edilen verilerle uyumlu olduğunu ve son yıllarda ticari tavuk yetiştiricilerinin özellikle beyaz yumurtacılar genetik varyasyonun azalması ile kaygılarında haklı olduklarını bildirmişlerdir.

Cuc vd (2006) tarafından Kuzey Vietnam'da yetiştirilen yerel bir ırk olan H'mong tavuklarında üç farklı populasyondan (Pehieng Cam, Chieng Chan, Chieng Noi) alınan 36 örnekte 29 mikrosatellit marker kullanarak genetik yapı araştırılmıştır. Toplam 186 allelin tespit edildiği çalışmada tüm populasyonlarda lokus başına allel sayısı 6.41, Pehieng Cam, Chieng Chan, Chieng Noi populasyonlarında sırasıyla gözlenen heterozigotluk 0.60, 0.59, 0.66, beklenen heterozigotluklar ise 0.65, 0.62, 0.66 olarak bildirilmiştir. Sonuç olarak tüm populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu, en küçük ikişerli F_{ST} değerinin elde edildiği Pehieng Cam ve Chieng Noi populasyonlarının Cheing Chan populasyonuna göre daha yakın olduğu tespit edilmiştir.

Rajkumar vd (2007) 8 populyasyondan (Dahlem Red, Rhode Island Red, White Leghorn-IWD, White Leghorn-IWF, Bobcock, Vencobb, Aseel ve tanımsız bir ırk) 212 tavukta genetik varyasyonu FAO'nun tavuklarda genetik varyasyonun gösterilmesinde önerdiği 3 di-nükleotid mikrosatellit marker ile araştırmışlardır. Çalışmada lokus başına elde edilen allel ortalamasının 16.6 olduğu, elde edilen toplam 50 allelin 21'inin ADL0136, 11'inin ADL0158 ve 18'inin ADL0176 lokusunda olduğu bildirilmiştir. Araştırmada ortalama allel sayısı en düşük WLH-IWD ırkında 4.33 ± 0.59 en yüksek Aseel ırkında 9.00 ± 1.06 tespit edilmiştir. Tüm populyasyonlarda ise lokus başına düşen ortalama allel sayısının 6.46 ± 0.57 olduğu bildirilmiştir. Çalışmada en yüksek akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerleri Aseel (0.48) ırkı ile Rhode Island Red (0.32) ve Dahlem Red (0.24) saf hatlarında elde edilmiştir. Bu veriler aslında Rhode Island Red ve Dahlem Red hatlarının uzun süre boyunca seleksiyon altında olduğu gerçeğini doğrulamaktadır. Araştırmacılar, şaşırtıcı olarak en yüksek değerini Aseel ırkında çıkmasını örneklerinin kapalı olarak yetiştirilen tek sürüden alınmasına ve bu sürüdeki horoz sayısının çok az olmasına bağlamışlardır.

Muchadeyi vd (2007) Zimbabve'nin beş farklı ekolojik bölgesinde yetiştirilen köy tavukları ($n = 238$) ile Malawi ($n = 60$), Sudan ($n = 48$) ve altı saf hattın ($n = 180$) oluşan toplam 13 populyasyonda genetik yapıyı 29 mikrosatellit lokus kullanarak araştırmıştır. 13 populyasyonda 280 allel elde edilmiş ve bunlardan 58 tanesinin Zimbabve tavuk ekotipleri için özgün olduğu tespit edilmiştir. Araştırmacılar tarafından Zimbabve tavuk ırklarında özgün allel sayısının çok olmasından dolayı bu ırkların genetik çeşitlilik için bir kaynak olarak değerlendirilebileceği bildirilmiştir. Araştırmacılar yaptıkları filogeni ve Structure analizi sonucu beş değişik ekolojik bölgede yetiştirilen Zimbabve tavuklarının Sudan, Malawi ve saf hatlardan farklı bir küme oluşturup ayrıldığını ancak kendi içlerinde ayrılmadıklarını raporlamışlardır. Muchadeyi vd (2007) elde ettikleri sonuçlara dayanarak, tavuklar farklı ekolojik bölgelerde uzun süre yetiştirildiğinde farklı kümelerle ayrılır hipotezini doğrulamamıştır. Araştırmacılar tarafından beyaz ve kahverengi yumurtacı saf hatlarda lokus başına düşen allel sayısının benzer olduğu (2.9), etçi saf hatlarda ise daha yüksek (4.3) olduğu bildirilmiştir. Benzer olarak etçi hatlarda beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerinin (0.58, 0.56) kahverengi (0.40, 0.39) ve beyaz yumurtacı (0.34, 0.32) hatlardan yüksek olduğunu tespit etmişlerdir.

Granevitze vd (2007) farklı kıtalardan farklı yetiştirme tarihi olan [seleksiyon uygulananlar (beyaz, kahverengi yumurtacı saf hatlar ve etçi saf hatlar), standart ırklar (bir standart için seleksiyon uygulanan Çin, Avrupa, Asya kökenli ırklar), herhangi bir yetiştirme sistemi ya da seleksiyon uygulanmayan yabani ırklar, koruma altındaki ırklar] 64 populyasyondan 1970 tavukta 29 otozomal mikrosatellit marker kullanarak genetik yapıyı değerlendirmişlerdir. Populyasyonlar içindeki gözlenen heterozigotluk değeri 0.20-0.64 aralığında değiştiği ve tüm populyasyonlarda gözlenen heterozigotluk ortalamasının 0.46 olduğu bildirilmiştir. En yüksek ortalama gözlenen heterozigotluk frekanslarının bir Çin ırkı olan Dagu tavuklarında (0.64) ve kırmızı orman tavuğunda (*Gallus gallus gallus*) (0.63) en düşük ise referans populyasyon olarak kullanılan hibrit C (0.05) populyasyonunda tespit edildiği bildirilmiştir. 18 populyasyonda 20 lokusta toplam 32 özgün allel olduğu, en fazla özgün allelin 5 allel ile Vietnam tavuk ırkı olan H'mong tavuklarında tespit edildiği, bunu dört özgün allel ile kırmızı orman tavuğunun takip ettiği bildirilmiştir. Populyasyonlar içindeki genetik çeşitlilik Avrupa (küçük) ırklarında

düşük olduğu, ticari olmayan Asya ırklarında ise yüksek olduğu bunun da popülasyonların yetiştirilme geçmişi ile uyumlu olduğu belirtilmiştir. Uzun süre seleksiyona uğrayan dört kahverengi yumurtacı hatta gözlenen allel sayısı, gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 3.24, 0.46, 0.50; beyaz yumurtacılar da sırasıyla 2.96, 0.35, 0.40; etçi saf hatlarda ise sırasıyla 4.02, 0.56, 0.58 olarak raporlanmıştır. Yetiştirme tarzına göre popülasyonları sınıflandırarak yapılan değerlendirmeler sonucu herhangi bir yetiştirme sistemi ya da seleksiyon uygulanmayan yabani ırklar, koruma altındaki ırklar, seleksiyon uygulananlar ve bir özellik için seleksiyon uygulanan standart ırklarda lokus başına allel sayısı sırasıyla 5.46, 4.21, 3.52, 3.17; gözlenen heterozigotluk 0.58, 0.54, 0.49, 0.41; beklenen heterozigotluk ise 0.62, 0.56, 0.52, 0.48 olarak raporlanmıştır. Araştırmacılar daha önceki çalışmalara benzer olarak etçi saf hatlarda genetik varyasyonun yumurtacı saf hatlara göre yüksek olduğunu, yumurtacı saf hatlar içinde ise kahverengi yumurtacılar beyaz yumurtacı saf hatlara göre yüksek olduğunu belirtmiştir. Bu durumun dünyada Beyaz Leghorn'ların beyaz yumurta üretiminde baskın ırk haline gelmesinden ve Leghorn'ların genetik kökenlerinde kahverengi yumurtacılar kadar çok ırk olmamasından kaynaklanabileceğini belirtmiştir.

Bodzsar vd (2009) tarafından Macaristan'da üç farklı enstitü tarafından korunan 6 yerel tavuk ırkında genetik çeşitlilik 28 mikrosatellit marker ile incelenerek bazı Avrupa ırkları ve ticari hatlarla kıyaslanmıştır. Yapılan analizler sonucunda toplam genetik varyasyonun % 22'sinin Macar ırkları arasındaki varyasyondan kaynaklandığı raporlanmıştır. Ayrıca Structure analiz sonuçlarına göre Macar popülasyonları ayrı kümelerde yer almıştır. Bu sonuçlara göre araştırmacılar Macar popülasyonlarının genetik çeşitliliğe büyük katkı yaptığını ve koruma çalışmalarının devam etmesi gerektiğini önermişlerdir.

Zanetti vd (2010) İtalya'da koruma kapsamında bulunan 6 yerli tavuk ırkında (Ermellinata di Rovigo, Robusta Maculata, Robusta Lionata, Pepoi, Padovana, ve Polverara) ve referans olarak kullanılan bir melez yumurtacı popülasyonda toplam 337 bireyde 20 mikrosatellit marker kullanarak genetik varyasyonu belirlemiştir. Çalışmada toplam 120 allel tespit edilmiş ve lokus başına ortalama allel sayısı 5.6 ± 2.1 , ortalama PIC değeri 0.546 olarak bildirilmiştir. Yerli ırklarda ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotlukların sırasıyla 0.240-0.413 ve 0.243-0.413 aralıklarında değiştiği raporlanmıştır. Beş yerel ırkta ve melez popülasyonda Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlenmiştir. Tüm popülasyonlardaki heterozigot eksikliği (F_{IT}) 0.427, akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) 0.097 ve genetik farklılaşma katsayısının (F_{ST}) 0.437 olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar koruma önceliklerini belirlemek için Caballero ve Toro (2002) metodu ile her bir ırkın genetik çeşitliliğe katkısını belirlemiştir. Analiz sonuçlarına göre veri setinden bir ırkın çıkarılmasıyla toplam genetik varyasyondaki kazanç ya da kayıp Padovana ırkında +%1.34 ile Ermellinata di Rovigo ırkında -% 4.23 arasında değişmiştir. İrklar arasında en yüksek genetik çeşitlilik kazancı Polverara ırkında +% 3.48 diğer yandan ırklar içinde en yüksek genetik çeşitlilik kaybı Polverara ırkında -% 6.78 ile olmuştur.

Mtileni vd (2011) Güney Afrika'da üç köy tavuğu popülasyonu ile koruma altındaki dört popülasyonda 29 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmiş ve elde edilen verileri referans olarak kullanılan saf hatlardaki

varyasyonla kıyaslamıştır. Köy populasyonlarında lokus başına ortalama allel sayısı, gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 6.10, 0.63, 0.68, korunan populasyonlarda ise 3.98, 0.55, 0.56 olduğu bildirilmiştir. Yapılan polimorfizm ve Structure analizi sonuçlarına göre araştırmacılar koruma altındaki populasyonlar arasında önemli genetik varyasyon olduğunu ancak bunun köy tavuklarından farklı olduğunu bildirmişlerdir. Koruma altındaki sürülerin köy tavuklarını kısmen temsil ettiğini ve koruma altındaki sürülere köylerde yetiştirilen tavuklardan yeni bireyler dahil edilmesi gerektiğini önermişlerdir.

Wilkinson vd (2011) çoğu İngiliz ırkı olan 24 tavuk populasyondan 685 bireyde genetik çeşitliliği 30 mikrosatellit lokus kullanarak değerlendirmiş ve bazı Avrupa ırkları ile kıyaslamışlardır. Çalışmada elde edilen allel sayısı 239, lokus başına ortalama allel sayısı 7.97 olarak bildirilmiştir. En az allel sayısı 2 allel ile MCW0103, MCW0284, MCW0098 lokuslarında en çok ise 24 allel ile LEI0092 lokusunda elde edilmiştir. Irkların Avrupa tavuk ırklarına benzer olarak yüksek derecede farklılaştığı (F_{ST} 0.25) bildirilmiştir. Araştırmacılar çalışmadaki 24 ırkın çoğunun heterozigot eksikliğinden dolayı (ortalama F_{IS} 0.20) Hardy-Weinberg dengesinden saptığını tespit etmişlerdir. Araştırmacılar tarafından heterozigot eksikliğinin nedeninin büyük olasılıkla Wahlund etkisi ya da örnekleme ile ilişkili olabileceği bildirilmiş ve genetik çeşitliliğin düşük seviyelerde olduğu hassas ırkların korunmasını gerektiği önerilmiştir.

Bianchi vd (2011) İtalyan yerli ırkları olan Ancona ve Livorno ırklarında ve dış grup olarak kullanılan Fransız Sasso ırklarında 30 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği incelemişlerdir. Çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk sırasıyla 0.46, 0.53 olarak, akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) Ancona ırkında 0.251, Livorno ırkında 0.086 olarak tespit edilmiştir. Araştırmacılar özetle, çalışılan yerli tavuk ırklarında genetik çeşitlilikte kayıp olduğunu bildirmişlerdir.

Yukarıda özetlenen çalışmaları arttırmak mümkündür. Ancak bu bölümde bu tez çalışmasının da konusunu oluşturan saf tavuk hatları üzerinde yapılan çalışmalar özetlenmeye çalışılmıştır.

Vanhala vd (1998) üç White Leghorn hibrit, üç Finnish Landrace saf hat, bir Rhode Island Red saf hat ve bir broyler hibrit hattından oluşan toplam sekiz tavuk populasyonunda dokuz mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği ve populasyonlar arası genetik mesafeyi incelemişlerdir. İncelenen tüm mikrosatellit lokusların polimorfik olduğu ve lokus başına allel sayısının 4 ile 13 arasında değiştiği bildirilmiştir. Hat başına ortalama heterozigotluk en yüksek 0.67 ile broyler populasyonunda en düşük ise 0.29 ile Finlandiya Makela Ltd. şirketine ait Beyaz Leghorn hattında bulunmuştur. Bazı populasyonlarda üç mikrosatellit lokusun Hardy-Weinberg dengesinden saptığı gözlenmiştir. Finnish Landrace hatlarının ikisinde (FJ ve FK) ortalama heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.304 ve 0.359 olarak düşük seviyelerde, diğer Finnish Landrace hattı olan FS'de ise yüksek seviyede (0.613) olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar genetik varyasyondaki bu azalmanın nedeninin küçük populasyon büyüklüklerinden dolayı yaşanan genetik drift/sürüklenme olabileceğini söylemişlerdir. FS hattının yetiştirildiği populasyon büyüklüğü FJ ve FK hatlarından daha büyük bulunmuştur.

Zhou ve Lamont (1999) Leghorn, Jungle Fowl, Fayoumi ve Spanish ırklarından elde edilen 23 melez tavuk hattında 42 mikrosatellit lokus kullanarak yaptıkları çalışmada 41 lokusun polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Lokuslarda elde edilen allel sayısının 1-6 aralığında değiştiğini, allel genişliğinin en düşük 2 bç ile ADL0118 lokusunda (161-163 bç), en geniş ise 52 bç ile LEI0121 lokusunda (262-314 bç) olduğunu göstermişlerdir. Araştırmacılar yapılan filogenetik analiz sonrası 23 tavuk hattının kökenlerine uygun olarak dört farklı kümede toplandığını, çalışmadan elde edilen sonuçlar ışığında kendi içerisinde yetiştirilmiş tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde ve kökenlerinin tespitinde mikrosatellit lokuslarının kullanımının doğru ve güvenli olduğunu bildirmişlerdir. Kaiser vd (2000) tarafından iki etlik piliç popülasyonunda 59 mikrosatellit lokus ile yapılan benzer bir çalışmada 57 lokus PCR'da başarı ile çoğaltılmıştır. Bu lokusların % 98'inin polimorfik olduğu ve uzun süre seleksiyon yapılmış tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin gösterilmesinde ve haritalama çalışmalarında başarı ile kullanılabileceği bildirilmiştir.

Tadano vd (2007a) tarafından dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkı (Shoukoku, Koeyoshi, Kurokashiwa, Minohiki, Ohiki, Onagadori, Satsumadori, Toumaru ve Toutenkou) ile 2 ticari hatta genetik varyasyon (Beyaz Leghorn ve Beyaz Plymouth Rock) 40 mikrosatellit marker kullanılarak incelenmiştir. Beyaz Leghorn hattında lokus başına allel sayısı 2.98, gözlenen heterozigotluk 0.471 ve beklenen heterozigotluk 0.469 olarak bildirilmiştir. Beyaz Plymouth Rock hattında ise lokus başına allel sayısının 3.00, gözlenen ve beklenen heterozigotluğun 0.472 olduğu bildirilmiştir. Yapılan analizler sonucunda genetik varyasyonun % 38'inin ırklar arasındaki farklılıktan, % 62'sinin bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı tespit edilmiştir. Filogenetik analizler sonucunda Beyaz Leghorn ve Beyaz Plymouth Rock birlikte diğer Japon ırklarından farklı bir kümede yer almıştır. Uzun kuyruklu Japon ırkları arasında Toumaru, Kurokashiwa ve Koeyoshi ırkları diğer ırklarından daha uzak mesafede yer almıştır. Araştırmacılar elde ettikleri sonuçlara göre Beyaz Leghorn ve Beyaz Plymouth Rock hattında orta seviyelerde genetik varyasyon olduğunu bildirmişlerdir.

Tadano vd (2007b) 12 ticari tavuk hattında 40 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmiştir. 12 hatta toplam 268 allelin tespit edildiği çalışmada 42 allelin (%15.7) bir hat için özgün olduğu bildirilmiştir. Ortalama gözlenen heterozigotluk en düşük 0.295 ile New Hampshire Red hattında, en yüksek 0.664 ile broyler ana hattı olan Beyaz Plymouth Rock A hattında elde edilmiştir. Araştırmacılar Rhode Island Red A ve B hatlarında gözlenen heterozigotlukları sırasıyla 0.607, 0.480 beklenen heterozigotlukları ise sırasıyla 0.583, 0.473 olarak tespit etmişlerdir. Kahverengi yumurtacılardan RIR A hattında ortalama allel sayısı, özgün allel sayısı, PIC ve F_{IS} , değerleri sırasıyla 4.25, 7, 0.523, -0.041; RIR B hattında ise 3.28, 5, 0.412, -0.014 olarak bildirilmiştir. Beyaz yumurtacılardan Beyaz Leghorn A, B, C hatlarında gözlenen ortalama heterozigotluk sırasıyla 0.485, 0.431, 0.480, ortalama allel sayısı sırasıyla 2.90, 2.47, 3.05 olarak bildirilmiştir. Araştırmacılar daha önceki çalışmalarla uyumlu olarak genetik çeşitliliğin broyler hatlarında yumurtacı hatlara göre yüksek olduğunu, yumurtacılar içinde de kahverengi yumurtacılarda daha yüksek olduğunu bildirmiştir. Genetik mesafe (D_A) temelinde yapılan dendograma göre White Leghorn hatları diğer hatlardan büyük farklılıklar göstermiş ve ayrı bir küme oluşturmuştur. Günümüzde Leghorn hatları kanatlı endüstrisinde beyaz yumurtacıların büyük bir bölümünü oluşturmaktadır. Ancak Leghorn'ların genetik kökeninde tek bir ırk yani

Balta İbikli Leghornlar vardır. Bu nedenle diğerlerinden farklı ayrı bir küme oluşturmaları normaldir. Diğer yandan diğer hatlar arasında genetik ilişki (Plymouth Rock, Rhode Island Red ve Cornish) kökenleriyle uyumlu değildir. Örneğin RIR A ve RIR B aynı genetik kökenden olmasına rağmen dendogramda yakın değildirler. Bunun nedeni geçmişte ekonomik özellikler için iki verim amaçlı yetiştirmeye bağlı olabilir. Tadano vd (2008a) dört tavuk hattında 20 mikrosatellit marker kullanarak Bayesian ve genetik mesafe temelindeki filogenetik yaklaşımları karşılaştırmışlar ve Bayesian temelli metodun mesafe temelli filogenetik analizlere göre biraz daha yüksek performans gösterdiğini bildirmişlerdir.

Tadano vd (2008b) yedi Japon minyatür tavuk ırkı ve varyetesi ile enstitü koruması altındaki kırmızı orman tavuğu populasyonunda 21 otozomal lokusta 41 mikrosatellit marker ile bu ırklar arasındaki genetik farklılaşmayı değerlendirmişlerdir. Toplam 305 allelin belirlendiği çalışmada 27 özgün allel saptanmış, özgün allel frekansının en fazla kırmızı orman tavuğunda (> %20) olduğu bildirilmiştir. Kırmızı orman tavuğu ile diğer ırklar arasında önemli derecede (0.3901 - 0.512) genetik farklılıklar (F_{ST}) raporlanmıştır. Bireysel kümeleme kırmızı orman tavuğu ve minyatür ırklar için yüksek genetik farklılıklar göstermiştir ve her populasyon ayrı bir grupta yer almıştır. Araştırmacılar çalışmadan elde edilen sonuçlara dayanarak her bir minyatür tavuk ırkının benzersiz bir gen havuzu olduğunu belirtmişlerdir. Tadano vd (2011) yedi Beyaz Leghorn hattında genetik farklılaşmayı 40 mikrosatellit lokus kullanarak ölçmüşlerdir. Yedi hat arasındaki incelemede, her bir hat arasında önemli derecede farklılaşma görüldüğü tespit edilmiş, ikişerli F_{ST} değerinin 0.0706-0.2590 aralığında değiştiği, mesafe temelinde yapılan analizlerde ikişerli F_{ST} değeri düşük olan grupların ayrılmadığı, ancak Bayesian kümeleme analizinde ikişerli F_{ST} değeri düşük olan grupların bile kökenlerine uygun olarak farklı kümelere ayrıldığı bildirilmiştir. Araştırmacılar sonuç olarak Bayesian kümeleme analiziyle aynı kökenden gelen tavuk hatlarının bile kökenlerine göre ayrılabilirliğini, Bayesian metodunun Neighbor-Joining metodundan daha etkin olduğunu, ayrıca Bayesian metodu ile daha az sayıdaki mikrosatellit markerin tavuk ırklarını kökenlerine göre ayırabildiğini bildirmişlerdir.

Chatterjee vd (2010) üç tanesi Beyaz Leghorn saf hat olmak üzere altı melez populasyondan 170 örnekte 14 mikrosatellit marker kullanarak populasyonlar arası genetik ilişkiyi araştırmışlardır. Çalışmada kullanılan tüm lokusların polimorfik olduğu, lokus başına elde edilen allel sayısının 2 ile 6 arasında değiştiği, lokus başına ortalama allel sayısının 3.21, etkili allel sayısının 2.67 olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada ADL0102 ve MCW0049 lokusları için F_{IS} değerleri sırasıyla 0.032 ve 0.08 olarak bildirilmiştir. Bu iki lokus dışındaki lokuslar ise negatif F_{IS} değeri almışlardır. Pozitif F_{IS} değerinin ve düşük polimorfizm seviyesinin saf hatlardaki uzun süren seleksiyon çalışmalarının bir sonucu olabileceğini bildirmişlerdir.

Dorji vd (2011) tarafından dört Tayland yerli tavuk ırkı ve üç ticari hattan toplam 210 tavukta 20 mikrosatellit lokus kullanılarak genetik varyasyon araştırılmıştır. Toplam 227 allelin belirlendiği çalışmada en az allel MCW0111 lokusunda (6 allel) en çok ise MCW0183 ve LEI0166 (16 allel) lokuslarında elde edilmiştir. En yüksek beklenen heterozigotluğun 0.79 ile yerli ırklar olan Dang, Chee ve Luenghaghkhoa'da, en düşük ise Isa Brown ticari hattında olduğu saptanmıştır. Araştırmacılar yapılan filogenetik analizler sonucunda dört farklı grup oluştuğunu, ilk grupta Isa Brown ve Beyaz Leghorn

hattı, ikinci grupta etlik piliç hattı, üçüncü grupta Dang, Chee ve Luenghaghkhoa ırkları olduğunu son grupta ise Pradhu Hang Dam ırkı olduğunu bildirmiştir. Araştırmacılar Tayland ırklarının ve ticari hatların filogenetik analizlerinin daha önceki değişik moleküler çalışmalardan elde edilen sonuçlar ile uyumlu olduğunu bu nedenle mikrosatellit markerlerin genetik çeşitlilik ve filogenetik analizde güvenli olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca Taylan hatlarının birbirleri ile ve ticari hatlarla karışmadığını ve bu nedenle yetiştiriciler ve araştırmacılar tarafından genetik çeşitlilik için bu ırkların korunması ve ıslah programları ile geliştirilmesi gerektiğini önermişlerdir.

Akaboot vd (2012) kırmızı orman tavuğu (*Gallus gallus*), Tayland yerli tavuk ırkı (*Gallus domesticus*), Pradu Hang Dam ve iki ticari tavuk hattında (Broiler ve yumurtacı) mikrosatellit markerler ve fonksiyonel genlerdeki polimorfizmleri kullanarak popülasyonlardaki genetik yapıyı incelemiş ve popülasyonlar arasındaki farkları belirlemek için bunları karşılaştırmışlardır. Çalışmada beş popülasyondan 151 tavukta 18 otozomal mikrosatellit lokus ve çeşitli verimlerle ilişkili beş fonksiyonel gende altı lokus kullanılarak yapılan araştırmada mikrosatellit lokuslar için popülasyonlarda beklenen heterozigotluk ortalamasının 0.78 ile 0.83 arasında, fonksiyonel genlerde ise 0.31 ile 0.43 arasında değiştiği bildirilmiştir. Araştırmacılar beklenen heterozigotluğun popülasyondaki en büyük heterozigotluk olasılığı olduğunu ve teorik olarak fonksiyonel genlerde allel sayısının mikrosatellit lokuslara göre az olmasından dolayı beklenen heterozigotluğun da az olmasının normal olduğunu bildirmişlerdir. Çalışma sonunda hem mikrosatellit hem de fonksiyonel genlerden elde edilen verilerden oluşturulan filogenetik ağaçların ikisinde de benzer kümeler elde edilmiştir. Araştırmacılar popülasyonlar arasında ve içindeki benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde fonksiyonel genlerinde mikrosatellit markerler gibi etkili olduğunu bildirmiştir.

Tadano vd (2012) Japon yerli tavuk ırkı olan Nagoya'dan üretilen 5 yakın akraba tavuk hattında genetik çeşitliliği ve hatlar arasındaki genetik farklılaşmayı mikrosatellit polimorfizmi temelinde incelemişlerdir. Beş hatta lokus başına ortalama allel sayısı 2.35-2.85 aralığında, gözlenen heterozigotluk 0.385-0.507 aralığında, beklenen heterozigotluk 0.404-0.480 aralığında, akrabalı yetiştirme katsayısı değerlerinin -0.056-0.074 aralığında değiştiği, bu sonuçlar ile Nagoya hatlarının orta derecede genetik çeşitlilik gösterdiği ve yoğun akrabalı yetiştirmeye maruz kalmadığı bildirilmiştir. Çalışmada hatlar arasında ikişerli F_{ST} değerlerinin 0.0224-0.2500 aralığında değiştiği, en küçük farklılığın bulunduğu iki hattın 10 yıl önce farklı hatlara ayrıldığı bilgisiyle uyumludur. Çalışma sonuçlarının gelecekteki ıslah ve koruma çalışmalarında kullanılabileceği bildirilmiştir. Tadano vd (2013) Plymouth Rock ırkından üretilen yedi tavuk hattında 40 mikrosatellit marker kullanarak genetik farklılaşmayı ve bu hatların koruma önceliklerini değerlendirmişlerdir. Hatlar arasında genetik farklılaşma (ikişerli F_{ST}) 0.201-0.422 aralığında değişmiştir. Bayesian model temelinde yapılan kümeleme analizinde orijinlerine uygun olarak bireyler tek kümede toplanmış, karışıklık gözlenmemiştir. Bu sonuçlar hatlar arasında farklılaşmanın önemli derecede olmadığını göstermektedir. Araştırmacılar koruma önceliğine karar vermek için her bir hattın genetik çeşitliliğe katkısını tahmin etmiştir. Araştırma sonuçları 4 ve 7 nolu hatlardaki kaybın % 1.14 ve % 3.44 olduğunu göstermiş ve koruma önceliğinin bu hatlara verilmesi önerilmiştir. Araştırmacılar moleküler markerler ile genetik yapıyı

tanımlamanın tavuk genetik kaynaklarının korunması için yapılacak çalışmalara yardımcı olacağını bildirmiştir.

Pham vd (2013) 10 Tayvan ticari tavuk popülasyonu, iki egzotik ırk ve kırmızı orman tavuğu popülasyonunda 22 mikrosatellit marker kullanılarak popülasyonların genetik yapılarını araştırmışlardır. 22 lokusunun polimorfik bulunduğu araştırmada 13 popülasyonda toplam 176 allel olduğu, lokus başına allel sayısının 4-25 aralığında değiştiği, lokus başına ortalama allel sayısının ise 8 olduğu bildirilmiştir. PIC değerinin dört lokusta 0.5'in altında diğer lokuslarda ise üstünde olduğu bildirilmiştir. Popülasyonlarda görülen gözlenen ve beklenen heterozigotluk ortalamaları sırasıyla 0.439 ve 0.531 olarak tespit edilmiştir. Popülasyonlarda elde edilen F_{IS} değerlerinin 0.090 ile 0.283 aralığında değiştiği, en yüksek F_{IS} değerinin (0.283) ticari Golden tavuklarında olduğu, bunu kırmızı orman tavuğu popülasyonu (0.223), ticari tavuk popülasyonlarından B hattı (0.220) ve L2 hattının (0.218) takip ettiği bildirilmiştir. Araştırmacılar bu yüksek akrabalığın; ticari tavuk popülasyonlarında popülasyon büyüklüğünden ve et kalitesi için yapılan yoğun seleksiyon uygulamalarından, kırmızı orman tavuğu popülasyonunda ise çalışılan örnek sayısının az olmasından ve rastgele seçilen örneklerin akraba olma olasılığından kaynaklanabileceğini belirtmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu arařtırmada materyal olarak Ankara Tavukçuluk Arařtırma İstasyonu bünyesinde yetiřtirilen altı adet kahverengi yumurtacı saf hattan (RIRI, RIRII, BARI, BARIİ, L-54 ve COL) alınan kan örneklerinden izole edilen DNA'lar kullanılmıřtır. Arařtırma her hattan 30'ar örnek üzerinde yürütölmüřtür.

3.1.1. Çalıřmada kullanılan araç ve gereçler

Örneklerin DNA izolasyonu ve PCR iřlemleri Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zooteknik Bölümü Genetik Laboratuvarı'nda yürütölmüřtür. Mikrosatelit fragment analizleri ise Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Genetik Laboratuvarı'nda bulunan otomatik kapiller fragment analiz cihazı (**Fragment Analyzer** – ADVANCED ANALYTICAL, GmbH, Heidelberg, Germany) kullanılarak yapılmıřtır. Bu çalıřmada kullanılan araç ve gereçlerin tam listesi Çizelge 3.1'de verilmiřtir.

Çizelge 3.1. Çalıřmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi

Kullanılan Cihaz	Kullanım amacı
pH metre (Thermo ORİON 3 STAR)	DNA izolasyonu ve elektroforez tamponlarının pH'larının ayarlanmasında
Otoklav (Nüve OT 020V)	Kullanılan malzemelerin ve çözeltilerin sterilizasyonunda
Sıcak Su Banyosu (Memmert)	DNA izolasyonunda
Isıtıcı Manyetik Karıřtırıcı (YellowLine MSH basic)	DNA izolasyonu için gerekli çözeltilerin hazırlanmasında
Çalkalayıcı-Vortex (YellowLine,TTS2)	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonunda
Santrifüj (Hettich MIKRO 200)	DNA izolasyonu ve PCR ařamalarında örneklerin santrifüj edilerek çöktürölmesi
Hassas Terazi (SHIMADZU BX320H)	DNA izolasyonu için tampon çözeltilerin hazırlamada ve jel için agaroz tartılmasında
Gradient Thermal Cyclus 96 örnek. (ependorf Mastercycler gradient)	PCR ile istenilen lokusların çoğaltılması
Yatay Agaroz Jel Elektroforez Takımları (BIO-RAD)	DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin tespit edilmesinde
Güç Kaynakları (BIO-RAD PowerPac Basic)	Jel elektroforezi için voltaj ve zamanın ayarlanmasında
Jel Görüntölleme ve Analiz Sistemi (Kodak Gel Logic 212)	DNA izolasyonu ve PCR sonuçlarının görüntölmesinde
Mikro Dalga Fırını (Arçelik MD 553)	Agaroz jellerin hazırlanması
Buzdolabı (Beko BK8450T) Derin Dondurucu (Beko 797DF)	Örnekler ile bazı sarf malzemelerin saklanması
Fragment Analyzer (ADVANCED ANALYTICAL)	PCR ürünlerinin büyüklüklerinin belirlenmesinde

3.2. Metot

3.2.1. Kan örneklerinin alınması

DNA ekstraksiyonu için kan örnekleri tavukların kanat altı toplardamarından (Vena cutenea ulnaris) 3 ml'lik EDTA'lı tüplere ortalama 2'şer ml olacak şekilde alınmıştır. Alınan kan örnekleri soğuk zincir içerisinde, mümkün olan en kısa sürede Akdeniz Üniversitesi Zootekni Bölümü Genetik Laboratuvarı'na getirilmiş ve DNA izolasyonu yapılmaya kadar -20 °C de muhafaza edilmiştir.

3.2.2. Genomik DNA izolasyonu

Bu çalışmada genomik DNA molekülünün izolasyonunda Miller vd (1988) tarafından bildirilen DNA izolasyon protokolü laboratuvar ortamında optimize edilmiş ve aşağıdaki şekilde uygulanmıştır.

1. -20 °C'de muhafaza edilen kan örnekleri çözülene kadar oda sıcaklığında (24–25 °C) bekletilmiştir.
2. Her bir kan örneğinden 50 µl alınarak 1,5 ml'lik ependorf tüp içine konulmuştur.
3. Örneklerin üzerine 1.000 µl **Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.2.) ilave edilmiş ve kısa bir süre vorteksle iyice karıştırılarak 10 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir.
4. Bekletme süresinin sonunda örnekler 3.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.
5. Ependorf tüplerin üst kısmında toplanan sıvı kısım (süpernatant) dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Dipte kalan peletlerin (hücre kısmı) rengi gözlenerek peletlerin rengi beyaz olana kadar Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi ile tekrar (ortalama 2-3 defa) muamele edilmiştir.
6. Peletlerin üzerine 1.000 µl **Fizyolojik Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve kısa bir süre karıştırılmıştır.
7. Örnekler 3.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiş ve santrifüj sonunda sıvı kısım dikkatli bir şekilde tekrar uzaklaştırılmıştır.
8. Peletlerin üzerine 600 µl **Lisis TE Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve peletlerin iyice çözünmesi sağlanmıştır.
9. Çözülen peletlerin üzerine 100 µl SDS solusyonu ve 5 µl proteinaz K (20 mg/ml) eklenerek hafifçe karıştırılmış ve 65 °C'de 1,5 saat su banyosunda tutulmuştur. İnkübasyon süresince her 15 dakikada bir hafifçe karıştırılmıştır.
10. İnkübasyondan çıkarılan örneklerin üzerine 200 µl **6M NaCl Çözeltisi** (Çizelge 3.2.) eklenmiş ve 15 dk vorteksle iyice karıştırılmıştır.
11. Örnekler 10.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.
12. Santrifüj sonunda üstte kalan ve DNA moleküllerini içeren sıvı kısım yeni bir ependorf tüp içine koyulmuştur.
13. Örnekler 10.000 rpm de 5 dk tekrar santrifüj edilmiş ve yine üstte kalan sıvı kısım yeni bir ependorf tüp içine alınmıştır.
14. Örnekler üzerine örnek hacminin iki katı hacimde (yaklaşık 1.000 µl) %99,9'luk saf etil alkolden (-20 °C'de saklanan) ilave edilmiştir.
15. Etil alkol ilave edildikten sonra ependorf tüpü DNA iplikçikleri kümeleşinceye kadar 10-15 kez hafifçe karıştırılmıştır.

16. Kümeleşen DNA iplikçiklerinin tüpün dibine çökmesi için tüp 10.000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.
17. Santrifüj sonunda etil alkol uzaklaştırılarak tüpün dibine çökmüş olan DNA peletinin üzerine 1.000 µl %70'lik etil alkol ilave edilerek 10.000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.
18. Santrifüj işleminden sonra tüpün üstünde yer alan alkol uzaklaştırılmıştır.
19. Tüp içindeki alkolün tamamen uzaklaşmasını sağlamak amacıyla örnekler çeker ocak içinde kurumaya bırakılmıştır.
20. Tamamen kuruyan örnekler üzerine 100 µl **TE Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.2.) ilave edilmiş olup, DNA peletinin çözülmesi için bir gece buzdolabında +4 °C'de bekletilmiştir.
21. Genomik DNA izolasyonunun miktar ve saflık kontrollerinin yapılmasında NanoDrop Spektrofotometre'den yararlanılmış ve elde edilen veriler bilgisayar ortamına aktarılmıştır.
22. Örneklerden izole edilen genomik DNA moleküllerinin tek parça olup olmadıklarının (kırılıp kırılmadığı) kontrolleri %1'lik agaroz jellerinde yapılmıştır.

Çizelge 3.2. DNA izolasyonu için kullanılan tampon çözeltilerin molaritesi/miktarı ve içerikleri

Tampon Çözelti	Molarite/Miktar	İçerik
Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi	0,32 M 10 mM 5 mM	Sukroz EDTA MgCl ₂
Fizyolojik Tampon Çözeltisi	75 mM 25 mM	NaCl EDTA
Lisis TE Tampon Çözeltisi	500 mM 20 mM 10 mM	Tris-HCl EDTA NaCl
TE Tampon Çözeltisi	10 mM 1mM	Tris EDTA
6M NaCl Çözeltisi	5.64 g 10 ml'ye tamamlanır	NaCl Deiyonize H ₂ O

3.2.3. Genomik DNA miktarının hesaplanması

İzole edilen DNA moleküllerinin tek parça olup olmadığı %1'lik agaroz jelde belirlenmiş daha sonra miktarları spektrofotometre kullanılarak tespit edilmiştir.

