

**AFYONKARAHİSAR İLİNDEKİ MANDALARIN GENETİK  
KARAKTERİZASYONU**

**Serkan EROL**

**MEDİKAL BİYOLOJİ VE GENETİK ANABİLİM DALI**

**DOKTORA TEZİ**

**DANIŞMAN**

**Doç. Dr. Metin ERDOĞAN**

**Bu çalışma Afyon Kocatepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri  
Koordinasyon Birimi tarafından 13.SAĞ.BİL.14 proje numarası ile  
desteklenmiştir.**

**TEZ NO: 2017 - 005**

**Afyonkarahisar-2017**

**TÜRKİYE CUMHURİYETİ  
AFYON KOCA TEPE ÜNİVERSİTESİ  
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**AFYONKARAHİSAR İLİNDEKİ MANDALARIN  
GENETİK KARAKTERİZASYONU**

**Serkan EROL**

**MEDİKAL BİYOLOJİ VE GENETİK ANABİLİM DALI**

**DOKTORA TEZİ**

**DANIŞMAN  
Doç. Dr. Metin ERDOĞAN**

Bu Tez Afyon Kocatepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından **13.SAĞ.BİL.14** proje numarası ile desteklenmiştir.

**TEZ NO: 2017 - 005**

**2017 - AFYONKARAHİSAR**

## KABUL VE ONAY

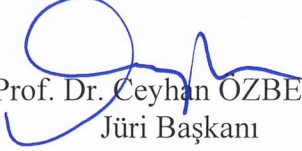
Afyon Kocatepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü

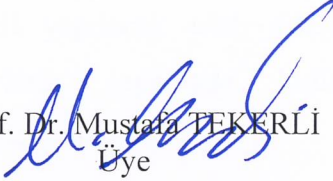
### Medikal Biyoloji ve Genetik Programı

çerçevesinde yürütülmüş olan bu çalışma, aşağıdaki jüri tarafından

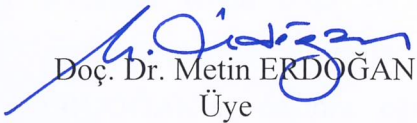
**Doktora Tezi** olarak kabul edilmiştir.

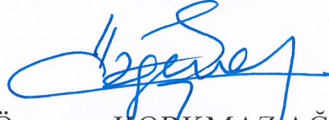
Tez Savunma Tarihi: 01.12.2017

  
Prof. Dr. Ceyhan ÖZBEYAZ  
Jüri Başkanı

  
Prof. Dr. Mustafa TEKERLİ  
Üye

  
Prof. Dr. Cevdet UĞUZ  
Üye

  
Doç. Dr. Metin ERDOĞAN  
Üye

  
Doç. Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU  
Üye

Medikal Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı Doktora Öğrencisi Serkan EROL'un "Afyonkarahisar İlindeki Mandaların Genetik Karakterizasyonu" başlıklı tezi .../.../... günü saat .....’da Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliği'nin ilgili maddeleri uyarınca değerlendirilerek kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Özal ÖZCAN  
Enstitü Müdürü

## ÖNSÖZ

Mandalar, evciltilmelerinden itibaren süt, et ve çeki hayvanı olarak yararlanılmak üzere Asya, Kuzey Afrika, Güney ve Güney-Doğu Avrupa'da yetiştirilmiş, farklı çevre koşullarına uyum sağlayabilen, düşük kaliteli ve ucuz kaba yemleri değerlendirebilen oldukça kanaatkâr hayvanlardır.

Türkiye'de manda yetiştiriciliği genellikle küçük ölçekli işletmelerde süt ve et üretimi amacıyla Karadeniz, İç Anadolu, Ege, Marmara, Doğu Anadolu ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinde yapılmaktadır. Türkiye'deki önemli hayvansal üretim kaynaklarından olan mandanın ıslah edilerek verimliliğinin artırılması önem arz etmektedir. Sunulan bu proje kapsamında; mevcut genetik kaynaklarının korunması, geliştirilmesi ve yerel ürünlerin ekonomiye kazandırılması amacıyla mandalarda başlatılan koruma/ıslah programı çerçevesinde et, süt ve döl verimi ile ilişkili yapılacak ıslah çalışmalarında, süreci ve maliyeti düşürmek amacıyla bireylerin seçiminde kullanılacak genetik test panelleri oluşturulması amaçlanmaktadır.

Tez konumun belirlenmesinde fikir, destek ve onay veren, doktora eğitimim süresince engin bilgi ve tecrübelerini aktaran, bilimsel, akademik konularda yardımlarını ve desteklerini esirgemeyen değerli hocam Doç. Dr. Metin ERDOĞAN'a; doktora eğitimimde ve tez çalışmamda fikir ve desteklerini esirgemeyen Anabilim Dalı Başkanı Prof.Dr. Cevdet UĞUZ'a, Doç. Dr. Mine Dosay AKBULUT'a ve Yard. Doç. Dr. Ömer Faruk LENGER'e, tez çalışmalarım için bana laboratuvar kapılarını açan İstanbul Gıda Kontrol Laboratuvar Müdürü Dr. Yunus BAYRAK'a, çalışmalarım esnasında her türlü desteğini ve yardımlarını esirgemeyen Ferruh TOMBUL'a ve çalışma arkadaşlarım Recep GEÇKİNLİ, Ethem KARAYILAN, Abbas KIRMIZIBAYRAK ve Yaşar Ferhat DUSAK'a ve her zaman yanımda bulunan bana destek veren aileme ve eşim Fatma EROL'a; en samimi duygularıyla teşekkürlerimi sunarım.

# İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY.....	ii
ÖNSÖZ.....	iii
İÇİNDEKİLER.....	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vii
ŞEKİLLER.....	ix
TABLolar .....	xi

<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
<b>1.1. Mandaların Sınıflandırılması ve Gruplandırılması .....</b>	<b>1</b>
1.1.1. Bataklık Mandası (Swamp Buffalo) .....	2
1.1.2. Nehir Mandası .....	3
1.1.2.1. Nilli-Ravi.....	3
1.1.2.2. Murrah.....	3
1.1.2.3. Kundi.....	3
1.1.2.4. Jafarabadi.....	4
1.1.2.5. Surti.....	4
1.1.2.6. Toda .....	4
1.1.2.7. Akdeniz Mandası .....	5
1.1.2.7.1. Anadolu Mandası .....	5
<b>1.2. Mandaların Önemli Verim Özellikleri.....</b>	<b>6</b>
1.2.1. Manda Sütü Ve Süt Ürünleri.....	6
1.2.2. Manda Eti Ve Et Ürünleri .....	7
<b>1.3. Mandaların Fizyolojik ve Biyolojik Özellikleri.....</b>	<b>9</b>
<b>1.4. Dünya’da ve Türkiye’de Manda Yetiştiriciliği .....</b>	<b>9</b>
1.4.1. Dünya’da Manda Yetiştiriciliği.....	9
1.4.2. Türkiye’de Manda Yetiştiriciliği .....	11
<b>1.5. Marker Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanım Alanları.....</b>	<b>13</b>
1.5.1. Morfolojik Markerler .....	15
1.5.2. Protein Markerleri .....	15
1.5.3. DNA Temelli Markerler .....	16
1.5.3.1. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP).....	16
1.5.3.2. Tek Zincir Konformasyon Polimorfizmleri (SSCP).....	17
1.5.3.3. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RALP) .....	18
1.5.3.4. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP).....	18
1.5.3.5. Tek Nükleotid Polimorfizmleri (SNP) .....	19
1.5.3.6. Mitokondriyal DNA .....	19
1.5.3.7. Mikrosatellitler.....	20
<b>1.6. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Karakterizasyon.....</b>	<b>21</b>
<b>1.7. Mikrosatellit Markerlerin Uygulama Alanları .....</b>	<b>23</b>
1.7.1. Ebeveyn Tayini .....	23
1.7.2. Genetik Uzaklığın Tahmini.....	23
1.7.3. Genom Haritalarının Oluşturulması .....	24

1.7.4. Kantatif Karakter Lokusların Belirlenmesi .....	25
<b>1.8. Manda Genetik Karakterizasyon Çalışmaları .....</b>	<b>25</b>
<b>2. MATERYAL - METOD .....</b>	<b>30</b>
<b>2.1. Hayvan Materyali .....</b>	<b>30</b>
<b>2.2. Kullanılan Kimyasal Madde ve Çözeltiler .....</b>	<b>30</b>
<b>2.3. Kullanılan Cihaz ve Aletler .....</b>	<b>31</b>
2.3.1. Mikropipetler .....	31
2.3.2. DNA Ekstrasyon Cihazı .....	31
2.3.3. Yatay Elektroforez Sistemi .....	31
2.3.4. PCR Cihazı .....	32
2.3.5. DNA Dizileme (Sekans) Cihazı .....	33
<b>2.4. Genetik Analizler .....</b>	<b>33</b>
2.4.1. Kan Örneklerin Toplanması .....	33
2.4.2. Kandan DNA İzolasyonu .....	34
2.4.3. DNA Kalitesinin Kontrolü .....	34
2.4.4. Agaroz Jel Elektroforez .....	35
2.4.5. Gradient PCR Analizi .....	35
2.4.6. Mikrosatellit Belirteçlerin (Marker) Analizi .....	35
<b>2.5. İstatistik Analizler .....</b>	<b>38</b>
2.5.1. Allel ve Allel Frekansların Hesaplanması .....	38
2.5.2. Beklenen, Gözlenen ve Ortalama Heterozigotluk Değerlerinin Hesaplanması .....	38
2.5.3. Beklenen ( $h_e$ ) Ve Gözlenen ( $h_o$ ) Heterozigotluk Karşılaştırılması .....	39
2.5.4. Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PIC) Hesaplanması .....	39
2.5.5. Exact Test Olasılıklarının Hesaplanması .....	40
2.5.6. Dışlama Gücü (DG) Değerlerinin Hesaplanması .....	40
<b>3. BULGULAR .....</b>	<b>41</b>
3.1. AME VE CCMB154 Lokusu .....	41
3.2. BMS922 Lokusu .....	42
3.3. CCMB005 Lokusu .....	43
3.4. CCMB113 Lokusu .....	44
3.5. CCMB116 Lokusu .....	45
3.6. CCMB117 Lokusu .....	47
3.7. CCMB125 Lokusu .....	48
3.8. CCMB126 Lokusu .....	49
3.9. CCMB159 Lokusu .....	50
3.10. CCMB164 Lokusu .....	52
3.11. CCMB168 Lokusu .....	53
3.12. DIK1129 Lokusu .....	54
3.13. DIK1182 Lokusu .....	56
3.14. DIK1192 Lokusu .....	57
3.15. DIK2204 Lokusu .....	58
3.16. DIK2700 Lokusu .....	59
3.18. DIK3023 Lokusu .....	61

3.19. DIK3028 Lokusu .....	62
3.20. IOBT34 Lokusu .....	63
3.21. TGLA23 Lokusu .....	64
<b>4. TARTIŞMA .....</b>	<b>67</b>
<b>5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....</b>	<b>73</b>
<b>ÖZET .....</b>	<b>76</b>
<b>SUMMARY .....</b>	<b>78</b>
<b>KAYNAKLAR.....</b>	<b>80</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ.....</b>	<b>93</b>

## SİMGELER VE KISALTMALAR

AFLP	Çoğaltılabilen Parça Uzunluğu Polimorfizmi
bç	Baz Çifti
°C	Santigrat derece
cM	Sentimorgan
ddH <sub>2</sub> O	Bidistile Su
dk	Dakika
DNA	Deoksiriboz Nükleik Asit
dNTP	Dezoksिनुकлеотитрифосфат
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetikasit
EST	Esteraz
EtOH	Etanol
FAO	Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
g	Gram
HCl	Hidroklorik Asit
HWD	Hardy–Weinberg Dengesi
Kcal	Kalori
kg	Kilogram
M	Molar
MAS	Marker Assisted Selection
mg	Miligram
ml	Mililitre
mM	Milimolar
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar
mt-DNA	Mitokondrial DNA
NaCl	Sodyum Klorür
nDNA	Nükleer DNA
ng	Nanogram



nM	Nanomol
nm	Nanometre
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
pH	Hidrojen İyonlarının (-) Logaritması
PIC	Polimorfizm Bilgi İçeriği
QTL	Quantitative Trait Locus
RAPD	Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Tekniği
RE	Restriksiyon Endonükleaz Enzim
RFLP	Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniği
sn	Saniye
SNP	Tek Nükleotid Polimorfizmi
SSCP	Tek Zincir Konformasyon Polimorfizmi Tekniği
STR	Short Tandem Repeat /Kısa Ardarda Tekrarlar
STS	Sequence Tagged Site
TE	Tris-HCL-EDTA Buffer
Tm	Erime Sıcaklığı
TSE	Türk Standartları Enstitüsü
UV	Ultra Viole Işık
VNTR	Değişken ardışık nükleotid tekrarları

## ŞEKİLLER

Şekil 1.1. Mandaların gruplandırılması (Ligda, 1998) .....	2
Şekil 1.2. Nehir mandaları (Anonim, 2015). .....	5
Şekil 1.3. Anadolu Mandası (Serkan Erol, 13.02.2016) .....	6
Şekil 1.4. Türkiye’de 2013 yılındaki manda varlığının coğrafi bölgelere göre dağılımı (Şahin, 2015). .....	12
Şekil 2.1. MagNA Pure 96 DNA Ekstrasyon Cihazı.....	32
Şekil 2.2. Yatay Jel Elektroforez Cihazı .....	33
Şekil 2.3. PCR Cihazı.....	33
Şekil 2.4. Applied Biosystem 3500 Genetik Analiz Cihazı .....	34
Şekil 2.5. MagNA Pure 96 DNA Ekstrasyon Kiti.....	35
Şekil 3.1. AME lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	41
Şekil 3.2. BMS922 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	43
Şekil 3.3. CCMB005 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	44
Şekil 3.4. CCMB113 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	45
Şekil 3.5. CCMB116 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	46
Şekil 3.6. CCMB117 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	48
Şekil 3.7. CCMB125 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	49
Şekil 3.8. CCMB126 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	50
Şekil 3.9. CCMB159 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	51
Şekil 3.10. CCMB164 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	53
Şekil 3.11. CCMB168 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü .....	54
Şekil 3.12. DIK1129 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	55
Şekil 3.13. DIK1182 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	56
Şekil 3.14. DIK1192 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	58
Şekil 3.15. DIK2204 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	59
Şekil 3.16. DIK2700 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	60
Şekil 3.17. DIK3023 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	62
Şekil 3.18. DIK3028 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü.....	63

- Şekil 3.19.** IOBT34 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü ..... 64
- Şekil 3.20.** TGLA23 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü ..... 65

## TABLolar

<b>Tablo 1.1.</b> Mandaların Taksonomik Sınıflandırılması (Anonim, 2007a).....	2
<b>Tablo 1.2.</b> Çiftlik hayvanı sütlerinin bileşimleri (%) (Oysun, 1987; Demirci ve ark, 1991).....	7
<b>Tablo 1.3.</b> Manda ve sığır etinin kimyasal bileşenlerin karşılaştırılması.....	8
<b>Tablo 1.4.</b> Dünya ve Türkiye’de Manda Sayısındaki Değişim (Baş)(TÜİK, 2015, FAO, 2015).....	10
<b>Tablo 1.5.</b> Yıllara göre Türkiye’deki manda varlığı (TÜİK, 2015) .....	11
<b>Tablo 2.1.</b> Kullanılan Kimyasal Madde ve Çözeltiler.....	31
<b>Tablo 2.2.</b> Touchdown PCR Protokolü.....	37
<b>Tablo 2.3.</b> Projede kullanılan mikrosatellite belirteçlere ait özellikler .....	38
<b>Tablo 3.1.</b> BMS922 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	42
<b>Tablo 3.2.</b> CCMB005 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	43
<b>Tablo 3.3.</b> CCMB113 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	45
<b>Tablo 3.4.</b> CCMB116 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	46
<b>Tablo 3.5.</b> CCMB117 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	47
<b>Tablo 3.6.</b> CCMB125 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	48
<b>Tablo 3.7.</b> CCMB126 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	50
<b>Tablo 3.8.</b> CCMB159 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	51
<b>Tablo 3.9.</b> CCMB164 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	52

<b>Tablo 3.10.</b> CCMB168 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	53
<b>Tablo 3.11.</b> DIK1129 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	55
<b>Tablo 3.12.</b> DIK1182 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	56
<b>Tablo 3.13.</b> DIK1192 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	57
<b>Tablo 3.14.</b> DIK2204 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	59
<b>Tablo 3.15.</b> DIK2700 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	60
<b>Tablo 3.16.</b> DIK3023 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	61
<b>Tablo 3.17.</b> DIK3028 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	62
<b>Tablo 3.18.</b> IOBT34 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk İndeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı .....	64
<b>Tablo 3.19.</b> TGLA23 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı.....	65
<b>Tablo 3.20.</b> Lokuslardaki allel sayıları, heterozigotluk indeksleri ve ortalamaları, PIC ve DG değerleri.....	66

# 1. GİRİŞ

Arkeolojik bulgular nehir mandaların (*Bubalis bubalis*) günümüzden 3000-6000 yıl önce Hindistan'da evcilleştirildiğini göstermektedir (Yang ve ark., 2008). Manda, tarih boyunca süt, et ve çeki hayvanı olarak dünyanın farklı bölgelerinde yetiştirilmiştir. Manda Türkiye'de dombay, camız, camış ve kömüş olarak da adlandırılmaktadır. Camız Arapça da "su sığır" anlamına gelmektedir. İngilizce'de de yabancı su sığırı anlamına gelen "water buffalo" terimi kullanılmaktadır (Soysal, 2009).

## 1.1. Mandaların sınıflandırılması ve gruplandırılması

Mandalar, *Bovidae* (*Sığırgiller*) ailesinin *Bos* cinsine ait bir sığır türüdür. Türkiye'de yetiştirilen mandalar, Anadolu mandası olarak bilinmekte olup, nehir mandalarının bir alt grubu olan Akdeniz mandalarından köken almaktadır (Küçükkebağcı ve Şahin, 2002).

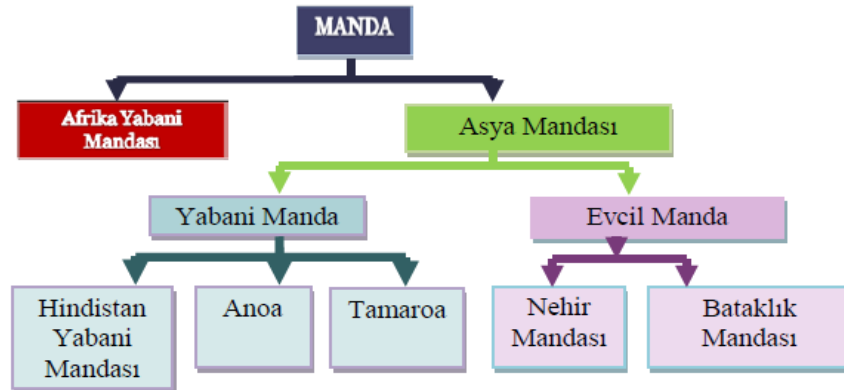
Manda, çift tırnaklı, geviş getiren sığır ailesinin bir üyesi olup, *Bubalus* familyasındandır (Tablo 1.1). Asya mandaları (*bubalina*) ve Afrika mandaları (*synserina*) olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır. Afrika mandası Cape, Kongo Mandası veya Kırmızı manda (*Syncerus caffer caffer*) ve Savan Mandası (*Syncerus caffer aequinoctialis*) olmak üzere üç alt gruba ayrılmaktadır. Asya mandası ise yabancı ve evcil olmak üzere iki grupta toplanmaktadır. Yabancı Mandalar Anoa mandası (*Bubalus depressicornis*), Tamarao mandası (*Bubalus mindorensis*), Arni (Hint) mandası (*Bubalus arnee*) olmak üzere üç alt gruba; evcil mandalar ise bataklık mandaları ve nehir mandaları diye ikiye ayrılmaktadır (Şekil 1.1). Evcil ve yabancı formlardan köken alan 74 manda ırkı bulunmaktadır. Genellikle bataklık mandaları yük hayvanları olarak, nehir mandaları ise et ve süt verimlerinden yararlanılmak üzere yetiştirilmektedir (Atasever ve Erdem, 2008).

**Tablo 1.1.** Mandaların Taksonomik Sınıflandırılması (Anonim, 2007a).

<b>Âlem</b>	Animalia	Hayvanlar
<b>Şube</b>	Chordata	İskeletliler
<b>Alt Şube</b>	Vertebrata	Omurgalılar
<b>Sınıf</b>	Mammalia	Memeliler
<b>Alt Sınıf</b>	Ungulata	Tırnaklılar
<b>Takım</b>	Artidoctyla	Çift Tırnaklılar
<b>Alt Takım</b>	Ruminantia	Geviş Getirenler
<b>Familya</b>	Bovidae	Boş Boynuzlular
<b>Alt Familya</b>	Bovinae	Sığır Benzeri
<b>Cins</b>	Bubalus	Asya Mandası
<b>Tür</b>	B. Bubalis	

### 1.1.1. Bataklık Mandası (Swamp Buffalo)

Bataklık mandaları daha çok işgücünden yararlanmak için yetiştirilmekte ve yavrularına yetecek kadar süt vermektedirler. Bu mandalar özellikle Çin, Vietnam, Tayland, Malezya, Filipinler ve Endonezya'da yetiştirilmektedir. Bataklık mandalarının yarım daire şeklinde büyük boynuzları bulunmaktadır (Ziauddin ve Rao, 1991).



**Şekil 1.1.** Mandaların gruplandırılması (Ligda, 1998)

### **1.1.2. Nehir Mandası**

Nehir mandaları, genellikle st ve et retimi amacıyla yetiřtirilmektedir. Sayı bakımından en fazla Hindistan'da olup, in ve Pakistan gibi gney ve gneydoęu Asya lkelerinde de bulunmaktadır (Cockrill, 1974). Trkiye'de yetiřtirilen ve Anadolu Mandası olarak bilinen mandalar da bu grupta yer almaktadır.

#### **1.1.2.1. Nilli-Ravi**

Genel olarak koyu mavimsi siyah renktedir ve alında, yzde, ayak ile kuyrukta karakteristik beyaz lekeler bulunmaktadır. Boynunun kısa ve geniř, gęs kısmının geniř, kemik yapısının saęlam, memelerinin dzgn, uzun ve geniř uęlu ve makine ile saęım iin ok uygun olduęu bildirilmektedir. Ortalama bir laktasyonda 1500–2000 kg st vermektedir. Yaę oranı %6,0–8,0'dir. Manda ineklerinin ortalama canlı aęırlıęı 550–650 kg arasında iken manda boęalarının aęırlıęı ise 800–1200 kg arasında deęiřmektedir (Soysal, 2009).

#### **1.1.2.2. Murrah**

Murrah ırkının koyu siyah deri ile karakterize ve scaęa toleransının zayıf olduęu bildirilmektedir. Meme yapısı ve meme bařları st ırklara benzemektedir. Kısa, geriye ve yukarıya dnen, ii kıvrık spiral boynuzu bulunmaktadır (Soysal, 2009). Farklı lkelerde yerli mandaların ıslahında kullanılmaktadır. Saf ve melez olarak Hindistan, Pakistan, Brezilya, Bulgaristan, Azerbaycan, Filipinler'de yetiřtirilmektedir (řekerden, 2001).

#### **1.1.2.3. Kundi**

Fenotipik olarak Murrah'a ok benzemekle birlikte daha ufak yapıdadır. Boynuzları ok kıvrık ve kuyruęunun ucunda beyaz kıllar bulunmaktadır. Manda ineklerinin



canlı ağırlığı 320–450 kg, manda boğalarının ise 600–800 kg olduğu; iyi beslendiğinde günde 7–8 litre süt verebildiği bildirilmektedir (Soysal, 2009).

#### **1.1.2.4. Jafarabadi**

En geç gelişen manda ırkları arasındadır ve gelişmesi 7 yaşına kadar sürmektedir. İlk doğumunu 36-58 aylıkken gerçekleştirmektedir. Baş kısmı büyük ve ağır, boynuzları çok büyük ve aşağı yukarı kıvrılmaktadır. Kemik yapısı sağlam, memeleri düzgün, silindirik yapıda ve süt damarları çok belirgindir. Jafarabadi mandası bir laktasyonda ortalama 1600-2000 kg süt vermektedir. Manda ineklerinin canlı ağırlığı 500-650 kg, manda boğalarının ise 700-1000 kg düzeyindedir (Soysal, 2009).

#### **1.1.2.5. Surti**

Kıl örtüsü gri ve kahverengi, kılların uç kısımları daha açıktır. Göğüs bölümünün ön kısmında iki uzun beyaz çizgisi bulunmaktadır. Bir laktasyonda ortalama süt verimi 1300 litre, yağ oranı % 7,9 düzeyindedir. Manda ineklerinin canlı ağırlığı 250-400 kg, boğalarının ise 450-700 kg arasında değişmektedir (Soysal, 2009).

#### **1.1.2.6. Toda**

Güney Hindistan'da yarım daire şeklinde çok büyük boynuzlara sahip ve en yaygın yetiştirilen manda olduğu, daha çok eti için yetiştirildiği ve süt veriminin ise günlük 4-5 kg düzeylerinde olduğu bildirilmektedir (Soysal, 2009).



**Şekil 1.2.** Nehir mandaları (Anonim, 2017).

#### **1.1.2.7. Akdeniz Mandası**

Afganistan, İran, Irak, Azerbaycan, Türkiye, Mısır, İtalya, Bulgaristan, Romanya, Macaristan, Arnavutluk ve Brezilya’da yetiştirilmektedir. Vücut ölçüleri, verim özellikleri ve vücut yapıları yetiştirildikleri ülkede iklim, bakım ve besleme şartlarına ve ıslah edilip edilmediklerine göre farklılıklar göstermektedir (Şekerden, 2001). Akdeniz mandaları nehir mandalarından köken almaktadır.

##### **1.1.2.7.1. Anadolu Mandası**

Yüzyıllardır Anadolu’da yetiştirilmekte olan bir Akdeniz ırkıdır. Genelde küçük cüsseli, zayıf ve ince yapılı olup, diğer nehir mandalarına oranla kalm ve bodur bir vücut yapısı göstermektedirler. Meme, tırnak ve boynuzları siyah olan Anadolu mandalarında renk, esmerden siyaha kadar değişmektedir. Deri uzun kıllarla örtülü olup, belirli bir işaret taşımamaktadır. Malaklarda süt emme periyodunda siyah ve

parlak olan kıllar, sütten kesimden sonra kızılımtırak bir renk almakta, bu durum 1-1,5 yaşına kadar sürmektedir. Genellikle çene altında sakal bulunmaktadır. Anadolu'da "Dombey, Camış, Camız veya Kömüş" olarak adlandırılmaktadır. Yavru mandalara iki yaşına kadar "malak, balak veya yaşar" denmektedir (Şekerden, 2001).



**Şekil 1.3.** Anadolu Mandası (Serkan Erol, 13.02.2016)

## **1.2. Mandaların Önemli Verim Özellikleri**

Manda günümüzde boynuz, deri, süt ve süt ürünleri ile et ve et ürünlerinden yararlanılmakla birlikte çeki hayvanı olarak da kullanılmaktadır.

