,
T.C.
SELÇUK ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE'DE BULUNAN EVCİL VE YABAN KEÇİLERİNİN GENETİK BENZERLİK VE FARKLILIKLARININ MİKROSATELLİTLERLE ARAŞTIRILMASI

İsmail Selim YILDIRIM

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOKİMYA ANABİLİM DALI

Danışman
Doç. Dr. Zafer BULUT

KONYA-2015

T.C.
SELÇUK ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE'DE BULUNAN EVCİL VE YABAN KEÇİLERİNİN GENETİK BENZERLİK VE FARKLILIKLARININ MİKROSATELLİTLERLE ARAŞTIRILMASI

İsmail Selim YILDIRIM

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOKİMYA ANABİLİM DALI

Danışman

Doç. Dr. Zafer BULUT

Bu proje TÜBİTAK- Kamu Araştırma Grubu (KAMAG) tarafından 109 G103 proje numarası ile desteklenmiştir.

Bu proje SELÇUK ÜNİVERSİTESİ Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü (BAP) tarafından 15202004 proje numarası ile desteklenmiştir.

KONYA- 2015

ÖNSÖZ

Ülkemizde yaban hayatı alanında yapılan gerek ekolojik gerekse genetik çalışmalar oldukça sınırlıdır. Kaybolmakta olan yaban hayatı türlerinin korunması için ekolojik ve genetik çalışmaların arttırılması gerekmektedir.

Evcil türlerin yaban ırklarından köken aldığı düşünüldüğünde yaban hayatında bulunan hayvanların biyolojik çeşitliliğinin tespiti daha önemli halegelmektedir.Türkiyezengin biyoçeşitliliğe sahip önemli bir gen merkezidir ve birçok hayvanının evcilleştirilme sürecinde merkez konumdadır. Fakat buna rağmen Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan birçok evcil çiftlik hayvanının çok azının kökenleri hakkında detaylı bir araştırma yapılmıştır.

Moleküler tekniklerin gelişmesiyle evcil hayvanların kökenleri ve yaban hayvanlarıyla genetik ilişkileri konusunda daha detaylı bilgiler alınmaya başlanmıştır. DNA markörlerinden olan mikrosatellitler, konu ile ilgili çalışmalarda oldukça kullanışlı bilgiler sağlamasından dolayı sıklıkla tercih edilmektedir.

Sunulan çalışmada, mikrosatellitler kullanılarak Türkiye'de bulunan bazı evcil keçi türleri ile Yaban Keçisi (Capra aegagrus) arasındaki genetik benzerlik ve farklılıklar araştırılmıştır. Bu amaçla 20 adet mikrosatellit markör kullanılmış, Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile ilgili bölgeler çoğaltılmış ve kapiller elektroforeze tabi tutularak genotipleri belirlenmiştir.

Ankara keçilerinden kan örneklerinin alınmasında bana yardımcı olan yüksek lisans arkadaşım Ahmet BAŞTÜRK'e, Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne ve bu projenin yapılmasını maddi olarak destekleyen Selçuk Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü (BAP)'ne teşekkür ederim.

Selçuk Üniversitesi Veteriner Fakültesi Biyokimya Anabilim Dalı'nda yüksek lisansa başladığım günden beri bana desteklerini esirgemeyen hocalarım Prof. Dr. Mehmet NİZAMLIOĞLU, Prof. Dr. Behiç SERPEK, Prof. Dr. Nuri BAŞPINAR, Prof. Dr. Firuze KURTOĞLU, Prof. Dr. Vahdettin ALTUNOK, Prof. Dr. Seyfullah HALİLOĞLU, Prof. Dr. Aydın GÜZELOĞLU ve Doç. Dr. Ercan KURAR' a tek tek teşekkür ediyorum.

Yanına geldiğim ilk günden bugüne kadar her zaman maddi ve manevi desteğini benden esirgemeyen ve en iyi şekilde yetişmemi sağlayan danışman hocam Doç. Dr. Zafer BULUT'a çok teşekkür ederim.

Her şeyden önce beni ben yapan, hayatımın şekillenmesini sağlayan ve olabilecek bütün isteklerim için imkân sağlayan annem Yüksek KILINÇ'a çok teşekkür ediyorum. Her şeyi konuşabildiğim ve paylaştığım kardeşim Yusuf Ahmet YILDIRIM'a, abim Aybars Nejat YILDIRIM'a teşekkür ederim. Okulu bitirip iş hayatına atıldıktan sonra aradan uzun süre geçmesine rağmen akademik kariyer yapmayı planladığımda bana hep destek olan rahmetli anneannem Emine KILINÇ'a ve rahmetli teyzem Aysel UYSAL'a çok teşekkür ediyorum.