3.2.4. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi

Tavuk populasyonlarında genetik yapının belirlenmesinde, populasyonlar arasındaki genetik ilişkinin ortaya çıkarılmasında kullanılan çok sayıda mikrosatellit lokus vardır. Bu çalışmada kahverengi yumurtacı saf tavuk hatlarındaki genetik yapının ortaya çıkarılmasında FAO'nun tavuklarda genetik çeşitliliğin tespiti için önerdiği lokuslar ve daha önce değişik araştırma grupları tarafından çalışılan lokuslar incelenmiş ve uygun görülen 22 lokus belirlenmiştir. Bu lokuslara ait bilgiler Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Mikrosatellit lokusların seçiminde, daha önce akrabalı yetiştirilen tavuk hatlarında çalışılmış olması, heterozigotluk ve polimorfizm düzeylerinin yüksek olması, değişik kromozomlar üzerinde olmaları gibi kriterlere dikkat edilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslar

Lokus	Kromozom	Primer Sekansı (5'→3')	Anneling (°C)	Allel Genişliği	Genbank Erişim No.	Kaynak
ADL0112	10	F: GGCTTAAGCTGACCCATTAT R: ATCTCAAATGTAATGCGTGC	58	120-134	G01725	(Anonim 2011)
ADL0145	4	F:CGTGGTGTGTGTATCATT R: CTCTTTTGCAGTCCTCCTAC	58	116-148		(Zhou ve Lamont 1999)
ADL0268	1	F: CTCCACCCCTCTCAGAATA R: CAACTTCCCCTCTACCTACT	60	102-116	G01688	(Anonim 2011)
LEI0094	4	F: GATCTCACCAGTATGAGCTGC R: TCTCACACTGTAACACAGTGC	60	247-287	X83246	(Anonim 2011)
LEI0166	3	F: CTCCTGCCCTTAGCTACGCA R: TATCCCCTGGCTGGGAGTTT	60	354-370	X85531	(Anonim 2011)
LEI0192	6	F: TGCCAGAGCTTCAGTCTGT R: GTCATTACTGTTATGTTTATTGC	60	244-370	Z83797	(Anonim 2011)
LEI0196		F: ACCCATGAATGTTTCCTATGC R: GATCCCTTCCTAATACATAGTC	58	170-212		(Tadano vd 2007a)
LEI0228		F: GCTGGGTTATTTCAATATGTGG R: AGCGTACCTGATAATGATGAGC	58	162-268		(Tadano vd 2007a)
LEI0234	2	F: ATGCATCAGATTGGTATTCAA R: CGTGGCTGTGAACAAATATG	60	216-364	Z94837	(Anonim 2011)
MCW0020	1	F: TCTTCTTTGACATGAATTGGCA R: GCAAGGAAGATTTTGTACAAAATC	60	179-185		(Anonim 2011)
MCW0037	3	F: ACCGGTGCCATCAATTACCTATTA R: GAAAGCTCACATGACACTGCGAAA	64	154-160		(Anonim 2011)
MCW0067	10	F: GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT R: GAGATGTAGTTGCCACATTCCGAC	60	176-186	G31945	(Anonim 2011)

Çizelge 3.3.'ün Devamı

Lokus	Kromozom	Primer Sekansı (5'→3')	Anneling (°C)	Allel Genişliği	Genbank Erişim No.	Kaynak
MCW0069	E60C04W23	F: GCACTCGAGAAAACCTTCCTGCG R: ATTGCTTCAGCAAGCATGGGAGGA	60	158-176		(Anonim 2011)
MCW0078	5	F: CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT R: TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	60	135-147		(Anonim 2011)
MCW0081	5	F: GTTGCTGAGAGCCTGGTGCAG R: CCTGTATGTGGAATTACTTCTC	60	112-136		(Anonim 2011)
MCW0111	1	F: GCTCCATGTGAAGTGGTTTA R: ATGTCCACTTGTCAATGATG	60	96-120	L48909	(Anonim 2011)
MCW0123	14	F: CCACTAGAAAAGAACATCCTC R: GGCTGATGTAAGAAGGGATGA	60	76-100		(Anonim 2011)
MCW0183	7	F: ATCCCAGTGTCGAGTATCCGA R: TGAGATTTACTGGAGCCTGCC	58	296-326	G31974	(Anonim 2011)
MCW0248	1	F: GTTGTTCAAAGAAGATGCATG R: TTGCATTAAGTGGGCACTTTC	60	205-225	G32016	(Anonim 2011)
MCW0287		F: GCCGTGTGACATCAGTGCTC R: TTGCACCAGCGCTGCAAAGTGC	58	228-260		(Tadano vd 2007b)
MCW0301		F: GGAGAGGAGACAAGTGTATTC R: AGGGTGAGAGGTAACAAGTGC	58	260-302		(Tadano vd 2007b)
MCW0330	17	F: TGGACCTCATCAGTCTGACAG R: AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC	60	256-300	G32085	(Anonim 2011)

3.2.5. PCR işlemi

PCR’da kullanılan kimyasallar, bunların PCR karışımındaki miktarları ve markaları Çizelge 3.4’ de gösterilmiştir. PCR işlemi için 50 ng/μl yoğunluğunda ayarlanan DNA’lar 0,2ml’ lik PCR tüplerine 2’şer μl konulmuştur.

PCR uygulamaları için Eppendorf Master Gradient Thermal Cycler ve Thermo Scientific Arktik Thermal Cycler kullanılmıştır. Cihazların kapak sıcaklığı 102 °C dereceye ve blok sıcaklığı 95°C ayarlanmıştır. Böylece PCR sırasında reaksiyon karışımının buharlaşması önlenmiştir. Daha sonra, hazırlanan reaksiyon karışımı (master mix) her bir PCR tüpüne (38μl +2μl DNA= 40 μl) paylaştırılmıştır. Her aşamada tüplerdeki reaktörler birbirleriyle iyice karıştırılmıştır.

Çizelge 3.4. PCR reaksiyon karışımı, miktar ve markaları

PCR Bileşeni	Miktar μl (1X Reaksiyon için)	Marka-Molarite
H ₂ O	23.8	
MgCl ₂	4	Fermentas Kat. No:44713
10X buffer	4	Fermentas Kat. No:44197
dNTPs	5	LAROVA 10mM.
Forward Primer	0.5	Metabion Int. AG 10 pmol/μl
Reverse Primer	0.5	Metabion Int. AG 10 pmol/μl
Taq	0.2	Fermentas 5u/μl Kat. No:EP0405
DNA	2	~ 50 ng/μl

Bu çalışma için optimize edilen PCR programı aşağıda verilmiştir.

İlk denatürasyon	95°C de 5 dk	} 30 döngü
Denatürasyon	95°C de 45 sn	
Yapışma	Çizelge 3.3. 45 sn	
Uzama	72 °C de 50 sn	
Son uzama	72 °C de 5 dk	

PCR işleminden sonra PCR ürünlerinin kontrolü %2’lik agaroz jel kullanılarak yapılmıştır.

3.2.6. Agaroz jel elektroforezi

3.2.6.1. Elektroforez çözeltisi

Elektroforezde tampon çözeltisi olarak Tris-Acetate-EDTA (TAE) kullanılmıştır. Bu çözelti pH: 8.0 olacak şekilde ve 50X yoğunluğunda hazırlanarak (Çizelge 3.5.) 1lt suda çözdürülmüştür. Bu stok çözeltiden 20 ml alıp saf su ile 1lt'ye tamamlayarak da 1X'lik TAE buffer hazırlanmıştır.

Çizelge 3.5. Elektroforez ve agaroz jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltilerin bileşimleri

Çözelti	Yoğunluk	Bileşim
Elektroforez/stok jel tampon çözeltisi	50XTAE	242.0 g Tris 57.1 ml Glasiyal asetik asit 100.0 ml 0.5 M EDTA, pH 8.0 1000.0 ml'ye tamamlanır
Elektroforez/jel tamponu ve yürütme tampon çözeltisi	1X TAE	1/50 50 X TAE'den seyreltme yapılır

3.2.6.2. Jelin hazırlanması

Çalışmada, moleküler biyoloji alanındaki araştırmalara uygun bir agaroz (peqGOLD Universal Agarose) kullanılmıştır. Daha önce yapılan çalışmalardan alınan sonuçlar ve laboratuarda yapılan denemeler sonucunda %2 lik agaroz jel en uygun oran olarak görülmüştür. Agaroz, TAE tampon çözeltisi ve ethidium bromide (3 µl) bir erlen mayerde, homojen bir karışım olması amacıyla ara sıra karıştırılarak çözdürülmüştür. Bu işlem mikrodalgada yapılmıştır ve işlem sırasında agarozun yanmaması için, jelin kaynamasına izin verilmeden şeffaf bir görünüme ulaşınca kadar (2-3 dk) ısıtılmış ve hava kabarcıklarının olmamasına dikkat edilerek elektroforez tepsisine dökülmüştür. Jel donduktan sonra elektroforez tankının içine alınmış ve jelin üst kısmını biraz geçecek düzeye kadar elektrolit çözeltisi doldurulmuştur.

3.2.6.3. PCR ürünlerinin jele yüklenmesi

12.5 µl PCR ürünü 2.5 µl dye (Loading Buffer; yükleme çözeltisi) ile boyandıktan sonra oluşturulan bu 15 µl karışım jeldeki kuyucuklara dikkatli bir şekilde yüklenmiştir. Elektroforez işlemi sonunda görüntülenecek olan bantların büyüklüklerini saptamak için ilk kuyucuğa 100 bç aralıklarla bant veren 1.5 kb büyüklüğünde DNA marker (BIORON-Kat.No:306005) yüklenmiştir. DNA markerin kuyucuğa yüklendiği miktar ve karışımı Çizelge 3.6'da verilmiştir.

Çizelge 3.6. DNA marker yükleme karışımı

Bileşen İsmi	Miktarı
DNA marker	3µl
1XTAE	9.5 µl
Dye	2.5 µl
Toplam	15 µl

3.2.6.4. Elektroforez işlemi

PCR işlemi tamamlandıktan sonra çoğaltılan DNA örneklerinin büyüklüklerine göre ayrılması için elektroforez işlemi yapılmıştır. Elektroforez uygulamasında, jel yoğunluğu, elektrik akımı ve elektroforez süreleri en net sonucu alabilmek amacıyla, birçok deneme sonucunda optimize edilmiştir.

PCR'da çoğaltılan DNA fragmentlerini içeren üründen yaklaşık 15µl jele yüklenmiş ve 75 V'da 90 dk yürütülmüştür. Böylece çoğaltıldığı düşünülen değişik büyüklükteki bantların jelde ayrılması sağlanmıştır. Daha sonra bu bantlar görüntüleme cihazında UV ışık altında görünür hale getirilmiştir.

3.2.7 Mikrosatellit genotiplerin tespiti

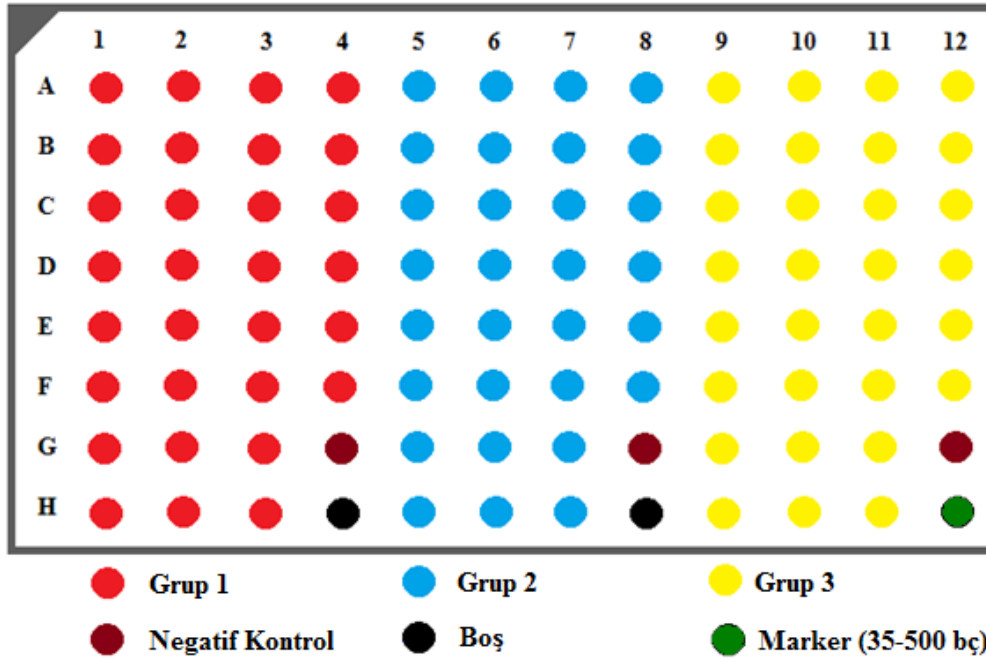
Çalışmada 6 tavuk hattında toplam 180 örnek 22 mikrosatellit lokus (Çizelge 3.3.) bakımından incelenmiştir. Fragment analizine başlamadan önce tüm PCR ürünleri tek tek agaroz jelde görüntülenmiştir. Böylece fragment analizi öncesinde tüm lokusların çalıştığına emin olunmuş ve fragment analizinde ekonomik kayıpların önüne geçilmiştir.

Araştırmada her lokusu için PCR işlemi tek tek uygulanmıştır. Ancak genotiplerin belirlenmesi için yapılan fragment analizinde maliyeti düşürmek amacıyla çoklu (multipleks) okuma yapılmıştır. Lokuslar multipleks okuma için gruplara ayrılmıştır. Lokusları gruplara ayırırken bant büyüklüklerinin aynı genişlikte olmamasına yani bantların çakışmalarına dikkat edilmiştir. Multipleks okuma için ayarlanan gruplar Çizelge 3.7'de verilmiştir. Fragment analizleri otomatik kapiller fragment analiz cihazı kullanılarak yapılmıştır. Cihazda fragment büyüklüklerinin tespitinde Advanced Analytical DNF-900 (35-500 bç) kit kullanılmıştır. Bu kit 35-500 bç aralığında okuma yapabilmektedir. Başka bir ifadeyle bu kitin kullandığı marker 35-500 bç aralığını göstermektedir.

Örnekler cihaza 96'lık PCR plakalarında (Axgen PCR-96-FLT-C), üç grup olarak ve her grupta 3 lokus olacak şekilde yüklenmiştir (Şekil 3.5.). Böylece bir plate ile aynı anda 9 lokusun fragment analizi yapılmıştır. Her bir kuyucukta 9 µl PCR ürünü (her lokustan 3'er µl) 30 µl dilution buffer ile seyreltilerek toplam 39 µl hacminde cihaza yüklenmiştir.

Çizelge 3.7. Fragment analizinde uygulanan multipleks gruplar ve muhtemel allel genişlikleri

	Lokus İsmi	Muhtemel Allel Genişlikleri
Grup 1	LEI0166	354-370
	ADL0268	102-116
	MCW0248	205-225
Grup 2	LEI0194	247-287
	MCW0069	158-176
	MCW0123	76-100
Grup 3	ADL0145	116-148
	LEI0234	216-364
	MCW0037	154-160
Grup 4	LEI0196	170-212
	MCW0111	96-120
	LEI0192	244-370
Grup 5	LEI0228	162-268
	MCW0183	296-326
	ADL0112	120-134
Grup 6	MCW0020	179-185
	MCW0081	112-135
	MCW301	260-302
Grup 7	MCW0067	176-186
	MCW0287	228-260
Grup 8	MCW0078	135-147
	MCW0330	256-300



Şekil 3.1. Fragment analiz cihazına yerleştirilen bir plakadaki grupların görüntüsü

3.2.8 Populasyon yapısı ve genetik varyasyonun değerlendirilmesi

3.2.8.1 Genetik varyasyon analizleri

Bu araştırmanın amacı ticari olarak yetiştirilen altı farklı tavuk hattındaki genetik varyasyonu belirlemek ve bunları karşılaştırmaktır. Populasyonlarda varyasyon değişik parametreler ile ölçülebilir. Gen frekansları (allelık varyasyon) ve heterozigotluk değerleri populasyonlar içindeki ve arasındaki genetik varyasyonun belirlenmesinde kullanılan parametrelerdir. Mikrosatelit çalışmalarında genetik varyasyon tespiti için genellikle allel genişlikleri (AG), allel sayısı (Na) ve etkili allel sayısı (Ne), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) istatistikleri hesaplanmaktadır.

3.2.8.1.1 Allelik varyasyon

Genetik çeşitliliğin gösterilmesinde ilk adım allel frekanslarının hesaplanmasıdır. Çalışılan lokuslarda allelik varyasyonun olması genetik çeşitliliğin göstergesidir. Bu çalışmada her bir lokustaki allel frekansları Nei (1987) tarafından bildirilen gen (allel) sayma (*counting the number of gene*) yöntemi kullanılarak, CONVERT (Glaubitz 2004) paket programı ile hesaplanmıştır.

$$\hat{X}_i = \frac{2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij}}{2n}$$

Formülde;

X_i = Ai allelindeki genin frekansı

n = Populasyondaki toplam birey sayısı

n_{ii} ve n_{ij} = Ai alleli bakımından homozigot ve heterozigot birey sayısı

3.2.8.1.2 Allel genişliği (AG)

Allel genişliği (AG) değeri; lokustaki genetik çeşitliliğin bir göstergesidir. Bir lokustaki allel genişliği populasyondan populusyona değişmekle birlikte, yüksek olması populasyondaki genetik varyasyonun belirlenme ihtimalini artırır. Bu çalışmada allel genişliklerinin belirlenmesinde CONVERT (Glaubitz 2004) paket programı kullanılmıştır.

3.2.8.1.3 Ortalama allel sayısı (Na)

Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan bir diğer parametre ise ortalama allel sayısıdır (n_a -allel zenginlik). Locus başına düşen ortalama allel sayısı kullanılan örnek sayısından etkilenir. Ortalama allel sayısı ne kadar yüksek ise populasyondaki genetik varyasyon da o kadar yüksektir. Aşağıdaki formül ile hesaplanır (Nei 1987). Ortalama allel sayısı POPGENE (Yeh vd 1997) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

$$Na = \frac{\sum n_{ai}}{r}$$

Formülde

Na = Locus başına düşen ortalama allel sayısı

n_{ai} = i. lokustaki toplam allel sayısı

r = Çalışmada kullanılan toplam lokus sayısı

3.2.8.1.4 Etkili allel sayısı (n_e)

Etkili allel sayısı, bir lokusta tespit edilen allellerin ne kadarının o lokustaki genetik varyasyona katkı sağladığını gösteren bir parametredir. Kimura ve Crow (1964) tarafından geliştirilen bu istatistik allel frekansları üzerinden tahmin edilmekte olup, kuramsal olarak bir populusyonda var olan tüm allel frekansları aynı olduğunda ortalama allel sayısına (Na) eşit olmaktadır. Etkili allel sayısının hesaplanmasında POPGENE (Yeh vd 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$Ne = \frac{1}{\sum_{i=1}^r p_i^2}$$

Formülde;

p_i^2 = i. allelin frekansı

r = Locus sayısı

3.2.8.1.5 Gözlenen heterozigotluk (Ho)

Populasyonlarda genetik varyasyonun ölçülmesinde heterozigotluk kullanışlı bir ölçüdür. Gözlenen heterozigotluk; üzerinde durulan lokuslar bakımından heterozigot genotiplerin toplam genotiplere oranı şeklinde hesaplanır. Gözlenen heterozigotluk değerlerinin belirlenmesinde POPGENE (Yeh vd 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$H_o = \frac{\text{Heterozigot birey sayısı}}{\text{Toplam birey sayısı}}$$

3.2.8.1.6 Beklenen heterozigotluk (He)

Beklenen heterozigotluk (He) oranının tahmininde, Nei'nin (1987) yansız (unbiased) heterozigotluk değeri, gen frekansları kullanılarak tahmin edilmiştir. Birden fazla lokus olması halinde ise beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerinin ortalaması alınır. Beklenen heterozigotluk değerlerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh vd 1997) paket programından yararlanılmıştır.

$$H_e = \frac{2n(1 - \sum \hat{X}_i^2)}{2n - 1}$$

Formülde;

n = Populasyondaki toplam birey sayısı

\hat{X}_i = i. allelin frekansı

3.2.8.1.7 Polimorfizm bilgi içeriği (PIC)

Polimorfizm bilgi içeriği populasyondaki toplam allel sayısından ve allel frekanslarından hesaplanan bir parametredir. Bir genetik markerın ne kadar polimorfik olduğu ve çalışılan lokustaki varyasyonun ne ölçüde olduğu hakkında bilgi verir. Bir başka deyişle çalışılan lokusta markerın ne kadar kullanışlı olduğu hakkında bilgi vermektedir. PIC değerinin 0.50'nin üzerinde olması markerın yüksek seviyede bilgi sağladığını göstermektedir. PIC değerinin 0.75'den yüksek olması ise lokusun çok daha yüksek seviyelerde bilgi verici olduğunu, genetik varyasyon ve genetik haritalama çalışmaları için çok kullanışlı olduğunu gösterir (Botstein vd 1980). PIC değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır. Çalışılan lokuslar için PIC değerleri POWERMARKER (Liu ve Muse 2005) paket programı kullanılarak tespit edilmiştir.

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

Formülde;

n = Allel sayısı

P_i = i. allelin frekansı

P_j = j. allelin frekansı

3.2.8.1.8 Özgün (Private) allel

Yalnızca bir populasyonda bulunan allellere özgün (private-benzersiz) allel denilmektedir. Gen akışı (gene flow) ve mutasyon oranı ile yakından ilişkilidir. Özgün allel ile her bir generasyonda populasyona göç eden birey sayısı arasında doğrusal ilişki vardır. Göç oranı arttıkça özgün allel sayısı azalmaktadır. Kapalı yetiştirilen populasyonlarda özgün allel sayısının fazla olması beklenir. Özgün alleller ırk ya da populasyon ayırımında kullanılabilirler. Bu çalışmada özgün allel frekanslarının belirlenmesinde CONVERT (Glaubitz 2004) paket programı kullanılmıştır.

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

3.2.8.2.1 Akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is})

Ortak atalardan gelen bireylere akraba, akraba bireylerin çiftleştirilmesine ise akrabalı yetiştirme (inbreeding) denilmektedir. Akrabalı yetiştirme sonucu populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma meydana gelmektedir. Akrabalı yetiştirme sonucu meydana gelen bu sapmanın nedeni, populasyonda meydana gelen heterozigot ekisikliği ya da başka bir ifade ile homozigot fazlalığıdır. F_{is} değeri -1 ile $+1$ arasında değişmektedir. Negatif değerler heterozigotluk, pozitif değerler ise homozigotluk fazlalığına işaret etmektedir. Rastgele çiftleşen büyük populasyonlarda F_{is} değerinin sıfır ya da negatif değer alması beklenir. Akrabalı yetiştirme katsayısı her saf hatta tüm lokuslar için ve tüm saf hatların bir arada düşünülmesi ile oluşturulan populasyonda tüm lokuslar için tahmin edilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayılarının hesaplanmasında FSTAT v.1. 2 (Goudet 1995) paket programından yararlanılmıştır.

3.2.8.2.2. F-istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) ve ikişerli F_{ST} değerleri

Çiftlik hayvanlarının ıslahında seleksiyon işlemi çok kullanılan bir yöntemdir. Özellikle ticari kanatlı yetiştiriciliğinde hibrit materyal elde etmek için ana baba hatlarında yoğun seleksiyon uygulanmaktadır. Seleksiyon uygulaması ile sadece istenilen verim düzeyine sahip hayvanlara çiftleşme şansı verilmesi bir başka deyişle rastgele çiftleşmenin uygulanmaması populasyondaki akrabalığın artmasına neden olmaktadır. Akrabalığın artması üzerinde çalışılan lokus ya da lokuslar bakımından Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmaya yani homozigotluğun artmasına yol açmaktadır. Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmalar homozigotlaşma indeksi (F , fixation index) olarak ifade edilmektedir. Aynı tür ya da ırka ait farklı populasyonlar (alt populasyonlar - subpopulation) arasındaki genetik çeşitliliğin incelenmesinde fiksasyon indeksleri kullanılmaktadır.

Wright (1965) tarafından geliştirilen fiksasyon indeksleri ya da F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) populasyonların genetik yapısının tanımlanmasında kullanılan en eski ve en yaygın parametrelerdir. Wright (1965) tarafından geliştirilen bu metot daha sonraki yıllarda Nei (1977) tarafından genişletilmiştir. Günümüzde populasyonlar arası ve populasyon içi genetik farklılaşmanın değerlendirilmesinde bu parametreler halen yoğun şekilde kullanılmaktadır. F istatistiklerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh vd 1997) paket programından yararlanılmıştır.

F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} parametreleri arasındaki ilişki aşağıdaki eşitlikte gösterilmiştir.

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

F_{IT} , tüm populasyonlardaki bireylerin bir arada düşünülmesi ile oluşan yeni populasyonun Hardy-Weinberg dengesinden sapmasıdır. Yani tüm bireylerden oluşan yeni populasyondaki rastgele birleşen iki gametin ortak atadan gelme ihtimalini belirleyen bir değerdir. Alt populasyon içerisindeki akrabalığın etkileri ve alt populasyonlar arası farkların etkileri dikkate alınarak hesaplanır. Kısacası, F_{IT} hem akrabalı yetiştirmeden hemde populasyonlar arası farktan kaynaklanan sapmayı tespit etmektedir. Yapılan çalışmada üzerinde çalışılan altı saf tavuk hattı tek bir populasyon gibi düşünülmüş ve çalışılan 22 lokus için tek tek F_{IT} değerleri bulunmuştur. Yani, populasyonda çalışılan 22 lokus için akrabalı yetiştirme katsayısı ya da Hardy - Weinberg dengesinden sapmaları hesaplanmıştır. F_{IT} -1 ile +1 arasında değer alabilir. +1'e doğru gidildikçe akrabalı yetiştirme oranı artıyor demektir. F_{IT} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır.

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_O}{H_T}$$

Formülde;

H_T = Toplam populasyonlardaki heterozigotluk ortalaması

H_O = Alt populasyonlarda gözlenen heterozigotluk ortalaması

F_{IS} değeri alt populasyonlarda akraba olan bireylerin içinde homolog alleller arasındaki korelasyonları tanımlar. Bu değer, alt populasyonlardaki akrabalı yetiştirme düzeyini ya da alt populasyonların Hardy - Weinberg dengesinden sapmasını ifade eder. Bir başka deyişle alt populasyonlarda rastgele birleşen iki gametin ortak atadan gelme ihtimalidir. F_{IS} değeri -1 ile +1 arasında değer alabilir. Eğer F_{IS} değeri negatif olarak bulunur ise heterozigot fazlalığı, sıfır değerine yakın bulunur ise Hardy-Weinberg dengesinin mevcut olduğu ve pozitif olarak bulunur ise homozigot fazlalığı var demektir. Örneğin seleksiyon işlemi akrabalı yetiştirmenin artmasına bu da heterozigot eksikliğine neden olabilir. Buna bağlı olarak F_{IS} değeri pozitif olur. Dışarıdan populasyona göç ise heterozigot fazlalığına, buna bağlı olarak da F_{IS} değerinin negatif olmasına neden olur. Çalışılan altı farklı saf tavuk hattından herhangi birinde rastgele alınan iki bireyden birleşen iki gametin ortak atadan gelme ihtimalini gösterir. F_{IS} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır.

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_O}{H_S}$$

Formülde;

H_S = Populasyondaki beklenen heterozigotluk ortalaması

H_O = Populasyondaki gözlenen heterozigotluk ortalaması

F_{ST} , alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ölçümüdür. Bir başka ifade ile alt populasyonlardan rastgele ele alınan iki gametin ortak atadan gelme ihtimalidir. Bir lokus açısından populasyonları karşılaştırmada kullanılır. Populasyonlarda 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 populasyonlar ortak atadan oldukça uzaktır denilebilir. Kısacası, F_{ST} değeri küçük olduğu zaman populasyonların arasındaki varyasyon da azdır. Yani iki populasyon birbirine genetik olarak benziyor demektir. Çalışılan altı farklı saf tavuk hattından herhangi ikisinde içinde rastgele alınan iki bireyden birleşen iki gametin ortak atadan gelme ihtimalini gösterir.

Eğer F_{ST} değeri;

- (0 - 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).

F_{ST} değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır.

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_S}$$

H_T = Toplam populasyonlardaki heterozigotluk ortalaması

H_S = Alt populasyondaki beklenen heterozigotluk ortalaması

İkişerli F_{ST} değeri populasyonlar arasındaki farklılaşmayı gösteren bir parametredir. Çalışmada kullanılan populasyonları ikişerli karşılaştırarak genetik farklılaşmayı kıyaslar. İkişerli F_{ST} değeri populasyonda özgün allellere göre, orta frekansa sahip allellerden daha çok etkilenir. Bu çalışmada populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın ikişerli olarak karşılaştırılmasında Arlequin (Excoffier vd 2006) paket programı kullanılmıştır.

3.2.8.3 Genetik farklılıklar

3.2.8.3.1 Gen akışı (Nm)

Hartl ve Clark (2007) populasyonların birbirlerinden farklılaşmasını önleyen etkenlerden birinin göç olduğunu söylemiştir. Nm değeri iki farklı yöntemle hesaplanmaktadır. Birinci Nm hesaplama yönteminde özgün allellerin frekanslarından yararlanılmaktadır. İkinci yöntemde ise F_{ST} değeri kullanılarak tahmin edilir. Bu çalışmada Nm, F_{ST} değerleri kullanılarak tespit edilmiştir. Bu çalışmada POPGENE (Yeh vd 1997) paket programı kullanılarak hesaplanan Nm değeri aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır.

$$Nm = \frac{0.25(1 - F_{ST})}{F_{ST}}$$

3.2.8.3.2 Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Populasyon genetiği teorisinde genetik farklılaşma katsayısı (*coefficient of gene differentiation*) alt populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma katsayısının (F_{ST}) tartılı ortalaması ya da oransal değeridir ve bazen F_{ST} ile gösterilmektedir. G_{ST} değeri hesaplanırken aşağıdaki formül kullanılmıştır (Nei 1987).

Çalışmada heterozigotluklar (H_S , H_T), genetik farklılık (D_{ST}) ve genetik farklılaşma katsayısının (G_{ST}) hesaplanmasında GENETIX v. 4.05 (Belkhir vd 2004) paket programından yararlanılmıştır.

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T}$$

$$D_{ST} = H_T - H_S$$

H_T = Tüm lokuslar üzerinden tüm populasyonun ortalama heterozigotluğu

H_S = Tüm lokuslar üzerinden alt populasyonların ortalama heterozigotluğu

3.2.9. Moleküler varyans analizi (AMOVA)

Moleküler marker yöntemlerinden (RAPD, AFLP, RFLP, Mikrosatellit vb.) elde edilen verilerin istatistik analizinde 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 ile toplam genetik varyasyonun; ne kadarının populasyondaki gruplar arasından, ne kadarının gruplardaki populasyonlardan, ne kadarının ise populasyonlardaki bireylerden kaynaklandığı belirlenebilir. Kısaca AMOVA testi ile yapılan çalışmada elde edilen toplam genetik varyasyonun ne kadarı hatlardan, ne kadarı aynı hat içindeki populasyonlardan, ne kadarı hat içerisindeki bireylerden kaynaklanıyor tespit edilecektir.

Eğer bir grup (ırk) içinde alt populasyonlar varsa varyans analiz tablosu ve formülleri Çizelge 3.8’de gösterildiği gibi, eğer grup (ırk) tek bir populasyon tarafından temsil ediliyorsa varyans analiz tablosu ve formülleri Çizelge 3.9’da gösterildiği gibi olmaktadır. Bu çalışmada AMOVA analizi için Arlequin (Excoffier vd 2006) paket programı kullanılmıştır.

Çizelge 3.8. Bir ırk birden fazla populasyon ile temsil edildiğinde moleküler varyans analizi tablosu ve formülleri

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi(SD)	Kareler Toplamı (KT)	Kareler Ortalaması (KO)	Varyans
Gruplar arası	G-1	KT (GA)	KT(GA) / G-1	$n''\sigma_a^2 + n'\sigma_b^2 + 2\sigma_c^2 + \sigma_d^2$
Gruplar İçi Populasyonlar Arası	P-G	KT (PA/Gİ)	KT (PA/Gİ)/ P-G	$n\sigma_b^2 + 2\sigma_c^2 + \sigma_d^2$
Populasyonlar İçi Bireyler Arası	N-P	KT (BA/Pİ)	KT (BA/Pİ) / N-P	$2\sigma_c^2 + \sigma_d^2$
Bireyler İçi	N	KT (Bİ)	KT (Bİ)/N	σ_d^2
Toplam	2N-1	KT (T)		σ_T^2

Çizelge 3.9. Bir ırk bir populasyon ile temsil edildiğinde moleküler varyans analizi tablosu ve formülleri

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi (SD)	Kareler Toplamı (KT)	Kareler Ortalaması (KO)	Varyans
Populasyonlar arası	P-1	KT (PA)	KT (PA)/ P-1	$n\sigma_a^2 + 2\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Populasyonlar İçi bireyler arası	N-P	KT(BA/Pİ)	KT(BA/Pİ)/ N-P	$2\sigma_b^2 + \sigma_c^2$
Bireyler İçi	N	KT(Bİ)	KT(Bİ)/N	σ_c^2
Toplam	2N-1	KT(T)		σ_T^2

KT(PA): Populasyonlar arası kareler toplamı
 KT(BA/Pİ): Populasyonlar içi bireyler arası kareler toplamı
 KT(Bİ): Bireyler içi kareler toplamı
 P: Toplam populasyon sayısı
 N: Toplam birey sayısı
 N_p: p. populasyondaki birey sayısı

$$n = \frac{2N - \sum_{p \in P} \frac{2N_p^2}{N}}{P - 1}$$

$$F_{ST} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_T^2}$$

$$F_{IT} = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}{\sigma_T^2}$$

$$F_{IS} = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_b^2 + \sigma_c^2}$$

3.2.10. Genetik mesafe tahmini ve filogenetik ağaç oluşturma

İki populasyon ya da tür arasındaki genetik mesafe gen farklılıklarını belirtmektedir. Allel frekanslarından yararlanılarak ölçülmektedir. Genetik mesafe tahmininde değişik yöntemler mevcuttur. En yaygın kullanılan yöntemlerden birisi Nei'nin (1972) genetik benzerlik değerinden hesaplanan, standart genetik uzaklık (D) yöntemi ile bundan türetilen yansız (unbiased) genetik mesafe (Nei 1978) değeridir.

Genetik uzaklık hesaplanırken populasyonlar arasındaki genetik benzerlikten yararlanır. Genetik benzerlik (I, genetic identity), mesafe (D) değerleri ile gösterilir. Bu değerler genellikle geometrik uzaklıklarla eşitir, yani mesafe değeri 0 ise populasyonlar arasında fark yok demektir. Eğer benzerlik değeri 0 ise populasyonlarda çalışılan mikrosatellit lokus bakımından hiç bir ortak allelin olmadığı söylenebilir. Benzerlik 0 ile 1 arasında değer alırken, genetik mesafe 0 ile ∞ arasında değer alabilir.

$$D = -\ln I' \text{ ya da } D = -\log_e I'$$

$$I' = \frac{J'_{xy}}{(J'_x J'_y)^{1/2}}$$

$$J'_{xy} = \sum X_i Y_i$$

$$J'_x = \sum X_i^2$$

$$J'_y = \sum Y_i^2$$

D = Genetik mesafe
 I = Genetik benzerlik
 J'_{xy} = X ve Y populasyonlarında i. allelinin frekanslarının toplamı
 J'_x = X populasyonunda i. allelin frekansı
 J'_y = Y populasyonunda i. allelin frekansı

3.2.10.1 Nei'nin genetik uzaklık (D_A) metodu

Mikrosatellit verilerden genetik mesafe tahmininde Nei'nin (1978) genetik uzaklık (D_A) metodu oldukça kullanışlıdır (Takezaki ve Nei, 1996). Nei'nin (1972) genetik benzerlik ve yansız genetik mesafe değeri (Nei 1978) POPTREE (Yeh vd 1997) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

$$D_A = 1 - \frac{1}{r} \sum_j^r \sum_i^{m_j} \sqrt{x_{ij}y_{ij}}$$

- r = Araştırmada kullanılan toplam lokus sayısı
 x_{ij} = X örneğinde, j. lokusta i. allelin frekansı
 y_{ij} = Y örneğinde, j. lokusta i. allelin frekansı
 m_j = j. lokustaki allel sayısı

Nei'nin genetik mesafe değerlerinden yararlanılarak yapılan kümeleme analizlerinde değişik yöntemler bulunmaktadır. Kümeleme analizlerinde en yaygın kullanılan dendogram metotları UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) ya da NJ (Neighbor Joining, en yakın komşu) metodudur. UPGMA metodunda popülasyonların evrim zamanı aynı kabul edilerek ağaç oluşturulduğu için günümüzde NJ daha çok tercih edilmektedir. NJ yönteminde popülasyonlar arasındaki fark dikkate alınmaktadır (Saitou ve Nei 1987). Bu çalışmada UPGMA dendogramı ve NJ ağacı POPTREE2 (Takezaki vd 2010) paket programı ile oluşturulmuştur.

3.2.11 Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

Faktöriyel uygunluk analizi (FCA, factorial correspondence analysis), genellikle 3 boyutlu bir düzlemde bireylerdeki farklılığı görsel olarak ortaya koyan analiz yöntemidir. FCA analizi için GENETIX v. 4.05 (Belkhir vd 2004) paket programından yararlanılmıştır.