### **1.2.1. Manda Sütü ve Süt Ürünleri**

Manda sütü Dünya'daki süt üretiminin % 5'ini oluşturmaktadır (Soysal, 2009). Bazı ülkelerde tüketiciler manda sütünü sığır sütüne göre daha çok tercih etmektedirler (Ligda, 1998). Yapısal olarak manda sütü, inek sütüne göre daha az su, daha çok kuru madde, mineral, yağ ve protein içerdiği (Tablo1.2) bildirilmektedir. Manda sütünü diğer çiftlik hayvanlarının sütlerinden ayıran en önemli özellik kalori ve yüksek yağ içeriğidir (Soysal, 2009).

Dünya’da ve Türkiye’de üretilen manda sütü, yoğurt, peynir, tereyağı, kaymak vb. süt ürünlerine dönüştürülerek tüketilmektedir (Şekerden, 2001; Soysal, 2009). Dünya’da sağılan 58.934.518 baş mandadan toplam 93.016.859 ton süt, Türkiye’de ise sağılan 40.218 baş mandadan, 40.372 ton süt elde edilmektedir.

**Tablo 1.2.** Çiftlik hayvanı sütlerinin bileşimleri (%) (Oysun, 1987; Demirci ve ark, 1991)

<b>Tür</b>	<b>Su</b>	<b>Kuru Madde</b>	<b>Protein</b>	<b>Yağ</b>	<b>Laktoz</b>	<b>Mineral Madde</b>
<b>Manda</b>	82	17,7	4,15	7,85	4,8	0,77
<b>İnek</b>	87,5	12,4	3,4	3,65	4,65	0,75
<b>Koyun</b>	82,9	17,2	5,4	6,25	4,55	0,88
<b>Keçi</b>	87,1	13	3,7	4,1	4,45	0,8

Manda sütü, inek sütünden yapılan tereyağı, kaymak, sert ve yumuşak peynir, dondurma ve yoğurt gibi süt ürünlerinin yapımında da kullanılmaktadır. Manda sütünden yapılan peynire talebin fazlalığı, birçok ülkede organik ürün olmasından dolayı artış göstermektedir (Bilal ve ark., 2006). Özellikle, İtalya’nın dünyaca ünlü “*Mozzarella*” peynirinin en önemli özelliği manda sütünden üretilmiş olmasından kaynaklanmaktadır (Anonim, 2007a).

Türkiye’de manda sütü bazı bölgelerde kaymak, bazı bölgelerde ise peynir üretimi için kullanılmaktadır. Fakat, manda sütünde henüz istenilen seviyede tüketime ulaşılamamıştır. Özellikle, Afyonkarahisar ilinde üretilen süt kaymak şeklinde pazarlanırken, dünyaca ünlü tatlılarının da vazgeçilmez bir unsuru haline gelmektedir (Soysal, 2009).

### **1.2.2. Manda Eti ve Et Ürünleri**

Mandalar, süt üretiminin yanında et üretimi için de yetiştirilmektedirler. Filipinlerde mandalardan elde edilen et miktarı tüketilen toplam etin 2/3’nü oluşturmaktadır

(Atasever ve ark., 2008). Manda etinin; sığır etine göre % 11 daha fazla protein ve % 10 mineral, % 40 kolestrol ve % 55 daha az kalori içerdiği (Tablo 1.3) bildirilmektedir (Soysal, 2009). Manda etinin pH değeri 5,4 ve soğuk ortamda büzüşme düzeyi % 2, nem oranı % 7.6, protein oranı % 19 ve kül oranı % 1'dir (Ligda, 1998). Organik ürünlere rağbetin giderek artması, sığır ve domuz etine göre daha az doymuş yağ içermesi manda etine talebi de yükseltmektedir (Anonim, 2000).

**Tablo 1.3.** Manda ve sığır etinin kimyasal bileşenlerin karşılaştırılması (100 g) (Soysal, 2009)

<b>Bileşen</b>	<b>Manda</b>	<b>Sığır</b>
Kalori (kcal)	131.0	289.0
Protein (gr)	26.8	24.0
Yağ (gr)	1.8	21.0
Kolestorel (gr)	61.0	90.0
Mineral (mg)	641.8	584.0
Vitamin (mg)	21.0	18.5

Fermentasyon süresini kısaltması bakımından sucuk etinde TSE'ün izin verdiği oranda (%10) manda eti kullanılmaktadır. Türkiye'de kesilen 7.255 baş mandadan 1.615 ton kırmızı et elde edilmektedir (Soysal, 2009). 1991-2011 yılları arasında kesilen manda sayısında % 87,89 oranında azalma görülmektedir. Manda karkas ağırlığı 1991 yılında 146,92 kg iken, 2011 yılında 222,57 kg seviyelerine ulaşmaktadır. 1991-2011 yılları arasında Türkiye manda eti üretimi % 81,65 azalmış, ancak aynı dönemde manda karkas ağırlığında % 51,49 oranında artış olmuştur. Türkiye kırmızı et üretiminde mandanın payı 1991 yılında % 1,12, 2011 yılında % 0,25 iken 2016 yılında ise; bu oran % 0,03 olarak gerçekleşmiştir (TÜİK, 2016). Dünya et üretiminin % 1,84'ü mandalardan elde edilmekte olup, 1991-2011 yılları arasında dünya kırmızı et üretiminde % 37,99, kesilen manda sayısında % 45,50, manda eti üretiminde % 50,43 oranında artış olmuştur (FAO, 2015). Bu nedenle, Dünya'da artan manda eti üretiminin, hayvan başına et verimindeki artışının aksine, kesilen manda sayısının artmasından kaynaklanmaktadır.

### **1.3. Mandaların Fizyolojik ve Biyolojik Özellikleri**

Yeni doğmuş malakların vücudu sık ve uzun kıllar ile kaplıdır. Büyüdükçe kıllar arka ve orta kısımda dökülmeye başlamaktadır. Mandalar 12–14 aylık olduklarında kıl örtüsü bakımından uzun ve ince kıllar tamamen dökülmektedir. Malaklar 6 aylık yaşta ortalama canlı ağırlığı 145–155 kg'dır (Yılmaz, 2013). Kuyruk ucu, alın ve ayaklarda beyaz lekeler bulunabilmektedir. Murrah, Nilli-Ravi, Kundi mandaları siyah, koyu gri rengindedir. Kahverengi mandalar genellikle Hindistan, Pakistan ve Afganistan'da bulunmaktadır (Soysal, 2009).

Mandaların derileri diğer evcil hayvanlara göre daha kalındır. Genellikle sırt kısmı ve bacaklarının iç tarafları en incedir. Beden sıcaklıkları 37.5–39 °C arasında değişmektedir. Mandalar güneşte geviş getirememekte, huysuzlaşmakta, salyaları ve burun akıntıları artmaktadır. Doğa şartlarına göre vücut sıcaklıklarını yılanma ile ayarlamaktadırlar. Malaklar sıcağa karşı daha duyarlıdır. Mandalarda nabız yaş, cinsiyet, mevsim, sıcaklık ve nem gibi birçok çevre faktöründen etkilenmektedir (Yılmaz, 2013). Malaklarda nabız dakikada ortalama 62-72, erginlerde ise 40-54'e düşmektedir. Mandalarda solunum sayısı dakikada ortalama 20-27 arasındadır. Başları orta büyüklükte, yüz yapıları uzun, kısa alın kısmı geniş ve ileri doğru çıkıntılıdır. Gözler parlak, orta büyüklükte en fazla siyah beyaz (*çakır*) olabilmektedir. Boynuzları yana ve arkaya doğru uzanmaktadır. Dişilerde boynuzlar daha uzun, erkeklerde ise daha kısa ve kalındır. Akdeniz mandalarında boyun orta uzunluktadır (Soysal, 2009).

### **1.4. Dünya'da ve Türkiye'de Manda Yetiştiriciliği**

#### **1.4.1. Dünya'da Manda Yetiştiriciliği**

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) istatistiklerine göre manda sayısı son yarım yüzyılda 2 katına çıkmıştır. Dünyada, FAO'nun 1961 verilerine göre manda sayısı 88 milyon iken, 2000 yılında 164 milyon ve 2015 yılında 194 milyon

baş olmuştur (Tablo 1.4). Dünya manda varlığı hızlı ve düzenli bir şekilde artmaktadır. Bu artışta en önemli payı dünya manda varlığının % 85'ine sahip olan Hindistan (% 55), Çin (% 13) ve Pakistan (% 17) oluşturmaktadır. Bu ülkeleri Mısır (% 3), Nepal (% 3), Filipinler (% 2) ve Vietnam (% 2) izlemektedir (Sarıözkan, 2011).

**Tablo 1.4.** Dünya ve Türkiye’de manda sayısındaki değişim (Baş) ( TÜİK, 2015; FAO, 2015)

Ülkeler	1970	1980	1990	2000	2015	Değişim(%)
<b>Dünya</b>	107.262.744	121.492.833	148.184.210	164.203.424	193.821.181	68.5
<b>Türkiye</b>	1.178.000	1.040.000	429.000	165.000	135.984	-92.9

FAO (2015) verilerine göre dünyada üretilen 750 milyon ton taze sütün 93 milyon tonunu yani % 12.4’ünü manda sütü oluşturmaktadır. Dünya toplam süt üretimi 1961 yılında 344 milyon ton ve manda sütünün payı % 5.19 iken yıllar itibariyle manda sayısının artması ve süt veriminin yükselmesi nedeniyle manda sütünün diğer sütler arasındaki payı 2.5 kat artmıştır. Manda sütü üretimi 2010 yılında Hindistan’da 62 milyon ton, Pakistan’da 22 milyon ton, Çin’de 3 milyon ton ve Mısır’da 2.75 milyon ton düzeylerindedir. Türkiye 1961 verilerine göre 248.520 ton manda sütü üretimi ile dünyanın 6. büyük üreticisi konumunda iken 2010 yılında 35.851 ton ile dünyada 11. sıraya gerilemiştir.

Dünya’da 2010 yılında üretilen manda eti bakımından Hindistan 1.5 milyon tonla birinci, Pakistan 760.000 tonla ikinci, Mısır 327.500 tonla üçüncü ve Çin 310.440 tonla dördüncü sırada yer almaktadır. Dünyadaki 1961 ve 2010 yılları arasındaki manda eti üretimi % 318 oranında artmıştır. Türkiye’de 1961 yılındaki 14.300 ton manda eti üretimiyle 9. sırada yer alırken 1980 yılında üretilen 10.660

tonla 11. sıraya gerilemiştir. Türkiye 2013 yılı itibariyle 990 tonla dünya manda eti üretiminde 19. sıralardadır (Yılmaz, 2013).

#### 1.4.2. Türkiye’de Manda Yetiştiriciliği

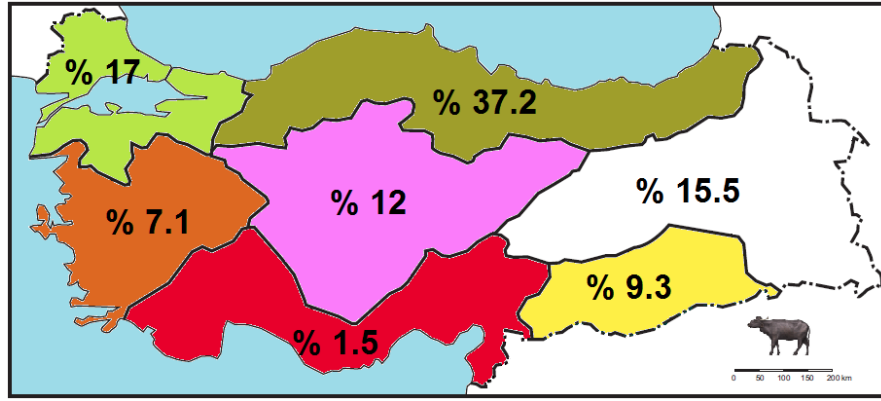
Dünya nüfusundaki artışa paralel olarak hayvansal ürün üretiminde de artış beklenmektedir. Türkiye nüfusu 1970’de 35.6 milyon iken 2008 yılında 70.5 milyona (%98) çıkmıştır. Dünya’da manda sayısı, manda eti ve sütü üretimi artarken, Türkiye’de manda varlığı, özellikle 1980’li yıllardan itibaren her 10 yıllık dönemde %50-60 oranında azalma göstermektedir (Sarıözkan, 2011). Manda varlığındaki bu azalma aynı hızda devam ederse, ileriye dönük bir projeksiyonla 2040 yılında Türkiye manda varlığı 10.000 başın da altına düşerek yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalacaktır (Henson, 1992). Türkiye’deki manda varlığının yıllara göre değişimi Tablo 1.5.’de verilmiştir.

**Tablo 1.5.** Yıllara göre Türkiye’deki manda varlığı (TÜİK, 2015)

Yıllar	Manda Sayısı(Baş)
1990	429.000
2000	165.000
2005	104.965
2010	84.726
2011	97,632
2015	135,984

Türkiye’de yetiştirilen Anadolu mandaları, nehir mandalarının bir alt grubu olan Akdeniz mandalarından köken almaktadır. Türkiye’de manda genel olarak Karadeniz sahilinde Samsun ve Sinop; Orta Anadolu’da Çorum, Amasya; İç Batı Anadolu’da Afyon, Kütahya, Balıkesir; Doğu Anadolu’da Sivas, Muş; Güney Doğu Anadolu’da Diyarbakır’da yoğun bir şekilde yetiştirilmektedir. Türkiye’de 2013 yılındaki manda varlığının coğrafi bölgelere göre dağılımı Şekil 1.4’te verilmiştir.





**Şekil 1.4.** Türkiye’de 2013 yılındaki manda varlığının coğrafi bölgelere göre dağılımı (Şahin, 2015).

Türkiye 97.632 baş manda varlığı ile dünya manda popülasyonunun % 0,04’ünü oluşturmaktadır. Türkiye manda varlığı 1991 yılında 366.150 baş iken 2011 yılında % 73,33 oranında azalarak 97.632 baş’a düştüğü bildirilmiştir (Şahin ve Ulutaş, 2012; TÜİK, 2015). Türkiye’de yıllar itibari ile manda sayısındaki azalmanın nedeni birim manda veriminin düşük olmasına, halkın sosyo-ekonomik durumuna, manda ürünlerine olan talep azlığına, manda yetiştiriciliğinin sığır yetiştiriciliği ile rekabet edememesine, bataklık alanların ve meraların giderek azalması gibi etkenlere bağlanmaktadır. Türkiye’de 80’li yıllardan sonra manda sayısındaki hızla azalması 1980 yıllarında konulan ekonomik istikrar tedbirleri kapsamında et olmak üzere hayvan ve hayvansal ürünlerin destekleme kapsamından çıkarılması kararından oldukça fazla etkilenmiştir (Aral ve Cevger, 2000).

Türkiye’de mandalar çok soğuk hava koşulları hariç yıl boyu merada otlatılmakta ve genellikle küçük ölçekli (1-5 baş) aile işletmelerinde yetiştirilmektedir (Şekerden, 2001; Soysal, 2009). Manda yetiştiriciliği Türkiye’de süt ve et verimi açısından önem taşımaktadır.

Anadolu mandaları genellikle siyah renkte olup, boynuzları yay şeklinde geriye doğru kavislidir. Mandaların sığırlara göre daha az ter bezi bulunması sebebiyle, yaşadıkları yerlerde su birikintisi ya da göle ihtiyaç duymaktadır (Soysal, 2009).

Manda başına elde edilen süt ve et verimleri bakımından Türkiye manda yetiştiriciliği yapan ülkelerin oldukça gerisindedir. Anadolu mandalarında laktasyon süresi 180-280 gün, süt verimleri ortalama 800-1100 kg olup, sağım genellikle elle yapılmaktadır. Yetişkin manda ineklerinin canlı ağırlıkları yaklaşık 500 kg civarındadır (Anonim, 2007b).

Mandaların et ve süt verimleri sığırlara oranla daha düşüktür. Ancak, düşük kaliteli kaba yemleri tüketebilmeleri ve yemden yararlanma gücünün yüksekliği nedeniyle besleme kolaylığı, zor olan iklim koşullarına ve hastalıklara karşı dayanıklılıkları, ilave işgücüne gereksinim duymamaları nedeniyle daha düşük maliyetle üretim yapılabilmesi ve elde edilen ürünlerin daha yüksek fiyata satılması gibi avantajları bulunmaktadır (Küçükkebağcı ve Aslan, 2002).

Manda etinin düşük yağ ve kolesterol içeriği, sütünün yüksek yağ içermesi nedeniyle kullanıldığı sucuk, peynir, yoğurt ve kaymak gibi ürünlere de ayrı bir kıvam, tat ve lezzet vermektedir. Manda derisinin kalın olması nedeniyle ayakkabı, kösele, tasma, yular, çanta yapımında kullanılmaktadır (Stoner ve ark, 2002; Anonim, 2007b).

### **1.5. Marker Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanım Alanları**

Çiftlik hayvanlarında genetik ilerleme fenotipik verilere dayanmakta olup, damızlık değer tahmininde genel olarak fenotip ve pedigrı bilgilerinden yararlanılmaktadır (Henderson, 1984; Montolda ve Herrera, 1998). Fenotipik verilere dayalı yapılan seleksiyonda ekonomik öneme sahip bazı özelliklerde genetik ilerlemeler elde edilmesine rağmen, çok sayıda genin etkisine maruz kalan kantitatif karakterler genotipi çok iyi bir şekilde yansıtamamaktadır. Kalıtım derecesi düşük veya ölçülemeyen özelliklerde fenotipik seleksiyonun etkinliği düşmekte ve dolayısıyla, genetik değer tahmininde doğruluk derecesi daha yüksek ve güvenilir metodların geliştirilmesine ihtiyaç duyulmaktadır (Vanlı, 1987; Schwerin ve ark. 1995).

Kantitatif karakterlerde genetik ilerlemenin nispeten yavaş olması bazı verim özelliklerinin sadece tek cinsiyette ölçülebilmesinden, toplamalı çok sayıda genin etkili olmasından ve çevre faktörlerinin önemli etkilere sahip olmasından kaynaklanmaktadır. Ayrıca, generasyon aralığının uzaması ve yıllık genetik ilerleme oranının düşmesi verim özelliklerinin sadece ergin hayvanlarda ölçülebilmesi de etkili olmaktadır (Lara ve ark.,2002). Bu nedenle, seleksiyonun erken yaşlarda uygulanabilmesine olanak sağlayacak ve genetik değerin tahmininde başarıyı arttıracak kan grupları, protein polimorfizmi, mikrosatellitler (Lin ve ark., 1992), SNP çipleri ve yeni nesil dizileme analizleri gibi araçlara ihtiyaç duyulmuştur.

Moleküler biyoloji tekniklerindeki gelişmeler çiftlik hayvanlarının seleksiyonunda umut verici yeni yaklaşımlar getirmektedir. Marker destekli seleksiyon (Marker Assisted Selection, MAS) çalışmalarında kantitatif karakter lokuslarının (Quantitative Trait Loci, QTL) tespit edilmesi önemlidir. Moleküler markerlerin kullanılmasıyla birlikte yıllardır süregelen ıslah metotlarıyla çözümlenemeyen bazı sorunların da önüne geçilebilecektir (Kinghorn ve ark., 1994).

Günümüzde markerler genellikle genomun spesifik bir bölgesini tanımlamak için sıklıkla kullanılmaktadır. Genetik çalışmalar ve genom analizlerinde protein, morfolojik ve DNA markerleri olmak üzere üç farklı marker kullanılmaktadır. Genetik çalışmalarda PCR kullanılmaya başlamasından sonra PCR temelli markerler daha fazla tercih edilmeye başlanmıştır (Liu, 1998).

Genotipin belirlenmesi çalışmalarında, ıslah programlarının geliştirilmesi, popülasyon içinde ve popülasyonlar arasında genetik çeşitlilik seviyesinin belirlenmesi, evcilleştirme ve göç yollarının ortaya konulması açısından oldukça önemlidir. Genetik karakterizasyon çalışmalarında ayrıca alloenzimler, biyokimyasal markerler, Y kromozomuna ve mitokondriyal DNA'ya özgün markerler da kullanılmaktadır (Liu, 1998).

PCR analizlerinde en çok DNA markerleri, özellikle polimorfik mikrosatellit markerler kullanılmaktadır. Moleküler biyoloji alanındaki son gelişmelerle tek nükleotid polimorfizmleri (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) analizinin mikrosatellitler ile birlikte kullanılmasına, daha hızlı ve ucuza yapılabilmesine imkan sağlamaktadır (Liu, 1998).

### **1.5.1. Morfolojik Markerler**

İnsan, hayvan ve bitki genetiği çalışmalarında çok sayıdaki morfolojik marker kullanılmaktadır. İlk morfolojik markerler ile yapılan çalışmalarda basit Mendel kalıtımı gösteren kanat yapısı, boynuzluluk, göz ve deri rengi gibi fenotipik özellikler araştırılmıştır. Morfolojik markerlerin çalışmalarda kullanımı kolay olmasına karşın allel sayılarının oldukça az olmasından dolayı da sınırlıdır (Liu, 1998).

### **1.5.2. Protein Markerleri**

Amino asit bileşimleri, moleküler yapıları ve antikor-antijen ilişkilerindeki farklılıkları nedeniyle proteinler için birbirinden bağımsız olan değişik alleller mevcuttur. Proteinlerin moleküler büyüklükleri ve amino asit dizilerindeki farklılıklardan dolayı, jel elektroforezinde kolaylıkla ortaya çıkarılabilmekte ve genetik marker olarak kullanılabilir (Özşensoy ve Kurar, 2012).

Genetik çalışmalarda kan antijenleri ve izoenzim markerleri ilk olarak protein polimorfizmlerinin araştırmalarında kullanılmıştır. Bir enzimin alternatif bir form yapısında olan izoenzimler, enzim aktivitesine sahip olmalarına rağmen elektroforetik hareketleri farklılık göstermektedir (Liu, 1998).

Kan ve doku protein markerleri genetik çalışmalarda daha yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Fakat kan grubu ve protein markerleri genomun özellikle belirli bölgelerinde toplanması, polimorfizm değerlerinin daha düşük olması, spesifik

olarak kan örneklerine gereksinim duyulması, iş yükünün fazla olması ve analizlerin daha uzun zaman alması nedeniyle ve moleküler biyolojideki son gelişmelere bağlı olarak yerini DNA temelli markerlere bırakmıştır (Kurar, 2001).

### **1.5.3. DNA Temelli Markerler**

DNA markerleri, belli bir tür içerisindeki popülasyonlarda farklı bireylerde polimorfizm gösteren DNA bölgeleridir ve genetik varyasyonun belirlenmesinde günümüzde en çok kullanılan yöntemlerdendir (Liu, 1998). Polimeraz Zincir Reaksiyonunun (PCR) keşfinden sonra genetik çalışmalarda genellikle PCR kökenli markerler tercih edilmeye başlanmıştır. Bilimsel alanda ilk kez Mullis ve Faloona (1987) tarafından ortaya konulmuş PCR teknolojisi sayesinde genomun içerisinde istenilen özgün bölgelerinin “*in vitro*” şartlarda çoğaltılabilmesi ve jel elektroforez teknikleri ile görüntülenmesi artık çok kolay bir işlem haline gelmiştir ve günümüzde yaygın olarak kullanılmaktadır.

Bu yöntemin en büyük avantajı; gelişmekte olan DNA teknolojisi ve moleküler biyoloji alanındaki son gelişmelere paralel olarak daha ekonomik, daha kolay ve polimorfik olmalarından dolayı genetik çalışmalarda (Restriction Fragment Length Polymorphism, RFLP), (Single-Strand Conformational Polymorphism, SSCP), (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP), (Single Nucleotide Polymorphism, SNP), (Randomly Amplified Polymorphic DNA, RAPD) ve (Short Tandem Repeat, STR) gibi PCR temelli DNA marker sistemleri daha fazla alanda kullanılmaya başlanmıştır (Weber ve May, 1989; Liu, 1998).

#### **1.5.3.1. Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP)**

Bu yöntemde, restriksiyon endonükleaz enzimleri kullanılmaktadır. Restriksiyon endonükleazlar, restriksiyon bölgeleri olarak bilinen çift zincirli DNA'nın sadece spesifik baz dizilerini tanımakta ve diziyi bu bölgelerden kesmektedir. Restriksiyon

endonükleazlar, DNA baz dizilimindeki belirli sırayla bulunan nükleotidlerden kendisine özgü özel tanıma dizilimi bölgelerini tanıyarak ve bu dizilimin belli bir noktasından keserek DNA'yı ikiye ayırmaktadır. Her restriksiyon endonükleaz enzimlerinin spesifik kesim bölgeleri bulunmakta ve RFLP teknolojisi ile DNA dizisinde bulunan dizilim farklılıklarını kolayca tespit edilebilmektedir (Botstein ve ark.,1980).

Restriksiyon enzimi ile kesilen DNA agaroz veya poliakrilamid jel elektroforezinde büyüklüklerine ayrıştırılmaktadır. Dolayısıyla, genom bölgesindeki farklı restriksiyon enzimi kesim alanları bireyler arasında farklı DNA fragment profilleri oluşturacaktır (Botstein ve ark.,1980).

RFLP markerlerinde özgün dizi bilgisine ihtiyaç bulunmamaktadır. RFLP yöntemi, türler hatta büyük popülasyonların analizinde kullanılabilir. Polimorfizm oranı çok yüksek olmasından dolayı aile ağacı ve haritalama analizlerinde tercih edilen marker sistemlerindedir. RFLP marker sisteminin yapılabilmesi için yeterli miktarda DNA'ya ihtiyaç duyulması, teknolojik olarak pahalı, uzun ve yorucu bir yöntem olması analizde dezavantajlarıdır (Botstein ve ark.,1980).

### **1.5.3.2. Tek Zincir Konformasyon Polimorfizmleri (SSCP)**

Tek zincir konformasyon polimorfizmi (SSCP) denatüre edici olmayan şartlar altında tek zincir DNA molekülündeki tek veya çoklu nükleotid değişikliklerinin elektroforetik mobilitiyi değiştirme etkisine dayanarak mutasyonları, özellikle nokta mutasyonlarını, saptamak için kullanılan bir yöntemdir (Orita ve ark., 1989). PCR ile çoğaltılan DNA molekülü, uygun ısıda denatürasyona tabi tutularak çift zincirli halden tek zincirli hale getirilerek poliakrilamid jel elektroforezindeki göç hızlarına bakılarak mutasyon bölgesindeki II. ve III. DNA konformasyonlarının oluşturulması esasına dayanmaktadır. DNA molekülleri jel elektroforezinde farklı bant profilleri

oluşturarak varyasyonların tespitine olanak sağlamaktadır. SSCP; teknik olarak basit olmasına karşın, en önemli dezavantajı her bir mutasyon için farklı ortamların oluşturulması gerekmektedir ve bu tekniğin uygulanabilirliğini kısıtlamaktadır (Liu, 1998).

#### **1.5.3.3. Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD)**

Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) markerleri ilk defa Williams ve ark. (1990) tarafından geliştirilen PCR temelli bir tekniktir. DNA molekülü rastgele nükleotid dizilimine sahip bir primerin kullanılmasıyla çoğaltılmakta ve elektroforez jelde oluşan farklı bant profiline göre DNA polimorfizmi tespit edilebilmektedir.