İsmail Selim YILDIRIM

ø d ø 1 ' (. ø / (5

6 ø 0 * (/ / (5 9 (. , 6 $ / 7 1 0 $ / $ 5 vi

* ø 5 ø ù 1

(Y F L O O H ú W Y L H U P H o 7 D U L K (Y F L O O H ú W L U L O P H V L 1

. H o L Q L Q (Y F L O O H ú W L U L O P H V L 1

7 • U N L \ H ¶ G H . H o L < H W L ú W L U L F L O L ÷ L 6

7 • U N L \ H ¶ G H % X O X Q D Q % D] Õ . H o L 7 • U O H U L Y H < H W L ú W L U L F L O L ÷ L 8

3 R S X O D V \ R Q * H Q H W L ÷ L 13

3 R S X O D V \ R Q G H Q H W L ÷ Q Õ O Dl a r 0 R O H N • O H U 0 H W R W 0 R O H N • O H U 14

1.3.2. Morfolojik M D U N | U O H U 15

1.3. 3 U R W H L Q 0 D U N | U O H U L 16

' 1 $ 7 H P H O O L 0 D U N | U O H U 16

1.4. . H o L O H U G H < D S Õ O D Q * H Q H W L N D U D N W H U 1] D V \ R Q (* (5 (d Y H < g 1 7 (0 26

2.1. Hayvan Materyali 26

2.2. Kandan DNA Ekstraksiyonu 26

' 1 $ (N V W U D N V L \ R Q X] H G D W L O H U D Q Õ O D] Õ U O D Õ ú Õ 28

2.4. Absorbans Tayini 28

2.5. ' 1 $ % D Q W O D U Õ Q Õ Q * |] O H P O H Q P H V L 29

2.6. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ú D P D V Õ 29

2.7. Kapiller Elektroforez 33

2.8. ø V W D W L V W L N V H O A n a l i z l e r 33

3. BULGULAR 34

' 1 $ ø] R O D V \ R Q X 6 R Q X o O D U Õ 34

3.2. * H Q H W L N 9 D U \ D V \ R Q Y H + H W H U R] L J R W O X N ' •] H \ O H U 35

3.3. F Parametreleri 37

3.4) L O R J H Q H W | N W ø H U L ú N L ù H P L $ ÷ D o O D U 40

3.5) D N W | U L \ H O % L U O H ú W L U L F L $ Q D O L]) D F W R U L D O & 41

3.6. % L U H \ O H U L Q , U N O (Assignment) $ Y D Q P D V Õ 7 H V W L 42

3.7. < D S Õ (Structure) 42

7 $ 5 7 , ù 0 $ 43

5. SONUÇ ve ÖNERİLER..... 52
6. KAYNAKLAR 54
7. EKLER..... 62
EKA: Etik Kurul Belgesi.....62
8. ÖZGEÇMİŞ..... 63

SİMGELER VE KISALTNMALAR

AFLP : Yükseltilmiş parça uzunluk polimorfizm

AMOVA : Moleküler varyans analizi

cM : Centimorgan

bç : Baz çifti

DG : Dışlama Gücü

DNA : Deoksiribo nükleik asit

dNTP : Deoxyribonuleotide triphosphate

EDTA : Etilendiamintetraasetik asit

EtBr : Ethidium bromide

FAO : Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü

F_{IS} : Alt populasyonlardaki homolog alleller arası korelasyon

F_{IT} : Toplam populasyonlardaki homolog alleller

F_{ST} : Alt popülasyondan rastgele seçilen iki gamet arasındaki korelasyon

H_o : Gözlenen heterozigotluk

H_e : Beklenen heterozigotluk

HWE : Hardy-Weinberg dengesi

mtDNA : Mitokondrial DNA

ng : Nanogram

NJT : Komşu Birleştirme Ağacı

PZR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

RAPD : Rastgele çoğaltılmış DNA polimorfizmi

RE : Restriksiyon Endonükleazlar

RFLP : Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi

RPM : Dakikadaki devir sayısı

RNA : Ribonükleik asit

SDS : Sodyum dodesil sülfat

SLS : Örnek yükleme solüsyonu

SNP : Tek nükleotid polimorfizmi

SSR	: Basit Tekrar Dizileri
SSCP	: Tek zincir konformasyonel polimorfizmi
STR	: Kısa Tekrar Dizileri
Taq	:Thermus aquaticus
TAGEM	: Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü
TE	: Tris-EDTA
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
UV	: Ultraviyole
VNTR	: Değişken Sayılı Ardışık Tekrarlar
µl	: Mikrolitre

ÖZET

T.C.
SELÇUK ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE'DE BULUNAN EVCİL VE YABAN KEÇİLERİNİN GENETİK BENZERLİK VE FARKLILIKLARININ MİKROSATELLİTLERLE ARAŞTIRILMASI

İsmail Selim YILDIRIM
Biyokimya (VET) Anabilim Dalı

YÜKSEK LİSANS TEZİ / KONYA-2015

Populasyonların moleküler düzeyde karakterizasyonu, populasyon içi ve populasyonlar arası genetik uzaklıkların belirlenebilmesine olanak sağlar. Bu amaçla mikrosatellitler; doğal seçilimden etkilenmedikleri ve populasyon içi ve arası farklılaşmaları zamana ve mutasyon hızına bağlı olarak doğrudan yansıttıkları için populasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla tercih edilmektedir. Sunulan bu çalışmada Kilis, Shami, Honamlı, Saanen, Kıl ve Ankara Keçisi ile Yaban keçileri arasındaki genetik benzerlik ve farklılıklar 320 adet birey kullanılarak araştırılmıştır.

Standart fenol/kloroform yöntemi kullanılarak DNA izolasyonu yapılmıştır. Toplam 20 farklı lokus (MM12, ILSTS030, CSSM39, RT1, CSRP26, ETH10, BMC1009, BM848, INRABERN172, ILSTS11, TGLA122, ILSTS05, ETH152, CSSM43, IDVGA29, FCB20, INRA05, BM203, FCB304, MB25) kullanılarak polimeraz zincir reaksiyonu ile mikrosatellit bölgeleri çoğaltılmıştır. PZR ürünleri Beckman Coulter CEQ-8000 Genetik Analiz Sistemi kullanılarak kapiller elektroforeze tabi tutulmuş ve markör genotipleri (allelleri) belirlenmiştir.