3.2.12. Genetik yapı analizi (Structure)

Popülasyon genetiği popülasyonlar içinde ve arasındaki allel frekanslarındaki varyasyonla ilgilenir. En yaygın kullanılan Wright'ın (1965) F istatistikleridir. Popülasyon genetiği çalışmalarında genellikle popülasyonlar arasındaki benzerlik ya da farklılıklardan yararlanılarak yapılan genetik mesafe temelli (distance-based methods) filogenetik algoritmalar kullanılır. Çoklu lokuslardan değişik moleküler markerlerle elde edilen verilerden yapılan UPGMA ve en yakın komşu (NJ) kümeleme analizi de benzer şekildedir. Bu grafiksel yöntemlerin uygulanmasının kolay olması yanı sıra istatistiksel temellerinden kaynaklanan bazı dezavantajları vardır. Örneğin F_{ST} temelinde yapılan algoritmalarda son dönemde popülasyona olan göçler analiz sonuçlarını etkilemektedir. Popülasyonların belirlenmesi örneklerin coğrafi kökenlerine dayanır. Ancak popülasyonun genetik yapısı her zaman bireylerin coğrafi kökenini yansıtmaz. UPGMA ve en yakın komşu (NJ) kümeleme analizinde kümeleme sonuçlarıyla ilave bilgilerin (bireylerin örneklediği coğrafi bölgeler gibi) birleştirilmesi zordur. (Pritchard vd 2000; Evanno vd 2005).

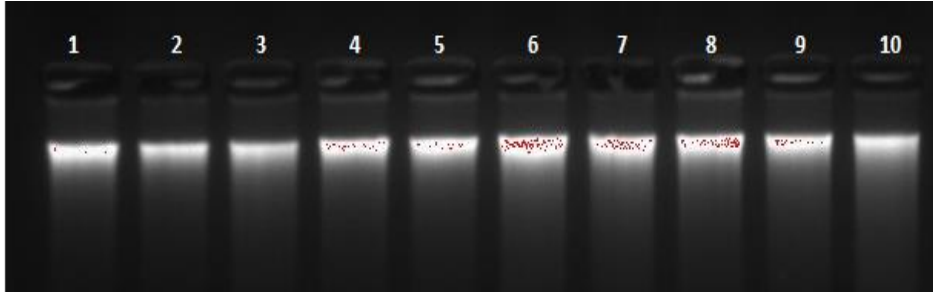
Mesafe temelli bu yöntemlerdeki eksiklikleri gidermek için Pritchard vd (2000) tarafından model-temelli (model-based method) alternatif bir yöntem olan Structure geliştirilmiştir. Structure populasyon yapısını ve populasyonların genetik mesafe ayrımını göstermede etkili bir yoldur. Structure Bayesian yaklaşımı ile K sayısı kadar populasyonda (K yani populasyon sayısı bilinmese de olur) her bir lokusta tahmin edilen allel frekanslarını kullanarak populasyonun genetik yapısını belirlemekte ve çok sayıda lokus bakımından belirlenen genotiplerden yararlanarak birbirleriyle ilişkili olan bireyleri ait oldukları populasyonlara doğru bir şekilde kümelemektedir.

Structure 2.2' de Mikrosatellit, Çoğaltılmış Uzunluk Parça Polimorfizmi (AFLP), Restriksiyon Uzunluk Parça Polimorfizmi (RFLP), Tek nükleotid Polimorfizmi (SNPs) marker yöntemlerinden elde edilen veriler kullanılabilir (Falush vd 2007). Populasyonun genetik yapısı Structure 2.2. (Pritchard vd 2000) programı kullanılarak belirlenmiştir.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

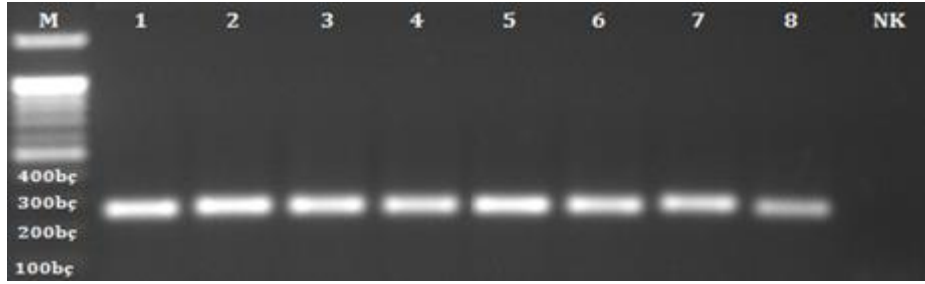
4.1. DNA İzolasyonu ve PCR İşleminde Elde Edilen Bulgular

Miller vd (1988) tarafından bildirilen DNA izolasyon protokolü uygulanarak izole edilen DNA'ların kalite kontrolleri %1'lik agaroz jelde yapılmıştır (Şekil 4.1). Daha sonra spektrofotometre kullanılarak DNA'ların miktarları belirlenmiştir. Elde edilen DNA miktarları 30-500 ng/μl arasında değişmektedir. PCR uygulaması için DNA miktarları 50 ng/μl miktarına ayarlanmıştır.

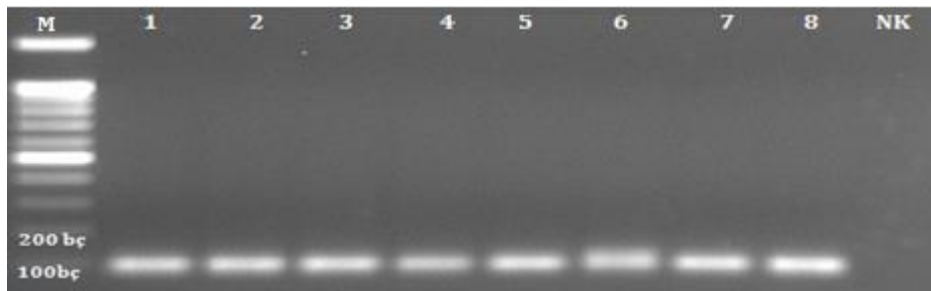


Şekil 4.1. RIRI hattında izole edilen bazı DNA'lara ait agaroz jel görüntüsü

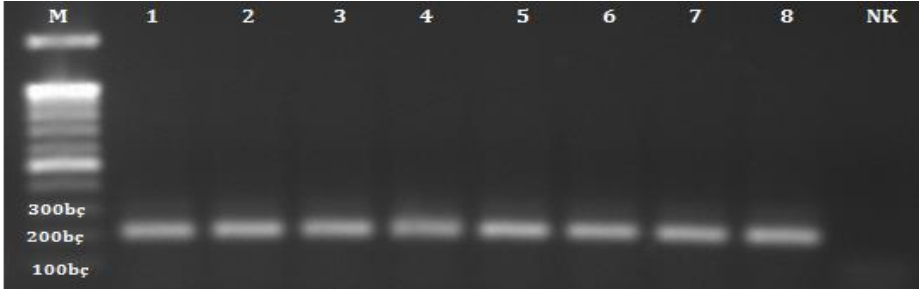
Çalışılan 22 lokusta istenilen bölgeyi çoğaltmak amacıyla izole edilen DNA'lara Çizelge 3.3.'deki primerler ile PCR işlemi uygulanmıştır. PCR işleminin kontrolü için %2'lik agaroz jel kullanılmıştır. Elde edilen bazı agaroz jel görüntüleri Şekil 4.2.-4.7.'de verilmiştir. Çalışmada kontaminasyonu kontrol etmek için negatif kontrol (NK) kullanılmıştır. Marker (M) olarak 100 bç aralıkla bant veren bir marker seçilmiştir.



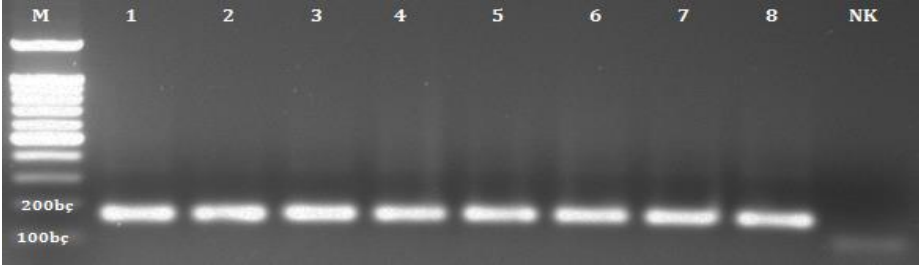
Şekil 4.2. RIRI hattında MCW0330 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü



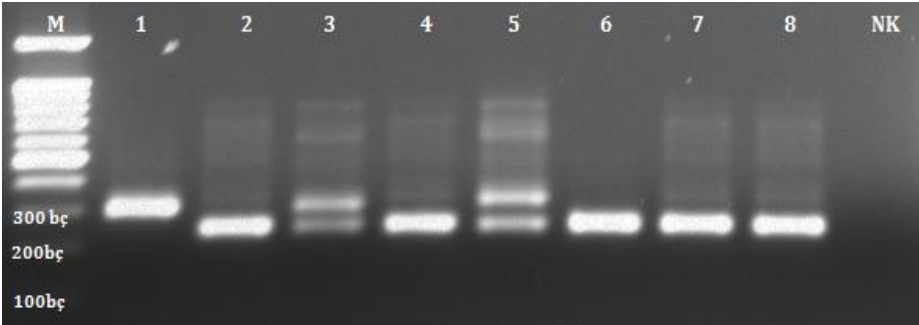
Şekil 4.3. RIRII hattında LEI0234 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü



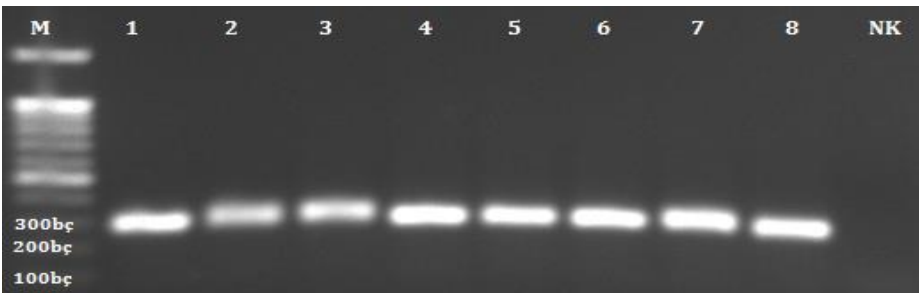
Şekil 4.4. BARI hattında LEI0196 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü



Şekil 4.5. BARIII hattında MCW020 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü



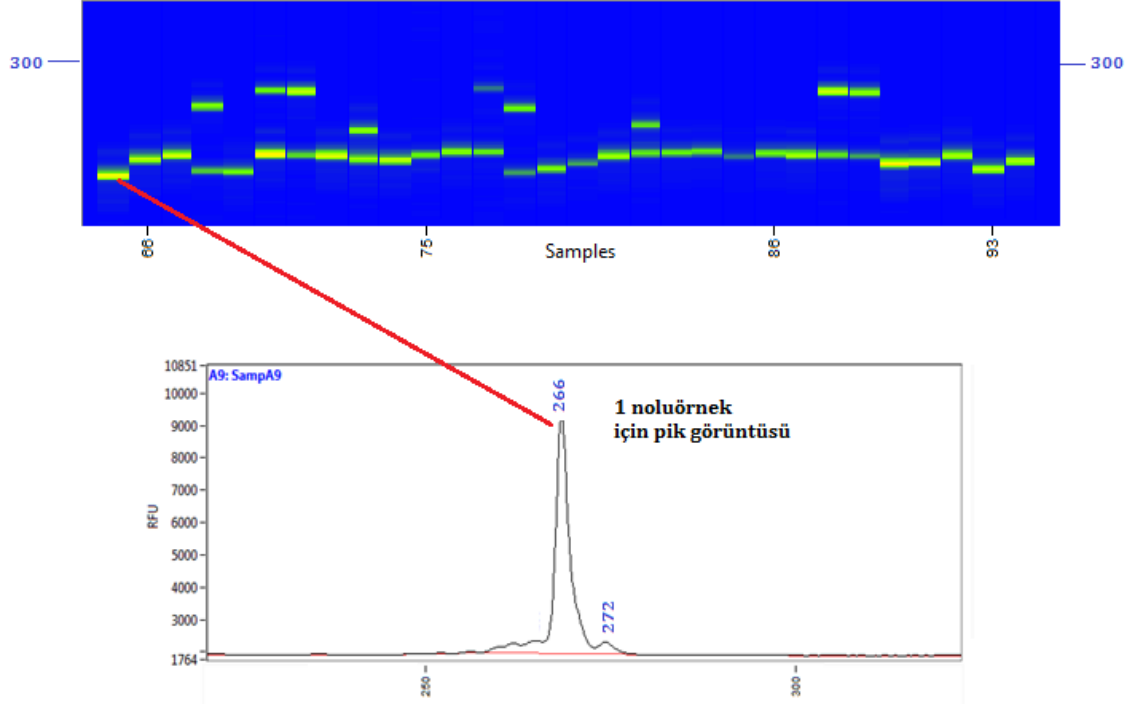
Şekil 4.6. L-54 hattında LEI0234 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü



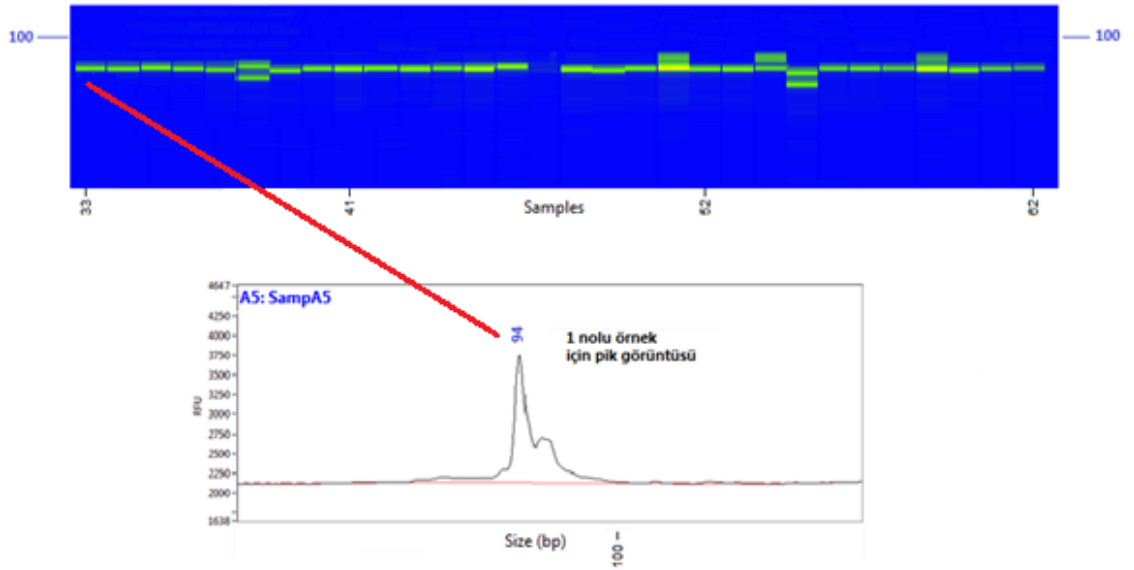
Şekil 4.7. COL hattında MCW0183 lokusu için PCR ürünlerine ait agaroz jel görüntüsü

4.2. Mikrosatellit Analizlerinden Elde Edilen Bulgular

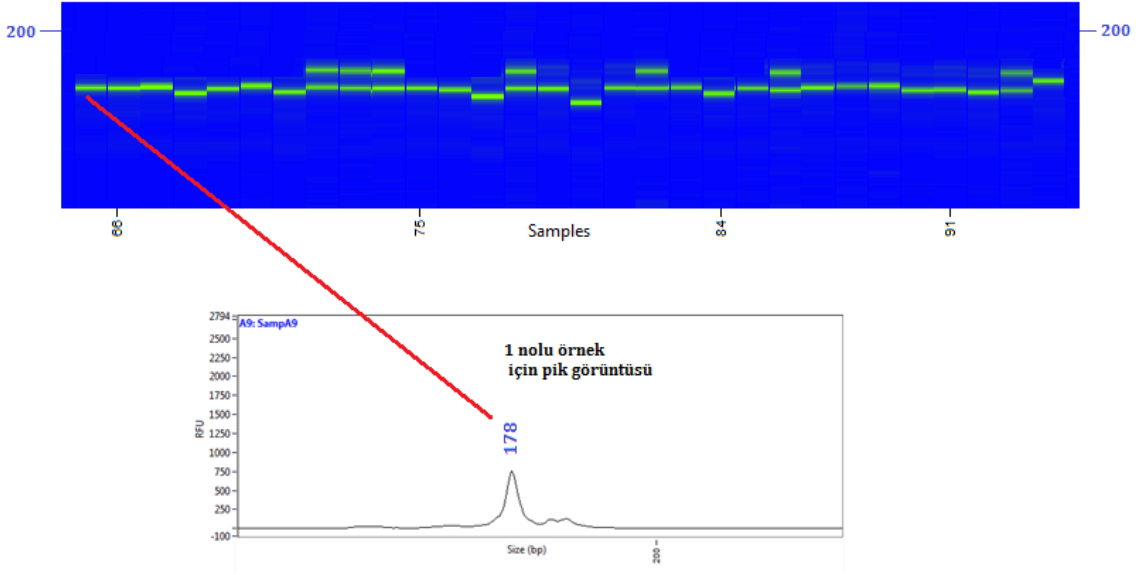
Tekrarlı bölgeler içeren PCR ürünlerinin büyüklüklerini tespit etmek için uygulanan fragment analizi görüntüleri Şekil 4.8. – 4.13’de verilmiştir.



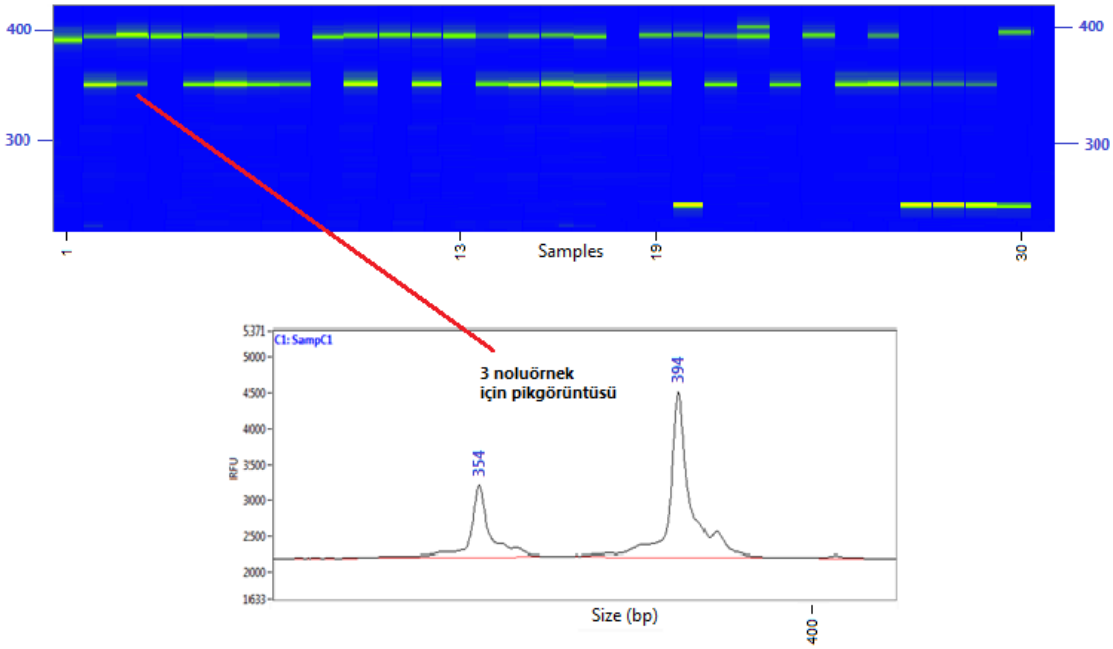
Şekil 4.8. RIRI hattında MCW0330 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü



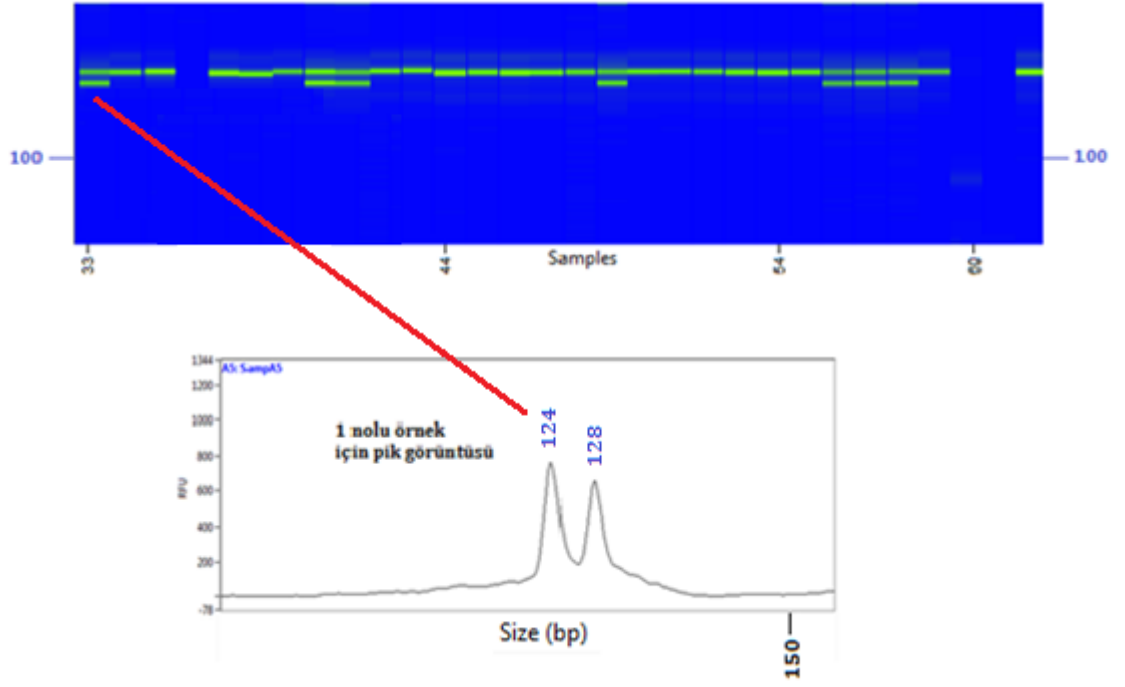
Şekil 4.9. RIRII hattında MCW0123 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü



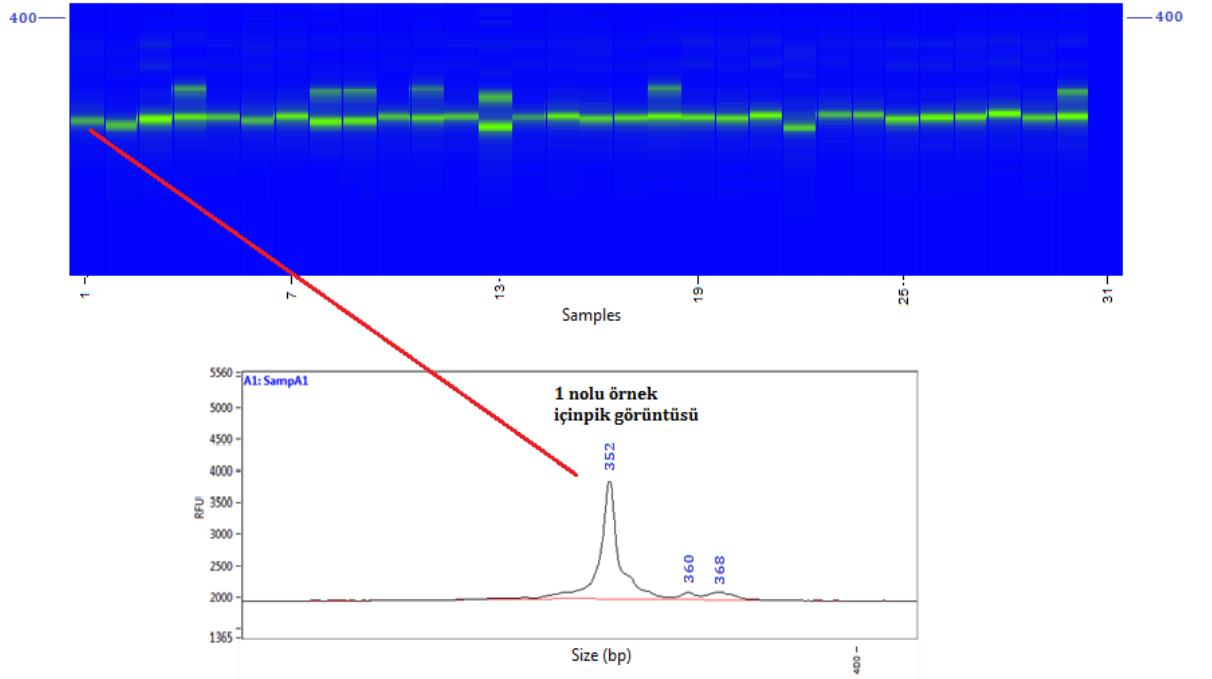
Şekil 4.10. BARI hattında MCW0067 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü



Şekil 4.11. BARI II hattında LEI192 lokusu için fragment analiz cihazındaki jel ve pik görüntüsü



Şekil 4.12. L-54 hattında ADL0112 lokusu için fragment analiz cihazındaki gel ve pik görüntüsü



Şekil 4.13. COL hattında LEI0166 lokusu için fragment analiz cihazındaki gel ve pik görüntüsü

4.3. Sonuçların Değerlendirilmesi

4.3.1. Saf hatlar içinde lokuslarda tespit edilen gen frekansları ve bazı genetik varyasyon ölçütleri

Çalışmada altı farklı saf hatta ADL0112 lokusunda beş farklı allel (120, 122, 124, 126, 128) tespit edilmiştir. En az allel L-54 hattında (2 allel) en çok allel ise RIRI, BARI, ve BARIİ hatlarında (4 allel) bulunmuştur. Populasyonlarda en yaygın bulunan allelin 124 bç'lik allel olduğu, en az bulunan allelin ise 120 bç'lik allel olduğu, frekansı en fazla olan allelin ise 126 bç'lik allel olduğu belirlenmiştir. Etkili allel sayısı (Ne) en fazla RIRI hattında (2.780) en az L-54 hattında (1.291) bulunmuştur. Polimorfik bilgi içeriği (PIC) en yüksek RIR I hattında (0.572), en düşük L-54 hattında (0.200) elde edilmiştir. ADL0112 lokusunda en düşük gen frekansı BARIİ hattında 126 bç'lik allelde, en yüksek gen frekansı ise L-54 hattında 128 bç'lik allelde elde edilmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0112 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARIİ	L-54	COL
120	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000
122	0.086	0.000	0.667	0.518	0.000	0.033
124	0.448	0.117	0.167	0.357	0.130	0.183
126	0.379	0.367	0.100	0.018	0.000	0.783
128	0.086	0.517	0.000	0.107	0.870	0.000
n	29	30	30	28	27	30
Na	4	3	4	4	2	3
Ne	2.780	2.409	2.054	2.453	1.291	1.542
PIC	0.572	0.502	0.475	0.515	0.200	0.309
Fis	0.262	0.612	0.043	-0.432	-0.130	0.816

Genetik yapının incelendiği altı populasyonda ADL0112 lokusunda elde edilen allel sayısı (5 allel), Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabwe'nin beş farklı ekolojik bölgesinde yetiştirilen köy tavuklarında ADL0112 lokusunda elde edilen allel sayısından (7 allel) düşüktür. Pham vd (2013) tarafından Tayvan'daki 10 ticari populasyonda elde edilen allel sayısı ile (5 allel) benzerdir. Bu çalışmada populasyon/hat temelinde elde edilen allel sayıları (Çizelge 4.1) Mtileni vd (2011) tarafından Güney Afrika'da yetiştiriciliği yapılan üç yerli ırk olan Ovambo, Venda ve Eastern Cape ırklarında elde edilen allel sayılarından (sırasıyla 5, 4 ve 5 allel) daha düşük bulunurken, Güney Afrika Tarım Bakanlığı tarafından koruma altında bulunan dört populasyonda (Venda, Ovambo, Naked Neck, Potchefstroom Koekoek) elde edilen allel sayılarıyla (sırasıyla 2, 4, 3 ve 3 allel) benzerlik göstermektedir. Koruma altında bulunan kapalı populasyonlar ile uzun süre seleksiyona maruz kalmış ticari populasyonlarda allel sayıları bakımından az da olsa bir azalma olduğu söylenebilir. Pham vd (2013) tarafından 10 ticari populasyonda ADL0112 lokusu için PIC değeri 0.564 olarak bildirilmiştir. Bizim çalışmamızda ise populasyonlarda PIC değeri 0.200 ile 0.572 aralığında değişmiştir. Botstein vd (1980) PIC değerinin 0.50 değerinin

üstünde olması durumunda lokusun yüksek derece polimorfik ve bilgi verici olduğunu bildirmişlerdir. Eğer polimorfik bilgi içeriği 0.25 ile 0.50 değerleri arasında ise kullanılan markerın orta derecede bilgi verici olduğu söylenebilir. RIRI, RIRII ve BARIII hatlarında ADL0112 lokusunun yüksek derecede polimorfizm gösterdiği ve genetik varyasyonu belirlemede çok kullanışlı olduğu söylenebilir. Bunun aksine ADL0112 L-54 hattı için kullanışlı bir lokus değildir. ADL0112 lokusu BARI ve COL hatları için orta seviyede bilgi vericidir.

Altı saf hatta ADL0145 lokusunda sekiz farklı allel (114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 132) gözlenmiştir. RIRI, RIRII, L-54, COL hatlarında lokus başına allel sayıları 5 iken BARI ve BARIII hatlarında lokus başına allel sayıları 4 olarak belirlenmiştir. Allel sayılarının birbirine yakın görünüyorsa da etkili allel sayıları arasında farklar vardır. Etkili allel sayısı 3.045 ile en yüksek BARI hattında, en düşük ise 1.524 ile RIRII hattında tespit edilmiştir. Populasyonlarda görülen en yaygın allel 126 bç'lik allel, en nadir görülen ise 132 bç'lik alleldir. Frekansı en düşük olan allel RIRI hattında 114 bç'lik allel iken, frekansı en yüksek olan allel RIRII hattındaki 126 bç'lik alleldir. PIC değeri en yüksek BARI ve L-54 hatlarında (0.608), en düşük ise RIRII hattında (0.323) belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Bu lokus RIRI, BARI, L-54 ve COL hatları için oldukça kullanışlıdır.

Çizelge 4.2. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0145 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARIII	L-54	COL
114	0.018	0.033	0.231	0.607	0.000	0.033
116	0.054	0.000	0.423	0.036	0.000	0.383
118	0.107	0.117	0.000	0.000	0.500	0.000
120	0.000	0.000	0.000	0.054	0.172	0.000
122	0.000	0.017	0.000	0.000	0.034	0.017
124	0.500	0.033	0.038	0.000	0.241	0.150
126	0.321	0.800	0.308	0.304	0.000	0.417
132	0.000	0.000	0.000	0.000	0.052	0.000
n	28	30	26	28	29	30
Na	5	5	4	4	5	5
Ne	2.717	1.524	3.045	2.150	2.925	2.903
PIC	0.570	0.323	0.608	0.463	0.608	0.589
Fis	0.001	0.623	0.330	0.017	0.231	0.051

ADL0145 lokusu bakımından bu çalışmada elde edilen allel sayısı (8 allel), Zhou ve Lamont (1999) tarafından Leghorn, Kırmızı orman tavuğu, Fayoumi ve İspanyol ırklarından elde edilen 23 melez tavuk hattında ADL0145 lokusunda elde edilen allel sayısından (6 allel) yüksektir. Zhou ve Lamont (1999) ADL0145 lokusu için allel genişliğini 116-148 bç olarak bildirmiştir. Bizim çalışmamızda allel genişliği benzer olarak 114-132 bç aralığında belirlenmiştir. Pratap vd (2014) tarafından Kadaknath ve Beyaz Leghorn populasyonlarında ADL0145 lokusunda elde edilen allel sayıları sırasıyla 3 ve 2 olarak, etkili allel sayıları ise 2.31 ve 2.00 olarak bildirilmiştir.

Çalışılan altı saf hatta elde edilen allel sayısı Pratap vd (2014) tarafından bildirilen değerlerden yüksektir. Ancak etkili allel sayıları arasında çok büyük farklılıklar yoktur.

Çalışılan altı populasyonda ADL0268 lokusunda 13 allel (104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128) belirlenmiştir. En az allel BARI populasyonunda (5 allel), en çok ise L-54 populasyonunda (9 allel) tespit edilmiştir. Populasyonlarda etkili allel sayısı ve PIC değerleri sırasıyla 2.59-4.36 ve 0.57-0.74 aralıklarında değişmektedir (Çizelge 4.3). Bu lokus tüm hatlarda oldukça bilgi vericidir.

Çizelge 4.3. Çalışılan tavuk hatlarında ADL0268 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
104	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.033
106	0.339	0.150	0.000	0.000	0.040	0.567
108	0.000	0.017	0.000	0.000	0.280	0.000
110	0.071	0.050	0.052	0.069	0.040	0.067
112	0.000	0.133	0.414	0.552	0.000	0.000
114	0.000	0.033	0.172	0.190	0.040	0.050
116	0.446	0.350	0.155	0.121	0.100	0.050
118	0.000	0.250	0.207	0.034	0.000	0.233
120	0.018	0.000	0.000	0.034	0.360	0.000
122	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.000
124	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
126	0.107	0.000	0.000	0.000	0.080	0.000
128	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000
n	28	30	29	29	25	30
Na	6	8	5	6	9	6
Ne	3.015	4.358	3.696	2.761	4.325	2.589
PIC	0.612	0.738	0.689	0.601	0.738	0.571
Fis	-0.428	0.022	0.400	0.313	-0.177	-0.015

ADL0268 lokusu bakımından literatür incelendiğinde allel genişliklerinin çok değişken olduğu görülmektedir. Örneğin Bianchi vd (2011) Ancona ve Livorno ırkında allel genişliğini 102-216 bç arasında bulurken, Dorji vd (2011) dört Tayland ırkı ve üç ticari ırkta allel genişliğini 90-153 bç aralığında tespit etmiştir. Bizim çalışmamızda elde edilen allel genişlikleri (104-128 bç) yukarıdaki iki çalışma ile uyumlu olsa da diğer çalışmalara göre biraz fazladır. Tadano vd (2007a) dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkında 102-110 bç aralığında, Tadano vd (2007b) 12 ticari tavuk hattında 98-110 bç aralığında, Kaya ve Yıldız (2008) Denizli ve Gerze ırklarında 93-113 bç aralığında, Zanetti vd (2010) koruma altındaki altı populasyonda 104-119 bç aralığında, Mtileni vd (2011) üç yerli ırk, dört koruma altındaki ırk olmak üzere yedi populasyonda 104-116 bç aralığında, Pham vd (2013) 10 ticari populasyonda 102-114 aralığında bildirmişlerdir. Bu çalışmada tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı 13, hat bazında elde edilen allel sayıları ise 5 ile 9 arasında değişirken, etkili allel sayısı 2.59-4.36 aralığında değişmiştir. Gözlenen allel sayıları bakımından elde edilen sonuçlar Tadano

vd (2007a), Tadano vd (2007b), Kaya ve Yıldız (2008), Zanetti vd (2010), Mtileni vd (2011) ve Pham vd (2013) tarafından bildirilen değerlerden yüksektir.

Allel sayısı populasyonlarda genetik çeşitliliğin gösterilmesinde kullanılan parametrelerden biridir. Bu çalışmada ADL0268 lokusunda elde edilen yüksek allel sayısı populasyonlarda bu lokus için yüksek genetik varyasyonu işaret etmektedir. Uzun süre kapalı populasyonlar halinde yetiştirilen ve seleksiyon uygulanan bu saf hatlarda allel sayılarının yüksek çıkması ilk bakışta şaşırtıcı gelebilir. Ancak daha önce Materyal Metot kısmında açıklandığı üzere bu hatlar birden fazla tavuk ırkı kullanılarak elde edilmiştir. Ayrıca mikrosatellit bölgeler yüksek seviyede mutasyon oranına sahiptir. Bu hatlardaki tespit edilen yüksek allel sayısı, hatların kökenleri ve yüksek mutasyon oranı ile açıklanabilir.

ADL0268 lokusunda elde edilen Fis değerlerine bakıldığında, RIRI, RIRII, L-54 ve COL hatlarında akrabalı yetiştirmenin bir tehdit oluşturmadığı görülmektedir. Ancak BARI ve BARIİ hatlarındaki akrabalık seviyesinin yüksek olduğu ve populasyonun geleceği için bir tehdit oluşturduğu söylenebilir.