RAPD marker ile yapılan çalışmalarda, aynı lokus üzerindeki iki farklı allel belirli büyüklükteki bantların varlığı ya da yokluğuyla değerlendirilmektedir. RAPD markerlerinin avantajları, DNA dizisine ait herhangi bir bilgiye ihtiyaç duyulmaması, diğer yöntemlere göre daha düşük maliyet sahip olması ve diğer PCR temelli yöntemlere göre kısa sürede sonuçların alınabilmesidir. En önemli dezavantajı ise diğer markerlere göre güvenilirliğinin düşük olmasıdır (Williams ve ark., 1990).

#### **1.5.3.4. Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP)**

Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) tekniği, restriksiyon endonükleaz enzimleri ile kesilmiş genomik DNA moleküllerinin seçici PCR ile çoğaltılması temeline dayanmaktadır. Bu yöntem, DNA'nın enzimlerle kesilmesi ve oligonükleotid adaptörlerin bağlanması, kesilen bölgelerin selektif PCR teknikleriyle çoğaltılması ve çoğalan bölgenin poliakrilamid jelde analiz edilmesi olmak üzere 3 temel aşamadan oluşmaktadır (Vos ve ark., 1995). Restriksiyon endonükleaz ile kesilen DNA parçasının nükleotid dizilimi bilinmeden jel elektroforez yöntemi ile görüntülenebilmektedir. AFLP marker sistemleri parmak izi analizlerinde ağırlıklı

olarak kullanılmakta ve RFLP'ye göre daha az miktarda DNA ile çalışılabilen hızlı ve kolay bir teknik olduğu ifade edilmektedir (Vos ve ark., 1995).

#### **1.5.3.5. Tek Nükleotid Polimorfizmleri (SNP)**

Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) genel olarak bireyler arasındaki DNA molekülünün herhangi bir bölgesindeki tek nükleotid değişikliklerini ifade etmektedir. DNA molekülünde oldukça yaygın bulunan bu markerler yaklaşık 500–1000 baz çiftinde (bç) bir rastlanmakta olup, genin protein kodlanmayan kısımları olan intron ve protein kodlayan ekzon kısımlarında da bulunmaktadır (Wang ve ark., 1998). SNP markerleri, genel olarak iki alelle sahiptir ve polimorfizmleri daha düşük olup, veri tabanı katalog ve polimorfizm dizi bilgisine gereksinim duyulmaktadır (Smigielski ve ark., 2000).

Araştırmacıların çalışmalarını kolaylaştırmak için SNP'lerin dizideki konumuna, fonksiyonuna, türler arası homoloji ve heterozigotluk derecelerine ihtiyaç duyulmaktadır. SNP'lerin tek veya birden fazlası bir arada (haplotip) değerlendirilebilir. Mevcut genom içerisinde her 1910 bç başına bir SNP olduğu bildirilmektedir (Smigielski ve ark., 2000). Dolayısıyla genomda ortalama 1.42 milyon SNP olduğu tahmin edilmektedir. Protein kodlayan ekzon gen bölgelerinde ortalama 60000 SNP bulunmaktadır. SNP bilgilerine ulaşmak için GenBank, PubMed, LocusLink ve Genome Sequence gibi NCBI veri tabanları kullanılmaktadır (Smigielski ve ark., 2000).

#### **1.5.3.6. Mitokondriyal DNA**

Maternal kalıtım gösteren mitokondriyal DNA (mtDNA), çift zincirli, halkasal yapıda ve aerobik solunumu sağlayan genleri içermektedir. mtDNA toplam genetik materyalin sadece % 0,3'ünü oluşturmaktadır. Somatik bir hücre 500-1000 mitokondri içermektedir (Rokas ve ark., 2003). mtDNA'da gözlenen mutasyon oranı



nükleer DNA'ya (nDNA) göre yaklaşık 10–20 kat daha fazla olduğu, bunun da mtDNA'nın tamir mekanizmasının nDNA'ya oranla zayıf olmasından kaynaklandığı ifade edilmektedir (Başaran, 2004).

Mutasyon oranı, mtDNA'nın baz diziliminde çok farklı varyasyonların oluşmasına neden olmaktadır (Başaran, 2004). mtDNA, dejeneratif hastalıkların sebebinin araştırılmasında, canlıların orijinleri ve göç haritalarının belirlenmesinde, adli tıpta ve kanser çalışmalarında kullanılmaktadır. Klonlanan canlıların genetik olarak kalıtımının tespitinde ve rekombinasyon eksikliğinin belirlenmesinde mtDNA yaygın olarak kullanılmaktadır (Rokas ve ark., 2003). mtDNA'nın kodlanan bölgesindeki varyasyonun iyi anlaşılması popülasyonların filogenetik geçmişinin belirlenmesinde de yararlı olmaktadır (Finnilä ve ark., 2001).

#### **1.5.3.7. Mikrosatellitler**

Mikrosatellitler, genom içerisinde mono, di, tri veya tetra nükleotid permutasyonlarından oluşmaktadır. Bir lokusta arka arkaya gelen rastgele tekrar dizilerine kısa ardışık tekrarlar (Short Tandem Repeat, STR) denilmektedir. Kısa ardışık tekrar (STR) dizilerinden 1–6 nükleotit uzunlukta olup tekrarlardan oluşan markerler ise mikrosatellit veya basit dizi tekrarları (SSR) olarak adlandırılmaktadır (Weber ve May, 1989; Liu, 1998).

Genomda 9–100 bç arasında değişen dizi tekrarları ise değişken ardışık nükleotid tekrarları (Variable Number of Tandem Repeats, VNTR) veya minisatellit markerler olarak tanımlanmaktadır. Mikrosatellitlerin tekrar sayıları genelde 100'den, minisatellitlerin ise 1000'den daha azdır (Liu, 1998). Prokaryot ve ökaryot genomunun herhangi bir bölgesinde mikrosatellitler bulunabilmektedir. Prokaryotlarda mikrosatellitler çok sayıda biyolojik fonksiyona sahip olmasına rağmen ökaryot hücrelerdeki rolü tam olarak bilinmemektedir (Bennett, 2000).

Mikrosatellit markerler, genel olarak iki nükleotidli tekrarlardan [(CA)<sub>n</sub>] oluşmaktadır (Ellegren ve ark., 1997; Bruford ve ark., 2003).

Bir türün bireylerinde mikrosatellitleri çevreleyen DNA dizileri aynı olmasına rağmen mikrosatelit tekrarları bireyler hatta bireyin homolog kromozomları arasında dahi farklılık gösterebilmektedir. Üç nükleotid tekrarlı mikrosatellit bölgelerinin % 60, iki nükleotid tekrarlı mikrosatellitlerin ise % 100 polimorfik özelliğe sahip olduğu belirlenmiştir (Metta ve ark., 2004). Polimorfizm oranının yüksek olması, genomda yaygın olarak bulunmaları ve kullanımının kolay olması sebebiyle birçok moleküler biyoloji çalışmalarında mikrosatellitler sıklıkla kullanılmaktadır (Weber ve May, 1989; Liu, 1998).

#### **1.6. Genetik Çeşitlilik ve Genetik Karakterizasyon**

Hayvan yetiştiriciliğinde ıslah programlarının temeli genetik çeşitliliğe dayanmaktadır. Belirli bir coğrafik bölgeye adapte olmuş, o bölgede yaygın olarak yetiştirilen canlı türlerinin ve bu türlere ait ırkların, genetik özellikleri ile buldukları ekosistem arasındaki etkileşimin niteliği genetik çeşitlilik olarak tanımlanmaktadır (Ceriotti ve ark., 2003). Evcil hayvanlarda genetik çeşitlilik, ırk içi ve ırklar arası olmak üzere ikiye ayrılmaktadır. Genetik karakterizasyon çalışmaları, ırklar arası ve ırk içi genetik çeşitliliğin belirlenmesinde ve ırkların tanımlanmasında önemli bir yer tutmaktadır.

Dünya’da ve Türkiye’de yerli ırkların genetik bilgilerini ve bazı verim özelliklerini incelemek için 1980’li yıllarda kan ve süt protein polimorfizmi kullanılırken, moleküler biyoloji alanındaki son gelişmelerle birlikte mikrosatellit markerler, SNP’ler ve genom analizine dayanan GWAS (Genome-wide association study) daha yaygın olarak kullanılmaktadır (Cañón ve ark., 2001; Li ve ark., 2006; Kang ve ark., 2009; Molaei ve ark., 2009).

İlk evcilleştirilme bölgelerini belirlemek amacıyla arkeolojik ve genetik karakterizasyon çalışmaları yapılmaktadır. Sığır, manda, keçi, koyun ve domuzun ilk evcilleştirildiği bölgeler Asya'nın iki farklı bölgesi olduğu bildirilmektedir (Bruford ve ark., 2003). Bu bölgelerden en eski olanının Anadolu ve Mezopotamya olduğu ve ırkların tüm Dünya'ya buralardan bölgeden yayıldığı belirtilmektedir (Loftus ve ark., 1994; Luikart ve ark., 2001; Troy ve ark., 2001; Hiendleder ve ark., 2002; Cymbron ve ark., 2005).

Genetik karakterizasyon çalışmalarında mikrosatellitler, insan (Bowcock ve ark., 1994; Deka ve ark., 1995), sığır (MacHugh ve ark., 1997; Loftus ve ark., 1999; Edwards ve ark., 2000; Cañón ve ark., 2001), keçi (Luikart ve ark., 2001; Maudet ve ark., 2002), koyun (Mukesh ve ark., 2006; Lawson ve ark., 2007; Molae ve ark., 2009), köpek (Boyko ve ark., 2009; Kang ve ark., 2009), at (Luís ve ark., 2007), eşek (Aranguren-Méndez ve ark., 2002), domuz (Behl ve ark., 2006; Sollera ve ark., 2009), manda (Flamand ve ark., 2003) ve diğer birçok hayvan türlerinde (Cosse ve ark., 2007; Vijn ve ark., 2007; Li ve ark., 2009) kullanılmaktadır.

Genetik karakterizasyon çalışmalarında en çok tercih edilen mikrosatellitler haricinde farklı biyokimyasal marker sistemleri, mtDNA, Y kromozomuna özgün mikrosatellitler ağırlıklı olarak kullanılmakla birlikte SNP markerleri de kullanılmaktadır. Ayrıca, genetik karakterizasyon çalışmalarında marker sistemleri dışında soy ağacı kayıtlarından da yararlanılmaktadır (Trinderup ve ark., 1999; Honda ve ark., 2006).

Mikrosatellit markerler ile yapılan analizlerinde sığır ırklarında Taurin ve Zebu'dan gen akışı bulunamamıştır. Ancak, mikrosatellite markerler, Y-kromozomu ve mtDNA ile yapılan çalışmalar birlikte değerlendirildiğinde Zebu'dan gen akışının olduğu belirlenmiştir (Lirón ve ark., 2006).

Bitkiler, deniz ürünleri ve hayvanlarda PCR teknolojisi öncesi birçok marker sistemi kullanılırken PCR teknolojisi ile birlikte mikrosatellitler ve SNP'ler daha

yaygın olarak kullanılmaya başlanmıştır. Son yıllarda ise moleküler alandaki gelişmeler ile birlikte SNP markerleri üzerinde çalışmalar artmış ve SNP çipleri yaygın olarak kullanılmaya başlanmıştır (Muir ve ark., 2008; Yan ve ark., 2009; Zhu ve ark., 2012).

## **1.7. Mikrosatellit Markerlerin Uygulama Alanları**

### **1.7.1. Ebeveyn Tayini**

Bir hayvanın akrabalarından elde edilen verileri kullanarak yetiştiricilik değerinin belirlenmesinde ebeveyn tayini önemlidir. Ebeveyn tayinlerinde moleküler markerlerin ( $\geq$  % 90), kan grupları (% 70-90) ve diğer biyolojik markerler (% 40-60) kullanılarak yapılan testlerden daha güvenilir olduğu bildirilmiştir (Geldermann, 1990). Ebeveyn tayinlerinde mikrosatellit DNA markerlerinin polimorfik olması istenmektedir (Jeffreys ve ark., 1985). Çiftlik hayvanlarında PCR temelli ebeveyn tayinlerinde mikrosatellit markerleri başarıyla uygulanmaktadır (Mitra ve ark., 1999). Glowatzki-Mullis ve ark. (1995), sığırlarda üçer mikrosatellite markerinden oluşan iki primer karışımı kullanarak yaptıkları çalışmada ebeveyn tayininin % 99 doğrulukla kullanılabileceğini ortaya koymuşlardır.

### **1.7.2. Genetik Uzaklığın Tahmini**

Popülasyonlar arasındaki genetik uzaklığın tahmini, farklı ırk ya da hatların karakterizasyonuna, pedigrî bilgilerin doğrulanmasına ve zamanla türlerde meydana gelen genetik farklılıkların değerlendirilmesine olanak sağlamaktadır (Mitra ve ark., 1999).

Genetik uzaklıkların belirlenmesinde mikrosatellit markerleri, AFLP, RAPD ve SNP tekniklerinden yararlanılmaktadır (İvgin ve Bilgen, 2002; Erhardt ve Weismann, 2007; Negrini ve ark., 2007; Elmaci ve ark., 2007; Tapio ve ark., 2010;).

Tapio ve ark. (2010), Kuzey Avrasya bölgesinde yetiştirilen 52 koyun ırkı arasındaki genetik ilişkiyi 20 mikrosatellit marker kullanarak belirlemiştir.

### **1.7.3. Genom Haritalarının Oluşturulması**

İnsanlarda genom haritalaması, 1990 yılında başlamış ve 20.000-25.000 genin tanımlanmasıyla tamamlanmıştır. Diğer türlere ait genom haritalarının kısa bir süre içerisinde oluşturulması açısından insan genom projesi önem taşımaktadır (Baltimore, 2001).

Genom haritalarının oluşturulmasında in-situ hibridizasyon, bağlantılı ve karşılaştırmalı haritalama gibi farklı yöntemler kullanılmaktadır. Çiftlik hayvanlarının genom haritalarının oluşturulmasında daha çok bağlantılı ve karşılaştırmalı haritalama yöntemleri tercih edilmektedir (Womack, 1997). Band ve ark. (2000), insan ve sığır genomları arasında yaklaşık 105 ortak bölge olduğunu bildirmişlerdir.

Genom haritalarının oluşturulmasında PCR-RFLP, mikrosatellitler, dizileme analizi ve yeni nesil dizileme analiz yöntemleri de sıklıkla kullanılmaktadır. Protein kodlamayan fakat çok polimorfik dizileri temsil etmeleri sebebiyle mikrosatellite markerlerden bağlantı haritalarının oluşturulmasında yararlanılmaktadır (Womack, 1997; O'brien, 1991). Genom haritaları oluşturulurken lokus ya da markerlerin aralarındaki rekombinasyon oranları dikkate alınarak bir genetik harita üzerine yerleştirilmektedir. Rekombinasyonun birimi santimorgan (centimorgans, cM) olarak ifade edilmekte ve 1 cM yaklaşık  $10^6$  baza karşılık gelmektedir (Rhodes ve ark., 1998).

#### **1.7.4. Kantitatif Karakter Lokuslarının Belirlenmesi**

Süt verimi, canlı ağırlık artışı, bir doğumdaki yavru sayısı, hastalıklara karşı direnç ve kirli yapağı verimi gibi özellikler hem genetik hem de çevre faktörlerinden etkilenen kantitatif karakterlerdir (Bovenhuis ve ark., 1997; Beuzen ve ark., 2000; Sonstegard ve ark., 2001). QTL'nin tespiti ve doğrulanması kompleks, zaman alıcı ve oldukça masraflı olmakla birlikte, kârlı ticari geri dönüşümleri de beraberinde getirmektedir (Marle-Köster ve Nel, 2003). Çiftlik hayvanlarında QTL'nin haritalanması için genom taraması ve aday gen yaklaşımı olmak üzere iki alternatif strateji kullanılmaktadır (Haley ve ark., 1999).

#### **1.8. Manda Genetik Karakterizasyon Çalışmaları**

Mikrosatellit markerler kullanılarak hayvan popülasyonlarına ait genetik çeşitliliğin belirlenmesinin genetik haritaların (linkage) oluşturulması, ekonomik özelliklerin tespit edilmesi ve yüksek heterozigotluğa sahip ırkların seçilmesinde yararlı olacağı bildirilmektedir (Vallejo ve ark., 2003). Popülasyonlardaki genetik farklıklar allel sayısı ve allel frekansları ile belirlenmektedir. Popülasyon genetiği çalışmalarında allel frekanslarının hesaplanması temel bir parametredir (Nei ve Kumar, 2000). Allel frekansları her popülasyonun genetik orjinlerinin tahmin edilmesine katkı sağlamaktadır (Pritchard ve ark., 2000).

Soysal ve ark. (2005), Anadolu mandalarında 11 sığır mikrosatellit markeri kullanarak yaptıkları araştırmada; 4 mikrosatellite lokusunun polimorfik yapıda olduğunu bulmuşlardır. Lokus başına allel sayısının 3-9 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısını da 6,75 olarak bildirmişlerdir. Gözlemlenen heterozigotluğu 0,550 ile 0,775 arasında tahmin etmişlerdir.  $F_{IS}$  değerini -0,101 ile 0,205 arasında hesaplamışlar ve Anadolu Mandaları popülasyonunun Hardy-Weinberg dengesine uyum gösterdiğini ifade etmişlerdir.

Ünal ve ark. (2014), 56 manda örneği arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 20 mikrosatellit lokusu kullanmışlardır. Yapılan çalışmada toplam 103 allel belirlenmişler ve her bir mikrosatellit lokusunda 3 ile 10 arasında farklı alleller tespit etmişlerdir. Analiz edilen mikrosatellit lokusları için Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) değeri 0,14 ile 0,82 arasında, ortalama değeri de 0,4945 olarak hesaplamışlardır. Beklenen heterozigotluğu ( $H_E$ ) 0,5359 ile 0,5208 arasında, popülasyon içinde akrabalı yetiştirme katsayısını ( $F_{IS}$ ) sadece 4 lokusta pozitif bulmuşlardır. Yapılan analizlerde, Karadeniz ve Trakya bölgesinde yetiştirilen manda popülasyonları arasındaki genetik uzaklığın en az olduğunu bildirmişlerdir.

Barker ve ark. (1997)'nin 8 bataklık ve 3 Asya nehir mandasına ait 11 farklı ırkta yaptıkları araştırmada 21 mikrosatellit lokus kullanmışlardır. Lokuslardaki allel sayısının 2 ile 9 arasında değiştiğini, bataklık ve nehir mandalarında ortalama allel sayısının benzer olduğunu bildirmişlerdir. Hem bataklık hem de nehir mandalarında CSSM15 lokusunda aynı sayıda allel tespit etmişlerdir. Popülasyon içinde ortalama heterozigotluğu 0,380 ile 0,625 arasında hesaplamışlardır.

Navani ve ark. (2002)'nin yaptıkları bir çalışmada sığırlarda kullanılan 108 mikrosatellit marker ile 25 nehir mandasını analiz etmişlerdir. Bu mikrosatellit markerlerden 61'i polimorfik olarak bulmuşlardır. Manda ve sığır arasındaki marker başına ortalama allel sayılarını karşılaştırmak için 39 marker ile tekrar hesaplamışlardır. Sığırlarda marker başına ortalama allel sayısını 5,62, mandalarda ise 4,87 olarak bulmuşlardır. Heterozigotluk değerinin 0,31 ile 0,89 arasında değiştiğini ve ortalama heterozigotluğu  $0,66 \pm 0,02$  olarak tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Arora ve ark. (2004), kuzey Hindistanda yetiştirilen Bhadawari ve Tarai ırkı mandalarda genetik çeşitliliğini belirlemek için 22 sığır mikrosatellit marker seti kullanmışlar ve toplam 181 allel tespit etmişlerdir. Allel sayısını 3 ile 9 arasında ve ortalama allel sayısını da 4,7 olarak bulmuşlardır. Lokuslardaki PIC değerlerinin 0,26 ile 0,84 arasında değiştiğini, ortalama heterozigotluk değerini 0,596 ve PIC değerini

0,54 olarak bildirmişlerdir. ILSTS019, ILSTS052 ve ILSTS059 lokusundaki üç allelin Bhadawari mandalarına ve CSSM45 lokusunda bir allel ile ILSTS059 lokusunda iki allelin Terai mandalarına özgü olduğu belirlenmiştir. Fakat bu alleleri ırk spesifik olduğunu belirlemek için diğer manda ırklarını da içeren çok sayıda örnek ile çalışılması gerektiği ifade edilmiştir.

Sukla ve ark. (2006), yaptıkları çalışmada Hindistan'daki Murrah, Mehrana, Jaffrabadi, Nagpuri, Nilli-ravi ve Bhadawari ırkı mandaların genetik karakterizasyonu için sığırlara spesifik 20 mikrosatellit marker kullanmışlar ve bunlardan 10 tanesini polimorfik bulmuşlardır. Bu 10 mikrosatellit lokustan sadece 4 tanesini bilgi verici olarak değerlendirmişlerdir. Tüm lokuslarda toplam 56 farklı allel bulmuşlardır. Bu lokusların allel sayılarının 2 - 7 arasında değiştiğini ve mikrosatellit marker başına ortalama allel sayısını  $5,5 \pm 0,07$  olarak bildirmişlerdir. En fazla polimorfizmi BM1818 lokusunda bulmuşlardır. Genetik uzaklık değeri Mehsana ile Bhadawari ırkları arasındaki 0,29; Murrah ile Mehsana ırkları arasında 0,27 ve Nili Ravi ile Bhadawari arasında ise 0,26 olarak hesaplanmıştır. En düşük genetik uzaklık (0,05) ise Jaffrabadi ve Nagpuri ırkları arasında belirlenmiştir.

Wang ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada 8 manda popülasyonunda 13 mikrosatellit marker kullanmışlar ve toplam 147 allel tespit etmişlerdir. İncelenen popülasyonda allel sayısı 2,290 ile 4,231, heterozigotluk değerleri 0,495 ile 0,719 ve PIC değeri ise 0,450 ile 0,678 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Analiz edilen 13 mikrosatellit lokusundan 11'ini çok fazla polimorfik bulmuşlardır ve bu mikrosatellit lokuslarının mandalarla ilgili genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılabileceği kanısına varmışlardır.

Sraphet ve ark. (2008), 105 Tayland bataklık mandasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 34 sığır mikrosatellit marker kullanmışlardır. Kullandıkları mikrosatellit markerlerden 16'sında polimorfizm gözlemlemişlerdir. Polimorfik 16 mikrosatellit lokuslardaki allel sayısını 2 ile 9 arasında ve lokus başına düşen allel



sayısını ise 4,7 olarak bulmuşlardır. Her lokustaki ortalama heterozigotluğu 0,165 ile 0,858 arasında, genetik uzaklıkları ise 0,0574 ile 0,2575 arasında hesaplamışlardır.

Babar ve ark., (2009)'nın Pakistan'da yetiştirilen Nili, Ravi, Nili-Ravi, Kundi ve Azakheli ırkı mandalardaki genetik karakterizasyonu belirlemek için yaptıkları çalışmada 3 mikrosatellit marker (INRA005, ILSTS029 ve ILSTS033) kullanmışlar ve toplam 15 farklı allel tespit etmişlerdir. Lokuslarda gözlenen allel sayısının 4 - 6 arasında değiştiğini ve lokus başına düşen allel sayısının 5 olduğunu bildirmişlerdir. Ortalama PIC değerlerini 0,49 ve ortalama heterozigotluğu 0,55 bulmuşlardır.

Nagarajan ve ark. (2009), mandalarda genetik karakterizasyon için yaptıkları çalışmada 571 mikrosatellit markeri kullanmışlardır. Bu inceledikleri manda popülasyonunda ortalama heterozigotluk değerini 0,51 olarak bulmuşlardır. Polimorfik lokusların allel sayısının 2 ile 11 arasında, ortalama allel sayısını ise 4,64 olarak tespit etmişlerdir. Gözlenen heterozigotluk 0 ile 1 arasında beklenen heterozigotluk ise 0,04 ile 0,88 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. İnceledikleri 391 polimorfik lokustan 24'ünün Hardy-Weinberg dengesinde olmadığını bildirmişlerdir.

Bhuyan ve ark. (2010), mikrosatellit markerler kullanarak yaptıkları bir çalışmada 35 Murrah mandasının DNA profilini çıkarmışlardır. Popülasyonda gözlenen heterozigotluğun 0,375 ile 0,775 arasında olduğunu ve ortalama heterozigotluğu ise 0,543 olarak tespit etmişlerdir. Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerlerinin 0,5'in üzerinde olduğunu ve popülasyonda çok sayıda polimorfik lokusun varlığını işaret ettiğini bildirmişlerdir. CSSM43 lokusunun PIC değerini 0,476, CSSM61 lokusunun PIC değerini 0,718 ve ortalama PIC değerini ise 0,566 olarak hesaplamışlardır. Çalışmada sonuçlar gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri arasındaki farkları önemli ( $P < 0,05$ ) bulmuşlardır.

Zhang ve ark. (2010), Çin, Nepal ve Güneydoğu Asya'daki bataklık mandaların genetik farklılıklarını ortaya koymak için yaptıkları çalışmada allel sayısının 4 ile 17 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. İncelenen 4 lokusun (CSSM038, CSSM045, BRN ve HMH1R) tüm popülasyonlarda polimorfik olduğunu bulmuşlardır. Tüm lokuslar üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk değerini 0,672 olarak tahmin etmişlerdir.

Vieira ve ark. (2011)'nin Brezilya Nehir mandaları, Jafarabadi, Murrah ve Akdeniz ırkı mandalarda 13 mikrosatellite lokusu kullanarak yaptıkları çalışmada tüm lokusları polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Toplam allel sayısını 96, lokus başına allel sayısının 5 (CSSM19, MAF65 ve CYP21) ile 15 (CSSM47) arasında değiştiğini bulmuşlardır. Gözlenen ortalama heterozigotluk değerlerini 0,316 (CSSM38) ile 0,838 (CSSM47) arasında hesaplamışlardır. PIC değerlerinin 0,291 (CSSM38) ile 0,822 (CSSM47) arasında değiştiği belirlemişlerdir.

Bu araştırma, Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen mandaların heterozigotluk / homozigotluk düzeyini belirlemek, mandalarda ebeveyn tayini ve kimliklendirme çalışmalarında kullanılabilecek 21 mikrosatellite lokusunu içeren bir test paneli geliştirmek amacıyla yapılmıştır.

## 2. MATERİYAL – METOD

### 2.1. Hayvan Materyali

Bu çalışma Afyon Kocatepe Üniversitesi Hayvan Denepleri Yerel Etik kurulunun (AKUHADYEK) 49533702/346 sayılı izni alınarak yapılmıştır. T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü (TAGEM) tarafından yürütölen Afyonkarahisar ilindeki Mandaların Halk Elinde Islahı Projesi kapsamındaki toplam 96 baş malaktan kan örneğı alınmıştır.

### 2.2. Kullanılan Kimyasal Madde ve Çözeltiler

Araştırmada kullanılan kimyasal madde ve çözeltiler Tablo 2.1’de verilmiştir.