İstatistiksel analizlerde temel parametreler olan toplam allel sayısı, allel frekansları, gözlenen heterezigotluk (H_o), beklenen heterezigotluk (H_e), Hardy-Weinberg Dengesine (HWE) uygunluk parametreleri hesaplanmıştır. Toplam allel sayılarınınfarklı lokuslar için 4 ile 25 arasında değiştiği gözlenmiştir.Ortalama gözlenen heterezigotluk (H_o) değerlerinin 0.499 ile 0.632 arasında, beklenen heterezigotluk (H_e) değerlerinin ise 0.609 ile 0.705 arasında değiştiği belirlenmiştir. Yapılan Structure analizi ve FCA grafiğine göre Yaban keçilerinin genetik olarak diğer evcil keçilerden daha saf olduğu ve ayrı olarak gruplanabildiği gözlemlenmiştir. Ayrıca yapılan analizlerde Ankara keçilerinin Eskişehir ve Lalahan diye tabir edilen hatlarının genetik olarak bir farklılığının bulunmadığı belirlenmiştir.

Anahtar Sözcükler: Genetik çeşitlilik;keçi; mikrosatellit

SUMMARY

REPUBLIC of TURKEY
SELCUK UNIVERSITY
HEALTH SCIENCES INSTITUTE

INVESTIGATION OF GENETIC SIMILARITIES AND DIFFERENCES AMONG DOMESTIC AND WILD GOATS IN TURKEY

İsmail Selim YILDIRIM
Department of Biochemistry (VET)

MASTER THESIS / KONYA-2015

Characterization of populations on molecular level makes it possible to define genetic distances among and between the populations. For this purpose, microsatellites are frequently preferred for that they are not subject to natural selection and that they show variations among and between populations directly according to time and mutation speed. In this study, the genetic similarities and differences between Kilis, Shami, Honamlı, Saanen, Hair, Angora and Wild goatswere investigated through the use of 320 individuals.

DNA isolation was conducted through standard phenol/chloroform method. By using 20 different locus, polymerase chain reaction and microsatellite regions were multiplied. Though the uses of Beckman Coulter CEQ-8000 Genetic Analysis System, PZR products were electrophoresed and their marker genotypes were identified.

Total number of alleles (which are the basic parameters in statistical analysis), heterozygosis with observed allele frequencies, expected heterozygosis and Hardy-Weinberg Equilibrium compatibility parameters were calculated. It was observed that the number of total alleles vary between 4 and 25 for different loci. While observed average heterozygosis value differ between 0,499 and 0,632, it was seen that expected heterozygosis is between 0,609 and 0,705. According to Structure analysis and FCA graph, it was observed that Wild goats are genetically purer than other domestic goats and that they can be classified separately. Furthermore, it was found that there were no genetic differences between Ankara goats Eskişehir and Lalahan genres.

Keywords: Genetic Diversity;goat; microsatellite

1.GİRİŞ

1.1.Evcilleştirme Tarihi ve Keçinin Evcilleştirilmesi

Beslenme tarihimiz incelendiğinde, insanların başlangıçtaçeşitli meyve, bitki ve bitki kökleri gibi gıdaları tükettiği bilinmektedir. Fakat besin kıtlıkları sırasında bitkisel besin bulamayan bireyler orman dışındaki geniş arazilere çıkıp gruplar halinde avlanarak beslenme ihtiyaçlarını karşılamaya başlamışlardır. İnsanlar 990.000 sene avlandı ve topladı, avcı ve toplayıcı olarak göçebe bir yaşam sürdürdü. İnsanoğlu tarım yapmaya başlamasıyla birlikte 10.000 yıl kadar önce yerleşik yaşama geçebilmiştir. Tarımbeslenme açısından büyük katkı sağlamış, tarım sayesinde düzenli olarak besin üretilmeye başlanmış,böylece göçler ve avlanma sebebiyle olan ölümler neredeyse yok olmuştur. Tarıma geçilsede yiyecek toplama ve avcılık faaliyetleri terkedilmemiş, insanlar tarım ile ürettiği yiyeceğini topladıkları ve avladıkları ile desteklemiştir. Öte yandan göçebe bir hayat tarzından uzaklaşıp tamamen yerleşik hayatın ortaya çıkabilmesi için bazı hayvan türlerinin evcilleştirilmesine ihtiyaç duyulmuştur.Evcilleştirilen bitki ve hayvan sayısı arttıkça doğal yiyecek kaynaklarına bağımlılıkta azalmıştır (Baskıcı 1998).

Evcilleştirme insanlık için önemli bir değişime olanak sağlamış, insanlar avcı ve toplayıcı durumdan kendi yiyeceğini üretebilecek konuma gelmiştir. Bitki ve hayvanların evcilleştirilmesinin bu türlerde büyük bir değişime sebep olmasına karşın bitki ve evcil hayvanın kökenleri hakkında çok az araştırma yapılmış ya da yapılan araştırmaların sonuçlarıdoğru şekilde yorumlanamamıştır (Baskıcı 1998).