Çizelge 4.4. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0094 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARIİ	L-54	COL
245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.054	0.037
247	0.089	0.018	0.000	0.000	0.143	0.037
249	0.018	0.036	0.086	0.000	0.000	0.000
251	0.000	0.054	0.276	0.000	0.036	0.000
253	0.000	0.018	0.034	0.000	0.054	0.000
255	0.071	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000
257	0.036	0.000	0.052	0.000	0.000	0.000
261	0.179	0.089	0.069	0.071	0.000	0.204
263	0.393	0.732	0.224	0.339	0.000	0.556
265	0.214	0.000	0.259	0.482	0.000	0.074
267	0.000	0.054	0.000	0.036	0.071	0.000
269	0.000	0.000	0.000	0.000	0.643	0.000
279	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.093
n	28	28	29	28	28	27
Na	7	7	7	5	6	6
Ne	4.051	1.812	4.778	2.785	2.243	2.725
PIC	0.719	0.431	0.760	0.579	0.527	0.596
Fis	0.446	0.378	0.058	0.784	0.244	0.430

Yapılan araştırmada LEI0094 lokusu bakımından 13 allel (245, 247, 249, 251, 253, 255, 257, 261, 263, 265, 267, 269, 279) tespit edilmiştir. En az allel sayısı BARIİ hattında (5 allel), en çok allel sayısı RIRI, RIRII ve BARI hatlarında (7 allel) elde edilmiştir. Etkili allel sayısı 1.812 (RIRII) ile 4.778 (BARI) aralığında değişmiştir. PIC değeri 0.760 ile en yüksek BARI hattında bulunurken, en düşük 0.431 ile RIRII hattında hesaplanmıştır. LEI0094 lokusu için populasyonlarda en yaygın bulunan allel 261 beç'lik

allel, en nadir görülen allel ise 269 ve 279 bç'lik allellerdir. Frekansı en fazla olan allel RIRII hattında 263 bç'lik allel iken, en düşük olan allel RIRI hattında 249 ve RIRII hattındaki 247 ve 253 bç'lik allellerdir (Çizelge 4.4).

Daha önceki çalışmalar incelendiğinde, LEI0094 lokusunda en yüksek allel sayıları Granevitze vd (2007) tarafından farklı kıtalarda 64 populasyonla yapılan çalışmada (22 allel) ve Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabwe poupopulasyonlarında yapılan çalışmada (18 allel) bildirilmiştir. Bizim tüm populasyonlarda elde ettiğimiz allel sayısı (13 allel) yukarıdaki çalışmalara göre düşüktür. Ancak Cuc vd (2006) tarafından H'mong tavuklarında gözlenen allel sayısı (13 allel) ve Dorji vd (2011) tarafından dört Tayland ırkı ve üç ticari ırkta elde edilen allel sayıları (15 allel) ile uyumludur. Farklı coğrafi bölgelerden toplanan ırklarda ya da populasyon sayısının çok olduğu çalışmalarda allel sayısının çok olması beklenen bir durumdur. Zanetti vd (2011) koruma altındaki dört ırkta 10 allel, Zanetti vd (2010) koruma altındaki altı populasyonda 7 allel, Tadano vd (2008b) yedi Japon minyatür tavuk ırkında 8 allel, Tadano vd (2012) Nagoya tavuk ırkından üretilen 5 yakın akraba tavuk hattında 5 allel olarak bildirmiştir. Populasyon bazında en düşük allel sayısı 5 ile BARIII hattında, en yüksek 7 ile RIRI, RIRII ve BARI hatlarında elde edilmiştir. Benzer olarak Mtileni vd (2011) tarafından koruma altındaki dört ırkta gözlenen allel sayılarının 4-6 arasında değiştiği bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında elde edilen allel genişlikleri daha önce Zanetti vd (2010) tarafından bildirilen allel genişliği (251-283 bç), Dorji vd (2011) tarafından bildirilen allel genişliği (227-362), Bianchi vd (2011) tarafından bildirilen allel genişliği (247-287) ve Tadano vd (2008b) tarafından bildirilen allel genişlikleri (247-283 bç) ile uyumludur. Elde edilen allel sayıları, PIC değerleri ve gözlenen allel sayıları dikkate alındığında LEI0094 lokusunun tavuklarda genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmalar için uygun bir lokus olduğu görülmektedir.

Tüm populasyonlarda LEI0166 lokusunda toplam 8 allel gözlenmiştir. Allel genişlikleri RIRI hattında 348-358 bç, RIRII hattında 350-354 bç, BARI hattında 348-358 bç, BARIII hattında 350-360 bç, L-54 hattında 354-362 bç ve COL hattında 350-360 bç aralığında değişmiştir. RIRI, RIRII, BARIII ve L-54 hatlarında 3 allel, COL hattında 4, BARI hattında ise 6 allel gözlenmiştir. Etkili allel sayısı en düşük 1.268 ile RIRII hattında, en yüksek 3.411 ile BARI hattında hesaplanmıştır. PIC değerlerine bakıldığında LEI0166 lokusunun BARI, BARIII ve L-54 hatları için yüksek derecede bilgi verici olduğu, RIRI ve COL hattında orta seviyede bilgi verici olduğu, ancak RIRII hattında genetik çeşitliliğin tespitinde kullanışlı bir marker olmadığı söylenebilir (Çizelge 4.5).

Bu tez çalışmasında tüm populasyonlarda LEI0166 lokusu bakımından (8 allel) ve altı farklı saf hattın her birinde elde edilen gözlenen allel sayıları (Çizelge 4.5) Muchadeyi vd (2007), Mtileni vd (2011), Zanetti vd (2011) tarafından bildirilen değerler ile uyumlu iken, Dorji vd (2011) tarafından dört Tayland ırkı ve üç ticari ırkta elde edilen allel sayılarından (16 allel) düşüktür. Bu farklılığın populasyon yapılarından kaynaklandığı ve normal olduğu düşünülmektedir. Çalışmada tespit edilen allel genişlikleri (348-362 bç), Mtileni vd (2011) ve Bianchi vd (2011) tarafından bildirilen fragment büyüklükleri ile uyumludur.

Çizelge 4.5. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0166 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
348	0.167	0.000	0.103	0.000	0.000	0.000
350	0.000	0.083	0.448	0.310	0.000	0.050
352	0.783	0.033	0.017	0.000	0.000	0.817
354	0.000	0.883	0.224	0.362	0.463	0.000
356	0.000	0.000	0.034	0.000	0.000	0.017
358	0.050	0.000	0.172	0.000	0.148	0.000
360	0.000	0.000	0.000	0.328	0.000	0.117
362	0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000
n	30	30	29	29	27	30
Na	3	3	6	3	3	4
Ne	1.553	1.268	3.411	2.987	2.580	1.463
PIC	0.319	0.199	0.665	0.591	0.532	0.295
Fis	0.174	0.847	0.042	-0.227	0.172	0.174

LEI0192 lokusunda gözlenen toplam allel sayısı 20 olarak tespit edilmiştir. Hatlarda ise gözlenen allel sayısı 3 (COL) ile 7 (BARI) aralığında, etkili allel sayısı 1.410 (COL) ile 4.225 (BARI) aralığında değişmektedir. PIC değerine bakarak LEI0192 lokusunun genetik çeşitlilik çalışmalarında tüm hatlarda kullanılabilir olduğu, RIRI ve BARI hatlarında ise yüksek derecede bilgi verici olduğu söylenebilir (Çizelge 4.6).

Bu çalışmada tüm populasyonlarda LEI0192 lokusunda elde edilen allel sayısı (20 allel) Pham vd (2013) tarafından Tayvan'daki 10 ticari populasyonda elde edilen allel sayısından (25 allel) ve Hillel vd (2003) tarafından 52 tavuk populasyonunda gözlenen allel sayısından (23 allel) düşük iken, Bianchi vd (2011) tarafından İtalyan Ancona ve Livorno ırklarında bildirilen allel sayısından (10 allel) yüksektir. Pham vd (2013) tarafından allel genişliği 234-332 bç aralığında, Bianchi vd (2011) 244-370 bç aralığında olduğu bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında ise tüm populasyonlarda allel genişliği bu aralıklardan farklı olarak 256-402 bç olarak belirlenmiştir. Tüm populasyonlarda allel genişliğindeki büyük fark ve gözlenen allel sayılarına bakıldığı zaman bu lokusun polimorfizm belirlemede uygun olduğu düşünülebilir. Ancak hatlardaki allel sayıları ve özellikle etkili allel sayılarına bakıldığında LEI0192 lokusunun saf tavuk hatlarındaki genetik varyasyonu belirlemede pek uygun olmadığı görülmektedir. Özellikle RIRII, L-54 ve COL hatlarında etkili allel sayılarının çok düşük olduğu görülmektedir (Çizelge 4.6). PIC değerleri de bu görüşü desteklemektedir. Bir lokusu allel sayısından ziyade etkili allel sayısı ve PIC değeri ile değerlendirmenin daha isabetli olacağı düşünülmektedir. LEI0192 lokusu allel genişlikleri bakımından oldukça değişkendir. Bu lokusun diğer lokuslara göre mutasyona daha açık olduğu düşünülmektedir.

Çizelge 4.6. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0192 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
256	0.000	0.000	0.233	0.067	0.793	0.100
260	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000
272	0.000	0.000	0.000	0.000	0.138	0.000
284	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067
286	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.833
288	0.036	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000
290	0.107	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
292	0.250	0.000	0.000	0.000	0.034	0.000
296	0.054	0.733	0.000	0.000	0.000	0.000
300	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
302	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000
304	0.089	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
306	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
310	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000
352	0.000	0.000	0.150	0.000	0.034	0.000
354	0.000	0.000	0.333	0.433	0.000	0.000
362	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000
392	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000
394	0.000	0.000	0.217	0.483	0.000	0.000
402	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
n	28	30	30	30	29	30
Na	7	4	7	4	4	3
Ne	3.689	1.763	4.225	2.346	1.537	1.410
PIC	0.693	0.401	0.725	0.482	0.323	0.271
Fis	0.282	-0.061	0.013	-0.145	0.423	0.328

LEI0196 lokusu bakımından tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı 14 olmuştur. Tavuk hatlarında gözlenen allel sayısı 3 (COL ve RIRII) ile 7 (RIRI) aralığında değişmiştir. Etkili allel sayılarının ise 1.227 ile (COL), 3.564 (BARII) aralığında değiştiği hesaplanmıştır. LEI0196 lokusu COL tavuk hattı dışında diğer tüm populasyonlar için kullanışlıdır. Allel genişlikleri RIRI hattında 180-194 bç, RIRII hattında 182-186 bç, BARI hattında 192-202 bç, BARII hattında 192-204, L-54 hattında 178-198 bç ve COL hattında 174-184 bç aralığında değişmiştir (Çizelge 4.7).

Tüm populasyonlarda LEI0196 lokusu bakımından tespit edilen gözlenen allel sayısı (14 allel), Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında yapılan araştırmada elde edilen allel sayısı ile (15 allel) ve Tadano vd (2008b) tarafından yedi Japon minyatür tavuk ırkı ve varyetesi ile enstitü koruması altındaki kırmızı orman tavuğu populasyonunda yapılan çalışmada elde edilen allel sayısı (13) ile benzerdir. Ayrıca Tadano vd (2007a) tarafından dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkında yapılan çalışmada bulunan allel sayısından (11 allel) yüksektir. Bu çalışmada elde edilen etkili allel sayıları ve PIC değerleri ışığında COL hattı için LEI0196 lokusunun genetik varyasyonun tanımlanması bakımından uygun olmadığı düşünülmektedir.

Çizelge 4.7. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0196 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
174	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
176	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900
178	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000
180	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
182	0.034	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000
184	0.724	0.589	0.000	0.000	0.000	0.050
186	0.086	0.339	0.000	0.000	0.450	0.000
190	0.017	0.000	0.000	0.000	0.267	0.000
192	0.017	0.000	0.069	0.033	0.000	0.000
194	0.069	0.000	0.483	0.150	0.000	0.000
196	0.000	0.000	0.293	0.433	0.000	0.000
198	0.000	0.000	0.017	0.233	0.233	0.000
202	0.000	0.000	0.138	0.033	0.000	0.000
204	0.000	0.000	0.000	0.117	0.000	0.000
n	29	28	29	30	30	30
Na	7	3	5	6	4	3
Ne	1.848	2.139	2.915	3.564	3.025	1.227
PIC	0.441	0.448	0.601	0.680	0.609	0.177
Fis	0.561	0.675	0.592	0.549	0.021	0.295

Tüm populasyonlar bir arada düşünüldüğünde LEI0228 lokusunda gözlenen allel sayısı 23 olarak belirlenmiştir. Populasyonlarda gözlenen allel sayısı 5 (RIRII ve BARII) ile 9 (L-54) aralığında tespit edilirken, etkili allel sayısı ise 2.775 (BARI) ile 5.681 (L-54) aralığında hesaplanmıştır. PIC değerleri tüm populasyonlarda 0.5 değerinden yüksektir. Bu nedenle LEI0228 lokusunun tüm populasyonlarda yüksek derecede polimorfik olduğu söylenebilir (Çizelge 4.8).

LEI0228 lokusu bakımından tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı (23 allel) Tadano vd (2007b) tarafında 12 ticari tavuk hattında yapılan araştırmada elde edilen allel sayısından (16 allel) ve Tadano vd (2008b) tarafından yedi Japon minyatür tavuk ırkında tespit edilen gözlenen allel sayısından (17 allel) yüksektir. Allel genişlikleri her iki çalışmada bildirilen allel genişlikleri ile uyumludur. Allel genişliğinin büyük olması, hatlarda elde edilen allel ve etkili allel sayıları ve PIC değerleri göz önüne alınarak LEI0228 lokusunun tavuk hatları için son derece kullanışlı bir marker olduğunu göstermektedir.

LEI0228 lokusunda elde edilen Fis değerleri RIRII ve COL hattı için yüksek seviyelerde akrabalığı işaret etmektedir. Saf hatlarda tespit edilen bu yüksek akrabalık seviyesi populasyonların geleceği ve seleksiyon çalışmaları bakımından potansiyel tehlikedir.

Çizelge 4.8. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0228 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
160	0.000	0.000	0.069	0.000	0.000	0.050
162	0.000	0.000	0.345	0.018	0.071	0.317
164	0.000	0.000	0.000	0.411	0.000	0.000
176	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
198	0.000	0.000	0.000	0.000	0.286	0.017
200	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.033
206	0.533	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
210	0.000	0.417	0.000	0.000	0.000	0.000
212	0.000	0.133	0.000	0.000	0.018	0.000
214	0.000	0.000	0.017	0.000	0.018	0.067
216	0.000	0.000	0.000	0.000	0.107	0.267
218	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
220	0.033	0.000	0.017	0.125	0.089	0.000
224	0.133	0.000	0.000	0.321	0.000	0.000
226	0.000	0.217	0.000	0.000	0.000	0.000
228	0.000	0.217	0.000	0.000	0.000	0.000
230	0.033	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000
236	0.100	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000
240	0.000	0.000	0.052	0.000	0.000	0.000
244	0.000	0.000	0.483	0.125	0.000	0.000
254	0.000	0.000	0.000	0.000	0.054	0.000
258	0.000	0.000	0.000	0.000	0.214	0.000
268	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000
n	30	30	29	28	28	30
Na	7	5	7	5	9	7
Ne	3.045	3.501	2.775	3.294	5.681	4.128
PIC	0.645	0.668	0.578	0.644	0.802	0.718
Fis	0.024	0.408	-0.007	-0.059	0.065	0.355

Tüm hatlarda LEI0234 lokusunda toplam 18 allel gözlenmiştir. Hatlarda gözlenen allel sayısı 5 (BARII, COL) ile 9 (RIRI, L-54) aralığında değişmiştir. Etkili allel sayısı en düşük 2.601 ile BARI ve L-54 hatlarında, en yüksek 6.837 ile RIRI hattında hesaplanmıştır. Allel genişlikleri RIRI, RIRII, BARI, BARII, L-54 ve COL populasyonlarında sırasıyla 294-314 bç, 294-312 bç, 216-296 bç, 216-302 bç, 224-312 bç ve 218-288 bç aralıklarında tespit edilmiştir. Tüm populasyonlarda PIC değeri 0.5'den büyüktür. Çalışılan tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin gösterilmesinde LEI0234 lokusu oldukça kullanışlıdır (Çizelge 4.9).

Çizelge 4.9. Çalışılan tavuk hatlarında LEI0234 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
216	0.000	0.000	0.017	0.411	0.000	0.000
218	0.000	0.000	0.100	0.268	0.000	0.033
220	0.000	0.000	0.583	0.000	0.000	0.233
224	0.000	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000
272	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000
284	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.100
286	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.100
288	0.000	0.000	0.000	0.196	0.067	0.533
292	0.000	0.000	0.083	0.071	0.000	0.000
294	0.017	0.033	0.067	0.000	0.033	0.000
296	0.172	0.133	0.150	0.000	0.000	0.000
298	0.172	0.283	0.000	0.000	0.000	0.000
300	0.138	0.183	0.000	0.000	0.000	0.000
302	0.207	0.050	0.000	0.054	0.067	0.000
304	0.121	0.117	0.000	0.000	0.050	0.000
310	0.052	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000
312	0.069	0.183	0.000	0.000	0.067	0.000
314	0.052	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
n	29	30	30	28	30	30
Na	9	8	6	5	9	5
Ne	6.837	5.471	2.601	3.484	2.601	2.777
PIC	0.837	0.793	0.584	0.666	0.597	0.594
Fis	0.249	0.603	0.578	-0.034	0.684	0.286

Bu tez çalışmasında tüm populasyonlarda LEI0234 lokusu bakımından tespit edilen gözlenen allel sayısı Granevitze vd (2007) tarafından 64 değişik populasyonda (28 allel) ve Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabwe populasyonlarında (22 allel) bildirilen gözlenen allel sayılarından düşük iken, Bianchi vd (2011) tarafından İtalyan ırklarında bildirilen değerden (14 allel) ve Zanetti vd (2011) tarafından İtalya'da koruma altındaki dört ırkta tespit edilen gözlenen allel sayısından (16) yüksektir. Mtileni vd (2011) koruma altındaki dört populasyonda gözlenen allel sayılarının 4-6 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bizim çalışmamızda populasyonlarda gözlenen allel sayıları 5 ile 9 arasında değişmektedir. LEI0234 lokusu için populasyonlarda gözlenen allel sayısı ve PIC değerleri yüksek seviyelerde genetik varyasyonu işaret etmektedir.

MCW0020 lokusunda tüm populasyonlar için gözlenen allel sayısı 6 (175, 177, 179, 181, 183, 185) olarak tespit edilmiştir. RIRI, BARI ve L-54 hatlarında elde edilen allel sayısı 4, ile RIRII, BARII ve COL hatlarında ise 5 olarak belirlenmiştir. Etkili allel sayısı 2.118 ile en düşük BARII populasyonunda hesaplanırken, en yüksek RIRI populasyonunda 2.951 olarak hesaplanmıştır. Allel genişlikleri RIRI, RIRII, BARI, BARII, L-54 ve COL hatlarında sırasıyla 175-181 bç, 177-185 bç, 175-183 bç, 177-185, 177-185 bç ve 175-183 bç aralığında değişmektedir. Altı farklı saf hatta en yaygın bulunan allel 175 bç uzunluğundaki allel iken, en nadir görülen allel 185 bç

uzunluğundaki allel olmuştur. MCW0020 lokusunda en yüksek gen frekansı BARII hattında 179 bç uzunluğundaki allelde, en düşük gen frekansı ise BARI hattında 181 bç uzunluğundaki allelde tespit edilmiştir. PIC içeriği RIRI, RIRII ve COL hatlarında 0.50 değerinden büyük, BARI, BARII ve L-54 hatlarında 0.50 değerine çok yakın bulunmuştur (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0020 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
175	0.074	0.000	0.317	0.034	0.000	0.019
177	0.481	0.133	0.567	0.103	0.093	0.096
179	0.185	0.467	0.000	0.655	0.648	0.346
181	0.259	0.317	0.017	0.034	0.000	0.481
183	0.000	0.050	0.100	0.000	0.167	0.058
185	0.000	0.033	0.000	0.172	0.093	0.000
n	27	30	30	29	27	26
Na	4	5	4	5	4	5
Ne	2.951	2.946	2.316	2.118	2.150	2.748
PIC	0.606	0.603	0.495	0.490	0.496	0.572
Fis	0.234	0.804	0.600	0.619	0.188	0.292

Bu çalışmadaki MCW0020 lokusu için populasyonlarda gözlenen allel sayıları (6 allel) Cuc vd (2006) tarafından H'mong tavuklarında (5 allel), Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabwe populasyonlarında (4 allel), Granevitze vd (2007) tarafından 64 değişik populasyonda (5 allel), Mtileni vd (2011) tarafından Güney Afrika köy tavuklarından üç populasyonda (4 allel) ve koruma altında bulunan dört populasyonda (4 allel) ve Zanetti vd (2010) tarafından koruma altındaki altı İtalyan populasyonunda (4 allel) bildirilmiş gözlenen allel sayıları ile uyumludur. Benzer olarak bu çalışmada elde edilen allel genişlikleri (175-185 bç) yukarıdaki çalışmalarda bildirilen değerler ile uyumludur. MCW0020 lokusunda elde edilen allel sayısı, allel genişlikleri ve PIC değerleri ışığında bu lokusun yerel tavuk ırklarında, koruma altındaki populasyonlarda ve kendi içerisinde yetiştirilen saf hatlarda genetik polimorfizm düzeyinin ölçülmesinde çok kullanışlı bir marker olduğu söylenebilir.

MCW0037 lokusu bakımından çalışılan populasyonlarda gözlenen allel sayısı 9 (148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 166, 172) olarak belirlenmiştir. Populasyon bazında en düşük gözlenen allel sayısı BARII ve L-54 (3 allel) populasyonlarında, en yüksek allel sayısı RIRII (7 allel) populasyonunda belirlenmiştir. 2.375 ile en düşük etkili allel sayısı BARII hattında, 4.379 ile en yüksek RIRI populasyonunda hesaplanmıştır. Çalışılan populasyonlarda en yaygın görülen allel 152 bç'lik allel, en nadir görülen allel ise 156 ve 172 bç uzunluğundaki alleller olmuştur. PIC değerleri incelendiğinde en düşük değer COL (0.481) hattında, en yüksek değer ise RIRI (0.734) hattında olduğu görülmektedir. MCW0037 lokusu çalışılan tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi için uygun bir markerdir (Çizelge 4.11).

Çizelge 4.11. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0037 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
148	0.196	0.103	0.000	0.000	0.000	0.000
150	0.304	0.500	0.033	0.000	0.000	0.267
152	0.250	0.241	0.533	0.571	0.000	0.617
154	0.018	0.034	0.233	0.250	0.000	0.000
156	0.000	0.000	0.000	0.000	0.345	0.000
158	0.179	0.017	0.000	0.000	0.517	0.050
160	0.000	0.086	0.000	0.000	0.000	0.067
166	0.054	0.017	0.200	0.179	0.000	0.000
172	0.000	0.000	0.000	0.000	0.138	0.000
n	28	29	30	28	29	30
Na	6	7	4	3	3	4
Ne	4.379	3.047	2.631	2.375	2.466	2.181
PIC	0.734	0.630	0.561	0.513	0.516	0.481
Fis	0.322	0.348	0.370	0.399	0.548	0.581

Bu tez çalışmasında tüm populasyonlarda MCW0037 lokusunda tespit edilen gözlenen allel sayısı (9 allel) literatürdeki diğer çalışmalara göre yüksektir. Gözlenen allel sayısını Granevitze vd (2007) 64 değişik populasyonda 7, Hillel vd (2003) 52 farklı populasyonda 5, Tadano vd (2007a) dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkında 3, Cuc vd (2006) tarafından H'mong tavuklarında 3, Muchadeyi vd (2007) Zimbabve populasyonlarında 7, Bianchi vd (2011) Ancona ve Livorno ırklarında 3, Zanetti vd (2010) koruma altındaki altı İtalyan ırkında 5, Tadano vd (2007b) 12 ticari tavuk hattında 3, Pham vd (2013) Tayvan'daki 10 ticari populasyonda 4 olarak belirlemiştir. Mtileni vd (2011) tarafından Güney Afrika Ziraat Bakanlığı tarafından koruma altında bulunan dört populasyonda (Venda, Ovambo, Naked Neck, Potchefstroom Koekoek) gözlenen allel sayıları sırasıyla 4, 4, 4 ve 3 olarak bildirilmiştir. Benzer bulgular bizim çalışmamızda BARI, BARII, L-54 ve COL hatlarında elde edilmiştir, ancak RIRI ve RIRII hatlarında elde edilen allel sayıları literatürde bildirilen değerlerden yüksektir. Cuc vd (2006) tarafından allel genişliği 154-158 bç olarak bildirilirken, Muchadeyi vd (2007) ve Bianchi vd (2011) tarafından 154-160 bç olarak bildirilmiş, Mtileni vd (2011) tarafından ise 154-159 bç olarak bildirilmiştir. Literatürdeki en ekstrem allel genişliği 146-273 ile Dorji vd (2011) tarafından bildirilmiştir. Bizim elde ettiğimiz değerler (148-172 bç) literatürdeki bildirilen değerlerin çoğundan yüksektir. Yapılan çalışmada elde edilen allel sayılarının ve allel genişliklerinin birçok çalışmaya göre yüksek olmasının nedeni bazı çalışmalara göre nispeten daha fazla populasyon kullanılması olabilir. Bu çalışmada kullanılan saf hatlarda farklı kriterlere göre yapılan seleksiyon işlemi populasyonlarda farklı allellerin sabitlenmesine neden olmuş olabilir. Bu durumda, tüm populasyonlar bir arada düşünüldüğünde allel sayısı artmaktadır.

Çalışılan altı farklı tavuk hattında MCW0067 lokusunda toplam yedi farklı allel (174, 176, 178, 180, 182, 184, 186) tespit edilmiştir. RIRI, RIRII ve COL hatlarında gözlenen allel sayısı 6 iken BARI, BARIİ ve L-54 hatlarında 5 olarak bulunmuştur. Etkili allel sayısı 2.066 (L-54) ile 4.467 (RIRI) aralığında hesaplanmıştır. Populasyonlarda en yaygın görülen alleller 174, 176 ve 182 bç uzunluğundaki alleller iken en nadir görülen alleller 184 ve 186 bç uzunluğundaki alleller olmuştur. Allel frekansı en büyük olan allel RIRII hattında 186 bç uzunluğundaki allel iken frekansı en düşük olan allel RIRII ve BARI hattındaki 174 bç uzunluğundaki allel ile BARI ve L-54 hatlarındaki 180 bç uzunluğundaki allellerdir. MCW0067 lokusu RIRI, RIRII, BARIİ ve COL hatlarında genetik çeşitliliğin tanımlanmasında yüksek derecede bilgi verici bir marker iken ($PIC > 0.50$) BARI ve L-54 hatlarında orta düzeyde ($0.25 < PIC < 0.50$) bilgi vermektedir (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0067 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{is})

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARIİ	L-54	COL
174	0.036	0.017	0.017	0.100	0.033	0.033
176	0.286	0.033	0.050	0.033	0.033	0.200
178	0.196	0.000	0.533	0.583	0.633	0.250
180	0.000	0.067	0.017	0.067	0.017	0.000
182	0.196	0.067	0.383	0.217	0.283	0.333
184	0.250	0.167	0.000	0.000	0.000	0.150
186	0.036	0.650	0.000	0.000	0.000	0.033
n	28	30	30	30	30	30
N_a	6	6	5	5	5	6
N_e	4.467	2.171	2.301	2.482	2.066	4.195
PIC	0.740	0.507	0.479	0.553	0.449	0.723
F_{is}	0.326	0.880	0.308	0.400	0.177	0.228

Tüm populasyonlar için MCW0067 lokusunda elde edilen allel sayısı Hillel vd (2003) 52 farklı populasyonda, Granevitze vd (2007) 64 değişik populasyonda, Zanetti vd (2011) tarafından koruma altındaki dört populasyonda, Pham vd (2013) tarafından 10 ticari populasyonda bildirilen allel sayısıylabenzelik gösterirken, Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında bildirilen allel sayısından (3 allel) yüksektir. Bu tez çalışmasında altı farklı populasyonda tespit edilen gözlenen allel sayıları Mtileni vd (2011) tarafından koruma altında bulunan Venda, Ovambo, Naked Neck, Potchefstroom Koekoek (gözlenen allel sayıları sırasıyla 3, 4, 4, 3) populasyonlarında bildirilenlerden yüksektir.

MCW0069 lokusunda tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı 10 (152, 154, 156, 158, 160, 162,164, 166, 168, 170) olarak tespit edilmiştir. Populasyonlarda gözlenen allel sayıları 4 (RIRI, BARIİ) ile 6 (BARI) arasında değişmiştir. Etkili allel sayısı en düşük BARIİ hattında (1.842), en yüksek BARI hattında (3.964) hesaplanmıştır. PIC değerlerine bakıldığında MCW0069 lokusunun BARIİ ve RIRI hatlarında orta düzeyde bilgi verici olduğu, RIRII, BARI, L-54 ve COL hatlarında ise yüksek düzeyde bilgi verici olduğu söylenebilir (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0069 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
152	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.217
154	0.600	0.433	0.250	0.286	0.000	0.350
156	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.150
158	0.333	0.383	0.167	0.018	0.000	0.267
160	0.000	0.000	0.383	0.679	0.173	0.000
162	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000
164	0.000	0.000	0.000	0.018	0.019	0.000
166	0.050	0.083	0.000	0.000	0.596	0.017
168	0.017	0.050	0.050	0.000	0.019	0.000
170	0.000	0.000	0.000	0.000	0.192	0.000
n	30	30	30	28	26	30
Na	4	5	6	4	5	5
Ne	2.110	2.884	3.964	1.842	2.363	3.797
PIC	0.443	0.590	0.711	0.381	0.527	0.690
Fis	0.130	-0.003	0.081	-0.154	0.086	0.515

Literatürdeki çalışmalar MCW0069 lokusu bakımından incelendiğinde en yüksek gözlenen allel sayısı 12 ile Hillel vd (2003) tarafından 52 popülasyonda ve Pham vd (2013) tarafından 10 ticari popülasyonda bildirilmiştir. Bizim çalışmamızda elde edilen allel sayısı Zanetti vd (2011) tarafından, Granevitze vd (2007) tarafından, Cuc vd (2006) tarafından, Muchadeyi vd (2007) tarafından ve Bianchi vd (2011) tarafından bildirilen allel sayıları ile benzerlik gösterirken, Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında bildirilen allel sayısından (7 allel) yüksektir. Mtileni vd (2011) tarafından Güney Afrika'da üç farklı tavuk popülasyonunda gözlenen allel sayılarının 7-9 arasında, dört farklı koruma popülasyonunda ise 3-5 arasında değiştiği bildirilmiştir. Bizim çalışmamızda popülasyonlarda gözlenen allel sayıları 4-6 aralığında değişmiştir. Bulunan değerler beklendiği gibi yerli ırklardaki değerlerden küçük, koruma altındaki tavuk popülasyonlarında elde edilenlerden yüksek çıkmıştır.

MCW0078 lokusunda tüm popülasyonlarda 8 allel (131, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147) gözlenmiştir. En yüksek gözlenen allel sayısı 6 ile RIRI hattında, en düşük 4 ile BARII ve COL hatlarında tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı en düşük RIRII, en yüksek RIRI popülasyonunda hesaplanmıştır. PIC değerleri ve etkili allel sayılarına bakılarak MCW0078 lokusunun RIRII, BARI, BARII, L-54 ve COL hatlarında genetik varyasyonun gösterilmesinde orta düzeyde bilgi verici olduğu, RIRI hattında ise yüksek düzeyde bilgi verdiği belirtilebilir (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.14. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0078 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
131	0.000	0.017	0.000	0.000	0.017	0.107
135	0.019	0.033	0.067	0.100	0.100	0.696
137	0.000	0.067	0.733	0.583	0.033	0.000
139	0.463	0.800	0.033	0.033	0.783	0.161
141	0.130	0.000	0.150	0.283	0.067	0.000
143	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
145	0.019	0.000	0.017	0.000	0.000	0.036
147	0.352	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000
n	27	30	30	30	30	28
Na	6	5	5	4	5	4
Ne	2.809	1.531	1.766	2.316	1.588	1.909
PIC	0.579	0.331	0.403	0.504	0.351	0.438
Fis	-0.190	0.438	0.248	0.370	0.117	0.118

Bu tez çalışmasında MCW0078 lokusu için tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı 8 olarak tespit edilmiştir. Muchadeyi vd (2007) Zimbabve populasyonlarında gözlenen allel sayısını 6 olarak, Granevitze vd (2007) 64 değişik populasyonda 7 olarak, Zanetti vd (2010) koruma altındaki altı İtalyan ırkında 7 olarak bildirmiştir. Pham vd (2013) tarafından 10 ticari populasyonda daha gözlenen allel sayısını daha düşük (5 allel) tespit etmiştir. MCW0078 lokusunda literatürdeki en düşük gözlenen allel sayısı 3 allel ile Cuc vd (2006) tarafından H'mong tavuklarında ve Bianchi vd (2011) tarafından Ancona ve Livorno tavuklarında bildirilmiştir. Bu düşük allel sayılarının düşük populasyon sayısından ya da populasyonlardan seçilen örneklerden kaynaklandığı düşünülmektedir. Çalışmada elde edilen allel genişlikleri Muchadeyi vd (2007), Bianchi vd (2011) ve Mtileni vd (2011) tarafından bildirilen allel genişlikleriyle benzerdir.

Tüm populasyonlar için MCW0081 lokusunda gözlenen allel sayısı 8 (112, 114, 116, 118, 120, 126, 128, 130) olarak tespit edilmiştir. Populasyonlarda gözlenen allel sayıları 3 (RIRII, BARI, BARII ve COL) ile 6 (L-54) aralığında değişmiştir. Etkili allel sayısı en düşük (1.106) BARI populasyonunda, en yüksek (3.422) L-54 populasyonunda hesaplanmıştır. PIC 0.094 (BARI) ile 0.668 (L-54) aralığında belirlenmiştir (Çizelge 4.15).

Hillel vd (2003) tarafından MCW0081 lokusunda gözlenen allel sayısı 12 olarak belirlenmiştir. Benzer olarak Granevitze vd (2007) ve Muchadeyi vd (2007) tarafından gözlenen allel sayıları 11 olarak, Zanetti vd (2011) tarafından 10 olarak bildirilmiştir. Bu dört çalışmanın ortak özelliği farklı ırklardan çok sayıda populasyonda yapılmasıdır. Populasyon sayısının ya da ırk sayısının çok olması farklı ırklarda ırka özgü allellerin farklı olmasından dolayı gözlenen allel sayısını artırmaktadır. Buna karşın tek populasyonun çalışıldığı H'mong tavuklarında gözlenen allel sayısı 5 olarak (Cuc vd 2006), Ancona ve Livorno ırklarından oluşan iki populasyonda ise gözlenen allel sayısı 7 olarak bildirilmiştir (Bianchi vd 2011).

Çizelge 4.15. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0081 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
112	0.033	0.103	0.000	0.167	0.000	0.367
114	0.200	0.655	0.033	0.000	0.250	0.400
116	0.583	0.000	0.000	0.000	0.033	0.000
118	0.017	0.241	0.000	0.000	0.117	0.233
120	0.167	0.000	0.017	0.000	0.050	0.000
126	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000
128	0.000	0.000	0.000	0.117	0.000	0.000
130	0.000	0.000	0.950	0.717	0.450	0.000
n	30	29	30	30	30	30
Na	5	3	3	3	6	3
Ne	2.442	2.007	1.106	1.801	3.422	2.866
PIC	0.541	0.441	0.094	0.402	0.668	0.576
Fis	0.226	0.055	-0.024	0.562	-0.019	0.248

Yapılan bu tez çalışmasında farklı genetik kökenlerden gelen saf hatlarda gözlenen allel sayısı 8 bulunmuştur. Benzer olarak Pham vd (2013) 10 ticari populasyonda allel sayısının 7 olarak belirlemiştir. Bu çalışmalardan farklı olarak Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında gözlenen allel sayısının 6 olduğunu bildirmiştir. Cuc vd (2006) MCW0081 lokusunda allel genişliğini 112-135 bç, Muchadeyi vd (2007) 112-145 bç, Tadano vd (2007b) 109-131, Mtileni vd (2011) 114-135 bç olarak bildirmiştir. MCW0081 lokusunda bu tezde elde edilen allel genişliği literatürde bildirilenler ile benzerlik göstermektedir. Bu çalışmada populasyonlar içinde gözlenen allel sayıları, etkili allel sayıları, PIC değerleri ve allel genişliklerine bakarak MCW0081 lokusunun BARI hattında genetik varyasyonun gösterilmesi için uygun olmadığı, diğer hatlarda ise kullanılabilir olduğu söylenebilir.

Altı farklı saf hatta MCW0111 lokusunda dört farklı allel (98, 100, 102, 104) belirlenmiştir. Çalışılan 22 lokusta allel genişliği olarak en dar lokusun MCW0111 lokusu olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlarda gözlenen allel sayıları 2 (RIRI) ile 4 (L-54, COL) arasında değişmektedir. Etkili allel sayıları bakımından en düşük (1.362) olan tavuk hattı BARII populasyonu, en yüksek (2.651) RIRII populasyonu olmuştur. 98 ve 100 bç'lik alleller tüm populasyonlarda gözlenirken 104 bç'lik allel yalnızca üç populasyonda gözlenmiştir. En yüksek allel frekansı BARII hattında 100 bç'lik allelde elde edilmiştir. PIC değeri en düşük (0.250) BARII hattında, en yüksek (0.551) RIRII hattında belirlenmiştir. Etkili allel sayıları ve PIC değerlerine bakılarak MCW0111 lokusu çalışılan diğer lokuslar ile karşılaştırılırsa genel anlamda genetik varyasyon tespiti çalışmalarında çok kullanışlı olmadığı söylenilebilir (Çizelge 4.16).