**Tablo 2.1.** Kullanılan Kimyasal Madde ve Çözeltiler

Kimyasalın Adı	Firma ve Katalog Numarası
TAE Buffer	Merck, 106023.1000
RedSafe Nucleic Acide Staining Solution	Intron Biotechnology, 21141
6XTriTrack DNA Loading Dye	Thermo Scientific, R1161
Phusion Hot-Start II Taq polimeraz	Thermo Scientific, 549L
dNTP	Thermo Scientific, R0192
Primerler	Applied Biosystems
Agaroz	Prona, Basica LE
Sodyum asetat (NaOAc)	Sigma Aldrich S2889-250G
Etanol	Sigma Aldrich E7023-500ML
Hi-Di formamide	Applied Biosystems, 4440752
Katot buffer	Applied Biosystems, A31279
Anot buffer	Applied Biosystems, A31278
POP-7 Polymer for 3500 Genetic Analyzers	Applied Biosystems, 4393708

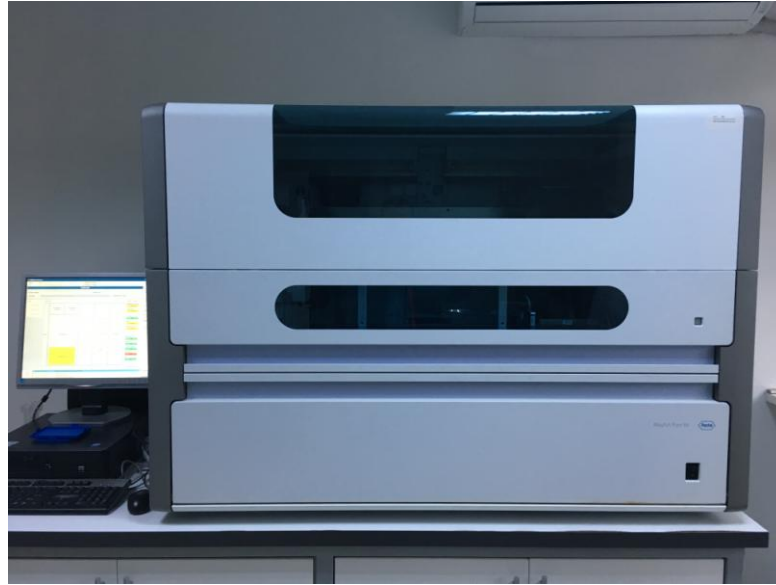
## 2.3. Kullanılan Cihaz ve Aletler

### 2.3.1. Mikropipetler

Tüm sulandırmalar ve aplikasyonlar için 0,1 – 2,5; 0,5 – 10; 10 - 100 ve 100 - 1000 µl' lere ayarlanabilen Eppendorf Research Plus mikro pipetleri kullanılmıştır.

### 2.3.2. DNA Ekstrasyon Cihazı

Alınan kan örneklerinden DNA izolasyonu MagNA Pure 96 DNA Ekstrasyon cihazı (Roche) kullanılarak yapılmıştır (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. MagNA Pure 96 DNA Ekstrasyon Cihazı

### 2.3.3. Yatay Elektroferez Sistemi

Elde edilen DNA'ların ve PCR ürünlerinin elektroferezde yürütülmeleri için EC 320 ve EC 330 (Thermo Scientific) elektroferez jel sistemleri kullanılmıştır (Şekil 2.2).



**Şekil 2.2.** Yatay jel elektroforez cihazı

#### 2.3.4. PCR Cihazı

Uygun primerler kullanılarak, istenen DNA bölgelerinin çoğaltılması Veriti (Applied Biosystems) PCR cihazı ile gerçekleştirilmiştir (Şekil 2.3).



**Şekil 2.3.** PCR cihazı

### 2.3.5. DNA Dizileme Cihazı (Sekans)

PCR ile çoğaltılan DNA'lara ait mikrosatellit büyüklüklerini belirlemek için 3500 Genetik Analiz (Applied Biosystem) cihazından yararlanılmıştır (Şekil 2.4).



Şekil 2.4. Applied Biosystem 3500 Genetik Analiz Cihazı

## 2.4. Genetik Analizler

### 2.4.1. Kan Örneklerin Toplanması

Kan örnekleri, T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı TAGEM tarafından yürütülen “Mandaların Halk Elinde Islahı Projesi” kapsamında Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen malakların *Vena jugularis*'lerinden, 10 ml olacak şekilde K<sub>3</sub>EDTA'lı tüplere alınmış ve DNA izolasyonuna kadar -35 °C'de saklanmıştır.

## 2.4.2. Kandan DNA İzolasyonu

Alınan kan örneklerinden DNA izolasyonu MagNA Pure 96 DNA ekstrasyon cihazı (Şekil 2.5) ile yapılmıştır. Kan örnekleri doğrudan MagNA Pure 96 cihazına yüklenerek DNA izolasyonu yapılabilmektedir. Etiketlenmiş kanlar numara sırasıyla kartuşa yüklendikten sonra MagNA Pure 96 cihaz yazılımındaki yönergeler takip edilerek numuneler kaydedilmiştir. Daha sonra DNA izolasyon cihazına kullanılacak kitin ismi, uygulanacak protokol, örnek miktarı (200 µl), sulandırma miktarı (100-200 µl) girildikten sonra, kullanılacak sarf ve kimyasal maddeler cihaz içerisinde belirtilen yerlere yerleştirilmiştir. Cihaz bir seferde 96 örnekten DNA izolasyonu yapabildiği için tüm örneklerden bir defada DNA'lar izole edilmiştir.



Şekil 2.5. MagNA Pure 96 DNA Ekstrasyon Cihazı Kiti

## 2.4.3. DNA Kalitesinin Kontrolü

DNA örneklerinin miktar ve kalitesi 260/280 nm UV'de Thermo Multiskan GO spektrofotometre kullanılarak kontrol edilmiştir. DNA örneklerinin kalitesinde agaroz jel elektroforez sistemi de kullanılmıştır. DNA örnekleri 20 ng/µl konsantrasyonunda olacak şekilde sulandırılmış ve -35°C'de saklanmıştır.

#### **2.4.4. Agaroz Jel Elektroforez**

Agaroz jeli (% 0,6' lik) hazırlamak için 100 ml 1xTAE ve 0,6 g agaroz karıştırılmış, mikrodalgada eritilmiş ve 1 µl RedSafe eklenerek elektroforez jel kalıbına dökülmüştür. Jelin katılaşması için 30 dk oda sıcaklığında, 30 dk da 4°C'de bekletilmiştir. Daha sonra jeldeki tarak çıkartılarak elektroforez tankı 1xTAE solüsyonu ile doldurulmuştur.

Her kuyucuğa 8,5 µl yükleme boyası (1X loading dye) ve 2,5 µl DNA örneğinden oluşan karışım eklenmiş ve 90 voltta 30 dk yürütülmüştür. DNA'lar Biovision (Vilber Lourmat, France) sistemi kullanılarak görüntülenmiştir. Işımanın olduğu bantlar pozitif, ışımının görülmediği bantlar ise negatif olarak değerlendirilmiştir.

#### **2.4.5. Gradient PCR**

Her primer çiftine ait en ideal yapışma sıcaklığını (melting temperature, T<sub>m</sub>) belirlemek için gradient PCR yapılmıştır. Gradient PCR yönteminde, her PCR tüpü için farklı bir T<sub>m</sub> değeri (52, 54, 56, 58, 60 ve 62°C) belirlenmiştir. Bu amaçla hazırlanan PCR karışımında 2 µl 5x PCR buffer, 0,4 µl dNTP (10nM), 0,7 µl forward ve reverse primer (10pmol); 0,15 µl Phusion Hot Start II Taq polimeraz, 2 µl DNA ve toplam hacim 20 µl olacak şekilde ddH<sub>2</sub>O eklenmiştir. PCR cihazı 98°C'de 2 dk 1 döngü; 98°C'de 15 sn, 52-62°C'de 20 sn ve 72°C'de 1 dk 35 döngü; 72°C'de 10 dk 1 döngü olacak şekilde programlanmıştır. PCR ürünleri %2'lik agaroz jelde görüntülenerek her primer için en ideal T<sub>m</sub> dereceleri belirlenmiştir.

#### **2.4.6. Mikrosatellit Belirteçlerin (Marker) Analizi**

Kapiller elektroforez ve fragman analizinde kullanılması amacıyla her bir mikrosatellitin forward primeri uygun floresans ile işaretlenmiştir. PCR'da



kullanılacak mikrosatellit lokusları, primerler ve T<sub>m</sub> dereceleri Tablo 2.3'de verilmiştir.

Yapılan PCR analizlerinde 5xPCR buffer (Thermo), 200 uM dNTP (Thermo), 0.375 U Phusion Hot Start II *Taq* polimeraz (Thermo), her bir primer çiftinden 0,2 nM olacak şekilde hazırlanan primer karışımı I veya II'den ve 50ng/μl DNA kullanılmıştır. PCR reaksiyonu toplam 25 μl hacimde hazırlanmış ve PCR işlemi Veriti Thermal Cycler (Applied Biosystems)'da gerçekleştirilmiştir. Hazırlanan Touchdown PCR protokolü kullanılarak reaksiyon iki aşamada gerçekleştirilmiştir. Touchdown PCR protokolü Tablo 2.2'de verilmiştir.

**Tablo 2.2.** Touchdown PCR Protokolü

Aşamalar	İlk Denatürasyon	98°C	3 dk	1 Döngü
	Denatürasyon	98°C	15 sn	
<b>1. Aşama</b>	Annealing	55 - 60°C (Her döngüde 0,5°C azalan)	90 sn	10 Döngü
	Uzama	72°C	60 sn	
	Denatürasyon	98°C	15 sn	
<b>2. Aşama</b>	Annealing	58°C	90 sn	25 Döngü
	Uzama	72°C	60 sn	

Floresans işaretli primerler kullanılarak hazırlanan 2 farklı primer karışımından yükseltgenen 0,5 μl PCR ürününe 11,5 μl Hi-Di formamide ve 0,5 μl GeneScan LIZ-500 Size Standard (Invitrogen) eklenerek PCR cihazında, 96°C'de 3 dakika tutulmuş ve çıkarılarak hemen buza konularak -20°C'de 5 dakika bekletilmiştir. Daha sonra Applied Biosystem 3500 Genetik Analiz cihazına yüklenmiştir.

**Tablo 2.3.** Projede kullanılan mikrosatellite belirteçlere ait özellikler

Floresan Boya	Lokus	Primer Dizisi		Tm (°C)	Allel Sayısı	Allele Büyüklüğü	Referans
		Forward (5'-3')	Revers (3'-5')				
<b>Primer Karışımı 1</b>							
6-FAM	<b>AME</b>	GTTTCTTCCCTGGGCTCTGTAAAGA	ATCAGAGCTTAAACTGGGAAGCTG	56	2	114-120	
6-FAM	<b>DIK1192</b>	CAGGCAGCTCAGTGCTCAC	CACAGTGGATTTGTAGGGCATA	60	11	285-311	Takeda ve ark., 2002
6-FAM	<b>IOBT34</b>	TCCTTCCATCAATGTGTCAAGTCC	TTGGGATTCGGTGGTCAGTCTG	60	17	156-176	Olsaker ve ark., 1996
PET	<b>CCMB113</b>	TTTTCTTATCTGCCCCACCT	TACCACTGTGAAGCGATGGA	58	11	197-218	Nagarajan ve ark., 2009
PET	<b>CCMB154</b>	TTGCTATATCATGCTTGTCTACTGA	GGTCACACACAGTCGGACAC	60	8	114-130	Nagarajan ve ark., 2009
NED	<b>CCMB159</b>	GAGCCCTCCTGACTCCAGA	ACCAAGATGCTGACATGTGG	60	11	159-175	Nagarajan ve ark., 2009
VIC	<b>DIK1182</b>	CTGCTCTTTGCTCCTGTGTAACTC	GCACAGATTTACACCCGGAGACC	60	14	298-338	Reed ve ark., 2001
VIC	<b>DIK3028</b>	TGGGGTGTTTGGCAGAGTG	GTGTGAGGGAGCGATTTACCA	56	13	251-273	Ihara ve ark., 2004
VIC	<b>TGLA23</b>	TCAATGCAAAAACCATCGTG	CTTGAGGCGCTTAAAAGACA	60	21	191-244	Ihara ve ark., 2004
<b>Primer Karışımı 2</b>							
6-FAM	<b>CCMB164</b>	AGTTCCTGGGTGACCAGGTG	AACTTCTGCCTGTGCTCTTT	60	8	185-201	Nagarajan ve ark., 2009
6-FAM	<b>CCMB125</b>	GGAAAACCATAGCTTTGACTAGA	GCCTGGTAGGCTGCCATCT	60	11	140-156	Nagarajan ve ark., 2009
6-FAM	<b>BMS922</b>	CCAAATCCAGCCCTTTCTC	CTCTTAGGGCAACACAACAGC	58	8	74-92	Stone ve ark., 1995
VIC	<b>CCMB116</b>	CGTATCGAGCCTGTGTGTGT	GTGCCCTCTTCTGATIGC	60	11	143-181	Nagarajan ve ark., 2009
VIC	<b>DIK1129</b>	GCTGACTGTCTCATTTCCTTTC	AGATCCTGTGTGGGATGTACTG	55	10	114-136	Ihara ve ark., 2004
NED	<b>DIK2700</b>	TCCAACCTGATCTCATCCATC	AAATCACATGAGGCAGTTCC	55	12	219-247	Ihara ve ark., 2004
NED	<b>CCMB005</b>	AAGTAACGGAGCACACCAGAGT	AAGTGAGACTGGATTCCGACAG	60	17	178-202	Nagarajan ve ark., 2009
NED	<b>CCMB168</b>	GGCACAGCACATGCTTAGAA	ACCAGGCCAGGTATTCTTCC	60	7	101-116	Nagarajan ve ark., 2009
NED	<b>CCMB126</b>	CCAAGGATAGAAGAGCCTGGT	CCCGBAAGACTGACAGTTGA	60	9	136-157	Nagarajan ve ark., 2009
PET	<b>CCMB117</b>	GCTTTGGGAAGAATGCAGAG	GCAGCTTTTGGAGTTCTTTC	60	12	154-196	Nagarajan ve ark., 2009
PET	<b>DIK3023</b>	TCTTGCCACCTTTGGCTTT	GAGGCGTGATGACGTGTCCA	58	8	132-150	Ihara ve ark., 2004
PET	<b>DIK2204</b>	TCCCCAATTAGAGGTTATCG	GCTCCAGCTATGGTTTATGGG	56	11	272-298	Ihara ve ark., 2004

## 2.5. İstatistik Analizler

Elde edilen veriler kullanılarak toplam allel sayısı, allel frekansları, gözlenen ( $h_o$ ) ve beklenen ( $h_e$ ) heterozigotluk değerleri, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) hesaplanmıştır. Bu parametrelerin hesaplanmasında GENMAPPER (AppliedBiosystems) ve GENETIX 4.05 (Belkhir ve ark., 2004) paket programlar kullanılmıştır.

### 2.5.1. Allel ve Allel Frekansların Hesaplanması

Irklar arasında allellik çeşitliği gösteren allellik varyasyon, verilerin istatistiksel analizinde ilk hesaplanan parametredir. Bu analiz yönteminde her bir lokus için allel sayısı ( $m$ ) genetik çeşitliliği ortaya koyan bir faktördür. Allel sayısının ( $m$ ) ve allel frekanslarının ( $X_i$ ) hesaplanmasında (Nei, 1978 ve 1987) GENETIX 4.05 paket programı kullanılmıştır (Belkhir ve ark., 2004).

### 2.5.2. Beklenen, Gözlenen ve Ortalama Heterizgotluk Değerlerinin Hesaplanması

Beklenen ( $h_e$ ), gözlenen ( $h_o$ ) ve ortalama heterizgotluk ( $h_{ort}$ ) değerlerinin hesaplanmasında GENETIX 4.05 (Belkhir ve ark., 2004) istatistik paket programı kullanılmıştır.

Her bir lokustaki genetik varyasyonun ölçüsü olan heterozigotluk ( $h_{ort}$ ) değerlerinin hatasını azaltmak için yansız (*unbiased*) olarak Nei (1972)'e göre tahmin edilmiştir. Her bir lokusta hesaplanan heterozigotluk ( $h_{ort}$ ) değerlerinden yararlanılarak, popülasyondaki ortalama heterozigotluk ( $H_{ort}$ ) ve standart hataları ( $S_{Hort}$ ) aşağıdaki eşitlikler (Nei, 1987) yardımıyla hesaplanmıştır.

$$H_{ort} = \sum_j h_{ort}/r \quad \text{ve} \quad S_{H_{ort}} = \sqrt{\left[ \sum_j (h_{ort} - H_{ort})^2 / (r - 1) \right] / r}$$

### 2.5.3. Beklenen ( $h_e$ ) ve Gözlenen ( $h_o$ ) Heterozigotluk Karşılaştırılması

Beklenen ( $h_e$ ) ve gözlenen ( $h_o$ ) heterozigotluk değerler arasındaki farkın anlamlı olup olmadığını exact testleri ile karşılaştırılmıştır.

### 2.5.4. Polimorfizm Bilgi İçeriğinin (PIC) Hesaplanması

Bir popülasyonda polimorfizmin ölçülmesinde Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) sık kullanılan yöntemlerdendir. PIC değeri ne kadar yüksek ise bileşiklik (linkage) bilgi içeriği de o kadar yüksek olacağı düşünülmektedir. Ayrıca, allellerin sayısı fazla olduğu zaman PIC değeri yaklaşık olarak heterozigotluğa eşit olacağı ifade edilmektedir (Liu, 1998).

Mikrosatellit markerlerin heterozigotluk düzeyleri türlere ve bir türün ırklarına göre değişebilmektedir. PIC, heterozigotluk ve allel sayıları ile belirlenmektedir. Popülasyon genetiği analizlerinde kullanılan markerlerin PIC değerleri 0,50'ten büyük ise ( $0,50 < \text{PIC}$ ) yüksek oranda bilgi verici, 0,25 ile 0,5 arasında ise ( $0,25 < \text{PIC} < 0,50$ ) oldukça bilgi verici ve 0,25 den küçük ise ( $\text{PIC} < 0,25$ ) düşük oranda bilgi verici olarak değerlendirilmektedir. Çok sayıda allele sahip olan ve PIC değeri 1'e yakın olan markerler en çok tercih edilen markerlerdir (Botstein ve ark., 1980). Aynı zamanda her bir lokusun PIC değerleri 0,7'den ve allel sayıları da 4'ten büyük ise bu lokusların genetik çeşitlilik çalışmalarında oldukça kullanışlı olduğu vurgulanmıştır (Barker, 1994).

PIC'nin beklenen deęerinin hesaplanmasında ařaęıdaki formülden yararlanılmıřtır.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \left( \sum_{i=1}^n P_i^2 \right)^2 + \sum_{i=1}^n P_i^4$$

$P_i$  : i. allelin frekansı

$n$  : İ. lokustaki toplam allel sayısı

### 2.5.5. Exact Test Olasılıklarının Hesaplanması

Popülasyonda kullanılan lokuslar bakımından ikili olarak karşılaştırılmasında ve aralarındaki farklılıkların tespit edilmesinde kullanılan exact test olasılıkları her bir lokus ve tüm lokuslar üzerinden Raymond ve Rousset (1995)'e göre hesaplanmıştır.

### 2.5.6. Dışlama Gücü (DG) Deęerlerinin Hesaplanması

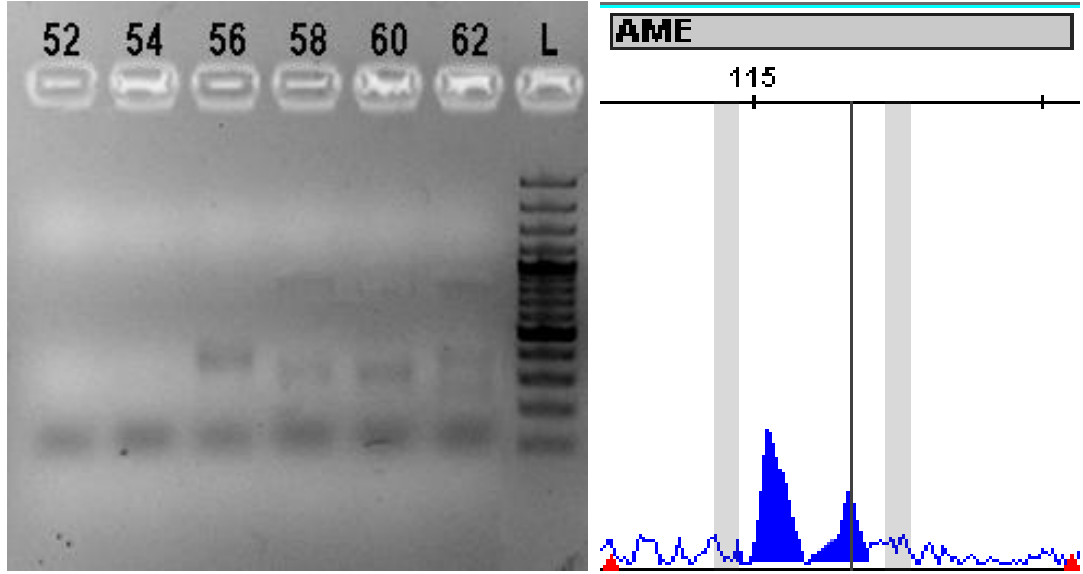
Dışlama gücü (DG), hatalı ebeveynlerin ne oranda dışlandığının matematiksel bir göstergesidir. Popülasyonda kullanılan lokusların bir ebeveyn olduğunda dışlama gücü (DG-1) ve iki ebeveyn olduğunda dışlama gücü (DG-2) deęerleri GenAlEx6 (Peakall ve Smouse 2006) paket program kullanılarak hesaplanmıştır.

### 3. BULGULAR

Afyonkarahisar bölgesinde yetiştirilen 96 baş malakdan alınan kan örneklerinde 21 mikrosatellit marker analiz edilmiştir. Yapılan analizler sonucu AME ve CCMB154 lokusları dışında analiz edilen 19 lokusta polimorfizm belirlenmiştir.

#### 3.1. AME ve CCMB154 Lokusu

AME ve CCMB154 lokuslarında polimorfizm görülmemiştir. AME lokusunda tüm örneklerde 116 ve 118 alleleri, CCMB154 lokuslarında ise 128 alleli bulunmuştur. AME lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.1'de verilmiştir.



Şekil 3.1. AME lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

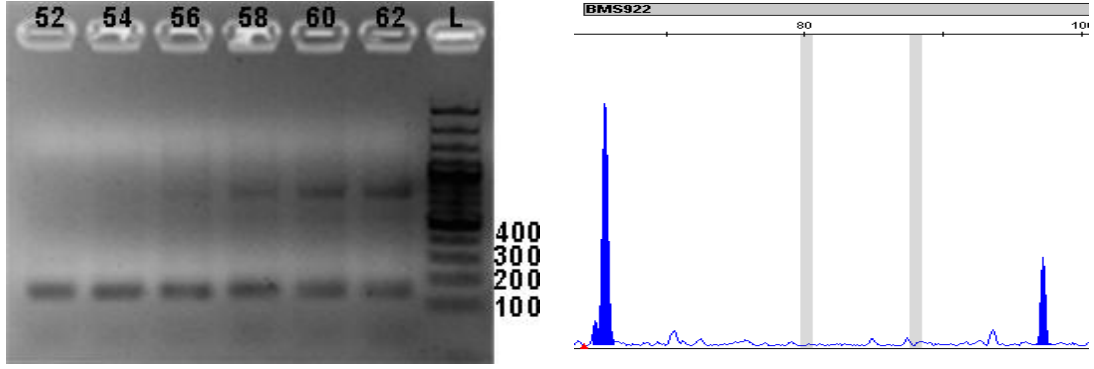
### 3.2. BMS922 Lokusu

Yapılan analizlerde, BMS922 lokusunda 8 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda BMS922 lokusundaki alleller, allel frekansları ( $X_i$ ), heterozigotluk indeksleri ( $h_e$ ,  $h_o$ ), ortalama heterozigotluk ( $h_{ort}$ ), lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC), dışlama gücü (DG) değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.1’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P<0,01$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 66 allelinin frekansının en yüksek (0,781), 68 ve 88 allellerin frekansı ise en düşük (0,005) bulunmuştur. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,377 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,356 olarak hesaplanmış ve bu değer BMS922 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. BMS922 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.2’de verilmiştir.

**Tablo 3.1.** BMS922 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
66	0,781	0,375							
68	0,005	0,010							
70	0,010	0,021							
78	0,021	0,000	0,375	0,385	0,377	0,356	0,588	0,743	**
88	0,005	0,010							
94	0,068	0,135							
98	0,099	0,198							
100	0,010	0,021							

\*\*  $P<0,01$



**Şekil 3.2.** BMS922 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.3. CCMB005 Lokusu

Yapılan analizlerde CCMB005 lokusunda 5 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB005 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.2’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 200 allelinin frekansı en yüksek (0,517), 190 allelinin frekansı ise en düşük (0,017) bulunmuştur. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,601 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,500 olarak hesaplanmış ve bu değer CCMB005 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir.

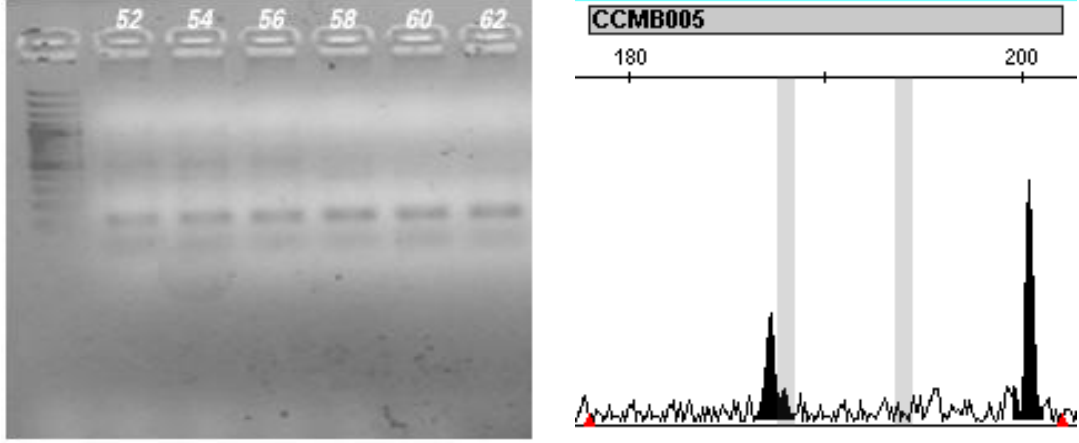
**Tablo 3.2.** CCMB005 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
178	0,352	0,659							
184	0,114	0,023							
188	0,102	0,182	0,598	0,864	0,601	0,500	0,416	0,595	***
190	0,017	0,034							
200	0,517	0,830							

\*\*\* $P < 0,001$



CCMB005 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.3’de verilmiştir.