1.1.1.Keçinin Evcilleştirilmesi

Evcilleştirmenin başlangıcı ile ilgili pek çok görüş ortaya atılmıştır. İnsanların hayvanlara ihtiyaç duyması ve bu ihtiyaçları doğrultusunda hayvanları evcilleştirdiği düşünülmektedir. Bu durum dini bir amaç olarakhayvanların kurban olarak kullanılması, et ve kürk gibi ihtiyaçları karşılamak için evcilleştirmenin "icat edildiği" teorisini birlikteiçerir. İnsanlar evcilleştirdiği hayvanlarda öncelikli olarak et lezzeti vekürk kalınlığına dikkat etmiş,bunlarınyanı sıra hayvanların gruplar halinde kalabilme ve kontrol altında tutulabilir özellikte olmasını tercih etmiştir. Bu bilgiler ışığında insanın ilk evcilleştirdiği türlerin büyük çoğunluğunun sürü halinde yaşayan toynaklı hayvanlar olması şaşırtıcıdeğildir (Baskıcı 1998).

Hayvanların evcilleştirilme sürecinin tanımlanmasıve araştırılmasıbitkilerinkinden daha zordur.Tarihçiler Pleistosen döneminde insanların sürü hayvanları ile ortak bir yaşamalanları ve ilişkisi içinde olduğunu veevcilleştirmeye geçişin sadeceGüney Batı Asya'da değil, Eski Dünya'nın değişik kıtalarındada olduğuna değinmektedir (Singer ve ark 1958).

Hayvanların evcilleştirilme sırasının genellikle şöyle olduğu düşünülmektedir; "Çöpçü" hayvanlar (köpek) ilk evcilleştirilen hayvan olarak bilinmektedir. İkinci grup geniş arazilerde yayılım gösteren mevsimsel göçler yapan ve dayanıklı olan hayvanlardı, bu nedenle insanla birlikte göçebe yaşama uyum sağlayabilenhayvanların (koyun, keçi vs) ikinci grupta olduğu düşünülmektedir. Bahsedilen hayvanlar avlanmayla birlikte insana yiyecek sağlıyordu ve budurum insanların yerleşim yerlerinin kalıcı olmasınıdasağlamıştır. Üçüncü grup, tarıma geçişle başlayan yerleşik hayat ile evcilleştirilen sığır gibi büyük baş hayvanlardır. Ulaşım aracı, yük taşıma, binme ve çekme işleri için evcilleştirilenler(yaban eşeği, deve, at vs.) ise dördüncü grubu oluşturmkatadır. İnsanların hizmetine giren en son hayvanlar at ve deve olarak bilinmekte olup bunlar kesim için çok fazla kullanılmamıştır. Karbon yöntemi ile keçi ve koyunun gibi hayvanlar incelendiğinde evcilleştirmeninM.Ö.6.000'lerde başladığı, keçinin koyundan daha erken evcilleştirildiği düşünülmektedir(Singer ve ark 1958).

Evcilleştirme; bazıları genetik evrim mekanizmalarının (seleksiyon ve mutasyon) insan eliyle yönlendirilmesi ile birlikte insanların kullanımına uygun populasyonların elde edilmesi daha hızlı bir şekilde olmuştur (Akçapınar 1994, Maijala 1997).

Evcilleştirme; toplumların çevreden etkilenmeden sahip oldukları gıda kaynaklarını yönetebilmelerine olanak sağlamıştır. Bu sayede insanlık yeni teknolojiler geliştirebilmiş ve medeniyetlerin gelişebilmesi mümkün olmuştur (Zeder 2008). Bu durum hayvanlarda vücut büyüklüğünün azalması şeklinde ortaya çıkmaktadır (Uerpmann 1979, Meadow 1989).

Sürü hayvancılığında dişi hayvan tercih edilmesi yavru ve süt verimi bakımındandaha önemli bir ekonomik değer olduğu için daha fazla tercih edilmektedir. Bu nedenle erkek/dişi oranının, dişi hayvandan tarafa kaymaya başladığı zaman aralığı evcilleştirme merkezlerinin tespiti için en önemli işaretolarak

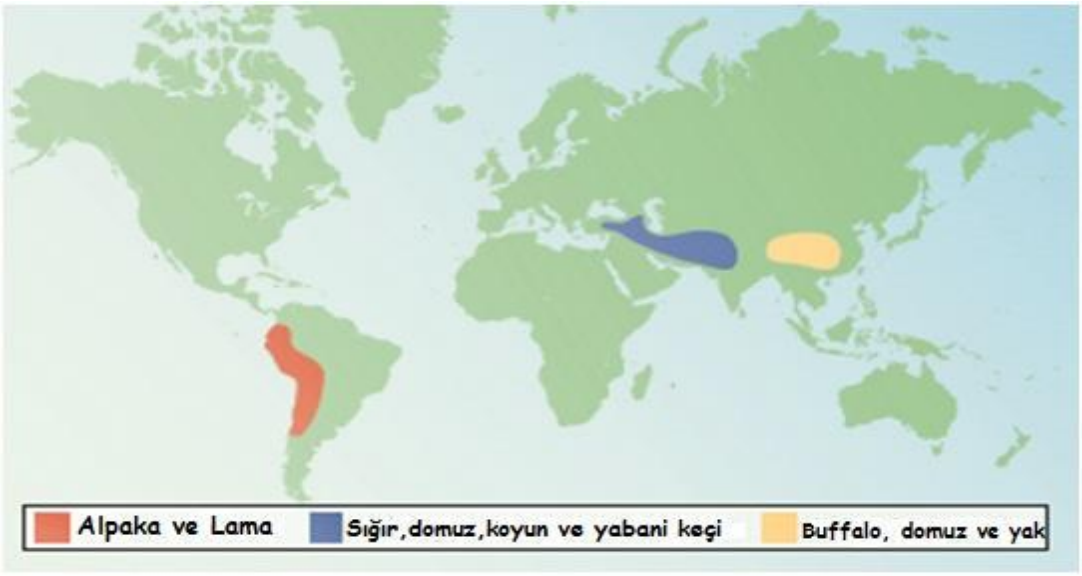
kabul edilmektedir(Zeder 2008).Evcilleştirme tarihi üzerine yapılan çalışmalar 1990'ların sonuna kadar daha çok arkeolojik bulgular üzerinden olmuştur. Zoolojik araştırmalar yapan arkeologlar, yaban hayvanlarının evcil sürü hayvanlarına dönüşmüş olduklarını morfolojik olarak tanımlamışlardır (Zeder ve ark 2006).