Çizelge 4.16. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0111 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
98	0.621	0.500	0.100	0.083	0.100	0.117
100	0.379	0.283	0.833	0.850	0.783	0.583
102	0.000	0.217	0.000	0.067	0.100	0.033
104	0.000	0.000	0.067	0.000	0.017	0.267
n	29	30	30	30	30	30
Na	2	3	3	3	4	4
Ne	1.889	2.651	1.410	1.362	1.577	2.346
PIC	0.360	0.551	0.271	0.250	0.341	0.513
Fis	0.858	0.425	0.554	0.757	0.377	0.203

Hillel vd (2003) MCW0111 lokusunda gözlenen allel sayısının 9, Granevitze vd (2007) 11, Zanetti vd (2011) 10 olduğunu bildirmiştir. Bu çalışmalardan farklı olarak Cuc vd (2006) H'mong tavuklarında 7, Muchadeyi vd (2007) Zimbabve populasyonlarında 7, Bianchi vd (2011) Ancona ve Livorno tavuklarında 5 olarak bildirmiştir. Bu tez çalışmasında tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı (4 allel) ve hatlarda gözlenen allel sayısı (Çizelge 4.16) Mtileni vd (2011) tarafından koruma altındaki populasyonlarda, Dorji vd (2011) tarafından ticari hatlarda ve Pham vd (2013) tarafından ticari populasyonlarda bildirilen değerlerle benzerlik göstermektedir. Muchadeyi vd (2007) tarafından MCW0111 lokusunda allel genişliği 98-114 bç, Zanetti vd (2010) tarafından 98-106 bç, Mtileni vd (2011) tarafından 98-114 bç, Pham vd (2013) tarafından 96-106 bç olarak bildirilmiştir. Bizim çalışmalarımızda elde edilen allel genişlikleri bu çalışmalar ile benzerlik göstermektedir.

Çalışılan altı populasyonda MCW0123 lokusu bakımından yedi allel (88, 90, 92, 94, 96, 98, 100) tespit edilmiştir. Populasyonlarda gözlenen allel sayısı 2 (BARI, L-54) ile 6 (RIRI) aralığında, etkili allel sayısı 1.193 (RIRII) ile 3.197 (RIRI) aralığında değişmektedir. PIC değerleri bu lokusun RIRII ve L-54 populasyonları için uygun olmadığını, BARI, BARII ve COL hatlarında orta düzeyde, RIRI hattında ise yüksek seviyede bilgi sağladığını işaret etmektedir (Çizelge 4.17).

Yapılan bu tez çalışmasında tüm populasyonlar için MCW0123 lokusunda tespit edilen gözlenen allel sayısı yerli tavuk ırklarında yapılan çalışmalarda elde edilen allel sayılarından düşükken (Cuc vd 2006; Muchadeyi vd 2007; Tadano vd 2008b), Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında bildirilen allel sayısı ile benzerlik göstermiştir. MCW0123 lokusu allel genişliği bakımından incelendiğinde literatürde farklılıklar göze çarpmaktadır. Örneğin Zanetti vd (2010) MCW0123 lokusundaki allel genişliğini 112-134 bç aralığında bildirirken, Tadano vd (2008b) 77-94 bç, Mtileni vd (2011) ise 80-94 bç aralığında bildirmiştir. Allel genişliğindeki bu farklılık MCW0123 lokusunun mutasyon oranı daha yüksek bir bölgede bulunabileceğini işaret etmektedir.

Çizelge 4.17. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0123 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
88	0.000	0.000	0.207	0.161	0.000	0.667
90	0.017	0.017	0.000	0.036	0.000	0.000
92	0.167	0.017	0.000	0.000	0.000	0.019
94	0.500	0.914	0.793	0.804	0.000	0.278
96	0.083	0.052	0.000	0.000	0.907	0.000
98	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019
100	0.133	0.000	0.000	0.000	0.093	0.019
n	30	29	29	28	27	27
Na	6	4	2	3	2	5
Ne	3.197	1.193	1.488	1.486	1.202	1.913
PIC	0.653	0.156	0.274	0.292	0.154	0.408
Fis	0.047	0.585	-0.033	0.253	-0.083	-0.145

Bu çalışmada RIRII ve BARII populasyonlarında MCW0123 lokusunda tespit edilen Fis değerleri yüksek seviyelerdedir. RIRI, BARI, L-54 ve COL hatlarında ise düşük seviyelerde olduğu ve bu hatlarda akrabalığın tehlikeli boyutlarda olmadığı söylenebilir. Ancak bu değerlendirmeyi yaparken tek lokus üzerinden değerlendirme yapmanın yanıltıcı olabileceği unutulmamalıdır. Lokus sayısının artırılması ve çok sayıda lokusun bir arada düşünülerek değerlendirme yapılması daha sağlıklı olacaktır.

Tüm populasyonlarda MCW0183 lokusunda 14 allel (292, 294, 296, 298, 308, 310, 312, 314, 318, 320, 322, 328, 330, 334) gözlenmiştir. Gözlenen allel sayısı populasyonlarda 4 (RIRI, BARII) ile 7 (L-54) aralığında değişmektedir. En yaygın allelin 296 bç'lik allel olduğu ve tüm populasyonlarda sabitlendiği görülmektedir. MCW0183 lokusunda en yüksek PIC değeri L-54 hattında en düşük PIC değeri RIRI hattında elde edilmiştir (Çizelge 4.18).

Bu çalışmada MCW0183 lokusunda gözlenen allel sayısı Dorji vd (2011) tarafından Tayland populasyonlarında ve ticari populasyonlarda bildirilen allel sayısı ve Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabve populasyonlarında bildirilen allel sayıları ile benzerlik gösterirken Hillel vd (2003) ve Granevitze vd (2007) tarafından bildirilen değerlerden düşüktür. Populasyonlarda elde edilen allel sayıları Mtileni vd (2011) tarafından Güney Kore populasyonlarında bildirilenden düşük iken koruma populasyonlarında bildirilenlerle benzerdir. Ayrıca tüm populasyonlarda gözlenen allel sayıları Pham vd (2013) tarafından 10 adet Tayvan ticari populasyonunda ve Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari tavuk hattında gözlenen allel sayısından (7 allel) yüksektir. Bu çalışmada elde edilen allel genişlikleri (292-334) daha önce yapılan çalışmalara göre biraz daha yüksektir. Örneğin Muchadeyi vd (2007) ve Mtileni vd (2011) tarafından MCW0183 lokusunda allel genişliği 296-326 olarak, Tadano vd (2008b) tarafından 292-314 bç olarak, Mtileni vd (2011) ise 80-94 bç aralığında bildirilmiştir.

Çizelge 4.18. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0183 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
292	0.034	0.000	0.067	0.000	0.000	0.067
294	0.000	0.017	0.000	0.000	0.019	0.083
296	0.103	0.183	0.417	0.429	0.370	0.767
298	0.776	0.667	0.000	0.000	0.278	0.033
308	0.000	0.000	0.000	0.000	0.074	0.000
310	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050
312	0.000	0.017	0.000	0.000	0.130	0.000
314	0.000	0.000	0.000	0.000	0.093	0.000
318	0.000	0.000	0.033	0.018	0.000	0.000
320	0.000	0.000	0.233	0.000	0.000	0.000
322	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000	0.000
328	0.086	0.117	0.000	0.000	0.037	0.000
330	0.000	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000
334	0.000	0.000	0.217	0.196	0.000	0.000
n	29	30	30	28	27	30
Na	4	5	6	4	7	5
Ne	1.609	2.032	3.550	2.856	4.050	1.659
PIC	0.355	0.464	0.674	0.579	0.717	0.379
Fis	0.557	0.358	0.273	0.302	0.280	0.509

Tüm hatlarda MCW0248 lokusunda toplam 7 allel (215, 217, 219, 221, 223, 225, 227) gözlenmiştir. En düşük gözlenen allel BARII hattında (2 allel) en yüksek RIRI, RIRII, BARI ve COL hatlarında elde edilmiştir. En düşük etkili allel sayısı 1.918 ile BARII hattında, en yüksek etkili allel sayısı 4.137 ile RIRI hattında hesaplanmıştır. PIC değeri populasyonlarda 0.364 ile 0.719 aralığında değişmiştir (Çizelge 4.19).

Bu tez çalışmasında tüm populasyonlarda MCW0248 lokusunda gözlenen allel sayısı 7 olarak tespit edilmiştir. Granevitze vd (2007) tarafından 64 populasyonda yapılan çalışmada 11 allel, Dorji vd (2011) tarafından dört Tayland ve üç ticari ırk olmak üzere toplam yedi populasyonda 12 allel elde edilmiştir. Bu çalışmalardaki yüksek allel sayısının çok sayıda populasyon ve özellikle yetiştirilme şekli farklı (yerli ırklar, seleksiyon uygulanan ırklar gibi) populasyonlar kullanılmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu çalışmalardan farklı olarak Zhou ve Lamont (1999) Leghorn, Kırmızı orman tavuğu, Fayoumi ve İspanyol ırklarından elde edilen 23 melez tavuk hattında gözlenen allel sayısını 2 olarak, Tadano vd (2007b) 12 ticari tavuk hattında gözlenen allel sayısını 3 olarak, Pham vd (2013) 10 adet Tayvan ticari populasyonunda 4 olarak bildirmiştir. Bu değerlerin bizim bulduğumuz değerlerden düşük çıkmasının nedeni diğer çalışmalardaki populasyonlarda seleksiyonun daha uzun süre uygulanması olabilir. Örneğin Tayvan ticari populasyonları 1980'lerden beri, Tadano vd (2007b) tarafından yapılan çalışmadaki hatlar içinde 1970'lerden beri seleksiyon uygulanmaktadır. Belli verim özellikleri için yapılan seleksiyonun genetik çeşitliliği düşürdüğü buna bağlı olarak da allel sayılarının düşük çıktığı düşünülebilir.

Çizelge 4.19. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0248 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
215	0.071	0.017	0.071	0.000	0.000	0.117
217	0.339	0.050	0.446	0.603	0.000	0.667
219	0.196	0.300	0.429	0.000	0.000	0.017
221	0.250	0.050	0.000	0.000	0.036	0.100
223	0.143	0.583	0.000	0.397	0.429	0.100
225	0.000	0.000	0.018	0.000	0.071	0.000
227	0.000	0.000	0.036	0.000	0.464	0.000
n	28	30	28	29	28	30
Na	5	5	5	2	4	5
Ne	4.137	2.296	2.566	1.918	2.465	2.091
PIC	0.719	0.499	0.532	0.364	0.510	0.491
Fis	0.403	0.365	0.830	-0.647	-0.184	0.502

Çalışılan tavuk hatlarında MCW0287 lokusunda gözlenen allel sayısı 10 (226, 232, 234, 238, 240, 242, 244, 248, 250, 252) olmuştur. Populasyonlar içinde en düşük allel sayısı L-54 ve COL hatlarında (4 allel), en yüksek BARI ve BARII hatlarında (6 allel) gözlenmiştir. Etkili allel sayısı 3.797 ile en yüksek BARI hattında, 1.533 ile en düşük L-54 hattında hesaplanmıştır. En yaygın allel tüm populasyonlarda görülen 240 bç'lik allel olmuştur. En nadir görülen alleller ise BARII hattında 226 bç'lik allel, RIRII hattında 250 bç'lik allel, L-54 hattında 252 bç'lik alleldir. Polimorfizm bilgi içeriği değerlerine bakıldığında MCW0287 lokusunun RIRII ve L-54 hatlarında orta seviyede, RIRI, BARI, BARII ve COL hatlarında yüksek seviyede bilgi verici olduğu söylenebilir (Çizelge 4.20).

Tadano vd (2007a) dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkında MCW0287 lokusunda gözlenen allel sayısını 14, Tadano vd (2007b) on iki ticari tavuk hattında 9 olarak bildirmiştir. Tadano vd (2008b) tarafından yedi Japon minyatür tavuk ırkında 11 olarak bildirilmiştir. Tadano vd (2007a) tarafından allel genişliği 228-260 bç, Tadano vd (2007b) tarafından allel genişliği 228-248 bç, Tadano vd (2008b) tarafından ise 223-260 bç olarak bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında elde ettiğimiz değerler yukarıdaki çalışmalar ile benzerlik göstermektedir. Allel sayıları, allel genişlikleri ve PIC değerlerine (Çizelge 4.20) bakılarak MCW0287 lokusunun tavuk hatlarında genetik çeşitliliğin gösterilmesinde uygun bir marker olduğu belirtilebilir.

Çizelge 4.20. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0287 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
226	0.000	0.000	0.000	0.192	0.000	0.000
232	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.089
234	0.052	0.000	0.133	0.231	0.111	0.000
238	0.172	0.173	0.050	0.038	0.000	0.321
240	0.621	0.038	0.350	0.019	0.074	0.571
242	0.000	0.750	0.333	0.462	0.019	0.000
244	0.034	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
248	0.121	0.000	0.050	0.058	0.000	0.018
250	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
252	0.000	0.000	0.000	0.000	0.796	0.000
n	29	26	30	26	27	28
Na	5	5	6	6	4	4
Ne	2.307	1.682	3.797	3.242	1.533	2.282
PIC	0.528	0.369	0.695	0.646	0.325	0.487
Fis	0.586	0.817	0.381	-0.093	0.166	0.568

MCW301 lokusu bakımından tüm populasyonlarda gözlenen allel sayısı 9 (260, 262, 264, 266, 268, 270, 272, 274, 278) olmuştur. Populasyonlar içinde gözlenen allel sayılarının 4 ile 7 arasında değiştiği belirlenmiştir. En düşük etkili allel sayısı 2.148 ile RIRII hattında, en yüksek etkili allel sayısı 4.904 ile BARII hattında tespit edilmiştir. Çalışılan populasyonlarda PIC değeri 0.451 (COL) ile 0.769 (BARII) aralığında belirlenmiştir. Etkili allel sayıları PIC değerleri MCW0301 lokusunun saf tavuk hatlarındaki genetik varyasyonun gösterilmesinde çok uygun olduğunu işaret etmektedir (Çizelge 4.21).

Bu tez çalışmasında MCW0301 lokusunda tüm populasyonlar için 9 allel gözlenmiştir. Benzer bir çalışmada Tadano vd (2007b) on iki ticari tavuk hattında gözlenen allel sayısının 7 olduğunu bildirmiştir. Bu iki çalışmadan farklı olarak Tadano vd (2007a) dokuz uzun kuyruklu Japon tavuk ırkında MCW0301 lokusunda gözlenen allel sayısını 13 olarak, Tadano vd (2008b) tarafından yedi Japon minyatür tavuk ırkında 15 olarak bildirilmiştir. Tadano vd (2007a) tarafından allel genişliği 260-302 bç, Tadano vd (2007b) tarafından allel genişliği 260-292 bç, Tadano vd (2008b) tarafından ise 261-306 bç olarak raporlanmıştır. Bu çalışmada tespit edilen allel genişlikleri (260-278 bç) daha önce bildirilen değerler ile benzerlik göstermektedir. Çalışmada tespit edilen Fis değerleri tüm populasyonlarda akrabalığın yüksek seviyelerde olduğunu göstermektedir. COL hattında elde edilen Fis değeri (0.879) oldukça yüksektir ve populasyonda akrabalığı düşürülmesi için acil önlemler alınması gerektiğini işaret etmektedir.

Çizelge 4.21. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0301 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
260	0.033	0.310	0.172	0.052	0.000	0.033
262	0.500	0.603	0.086	0.121	0.276	0.350
264	0.367	0.017	0.000	0.000	0.224	0.583
266	0.000	0.069	0.483	0.052	0.000	0.017
268	0.000	0.000	0.000	0.190	0.241	0.017
270	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
272	0.000	0.000	0.052	0.069	0.000	0.000
274	0.000	0.000	0.000	0.190	0.259	0.000
278	0.000	0.000	0.207	0.328	0.000	0.000
n	30	29	29	29	29	30
Na	4	4	5	7	4	5
Ne	2.528	2.148	3.168	4.904	3.976	2.153
PIC	0.529	0.460	0.642	0.769	0.701	0.451
Fis	0.408	0.497	0.211	0.108	0.188	0.879

Tüm populasyonlarda MCW0330 lokusu için gözlenen allel sayısı 12 (258, 260, 266, 268, 270, 272, 274, 276, 278, 284, 286, 288) olarak belirlenmiştir. Populasyonlar içinde ise 3 (L-54) ile 8 (RIRI) aralığında değişmiştir. En düşük etkili allel sayısı RIRII hattında (2.827), en yüksek etkili allel sayısı RIRI (4.063) hattında hesaplanmıştır. Tüm populasyonlarda PIC değeri oldukça yüksektir (PIC>0.50). Allel genişlikleri, gözlenen ve etkili allel sayıları, PIC değerleri göz önüne alındığında, MCW0330 lokusunun saf tavuk hatlarındaki genetik varyasyonun gösterilmesinde çok kullanışlı bir lokus olduğu belirtilebilir (Çizelge 4.22).

Hillel vd (2003) çalışılan 52 populasyon için MCW0330 lokusunda elde edilen allel sayısının 10, Granevitze vd (2007) çalışılan 64 populasyon için allel sayısının 11, Tadano vd (2008b) yedi populasyon için allel sayısının 7 olduğunu belirtmişlerdir. Ticari hatlarda yapılan çalışmalarda Tadano vd (2007b) MCW0330 lokusunda elde ettikleri allel sayısını 4, Pham vd (2013) 8 olarak bildirmişlerdir Bu tezde MCW0330 lokusunda gözlenen allel sayısı şaşırtıcı şekilde literatürdeki tüm bulgulardan yüksek çıkmıştır. Allel genişlikleri bakımından literatürde bildirilen sonuçlar ile fark yoktur. Örneğin Tadano vd (2007a) allel genişliğini 247-286 bç, Muchadeyi vd (2007) 122-134 bç, Tadano vd (2007b) 254-286 bç, Pham vd (2013) 246-286 bç olarak raporlamıştır. Allel sayısının çok geniş populasyonların kullanıldığı çalışmalardan bile yüksek çıkması normal değildir. Bunun nedeni araştırmacı hatası ya da seçilen örneklerde olabilir. Ancak allel genişliklerinin literatür ile uyumlu olması araştırmacı hatasından çok seçilen örneklerden kaynaklanan tesadüfi bir durum olabileceğini düşündürmektedir.

Çizelge 4.22. Çalışılan tavuk hatlarında MCW0330 lokusunda tespit edilen allel frekansları, gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Allel	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
258	0.000	0.000	0.067	0.067	0.000	0.000
260	0.000	0.000	0.183	0.000	0.000	0.000
266	0.050	0.000	0.000	0.033	0.000	0.036
268	0.150	0.086	0.000	0.000	0.350	0.089
270	0.300	0.190	0.000	0.000	0.000	0.089
272	0.350	0.534	0.000	0.000	0.000	0.000
274	0.000	0.017	0.000	0.100	0.000	0.000
276	0.000	0.017	0.467	0.517	0.250	0.089
278	0.033	0.155	0.000	0.000	0.000	0.000
284	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.089
286	0.017	0.000	0.050	0.083	0.000	0.500
288	0.083	0.000	0.233	0.200	0.400	0.107
n	30	29	30	30	30	28
Na	8	6	5	6	3	7
Ne	4.063	2.827	3.197	3.035	2.899	3.393
PIC	0.529	0.605	0.641	0.635	0.580	0.681
Fis	0.613	0.532	0.192	0.270	0.253	0.408

4.3.2. RIRI hattında genetik varyasyon parametreleri

Bu tez çalışmasında RIRI hattında çalışılan 22 mikrosatellit lokusun hepsi polimorfik bulunmuştur. RIRI hattında toplam 120 allel elde edilmiştir. En düşük allel MCW111 lokusunda (2 allel), en yüksek allel sayısı LEI234 lokusunda (9 allel) elde edilmiştir. Locus başına ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 5.454 ve 3.110 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.23).

Kaya ve Yıldız (2008) Denizli ve Gerze ırklarından oluşan çalışmada 10 mikrosatellit lokus için lokus başına allel sayısını 7.5 olarak bildirmiştir. Granevitze vd (2007) 29 mikrosatellit kullanarak yaptıkları araştırmadaki 64 popülasyonu yetiştirilme sistemlerine göre sınıflandırmış ve herhangi bir seleksiyon ya da yetiştirme sisteminde bulunmayan popülasyonlarda lokus başına allel sayısını 5.46 olarak, koruma altındaki popülasyonlarda 4.21 olarak, kantitatif özellikler için seleksiyon uygulanan popülasyonlarda 3.52, belirli bir standart için seleksiyon uygulanan hobi ırklarında ise 3.17 olarak tespit etmiştir. Aynı çalışmada seleksiyon uygulanan üç kahverengi yumurtacı hatta allel sayısı 3.04-3.44 arasında, dört etlik piliç hattında 3.74-4.79 aralığında, beyaz yumurtacı hatta ise 2.96 olarak bildirilmiştir. Mtileni vd (2011) üç Güney Afrika köy popülasyonunda 29 mikrosatellit marker kullanarak yaptıkları çalışmada lokus başına düşen allel sayısının 5.72-6.62 aralığında, koruma altındaki dört popülasyonda ise 3.52-4.66 aralığında değiştiğini raporlamıştır. Zanetti vd (2010) tarafından 20 mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan çalışmada referans popülasyon olarak kullanılan kahverengi yumurtacı hatta allel sayısı ortalama 3.8 olarak belirlenmiştir.

Çizelge 4.23. RIRI populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	29	122-128	4	2.780	0.483	0.652	0.572	0.262**
ADL0145	28	114-126	5	2.718	0.643	0.644	0.570	0.001
ADL0268	28	106-126	6	3.015	0.964	0.681	0.612	-0.428**
LEI0094	28	247-265	7	4.052	0.429	0.767	0.719	0.446**
LEI0166	30	348-358	3	1.553	0.300	0.362	0.319	0.174
LEI0192	28	288-306	7	3.689	0.536	0.742	0.693	0.282**
LEI0196	29	180-194	7	1.848	0.207	0.467	0.441	0.561**
LEI0228	30	176-236	7	3.046	0.667	0.683	0.645	0.024
LEI0234	29	294-314	9	6.837	0.655	0.869	0.837	0.249**
MCW0020	27	175-181	4	2.951	0.519	0.674	0.606	0.234**
MCW0037	28	148-166	6	4.380	0.536	0.786	0.734	0.322**
MCW0067	28	174-186	6	4.467	0.536	0.790	0.740	0.326**
MCW0069	30	154-168	4	2.110	0.467	0.535	0.443	0.130
MCW0078	27	135-147	6	2.809	0.778	0.656	0.579	-0.190**
MCW0081	30	112-120	5	2.442	0.467	0.601	0.541	0.226**
MCW0111	29	98-100	2	1.890	0.069	0.479	0.360	0.858**
MCW0123	30	90-100	6	3.197	0.667	0.699	0.653	0.047**
MCW0183	29	292-328	4	1.610	0.172	0.385	0.355	0.557**
MCW0248	28	215-223	5	4.137	0.464	0.772	0.719	0.403**
MCW0287	29	234-248	5	2.307	0.241	0.577	0.528	0.586**
MCW0301	30	260-270	4	2.528	0.367	0.615	0.529	0.408**
MCW0330	30	266-288	8	4.063	0.300	0.767	0.717	0.613**
Ortalama			5.454±	3.110±	0.476±	0.645±	0.587±	
± St. Hata			1.683	1.217	0.211	0.134	0.14	0.277**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

Vanhala vd (1998) tarafından Rhode Island Red hattında dokuz mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan çalışmada lokus başına allel sayısı 4.6 olarak bildirilmiştir. Rajkumar vd (2007) üç mikrosatellit marker kullanarak yaptıkları çalışmada Rhode Island Red hattında lokus başına allel sayısı ve etkili allel sayısının sırasıyla 6.00 ve 3.27 olarak, iki Beyaz Leghorn hattında ise allel sayılarını 5.33 ve 4.33, etkili allel sayılarını da 2.71, 2.82 olarak bildirmiştir. Tadano vd (2007b) tarafından 40 mikrosatellit marker kullanılarak yapılan çalışmada, Rhode Island Red tavuk ırkından oluşturulan RIR-A ve RIR-B hatlarında toplam allel sayıları ve lokus başına allel sayıları sırasıyla 170, 131 ve 4.25, 3.28 olarak bildirilmiştir. Wilkinson vd (2011) 30 mikrosatellit marker kullanarak RIR hattında toplam 121 allel belirlemiş ve lokus başına allel sayısını 4.03 olarak bildirmiştir. Ramadan vd (2012) 21 mikrosatellit marker kullanarak RIR hattında allel sayısını ve etkili allel sayısını sırasıyla 3.60 ve 2.20 olarak tespit etmiştir. Tadano vd (2012) tarafından 5 yakın akraba Nagoya hattı ve 5 ticari hatta 20 mikrosatellit lokus ile çalışmada Nagoya hatlarında lokus başına düşen allel sayısının 2.35-2.85 arasında değiştiği, iki etlik piliç hattında sırasıyla 5.10 ve 5.35 olarak belirlendiği, iki beyaz yumurtacı hatta sırasıyla 3.20 ve 4.00 olarak belirlendiği, kahverengi yumurtacı hatta ise 4.30 olarak tespit edildiği bildirilmiştir. Tadano vd

(2013) tarafından yedi Plymouth Rock (PR) hattında 40 mikrosatellit marker kullanılarak yapılan arařtırmada, hatlardan elde edilen allel sayısının 2.70 ile 4.20 arasında deęiřtięi bildirilmiřtir. Seo vd (2013) beř Kore yerli tavuk hattında 150 mikrosatellit marker kullanmıř ve bunların iinden polimorfizm oranı en yksek olan 15 markeri semiřtir. Seilen bu 15 lokus bakımından beř hatta lokus bařına dřen allel sayısı 8.4 olarak bildirilmiřtir.

Bu alıřmada elde edilen edilen allel sayıları literatrde seleksiyon uygulanmayan populusyonlara gre dřk, seleksiyon uygulanan benzer populusyonlara gre ise yksek bulunmuřtur. RIRI hatlarında yapılan benzer alıřmalar baz alındıęında bizim elde ettięimiz allel sayıları Rajkumar vd (2007) tarafından bildirilen deęerlerden dřk, Vanhala vd (1998), Tadano vd (2007b), Wilkinson vd (2011) ve Ramadan vd (2012) tarafından bildirilen allel sayılarından yksektir.

Yapılan tez alıřmasında RIRI hattında elde edilen ortalama PIC deęeri (0.587), Rajmukar vd (2007) tarafından bulunan PIC deęerinden (0.60) ve Seo vd (2013) tarafından bulunan PIC deęerinden (0.771) dřkken, Pham vd (2013) tarafından etlik pili ve Beyaz Leghorn populusyonlarında bulunan deęerlerden (sirasıyla 0.43 ve 0.38) daha yksektir. Kullanılan 22 mikrosatellit lokusun RIRI hattında genetik varyasyonun gsterilmesinde yeterince bilgi verici olduęu ve yeterli olduęu sonucuna ulařılabilir.

RIRI hattında tm lokuslarda elde edilen gzlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e) ve akrabalı yetiřme katsayısı (F_{is}) izelge 4.23'de verilmiřtir. RIRI hattında en dřk gzlenen heterozigotluk MCW0183 lokusunda (0.172), en yksek ise ADL0268 lokusunda (0.964) elde edilmiřtir. Beklenen heterozigotluęun en dřk olduęu lokus LEI166 (0.362), en yksek olduęu lokus ise LEI234 (0.869) olarak tespit edilmiřtir. RIRI hattında gzlenen ve beklenen heterozigotluk ortalamaları sırasıyla 0.476 ve 0.645 olarak belirlenmiřtir. Lokuslar seviyesinde en dřk F_{is} deęeri -0.428 ile ADL0268 lokusunda, en yksek F_{is} deęeri ise 0.858 ile MCW0111 lokusunda belirlenmiřtir. RIRI hattında 22 mikrosatellit lokusta elde edilen F_{is} deęeri 0.277 olarak hesaplanmıřtır.

Bu tezde RIRI hattında alıřılan 22 lokusun 20 tanesinde gzlenen heterozigotluklar beklenen heterozigotluktan dřktr. Buna baęlı olarak F_{is} deęerleri 20 lokusta pozitif bulunmuřtur. Benzer bulgular Vanhala vd (1998) tarafından RIR hattında, Granevitze vd (2007) tarafından  kahverengi yumurtacı, beyaz yumurtacı ve drt etlik pili hattında, Rajkumar vd (2007) tarafından RIR hattında, Granevitze Dorji vd (2011) tarafından bir etlik pili ve iki yumurtacı (Isa Brown ve Beyaz Leghorn) hattında, Wilkinson vd (2011) tarafından RIR hattında, Ramadan vd (2012) tarafından Beyaz Leghorn ve RIR hattında, Akaboot vd (2012) tarafından etlik pili ve Beyaz Leghorn hattında bildirilmiřtir. Bu alıřmalardan farklı olarak Tadano vd (2007b) iki RIR hattında, Tadano vd (2012) yakın akraba beř Nagoya hattının drt tanesinde ve 5 ticari hatta beklenen heterozigotluęun gzlenen heterozigotluktan kk olduęunu buna baęlı olarak F_{is} deęerinin negatif bulunduęunu bildirmiřtir.

Ortalama allel sayısı genetik çeşitliliği tanımlamada kullanılan ölçütlerden biridir. Ancak çalışmada kullanılan lokus sayısından etkilenmektedir. Ho ve He kullanılan lokus sayısından bağımsızdır. Bundan dolayı Ho ve He populasyondaki genetik çeşitliliğin anlaşılmasında genişletilmiş daha bağımsız parametrelerdir. Fis değeri populasyondaki akrabalık derecesini ölçmek ve ilgili lokuslar bakımından Hardy-Weinberg dengesinden sapmayı belirlemek için kullanılır. Aynı zamanda populasyonların koruma önceliklerinin belirlenmesinde önemli bir göstergedir. Ramadan vd (2012) tarafından bildirildiğine göre; Simon ve Buchenauer, Fis değerinin 0.05'in altında olması durumunda ırkların tehlike altında olmadığını, 0.05 ile 0.15 aralığında olduğunda tehlike potansiyeli olduğunu, 0.15 ile 0.25 aralığında ise minimum tehlike seviyesinde olduğunu, 0.25-0.40 arasında tehlike altında olduğunu, 0.40'ın üzerinde ise kritik seviyeye ulaştığını ve koruma altına alınması gerektiğini belirtmiştir. Seo vd (2013) tarafından bildirildiğine göre; Bolstein vd, genetik uygulamalarda bir lokus $PIC > 0.5$ ve $He > 0.6$ değerlerini sağlıyorsa lokusun oldukça bilgi verici olduğunu belirtmiştir.

RIRI hattında yukarıdaki bilgiler ışığında MCW0069, MCW0111 ve MCW0183 lokuslarının yeterince bilgi verici olmadığı ya da orta düzeyde bilgi verici olduğu, bu üç lokus dışındaki 19 lokusun RIRI hattı için yüksek derecede bilgi verici ve kullanışlı olduğu söylenebilir. ADL0145, LEI0166, LEI0228, MCW0069 ve MCW0123 lokusları bakımından RIRI populasyonunun Hardy-Weinberg dengesinde olduğu, ADL0268 ve MCW0078 lokuslarında heterozigot fazlalığından dolayı diğer lokuslarda ise homozigot fazlalığından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu söylenilebilir. Elde edilen allel sayısı, etkili allel sayısı ve heterozigotluk değerleri göz önüne alındığında populasyondaki genetik çeşitliliğin yeterli olduğu anlaşılmaktadır. Ancak elde edilen yüksek Fis değeri populasyonda akrabalığın oldukça yükseldiğini ve önlem alınması gerektiğini işaret etmektedir. Pozitif Fis değerinin nedeni heterozigot eksikliğidir. Populasyonlarda heterozigot eksikliğinin nedeni ise kantitatif verimler için uygulanan uzun süreli seleksiyon ya da küçük populasyon büyüklükleri olabilir.

4.3.3. RIRII hattında genetik varyasyon parametreleri

RIRII hattında çalışılan 22 mikrosatellit lokusun tamamı polimorfiktir ve toplam 109 allel elde edilmiştir. En düşük allel sayısı 3 ile ADL112, LEI166, LEI196, MCW81, MCW111 lokuslarında, en yüksek allel sayısı 8 ile ADL268 ve LEI234 lokuslarında belirlenmiştir. Lokus başına ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 4.95 ve 2.44 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.24).

RIRII hattında en düşük gözlenen heterozigotluk değeri 0.033 ile LEI166 lokusunda, en yüksek gözlenen heterozigotluk değeri ise 0.767 ile ADL268 lokusunda elde edilmiştir. Beklenen heterozigotluğun en düşük olduğu lokus MCW123 (0.165), en yüksek olduğu lokus ise LEI234 (0.831) olarak tespit edilmiştir. RIRII hattında gözlenen heterozigotluk ortalaması 0.309, beklenen heterozigotluk ortalaması 0.540 olarak belirlenmiştir. En düşük PIC değerinin elde edildiği lokus MCW123 (0.156), en yüksek PIC değerinin elde edildiği lokus LEI234 (0.793) olmuştur. RIRII hattında 22 lokus için PIC değeri ortalaması 0.487 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 4.24. RIRII populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	30	124-128	3	2.410	0.233	0.595	0.502	0.612**
ADL0145	30	114-126	5	1.524	0.133	0.350	0.323	0.623**
ADL0268	30	104-118	8	4.358	0.767	0.784	0.738	0.022
LEI0094	28	247-267	7	1.813	0.286	0.456	0.431	0.378**
LEI0166	30	350-354	3	1.269	0.033	0.215	0.199	0.847**
LEI0192	30	260-310	4	1.763	0.467	0.440	0.401	-0.061
LEI0196	28	182-186	3	2.139	0.179	0.542	0.448	0.675**
LEI0228	30	210-230	5	3.502	0.433	0.727	0.668	0.408**
LEI0234	30	294-312	8	5.471	0.333	0.831	0.793	0.603**
MCW0020	30	177-185	5	2.946	0.133	0.672	0.603	0.804**
MCW0037	29	148-166	7	3.047	0.448	0.684	0.630	0.348**
MCW0067	30	174-186	6	2.171	0.067	0.549	0.507	0.880**
MCW0069	30	154-168	5	2.885	0.667	0.664	0.590	-0.003
MCW0078	30	131-147	5	1.532	0.200	0.353	0.331	0.438**
MCW0081	29	112-118	3	2.007	0.483	0.511	0.441	0.055**
MCW0111	30	98-102	3	2.651	0.367	0.633	0.552	0.425**
MCW0123	29	90-96	4	1.193	0.069	0.165	0.156	0.585**
MCW0183	30	294-328	5	2.032	0.333	0.516	0.464	0.358**
MCW0248	30	215-223	5	2.296	0.367	0.574	0.499	0.365**
MCW0287	26	238-250	5	1.682	0.077	0.413	0.369	0.817**
MCW0301	29	260-266	4	2.148	0.276	0.544	0.460	0.497**
MCW0330	29	268-278	6	2.827	0.310	0.658	0.605	0.532**
Ortalama			4.954±	2.439±	0.309±	0.540±	0.487±	
± St. Hata			1.558	1.015	0.192	0.171	0.162	0.464**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

RIRII hattında akrabalı yetiştirme katsayısı -0.003 (MCW69) ile 0.880 (MCW67) aralığında değişirken, populasyon ortalaması 0.464 olmuştur. Elde edilen Fis değerleri incelendiğinde ADL268, LEI192, MCW69 ve MCW81 lokuslarının Hardy-Weinberg dengesinde olduğu, kalan 18 lokusta homozigot fazlalığından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapma olduğu söylenebilir.

Bu çalışmada RIRII hattında elde edilen lokus başına ortalama allel ve etkili allel sayısı Vanhala vd (1998) tarafından RIR hattında dokuz mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan çalışmada elde edilen allel sayısı (4.6) ile benzerlik gösterirken, Rajkumar vd (2007) tarafından Rhode Island Red hattında bildirilen allel sayısı (6) ve etkili allel (3.27) sayısından düşük bulunmuştur. Ancak Tadano vd (2007b) tarafından Rhode Island Red tavuk ırkından oluşturulan RIR-A (4.25 allel) ve RIR-B (3.28 allel) hatlarında 40 mikrosatellit marker kullanarak tespit edilen allel sayılarından, Wilkinson vd (2011) 30 mikrosatellit marker kullanarak RIR hattında tespit edilen allel sayısından (4.03), Ramadan vd (2012) 21 mikrosatellit marker kullanarak RIR hattında elde edilen allel sayısı (3.6) ve etkili allel sayısından (2.2) yüksektir. Benzer şekilde Tadano vd (2012) tarafından 5 yakın akraba Nagoya hattında (2.35-2.85) arasında değişmektedir)

ve iki beyaz yumurtacı hattın (3.20 ve 4.00), Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock (PR) hattında belirlenen allel sayısından (2.7-4.2 aralığında değişmektedir) yüksektir.

RIRII hattında elde edilen gözlenen (0.309) ve beklenen heterozigotluk (0.540) ortalamaları Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar, Wilkinson vd (2011) tarafından RIR hattında, Ramadan vd (2012) tarafından RIR hattında bildirilen değerlerle benzerlik göstermektedir. Bu çalışmalardan farklı olarak, Vanhala vd (1988) tarafından RIR hattında, Rajkumar vd (2007) tarafından RIR ve iki Beyaz Leghorn hattında, Dorji vd (2011) tarafından etlik piliç, Isa Brown ve Beyaz Leghorn popülasyonunda, Tadano vd (2012) tarafından 5 Nagoya hattı, iki beyaz yumurtacı, iki etlik piliç ve bir kahverengi yumurtacı hatta, Akaboot vd (2012) tarafından etlik piliç ve Beyaz Leghorn popülasyonunda, Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuk hattında bildirilen değerlerden düşüktür.

Yapılan çalışmada elde edilen Fis değeri (0.464), Rajkumar vd (2007) tarafından RIR hattında (0.32), Tadano vd (2007b) tarafından RIR-A (-0.041) ve RIR-B (-0.014) hatlarında, Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar (0.037) ve etlik piliçlerde (0.075), Tadano vd (2012) tarafından 5 Nagoya hattı (-0.054 ile 0.074 arası), iki beyaz yumurtacı (-0.354 ve -0.175), iki etlik piliç (-0.084 ve -0.075) ve bir kahverengi yumurtacı hatta (-0.196), Ramadan vd (2012) tarafından RIR (0.083) ve Beyaz Leghorn (0.012) hatlarında, Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuk hattında (0.009), Pham vd (2013) tarafından etlik piliç (-0.057) ve Beyaz Leghorn (-0.129) hatlarında bildirilen değerlerden yüksektir.