Şekil 3.3. CCMB005 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

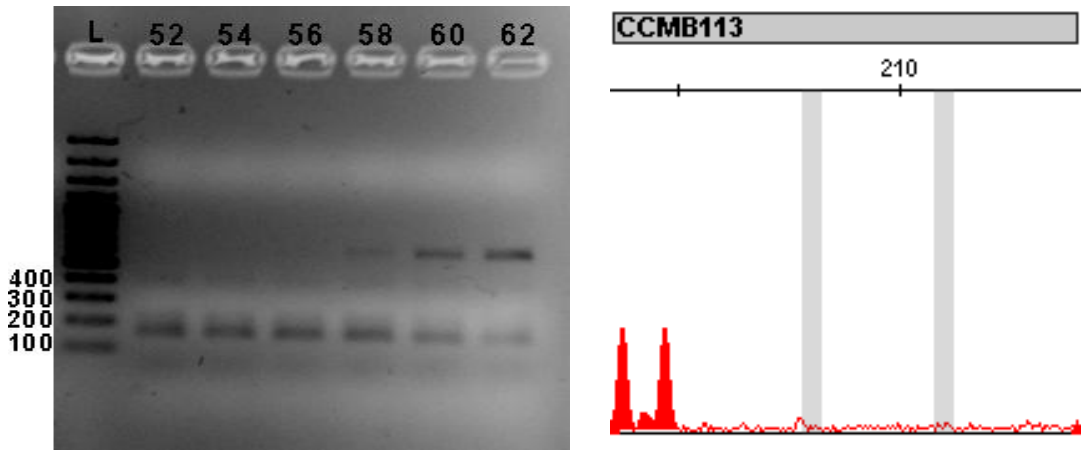
#### 3.4. CCMB113 Lokusu

CCMB113 lokusunda 13 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB113 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.3’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda en yüksek allel frekansının 200 allelinde (0,308), en düşük allel frekansı ise 192 allelinde (0,006) bulunmuştur. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk değeri 0,839 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,817 olarak hesaplanmış ve bu değer CCMB113 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB113 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.4’de verilmiştir.

**Tablo 3.3.** CCMB113 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_c$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
192	0,006	0,011							
194	0,017	0,033							
196	0,017	0,033							
198	0,055	0,088							
200	0,308	0,418							
204	0,126	0,187							
206	0,176	0,176	0,835	0,692	0,839	0,817	0,726	0,842	***
208	0,039	0,033							
210	0,110	0,198							
212	0,011	0,022							
202	0,044	0,088							
216	0,033	0,022							
218	0,060	0,077							

\*\*\*P<0,001



**Şekil 3.4.** CCMB113 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.5. CCMB116 Lokusu

CCMB116 lokusunda 11 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB005 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.4'de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler

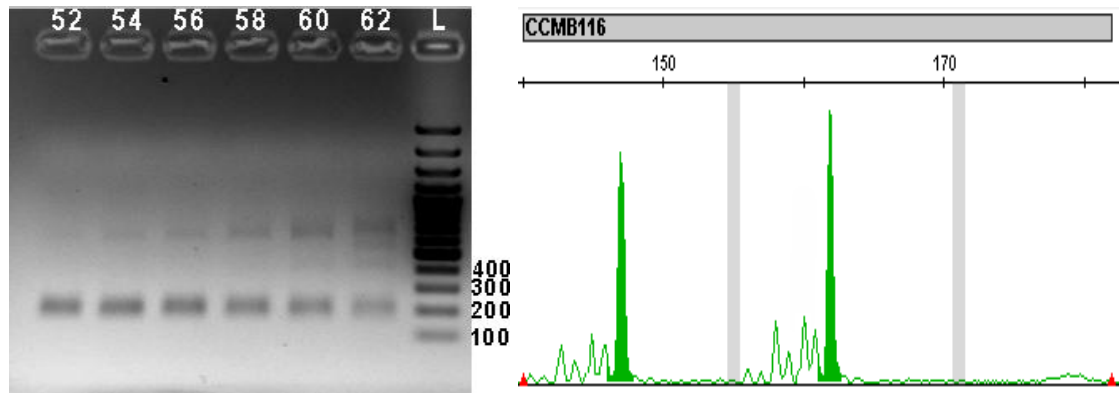
arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda allel frekansı (0,271) ve heterozigotluk değeri (0,479) en yüksek 160 allelinde belirlenmiştir.

**Tablo 3.4.** CCMB116 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
142	0,115	0,229							
144	0,005	0,010							
146	0,151	0,281							
148	0,021	0,042							
152	0,031	0,063							
154	0,156	0,229	0,836	0,885	0,840	0,815	0,684	0,813	***
156	0,005	0,010							
158	0,109	0,198							
160	0,271	0,479							
162	0,132	0,219							
170	0,005	0,010							

\*\*\* $P < 0,001$

Tüm alleller üzerinden ortalama heterozigotluk değeri 0,840 olarak hesaplanmıştır. Lokustaki polimorfizmin bilgi verici niteliği (PIC) ise 0,815 olarak tahmin edilmiş ve bu değer CCMB116 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB116 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.5’de verilmiştir.



**Şekil 3.5.** CCMB116 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.6. CCMB117 Lokusu

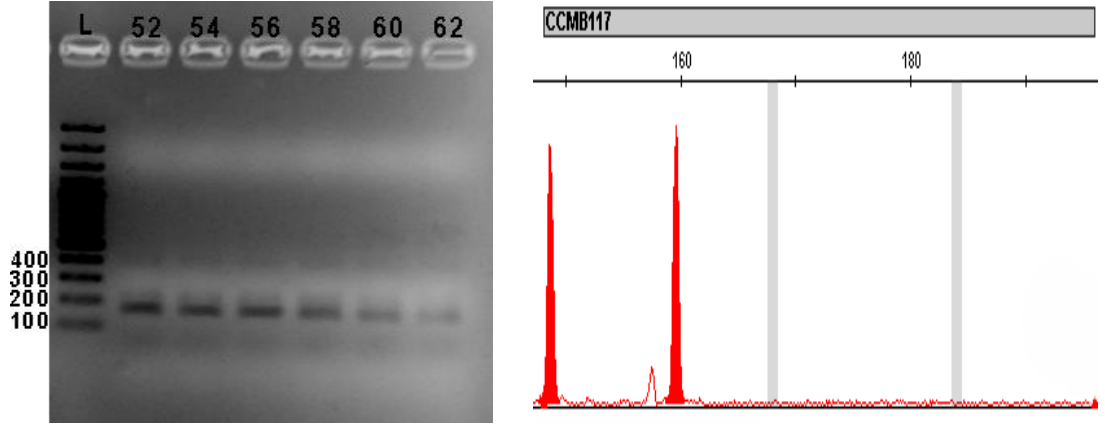
Yapılan analizlerde CCMB117 lokusunda 10 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB117 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.5’de verilmiştir.

**Tablo 3.5.** CCMB117 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	X <sub>i</sub>	h <sub>i</sub>	h <sub>e</sub>	h <sub>o</sub>	h <sub>ort</sub>	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
148	0,395	0,495							
158	0,021	0,042							
160	0,242	0,379							
162	0,005	0,011							
166	0,084	0,168							
176	0,174	0,179	0,746	0,716	0,750	0,710	0,657	0,795	*
178	0,011	0,021							
192	0,005	0,011							
194	0,026	0,053							
196	0,037	0,074							

\*P<0,05

Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistikî olarak önemli (P<0,05) bulunmuştur. İncelenen malaklarda en yüksek allel frekansının 148 allelinde (0,395), 162 ile 192 allellerinde ise en düşük (0,005) bulunmuştur. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk 0,750 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,710 olarak tahmin edilmiş ve bu değer CCMB117 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB117 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.6’de verilmiştir.



Şekil 3.6. CCMB117 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.7. CCMB125 Lokusu

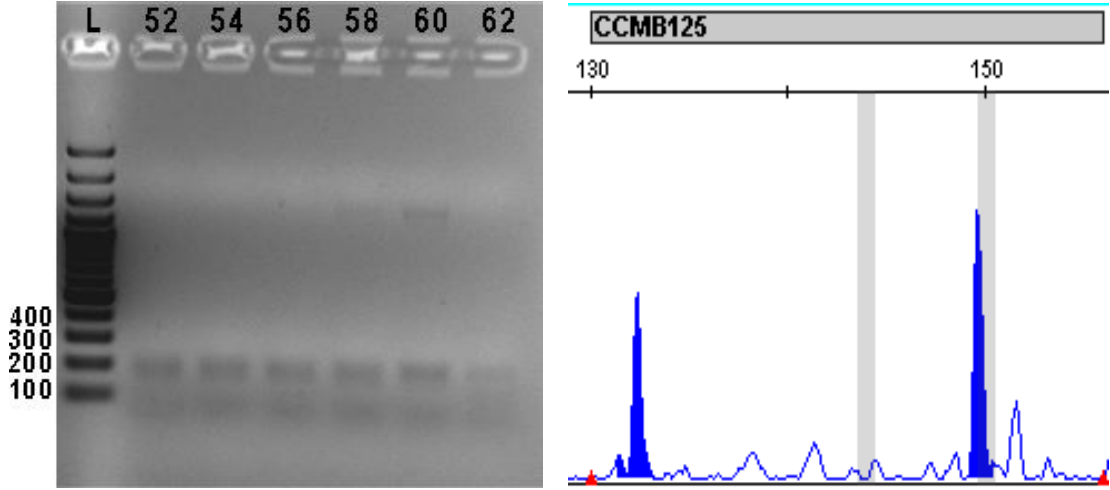
CCMB125 lokusunda 7 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB125 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.6'de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 132 allelinin frekansının en yüksek (0,468), 134 ve 140 allellerinin frekansı ise en düşük (0,032) bulunmuştur. Heterozigotluk değeri en yüksek 132 allelinde (0,937) tahmin edilmiştir.

**Tablo 3.6.** CCMB125 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
132	0,468	0,937							
134	0,032	0,063							
136	0,074	0,147							
138	0,111	0,221	0,720	0,979	0,724	0,691	0,542	0,707	***
140	0,032	0,063							
150	0,153	0,263							
152	0,132	0,263							

\*\*\* $P < 0,001$

Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk 0,724 olarak belirlenmiştir. Lokusun PIC değeri 0,691 olarak hesaplanmış ve bu değer CCMB125 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB125 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.7’de verilmiştir.



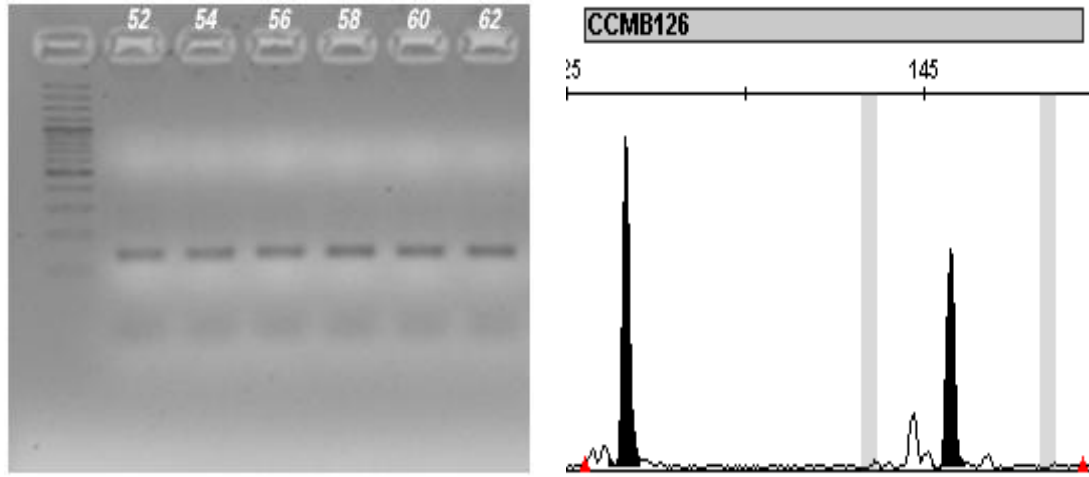
Şekil 3.7. CCMB125 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.8. CCMB126 Lokusu

CCMB126 lokusunda 6 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB126 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.7’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar önemsiz bulunmuştur. İncelenen malaklarda 130 allelinin frekansının en yüksek (0,573), 140 ve 144 allellerinin frekansı ise en düşük (0,005) olduğu gözlenmiştir. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk değeri 0,603 olarak hesaplanmıştır. Lokusun PIC değeri 0,550 olarak bulunmuş ve bu değer CCMB126 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB126 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.8’de verilmiştir.

**Tablo 3.7.** CCMB126 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_c$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
128	0,224	0,344							
130	0,573	0,479							
138	0,135	0,188	0,600	0,563	0,603	0,550	0,486	0,660	-
140	0,005	0,010							
144	0,005	0,010							
146	0,057	0,094							



**Şekil 3.8.** CCMB126 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.9. CCMB159 Lokusu

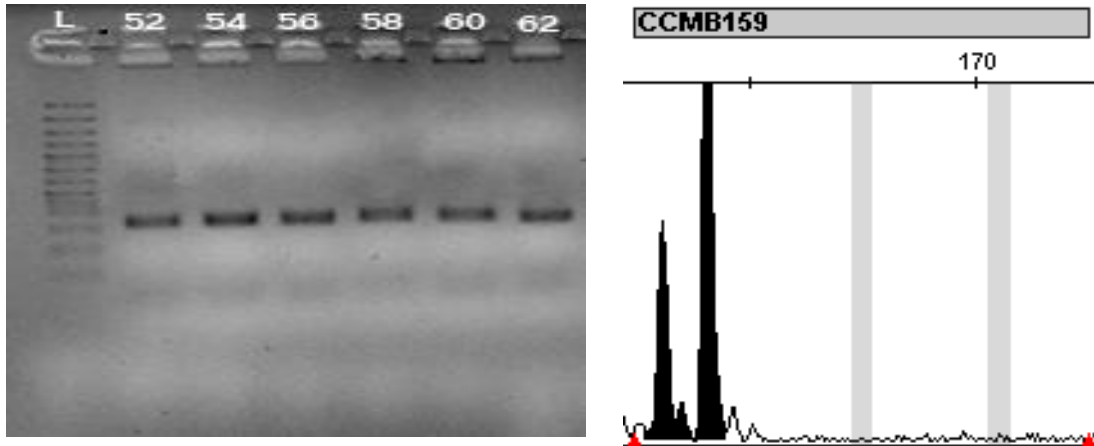
CCMB159 lokusunda 6 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB159 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.8’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar önemli ( $P < 0,05$ ) bulunmuştur.

**Tablo 3.8.** CCMB159 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
156	0,022	0,043							
158	0,237	0,344							
160	0,113	0,183	0,732	0,720	0,736	0,690	0,486	0,660	*
162	0,398	0,432							
164	0,199	0,376							
166	0,032	0,043							

\*P<0,05

İncelenen malaklarda 162 allelinin frekansının en yüksek (0,398), 156 allel frekansı ise en düşük (0,022) olduğu gözlenmiştir. Lokustaki ortalama heterozigotluk değeri 0,736 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun PIC değeri 0,690 olarak bulunmuş ve bu değer CCMB159 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB159 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.9’de verilmiştir.



**Şekil 3.9.** CCMB159 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü



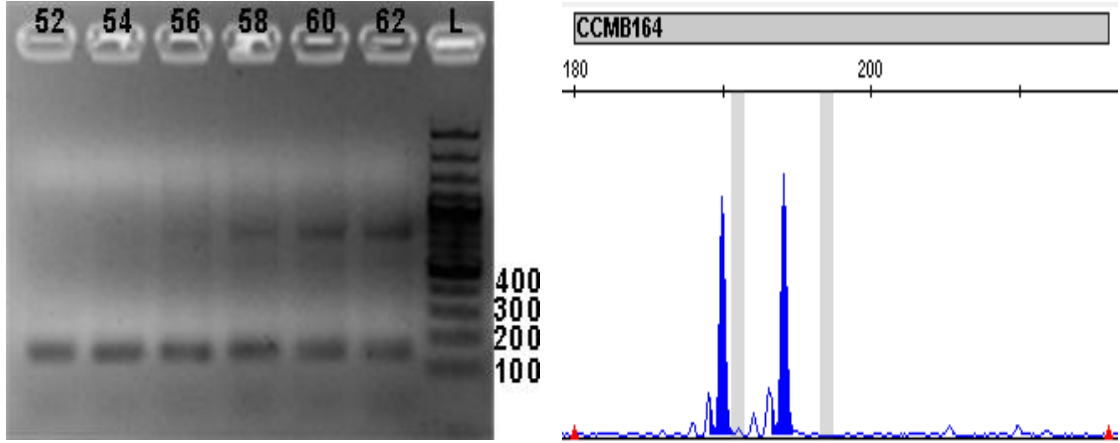
### 3.10. CCMB164 Lokusu

CCMB164 lokusunda 9 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB164 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.9’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak çok önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 186, 190 ve 194 allellerinin frekansı diğer allellere oranla çok daha yüksek (0,253 – 0,363) bulunmuştur. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk 0,704 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun PIC değeri 0,643 olarak hesaplanmış ve bu değer CCMB164 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB164 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.10’de verilmiştir.

**Tablo 3.9.** CCMB164 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
178	0,011	0,021							
182	0,005	0,011							
186	0,363	0,326							
190	0,321	0,347							
194	0,253	0,337	0,700	0,568	0,704	0,643	0,626	0,772	***
202	0,005	0,011							
206	0,016	0,032							
210	0,016	0,032							
212	0,011	0,021							

\*\*\* $P < 0,001$



Şekil 3.10. CCMB164 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.11. CCMB168 Lokusu

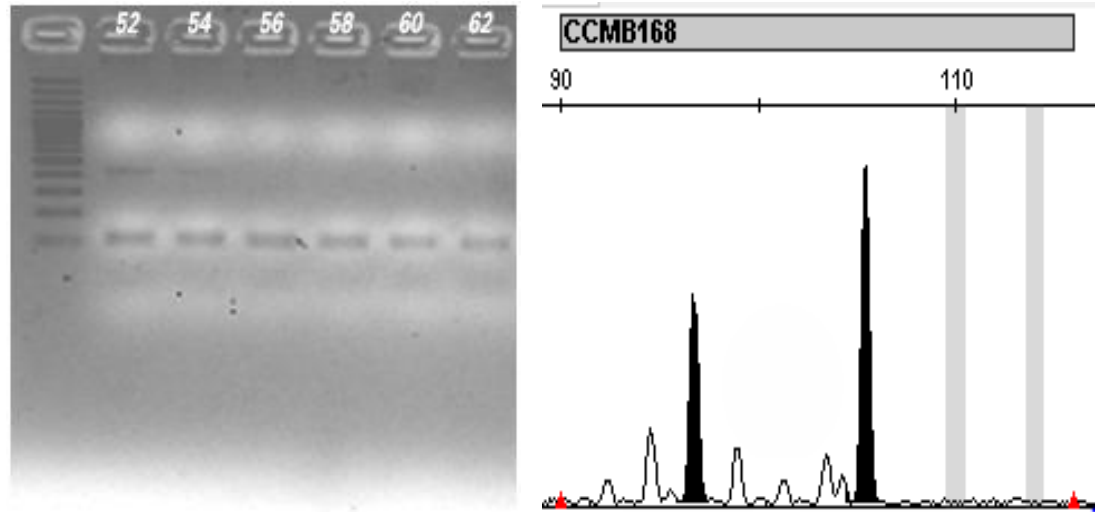
Yapılan analizlerde CCMB168 lokusunda 9 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda CCMB168 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.10’de verilmiştir.

Tablo 3.10. CCMB168 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_c$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
95	0,224	0,406							
97	0,162	0,302							
99	0,005	0,010							
101	0,344	0,583							
103	0,057	0,117	0,782	0,917	0,786	0,752	0,626	0,772	***
105	0,135	0,271							
107	0,031	0,063							
109	0,026	0,052							
113	0,016	0,031							

\*\*\*P<0,001

Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak çok önemli ( $P<0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 101 allelinin frekansı en yüksek (0,344), 99 allelinin frekansının ise en düşük (0,005) gözlenmiştir. Heterozigotluk değerleri incelendiğinde 101 ve 95 allellerinin daha heterozigot yapıda oldukları bulunmuştur. CCMB168 lokusunun ortalama heterozigotluk değeri 0,786 olarak hesaplanmıştır. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,752 olarak tahmin edilmiş ve bu değer CCMB168 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. CCMB168 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.11’de verilmiştir.



Şekil 3.11. CCMB168 Lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.12. DIK1129 Lokusu

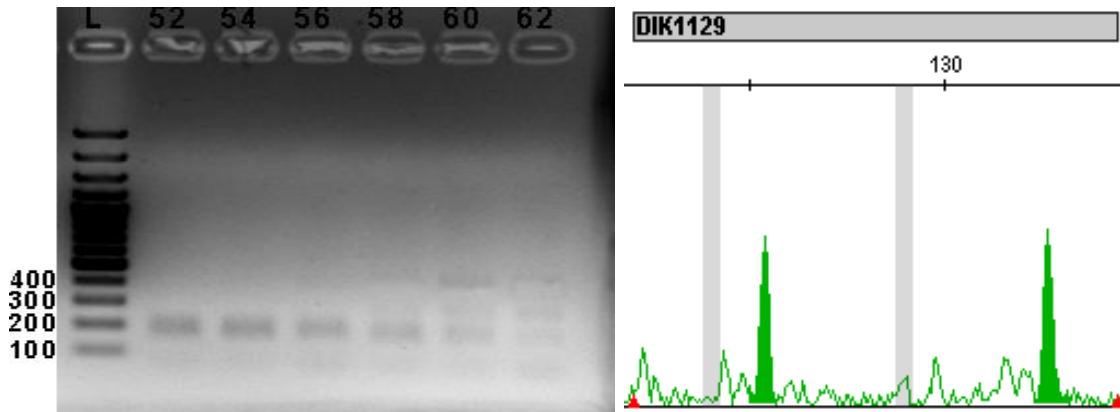
DIK1129 lokusunda 10 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK1129 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.11’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P<0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen

malaklarda 134 allel frekansının en yüksek (0,442), 138 allel frekansı ise en düşük (0,016) olduğu gözlenmiştir. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,754 olarak bulunmuştur. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,726 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK1129 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK1129 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.12’de verilmiştir.

**Tablo 3.11.** DIK1129 lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
116	0,037	0,074							
118	0,111	0,221							
120	0,116	0,232							
122	0,021	0,042							
124	0,037	0,074	0,750	0,632	0,754	0,726	0,657	0,795	***
128	0,026	0,053							
130	0,153	0,305							
132	0,042	0,084							
134	0,442	0,168							
138	0,016	0,011							

\*\*\*P<0,001



**Şekil 3.12.** DIK1129 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

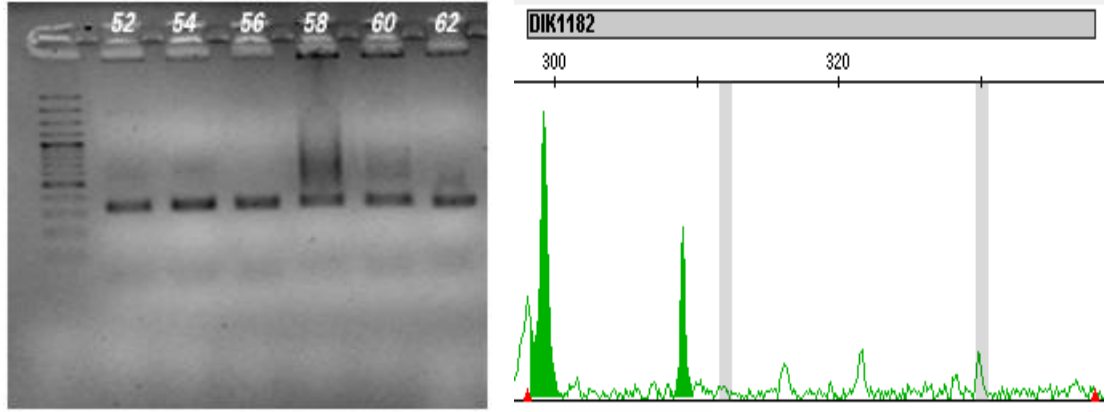
### 3.13. DIK1182 Lokusu

Yapılan analizlerde DIK1182 lokusunda 8 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK1182 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.12’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P<0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 300 allel frekansının en yüksek (0,421), 302 allel frekansının ise en düşük (0,009) olduğu bulunmuştur. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,737 olarak belirlenmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,695 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK1182 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK1182 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.13’de verilmiştir.

**Tablo 3.12.** DIK1182 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
298	0,105	0,211							
300	0,421	0,386							
302	0,009	0,018							***
306	0,035	0,000	0,731	0,684	0,737	0,695	0,588	0,743	
308	0,263	0,526							
322	0,035	0,035							
330	0,079	0,088							
336	0,053	0,105							

\*\*\* $P<0,001$



**Şekil 3.13.** DIK1182 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.14. DIK1192 Lokusu

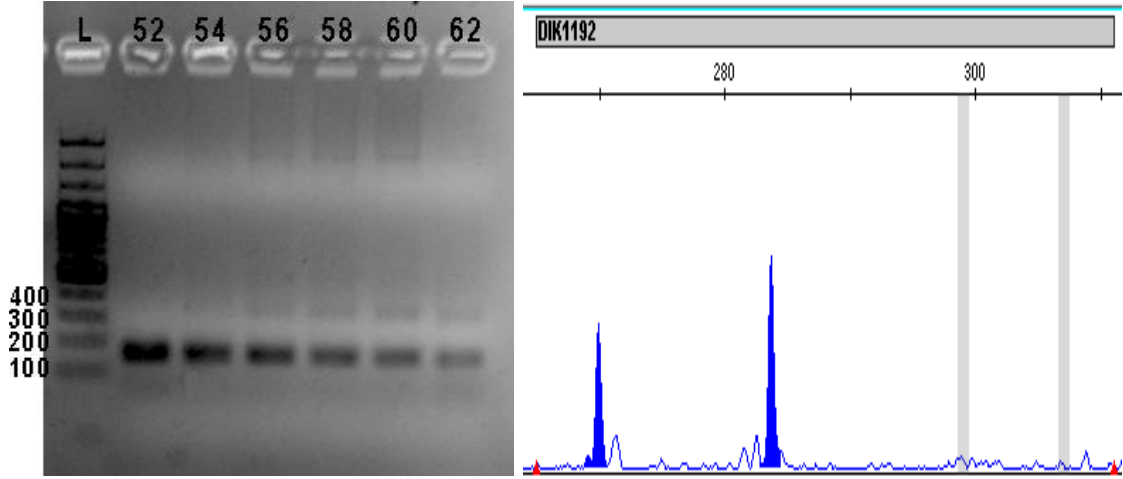
Yapılan analizlerde DIK1192 lokusunda 5 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK1192 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.13’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 270 allelinin frekansı en yüksek (0,500), 266 allelinin frekansı ise en düşük (0,005) bulunmuştur.

**Tablo 3.13.** DIK1192 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
266	0,005	0,011							
270	0,500	1,000							
272	0,016	0,032	0,530	1,000	0,533	0,420	0,416	0,595	***
276	0,011	0,021							
284	0,468	0,937							

\*\*\* $P < 0,001$

Lokustaki ortalama heterozigotluk 0,533 olarak hesaplanmıştır. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,420 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK1192 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK1192 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.14’de verilmiştir.