Yapılan arkeolojik çalışmalar ve değerlendirmeler sonucunda Dünya'da başlıca3 evcilleştirme merkezi olduğu düşünülmektedir.

1) "Bereketli Hilâl" İsrail, Ürdün, Lübnan, Suriye, Güneydoğu Anadolu, Dicle (Tigris) ve Fırat (Euphrates) nehirlerinin arasında kalan bölge, Irak ve Batı İran

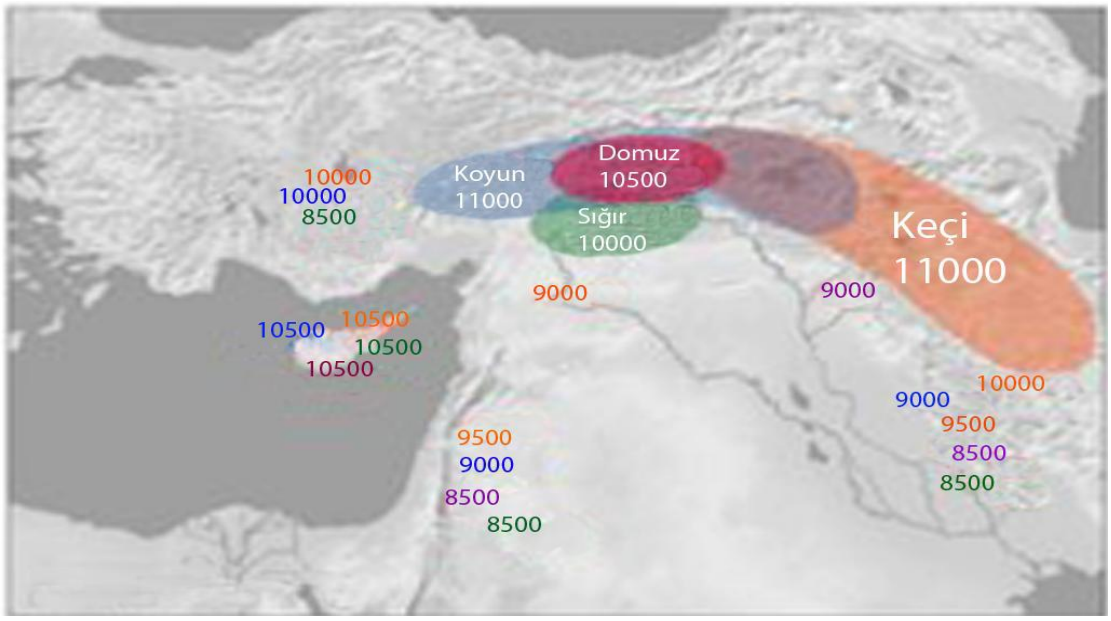
2) İndus Vadisi; Doğu Asya, Çin

3) And Sıra Dağları; Andeas Chain, Güney Amerika (Bruford ve ark 2003).



Şekil 1.1. Çiftlik hayvanlarının dünya üzerindeki evcilleştirilme merkezleri (Bruford ve ark 2003).

Zeder (2008),diğer iki evcilleştirme merkezi haricinde evcilleştirme merkezi olarak Anadolu'nun da içinde yer aldığı Bereketli Hilal bölgesinin önemine dikkat çekmektedir.



Şekil 1.2. Türkiye ve Bereketli Hilal olarak adlandırılan bölge içerisinde bazı çiftlik hayvanlarının evcilleştirildiği bölgeler ve yaklaşık zamanları (Zeder 2008).

Anadolu evcilleştirilen hayvanların barındırılabilmesi için uygun bir coğrafyaya sahiptir. Anadolu'nun aynı zamanda evcilleştirme sürecinde farklı evcilleştirme bölgeleri arasındaki kaynaşmalar ve değişimler açısından önemli bir bölge olabileceği belirtilmiştir (Zeder 2008).

Arkeolojik veriler doğrultusunda keçiler ve diğer çiftlik hayvanlarının kökenlerinin "Asya'nın Bereketli Hilâl" (fertile crescent) bölgesi olabileceği düşünülmektedir (Zeder ve Hesse 2000, Luikart ve ark 2001, MacHugh ve Bradley 2001, Bruford ve ark 2003, Zeder 2008).