Bu tez çalışmasında tespit edilen lokus başına ortalama allel sayısı, ve etkili allel sayıları benzer çalışmaların çoğundan yüksek bulunmuştur. Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri bakımından ise popülasyonda orta düzeyde genetik varyasyon olduğu söylenebilir. Ancak Fis değerlerine bakıldığında popülasyonda, literatürde benzer hatlarla yapılan tüm çalışmalarda elde edilenden daha fazla akrabalık olduğu söylenebilir. RIRII hattında elde edilen Fis değeri (0.464), RIRI hattında (0.277) elde edilen değerden de yüksektir. RIRII hattındaki bu çok yüksek akrabalığın nedeni popülasyon büyüklüğünün dar olması ve uzun süredir uygulanan seleksiyon işlemi olabilir. RIRII hattında elde edilen Na, Ne, Ho, He değerleri RIRI hattından düşük Fis değeri ise yüksektir. Bu sonuçlara bakılarak RIRII hattının RIRI hattından elde edildiği düşünülebilir. RIRII hattı belli bir zaman önce RIRI hattından farklı bir ya da birkaç verim yönünde selekte edilerek oluşturulmuş olabilir.

RIRII hattında çalışılan 22 lokustan LEI166 ve MCW123 lokusu dışında kalan 20 lokusun PIC değeri 0.25'in üzerindedir. Yani, bu lokuslar genetik varyasyonun belirlenmesinde bilgi vericidir. Bunun yanında ADL112, ADL268, LEI228, LEI234, MCW20, MCW37, MCW69, MCW111, MCW248, MCW330 lokuslarında PIC değeri 0.50'nin, He değeri 0.60'nin üzerinde olduğu için bu lokuslar yüksek derecede bilgi vericidir ve genetik varyasyonun belirlenmesinde oldukça kullanışlıdır. Bu lokuslar gerek tavuk ırklarında gerekse tavuk hatlarında genetik varyasyonun belirlenmesinde kullanılabilirler.

4.3.4. BARI hattında genetik varyasyon parametreleri

BARI popülasyonunda çalışılan 22 mikrosatellit lokus polimorfik bulunmuştur. Çalışılan 22 lokusta toplam 110 allel elde edilmiştir. BARI hattında lokus başına elde edilen ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 5.00 ve 2.85 olarak tespit edilmiştir. En az allelin gözleendiği lokus 2 allel ile MCW0123 lokusu, en çok allelin gözleendiği lokus 7 allel ile LEI0094, LEI0192 ve LEI228 lokusları olmuştur (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.25. BARI popülasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	30	120-126	4	2.055	0.500	0.522	0.475	0.043
ADL0145	26	114-126	4	3.045	0.462	0.685	0.608	0.330**
ADL0268	29	110-118	5	3.697	0.448	0.742	0.689	0.400**
LEI0094	29	249-265	7	4.778	0.759	0.805	0.760	0.058**
LEI0166	29	348-358	6	3.412	0.690	0.719	0.665	0.042**
LEI0192	30	256-394	7	4.225	0.767	0.776	0.725	0.013
LEI0196	29	192-202	5	2.915	0.276	0.668	0.601	0.592**
LEI0228	29	160-268	7	2.776	0.655	0.651	0.578	-0.007
LEI0234	30	216-296	6	2.601	0.267	0.626	0.584	0.578**
MCW0020	30	175-183	4	2.317	0.233	0.578	0.495	0.600**
MCW0037	30	150-166	4	2.632	0.400	0.631	0.561	0.370**
MCW0067	30	174-182	5	2.302	0.400	0.575	0.479	0.308**
MCW0069	30	152-168	6	3.965	0.700	0.760	0.711	0.081**
MCW0078	30	135-145	5	1.766	0.333	0.441	0.403	0.248**
MCW0081	30	114-130	3	1.106	0.100	0.098	0.094	-0.024
MCW0111	30	98-104	3	1.411	0.133	0.296	0.271	0.554**
MCW0123	29	88-94	2	1.489	0.345	0.334	0.274	-0.033
MCW0183	30	292-334	6	3.550	0.533	0.731	0.674	0.273**
MCW0248	28	215-227	5	2.566	0.107	0.621	0.532	0.830**
MCW0287	30	232-248	6	3.798	0.467	0.749	0.695	0.381**
MCW0301	29	260-278	5	3.168	0.552	0.696	0.642	0.211**
MCW0330	30	258-288	5	3.197	0.567	0.699	0.641	0.192**
Ortalama			5.000±	2.853±	0.440±	0.609±	0.553±	
± St. Hata			1.345	0.953	0.204	0.176	0.176	0.274**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

BARI hattı için tezdeki sonuçlar incelendiğinde gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk ve Fis değerleri sırasıyla 0.440, 0.609 ve 0.274 olarak hesaplanmıştır. En düşük Ho değeri 0.100 ile MCW0081 lokusunda, en yüksek Ho değeri 0.767 ile LEI0192 lokusunda hesaplanmıştır. He değeri ise 0.098 (MCW0081) ile 0.805 (LEI094) aralığında değişmiştir. En düşük Fis değeri -0.033 ile MCW0123 lokusunda elde edilirken, en yüksek Fis değeri 0.830 ile MCW0248 lokusunda elde edilmiştir. Çalışılan 22 lokusta polimorfik bilgi içeriği 0.094 (MCW0081) ile 0.760

(LEI0094) aralığında deęişirken BARI popülasyonunda PIC ortalaması 0.553 olarak belirlenmiştir.

BARI hattında tespit edilen lokus başına ortalama allel sayısı (5.00), Vanhala vd (1998) tarafından RIR hattında (4.60), Granevitze vd (2007) tarafından seleksiyon uygulanan 5 kahverengi yumurtacı popülasyonda (3.24), Tadano vd (2007b) tarafından seleksiyon uygulanan 12 ticari hatta (2.12-4.25), aynı çalışmada Barred Plymouth Rock hattında (3.05), Wilkinson vd (2011) tarafından RIR (4.03) ve Leghorn (3.97) popülasyonlarında, Ramadan vd (2012) tarafından RIR hattında (3.6), Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock hattında (2.70-4.20) yüksektir. Pham vd (2013) tarafından Beyaz Leghorn popülasyonunda (3.20) bildirilen deęerlerden yüksektir.

Bu çalışmada elde edilen Ho (0.440) deęeri Tadano vd (2007b) tarafından Barred Plymouth Rock hattında bildirilen Ho deęerinden (0.483) ve Tadano vd (2013) tarafından beş Plymouth Rock hattında bildirilen Ho deęerinden (0.480-0.660 arası) düşük aynı çalışmadaki iki Plymouth Rock hattında bildirilen Ho deęerinden (0.390 ve 0.410) yüksektir. Benzer olarak Wilkinson vd (2011) tarafından RIR hattında elde edilen Ho deęerinden yüksek iken Granvitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar ve Ramadan vd (2012) tarafından RIR ve Beyaz Leghorn popülasyonlarında elde edilen Ho deęeri ile benzerlik göstermektedir. Bu çalışmada hesaplanan He deęeri (0.609) Tadano vd (2007b) tarafından iki RIR hattında (0.412, 0.513), üç Beyaz Leghorn hattında (0.418-0.480), üç Beyaz Plymouth Rock hattında (0.480-0.583), bir Barred Plymouth Rock hattında (0.476) bildirilen deęerlerden yüksek iken, bir Cornish hattında bildirilen deęerden (0.646) düşüktür. Benzer şekilde Garanevitze vd (2007) tarafından beş kahverengi yumurtacı popülasyonda bildirilen deęerden (0.50), Ramadan vd (2012) tarafından Beyaz Leghorn (0.428) ve RIR hattında (0.511) bildirilen deęerlerden, Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock hattında bildirilen deęerlerden (0.41-0.58) yüksektir.

BARI hattında bulunan Fis deęeri (0.274), Tadano vd (2007b) tarafından Barred Plymouth Rock hattında bildirilen Fis deęerinden (-0.016) yine aynı çalışmada iki RIR hattında bildirilen Fis deęerlerinden (-0.041, -0.014), Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar bildirilen Fis deęerinden (0.037), Ramadan vd (2012) tarafından RIR (0.083) ve Beyaz Leghorn (0.012) hatlarında bildirilen Fis deęerlerinden, Pham vd (2013) tarafından etlik piliç (-0.057) ve Beyaz Leghorn (-0.129) hatlarında bildirilen Fis deęerlerinden yüksektir.

BARI hattında hesaplanan allel sayısı, etkili allel sayısı, Ho ve He deęerlerine bakıldığında popülasyondaki genetik çeşitliliğin yeterli düzeyde olduğu söylenebilir. Ancak elde edilen Fis deęerinden dolayı popülasyonda akrabalığın arttığı söylenilebilir. He ve PIC deęerleri bir arada düşünülduğünde ADL0112, MCW0078, MCW0081, MCW0111, MCW0123 lokusları dışında kalan tüm lokusların BARI hattında genetik çeşitliliğin gösterilmesinde oldukça kullanışlı olduğu görülmektedir.

4.3.5. BARIİ hattında genetik varyasyon parametreleri

Bu çalışmada BARIİ hattında çalışılan 22 mikrosatellit lokus polimorfik bulunurken elde edilen toplam allel sayısı 97 olmuştur. En düşük allel sayısı (2 allel) MCW0248 lokusunda, en yüksek allel sayısı (7 allel) MCW0301 lokusunda tespit edilmiştir. Lokus başına ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 4.40 ve 2.61 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.26. BARIİ popülasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	28	122-128	4	2.454	0.857	0.603	0.515	-0.432**
ADL0145	28	114-126	4	2.151	0.536	0.545	0.463	0.017
ADL0268	29	110-120	6	2.762	0.448	0.649	0.601	0.313**
LEI0094	28	255-267	5	2.785	0.143	0.653	0.579	0.784**
LEI0166	29	350-360	3	2.988	0.828	0.677	0.591	-0.227**
LEI0192	30	256-402	4	2.347	0.667	0.584	0.482	-0.145
LEI0196	30	192-204	6	3.564	0.333	0.732	0.680	0.549**
LEI0228	28	162-244	5	3.294	0.750	0.709	0.644	-0.059
LEI0234	28	216-302	5	3.484	0.750	0.726	0.666	-0.034
MCW0020	29	175-185	5	2.118	0.207	0.537	0.490	0.619**
MCW0037	28	152-166	3	2.376	0.357	0.590	0.513	0.399**
MCW0067	30	174-182	5	2.483	0.367	0.607	0.553	0.400**
MCW0069	28	154-164	4	1.843	0.536	0.466	0.381	-0.154**
MCW0078	30	135-141	4	2.317	0.367	0.578	0.504	0.370**
MCW0081	30	112-130	3	1.802	0.200	0.453	0.402	0.562**
MCW0111	30	98-102	3	1.363	0.067	0.271	0.250	0.757**
MCW0123	28	88-94	3	1.486	0.250	0.333	0.292	0.253**
MCW0183	28	296-334	4	2.856	0.464	0.662	0.579	0.302**
MCW0248	29	217-223	2	1.918	0.793	0.487	0.364	-0.647**
MCW0287	26	226-248	6	3.242	0.769	0.705	0.646	-0.093**
MCW0301	29	260-278	7	4.904	0.724	0.810	0.769	0.108**
MCW0330	30	258-288	6	3.035	0.500	0.682	0.635	0.270**
Ortalama ± St. Hata			4.409± 1.297	2.617± 0.081	0.496± 0.243	0.594± 0.131	0.527± 0.13	0.177*

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

BARIİ hattında gözlenen heterozigotluk 0.067 (MCW0111) ile 0.857 (ADL0112) aralığında, beklenen heterozigotluk 0.271 ile (MCW0111) ile 0.810 (MCW0301) aralığında, akrabalı yetiştirme katsayısı -0.647 (MCW0248) ile 0.784 (LEI0094) aralığında değişmiştir. Gözlenen ve beklenen heterozigotluk ile Fis değeri ortalama değerleri sırasıyla 0.496, 0.594 ve 0.177 olarak hesaplanmıştır. BARIİ hattında 22 lokus için PIC ortalaması 0.527 olurken, 0.250 (MCW0111) ile 0.769 (MCW0301) aralığında değişmiştir.

BARII hattında hesaplanan lokus başına allel sayısı (4.40), Tadano vd (2007b) tarafından üç Beyaz Plymouth Rock hattını (3.08-4.18) ve Barred Polymouth Rock hattını (3.05) kapsayan on iki ticari hatta bildirilen allel sayısından (2.12-4.25), Tadano vd (2013) tarafından beş Beyaz Polymouth Rock (2.60-4.20) ve iki Barred Polymouth Rock hattında (2.70, 3.10) bildirilen allel sayılarından yüksektir.

Yapılan çalışmada saptanan Ho (0.496) değeri, Tadano vd (2007b) tarafından Barred Plymouth Rock hattında elde edilen Ho (0.483) değeri ile ve Tadano vd (2013) tarafından beş Beyaz Plymouth Rock hattının ikisinde (PR-1 ve PR-5) bildirilen Ho (sırasıyla 0.48, 0.49) ve iki Barred Plymouth Rock hattından birinde bildirilen Ho (0.480) ile uyumludur. Aynı çalışmada beş Beyaz Plymouth Rock hattından ikisinde (PR-2 ve PR-3) bildirilen Ho (0.54, 0.66) değerlerinden düşük, PR-4 hattında bildirilen Ho (0.39) değerinden yüksektir. BARII hattında elde edilen Ho değerleri farklı tavuk hatlarında elde edilen Ho değerleri ile karşılaştırıldığında çoğu hattan yüksek bulunmuştur. Örneğin Gravitze vd (2007) kahverengi yumurtacılar da Ho değerini 0.46 olarak, Ramadan vd (2012) WL popülasyonunda 0.423 olarak, RIR popülasyonunda 0.469 olarak, Pham vd (2013) WL hattında 0.476 olarak bildirmiştir. Benzer şekilde bu tez çalışmasında RIRI ve RIRII hatlarında Ho değeri sırasıyla 0.476 ve 0.309 olarak hesaplanmıştır. Bu tez çalışmasında elde edilen He (0.594) değeri, Tadano vd (2007b) tarafından Barred Plymouth Rock hattında (0.476) ve Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock hattında (0.41-0.58) bildirilen değerlerden yüksektir.

BARII popülasyonunda elde edilen Fis değeri (0.177), Tadano vd (2007b) tarafından Barred Polymouth Rock hattında (-0.016) ve çalışılan diğer on bir ticari hatta (-0.05-0.015), Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar da (0.037), Ramadan vd (2012) tarafından RIR (0.083) ve Beyaz Leghorn (0.012) hatlarında, Pham vd (2013) tarafından etlik piliç (-0.057) ve Beyaz Leghorn (-0.129) hatlarında bildirilen Fis değerlerinden yüksektir. BARII hattında elde edilen akrabalı yetiştirme katsayı BARI hattındakinden (0.274) düşüktür. Popülasyondaki akrabalık seviyesi BARI hattına göre düşük bulunsa da halen yüksek olduğu söylenebilir. ADL0112, LEI0166, LEI0192, LEI0228, LEI0234, MCW0069, MCW0248, MCW0287 lokuslarında heterozigot diğer lokuslarda ise homozigot fazlalığı söz konusudur. ADL0145, LEI0192, LEI0228 ve LEI0234 lokuslarının Hardy-Weinberg dengesinde olduğu, diğer lokusların ise Hardy-Weinberg dengesinden önemli derecede saptığı söylenebilir. Lokusların çoğunda Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın nedeni aşırı homozigotluktur. Allel sayısı, etkili allel sayısı, Ho ve He değerlerine bakılarak popülasyonda yeterli genetik çeşitliliğin olduğu ancak akrabalığın sıkıntı yaratabileceği sonucuna varılabilir.

4.3.6. L-54 hattında genetik varyasyon parametreleri

Bu çalışmada L-54 popülasyonunda çalışılan 22 mikrosatellit lokusun tamamı polimorfiktir. Toplam 107 allelin tespit edildiği çalışmada, en düşük allel sayısı (2 allel) ADL0112 ve MCW0123 lokuslarında, en yüksek allel sayısı (9 allel) ADL0268, LEI0228 ve LEI0234 lokuslarında tespit edilmiştir. Lokus başına ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 4.864 ve 2.635 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.27).

Çizelge 4.27. L-54 populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	27	124-128	2	1.291	0.259	0.230	0.200	-0.130
ADL0145	29	118-132	5	2.925	0.517	0.670	0.608	0.231**
ADL0268	25	106-128	9	4.325	0.920	0.784	0.738	-0.177**
LEI0094	28	245-269	6	2.243	0.429	0.564	0.527	0.244**
LEI0166	27	354-362	3	2.581	0.519	0.624	0.532	0.172
LEI0192	29	256-352	4	1.538	0.207	0.356	0.323	0.423**
LEI0196	30	178-198	4	3.025	0.667	0.681	0.609	0.021
LEI0228	28	162-258	9	5.681	0.786	0.839	0.802	0.065
LEI0234	30	224-312	9	2.601	0.200	0.626	0.597	0.684**
MCW0020	27	177-185	4	2.150	0.444	0.545	0.496	0.188**
MCW0037	29	156-172	3	2.466	0.276	0.605	0.516	0.548**
MCW0067	30	174-182	5	2.067	0.433	0.525	0.449	0.177**
MCW0069	26	160-170	5	2.364	0.538	0.588	0.527	0.086
MCW0078	30	131-141	5	1.589	0.333	0.377	0.351	0.117**
MCW0081	30	114-130	6	3.422	0.733	0.720	0.668	-0.019
MCW0111	30	98-104	4	1.578	0.233	0.372	0.341	0.377**
MCW0123	27	96-100	2	1.202	0.185	0.171	0.154	-0.083
MCW0183	27	294-328	7	4.050	0.556	0.767	0.717	0.280**
MCW0248	28	221-227	4	2.465	0.714	0.605	0.510	-0.184**
MCW0287	27	234-252	4	1.533	0.296	0.354	0.325	0.166**
MCW0301	29	262-274	4	3.976	0.621	0.762	0.701	0.188**
MCW0330	30	268-288	3	2.899	0.500	0.666	0.580	0.253**
Ortalama			4.864±	2.635±	0.471±	0.565±	0.512±	
± St. Hata			2.077	1.117	0.210	0.183	0.17	0.164**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

L-54 populasyonu için hesaplanan gözlenen ve beklenen heterozigotluk ile Fis ortalama değerleri sırasıyla 0.471, 0.565 ve 0.164 olarak belirlenmiştir. En düşük Ho değeri 0.185 ile MCW0123 lokusunda, en yüksek Ho değeri 0.920 ile ADL0268 lokusunda elde edilirken, en düşük He değeri 0.171 ile MCW0123 lokusunda, en yüksek ise 0.839 ile LEI0228 lokusunda elde edilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayısı -0.184 (MCW0248) ile 0.684 (LEI0234) aralığında değişmektedir. L-54 hattında 22 lokus için en düşük PIC değeri 0.154 ile MCW0123 lokusunda, en yüksek PIC değeri 0.802 ile LEI0228 lokusunda iken tüm lokusların PIC ortalaması 0.512 olarak tespit edilmiştir.

Bu tez çalışmasında L-54 hattında elde edilen lokus başına ortalama allel sayısı (4.86), Rajkumar vd (2007) tarafından RIR ve Beyaz Leghorn hatlarında (6.00 ve 5.33) bildirilen değerlerden düşük iken, Vanhala vd (1998) tarafından RIR hattında (4.6), Granevitze vd (2007) tarafından beş kahverengi yumurtacı hatta (3.24), Tadano vd (2007b) tarafından seleksiyon uygulanan 12 ticari hatta (2.12-4.25), Wilkinson vd (2011) tarafından RIR (4.03) ve Leghorn (3.97) populasyonlarında, Ramadan vd (2012) tarafından RIR hattında (3.6), Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock

hattında (2.7-4.2), Pham vd (2013) tarafından Beyaz Leghorn popülasyonunda (3.2) bildirilen değerlerden yüksektir.

L-54 hattında hesaplanan Ho (0.474) değeri, Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar da bildirilen Ho (0.46) ile ve Tadano vd (2007b) tarafından iki Beyaz Leghorn hattında (WL-A ve WL-C; 0.485, 0.489), bir Beyaz Plymouth Rock hattında (WR-B; 0.475), bir RIR hattında (RIR-B; 0.480), ve bir Barred Plymouth Rock hattında (0.483), Ramadan vd (2012) tarafından RIR hattında (0.469), Pham vd (2013) Beyaz Leghorn hattında (0.476) bildirilen Ho değerleri ile benzerdir. Ancak Rajkumar vd (2007) tarafından RIR (0.45) hattında, Wilkinson vd (2011) tarafından RIR hattında (0.41) ve Leghornlarda (0.37), Akaboot vd (2012) tarafından etlik piliç (0.42) ve Beyaz Leghorn (0.40) hatlarında bildirilen değerlerden yüksek bulunmuştur. Bu çalışmaların aksine Rajkumar vd (2007) tarafından iki Beyaz Leghorn hattında (0.69, 0.92), Dorji vd (2011) tarafından etlik piliç (0.50), Isa Brown (0.71) ve Beyaz Leghorn (0.53) hatlarında bildirilen Ho değerlerinden küçüktür.

L-54 hattında belirlenen Fis değeri (0.164) Rajkumar vd (2007) tarafından RIR hattında bildirilen değerden (0.32) düşük iken, Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılar da (0.037) ve seleksiyon uygulananlarda (0.039), Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari hatta (-0.050-0.015), Ramadan vd (2012) tarafından RIR (0.083) ve Beyaz Leghorn (0.012) hatlarında, Pham vd (2013) tarafından etlik piliç (-0.057) ve Beyaz Leghorn (-0.129) hatlarında ve Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuk hattında (0.0093) bildirilen değerlerden yüksektir. Bu çalışmada L-54 hattında elde edilen Fis değeri BARII hattında elde edilen Fis değeri ile benzerlik gösterirken diğer dört hatta elde edilen değerlerden daha düşüktür.

L-54 hattında tespit edilen lokus başına allel sayısı, etkili alel sayısı, Ho, He değerleri popülasyonlarda orta düzeyde genetik varyasyon olduğunu göstermektedir. Bu çalışmada L-54 hattında elde edilen sonuçlar benzer hatlarla yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlarla kıyaslandığında L-54 popülasyonundaki genetik varyasyon düzeyinin yeterli olduğu görülmektedir. Ancak elde edilen Fis değeri akrabalık seviyesinin yükseldiğini işaret etmektedir. L-54 hattında akrabalık derecesi RIRI, RIRII, BARI ve COL hatlarına göre düşük olsa da literatürde benzer hatlarda belirtilen seviyenin çok üzerindedir. Bu yüksek akrabalığın yetiştirme sisteminden ve küçük popülasyon büyüklüğünden kaynaklandığı düşünülmektedir.

4.3.7. COL hattında genetik varyasyon parametreleri

Bu tez çalışmasında COL hattında çalışılan 22 mikrosatellit lokusun polimorfik olduğu ve toplam allel sayısının 104 olduğu tespit edilmiştir. En düşük allel sayısı 3 ile ADL0112, LEI0192, LEI0196 ve MCW0081 lokuslarında, en yüksek allel sayısı 7 allel ile LEI0228 ve MCW0330 lokuslarında belirlenmiştir. COL hattında lokus başına ortalama allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 4.727 ve 2.469 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.28).

Çizelge 4.28. COL populasyonuna ait tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	30	122-126	3	1.542	0.067	0.358	0.309	0.816**
ADL0145	30	114-126	5	2.903	0.633	0.667	0.589	0.051
ADL0268	30	104-118	6	2.590	0.633	0.624	0.571	-0.015
LEI0094	27	245-279	6	2.725	0.370	0.645	0.596	0.430**
LEI0166	30	350-360	4	1.463	0.267	0.322	0.295	0.174
LEI0192	30	256-286	3	1.411	0.200	0.296	0.271	0.328**
LEI0196	30	174-184	3	1.227	0.133	0.188	0.177	0.295**
LEI0228	30	160-218	7	4.128	0.500	0.771	0.718	0.355**
LEI0234	30	218-288	5	2.778	0.467	0.651	0.594	0.286**
MCW0020	26	175-183	5	2.748	0.462	0.649	0.572	0.292**
MCW0037	30	150-160	4	2.182	0.233	0.551	0.481	0.581**
MCW0067	30	174-186	6	4.196	0.600	0.775	0.723	0.228**
MCW0069	30	152-166	5	3.798	0.367	0.749	0.690	0.515**
MCW0078	28	131-145	4	1.910	0.429	0.485	0.438	0.118**
MCW0081	30	112-118	3	2.866	0.500	0.662	0.576	0.248**
MCW0111	30	98-104	4	2.347	0.467	0.584	0.513	0.203**
MCW0123	27	88-100	5	1.913	0.556	0.486	0.408	-0.145**
MCW0183	30	292-310	5	1.659	0.200	0.404	0.379	0.509**
MCW0248	30	215-223	5	2.091	0.267	0.531	0.491	0.502**
MCW0287	28	232-248	4	2.282	0.250	0.572	0.487	0.568**
MCW0301	30	260-268	5	2.153	0.067	0.545	0.451	0.879**
MCW0330	28	266-288	7	3.394	0.429	0.718	0.681	0.408**
Ortalama			4.727±	2.469±	0.369±	0.556±	0.500±	
± St. Hata			1.203	0.809	0.175	0.161	0.15	0.346**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

COL hattı için gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk, PIC ve Fis ortalama değerleri sırasıyla 0.369, 0.556, 0.500 ve 0.346 olarak hesaplanmışlardır. COL hattında gözlenen heterozigotluk 0.067 (ADL0112) ile 0.633 (ADL0145, ADL0268) aralığında, beklenen heterozigotluk 0.188 ile (LEI0196) ile 0.775 (MCW0067) aralığında iken, akrabalı yetiştirme katsayısı -0.145 (MCW0123) ile 0.879 (MCW0301) aralığında değişmiştir.

COL hattında elde edilen lokus başına ortalama allel sayısı (4.727) diğer hatlara benzer olarak daha önce saf hatlarda yapılan çalışmalarda bildirilen değerlerin çoğundan yüksektir. Örneğin Vanhala vd (1998) Rhode Island Red hattında lokus başına allel sayısı 4.6 olarak, Granevitze vd (2007) beş kahverengi yumurtacı saf hatta 3.24 olarak, Tadano vd (2007b) 12 ticari hatta 2.12-4.25 arasında, Wilkinson vd (2011) RIR hattında 4.03, Leghorn populasyonunda 3.97 olarak, Ramadan vd (2012) RIR hattında 3.6 olarak, Tadano vd (2013) yedi Polymouth Rock hattında 2.7-4.2 arasında, Pham vd (2013) Beyaz Leghorn populasyonunda 3.2 olarak bildirmişlerdir.

Yapılan çalışmada belirlenen Ho (0.369) değeri, Rajkumar vd (2007) tarafından RIR (0.45) ve iki Beyaz Leghorn hattında (0.69, 0.92) bildirilen Ho değerlerinden, Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılarda bildirilen Ho (0.46) değerinden, Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari hattın 11 tanesinde bildirilen Ho (0.431-0.646) değerinden, Wilkinson vd (2011) tarafından RIR hattında bildirilen Ho (0.41) değerinden, Dorji vd (2011) tarafından etlik piliç (0.50), Isa Brown (0.71), WL (0.53) hatlarında bildirilen Ho değerlerinden Ramadan vd (2012) tarafından Beyaz Leghorn (0.423) ve RIR (0.469) hattında bildirilen Ho değerlerinden, Akaboot vd (2012) tarafından etlik piliç (0.42) ve Beyaz Leghorn (0.40) hatlarında bildirilen Ho değerlerinden, Pham vd (2013) tarafından Beyaz Leghorn (0.476) ve etlik piliç (0.541) hatlarında bildirilen Ho değerlerinden, Tadano vd (2013) tarafından yedi Plymouth Rock (0.39-0.54) populasyonunda bildirilen Ho değerlerinden düşüktür. COL hattında hesaplanan Ho değeri RIRI (0.476), BARI (0.440), BARI (0.496), L-54 (0.471) hatlarında belirlenenden düşük iken RIRII (0.309) hattından yüksektir. COL hattında ADL0268 ve MCW0123 lokusları heterozigot fazlalığı diğer 20 lokus ise homozigot fazlalığı göstermiştir. ADL0145 ve ADL0268 lokuslarının dengede olduğu, kalan 20 lokusun Hardy-Weinberg dengesinden saptığı görülmektedir.

Bu çalışmada COL hattında saptanan Fis değeri (0.346), RIRII hattında belirlenen Fis değerinden (0.464) sonra en yüksek ikinci Fis değeridir. Elde edilen Fis değeri Rajkumar vd (2007) tarafından RIR hattında bildirilen değerden (0.32), Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacılarda (0.037) ve seleksiyon uygulananlarda (0.039), Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari hatta (-0.050-0.015), Ramadan vd (2012) tarafından RIR (0.083) ve WL (0.012) hatlarında, Pham vd (2013) tarafından etlik piliç (-0.057) ve WL (-0.129) hatlarında ve Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuk hattında (0.0093) bildirilen değerlerden yüksektir.

Çalışmada elde edilen Ho (0.369) ve He (0.556) COL hattında genetik varyasyonun düşük olduğunu işaret etmektedir. Populasyonda heterozigot eksikliğinden dolayı genetik varyasyon düşüktür. Bunun yanı sıra akrabalı yetiştirme katsayısı oldukça yüksek (0.346) değerdedir.

4.3.8. Saf hatların genelinde genetik varyasyon parametreleri

Çalışılan tüm tavuk hatlarının bir arada düşünülmesiyle oluşan populasyonda toplam 233 allel elde edilmiştir. Lokus başına düşen allel sayısı 10.591, etkili allel sayısı 5.712 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen allel sayıları 4 (MCW0111) ile 23 (LEI0228) aralığında değişmektedir (Çizelge 4.29).

Tüm populasyonlarda elde edilen gözlenen ve beklenen heterozigotluk sırasıyla 0.424 ve 0.792 olarak hesaplanmıştır. Akrabalı yetiştirme katsayısı ve PIC değerleri sırasıyla 0.468 ve 0.763 olarak belirlenmiştir. Fis değerleri tüm lokuslarda pozitif bulunmuş ve 0.196-0.654 aralığında değişmiştir. PIC değeri MCW0111 dışındaki tüm lokuslarda 0.5 değerinden büyüktür.

Çizelge 4.29. Çalışılan tavuk hatlarında tanıtıcı istatistikler; gözlenen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluklar, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ve akrabalı yetiştirme katsayısı (Fis)

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	Fis
ADL0112	174	120-128	5	4.053	0.397	0.756	0.708	0.476**
ADL0145	171	114-132	8	4.594	0.485	0.785	0.754	0.382**
ADL0268	171	104-128	13	6.919	0.690	0.858	0.839	0.196**
LEI0094	168	245-279	13	5.027	0.405	0.804	0.782	0.497**
LEI0166	175	348-362	8	4.559	0.434	0.783	0.750	0.446**
LEI0192	177	256-402	20	8.520	0.475	0.885	0.872	0.465**
LEI0196	176	174-204	14	7.499	0.301	0.869	0.853	0.654**
LEI0228	175	160-268	23	14.968	0.629	0.936	0.929	0.329**
LEI0234	177	216-314	18	12.141	0.441	0.920	0.912	0.522**
MCW0020	169	175-185	6	3.964	0.325	0.750	0.710	0.567**
MCW0037	174	148-172	9	4.816	0.374	0.795	0.770	0.531**
MCW0067	178	174-186	7	4.295	0.399	0.769	0.735	0.482**
MCW0069	174	152-170	10	4.829	0.546	0.795	0.765	0.314**
MCW0078	175	131-147	8	4.042	0.400	0.755	0.717	0.471**
MCW0081	179	112-130	8	4.426	0.413	0.776	0.743	0.468**
MCW0111	179	98-104	4	2.193	0.223	0.546	0.488	0.591**
MCW0123	170	88-100	7	2.712	0.347	0.633	0.592	0.453**
MCW0183	174	292-334	14	4.109	0.374	0.759	0.726	0.508**
MCW0248	173	215-227	7	4.170	0.451	0.762	0.725	0.409**
MCW0287	166	226-252	10	5.216	0.349	0.811	0.783	0.570**
MCW0301	176	260-278	9	5.398	0.432	0.817	0.793	0.472**
MCW0330	177	258-288	12	7.206	0.435	0.864	0.846	0.497**
Ortalama ± St. Hata			10.591± 4.886	5.712± 2.971	0.424± 0.102	0.792± 0.086	0.763± 0.10	0.468**

(**p<0.01, Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapma)

Bu çalışmada tüm populasyonlarda çalışılan 22 mikrosatellit için lokus başına allel sayısı Dorji vd (2011) tarafından dört Tayland ırkı ve üç ticari ırkta bildirilen allel sayısından (11.35) düşük iken Tadano vd (2007b) tarafından 12 ticari hatta (6.7), Tadano vd (2008b) tarafından yedi Japon minyatür tavuk ırkı ve varyetesi ile enstitü koruması altındaki kırmızı orman tavuklarından oluşan toplam sekiz populasyonda (7.62), Zanetti vd (2011) tarafından koruma altındaki dört ırkta (8.4), Ramadan vd (2012) tarafından altı yerli Mısır tavuk populasyonu, bir RIR ve bir WL hattı olmak üzere sekiz populasyonda (6.9), Pham vd (2013) tarafından Tayvan'daki 10 ticari populasyonda (8), Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuklarından elde edilen hatta bildirilen lokus başına allel sayısından (8.4) yüksektir.

Tezde çalışılan altı kahverengi yumurtacı saf hatta tespit edilen gözlenen heterozigotluk değeri (0.424), Tadano vd (2012) tarafından kahverengi yumurtacılar da bildirilen Ho değerinden (0.744), Tadano vd (2013) tarafından yedi farklı Polymouth Rock hattının beşinde bildirilen Ho değerlerinden (0.480-0.660 arası) ve Granevitze vd (2007) tarafından seleksiyon uygulanan 5 kahverengi yumurtacı populasyonda bildirilen Ho (0.46) değerinden düşüktür. Ayrıca Granevitze vd (2007) tarafından etlik piliç saf

hatlarda bildirilen Ho değerinden (0.50) ve Muchadeyi vd (2007) tarafından etlik piliç hatlarda (0.57) bildirilen değerlerden düşüktür. Bu çalışmalardan farklı olarak Tadano vd (2013) tarafından yedi farklı Polymouth Rock hattının ikisinde bildirilen Ho değerinden (0.390 ve 0.410), Muchadeyi vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacı saf hatlarda (0.390) ve beyaz yumurtacı hatlarda (0.32) bildirilen Ho değerlerinden yüksektir.

Tüm populasyonlarda lokusların tamamı için hesaplanan ortalama Fis değeri (0.468), Muchadeyi vd (2007) tarafından beyaz yumurtacı hatlarda (0.076), kahverengi yumurtacı hatlarda (0.025) ve etlik piliç hatlarda (0.029) bildirilen F_{IS} değerinden, Granevitze vd (2007) tarafından kahverengi yumurtacı hatlarda (0.037) ve seleksiyon uygulanan tüm populasyonlarda (0.039) bildirilen Fis değerinden, Rajkumar vd (2007) tarafından aralarında RIR ve WL hatlarında olduğu sekiz populasyonda (0.130) bildirilen Fis değerinden, Zanetti vd (2011) tarafından koruma altındaki dört populasyonda bildirilen Fis değerinden (0.423), Ramadan vd (2012) tarafından aralarında RIR ve Beyaz Leghorn hatlarının da olduğu dokuz populasyonda bildirilen Fis değerinden (0.051), Seo vd (2013) tarafından beş Kore yerli tavuk hattında bildirilen Fis değerinden (0.009) daha yüksektir.

Çalışılan tüm populasyonların bir arada düşünülmesi ile saptanan değerler literatürdeki diğer çalışmalar ile kıyaslandığında elde edilen lokus başına allel sayısının diğer çalışmalara göre yüksek, Ho değerinin orta seviyelerde olduğu ancak Fis değerinin çok yüksek olduğu söylenebilir. Lokuslar tek tek düşünüldüğünde Fis değerlerinin akrabalı yetiştirmeden kaynaklı oluşan aşırı homozigotluktan dolayı Hardy-Weinberg dengesinden saptığı söylenebilir. Bu çalışmada olduğu gibi alt populasyonlar birbirinden izole şekilde kapalı sürüler halinde yetiştiriliyorsa Hardy-Weinberg dengesinden sapma beklenen bir sonuçtur. Populasyonlarda genetik çeşitliliğinin bir diğer göstergesi olan lokus başına allel sayısının diğer çalışmalara göre nispeten yüksek bulunmasının altında ise çalışmada kullanılan hatların kökenlerinin farklı olmasının yattığı düşünülmektedir. Bu hatlarda farklı kökenlerden dolayı genlerde farklı allellerin sabitlendiği düşünülebilir. Bu populasyonlar sadece Türkiye’de 1995 yılından beri çeşitli özellikler bakımından seleksiyona tabi tutulmaktadır. Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu’nda bulunan çeşitli kaynaklara göre bu hatlar Türkiye’ye getirilmeden önce 45 yıldır kapalı halde yetiştirilmiş ve çeşitli özellikler için seleksiyon işlemine maruz bırakılmıştır. Bu hatlar üzerinde çeşitli özellikler için yaklaşık 70 yıldır uygulanan seleksiyon işlemi farklı allellerin oluşmasına neden olmuş olabilir. Populasyonda Fis değerinin çok yüksek olmasının bir diğer nedeninin populasyon büyüklüğü olduğu düşünülmektedir. Küçük populasyon büyüklükleri Fis değerinin artmasında bir diğer nedendir. Bu hatlarda Fis değerinin düşürülmesi için alınacak önlemler arasında populasyon büyüklüklerinin artırılması düşünülebilir.