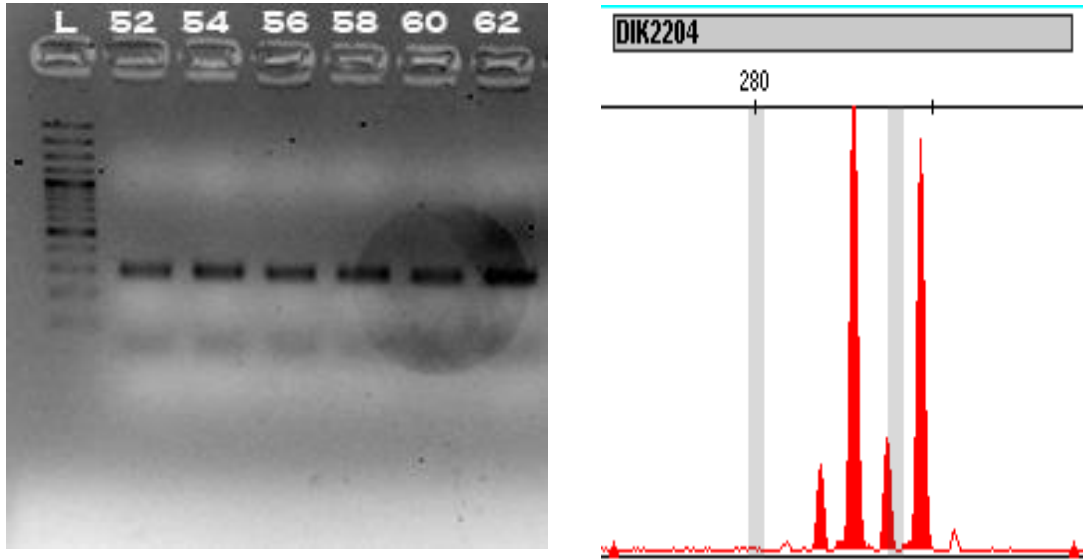
Şekil 3.14. DIK1192 Lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.15. DIK2204 Lokusu

DIK2204 lokusunda 8 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK2204 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.14’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur. İncelenen malaklarda 290 allelinin frekansı en yüksek (0,432), 292 allelinin frekansı ise en düşük (0,011) bulunmuştur. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk değeri 0,738 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,701 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK2204 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK2204 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.15’de verilmiştir.

**Tablo 3.14.** DIK2204 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
272	0,079	0,137							
276	0,021	0,042							
278	0,016	0,032							
280	0,079	0,137	0,734	0,758	0,738	0,701	0,588	0,743	-
284	0,174	0,305							
286	0,190	0,316							
290	0,432	0,526							
292	0,011	0,021							



**Şekil 3.15.** DIK2204 Lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.16. DIK2700 Lokusu

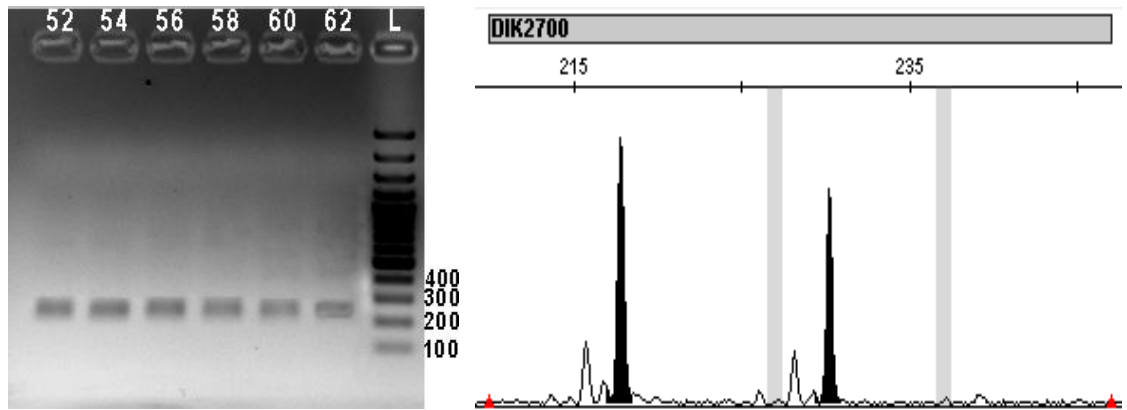
Yapılan analizlerde DIK2700 lokusunda 8 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK2700 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.15’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur.



**Tablo 3.15.** DIK2700 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
216	0,042	0,084							
218	0,516	0,484							
228	0,037	0,074							
230	0,116	0,232							
232	0,026	0,053	0,674	0,695	0,677	0,640	0,588	0,743	-
238	0,011	0,021							
240	0,200	0,358							
242	0,053	0,084							

İncelenen popülasyonda 218 allel frekansının en yüksek (0,516), 238 allel frekansı ise en düşük (0,011) bulunmuştur. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,677 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,640 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK2700 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK2700 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.16’da verilmiştir.



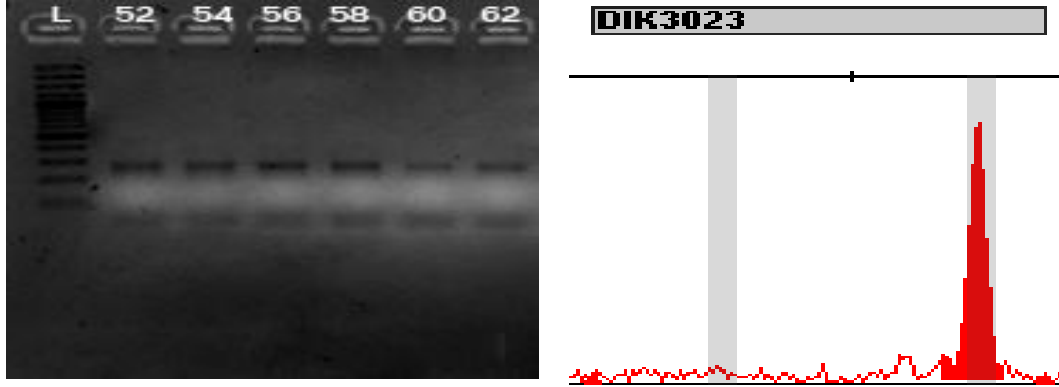
**Şekil 3.16.** DIK2700 lokusuna ait gradient jeli ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.17. DIK3023 Lokusu

Yapılan analizlerde DIK3023 lokusunda 5 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK3023 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.16’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur. İncelenen malaklarda 144 allel frekansının en yüksek (0,925), 134 ve 146 allel frekansı ise en düşük (0,005) olduğu gözlenmiştir. Tüm alleller üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk değeri 0,143 olarak belirlenmiştir. Ortalama heterozigotluk değerleri incelendiğinde DIK3023 lokusunda heterozigotluğun düşük olduğu görülmektedir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,139 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK3023 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında düşük düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK3023 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.17’de verilmiştir.

**Tablo 3.16.** DIK3023 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
134	0,005	0,011							
140	0,043	0,086							
144	0,925	0,151	0,143	0,151	0,143	0,139	0,416	0,595	-
146	0,005	0,011							
148	0,022	0,043							



Şekil 3.17. DIK3023 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

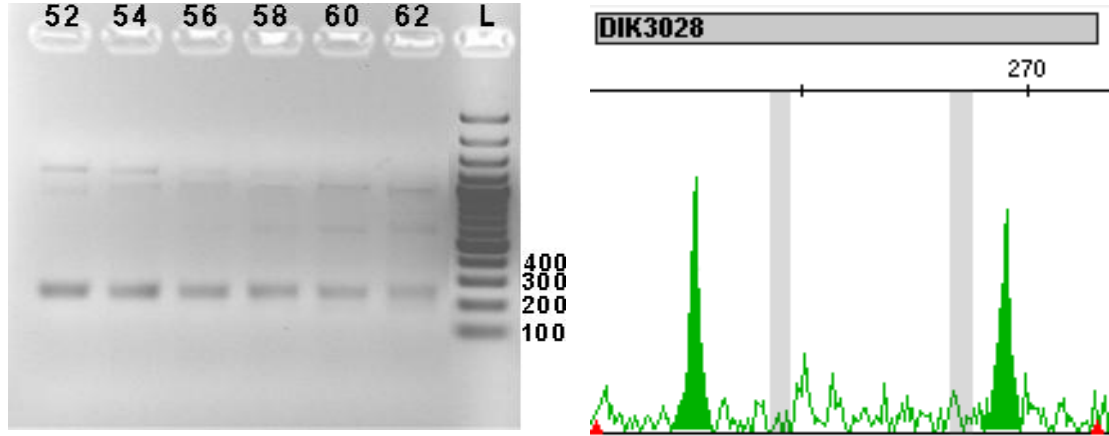
### 3.18. DIK3028 Lokusu

Yapılan analizlerde DIK3028 lokusunda 4 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda DIK3028 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.17’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar istatistik olarak önemsiz bulunmuştur. İncelenen malaklarda 255 allel frekansının en yüksek (0,700), 249 ve 259 allel frekansı ise en düşük (0,018) olduğu belirlenmiştir.

**Tablo 3.17.** DIK3028 lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
249	0,018	0,036							
255	0,700	0,491	0,440	0,491	0,444	0,371	0,328	0,504	-
259	0,018	0,036							
269	0,264	0,418							

Tüm alleller üzerinden ortalama heterozigotluk değeri 0,444 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,371 olarak hesaplanmış ve bu değer DIK3028 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. DIK3028 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.18’de verilmiştir.



Şekil 3.18. DIK3028 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

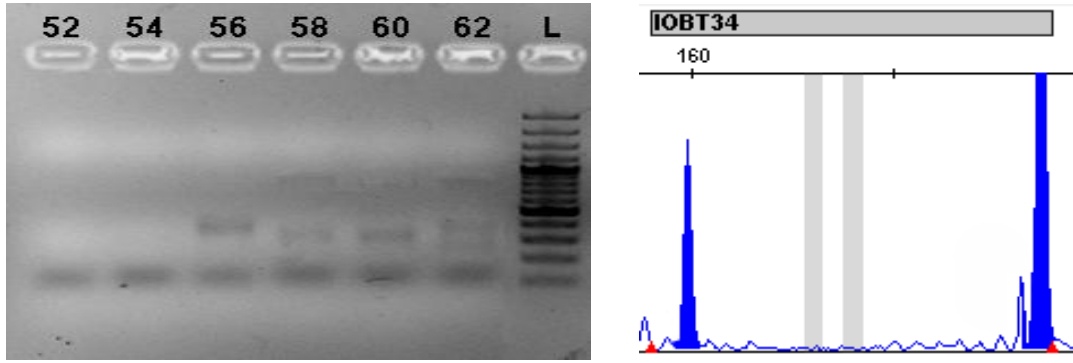
### 3.19. IOBT34 Lokusu

Yapılan analizlerde IOBT34 lokusunda 10 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda IOBT34 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.18’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar çok önemli ( $P < 0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 159 allel frekansının en yüksek (0,611), 155 allel frekansı ise en düşük (0,005) olduğu gözlenmiştir. Lokusun ortalama heterozigotluk değeri 0,589 olarak tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,555 olarak hesaplanmış ve bu değer IOBT34 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında orta düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. IOBT34 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.19’de verilmiştir.

**Tablo 3.18.** IOBT34 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
155	0,005	0,011							
157	0,011	0,021							
159	0,611	0,316							
161	0,005	0,011							
163	0,037	0,074	0,586	0,358	0,589	0,555	0,657	0,795	***
165	0,042	0,084							
167	0,032	0,063							
169	0,068	0,116							
173	0,011	0,021							
177	0,179	0,000							

\*\*\*P<0,001



**Şekil 3.19.** IOBT34 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

### 3.20. TGLA23 Lokusu

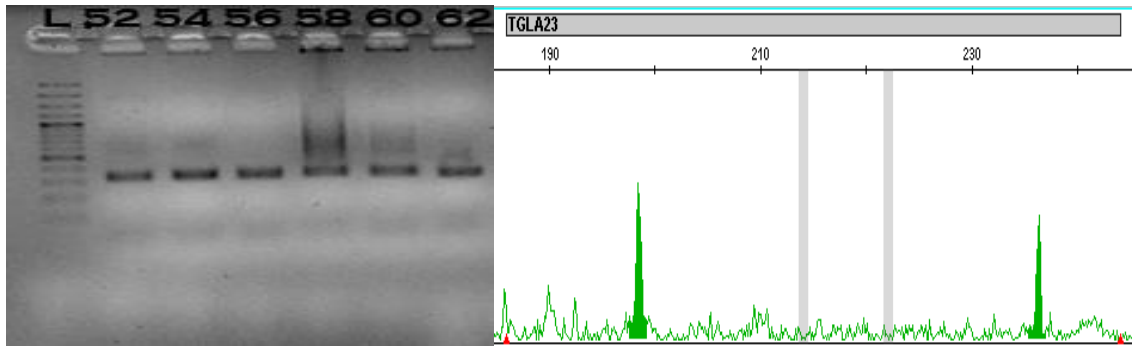
Yapılan analizlerde TGLA23 lokusunda 13 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda TGLA23 lokusundaki alleller, allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, ortalama heterozigotluk, PIC, DG değerleri ve exact test olasılığı Tablo 3.19’de verilmiştir. Exact test analizi sonucu incelenen malaklarda beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar önemli ( $P<0,001$ ) bulunmuştur. İncelenen malaklarda 236 allelinin frekansı en yüksek (0,305), 186, 204 ve 218 allellerin frekanslarının ise en düşük (0,007) olduğu gözlenmiştir. Lokusdaki ortalama heterozigotluk değeri 0,792 olarak

tahmin edilmiştir. Lokusun polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0,756 olarak hesaplanmış ve bu değer TGLA23 lokusundaki polimorfizmin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu göstermektedir. TGLA23 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüleri Şekil 3.20’de verilmiştir.

**Tablo 3.19.** TGLA23 Lokusuna ait allel frekansları, heterozigotluk indeksleri, PIC, DG değerleri ve Exact test olasılığı

Allel	$X_i$	$h_i$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	DG-1	DG-2	Exact Test
186	0,007	0,013							
190	0,117	0,052							
192	0,013	0,026							
194	0,182	0,234							
198	0,266	0,481							
204	0,007	0,013							
210	0,020	0,039	0,787	0,753	0,792	0,756	0,726	0,842	***
218	0,007	0,013							
222	0,026	0,026							
226	0,007	0,013							
236	0,305	0,584							
240	0,013	0,000							
242	0,033	0,013							

\*\*\*P<0,001



**Şekil 3.20.** TGLA23 lokusuna ait gradient jel ve mikrosatellit pik görüntüsü

Yapılan analizler sonucu 19 mikrosatellit lokuslarına ait gözlenen, beklenen ve ortalama heterozigotluk değerleri ile lokus başına düşen allel sayısı, PIC ve DG değerleri Tablo 3.20’de verilmiştir. Buna göre, incelenen lokuslar bakımından tüm

popülasyondaki ortalama heterozigotluk  $0,651 \pm 0,176$  ve PIC değeri 0,607 olarak bulunmuştur. Lokuslardaki polimorfizmlerin popülasyon hakkında yüksek düzeyde bilgi verici nitelikte olduğunu görülmektedir. Tüm lokuslar birlikte değerlendirildiğinde bir ebeveynin varlığında Dışlama Gücü (DG-1) ve iki ebeveynin varlığında Dışlama Gücü (DG-2) değerleri sırasıyla 0,999 ve 1,000 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonda lokus başına düşen ortalama allel sayısı 8,16 bulunmuştur.

**Tablo 3.20.** Lokuslardaki allel sayıları, heterozigotluk indeksleri ve ortalamaları, PIC ve DG değerleri.

Lokus	$N_a$	$h_e$	$h_o$	$h_{ort}$	PIC	HWD	DG-1	DG-2
BMS922	8	0,375	0,385	0,377	0,356	**	0,588	0,743
CCMB005	5	0,598	0,864	0,601	0,500	***	0,416	0,595
CCMB113	13	0,835	0,692	0,839	0,817	***	0,726	0,842
CCMB116	11	0,836	0,885	0,840	0,815	***	0,684	0,813
CCMB117	10	0,746	0,716	0,750	0,710	*	0,657	0,795
CCMB125	7	0,720	0,979	0,724	0,691	***	0,542	0,707
CCMB126	6	0,600	0,563	0,603	0,550	ns	0,486	0,66
CCMB159	6	0,732	0,720	0,736	0,690	*	0,486	0,66
CCMB164	9	0,700	0,568	0,704	0,643	***	0,626	0,772
CCMB168	9	0,782	0,917	0,786	0,752	***	0,626	0,772
DIK1129	10	0,750	0,632	0,754	0,726	***	0,657	0,795
DIK1182	8	0,731	0,684	0,737	0,695	***	0,588	0,743
DIK1192	5	0,530	1,000	0,533	0,420	***	0,416	0,595
DIK2204	8	0,734	0,758	0,738	0,701	ns	0,588	0,743
DIK2700	8	0,674	0,695	0,677	0,640	ns	0,588	0,743
DIK3023	5	0,143	0,151	0,143	0,139	ns	0,416	0,595
DIK3028	4	0,440	0,491	0,444	0,371	ns	0,328	0,504
IOBT34	10	0,586	0,358	0,589	0,555	***	0,657	0,795
TGLA23	13	0,787	0,753	0,792	0,756	***	0,726	0,842
<b>Ortalama</b>	8,16	0,657±0,175	0,674±0,220	0,651±0,176	0,607	-	0,568	0,722

$N_a$  : Lokus Sayısı,  $h_e$  : Beklenen Heterozigotluk,  $h_o$  : Gözlenen Heterozigotluk,  $h_{ort}$  : Ortalama Heterozigotluk, PIC : Polimorfizm Bilgi İçeriği, HWD: Hardy-Weinberg Dengesi, **DG-1** : Bir ebeveyn varlığında dışlama gücü, **DG-2** : İki ebeveyn varlığında dışlama gücü, \*P<0,05, \*\*P<0,01 ve \*\*\*P<0,001, ns: önemli değil

## 4. TARTIŞMA

Bu çalışmada, Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen 96 baş malağın genetik karakterizasyon çalışması 21 mikrosatellit marker kullanılarak yapılmıştır. Çalışma sonucunda 21 mikrosatellit markerden 19 mikrosatellit markerde (BMS922, CCMB005, CCMB113, CCMB116, CCMB117, CCMB125, CCMB126, CCMB159, CCMB164, CCMB168, DIK1129, DIK1182, DIK1192, DIK2204, DIK2700, DIK3023, DIK3028, IOBT34 ve TGLA23) polimorfizm belirlenmiştir. Sadece iki mikrosatellit markerde (AME ve CCMB154) polimorfizm saptanamamıştır. 19 mikrosatellit markerin analizi sonucunda toplam 155 farklı allel bulunmuştur.

Tüm mikrosatellit markerlerde allel sayısının 4 – 13 arasında değiştiği ve her mikrosatellit lokus başına ortalama allel sayısının 8,16 olduğu belirlenmiştir. Tüm mikrosatellit lokusları üzerinden hesaplanan ortalama heterozigotluk ( $H_{ort}$ )  $0,651 \pm 0,176$  olarak hesaplanmıştır. Mikrosatellit lokuslarının PIC değerleri ise 0,607 olarak tespit edilmiştir.

BMS922 lokusunda toplam 8 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 66-100 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 66'da (0,781) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,377 ve PIC değeri 0,356 olarak hesaplanmıştır. Selvi ve ark. (2004), Malezya'daki Mafriwal ırkı süt sığırlarının moleküler karakterizasyonu için yaptıkları çalışmada 52 mikrosatellit lokusu kullanmışlardır. Kullandıkları BMS922 lokusunda 64-82 arasında 4 allel belirlemişler ve allel frekanslarını ise 0,005 ile 0,781 arasında bulmuşlardır. Lokusdaki gözlenen heterozigotluğu ise 0,20 olarak tahmin etmişlerdir. Sonuçlar karşılaştırıldığında, mandalarda allel sayısı fazla bulunduğu için mandalarda varyasyonun daha fazla olduğu söylenebilir. Ancak, heterozigotluk düzeyinin mandalardan daha düşük olması incelenen popülasyonda genetik çeşitliliğin düşük olduğunu, seleksiyon veya akrabalı yetiştirmenin yapıldığını da akla getirmektedir.



CCMB005 lokusunda toplam 5 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 178-200 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 200'de (0,517) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,601 ve PIC değeri 0,500 olarak hesaplanmıştır. Quintero (2014), Kolombiya'da mandalarda yaptığı bir çalışmada; toplam 16 mikrosatellite lokusu kullanmış ve CCMB005 lokusunda 18 allel bildirilmiştir. Bu lokusta allel boyutunun 176 -220 arasında değiştiği, en yüksek allel frekansının allel 184'da (0,276) olduğu ve ortalama heterozigotluğu ise 0,888 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmada bulunan CCMB005 lokusundaki allel sayısı ve ortalama heterozigotluğun Kolombiya manda popülasyonunda bildirilen (Quintero, 2014) değerlerden düşük olduğu görülmektedir. Bu farklılıklar, Anadolu Mandalarında akrabalı yetiştirmenin yapıldığını veya seleksiyon uygulandığını düşündürmektedir.

CCMB113 lokusunda toplam 13 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 192-218 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 200'de (0,408) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,839 ve PIC değeri 0,817 olarak hesaplanmıştır. Quintero (2014), CCMB113 lokusunda 12 allel bildirmiştir. Bu lokusta allel boyutunun 195-225 arasında değiştiği, en yüksek allel frekansının allel 211'de (0,259) ve ortalama heterozigotluğu ise 0,838 olarak tespit edilmiştir. Bu çalışmada belirlenen allel sayısı ve ortalama heterozigotluk değerinin Quintero (2014)'ın bulduğu değerler ile benzerlik göstermektedir.

Bu çalışmada, CCMB126 lokusunda toplam 6 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 128-146 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 130'de (0,573) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,603 ve PIC değeri 0,505 olarak hesaplanmıştır. Quintero (2014), aynı lokusta 11 allel olduğunu, allel boyutunun 130-154 arasında değiştiğini ve en yüksek allel frekansının allel 136'da (0,489) olduğunu bildirmiştir. Lokustaki ortalama heterozigotluğu 0,669 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki allel sayısı ve ortalama heterozigotluk değeri Quintero (2014)'ın bulduğu değerlerden düşük bulunmuştur. Bunun nedeni incelenen

Anadolu mandası popülasyonda seleksiyon uygulandığını veya hayvanların yakın akraba olabileceklerini düşündürmektedir.

Bu araştırmada, CCMB159 lokusunda toplam 6 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 156-166 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 162'de (0,398) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,736 ve PIC değeri 0,690 olarak hesaplanmıştır. Quintero (2014), aynı lokusta 7 allel, allel boyutunu 159-171 arasında değiştiğini ve en yüksek allel frekansının allel 167'de (0,479) görüldüğünü bildirmiştir. Lokustaki ortalama heterozigotluk değeri 0,649 olarak hesaplanmıştır. Bu çalışmadaki allel sayısı Quintero (2014)'ın bulduğu değerden düşük, ortalama heterozigotluk ise benzer bulunmuştur. Allel sayısının az olmasının nedeni Anadolu mandalarına ait örneklerin sayısının az olmasından veya örnekleme yapılan hayvanların aynı çevrede yetiştirildiğini ve akraba olabileceklerini akla getirmektedir. Ancak, heterozigotluk değerinin yüksek bulunmasını örnekleme yapılan hayvanların akraba olma olasılığını düşürmektedir.

Bu çalışmada, CCMB168 lokusunda toplam 9 allel belirlenmiştir. İncelenen malaklarda allel boyutu 95-113 arasında bulunmuş ve en yüksek allel frekansının allel 101'de (0,344) olduğu görülmüştür. Ortalama heterozigotluk 0,786 ve PIC değeri 0,752 olarak hesaplanmıştır. Quintero (2014), aynı lokusta 16 allel, allel boyutunun 82-126 arasında değiştiğini ve en yüksek allel frekansının allel 102'de (0,422) görüldüğünü bildirmiştir. Lokustaki ortalama heterozigotluğu 0,680 olarak hesaplamışlardır. Bu çalışmadaki allel sayısı Quintero (2014)'ın bulduğu değerden düşük iken benzer allel (102) de frekans en yüksek bulunmuştur. Ortalama heterozigotluk değerleri ise Quintero (2014)'ın bulduğu değerden yüksek olduğu görülmektedir. Allel sayısının az olmasının nedeni Anadolu mandalarına ait örneklerin sayısının az olmasından, heterozigotluk değerinin yüksek olması ise örnekleme yapılan hayvanların rastgele ve akraba olmayan bireyler arasından seçildiğini akla getirmektedir.

Soysal ve ark. (2005)'nin Anadolu mandalarında 11 sığır mikrosatellit lokus kullanarak yapmış oldukları çalışmada 4 mikrosatellit lokusunu polimorfik bulmuşlardır. Toplam 27 allel belirlemişler ve ortalama allel sayısını 6,75 olarak bildirmişlerdir. Lokusların ortalama heterozigotluk değerlerinin 0,500–0,825 arasında hesaplamışlardır. Soysal ve ark. (2005)'nin Anadolu Mandaları ile yaptıkları çalışmada elde edilen değerler bu araştırmalarda bulunan değerlerden düşük bulunmuştur. Bunun nedeni, bu çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslarının daha polimorfik yapıda olmasından, seçilen hayvanların daha az akraba olmalarından kaynaklanmış olabilir.

Gargani ve ark. (2010), 6 farklı bölgede yetiştirilen Anadolu mandaları arasındaki genetik ilişkiyi ve genetik varyasyonu ortaya koymak için yaptıkları çalışmada sığır mikrosatellit marker kullanmışlardır. Toplam 254 allel tespit etmişler, allel sayısını 7-17 arasında ve ortalama allel sayısı da 12,57 olarak bulmuşlardır. Popülasyon başına ortalama heterozigotluk 0,50 – 0,58, PIC değeri ise 0,33 ile 0,86 arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Afyonkarahisar'da yetiştirilen mandalarda heterozigotluğu 0,50 ve ortalama allel sayısını da 7 olarak bildirmişlerdir Bu araştırmada Anadolu mandalarında bulunan lokus başına düşen allel sayısı Gargani ve ark. (2010)'ın bulduğu değerden düşüktür, PIC değeri ise benzer aralıklarda bulunmuştur. Ancak, gözlenen heterozigotluk değeri ve ortalama allel sayısı Gargani ve ark. (2010)'ın Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen mandalar için buldukları değerlerden yüksektir. Lokus başına düşen allel sayısının düşük olması incelenen lokusların daha az polimorfik olmasından veya bu çalışmada sadece Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen mandaların incelenmesinden kaynaklanmış olabilir.

Aytekin ve ark. (2011)'nin yaptıkları çalışmada Afyonkarahisar, Konya ve Sivas illerinde yetiştirilen 30 Anadolu mandasında genetik çeşitlilik analizi için 11 ISSR mikrosatellit marker kullanarak toplam 110 farklı allel tespit etmişlerdir. Lokuslarda heterozigotluğu 0,05 – 0,27 arasında, ortalama heterozigotluğu 0,18 ve PIC değerini 0,16 – 0,82 arasında hesaplamışlardır. Bu çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslarından elde edilen ortalama heterozigotluk ve PIC değerlerinin

Aytekin ve ark. (2011)'nin buldukları değerlerden daha yüksek olduğu görülmektedir. Bunun nedeni olarak bu çalışmada kullanılan lokus sayısının daha fazla ve seçilen lokusların daha polimorfik yapıda olmasından kaynaklanabilir.