Anadolu topraklarının bir kısmınında içinde yer aldığı Bereketli Hilâl'inkeçinin evcilleşmesindeen önemli birincil merkez olduğu kabul edilmektedir (MacHugh ve Bradley 2001).Yapılan birçok çalışma evcilleştirmenin Bereketli Hilâl olarak bilinen bölgede 11000 yıl önce, neolitik çağın başlarında ortaya çıktığını desteklemektedir. Zeder ve Hesse (2000), evcilleştirmenin merkezinin Bereketli Hilâl olduğunu doğrulamaktadır. Koyun, keçi ve domuz gibi türler İran, Irak, Zagros dağlarından, Suriye'den, Güneydoğu Anadolu'dan ve Doğu Akdeniz'den toplanarak insan kontrolündekidiğer alanlara yayılmıştır (MacHugh ve Bradley 2001). Birçok araştırmacıevcilleştirme sürecinin belirlenmesi, evcilleştirme yapılanbu yerleşim alanlarının sosyal ve çevresel etkileşimlerini tanımlamak için çalışmaktadır.

Araştırıcılar, modern yaban keçisi (Capra hircus aegagrus) ile bereketli Hilâl içinde ve dışında bulunan keçi populasyonlarıyla çalışmalar yapmışlardır (Ağaoğlu 2010).

Keçi yedi milyon yıl önce evrimini tamamlamış ve gelişmiştir. Ancak yaklaşık olarak 11.000 yıl önce evcilleştirilebilmiştir (Mason 1984, Fernandez ve ark 2005, Zeder 2008). Diğer çiftlik hayvanlarının aksine keçiler yüksek sıcaklıklarda yaşayabilirler ve daha esnek bir beslenme alışkanlığına sahiptirler (Luikart ve ark 2006). Yapılan araştırmalar bu hayvanların binlerce yıl önce insanlarla beraber göçle taşınmasının insanlığın gelişiminde büyük öneme sahip olduğunu göstermektedir (Porter 1996). Birçok arkeolojik çalışmaya göre keçi ilk evcilleştirilen herbivordur (Zeder ve Hesse2000, Joshi 2004,).

Çizelge1.1. Keçinin evcilleştirme yerleri olduğu düşünülen bölgeler ve karbon yöntemi ile evcilleştirilme tarihi (Kul 2010).

Ülke ve Bölgeler	**Kazı Alanın Bulunduğu yer**	**Evcilleştirilme Tarihi**
Türkiye; Toroslar, Urfa	Nevali Çori	8.500-8.000 M.Ö
Türkiye; Toroslar, Urfa	Çayönü	8.500-8.000 M.Ö
Tükiye; Aksaray	Aşıklı Höyük	8.500-7.800 M.Ö
Güney Kıbrıs	Shillorokambos	8.500-8.000 M.Ö
İran; Zagros Dağları	Ganj Dareh	8.000-7.800 M.Ö
İsrail; Güney Levant	Jericho	7.500 M.Ö
Pakistan;Baluchistan	Mehrgarh	7.000 M.Ö

Evcil keçiler Capraaegagrus'tan köken almışlardır (Naderi ve ark 2007, Naderi ve ark 2008).Keçi (C. hircus)'ninilk evcil sürü hayvanı olduğu ve İndus vadisinden başlayarak Yakın Doğu'ya kadar olan bir coğrafyada yaşamış olan vahşi keçiden köken aldığı tahmin edilmektedir. Vahşi keçiler Avrupa'dan Kuzey Afrika'ya kadar yayılmıştır fakat modern keçinin en muhtemel atasının Güney Batı Asya ile sınırlı bölgede yayılmış olduğu düşünülmektedir (Kul 2010).

Keçiler kötü çevre koşullarına ve yetersiz beslenme durumlarına dayanıklı hayvanlardır (Akçapınar 1994). Luikart ve ark (2006)'nın yaptıkları çalışmada keçilerin diğer çiftlik hayvanlarına kıyasla daha esnek bir beslenme alışkanlığına sahip olduğu, bu nedenle evcilleştirilen ilk hayvan türlerinden birisi olduğu belirtilmektedir.Keçiler biyoçeşitlilik açısından önemli bir hayvan türüdür. Tarıma ve

insan beslenmesine önemli katkıları nedeniylebeslenmeye yönelik yapılan geliştirme araştırmalarında sıklıkla tercih edilmektedir (Rout ve ark 2008).

Farklı yem ve gıda maddelerine karşı çok seçici olmaması; beslenmeye oranla süt veriminin diğer çiftlik hayvanlarınagöre daha yüksek olması gibi faktörler keçinin önemli özelliklerindendir. Keçi (Capra hircus), "fakir adamın sığırı (poor man's cow)" olarak isimlendirilen bir hayvandır. Bu ismi sert doğa koşullarına dayanıklılığı ve kalitesiz yemleri kaliteli proteine çevirmesinden dolayı almıştır. Keçinin arkeolojik ve ekonomik önemi de burada yatmaktadır. Gelişmekte olan ülkeler için keçi, et, süt, deri ve kıl örtüleriyle önemli birer kaynak oluşturur. Keçi yetiştiriciliği, sayılan özellikleri ile ekonomik ve yaşam kalitesi düşük ülke ve işletmelerin ekonomilerinde önemli bir yeritemsil etmektedir. Türkiye'de birçok bölge coğrafi ve sosyo-ekonomik açıdan keçi yetiştiriciliği için oldukça uygun koşullara sahiptir (Şengonca 1989, Şimşek ve Bayraktar 2006).