4.3.9. Özgün allel sayıları

Daha önce Materyal ve Metot kısmında belirtildiği gibi yalnızca bir populasyonda bulunan alleller özgün allel olarak adlandırılmaktadır. Yapılan bu tez çalışmasında RIRI hattında 11, RIRII hattında 7, BARI hattında 9, BARIİI hattında 7, L-54 hattında 17 ve COL hattında 7 olmak üzere toplam 58 özgün allel tespit edilmiştir. Bu 58 allelin 28 tanesinin frekansı %10’dan yüksektir (Çizelge 4.30.).

Çalışmada elde edilen özgün allel sayısının yüzdesi (58/233) %24.9 olarak hesaplanmıştır. Bu değer Tadano vd (2007b) tarafından bildirilen değerden (15.7), Muchadeyi vd (2007) tarafından bildirilen değerden (%20), Granevitze vd (2007) tarafından bildirilen değerden (%10), Pham vd (2013) tarafından bildirilen değerden yüksektir.

Bu çalışmada belirlenen özgün allel sayısının diğer çalışmalara göre yüksek bulunmasının altında birkaç neden yatıyor olabilir. Bunlardan birincisi fragment analizi için kullanılan cihazdan kaynaklı okuma hataları olabilir. Ancak frekansı %10'un üzerinde olan alleller için bu olasılık oldukça düşüktür. Ayrıca tespit edilen allellerin büyüklüklerinin çoğunun daha önce belirtildiği üzere (Çizelge 4.1-4.22) literatürdeki değerlerle uyumlu olması bu olasılığı azaltmaktadır. Yapılan çalışmada cihazın okuma hatalarından kaynaklı özgün allel sayısının çok çıkması muhtemel olsa da bunun ihmal edilebilir seviyelerde olduğu düşünülmektedir. Özgün allel sayısının yüksek çıkmasının bir diğer nedeni çalışılan altı popülasyonun kapalı sürüler halinde yetiştiriliyor olması olabilir. Lowel ve Allendorf (2010) tarafından bildirildiğine göre popülasyonlar arası göç özgün allel sayısını azaltmaktadır. Bizim çalışmamızdaki altı popülasyonun birbirinden izole olarak yetiştiriliyor olması özgün allel sayısındaki fazlalığın temel nedeni sayılabilir. Özgün allel sayısındaki fazlalığın bir diğer nedeni ise bu popülasyonlarda farklı amaçlar için yapılan seleksiyon işlemi olabilir. Uzun süre farklı yönlerde yapılan seleksiyon işlemi sonucunda popülasyonlarda farklı allellerin oluştuğu düşünülebilir.

Çizelge 4.30. Çalışılan tavuk hatlarında tespit edilen özgün alleller

Lokus	Frekans	Allel Büyüklüğü (bç)					
		RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
ADL0112	0.067			120			
ADL0145	0.052				132		
ADL0268	0.040					122	
	0.018	124					
LEI0094	0.020					126	
	0.643					269	
LEI0166	0.093						279
	0.389					362	
LEI0192	0.150		260				
	0.138					272	
	0.067						284
	0.833						286
	0.107	290					
	0.036	300					
	0.067		302				
	0.089		304				
	0.429	306					
	0.050		310				
	0.033			362			
	0.017			392			
LEI0196	0.017				402		
	0.050						174
	0.900						176
	0.050					178	
	0.052	180					
LEI0228	0.117				204		
	0.411				164		
	0.083	176					
	0.533	206					
	0.417		210				
	0.250						218
	0.217		226				
	0.217		228				
	0.052			240			
	0.054					254	
	0.214					258	
0.017			268				
LEI0234	0.600					224	
	0.017					274	
	0.052	314					
MCW0037	0.345					156	
	0.138					172	
MCW0069	0.050			162			
	0.192					170	
MCW0078	0.019	143					
MCW0081	0.100					126	
	0.117				128		
MCW0183	0.074					308	
	0.050						310
	0.093					314	
	0.233			320			
	0.357				322		
0.033			330				
MCW0287	0.192				226		
	0.019		250				
	0.796					252	
MCW0301	0.100	270					
MCW0330	0.183			260			
Toplam		11	7	9	7	17	7

Altı farklı saf hatta tespit edilen ve Çizelge 4.30'da verilen özgün alleller bu hatların ayırımında genetik marker olarak kullanılabilir. Özellikle gen frekansı %10'dan daha yüksek olan alleller hat spesifik markerler olarak kullanılabilir. Çizelge 4.31'de özgün allel frekansı 0.1'den küçük olanlar turuncu renkte, 0.1-0.5 arasında olanlar mavi renkte, frekansları 0.5'den büyük olanlar ise sarı renkte gösterilmiştir. Çizelge 4.31'de sarı renkte gösterilen alleller hat ayırımı için oldukça kullanışlıdır. Bu bağlamda L-54 hattı için LEI0094 lokusundaki 269 bç'lik allel, LEI0234 lokusundaki 224 bç'lik allel ve MCW0287 lokusundaki 252 bç'lik allel; COL hattı için LEI0192 286 bç'lik allel ve LEI0196 lokusundaki 176 bç'lik allel; RIRI hattı için ise LEI0228 lokusundaki 206 bç'lik allel hat ayırımında güvenle kullanılabilir.

4.3.10. F – istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) ve gen akışı (Nm) değeri

Wright (1965) tarafından geliştirilen fiksasyon indeksleri ya da F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) populasyonların genetik yapısının tanımlanmasında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu çalışmada altı farklı saf hatta tüm lokuslarda elde edilen F_{IS} değeri pozitif bulunmuştur. Altı farklı hatta tüm lokuslar için ortalama F_{IS} değeri 0.273 olarak tespit edilmiştir. Daha önceki kısımlarda tartışıldığı üzere bu rakam kapalı sürüler halinde yetiştirilen ve uzun süre seleksiyon uygulanan bu hatlarda homozigot fazlalığını ya da bir başka deyişle heterozigot eksikliğini işaret etmektedir. Bu sonuca göre hatlarda heterozigot eksikliğinden dolayı Hardy-Weinberg dengesinden pozitif yönde bir sapma olduğu söylenebilir.

Bu çalışmada elde edilen ortalama F_{IT} değeri 0.493 olarak hesaplanmıştır. Bu değer tüm populasyonların bir arada düşünülmesi ile Hardy-Weinberg dengesinden sapmayı gösterir. Bir başka ifade ile tüm hatların bir arada düşünülmesi ile oluşan yeni populasyondaki akrabalı yetiştirme katsayısı olarak ifade edilebilir. Bu çalışmada elde edilen F_{IT} değeri (0.493), Kaya (2008) tarafından Denizli ve Gerze populasyonlarında bildirilen F_{IT} değerinden (0.308), Muchadeyi vd (2007) tarafından Zimbabve tavuk populasyonlarında (0.084), Afrika tavuk populasyonlarında (0.115), saf hatlarda (0.383) bildirilen F_{IT} değerlerinden, Chatterjee vd (2010) tarafından üç saf tavuk hattında bildirilen F_{IT} değerinden (-0.269), Bianchi vd (2011) tarafından İtalyan Ancona ve Livorno ırklarında bildirilen F_{IT} değerinden (0.327), Ramadan vd (2012) tarafından altı yerli Mısır tavuk populasyonu, bir RIR ve bir WL hattı olmak üzere sekiz populasyonda bildirilen F_{IT} değerinden (0.129), Seo vd (2013) tarafından beş Kore tavuk hattında bildirilen F_{IT} değerinden (0.137) yüksektir. Bu yüksek F_{IT} değerinin temelinde küçük populasyon büyüklükleri ve uzun dönem uygulanan seleksiyonun etkili olduğu düşünülmektedir.

Çizelge 4.31. Çalışılan tavuk hatlarında F – istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) ve gen akışı (Nm) değeri

Lokus	N	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	Nm
ADL0112	174	0,203	0,508	0,383	0,402
ADL0145	171	0,181	0,410	0,280	0,643
ADL0268	171	0,027	0,222	0,201	0,997
LEI0094	168	0,381	0,515	0,216	0,908
LEI0166	175	0,100	0,484	0,427	0,336
LEI0192	177	0,108	0,503	0,443	0,314
LEI0196	176	0,453	0,677	0,410	0,360
LEI0228	175	0,140	0,356	0,251	0,745
LEI0234	177	0,393	0,541	0,244	0,775
MCW0020	169	0,470	0,582	0,211	0,935
MCW0037	174	0,420	0,547	0,219	0,892
MCW0067	178	0,376	0,499	0,197	1,020
MCW0069	174	0,135	0,340	0,237	0,804
MCW0078	175	0,167	0,506	0,407	0,365
MCW0081	179	0,188	0,501	0,386	0,397
MCW0111	179	0,495	0,605	0,218	0,894
MCW0123	170	0,057	0,494	0,463	0,290
MCW0183	174	0,354	0,530	0,273	0,665
MCW0248	173	0,248	0,433	0,246	0,765
MCW0287	166	0,387	0,593	0,337	0,492
MCW0301	176	0,351	0,491	0,216	0,909
MCW0330	177	0,381	0,515	0,216	0,909
Ortalama	174	0.273	0.493	0.295	0.674

F_{ST} değeri alt populasyonlardaki genetik farklılaşmanın bir göstergesidir. Hartl ve Clark (2007) F_{ST} değerinin 0.25'ten büyük olması durumunda populasyonlar arasında çok büyük bir genetik farklılaşmanın olduğunu bildirmişlerdir. En düşük F_{ST} değeri 0,197 ile MCW0067 lokusunda en yüksek genetik farklılaşma 0.463 ile MCW0123 lokusunda elde edilmiştir. Bu çalışmada ortalama F_{ST} değeri 0.295 olarak hesaplanmıştır. Bu değer Tadano vd (2007b) tarafından 12 tavuk hattında yapılan çalışmada elde edilen F_{ST} değeri ile (0.298) benzer iken, Muchadeyi vd (2007) tarafından saf hatlarda elde edilen F_{ST} değerinden (0.357) düşüktür. Burada elde edilen F_{ST} değeri (0.295) Chatterjee vd (2010) tarafından üç saf tavuk hattında bildirilen F_{ST} değerinden (0.056), Ramadan vd (2012) tarafından altı yerli, bir RIR ve bir WL hattı olmak üzere sekiz populasyonda bildirilen F_{ST} değerinden (0.082) ve Seo vd (2013) tarafından beş Kore tavuk hattında bildirilen F_{ST} değerinden (0.129) yüksektir. Elde edilen sonuçlara göre altı saf hattın genetik olarak yüksek düzeyde farklılaştığı söylenebilir. Bu hatların kökenleri ve yetiştirilme sistemleri göz önüne alındığında bu sonuçlar normaldir. Çünkü bu hatlar farklı genetik kökenlerden gelmektedir. Ayrıca kapalı sürüler halinde yetiştirilen bu hatlarda çeşitli verimler için uygulanan seleksiyon

bu farklılaşmayı arttırmaktadır. Çalışılan altı saf hat kökenlerine uygun olarak RIR, BAR ve COL şeklinde üç populasyon olarak kabul edilip incelenseydi, genetik farklılaşmanın daha yüksek çıkması beklenebilirdi. Gerçekte çalışılan altı farklı saf hattın genetik kökeni üç ana ırktan gelmektedir. Bununda genetik farklılaşmayı nispeten düşürdüğü düşünülmektedir.

Kaya (2008) tarafından Denizli ve Gerze populasyonlarında Nm değeri 1.6 olarak, Chatterjee vd (2010) tarafından üç saf tavuk hattından altı populasyonda 4.19 olarak tespit edilmiş ve populasyonlar arasındaki gen akışının ihmal edilebilecek boyutlarda olduğunu bildirmişlerdir. Bu tez çalışmasında elde edilen gen akışı (Nm) değeri (0.674) yukarıdaki iki çalışmadan da daha düşük seviyelerdedir. Elde edilen bu sonuç bu populasyonların yetiştirilme şekli ile de uyumludur. Kapalı sürüler halinde kendi içerisinde yetiştirilen bu populasyonlarda Nm değerinin sıfıra yakın olması beklenen bir sonuçtur.

4.3.11. İkişerli F_{ST} değerleri

Çalışılan hatlarda en düşük ikişerli F_{ST} değeri (0.115) BARI ve BARIİ hatları arasında, en yüksek ikişerli F_{ST} değeri (0.352) L-54 ve COL hatlarında elde edilmiştir. Tüm populasyonlarda 22 mikrosatellit marker için elde edilen ortalama ikişerli F_{ST} değeri 0.294 olarak belirlenmiştir. Bu değer Çizelge 4.32'deki F_{ST} değeri (0.295) ile de uyumludur. COL ve L-54 hatlarında en yüksek ikişerli F_{ST} değerinin (0.352) elde edilmesinin nedeninin L-54 hattının %15 Leghorn kanı taşıması olduğu düşünülmektedir. Bu hat sentetik bir hattır ve Colombian Rock hattına fenotip olarak çok benzemesine rağmen bu hatta %15 Leghorn kanı katılarak oluşturulmuştur. Çizelge 4.32'de görüldüğü üzere tüm ikişerli F_{ST} değerleri 0.01 önem seviyesinde istatistiki olarak önemlidir. Çalışılan hatların %29.4 (0.294) gibi yüksek bir oranda farklılaştığı görülmektedir

Çizelge 4.32. Çalışılan altı saf tavuk hattı arasında tahmin edilen ikişerli F_{ST} değerleri

	RIRI	RIRII	BARI	BARIİ	L-54
RIRII	0.210**				
BARI	0.311**	0.348**			
BARIİ	0.315**	0.346**	0.115**		
L-54	0.295**	0.298**	0.296**	0.287**	
COL	0.261**	0.342**	0.311**	0.324**	0.352**

**p < 0.01; Ortalama = 0.294

Tadano vd (2012) Nagoya tavuk ırkından üretilen 5 yakın akraba tavuk hattında ikişerli F_{ST} değerlerinin 0.0224 ile 0.2500 arasında değiştiğini, Tadano vd (2013) yedi Plymouth Rock hattında ise 0.201 ile 0.422 aralığında değiştiğini bildirmiştir. Nagoya ırkından elde edilen beş saf hat NG, NG2, NG3, NG4 ve NG5 sırasıyla 1903, 1973, 1984, 1992 ve 2001 yılında oluşturulmuştur. Yedi Plymouth Rock hattı ise ağırlıklı olarak 1960 ve 1970li yıllarda oluşturulmuştur. Bu çalışmalardan uygulanan seleksiyon süresinin genetik farklılaşmayı arttırdığı söylenebilir. BARI ve BARIİ hatları ile RIRI ve RIRII hatları da kendi içerisinde ortak kökenden gelmelerine rağmen uzun süredir

uygulanen seleksiyon işlemi bu hatlardaki farklılaşmaya neden olmuş olabilir. Daha önceki kısımlarda belirtildiği üzere bu hatlar üzerinde Türkiye’de geçirdikleri süreyi de dahil edersek yaklaşık 70 yıldır seleksiyon işlemi uygulanmaktadır.

4.3.12. Genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Çizelge 4.33. Çalışılan altı saf tavuk hattında heterozigotluklar (H_S , H_T), genetik farklılık (D_{ST}) ve genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST})

Lokus	N	H_S	H_T	D_{ST}	G_{ST}
ADL0112	174	0.485	0.753	0.269	0.357
ADL0145	171	0.583	0.784	0.201	0.257
ADL0268	171	0.698	0.859	0.161	0.187
LEI0094	168	0.637	0.800	0.163	0.204
LEI0166	175	0.478	0.783	0.305	0.389
LEI0192	177	0.523	0.884	0.360	0.408
LEI0196	176	0.537	0.865	0.328	0.379
LEI0228	175	0.717	0.933	0.216	0.231
LEI0234	177	0.709	0.918	0.209	0.227
MCW0020	169	0.598	0.747	0.148	0.199
MCW0037	174	0.630	0.793	0.164	0.206
MCW0067	178	0.626	0.768	0.142	0.185
MCW0069	174	0.616	0.796	0.180	0.226
MCW0078	175	0.473	0.755	0.282	0.373
MCW0081	179	0.499	0.774	0.276	0.356
MCW0111	179	0.432	0.545	0.113	0.207
MCW0123	170	0.358	0.636	0.278	0.437
MCW0183	174	0.568	0.758	0.190	0.251
MCW0248	173	0.588	0.762	0.174	0.228
MCW0287	166	0.552	0.810	0.258	0.319
MCW0301	176	0.651	0.816	0.165	0.203
MCW0330	177	0.686	0.862	0.176	0.204
Ortalama	174	0.575	0.792	0.216	0.274

Bu çalışmada altı farklı saf hatta elde edilen ortalama heterozigotluk (H_S) 0.575 olarak, tüm hatların tek popülasyon kabul edilmesiyle elde edilen popülasyondaki heterozigotluk yani toplam heterozigotluk (H_T) 0.792 olarak hesaplanmıştır. Bu değerlerden yararlanarak hesaplanan genetik farklılık (D_{ST}) 0.216, genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) ise 0.274 olarak tespit edilmiştir. Nei 1987’ ye göre G_{ST} değeri 0.25’ten büyük değer alan popülasyonlar birbirinden yüksek derecede farklılaşmıştır. Bu çalışmada elde edilen ortalama G_{ST} değeri popülasyonların birbirinden yüksek derecede farklılaştığını göstermektedir. Bu sonuçlar daha önce Çizelge 4.32’de bildirilen F_{ST} değeri ile de uyumludur. Çalışılan altı farklı saf hatta tespit edilen %79.2 toplam heterozigotluğun yaklaşık üçte biri (%27.4) bu ırklar arasındaki varyasyondan kaynaklanmaktadır.

4.3.13. Moleküler varyans analizi (AMOVA)

Yapılan tez çalışmasında genetik varyasyonun hatlar arasında ya da içinde nasıl dağıldığını belirlemek için AMOVA analizi yapılmıştır. Varyans bileşenleri Çizelge 4.34’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.34. Çalışılan tavuk hatlarında moleküler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi (SD)	Kareler Toplamı (KT)	Varyans (%)
Populasyonlar Arası	5	668.33	29.52**
Populasyonlar İçi Bireyler Arası	174	1095.62	17.09**
Bireyler İçi	180	691.00	53.39**
Genel	359	2454.95	100

**p < 0.01

Yapılan AMOVA analizi sonuçları incelendiğinde toplam genetik varyasyonun %29.52’sinin populasyonlar arasındaki farklılıktan, %17.09’unun populasyonlar içi bireyler arasından ve %53.39’unun bireyler içindeki farklılıktan kaynaklandığı söylenebilir. Hatlar arasındaki farklılıkların istatistiksel olarak önemli olup olmadığı permütasyon test uygulanarak test edilmiştir. Yapılan test sonuçlarına göre hatlar arasındaki farklılıklar önemli bulunmuştur (p < 0.01). Elde edilen sonuçlara göre çalışılan altı tavuk hattından en az birinin diğerinden önemli derecede farklılaştığı söylenebilir.

4.3.14. Nei’nin genetik uzaklık (D_A) ve genetik benzerlik değerleri

Çalışılan tavuk hatları arasındaki Nei’nin yansız genetik mesafe tahmini ve hatlar arasındaki genetik benzerlikler Çizelge 4.35’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.35. Çalışmada kullanılan altı saf tavuk hattı arasındaki genetik mesafe (D_A) ve genetik benzerlik

	RIRI	RIRII	BARI	BARII	L-54	COL
RIRI	****	0.5951	0.3470	0.3099	0.2885	0.5186
RIRII	0.5190	****	0.3281	0.3760	0.3464	0.3800
BARI	1.0584	1.1146	****	0.7562	0.2825	0.3994
BARII	1.1715	0.9782	0.2795	****	0.3456	0.3732
L-54	1.2430	1.0603	1.2642	1.0626	****	0.2363
COL	0.6565	0.9676	0.9177	0.9855	1.4427	****

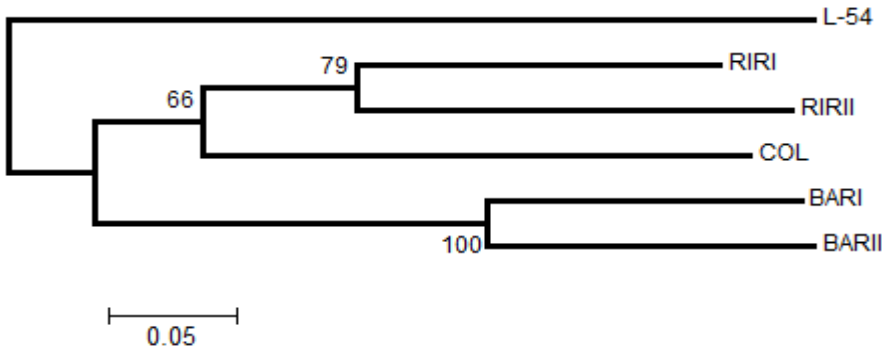
Köşegenin üstündeki değerler genetik benzerliği, altındaki değerler ise genetik mesafeyi göstermektedir

Çalışılan tavuk hatları arasında en yakın genetik mesafe BARI ve BARIİ hatlarında (0.279), en uzak genetik mesafe ise COL ve L-54 hatları (1.443) arasında tespit edilmiştir. Yine çalışmada en yüksek genetik benzerlik BARI ve BARIİ hatları arasında (0.756), en düşük ise COL ve L-54 hatları arasında (0.236) tespit edilmiştir. Muchadeyi vd (2007) yaptıkları çalışmada saf hatlar arasındaki Nei'nin genetik mesafe değerini 0.610 olarak, Rajkumar vd (2007) RIR ve iki WL populasyonu arasındaki genetik mesafe değerini sırasıyla 0.430 ve 0.380 olarak, Ramadan vd (2012) RIR ve WL populasyonları arasındaki genetik mesafe değerini 0.326 olarak, Seo vd (2013) beş Kore tavuk hattında genetik mesafe değerlerinin 0.083 ile 0.171 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

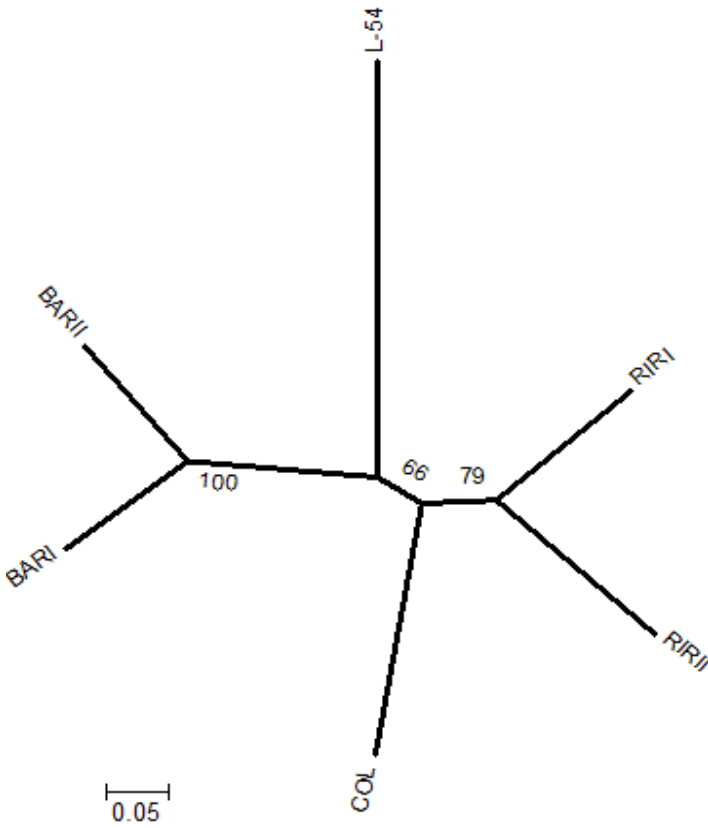
Daha önce Kuramsal Bilgiler kısmında belirtildiği üzere literatürde BARI ve BARIİ hatlarının birbiri ile ilişkisi olmadığı raporlanmıştır (Göger ve Erdurmuş 2003). Ancak bizim bu çalışmadan elde ettiğimiz bulgular bunun aksini işaret etmektedir. Bu çalışmada BARI ve BARIİ hatları arasında belirlenen ikişerli F_{ST} değeri (0.115), genetik mesafe değeri (0.2795) bu hatlar arasındaki en yakın ilişkinin BARI ve BARIİ hatları arasında olduğunu ispatlamaktadır. Elbette bu hatların genetik kökenleri aynıdır ve bu hatlar arasındaki genetik mesafenin yakın olması beklenir. Ancak bu çalışmada genetik kökeni aynı olan diğer hatlar arasında (RIRI ve RIRII; L-54 ve COL) tespit edilen ve literatürdek benzer hatlar arasında bildirilen genetik benzerlik değerleri BAR hatları arasında elde edilen değere göre çok daha yüksektir. Ayrıca Çizelge 4.32'de verilen ikişerli F_{ST} değerleri en az farklılaşmanın BAR hatları arasında olduğunu göstermiştir. Tüm bu bulgular ışığında BAR hatlarının diğer hatlara göre daha yakın zamanda birbirinden ayrıldığı söylenilebilir. Muhtemelen bu hatların yurt dışından ithal edildiği kurum ticari sır kapsamında bu bilgileri saklamış olabilir. BARI ve BARIİ hatlarındaki N_a , N_e , H_o ve H_e değerlerine bakarak BARIİ hattının BARI hattından elde edildiği düşünülebilir. BARI ve BARIİ hattından sonra ikinci en yakın genetik mesafe değerinin de RIRI ve RIRII hatları arasında elde edilmiştir. Ancak buradaki mesafe değerleri literatürdeki diğer değerler ile karşılaştırıldığında oldukça yüksektir. Bunun nedeninin bu hatlarda uygulanan seleksiyon işlemlerinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Çalışmada en yüksek genetik mesafe değerinin (1.4427) elde edildiği COL ve L-54 hatlarındaki durumun ise L-54 hattındaki %15 Leghorn kanından kaynaklandığı düşünülmektedir.

4.3.15. Nei'nin genetik uzaklık (D_A) değeri kullanılarak yapılan kümeleme analizleri

Nei (1978)'nin yansız genetik uzaklık (D_A) değerlerinden yararlanılarak oluşturulan UPGMA (Unweighted Pair-Group Method) dendogramı Şekil 4.14'de, komşu birleştirme ağacı (NJ, neighbor joining tree) ise Şekil 4.15'de gösterilmiştir.



Şekil 4.14. Çalışılan tavuk hatlarında genetik mesafe (D) değerleri kullanılarak yapılan UPGMA dendrogramı

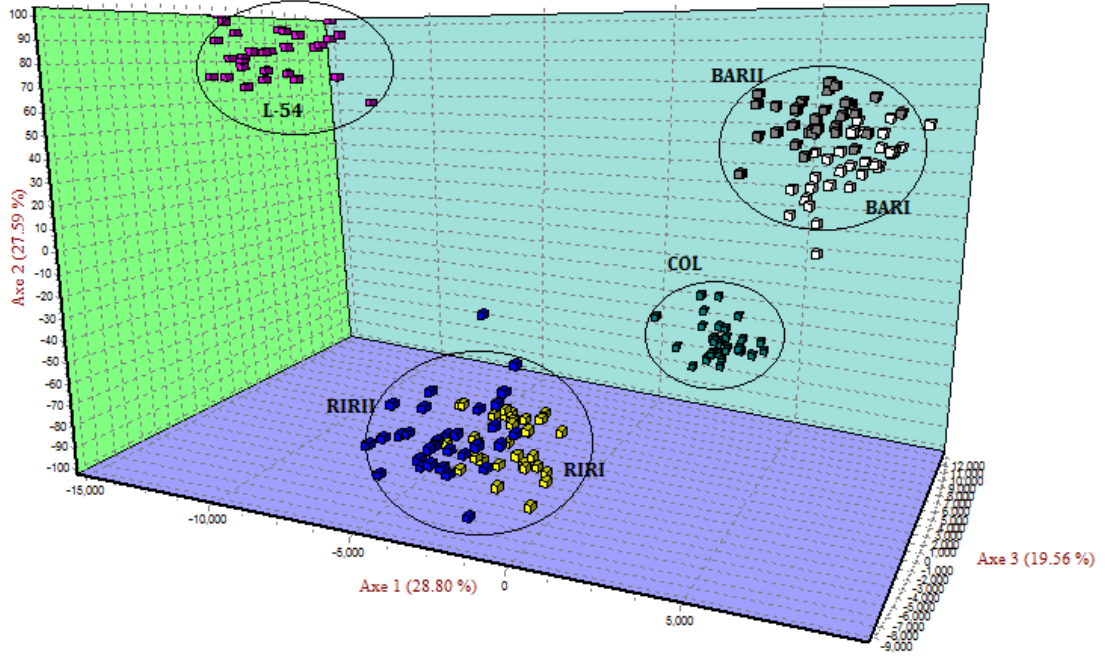


Şekil 4.15. Çalışılan tavuk hatlarında genetik mesafe (D) değerleri kullanılarak yapılan NJ ağacı

Nei (1978)'nin genetik mesafe değerlerinden yararlanarak NJ metodu ile oluşturulan filogenetik ağacında hatlar kökenleri ile uyumlu olarak dört gruba ayrılmıştır. Birinci grupta BARI ve BARII hatları, ikinci grupta RIRI ve RIRII hatları, üçüncü grupta L-54 hattı ve son grupta ise COL hattı yer almıştır. COL ve L-54 hatları genetik köken olarak büyük oranda benzese de L-54 hattındaki %15'lik Leghorn kanı bu hatların filogenetik ağacında ayrı kollara ayrılmasına sebep olmuştur.

4.3.16. Faktöriyel uygunluk analizi (FCA)

Hatlar arasındaki ilişkiyi üç boyutlu düzlemde ortaya koymak için uygulanan FCA sonuçları Şekil 4.16'da gösterilmiştir.

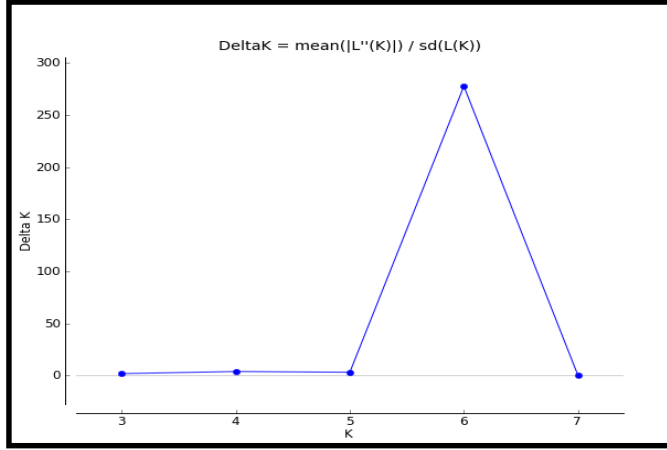


Şekil 4.16. Çalışılan tavuk hatlarında FCA analizi görüntüsü

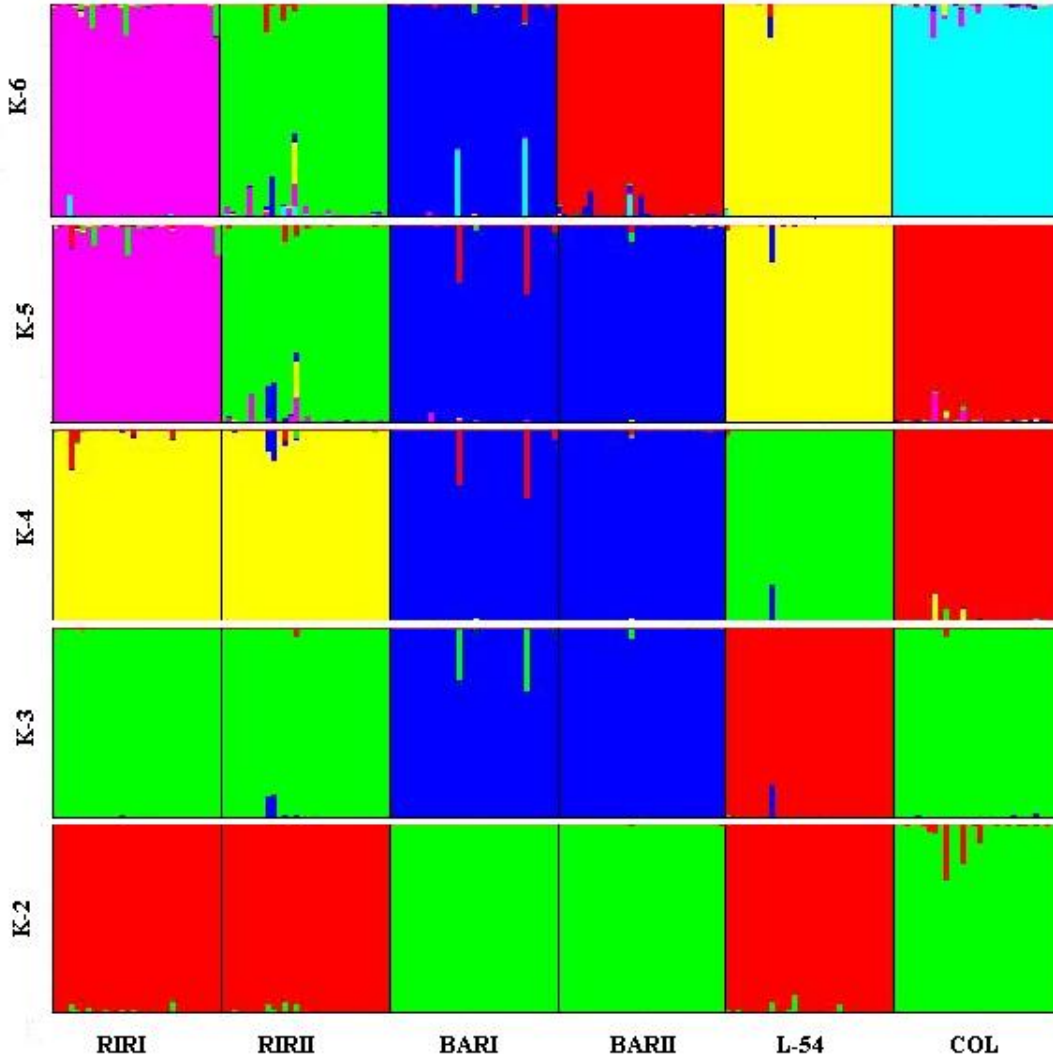
Faktöriyel uygunluk analizi sonuçları NJ ağacı sonuçlarına benzer olarak çalışılan hatları dört gruba ayırmıştır. RIRI ve RIRII hattından bireyler, BARI ve BARIİ hattından bireyler iç içe öbeklenerek iki grubu oluşturmuştur. COL hattından bireyler bu iki grubun arasında yer alarak diğer bir kümeyi oluşturmuştur. Son kümeyi oluşturan L-54 hattından bireyler ise bu üç gruptan uzakta dördüncü kümeyi oluşturmuştur.

4.3.17. Genetik yapı analizi (Structure)

Tavuk hatlarının farklılaşması Bayesian kümeleme analizi kullanılarak STRUCTURE programı ile incelenmiştir. En iyi K değerinin tespit etmek için Evanno vd (2005) algoritması web tabanlı bir program olan STRUCTURE HARVESTER (Earl ve Vonholdt 2012) kullanılarak elde edilmiştir. Bu yöntemle göre en yüksek ΔK değerinin elde edildiği küme 6 (K=6) olmuştur (Şekil 4.17.). Structure analizi sonuçları Şekil 4.18'de verilmiştir.



Şekil 4.17. Structure Harvester programında elde edilen en yüksek ΔK değeri (K=2 ile K=8 arası, 6 populasyon)



Şekil 4.18. Çalışılan tavuk hatlarında Structure kümeleme analizi görüntüsü

Structure analizi sonuçlarına göre K değeri 2 olduğu zaman bir grupta RIRI, RIRII ve L-54 hatları bir kümede BARI, BARIİ ve COL hatları ise ikinci kümede yer almaktadır. K değeri üç olduğu zaman RIRI, RIRII ve COL hatları bir küme, BARI ve BARIİ hatları bir küme, L-54 hattı ise bir kümeyi oluşturmaktadır. K değeri 4 olduğu zaman RIRI ve RIRII bir küme, BARI ve BARIİ bir küme, COL ve L-54 hatları da ayrı birer kümeyi oluşturmaktadır. K değeri 5 olduğunda BARI ve BARIİ hatları aynı kümede yer alırken diğer dört hat farklı kümeleri oluşturmuştur. En yüksek ΔK değeri $K=6$ olduğunda elde edilmiştir. Yani en iyi kümeleme altı grup oluştuğunda edilmektedir.

Bu tez çalışmasında elde edilen ikişerli F_{ST} değerlerinin ve genetik farklılaşma katsayılarının (G_{ST}) literatürde bildirilen değerlerin çoğundan yüksek olduğu daha önce belirtilmişti. Structure analizinden elde edilen sonuçlar bu bulguları desteklemektedir. NJ ağacı ve FCA analizi sonucunda çalışılan hatlar dört ana gruba ayrılmış olsa da en yüksek ΔK değerinin elde edildiği $K=6$ 'da Structure analizi çok yakın olan RIRI ve RIRII, BARI ve BARIİ hatlarını da ayrı kümelemiştir. Bu hatlarda çeşitli özellikler bakımından uzun süredir uygulanan seleksiyon işleminin bu hatları farklılaştırdığı düşünülmektedir. Structure analizi ırk bazında kümelemede çok başarılı olduğu kadar uzun süre seleksiyon uygulanan hatlarda ya da koruma altındaki sürülerde de çok kullanışlıdır.