Ünal ve ark., (2014)'nin Türkiye'deki üç farklı coğrafi bölgede yetiştirilen toplam 56 mandada genetik çeşitliliği belirlemek için yaptıkları çalışmada 20 mikrosatellit lokus kullanmışlardır. Lokuslarda allel sayısının 3 ile 10 arasında değiştiğini, toplam 103 allel ve ortalama allel sayısı 5,15 olarak bildirmişlerdir. Lokuslarda ortalama heterozigotluğu 0,521-0,536 arasında bulmuşlardır. Analiz edilen mikrosatellit lokusların PIC değerlerinin 0,14 – 0,82 arasında olduğunu ve ortalama PIC değerini 0,495 olarak hesaplamışlardır. Bu çalışmada bulunan ortalama heterozigotluk, toplam allel sayısı ve ortalama PIC değerinin Ünal ve ark., (2014)'nin buldukları değerden yüksek olduğu görülmektedir. Bunun nedeni, bu çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslarının daha polimorfik yapıda olmasından, seçilen hayvanların daha az akraba olmalarından veya hayvan sayısının daha fazla olmasından kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Bu araştırmada, 21 mikrosatellite lokusunda toplam 155 farklı allel ve lokus başına düşen allel sayısı 8,16 olarak hesaplanmıştır. Farklı ülkelerde ve farklı manda ırkları ile yapılan mikrosatellit araştırmalarında lokus başına düşen ortalama allel sayısı Barker ve ark. (1997), Van Hooft ve ark. (1999), Arora ve ark. (2004), Soysal ve ark. (2005), Sukla ve ark. (2006), Wang ve ark. (2007), Sraphet ve ark. (2008), Babar ve ark. (2009), Navani ve ark. (2002) ve Ünal ve ark. (2014),'nin hesapladığı değerlerden yüksek; Vieira ve ark. (2011) ve Zhang ve ark. (2010)'nin hesapladığı değerden düşük bulunmuştur. Lokus başına allel sayısının diğer araştırmalardan daha yüksek bulunması incelenen lokusların daha polimorfik yapıda olmasıyla, incelenen mikrosatellite lokusları bakımından Anadolu mandalarında varyasyonun daha fazla olmasıyla veya araştırma yapılan mandaların birbiriyle akrabalıklarının daha düşük olmasıyla açıklanabilir.

Bu arařtırmada, Anadolu mandalarındaki ortalama heterozigotluk deęeri  $0,651\pm 0,176$  olarak hesaplanmıřtır. Bu deęer Navani ve ark. (2002), Soysal ve ark. (2005), Wang ve ark. (2007) ve Zhang ve ark. (2010) ile benzer; Barker ve ark. (1997), WF van Hooft ve ark. (1999), Arora ve ark. (2004), Sukla ve ark. (2006), Sraphet ve ark. (2008), Babar ve ark. (2009), Nagarajan ve ark. (2009) ve Ünal ve ark. (2014)'nın bulduęu deęerden yüksek; Vieira ve ark. (2011)'nin bulduęu deęerden düşük bulunmuřtur. Anadolu mandalarında heterozigotluk deęerinin yüksek bulunması incelenen mikrosatellite lokusların Anadolu mandalarında daha polimorfik yapıda olmasıyla veya arařtırma yapılan mandaların birbiriyle akrabalıklarının daha düşük olmasıyla açıklanabilir.

Bu alıřmada kullanılan mikrosatellit markerlerin PIC deęerleri  $0,139 - 0,817$  arasında deęişmekte olup, ortalama PIC deęeri  $0,607$  bulunmuřtur. Anadolu mandalarında hesaplanan PIC deęeri dięer manda ırklarında yapılan alıřmalarda bulunan ortalama PIC deęerler ile karřılařtırıldıęında Ünal ve ark. (2014), Arora ve ark. (2004), Babar ve ark. (2009), Bleuyan ve ark. (2010), Wang ve ark. (2007)'nin hesapladıkları deęerlerden yüksek; Vieira ve ark. (2011)'nin hesapladıkları deęerden düşük bulunmuřtur. İncelenen mikrosatellite lokuslarındaki PIC deęerlerinin dięer arařtırmalara göre yüksek ıkması seilen lokusların mandalarda daha polimorfik yapıda olduęunu göstermektedir. Ayrıca, kullanılan mikrosatellit lokuslarının dıřlama gücünün yüksek olması bu markerlerin mandalarda ebeveyn tayini ve kimliklendirme alıřmalarında bařarıyla kullanılabileceęini göstermektedir.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Anadolu mandalarının mikrosatellit markerleri kullanarak allel frekansları, ortalama heterozigotluk indeksleri, PIC değerleri ve exact test olasılıkları metotlarıyla popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik çeşitlilik seviyesinin belirlenmesine yönelik çalışmalara zemin oluşturmak, T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı TAGEM tarafından yürütülen “Mandaların Halk Elinde Islahı Projesi” kapsamında Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen mandalarda ebeveyn kontrolü yapmak ve seleksiyon hızını artırmak amacıyla katkıda bulunmak için yapılan bu çalışmada aşağıda belirtilen sonuçlara varılmıştır:

Araştırmada Afyonkarahisar ilinde yetiştirilen Anadolu mandalarında incelenen 21 mikrosatellite lokuslarından BMS922, CCMB005, CCMB113, CCMB116, CCMB117, CCMB125, CCMB126, CCMB159, CCMB164, CCMB168, DIK1129, DIK1182, DIK1192, DIK2204, DIK2700, DIK3023, DIK3028, IOBT34 ve TGLA23 de toplam 155 farklı allel belirlenmiştir. Buna göre; BMS922 lokusunda 8 allel, CCMB005 lokusunda 5 allel, CCMB113 lokusunda 13 allel, CCMB116 lokusunda 11 allel, CCMB117 lokusunda 10 allel, CCMB125 lokusunda 7 allel, CCMB126 lokusunda 6 allel, CCMB159 lokusunda 6 allel, CCMB164 lokusunda 9 allel, CCMB168 lokusunda 9 allel, DIK1129 lokusunda 10 allel, DIK1182 lokusunda 8 allel, DIK1192 lokusunda 5 allel, DIK2204 lokusunda 8 allel, DIK2700 lokusunda 8 allel, DIK3023 lokusunda 5 allel, DIK3028 lokusunda 4 allel, IOBT34 lokusunda 10 allel ve TGLA23 lokusunda 13 allel tespit edilmiştir. AME ve CCMB154 lokusları polimorfizm belirlenememiştir. Allel sayısı CCMB113 ve TGLA23 lokusunda en yüksek (13 allel), DIK3028 lokusunda ise en düşük (4 allel) bulunmuştur. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı 8,158 (allel/lokus) olarak hesaplanmıştır.

Ortalama Heterozigotluk değerleri; CCMB113 lokusunda en yüksek (0,839), DIK3023 lokusunda ise en düşük (0,143) tespit edilmiştir. Çalışılan 19 mikrosatellit

lokusları birlikte değerlendirildiğinde ortalama heterozigotluk değeri; 0,651 olarak hesaplanmış ve bu değerin oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. İncelenen lokusların heterozigotluk değerleri Anadolu mandalarında genetik varyasyonun yüksek olduğu kanısına varılmıştır.

Her bir lokus bakımından exact test sonucu beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerler arasındaki farklar 14 mikrosatellit lokusta ( $P < 0,001$ ,  $P < 0,01$  ve  $P < 0,05$ ) önemli ilişki bulunurken; 5 mikrosatellit lokusta (CCMB126, DIK2204, DIK2700, DIK3023 ve DIK3028) önemsiz bulunmuştur. Bu sonuçlara göre önemli bulunan lokuslar Hardy–Weinber dengesinden sapma olduğunu gösterirken; önemsiz bulunan lokuslarda ise Hardy–Weinberg dengesiyle uyum gösterdiği belirlenmiştir.

Bu çalışmada kullanılan mikrosatellit markerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) genel anlamda yüksek bulunmuştur. PIC değeri en yüksek CCMB113 lokusunda (0,817), DIK3023 lokusunda ise en düşük (0,139) olarak tespit edilmiştir. DIK3023 lokusunun PIC değeri düşük olduğu için Anadolu mandalarında yapılacak genetik karakterizasyon, çalışmalarında kullanılmasının çok faydalı olmayacağı söylenebilir. İncelenen tüm malakların ortalama PIC değeri 0,607 olarak bulunmuştur ve kullanılan lokusların polimorfizm belirlenmesinde yüksek oranda bilgi verici olduğu ve bu lokusların mandalarda genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır. Sonuçlar yerli manda popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği incelemek için mikrosatellit markerlerinin yararlı olduğunu desteklemektedir.

Dışlama gücü değerleri bir ebeveyn (DG-1) ve iki ebeveyn (DG-2) varlığında hesaplanmıştır. DG-1 ve DG-2 değerleri sırasıyla; en yüksek CCMB113 ve TGLA23 lokuslarında (0,726 ve 0,842); en düşük ise DIK3028 lokusunda (0,328 ve 0,504) tespit edilmiştir. Bu çalışmada 19 mikrosatellite lokus için toplam DG-1 ve DG-2 değerleri (0,999 ve 1,000) önemli oranda yüksek bulunmuştur.

Sonuç olarak, mandaların genetik yapılarını belirlemede, koruma/ıslah programlarında sürüdeki mandaların genetik olarak incelemesinde polimorfik mikrosatellit lokuslarının kullanılabilmesi; manda popülasyonlarını karşılaştırmada ortalama heterozigotluk değerlerinden, exact test olasılıklarından, PIC ve DG değerlerinden yararlanılabileceği kanısına varılmıştır. PIC değerinin yüksek çıkması ve kullanılan mikrosatellite lokusların bir veya iki multipleks PCR ile çoğaltılabilmesi bu lokusların mandalarda ebeveyn tayini analizlerinde de kullanılabilmesini göstermektedir. Bu nedenle, düşük PIC değerine sahip lokuslar yerine yeni mikrosatellite lokuslarının analizlere dahil edilmesi, mandalarda pedigree analizlerinde ve ırk içi veya ırklar arası genetik ilişkileri daha iyi belirlemek için kullanılacak ticari bir kitin oluşturulmasına katkı sağlayacaktır.



## ÖZET

### **Afyonkarahisar ilindeki Anadolu mandalarında genetik karakterizasyonu**

Bu proje, Afyonkarahisar ili manda popülasyonunun heterozigotluk / homozigotluk düzeyini belirlemek, Türkiye'deki manda popülasyonları arasındaki ilişkileri açıklamaya yönelik çalışmalara zemin oluşturmak, Manda ebeveyn tayini için kullanılabilir test paneli geliştirmek, incelenen lokuslar yardımıyla ebeveyn kontrolü de yaparak Afyonkarahisar ilinde T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı TAGEM tarafından yürütülen "Mandaların Halk Elinde Islahı Projesine" genetik analizlerle destek olarak seleksiyon hızını artırmak amacıyla yapılmıştır.

Bu çalışmada 21 mikrosatellit lokus kullanılmıştır ve bu mikrosatellit lokuslardan 2 (AME ve CCMB154) lokus dışında 19 (BMS922, CCMB005, CCMB113, CCMB116, CCMB117, CCMB125, CCMB126, CCMB159, CCMB164, CCMB168, DIK1129, DIK1182, DIK1192, DIK2204, DIK2700, DIK3023, DIK3028, IOBT34 ve TGLA23) lokus da Anadolu mandalarında polimorfizm belirlenmiştir. İncelenen 19 mikrosatellite lokusunda toplam 155 farklı allel belirlenmiştir. Allel sayısı CCMB113 ve TGLA23 lokusunda en yüksek (13 allel), DIK3028 lokusunda ise en düşük (4 allel) bulunmuştur. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı 8,158 olarak hesaplanmıştır.

Ortalama Heterozigotluk değerleri; CCMB113 lokusunda en yüksek (0,839), DIK3023 lokusunda ise en düşük (0,143) tespit edilmiştir. Çalışılan 19 mikrosatellit lokusları birlikte değerlendirildiğinde ortalama heterozigotluk değeri; 0,651 olarak hesaplanmış ve bu değer oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Bunun nedeni incelenen lokusların heterozigotluk değerleri Anadolu mandalarında genetik varyasyonun yüksek olduğu kanısına varılmıştır. Her bir lokus bakımından exact test sonucu beklenen ve gözlenen değerler arasındaki farklar 14 mikrosatellit lokusta

( $P < 0,001$ ,  $P < 0,01$  ve  $P < 0,05$ ) önemli ilişki bulunurken; 5 mikrosatellit lokusta (CCMB126, DIK2204, DIK2700, DIK3023 ve DIK3028) önemsiz bulunmuştur.

Bu çalışmada kullanılan mikrosatellit markerların polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) genel anlamda yüksek bulunmuştur. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri en yüksek CCMB113 lokusunda (0,817), DIK3023 lokusunda ise en düşük (0,139) olarak tespit edilmiştir. DIK3023 lokusunun PIC değeri düşük olduğu için Anadolu mandalarında yapılacak genetik çalışmalarında kullanılmasının çok faydalı olmayacağı söylenebilir. İncelenen tüm malakların ortalama PIC değeri 0,607 olarak bulunmuştur ve kullanılan lokusların polimorfizm belirlenmesinde yüksek oranda bilgi verici olduğu ve bu lokusların mandalarda genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Dışlama gücü (DG-1 ve DG-2) değerleri sırasıyla; en yüksek ise; CCMB113 ve TGLA23 lokuslarında (0,726 ve 0,842), en düşük DIK3028 lokusunda (0,328 ve 0,504) olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada kullanılan mikrosatellit lokusların toplam DG-1 ve DG-2 değerleri 0,999 ve 1,000 olarak hesaplanmıştır.

Sonuç olarak, mandaların genetik yapılarını belirlemede, koruma/ıslah programlarında sürüdeki mandaların genetik olarak incelemesinde polimorfik mikrosatellit lokuslarının kullanılabileceği; manda popülasyonlarını karşılaştırmada ortalama heterozigotluk değerlerinden, exact test olasılıklarından ve PIC değerinin kullanılabileceği kanısına varılmıştır. PIC değerinin yüksek çıkması ve kullanılan mikrosatellite lokusların bir veya iki multipleks PCR ile çoğaltılabilmesi bu lokusların mandalarda pedigri analizlerinde kullanılabileceğini göstermektedir.

**Anahtar kelimeler :** Manda, Mikrosatellit, Heterizotluk, Allel frekansı, Exact Test, PIC

## SUMMARY

### Genetic Characterization of Water Buffalo in Afyonkarahisar

This project aims to determine the heterozygosity / homozygosity level of the Afyonkarahisar city buffalo population, to establish a groundwork for explaining the relations between the buffalo populations in Turkey, to develop a test panel that can be used for parental identification in buffalo and to conduct parental control with the help of investigated loci. The Ministry of Food, Agriculture and Livestock carried out by the TAGEM to support the "Buffalo People's Reclamation Project" with genetic analysis and to increase the speed of selection.

In this study, 21 microsatellite loci were used to determine the genetic structures of the Anatolian buffalos and polymorphsim was determined at 19 (BMS922, CCMB005, CCMB113, CCMB116, CCMB117, CCMB125, CCMB126, CCMB159, CCMB164, CCMB168, DIK1129, DIK1182 , DIK1192, DIK2204, DIK2700, DIK3023, DIK3028, IOBT34 and TGLA23) locus except 2 (AME and CCMB154) locus from these microsatellite locus. A total of 155 different alleles were found in the 19 microsatellite loci examined. Allel number was found highest in CCMB113 and TGLA23 (13 alleles) and lowest in DIK3028 (4 alleles). The average number of alleles per locus was calculated as 8,158. Mean Heterozygosity values; The highest in CCMB113 (0.839) and the lowest in DIK3023 (0.143) were found. When the 19 microsatellite loci studied were evaluated together, the mean heterozygosity value was calculated as 0.651 and this value was observed to be quite high. The reason for this is that the genetic variation in Anatolian buffalos is high in terms of the loci examined. For each locus, the difference between the observed and expected values of the Chi-square and Exact test results was found to be significant in the 14 microsatellites ( $P < 0,001$ ,  $P < 0,01$  ve  $P < 0,05$ ), whereas it was not significant in the 5 microsatellites (CCMB126, DIK2204, DIK2700, DIK3023 ve DIK3028).

The polymorphism information content (PIC) of the microsatellite markers used in this study is generally high. The polymorphism information content (PIC) value was found to be highest in CCMB113 (0.817) and lowest in DIK3023 (0.139). Since the DIK3023 loci has a low PIC value, it can be said that it would not be very useful to use it in genetic studies to be performed in Anatolian buffalo. The mean PIC value of all studied buffalo was found to be 0.607. The polymorphism of the loci used is highly informative and the locus can be used for genetic characterization studies.

Probability of Exclusion (DG-1 and DG-2) values were found; the highest at CCMB113 and TGLA23 locuses (0,726 and 0,842), the lowest at DIK3028 locus (0,328 and 0,504), respectively. The total DG-1 and DG-2 values of the microsatellite loci used in this study were calculated as 0,999 and 1,000.

As a result, in determining the genetic structure of buffalos, it has been concluded that polymorphic microsatellite loci can be used in the genetic review of the herd of buffalos in conservation / breeding programs, the average heterozygosity values in comparing buffalo populations, exact test probabilities and PIC value can be used. The fact that the PIC value is high and that the microsatellite loci used can be amplified by one or two multiplex PCR can demonstrate that these loci can be used for pedigree analyzes in buffalo.

**Key words:** buffalo, microsatellite, heterozygosity, Allel frequency, Exact Test, PIC

## KAYNAKLAR

- ANONİM, (2000). Water Buffalo : An Asset Undervalued:(1-6). FAO Regional Office for Assia and the Pacific, Bangkok, Thailand.
- ANONİM (2007a). Dünya ve Türkiye’de Mandacılık. Erişim : [http://web.ttnet.net.tr/kocatepe/Dunyada%20ve%20Turkiyede%20mandacilik.html]. Erişim tarihi: 02.03.2007.
- ANONİM, (2007b). Mandalarda Bakım ve Besleme. Erişim : [http://www.tarim.gov.tr/hizmetler/e-kitap/sigircilik/mandalarda\_bakim.htm]. Erişim tarihi : 18.02.2007.
- ANONİM (2017). Buffalo Breeds Erişim :[http://gkshortcuts.blogspot.com.tr/2015/06/buffalo-breeds.html]. Erişim Tarihi : 16-03-2017.
- ARAL S., CEVGER Y. (2000). Türkiye’de Cumhuriyet’ten Günümüze İzlenen Hayvancılık Politikaları. *Türkiye 2000 Hayvancılık Kongresi, 31 Mart-2 Nisan, Kızılcahamam, Ankara. Sy. 38-56.*
- ARANGUREN-MÉNDEZ J., JORDANA J., GOMEZ M. (2002). Genetic Conservation of Five Endangered Spanish Donkey Breeds. *J. Anim. Breed Genet.*, **119(4)**: 256–263.
- ARORA BY.R., LAKHCHAURA B.D., PRASAD R.B., TANTIA, M.S., VIJH K. (2004). Genetic Diversity Analysis of Two Buffalo Populations of Northern India Using Microsatellite Markers. *J. Anim. Breed. Genet.*, **121**: 111–118.
- ATASEVER S., ERDEM H. (2008). Manda Yetiştiriciliği ve Türkiye’deki Geleceği. *OMÜ Ziraat Fak. Dergisi*, **23(1)**: 59-64.
- AYTEKİN İ., ÖZDİL F., ZULKADİR U., BOZTEPE S., SARIYEL V. (2011). Evaluation of ISSR Markers for Genetic Diversity Analysis In Anatolian Water Buffaloes. *Sci. Food Agric.*, **91**: 1957–1962.
- BABAR M., HUSSAIN T., NADEEM A., JABEEN R., JAVED M. (2009) Genetic Characterization of Azakheli Buffalo Breed Of Pakistan Using Microsatellites DNA Markers. *Department of Molecular Biology and Biotechnology, University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore, Pakistan. Sy.361-366.*
- BABAR M.E., HUSSAIN T., NADEEM A, JABEEN R., JAVED M. (2009). Genetic Characterization of Azakheli Buffalo Breed of Pakistan Using Microsatellites DNA Markers. *Pakistan J. Zool. Suppl. Ser.* **9**: 361-366.
- BALTIMORE D. (2001). Our Genome Unveiled *Nature*, **409**: 814-816.

- BAND MR., LARSON JH., REBEIZ M., GREEN CA., HEYEN DW., DONOVAN J., WINDISH R., STEINING C., MAHYUDDIN P., WOMACK JE., LEWIN HA. (2000). An Ordered Comparative Map of The Cattle and Human Genomes. *Genome Res.*, **10**: 1359-1368.
- BARKER J.S.F. (1994). Animal breeding and conservation genetics. In: Conservation Genetics (Ed. Loeschcke V., Tomiuk J., Jain S.K.), Birkhäuser Verlag, Basel, Sy. 381–395.
- BARKER J.S.F., MOORE S.S., HETZEL D.J.S., EVANS D., TAN S.G., BYRNE K. (1997). Genetic Diversity of Asian Water Buffalo (*Bubalus Bubalis*): Microsatellite Variation And A Comparison With Protein-Coding Loci *Animal Genetics*, **28**: 103–115.
- BAŞARAN A. (2004). Tıbbi Biyoloji Ders Kitabı. *Güneş & Nobel Tıp Kitapevleri*, 7. Baskı., Bursa.
- BEHL R., SHEORAN N., BEHL J., VIJH R.K. (2006). Genetic Analysis of Ankamali Pigs of India Using Microsatellite Markers and Their Comparison With Other Domesticated Indian Pig. Types. *J. Anim. Breed Genet.*, **123(2)**: 131–135.
- BELKHIR K, BORSA P, CHIKHI L, GOUDET J, BONHOMME F. (2004). GENETIX 4.05 Windows™ Software for Population Genetics, Laboratoire Genome, Populations, Intereactions, University of Montpellier, France.
- BEUZEN ND., STEAR MJ., CHANG KC. (2000). Molecular Markers and Their Use In Animal Breeding. *Vet. J.*, **160**: 42-52.
- BHUYAN D K., SANGWAN M L., , GOLE VC. SETHI R K. (2010) Studies on DNA Fingerprinting In Murrah Buffaloes Using Microsatellite Markers. *Indian Journal of Biotechnology* **9**: 367-370.
- BILAL M.Q., SULEMAN M., RAZIQ A. (2006). Buffalo: Black Gold of Pakistan. *Livestock Res. For Rural Development*, **18(9)**: 128.
- BOTSTEIN D., WHITE RL., SKOLNICK M., DAVIS RW. (1980). Construction of A Genetic Linkage Map In Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.*, **32**: 314–331.
- BOVENHUIS H., VAN ARENDONK J.A.M., DAVIS G., ELSSEN J.M., HALEY C.S., HILL W.P., BARET P.V., HETZEL D.J.S., NICHOLAS F.W. (1997). Detection and Mapping of Quantitative Trait Loci In Farm Animals. *Livest Prod. Sci.*, **52**: 135-144.
- BOWCOCK A.M., RUIZ-LINARES A., TOMFOHRDE J., MINCH E., KIDD J.R., CAVALLI-SFORZA L.L. (1994). High Resolution of Human Evolutionary Trees With Polymorphic Microsatellites. *Nature*, **368**: 455–457.

- BOYKO A.R., BOYKO R.H., BOYKO C.M., PARKER H.G., CASTELHANO M., COREY L., DEGENHARDT J.D., AUTON A., HEDIMBI M., KITYO R., OSTRANDER E.A., SCHOENEBECK J., TODHUNTER R.J., JONES P., BUSTAMANTE, C.D. (2009). Complex Population Structure In African Village Dogs and Its Implications for Inferring Dog Domestication History. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*. **106(33)**: 13903–13908.
- BRUFORD MW., BRADLEY DG., LUIKART G. (2003). DNA Markers Reveal The Complexity of Livestock Domestication. *Nat. Rev. Genet.*, **4(11)**: 900–910.
- CAÑÓN R., ALEXANDRINO J., BESSA P., CARLEOS I., CARRETERO C., DUNNER Y., FERRAN S., GARCIA N., JORDANA D., LALOË J., PEREIRA D., SANCHEZ A., MOAZAMI A., GOUDARZI K. (2001). Genetic Diversity Measures of Local European Beef Cattle Breeds for Conservation Purposes. *Genet. Sel. Evol.*, **33(3)**: 311–332.
- CERIOTTI G., CAROLI A., RIZZI R., CRIMELLA C. (2003). Genetic Relationships Among Taurine (*Bos Taurus*) and Zebu (*Bos Indicus*) Populations As Revealed By Blood Groups And Blood Proteins. *J. Anim. Breed Genet.*, **120**: 57–67.
- COCKRILL R.W. (1974). The Husbandry and Health of Domestic Buffalo. FAO, Rome, Italy.
- COSSE M., GONZÁLEZ S., MALDONADO J.E. (2007). Crossamplification Tests Of Ungulate Primers In The Endangered Neotropical Pampas Deer (*Ozotoceros bezoarticus*). *Genet. Mol. Res.*, **6(4)**: 1118–1122.
- CYMBRON T., FREEMAN A.R., ISABEL MALHEIRO M., VIGNE JD., BRADLEY DG. (2005). Microsatellite Diversity Suggests Different Histories for Mediterranean and Northern European Cattle Populations. *Proc. Biol. Sci.*, **272(1574)**: 1837–1843.
- DEKA R., JIN L., SHRIVER M.D., YU L.M., DECROO S., HUNDRIESER J., BUNKER C.H., FERRELL R.E., CHAKRABORTY R. (1995). Population Genetics of Dinucleotide (dC-dA)<sub>n</sub>(dG-dT)<sub>n</sub> Polymorphisms In World Populations. *Am. J. Hum. Genet.*, **56 (2)**: 461–474.
- DEMİRCİ M., YÜKSEL A.N., SOYSAL M.İ. (1991). Memeden Mamül Maddeye Süt. *Hayvancılık Serisi*, **1**: 364.
- DOĞAN M., KAYGISIZ A. (1999). Türkiye'deki İsviçre Esmer Sığırlarda Süt Protein Polimorfizmi ile Süt Verim Özellikleri Arasındaki ilişkiler. *Turk J. Vet. Anim. Sci.*, **23**: 47-49.