Küçükbaş hayvanların ortalama % 20'sini oluşturan keçi sayısında 1990'ların başından bu yana oldukça yüksek oranlı azalmalar olmuştur. 1991 yılında 10.7 milyon civarında olan keçi sayısı2001 yılında 7.02 milyonve 2014 yılında 11 milyon olarak bildirilmiştir (TÜİK 2014).

1.1.2.Türkiye'de Keçi Yetiştiriciliği

Türkiye'de hayvancılık önemli bir geçim kaynağıdır. Özellikle Anadolu'nun ilk evcilleştirme merkezi olduğu ve diğer evcilleştirme bölgelerine yakın göç yolları üzerinde bulunduğu düşünüldüğünde hayvancılığın günümüz için etkileri daha iyi anlaşılabilir. Anadolu bu nedenle Dünya'nın en önemli gen merkezlerinden birisi durumundadır. Moleküler çalışmalar (Loftus ve ark 1999, Troy ve ark 2001, Lenstra ve ark 2005) ve arkeolojik kanıtlar (Zeder ve Hesse 2000, Joshi ve ark 2004) koyun, sığır, keçi ve domuzun Anadolu'da yada çok yakınında evcilleştirilmiş olduğunu göstermektedir (Bruford ve ark 2003, Zeder 2008). Keçi, sığır ve koyunları kapsayan genetik çalışmalarilgili türlerinAvrupa'ya Anadolu'dan geçtiğini çok kuvvetli olarak desteklemektedir (Renfrew 1991, Loftus ve ark 1999, Troy ve ark 2001, Lenstra ve ark 2005).

En önemli gen merkezlerinden biri olan Türkiye zengin bir biyolojik çeşitliliğe sahiptir. Hayvansal üretim denildiğinde, ekonomik olarak önemi olan çiftlik hayvanları akla gelir.

Keçinin ekolojik ve biyolojik kapasitesi diğer hayvanlara göre daha esnektir. Keçilerde rumende bir bölümün su deposu olarakkullanılabilmesi, keçinin kurak ve bitki örtüsü az olan coğrafyalara adaptasyonunu kolaylaştırmaktadır. Günümüzde çok tartışılan küresel ısınma veya küresel iklim değişikliklerinde meydana gelen yeni koşullara uyumda keçinin en avantajlı hayvanlardan birisi olacağı düşünülmektedir (Darcan ve Daşkın 2010).

Türkiye'de keçi yetiştiriciliği, daha çok ormanlık alanlar veya buralara yakın bölgeler, tarıma ve diğer hayvan türlerinin yetiştirilmesine pek uygun olmayan sarp arazilerde yapılmaktadır. Keçi bu haliyle 500.000 civarı işletme ileyaklaşık üç milyon insanın geçimindeoldukça önemli bir sektörü temsil etmektedir (Dellal ve Dellal 2005).

Güçlü adaptasyon özelliği ile keçi dünyanın birçok ülkesinde yetiştirilmektedir. Ancak en fazla Akdeniz ülkeleri ile Hindistan'a kadar olan ılıman iklim kuşağındaki Orta Doğu ülkelerinde beslenmektedir. Yetiştirildiği ülkelerdegelir düzeyi düşük ailelerin hayvansal protein ihtiyaçlarının karşılanmasında en önemli kaynaklardan birisini temsil etmektedir (Darcan ve Daşkın 2010).

Günümüzde refah seviyesinin artırılması ve sürdürülebilmesi açısındanelde olan kaynakların etkin ve verimli olarak kullanılabilmesi en önemli adımı teşkil etmektedir. Bunu yaparken ise ekosistemi korumak, ekonomik kalkınmanın devamı ve sürdürülmesi, çevre ve coğrafi koşulların doğal olarak kalabilmesi açısından önemlidir. Bu ekosistem içerisindeki türlerden biriside elbette keçidir. FAO'nun 2008 yılı verilerine göre keçi sayısının en fazla olduğu ülkeler sırasıyla; Çin, Hindistan, Pakistan, Bangladeş ve Nijerya'dır. Türkiye yaklaşık 5.6 milyon baş keçi varlığı ile dünyada % 0.65 oranında bir pay almaktadır (www.fao.org).

1.1.3.Türkiye'deBulunan Bazı Keçi Türleri ve Bunların Bölgelere Göre Yetiştiriciliği

TÜİK'in 2014 yılı verilerine göre Türkiye'de halen 11 milyon baş keçi bulunmaktadır. Keçi varlığının büyük bir kısmınınAnadolu'nun tüm bölgelerine yayılmış olan kıl keçileri oluşturmaktadır. Kıl keçileri yaygın olarak orman içi ve kenarında yetiştirilmektedir. Tiftik keçisi yetiştiriciliği ise kıl keçilerinden sonra ikinci sırada yeralmaktadır. Türkiye'de kıl ve tiftik keçisi dışında, sayıları az olmakla birlikte, daha çok Batı Anadolu kıyı şeridinde Malta keçilerinin, Kilis ve çevresinde ise Kilis, Shami ve Honamlı keçilerinin yetiştiriciliği yapılmaktadır. Son yıllarda Ege ve Marmara Bölgeleri'nde Saanen melezi keçi yetiştiriciliğinin de gelişme gösterdiği saptanmıştır (Kaymakçı ve Dellal 2006).