5. SONUÇ

1-) Bu tez çalışmasında altı saf farklı hatta kullanılan 22 mikrosatellit lokusun tamamı polimorfik bulunmuştur. Tüm populasyonlar bir arada düşünüldüğünde allel genişliği (AG) en düşük MCW0111 lokusunda (98-104 bç), en yüksek LEI0192 lokusunda (256-402 bç) belirlenmiştir. Allel sayılarına bakıldığında en az allelin MCW0111 lokusunda (4 allel) en çok ise LEI0228 lokusunda (23 allel) elde edildiği görülmektedir (Çizelge 4.29.). Bu sonuçlara bakılarak çalışmada kullanılan 22 mikrosatellit markerın tavuklarda hat düzeyinde genetik varyasyonun belirlenmesinde oldukça kullanışlı olduğu söylenebilir.

2-) İncelenen altı populasyonda çalışılan 22 mikrosatellit lokus için PIC değeri ortalamaları 0.487 (RIRII) - 0.587 (RIRI) aralığında değişmiştir (Çizelge 4.23-4.28). Daha önce Bulgular ve Tartışma kısmında da belirtildiği üzere PIC değerinin 0.25-0.50 aralığında olması lokusun orta düzeyde bilgi verici olduğunu, 0.50'den büyük olması durumunda ise yüksek düzeyde bilgi verici olduğunu göstermektedir. Bizim çalışmamızda sadece RIRI populasyonunda PIC değeri ortalaması 0.50'nin altında bulunmuştur. Ancak RIRI hattında elde edilen PIC değeri (0.487) 0.50'ye oldukça yakındır. Bu bulgulara dayanarak, bu çalışmada genetik varyasyonun belirlenmesi için seçilen markerların oldukça isabetli olduğu belirtilebilir. Populasyon düzeyinde 22 mikrosatellit lokus tek tek incelenerek PIC değeri 0.25'in altında olanlar aşağıda belirtilmiştir. Bundan sonra bu populasyonlarda çalışacak araştırmacıların bu lokusları tercih etmemesinde fayda vardır.

- RIRII hattında LEI0166 (0.199) ve MCW0123 (0.156) lokusları
- BARI hattında MCW0081 (0.094) lokusu
- L-54 hattında ADL0112 (0.200) ve MCW0123 (0.154) lokusları
- COL hattında LEI0196 (0.177) lokusu

3-) Çalışmada altı farklı saf hatta 22 mikrosatellit lokus için elde edilen ortalama allel sayısı, etkili allel sayısı, gözlenen ve beklenen heterozigotluklar Çizelge 5.1.'de özetlenmiştir.

Çizelge 5.1. Çalışılan altı saf tavuk hattında ortalama allel sayısı, etkili allel sayısı, beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri

Populasyon	Na	Ne	Ho	He
RIRI	5.454	3.110	0.476	0.645
RIRII	4.954	2.439	0.309	0.540
BARI	5.000	2.853	0.440	0.609
BARII	4.409	2.617	0.496	0.594
L-54	4.864	2.635	0.471	0.565
COL	4.727	2.469	0.369	0.556

Çizelge 5.1.'e bakıldığında populasyonların hepsinde gözlenen heterozigotluğun beklenen heterozigotluktan düşük olduğu görülmektedir. Bunun nedenleri arasında bu populasyonların uzun süredir kapalı olarak yetiştirilmesi ve seleksiyona tabi tutulması gösterilebilir. Böyle populasyonlarda heterozigot eksikliği ya da bir başka deyişle

homozigot fazlalığı beklenen bir durumdur. Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerlerine bakıldığında tüm populasyonlardaki varyasyonun birbirine yakın ve orta seviyelerde olduğu söylenebilir.

4-) Çalışılan altı populasyonda akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerleri en düşük L-54 hattında (0.164), en yüksek RIRII hattında (0.464) elde edilmiştir. RIRI hattında 20 lokus, RIRII hattında 20 lokus, BARI hattında 19 lokus, BARIII hattında 15 lokus, L-54 hattında 17 lokus ve COL hattında 20 lokus homozigot fazlalığından dolayı Hardy-Weinberg dengesinden sapmıştır (Çizelge 4.23 – Çizelge 4.28). Elde edilen bu değerler tüm populasyonlarda yüksek derecede akrabalı yetiştirmenin olduğunu göstermektedir. Kendi içerisinde yetiştirilen saf hatlarda belli özellikler için uzun süre devam eden seleksiyon işleminin akrabalığı yükseltmesi beklenen bir sonuçtur. Ancak bu çalışmada elde edilen değerler beklenenin çok üzerindedir. Daha önce Bulgular ve Tartışma kısmında belirtildiği üzere benzer saf hatlarda yapılan çalışmalarda elde edilen değerlerin üzerindedir. Bu yüksek akrabalığın populasyon büyüklüklerinin küçük olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Eğer mümkünse populasyon büyüklüklerinin artırılmasının Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu bünyesinde devam eden çalışmaların devamlılığı açısından faydalı olacağı düşünülmektedir.

5-) Bu çalışmada altı farklı saf hatta tespit edilen özgün alleller Çizelge 4.30'da gösterilmiştir. Çizelge 4.30'da gösterilen, frekansı 0.10'un üzerinde olan alleller (turuncu ve yeşil renkte olanlar) hat spesifik allel olarak kullanılabilir. Ancak frekansı 0.50'nin üzerinde olan allellerin hat spesifik allel olarak kullanılması çok daha güvenilirdir. Bu çalışmada tespit edilen ve aşağıda özetlenen alleller adı geçen hatların ayırımında güvenle kullanılabilir.

- LEI0094 lokusunda 269 bç'lik allel L-54 hattı için,
- LEI0192 lokusunda 286 bç'lik allel COL hattı için,
- LEI0196 lokusunda 176 bç'lik allel COL hattı için,
- LEI0228 lokusunda 206 bç'lik allel RIRI hattı için,
- LEI0234 lokusunda 224 bç'lik allel L-54 hattı için,
- MCW0287 lokusunda 252 bç'lik allel L-54 hattı için özgün allel olarak güvenle kullanılabilir.

6-) Wright'ın (1965) F istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}) sırasıyla 0.273, 0.493 ve 0.295 olarak belirlenmiştir. Elde edilen F_{IS} değeri (0.273) daha önce hatlarda belirlenen değerlerin ortalamasına eşit yada çok yakın bir değerdir. Bu da populasyonlarda akrabalığın oldukça arttığını göstermektedir. F_{IT} değeri tüm populasyondaki bireylerin bir arada düşünülmesiyle elde edilen akrabalı yetiştirme katsayısıdır. Bu çalışmada hesaplanan F_{IT} değeri (0.493) oldukça yüksektir ve önlem alınması gerektiğini işaret etmektedir. Bu tezde bulunan F_{ST} değeri alt populasyonlarda çok büyük bir genetik farklılaşma olduğunu göstermektedir.

7-) Çalışılan populasyonlar arasında ikişerli F_{ST} değerlerinin 0.115-0.352 aralığında değiştiği ve tüm populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın istatistiki olarak önemli olduğu ($p < 0.01$) tespit edilmiştir (Çizelge 4.32). RIR ve Plymouth Rock populasyonları arasında genetik farklılaşma beklenen bir durumdur. Ancak RIR (RIRI ve RIRII) ve Plymouth Rock populasyonları da (BARI, BARIII, COL ve L-54) kendi

içerisinde oldukça farklılaşmıştır. Bu sonuçlar kantitatif özellikler için uzun süre uygulanan seleksiyonun populasyonlarda genetik farklılaşmaya neden olduğunu göstermektedir. Çalışmada en yüksek ikişerli F_{ST} değeri (0.352) L-54 ve COL hatları arasında elde edilmiştir. Bunun altında yatan nedenin L-54 hattına canlı ağırlığı azaltmak için katılan %15 Leghorn kanı olduğu düşünülmektedir.

8-) İncelenen altı populasyonda toplam heterozigotluk (H_T) 0.792 olarak hesaplanmıştır. Altı populasyon arasındaki genetik farklılık (D_{ST}) 0.216, genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) 0.274 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.33). Bu sonuçlar daha önce Çizelge 4.32’de bildirilen F_{ST} değeri ile uyumludur. Bu bilgiler doğrultusunda altı farklı hatta tespit edilen toplam heterozigotluğun %79.2’sinin yaklaşık üçte birinin (%27.4) bu ırklar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı söylenebilir.

9-) Yapılan AMOVA analizi sonuçlarına göre, toplam genetik varyasyonun %29.52’sinin populasyonlar arasındaki farklılıktan, %17.09’unun populasyonları oluşturan bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı anlaşılmıştır.

10-) Araştırmada en yakın genetik mesafe BARI ve BARIİ hatlarında (0.279), en uzak genetik mesafe ise COL ve L-54 hatları (1.442) arasında tespit edilmiştir. Yine çalışmada en yüksek genetik benzerlik BARI ve BARIİ hatları arasında (0.756), en düşük ise COL ve L-54 hatları arasında (0.236) bulunmuştur. Bu sonuçlar daha önce değişik araştırmalarda belirtilen sonuçların aksine BARI ve BARIİ hatlarının çok yakın ilişkili olduğunu göstermektedir. Elde edilen genetik mesafe değeri, allel ve etkili allel sayıları bir arada değerlendirildiğinde BARIİ hattının BARI hattından elde edildiği düşünülebilir.

11-) UPGMA dendogramı, NJ ağacı ve FCA analizi sonuçlarına göre dört farklı genetik küme oluşmuştur. Birinci kümede RIRI ve RIRII hatları, ikinci kümede BARI ve BARIİ hatları, üçüncü kümede COL hattı ve dördüncü kümede L-54 hattı yer almıştır.

12-) UPGMA dendogramı, NJ ağacı ve FCA analizi sonuçlarından farklı olarak Structure analizi en iyi ΔK değerinin elde edildiği $K=6$ ’da altı farklı genetik küme oluşturmuştur.

6. KAYNAKLAR

- ABDUL-MUNEER, P.M. 2014. Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies. *Genetics Research International*, 2014: 1-14.
- ACOSTA, A.C., UFFO, O., SANZ, A., RONDA, R., OSTA, R., RODELLAR, C., MARTÍN-BURRIEL, I. and ZARAGOZA, P. 2013. Genetic diversity and differentiation of five Cuban cattle breeds using 30 microsatellite loci. *J Animal Breeding and Genetics*, 130: 79-86.
- AKABOOT, P., DUANGJINDA, M., PHASUK, Y., KAENCHAN, C. and CHINCHIYANOND, W. 2012. Genetic characterization of Red Jungle Fowl (*Gallus gallus*), Thai indigenous chicken (*Gallus domesticus*), and two commercial lines using selective functional genes compared to microsatellite markers. *Genetics and Molecular Research*, 11 (3): 1881-1890.
- AKBAY, R., YALÇIN, S., CEYLAN, N. ve OLHAN, E. 2000. Türkiye tavukçuluğunda gelişmeler ve hedefler. Türkiye Ziraat Mühendisliği 5. Teknik Kongresi. TMMOB. Ziraat Mühendisleri Odası, 795-810, 17-21 Ocak, Ankara.
- AKMAN, N., KUMLU, S., ERTUĞRUL, M., ÖZKÜTÜK, K., ELİBOL, O., AKSOY, F., DURMUŞ, İ. ve ERDOĞAN, G. 2005. Türkiye’de damızlık üretimi ve kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisliği 6. Teknik Kongresi 825-845, 3-7 Ocak, Ankara.
- AKÜNAL, T. 2009. Farklı ticari yumurtacı hibritlerin sürdürülebilirlik açısından incelenmesi. Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Yüksek Lisans Tezi. ISPARTA, 37s.
- ALTIN, T., KARACA, O., CEMAL, İ., YILMAZ, M. ve YILMAZ, O. 2005. Kıvrıkcık ve Karya kuzularda besi ve karkas özellikleri. *Hayvansal Üretim*, 46 (1): 19-29.
- ANDREW SYMONS, R.C., MARSHALL, V.M. and FOOTE S.J. 2000. Improvements in allelic discrimination of microsatellite markers using denaturing polyacrylamide gel electrophoresis. *Mammalian Genome*, 11: 671–674.
- ANONİM, 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 9, ss, 84-85, Rome. <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>. [Son erişim tarihi: 01.01.2013]
- ANONİM 2013, Yumurta tavukçuluğu verileri. Yumurta Üreticileri Merkez Birliği. <http://www.yum-bir.org/UserFiles/File/yumurta-verileri2013.pdf>. [Son erişim tarihi: 01.11.2014]

- ANONİM 2014a, Poultry production (broilers and layers), FAO. <http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/lead/toolbox/indust/indpprod.htm>. [Son erişim tarihi: 01.11.2014]
- ANONİM 2014b, FAOSTAT, <http://faostat3.fao.org/download/Q/QL/E>. [Son erişim tarihi: 01.12.2014]
- ANONİM 2014c, Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonu Müdürlüğü, <http://arastirma.tarim.gov.tr/tavukculuk/Menu/48/Tarihce>. [Son erişim tarihi: 01.12.2014]
- ANONİM 2015a, Newbould's Premier Plymouth Rocks, <http://www.plymouth-rock-poultry.co.uk/aboutplymouthrocks.htm>. [Son erişim tarihi: 01.03.2015]
- ANONİM 2015b, Department of Animal Science, Oklahoma State University, <http://www.ansi.okstate.edu/breeds/poultry/chickens/rhodeislandred/>. [Son erişim tarihi: 01.03.2015]
- ANONİM 2015c, Backyard Poultry, The History of the Rhode Island Red, http://www.backyardpoultrymag.com/the_history_of_the_rhode_island_red/. [Son erişim tarihi: 01.03.2015]
- ARIF, I.A. and KHAN, H.A. 2009. Molecular markers for biodiversity analysis of wildwife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32 (1): 9-17.
- ARIF, I.A., BAKIR, M.A., KHAN, H.A., AL-FARHAN, A.H., AL-HOMAIDAN, A.A., BAHKALI, A.H., AL-SADOON, M., and SHOBRACK, M. 2010. A brief review of molecular techniques to assess plant diversity. *International J Molecular Science*, 11: 2079–2096.
- BAYKALIR, Y. ve ŞİMŞEK, Ü.G. 2014. Yumurta tavukçuluğunda kullanılan yetiştirme sistemleri. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Veteriner Dergisi*. 28 (2): 93-98.
- BELKHİR, K., BORSA, P., CHIKHI L., RAUFASTE, N., AND BONHOMME, F. 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows pour la gé'ne'tique des populations. Université' de Montpellier II, Montpellier, France.
- BEUZEN, N.D., STEAR, M.J. and CHANG, K.C. 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. *The Veterinary Journal*, 160: 42-52.
- BIANCHI, M., CECCOBELLI, S., LANDI, V., DI LORENZO, P., LASAGNA, E., CIOCCHETTI, M., ŞAHİN, E., MUGNAI, C., PANELLA, F. and SARTI, F.M. 2011. A microsatellite-based survey on genetic structure of two Italian local chicken breeds. *Italian J. Animal Science*, 10 (39): 205-211.

- BODZSAR, N., EDING, H., REVAY, T., HIDAS, A. and WEIGEND, S. 2009. Genetic diversity of Hungarian indigenous chicken breeds based on microsatellite markers. *Animal Genetics*, 40: 516–523.
- BOLSTEIN, D., WHITE, R.L., SKOLNIK, M. and DAVIS, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American J. Human Genetics*, 32: 314-331.
- CANON, J. et. al. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution*, 3: 311–332.
- CECCOBELLI, S., KARSLI, T., DI LORENZO, P., MAROZZI, G., LANDI, V., SARTI, F.M., SABBIONI, A. and LASAGNA, E. 2015. Genetic diversity of Cornigliese sheep breed using STR markers. *Small Ruminant Research*, 123: 62–69.
- CHATTERJEE, R.N., BHATTACHARYA, T.K., DANGE, M. and RAJKUMAR, U. 2010. Assessment of genetic relatedness of crossbred chicken populations using microsatellite markers. *Biochemical Genetics*, 48: 727-736.
- CHULUUNBAT, B., CHARRUAU, P., SILBERMAYR, K., KHORLOOJAV, T. and BURGER, P.A. 2014. Genetic diversity and population structure of Mongolian domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*). *Animal Genetics*, 45: 550–558.
- CUC, N.T.K., MUCHADEYI, F.C., BAULAİN, U., EDING, H., WEIGEND, S. and WOLLNY, C.B.A. 2006. An assessment of genetic diversity of Vietnamese H'mong chickens. *International Journal of Poultry Science*, 5: 905–913.
- ÇAKI, Ş.S. 2007. Tavukçuluk sektörünün Türk ekonomisindeki yeri ve durumu. *Ege Akademik Bakış*, 7 (1): 153-189.
- ÇELEBİ, Ş. ve KARACA H. 2006. Yumurtanın besin değeri, kolesterol içeriği ve yumurtayı n-3 yağ asitleri bakımından zenginleştirmeye yönelik çalışmalar. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 37 (2): 257-265.
- DORJI, N., DAUNGJINDA, M. and PHASUK, Y. 2011. Genetic characterization of Thai indigenous chickens compared with commercial lines. *Tropical Animal Health and Production*, 43: 779-785.
- DURMUŞ, İ., SARICA, M., AKTAN, S., YILDIZ, T., KAHRAMAN, Z. ve ERTAŞ, S. 2008. Geliştirilmekte olan yerli ticari yumurtacı hibritlerin verim özelliklerinin belirlenmesi. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 8 (1): 15-9.
- EARL, D.A. and VONHOLDT, B.M., 2012. Structure harvester: a web-site and program for visualizing structure output and implementing the evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4 (2): 359–361.

- ELLEGREN, H. 2000. Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. *Trends in Genetics*, 16: 551–558.
- ELLEGREN, H. 2004. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature Reviews Genetics*, 5: 435–445.
- ERKUŞ, T. ve AKMAN, N. 2001. Yumurtacı hibrit ebevyelerin geliştirilmesinde değişik seleksiyon yöntemlerinin karşılaştırılması. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 3 (2): 17-22.
- ERTUĞRUL, M., DELLAL, G., ELMACI, C., AKIN, A.O.,PEHLİVAN, E., SOYSAL, M.İ. ve ARAT, S. 2010. Çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi. Bildiriler Kitabı-1, 179-198, 11-15 Ocak, Ankara.
- ERIKSSON, J. et al. 2008. Identification of the yellow skin gene reveals a hybrid origin of the domestic chicken. *PLOS Genetics*, 4 (2): 1-8.
- EVANNO, G., REGNAUT, S. and GOUDET, J. 2005. Detecting the number of cluster of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14: 2611–2620.
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P.E. and QUATTRO, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131 (2): 479-491.
- EXCOFFIER, L., LAVAL, G. and SCHNEIDER, S. 2006. ARLEQUIN version 3.01: an integrated software package for population genetics data analysis. University of Bern, Institute of Zoology, Switzerland.
- FALUSH, D, MATTHEW, S. and PRITCHARD, J.K. 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*, 7 (4): 574-578.
- FLOCK, D. and PREISINGER, R. 2002. Breeding plan for poultry with emphasis on sustainability In: Seventh World Conference on Genetic Applications for Livestock Production, 19–23 August, Montpellier, France.
- GLAUBITZ, J.C. 2004. CONVERT: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages, *Molecular Ecology Notes*, 4: 309-310.
- GOUDET, J. 1995. FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-Statistics. *J.Heredity*, 86: 485-486.

- GÖGER, H. ve ERDURMUS, C. 2003. Kanada'dan ithal edilen saf hatların hat içi seleksiyonla üretilmesi. Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü Kantlı Yetiştiriciliği Değerlendirme ve Planlama Toplantısı, 2-4 Nisan, 201-266, (yayınlanmamış), Ankara.
- GÖGER, H., YURTOĞULLARI, Ş. ve AKMAN, N. 2007. Kahverengi yumurtacı saf hatların yumurta verim özellikleri bakımından seleksiyonu. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 7 (1): 5-9.
- GRANEVITZE, Z., HILLEL, J., CHEN, G.H., CUC, N.T.K., FELDMAN, M., EDING, H. and WEIGEND, S. 2007. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *Animal Genetics*, 38: 576-583.
- HAKO-TOUKO, B.A. et al. 2013. The major histocompatibility complex b (MHC-B) and QTL microsatellite alleles of favorable effect on antibody response against the Newcastle disease. *International J Genetic Research*, 1 (1): 1-8.
- HARTL, D.L. and CLARK, A.G. 2007. Principles of Population Genetics, Fourth Edition, Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA.
- HILLEL, J. et al. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics Selection Evolution*, 35: 533-557.
- IZADI, F., RITLAND, C. and CHENG, K.M. 2011. Genetic diversity histocompatibility complex region in commercial and noncommercial chicken flocks using the LEI0258 microsatellite marker. *Poultry Science*, 90: 2711-2717.
- JAIN, S., JOSHI, R., JATWA, K., SHARMA, A. and MAJAHAN, S.C. 2014. DNA microsatellites. *PharmaTutor*, 2 (8): 79-86.
- JEFFREYS, A.J., WILSON, V. and THEIN, S.L. 1985. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature*, 314: 67-73.
- JOUKHADAR, R. and JIGHLY, A. 2012. Microsatellites grant more stable flanking genes. *BMC Research Notes*, 5 (556): 1-4.
- KAISER, M.G., YONASH, N., CAHANER, A. and LAMONT, S.J. 2000. Microsatellit polymorphism between and within broiler populations. *Poultry Science*, 79: 626-628.
- KARSLI, T., KARABAĞ, K. ve BALCIOĞLU, M.S. 2013. Çiftlik hayvanlarında DNA teknolojileri ve biyoteknoloji kullanımı. İç Anadolu Bölgesi 1. Tarım ve Gıda Kongresi. Cilt III (Hayvansal Üretim), 46-52, 2-4 Ekim, Niğde.
- KAYA, M. 2008. Denizli ve Gerze tavuk populasyonlarında genetik çeşitliliğin bazı mikrosatellit markörler kullanılarak belirlenmesi. Doktora tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı, Ankara, 139 s.

- KAYA, M. ve YILDIZ, M.A. 2008. Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli and Gerze, estimated by microsatellite markers. *Biochemical Genetics*, 46: 480-491.
- KHANSHOUR, A., CONANT, E., JURAS, R. and COTHRAN, E.G. 2013. Microsatellite analysis of genetic diversity and populations structure of Arabian horse populations. *J of Heredity*, 104: 386-398.
- KIMURA, M. and CROW, J.F.V., 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49: 725-38.
- KLUG, W.S., CUMMINGS, M.R. and SPENCER, C.A. 2011. Genetik Kavramlar. Palme Yayıncılık, Ankara, 677s.
- KOCA, S. 2014. Beyaz et ihracatı: sorunlar ve hedefler. TUYEM 12.Uluslararası Yem Kongresi, 20-23 Nisan, Kundu, Antalya.
- KORKMAZ AĞAOĞLU, Ö.K. ve ERTUĞRUL, O. 2010. Mikrosatellitlerin önemi ve kullanım alanları. *Veteriner Hekimler Derneği Dergisi*, 81 (1): 39-43.
- LIU, Z.J. and CORDES, J.F. 2004. DNA marker Technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238: 1-37.
- LIU, K. and MUSE, S. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128-2129.
- LIU, Y., WU, G., YAO, Y., MIAO, Y., LUIKART, G., BAIG, M., BEJA-PEREIRA, A., DING, Z., PALANICHAMY, M. G. and ZHANG, Y. 2006. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38: 12-19.
- LOWEL, W and ALLENDORF, F. 2010. What can genetics tell us about population connectivity? *Molecular Ecology*, 19 (15): 3038-3051.
- MAHMOUDI, B., BAYAT, M., SADEGHI, R., BABAYEV, M.S. and ABDOLLAHI, H. 2010. Genetic diversity among three goat populations assessed by microsatellite DNA markers in Iran. *Global Veterinaria*, 4 (2): 118-124.
- MAHMOUDI, B., PANAHI, B., MOHAMMADI, S.A., DALIRI, M. and BABAYEV M.S. 2014. Microsatellite based phylogeny and bottleneck studies of Iranian indigenous goat populations. *Animal Biotechnology*, 25: 210-222.
- MIZRAK, C., BOĞA, A.G. ve ERKUŞ, T. 2007a. Ankara Tavukçuluk Araştırma İstasyonunda geliştirilen beyaz yumurtacı ebeveyn ve hibritlerin çeşitli verim özellikleri. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 7 (1): 17-22.

- MIZRAK, C., GÖGER, H., BOĞA, A.G. ve DURMUŞ, İ., 2007b. Türkiye’de yumurtacı damızlık ve hibrit üretim çalışmaları. AB Kriterlerine Uyum Sürecinde Türkiye Tavukçuluğu Sempozyumu, 143-152, E.Ü. Ziraat Fakültesi, İzmir.
- MIESFELD, R., KRYSTAL, M. and ARNHEIM, N. 1981. A member of a new repeated sequence family which is conserved throughout eucaryotic evolution is found between the human δ - and β -globin genes. *Nucleic Acids Research*, 9: 5931–5947.
- MILLER, S., DYKES, D., and PLESKY, H.A. 1988. Simple salting out procedure for extracting DNA from human cells. *Nucleic Acids Research*, 16: 1215.
- MINVIELLE, F., KAYANG, B.B., INOUE-MURAYAMA, M., MIVA, M, VIGNAL, A., GOURICHON, D., NEAU, A., MONVOISIN, J.L. and ITO, S. 2005. Microsatellite mapping of QTL affecting growth, feed consumption, egg production, tonic immobility and body temperature of Japanese quail. *BMC Genomics*, 6 (87):1-9.
- MUCHADEYI, F.C., EDING, H., WOLLNY, C.B.A., GROENEVELD, E., MAKUZA, S.M., SHAMSELDİN, R., SİMİANER, H. and WEİGEND, S. 2007. Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 38: 332–339.
- MUKESH, J.R., GAUR U., JIANLIN H. and SATHYAKUMAR S. 2011. Cross-species applicability of chicken microsatellite markers for investigation of genetic diversity in Indian duck (*Anas platyrhynchos*) populations. *African J. Biotechnology*, 10 (76): 17623-17631.
- MTILENI, B.J., MUCHADEYI, F.C., MAISWASHE, A., GRONEVELD, E., GRONEVELD, L.F., DZAMA, K. and WEIGEND; S. 2011. Genetic diversity and conservation of South African indigenous chicken populations. *J. Animal Breeding and Genetics*, 128: 209–218.
- NEI, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106, 283-292.
- NEI, M. 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of Human Genetics*, 41(2): 225–233.
- NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics*, 89: 583-590.
- NEI, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*, Columbia University Press, NewYork.

- NISHIBORI, M., SHIMOGIRI, T., HAYASHI, T. and YASUE, H. 2005. Molecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except for *Gallus varius*. International Society for Animal Genetics, *Animal Genetics*, 36: 367–375.
- O’LEARY, S.J., DUNTON, K.J., KING, T.L., FRISK, M.G. and CHAPMAN, D.D. 2014. Genetic diversity and effective size of Atlantic sturgeon, *Acipenser oxyrinchus oxyrinchus* river spawning populations estimated from the microsatellite genotypes of marine-captured juveniles. *Conservation Genetics*, 15: 1173-1181.
- O’SULLIVAN, N.P., PREISINGER, R. and KOERHUIS, A. 2010. Combining Pure-line and cross-bred information in poultry breeding. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.1-6 August 2010, Leipzig, GERMANY.
- ÖZTÜRK, A.K. ve TÜRKOĞLU, M. 2012. Türkiye’de organik tavukçuluk. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 52 (1): 41-50.
- ÖZŞENSOY, Y., KURAR, E., DOĞAN, M., BULUT, Z., NİZAMLIOĞLU, M., IŞIK, A., ÇAMLIDAĞ, A. and ALTUNOK, V. 2014. Genetic characterization of Turkish cattle breeds by microsatellite markers: usefulness for parentage testing. *Kafkas Univerisitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 20 (4): 521-526.
- PANG, S.W.Y., RITLAND, C., CARLSON, J.E. and CHENG, K.M. 1999. Japanese quail microsatellite loci amplified with chicken-specific primers. *Animal Genetics*, 30: 195-199.
- PHAM, M.H., CHANG, W.H., SALAZAR, C.B., LIN, D.Y., YUNGRAHANG, S., WANG, C.C., LEE, Y.P., TIXIER-BOICHARD, M. and CHEN, C.F. 2013. Genetic characterization of Taiwan commercial native chickens ascertained by mikrosatellite markers. *Japan Poultry Science Association*, 50:290-299.
- PINARD-van der LAAN, M.H. et al. 2009. Microsatellite mapping of QTLs affecting resistance to coccidiosis (*Eimeria tenella*) in a Fayoumi × White Leghorn cross. *BMC Genomics*, 10 (31): 1-13.
- PRATAP, S.O., MISHRA, S.K., GAUR, R., KHAN; A.A. and ARORA, G. 2014. Estimation of genetic diversity between an indogenous Kadaknath and commercial White Leghorn breeds of chicken by using microsatellite markers. Asian Pasific Poultry Conference, Jeju, KOREA.
- PRITCHARD, J.K., MATTHEW S. and DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155 (2): 945-959.
- RAJMUKAR, U., GUPTA, B.R., AHMED, N., VENKTRAMAIAH, A. and REDDY, A.R. 2007. Genetic variation and genetic diversity in chicken populations using microsatellite assay. *Indian J. Animal Science*, 77 (11): 1194-1198.

- RAMADAN, S., KAYANG, B.B., INOUE, E., NIRASAWA, K., HAYAKAWA, H., ITO, S. and INOUE-MURAYAMA, M. 2012. Evaluation of genetic diversity and conservation priorities for Egyptian chickens. *J. Animal Science*, 2 (3): 183-190.
- REED, K.M., KRISTELLE, M., MENDOZA, M. and BEATTLE, C.W. 2000. Comparative analysis of microsatellite loci in chicken and turkey. *Genome*, 43: 796-802.
- REVIDATTI, M.A., DELGADO BERMEJO, J.V., GAMA, L.T., LANDI PERIATI, V., GINJA, C., ALVAREZ, L.A., VEGA-PLA, J.L. and MARTINEZ A.M. 2014. Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers. *J. Animal Science*, 92: 4823-4832.
- SABIR, J., MUTWAKIL, M., EL-HANAY, A., AL-HEJIN, A., SADEK, M.A., ABOU-ALSOUD, M., QURESHI, M., SAINI, K. and AHMED, M. 2014. Applying molecular tools for improving livestock performance: From DNA markers to next generation sequencing technologies. *J. Food Agriculture & Environment*, 12 (2): 541-553.
- SAITOU, N. and NEI, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
- SARICA, M., CAMCI, Ö., MIZRAK, C., AKBAY, R., TÜRKOĞLU, M. ve YAMAK U.S. 2012. Türkiye’de kanatlı ıslah stratejilerine bakış. Ulusal Kümes Hayvanları Kongresi, 27-48. 3-5 Ekim, İzmir.
- SCHLOTTERER, C. and HARR, B. (2001) Microsatellite instability. In: Encyclopedia of Life Sciences. Nature Publishing Group, 1-4.
- SEO, D.W., HOQUE, M.R., CHOİ, N.R., SULTANA, H., PARK, H.B., HEO, K.N., KANG, B.S., LIM, H.T., LEE, S.H., JO, C. and LEE, J.H. 2013. Discrimination of Korean native chicken lines using fifteen selected microsatellite markers. *Asian Australasian J. Animal Science*, 26 (3): 316-322.
- STEVENS, L. 1991. Genetics and evolution of the domestic fowl. Cambridge University Press. Cambridge.
- TADANO, R., SEKİNO, M., NİSHİBORİ, M. and TSUDZUKİ, M. 2007a. Micosatellit marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. *Poultry Science*, 86: 460-469.
- TADANO, R., NISHIBORI, M., NAGASAKA, N. and TSUDZUKİ, M. 2007b. Assessing genetic diversity and population structure for commercial chicken lines based on forty microsatellite analyses. *Poultry Science*, 86: 2301–2308.

- TADANO, R., NISHIBORI, M. and TSUDZUKI, M. 2008a. High accuracy of genetic discrimination among chicken lines obtained through an individual assignment test. *Animal Genetics*, 39: 567-571.
- TADANO, R., NISHIBORI, M., IMAMURA, Y., MATSUZAKI, M., KINOSHITA, K., MIZUTANI, M., NAMIKAWA, T. and TSUDZUKI, M. 2008b. High genetic divergence in miniature breeds of Japanese native chickens compared to Red Junglefowl, as revealed by microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 39: 71-78.
- TADANO, R., GOTO, N. and TSUDZUKI, M. 2011. Genetic differentiation among White Leghorn lines: Application of individual-based clustering approaches. *Poultry Science*, 90: 725–730.
- TADANO, R., NAKAMURA, A. and KINO, K. 2012. Analysis of genetic divergence between closely related lines of chickens. *Poultry Science* 91: 327–333.
- TADANO, R., NAGASAKA, N., GOTO, N., RIKIMARU, K. and TSUDZUKI, M. 2013. Genetic characterization and conservation priorities of chicken lines. *Poultry Science*, 92: 2860-2865.
- TADANO, R., KINOSHITA, K., MIZUTANI, M. and TSUDZUKI, M. 2014a. Comparison of microsatellite variations between Red Junglefowl and a commercial chicken gene pool. *Poultry Science*, 93 (2): 318-325.
- TADANO et al. 2014b. Cost-effective development of highly polymorphic microsatellite in Japanese quail facilitated by next-generation sequencing. *Animal Genetics*, 45 (6): 881-884.
- TAKEZAKI N. and NEI, M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144: 389-399.
- TAKEZAKI, N., NEI, M. and TAMURA, K. 2010. POPTREE2: software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with windows-interface. *Molecular Biology and Evolution*, 27 (4):747–752.
- TAUTZ, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17: 6463–6471.
- TAŞKESEN, H.O. 2010. Denizli tavuk populasyonunda mitokondriyal DNA D-loop polimorfimi. Yüksek Lisans tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Anabilim Dalı, Ankara, 58 s.
- TENDE, T., HANSSON, B., OTTOSSON, U., KESSON, M.A. and BENSCH, S. 2014. Individual identification and genetic variation of Lions (*Panthera leo*) from two protected areas in Nigeria. *Plos One*, 9 (1): 1-10.

- TENEVA, A. 2009. Molecular markers in animal genome analysis. *Biotechnology in Animal Husbandry* 25 (5-6): 1267-1284.
- TENEVA, A., DIMITROV, K., CARO PETROVIC, V., PETROVIC, M.P., DIMITROV, I., TYUFEKCHIEV, N. and PETROV, N. 2013. Molecular genetics and SSR markers as a new practice in farm animal genomic analysis for breeding and control of disease disorders. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 29 (3): 405-429.
- TIXIER-BOICHARD, M., BED'HOM, B. and ROGNON, X. 2011. Chicken domestication: from archaeology to genomics. *Comptes Rendus Biologies*, 334: 197-204.
- TÜRKOĞLU, M., ARDA, M., YETİŞİR, R., SARICA, M. ve ERSAYIN C. 1997. Tavukçuluk Bilimi. Otak Form Ofset, Samsun, ISBN: 975-94647-0-5, 336 s.
- VANHALA, T., TUISKULA-HAAVISTO, M., ELO, K, VILKKI, J. and MAKI-TANILA, A. 1998. Evaluation of genetic variability and genetic distances between eight chicken lines using microsatellite markers. *Poultry Science*, 77: 783–790.
- YEH, F.C., YANG, R.C., BOYLE, T.B.J., YE, Z.H. and MAO, J.X. 1997. POPGENE, The user-friendly shareware for population genetic analysis, Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.
- YILMAZ, O., CEMAL, I. and KARACA, O. 2014. Genetic diversity in nine native Turkish sheep breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 45: 604-608.
- ZANETTI, E., MARCHI, D.E., DALVIT, C. and CASSANDRO, M. 2010. Genetic characterization of local Italian breeds of chickens undergoing in situ conservation. *Poultry Science*, 89: 420–427.
- ZANETTI, E., MARCHI, D.E., ABBADI, M. and CASSANDRO, M. 2011. Variation of genetic diversity over time in local Italian chicken breeds undergoing in situ conservation. *Poultry Science*, 90: 2195-2201.
- ZHOU, H. and LAMONT, S.J. 1999. Genetic characterization of biodiversity in highly inbred chicken lines by microsatellite markers. *Animal Genetics*, 30: 256-264.
- WANG, H., MA, T, CHANG, G., WAN, F., XIANGPING, L., LIU, X., XU, L., CHEN, J. and CHEN G. 2014. Molecular genotype identification of different chickens: major histocompatibility complex. *The Open Access J. Science and Technology*, 2: 1-7.
- WEBER, J.L. and MAY, P.E. 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American J. Human Genetics*, 44: 388–396.

- WEIR, BS. and COCKERMAN, CC. 1984. Estimating F -statistics for the Analysis of Population, *Evolution*, 38: 1358-1370.
- WILKINSON, S., WIENER, P., TEVERSON, D., HALEY, C.S. and HOCKING, P.M. 2011. Characterization of the genetic diversity, structure and admixture of British chicken breeds. *Animal Genetics*, 43: 552–563.
- WRIGHT, S. 1965. The interpretation of population structure by f -statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19 (3): 395-420.

ÖZGEÇMİŞ



Taki KARSLI 1980 yılında Ankara'da doğdu. İlkokulu Ankara'da, ortaokul ve lise öğrenimini ise İzmir'de tamamladı. 2001 yılında girdiği Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Hayvansal Üretim Programından 2005 yılında Ziraat Mühendisi olarak mezun oldu. 2006 yılında açılan yüksek lisans sınavını kazanarak, Zootekni Bölümü, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı'nda yüksek lisans eğitimine başladı. 2006 yılında aynı fakültede görevlendirilmek üzere Fen Bilimleri Enstitüsüne bağlı Araştırma Görevlisi kadrosuna atandı. 2009 yılında yüksek lisans eğitimimi tamamlayarak, aynı bölümde doktora eğitimine başladı. Taki KARSLI halen aynı bölümde Fen Bilimleri Enstitüsü kadrosunda Araştırma Görevlisi olarak görev yapmaktadır.