- EDWARDS C.J., GAILLARD C., BRADLEY D.G., MACHUGH D.E. (2000). Y-Specific Microsatellite Polymorphisms In A Range Of Bovid Species. *Anim. Genet.*, **31**: 127–130.
- ELLEGREN H., MOORE S., ROBINSON N., BYRNE K., WARD W., SHELDON B.C. (1997). Microsatellite Evolution: A Reciprocal Study of Repeat Lengths at Homologous Loci In Cattle And Sheep. *Mol. Biol. Evol.*, **14(8)**: 854–860.
- ELMACI C., ONER Y., OZİS S., TUNCEL E. (2007). RAPD Analysis of DNA Polymorphism In Turkish Sheep Breeds. *Biochem. Genet.*, **45**: 691-696.
- ERHARDT G., WEMANN C. (2007). Use Of Molecular Markers for Evaluation of Genetic Diversity And In Animal Production. *Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal.*, **15(S1)**: 63-66.
- FAO (2015). Food and Agricultural Organization of the United Nations. Erişim : [<http://faostat.fao.org/site/573/default.aspx#ancor>]. Erişim tarihi: 15.01.2015.
- FINNILÄ S., LEHTONEN MS., MAJAMAA K. (2001). Phylogenetic Network for European mtDNA. *Am. J. Hum. Genet.*, **68**: 1475–1484.
- FLAMAND J.R.B., VANKAN D., GAIKHE K.P., DUONG H., BARKER J.S.F. (2003). Genetic Identification of Wild Asian Water Buffalo In Nepal. *Anim. Cons.*, **6**: 265–270.
- GANAI N.A., YADAV B.R. (2001). Genetic Variation Within and Among Three Indian Breeds of Goat Using Heterologous Microsatellite Markers. *Anim. Biotechnol.*, **12(2)**: 121-136.
- GARGANI M., PARISET L., SOYSAL M.I., ÖZKAN E., VALENTINI A. (2010). Genetic variation and relationships among Turkish water buffalo populations. *Anim Genet.* **41**: 93–96.
- GELDERMANN H., Ellendorf F. (1990). Application of Genome Analysis In Animal Breeding In Genome Analysis In Domestic Animals. *VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim*, New York, Sy. 291-323.
- GLOWATZKI-MULLIS ML., GAILLARD C., WIGGER G., FRIES R. (1995). Microsatellite-Based Parentage Control In Cattle. *Anim. Genet.*, **26**: 7-12.
- HALEY C., VISSCHER P. (1999). DNA Markers and Genetic Testing In Farm Animal Improvement: Current Applications and Future Prospects. *Annual Report (98-99)*. *Roslin Institute*, Edinburgh, sy. 28-39.
- HENDERSON CR. (1984). Applications of Linear Models In Animal Breeding. *University of Guelph*. Guelph, Canada.



- HENSON E.L. (1992). In Situ Conservation of Livestock And Poultry. *FAO Animal Production and Health Paper*, 99. Rome, Italy. Eriřim : [<http://www.fao.org/docrep/004/T0559E/T0559E00.htm#TOC>.] Eriřim tarihi: 19.11.2009.
- HIENDLEDER S., KAUPÉ B., WASSMUTH R., JANKE A. (2002). Molecular Analysis of Wild and Domestic Sheep Questions Current Nomenclature And Provides Evidence for Domestication From Two Different Subspecies. *Proc. Biol. Sci.*, **269(1494)**: 893–904.
- HONDA T., FUJII T., NOMURA T., MUKAI F. (2006). Evaluation of Genetic Diversity In Japanese Brown Cattle Population By Pedigree Analysis. *J. Anim. Breed Genet.*, **123**: 172–179.
- IHARA N., TAKASUGA A., MIZOSHITA K., TAKEDA H., SUGIMOTO M., MIZOGUCHI Y., HIRANO T., ITOH T., WATANABE T., REED K.M., SNELLING W.M., KAPPES S.M., BEATTIE C.W., BENNETT G.L., SUGIMOTO Y. (2004). A comprehensive genetic map of the cattle genome based on 3802 microsatellites. *Genome Res.* **14 (10A)**: 1987-1998.
- İVGİN R., BİLGEN G. (2002). Estimation of Genetic Distance In Meat and Layer Pure Lines Using Randomly Amplified Polymorphic DNA. *Turk J. Vet. Anim. Sci.*, **26**: 1117-1120.
- JEFFREYS A.J., WILSON V., THEIN S.L. (1985). Individual-Specific 'Fingerprints' Of Human DNA. *Nature*, **316**: 76-79.
- KANG B.T., KIM K.S., MIN M.S., CHAE Y.J., KANG J.W., YOON J., CHOI J., SEONG J.K., PARK H.C., AN J., LEE M.H., PARK H.M., LEE H. (2009). Microsatellite Loci Analysis for The Genetic Variability and The Parentage Test of Five Dog Breeds In South Korea. *Genes. Genet. Syst.*, **84(3)**: 245–251.
- KINGHORN BP., VAN ARENDONK JAM., HETZEL, J. (1994). Detection and Use of Major Genes In Animal Breeding. *Agbiotech News and Information*, **6 (12)**: 297-302.
- KURAR E. (2001). Comparative Physical and Linkage Mapping of Bovine Chromosome 24 With Human Chromosome 18. *Doktora Tezi (PhD Thesis)*. University of Wisconsin-Madison.
- KÜÇÜKKEBABÇI M., ASLAN S. (2002). Evcil Diři Mandalarda Üreme Özellikleri. *Lalahan Hayvan Arařtırma Enstitüsü Dergisi*, **42(2)**: 55-63.
- LARA M.A.C., GAMA LT., BUFARAH G. SERENO J.R.B., CELEGATO E.M.L., DE ABREU U.P., G. (2002). Genetic Polymorphisms at The K-Casein Locus In Pantaneiro Cattle. *Arch. Zootec.*, **51**: 99-105.

- LAWSON H.L.J., BYRNE K., SANTUCCI F., TOWNSEND S., TAYLOR M., BRUFORD M.W., HEWITT G.M. (2007). Genetic Structure of European Sheep Breeds. *Heredity*. **99**: 620–631.
- LI J., WANG G., BAI Z. (2009). Genetic Variability In Four Wild and Two Farmed Stocks of The Chinese Freshwater Pearl Mussel (*Hyriopsis cumingii*) Estimated By Microsatellite DNA Markers. *Aquaculture*. **287**: 286–291.
- LI MH., ADAMOWICZ T., SWITONSKI M., AMMOSOV I., IVANOVA Z., KISELYOVA T., POPOV R., KANTANEN J. (2006). Analysis of Population Differentiation In North Eurasian Cattle (*Bos Taurus*) Using Single Nucleotide Polymorphisms In Three Genes Associated With Production Traits. *Anim. Genet.*, **37(4)**: 390–392.
- LIGDA D.J. (1998). The Water Buffalo, New Prospects for an Under Utilized Animal Production Naturel Academy. Erişim : [http://ww2.netnitco.net/djligda/wbfacts4 .htm]. Erişim Tarihi: 15.12.2012.
- LIN CY., SABOUR MP., LEE AJ. (1992). Direct Typing to Milk Proteins As An Aid for Genetic Improvement of Dairy Bulls and Cows. *Animal Breeding Abstracts*, **60**: 1-10.
- LIRÓN JP., PERAL-GARCIA P., GIOVAMBATTISTA G. (2006). Genetic Characterization of Argentine and Bolivian Creole Cattle Breeds Assessed Through Microsatellites. *J. Hered.*, **97(4)**: 331–339.
- LIU BH. (1998). Statistical Genomics: Linkage, Mapping, and QTL Analysis. *CRC Press LLC*, New York, USA.
- LOFTUS RT., ERTUĞRUL O., HARBA MH., EL-BARODY AA., MACHUGH DE., PARK SDE., BRADLY DG. (1999). A Microsatellite Survey of Cattle From a Centre of Origin: *The Near East. Mol. Ecol.*, **8**: 2015–2022.
- LOFTUS RT., MACHUGH DE., BRADLEY DG., SHARP PM., CUNNINGHAM P. (1994). Evidence for Two Independent Domestications of Cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.*, **91(7)**: 2757–2761.
- LUIKART G., GIELLY L., EXCOFFIER L., VIGNE JD., BOUVET J., TABERLET P. (2001). Multiple Maternal Origins and Weak Phylogeographic Structure In Domestic Goats. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA.*, **98(10)**: 5927–5932.
- LUÍS C., JURAS R., OOM M.M., COTHRAN E.G. (2007). Genetic Diversity and Relationships of Portuguese and Other Horse Breeds Based on Protein and Microsatellite Loci Variation. *Anim. Genet.*, **38(1)**: 20–27.
- MACHUGH D.E., SHRIVER M.D., LOFTUS R.T., CUNNINGHAM P., BRADLEY D.G. (1997). Microsatellite DNA Variation and The Evolution,

Domestication and Phylogeography of Taurine and Zebu Cattle (*Bos Taurus* and *Bos Indicus*). *Genetics*. **146(3)**: 1071–1086.

MARLE-KÖSTER EV., NEL LH. (2003). Genetic Markers and Their Application In Livestock Breeding In South Africa. *S. Afr. J. Anim. Sci.*, **33**: 1-10.

MAUDET C., MILLER C., BASSANO B., BREITENMOSER-WÜRSTEN C., GAUTHIER D., OBEXER-RUFF G., MICHALLET J., TABERLET P., LUIKART G. (2002). Microsatellite DNA and Recent Statistical Methods In Wildlife Conservation Management: Applications In Alpine Ibex [*Capra ibex(ibex)*]. *Mol. Ecol.*, **11(3)**: 421–436.

METTA M., KANGINAKUDRU S., GUDISEVA N., NAGARAJU J. (2004). Genetic Characterization of The Indian Cattle Breeds, Ongole and Deoni (*Bos Indicus*), Using Microsatellite Markers – A Preliminary Study. *BMC Genetics*, **5**:16. DOI: 10.1186/1471-2156-5-16.

MITRA A., YADAV BR., NAZIR A., BALAKRISHNAN CR. (1999). Molecular Markers and Their Applications In Livestock Improvement. *Current Science.*, **77**: 1045-1053.

MOLAE V., OSFOORI R., ESKANDARI N.M.P., QANBARI S. (2009). Genetic Relationships Among Six Iranian Indigenous Sheep Populations Based on Microsatellite Analysis. *Small Rum. Res.*, **84**: 121–124.

MONTOLDO H.H., HERRERA C.A. (1998). Use of Molecular Markers and Major Genes In The Genetic Improvement of Livestock. *Electron J. Biotechn.*, **1**: 83-89.

MUIR, WM., WONG, GKS, ZHANG, Y., WANG, J., GROENEN, MAM., CROOIJMANS, RPMA., MEGENS, H.J., ZHANG, H., OKIMOTO, R., VEREIJKEN, A., JUNGERIUS, A., ALBERS, GAA., LAWLEY, CT., DELANY, ME., MACEACHERN, S., CHENG, H.H. (2008). Genome-Wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. *Proc Natl Acad Sci*, **105(45)**: 17312-17317.

MUKESH M., SODHI M., BHATIA S. (2006). Microsatellite-Based Diversity Analysis and Genetic Relationships of Three Indian Sheep Breeds. *J. Anim. Breed Genet.*, **123(4)**: 258–264.

MULLIS K.B., FALOONA F. (1987). Specific Synthesis of DNA In Vitro Via Polymerase Chain Reaction. *Methods Enzymol*, **155**: 350–355.

NAGARAJAN M., KUMAR N., NISHANTH G., HARIBASKAR R., PARANTHAMAN K., GUPTA J, MISHRA M, VAIDHEGI R, KUMAR S., RANJAN A.K, KUMAR S., (2009). Microsatellite Markers of Water Buffalo,

*Bubalus Bubalis* - Development, Characterisation and Linkage Disequilibrium Studies. *BMC Genetics.*, **10**: 68. DOI: 10.1186/1471-2156-10-68.

- NAVANI N., JAIN P.K., GUPTA S., SISODIA B.S., KUMAR S. (2002). A Set of Cattle Microsatellite Dna Markers for Genome Analysis of Riverine Buffalo (*Bubalus Bubalis*). *International Society For Animal Genetics, animal genetics*, **33**: 149-154.
- NEGRINI R., NIJMAN IJ., MILANESI E., MOAZAMI-GOUDARZI K., WILLIAMS JL., ERHARDT G, DUNNER S., RODELLAR C., VALENTINI A., BRADLEY DG., OLSAKER I, KANTANEN J., AJMONE-MARSAN P., LENSTRA JA. (2007). European Cattle Genetic Diversity Consortium Differentiation of European Cattle By AFLP Fingerprinting. *Anim. Genet.*, **38**: 60-66.
- NEI M. (1972). Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, **106 (949)**: 283–292.
- NEI M. (1978). Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance From A Small Number of Individuals. *Animal Genetics*, **89**: 583-590.
- NEI M. (1987). Molecular Evolutionary Genetics. *Columbia University Pres.* New York.
- NEI M., KUMAR S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, New York.
- O'BRIEN S.J. (1991). Mammalian Genome Mapping: Lessons and prospects. *Curr. Opin. Genet. Dev.*, **1**: 105-111.
- OLSAKER L., SOLINAS-TOLDO S., FRIES R. (1996). A highly polymorphic bovine dinucleotide repeat D19S4 (IOBT 34) at chromosome 19q21. *Anim Genet.* **27(1)**: 58-59.
- ORITA M., IWAHANA H., KANAZAWA H., HAYASHI K., SEKIYA T. (1989). Detection of Polymorphisms of Human DNA By Gel Electrophoresis As Single-Strand Conformation Polymorphisms. *Proc.Natl Acad. Sci., USA.* **86**: 2766–2770.
- OYSUN G. (1987). Süt Kimyası ve Biyokimyası. *OMÜ yayınları. Yayın no: 18.*, Sy. 194.
- ÖZŞENSOY Y., KURAR E. (2012). Marker Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanımları. *Journal of Cell and Molecular Biology*, **10(2)**:11-19

- PEAKALL R., SMOUSE P.E. (2006). GenAlEx 6: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research. *Mol Ecol Notes*, **6**, 288-295.
- PRITCHARD J.K., STEPHENS M., DONNELLY P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, **155(2)**: 945-959.
- QUINTERO S.R.Q. (2014). Variación Genética De Una Población Colombiana De Búfalo De Agua (*Bubalus Bubalis*) A Través De Un Panel De Microsatélites Relacionados Con La Especie, Doktora Tezi, Universidad Nacional de Colombia Facultad de Ciencias, Departamento Biología, Colombia.
- RAYMOND M., ROUSSET F. (1995). An Exact Test for Population Differentiation. *Evolution.*, **49(6)**: 1280-1283.
- REED K.M., MENDOZA K.M., BEATTIE C.W. (2001). Development of 90 new bovine microsatellite loci. *Anim. Biotechnol.*, **12(1)**: 69-76.
- RHODES M., STRAW R., FERNANDO S., EVANS A., LACEY T., DEARLOVE A., GREYSTRONG J., WALKER J., WESTON P., KELLY M., TAYLOR D., GIBSON K., MUNDY C., BOURGADE F., POIRIER C., SIMON D., BRUNIALTI A.L.B., MONTAGUTELLI X., GUENET J.L., HAYNES A., BROWN S.D.M. (1998). High Resolution Microsatellite Map of The Mouse Genome. *Genome Res.*, **8**: 531-542.
- ROKAS A., LADOUKAKIS E., ZOUROS E. (2003). Animal Mitochondrial DNA Recombination Revisited. *Trends Ecol Evol.*, **18(8)**: 411-417.
- SARIOZKAN S. (2011). Türkiye’de Manda Yetiştiriciliğinin Önemi. *Kafkas Üniv.Vet.Fak.Derg.*, **17 (1)**:163-166.
- SCHWERIN M., BROCKMANN G., VANSELOW J., SEYFERT H.M. (1995). Perspectives of Molecular Genome Analysis In Livestock Improvement. *Arch. Tierzucht.*, **38**: 21-31.
- SELVI P.K., PANANDAM J.M., YUSOFF K., TAN S.G. (2004). Molecular Characterisation of the Mafriwal Dairy Cattle of Malaysia Using Microsatellite Markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **17 (10)** : 1366-1368.
- SMIGIELSKI EM., SIROTKIN K., WARD M., SHERRRY ST. (2000). dbSNP: A Database of Single Nucleotide Polymorphisms. *Nucl. Acids. Res.*, **28(1)**: 352-355.
- SOLLERA B.P., PAIVA S.R., FARIA D.A., GUIMARÃES S.E.F., CASTRO S.T.R., EGITO A.A., ALBUQUERQUE M.S.M., PIOVEZAN U., BERTANI G.R., MARIANTE A.D. (2009). Genetic Diversity of Brazilian Pig Breeds Evidenced By Microsatellite Markers. *Livest Sci.* **123**: 8–15.

- SONSTEGARD TS., VAN TASSEL CP., ASHWELL MS. (2001). Dairy Cattle Genomics: Tools to Accelerate Genetic Improvement. *J. Anim. Sci.*, **79**: 307-315.
- SOYSAL M.İ, OZKAN E., KÖK S., TUNA Y.T., GURCAN E.K. (2005) Genetic Characterization of Indian Anatolian Water Buffalo Breed Using Microsatellite DNA Markers. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, **2(3)**: 240-244.
- SOYSAL M.İ. (2009). Manda ve Ürünleri Üretimi.. ISBN:9944-5405-1-X. Sy. 254. Tekirdağ.
- SRAPHET S., MOOLMUANG B., NA-CHIANGMAI A., PANYIM S., SMITH D.R., TRIWITAYAKORU K. (2008). Use of Cattle Microsatellite Markers to Assess Genetic Diversity of Thai Swamp Buffalo (*Bubalus Bubalis*). *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, **21(2)**: 177-180.
- STONE R.T., PULIDO J.C., DUYK G.M., KAPPES S.M., KEELE J.W., BEATTIE C.W. (1995). A small-insert bovine genomic library highly enriched for microsatellite repeat sequences. *Mamm. Genome* **6 (10)**: 714-724.
- STONER M., LEMKE B., TAHTAM B., (2002). Water Buffalo. Agriculture Notes. State of Victoria, Dept. of Primary Industries. July, 2002, **AG0619:1-2**. *Farm Diversitification Information Service*, Bendigo.
- SUKLA S., YADAV B.R., BHATTACHARYA T.K. (2006). Characterization of Indian Riverine Buffaloes by Microsatellite Markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, **19 (11)**: 1556-1560.
- ŞAHİN G. (2015). Türkiye Zirai Hayatında Manda (*Bubalus bubalis*) Yetiştiriciliği ve Manda Ürünlerinin Değerlendirilmesi, *İstanbul Üniversitesi Edebiyat Fakültesi Coğrafya Dergisi*. **31**:15-40.
- ŞAHİN A., ULUTAŞ Z., (2012). Karadeniz Bölgesi Manda Yetiştiriciliği ve Geleceği. *Hasad Hayvancılık*, **27(323)**: 56-58.
- ŞEKERDEN Ö. (2001). Büyükbaş Hayvan Yetiştirme (Manda Yetiştiriciliği) Kitabı, *Temizyürek Ofset Matbaacılık*, Hatay.
- TAKEDA H, TAKAMI M, OGUNI T, TSUJI T, YONEDA K, SATO H, IHARA N, ITOH T, KATA S.R, MISHINA Y, WOMACK J.E, MORITOMO Y, SUGIMOTO Y, KUNIEDA T. (2002). Positional cloning of the gene LIMBIN responsible for bovine chondrodysplastic dwarfism. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **99(16)**: 10549-10554.
- TAPIO M., OZEROV M., TAPIO I., TORO M.A., MARZANOV N., CINKULOV M., GONCHARENKO G., KISELYOVA T., MURAWSKI M., KANTANEN J. (2010). Microsatellite-Based Genetic Diversity and Population Structure of

- Domestic Sheep In Northern Eurasia. *BMC Genet.*, **11**: 76. DOI: 10.1186/1471-2156-11-76.
- TRINDERUP M., JØRGENSEN, J.N., HANSEN M. (1999). Conservation Considerations on Danish Shorthorn Cattle Using Pedigree Analysis. *AGRI.*, **26**: 27–33.
- TROY C.S., MACHUGH D.E., BAILEY J.F., MAGEE D.A., LOFTUS R.T., CUNNINGHAM P., CHAMBERLAIN A.T., SYKES B.C., BRADLEY D.G. (2001). Genetic Evidence For Near-Eastern Origins of European Cattle. *Nature*, **410(6832)**: 1088–1091.
- TÜİK, (2015). Türkiye İstatistik Kurumu Hayvancılık İstatistikleri (TÜİK). Erişim : [http://www.tuik.gov.tr/PreHaberBultenleri.doid=1979PreistatistikTablo.doista\_b\_id=140, 141 ve 487]. Erişim tarihi: 06.03.2015.
- TÜİK, (2016). Türkiye İstatistik Kurumu Hayvancılık İstatistikleri (TÜİK). Erişim : [https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=79&locale=tr]. Erişim tarihi: 06.05.2016.
- ÜNAL E.Ö., SOYSAL M.İ., YÜNCÜ E., DAĞTAŞ N.D., TOGAN İ. (2014). Microsatellite Based Genetic Diversity Among The Three Water Buffalo (*Bubalus Bubalis*) Populations In Turkey. *Archiv. Tierzucht.*, **57(8)**: 1-12.
- VALLEJO R.L., LI Y.L., ROGERS G.W., ASHWELL M.S. (2003). Genetic diversity and background linkage disequilibrium in the North American Holstein cattle population. *J Dairy Sci.* **86(12)**: 4137-4147.
- VAN HOOFT W.F., HANOTTE O., WENINK P.W., GROEN A.F., SUGIMOTO Y., PRINS H.H., TEALE A. (1999). Applicability of Bovine Microsatellite Markers for Population Genetic Studies on African Buffalo (*Syncerus Caffer*). *Anim. Genet.*, **30 (3)**: 214-220.
- VAN HOOFT W.F., HANOTTE O., WENINK P.W., GROEN A.F., SUGIMOTO Y., PRINS H.H.T., WALSH B. (2000). Minireview: Quantitative Genetics In The Age of Genomics. *Theor. Popul. Biol.*, **59**: 175-184.
- VANLI Y. (1987). Atatürk Üniversitesi Koyun Sürülerinde Beta-Globulin Polimorfizminin Genetiği Ve Kantitatif Karakterlerle Bağlantısı. *Profesörlük Takdim Tezi*, Erzurum: Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü.
- VIEIRA J.N., TEIXEIRA C.S., KUABARA M.Y., OLIVEIRA D.A.A. (2011). Genetic Variability and Efficiency of DNA Microsatellite Markers for Paternity Testing In Brazilian River Buffalo (*Bubalus Bubalis*). Erişim : [http://web2.sbg.org.br/congress/CongressosAnteriores/Pdf\_resumos/IIICBGF/CBGF004.pdf]. Erişim Tarihi: 22.02.2017.

- VIJH K. (2004). Genetic Diversity Analysis of Two Buffalo Populations of Northern India Using Microsatellite Markers. *J. Anim. Breed. Genet.*, **121**: 111–118.
- VIJH R.K., TANTIA M.S., MISHRA B., KUMAR S.T. (2007). Genetic Diversity and Differentiation of Dromedarian Camel of India. *Anim. Biotechnol.*, **18(2)**: 81–90.
- VOS P., HOGERS R., BLEEKER M., REIJANS M., VAN DE LEE T., HORNES M., FRIJTERS A., POT J., PELEMAN J., KUIPER M., ZABEAU M. (1995). AFLP: A New Technique for DNA Fingerprinting. *Nucl. Acids. Res.*, **23(21)**: 4407–4414.
- WANG D.G, FAN J.B., SIAO C.J., BERNO A., YOUNG P., SAPOLSKY R., GHANDOUR G., PERKINS N., WINCHESTER E., SPENCER J., KRUGLYAK L., STEIN L., HSIE L., TOPALOGLOU T., HUBBELL E., ROBINSON E., MITTMANN M., MORRIS M.S., SHEN N., KILBURN D., RIOUX J., NUSBAUM C., ROZEN S., HUDSON T.J., LIPSHUTZ R., CHEE M., LANDER E.S. (1998). Largescale Identification, Mapping, and Genotyping of Single-Nucleotide Polymorphisms In The Human Genome. *Science.*, **280 (5366)**: 1077–1082.
- WANG D.L., CHANG H., YANG J.X., ZHANG G.X., WANG Z.G., YU B., LIAO X.J., SONG W.T., HAN X., SONG G.M., WANG J.H., LI R.L. (2007). Analysis on The Genetic Structure of 8 Asia Buffalo Populations. *Yi Chuan*, **29 (9)**: 1103—1109.
- WEBER J.L., MAY P.E. (1989). Abundant Class of Human DNA Polymorphisms Which Can Be Typed Using The Polymerase Chain Reaction. *Am. J. Hum. Genet.*, **44**: 388–396.
- WILLIAMS J.G.K., KUBELIK A.R., LIVAK K.J., RAFALSKI J.A., TINGEY S.V. (1990). DNA Polymorphisms Amplified By Arbitrary Primers are Useful As Genetic Markers. *Nucl. Acids. Res.*, **18(22)**: 6531–6535.
- WOMACK J.E. (1997). Mapping Animal Genomes. In: Dodds WJ, Womack JE. (Editors). *Molecular Genetics, Gene Transfer and Therapy (Advances In Veterinary Medicine)*. San Diego. *Academic Press*, **40**: 157-190.
- YAN J., SHAH T., WARBURTON M.L., BUCKLER E.S., McMULLEN M.D., CROUCH J. (2009). Genetic Characterization and Linkage Disequilibrium Estimation of A Global Maize Collection Using SNP Markers. *PLOS One*. **4(12)**: 84-51.
- YANG D.Y., LIU L., CHEN X., SPELLER C.F. (2008). Wild or domesticated: DNA analysis of ancient water buffalo remains from north China. *Journal of Archaeological Science* **35**: 2778–2785.



- YILMAZ Ş. (2013). Afyonkarahisar Yöresi Manda Yetiştiriciliği: *Küçükçobanlı Köyü Örneği*. *Yüksek Lisans Tezi*. Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı.
- ZHANG Y., VANKAN D., ZHANG Y., BARKER J.S.F. (2010). Genetic Differentiation of Water Buffalo (*Bubalus Bubalis*) Populations In China, Nepal and South-East Asia: Inferences on The Region of Domestication of The Swamp Buffalo. *Stichting International Foundation for Animal Genetics*, **42**: 366–377.
- ZHU, C., CHENG, L., TONG, J., YU, X. (2012). Development and Characterization of New Single Nucleotide Polymorphism Markers from Expressed Sequence Tags In Common Carp (*Cyprinus Carpio*). *Int. J. Mol. Sci.*, **13(6)**: 7343-7353.
- ZIAUDDIN K., RAO D.N. (1991). Buffalo A Potential Source of Meat Animal Livestock. *Adviser Vol. XVI. Issue XII*. Hutchinson.

## ÖZGEÇMİŞ

Serkan EROL, 1984 yılında Burdur'da doğdu. İlk, orta öğrenimimi Burdur'da tamamladım. 2002 yılında Burdur Cumhuriyet Lisesinden mezun oldum. Afyon Kocatepe Üniversitesi Veterinerlik Fakültesinden 2009 yılında mezun oldum. 2011 yılında Afyon Kocatepe Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Medikal Biyoloji ve Genetik Anabilim dalında Doktora eğitime başladım. Aynı yıl İstanbul Gıda Kontrol Laboratuvar Müdürlüğü'ne Veteriner Hekim olarak atandım. Halen İstanbul Gıda Kontrol Laboratuvar Müdürlüğü'nde Moleküler Biyoloji Laboratuvarında çalışmaktayım. Evliyim ve bir çocuk babasıyım.