Bölgelerin keçi varlığı bakımından sıralaması yapıldığında ise ilk sırada Akdeniz Bölgesi daha sonra ise Güneydoğu Anadolu, Orta Doğu Anadolu, Ege, Batı Marmara, Batı Anadolu, Kuzeydoğu Anadolu, Doğu Marmara, Orta Anadolu, Batı Karadeniz ve son sırada da Doğu Karadeniz Bölgesi yer almaktadır (TÜİK 2014).

Türkiye'de keçi varlığı özellikle 1980'li yılların başından itibaren hızlı bir düşüş göstermeye başlamıştır.Bunun sonucunda da son 25 yıl içinde Kıl keçisinde ve Ankara keçisinde büyük bir sayısal gerileme olmuştur (TÜİK 2014).

Keçi varlığındaki azalmanın şüphesiz farklı nedenleri vardır; bunun en önemli nedeni kamu uygulamalarında küçükbaş hayvancılık sektörünün göz ardı edilmesidir.Ayrıca kentlere göç nedeniyle işletme sayısında ve genç nüfustaki azalmalar, pazar koşullarının yetiştirici aleyhinde olması, keçicilik ürünlerine olan talebin yetersizliği, mera alanlarının daralması, çoban masraflarının yüksekliği ve çoban bulmadaki güçlükler ile girdi maliyetlerindeki artışlar ise keçi sayısındaki azalmanın diğer nedenleri olarak bilinmektedir(Ertuğrul ve ark 2010a).

Shami (Şami, Damaskus) Keçisi

Shami Keçisi Suriye, Lübnan, Ürdün, İsrail, Kıbrıs ve Türkiye gibi ülkelerde yetiştiriciliği yapılan, süt verimliliği yüksek bir keçi ırkıdır. Önemli yerli keçi ırklarımızdan biridir ve melez Kilis Keçisinin oluşumunda rol oynadığı düşünülmektedir (Keskin 2002, Keskin ve ark 2007). Shami keçilerinin Aleppo Keçisi, Suriye Keçisi, Şam Keçisi, Damaskus Keçisi, Mente Keçisi gibi birçok ismi

vardır. Kökeni Halep keçilerine dayanan Shami Keçisi başta Reyhanlı ilçesi olmak üzere Hatay ilinde 2-10 başlık aile işletmeleri halinde yetiştirilen, süt verimi yüksek bir keçi ırkıdır (Aytuğ ve ark 1990).

Kilis Keçisi

Her türlü iklim koşuluna iyi uyum sağlayabilen, küçük aile işletmeleri halinde veya geniş sürüler halinde yetiştiriciliği yapılan Kilis keçisi uzun yürüyüşlere dayanıklı sağlam vücut yapısına sahiptir. Kilis keçisi melez bir ırk olarak süt ve döl verimi yüksek olan bir keçi ırkıdır. Sütçü Kilis keçilerinin Güney Doğu Anadolu ve Doğu Akdeniz Bölgesinde yaygın olarak yetiştiriciliği yapılmaktadır. Özellikle Hatay, Gaziantep ve Urfa dolaylarında yetiştirilen bu ırk Suriye'den getirilen Halep keçileri ile Kıl keçileri arasında yapılan melezleme ile ortaya çıkmıştır. Kilis keçileri; genellikle siyah renklidir, kahverengi, gri ve hatta alaca olanlarına da az da olsa rastlanır. Kulaklar çok uzun, geniş ve sarkıktır. Kilis keçileri genellikle boynuzludur. Ancak boynuzsuz hayvanlar erkek ve dişide de bulunmaktadır. Meme iyi gelişmiş olup iki bacak arasında öne doğru uzanmaktadır (Ertuğrul 2007).

Honamlı Keçisi

Honamlı, "Hun namlı", Hun diyarından gelen ilk Yörük aşireti olduğu için bu adı almıştır. Bu Yörüklerin bir kısmı yerleşik hayata geçerken bir kısmı hala göçebe hayatını sürdürmektedir (Ağaoğlu 2010). Keçiler gıda ve barınma yönünden Yörükler için büyük önem taşımaktadır. Saf Honamlı keçilerinde alın ve ayaklar beyaz veya kahverengi, vücut siyahtır. Bazen kırçıl renkte olanlarınada rastlanmaktadır. Dikkat çeken en önemli özelliği kemerli bir burun yapısıdır. Honamlı keçileri boynuzlu olup, boynuzları geniş, sağlam,uzun ve yukarı doğru kıvrık şekilde hafif eğimli yapıya bir sahiptir (Soysal 2007).

Honamlı keçileri; yörüklerin yoğun olarak bulunduğu, Akdeniz Bölgesi, Toros Dağları etekleri, Antalya, Konya ve Isparta'nında içinde yer aldığı geniş bölgede dağılım gösterir (Elmaz ve ark 2012).

Kıl Keçisi

Türkiye'de en yaygın olarak beslenen ve yetiştirilen keçi ırkıdır. "Karakeçi" veya "Adi keçi" de denilmektedir. Yoğun olarak; Akdeniz, Ege, Güneydoğu Anadolu bölgelerinin dağlık kesimlerinde yetiştirilmektedir. Kıl keçilerinin kılları kabarık, düz ve uzundur. Türkiye'de Anadolu'nun iklim, çevre ve yetiştirme koşullarına iyi uyum sağlamış, hastalıklara en dayanıklı hayvanıdır. Çoğunlukla siyah renkte olmakla beraber kahverengi, kurşuni, açıksarı ve sarımsı da olabilir. Türkiye'de keçi varlığının % 81'ini kıl keçileri oluşturur (Yalçın 1990). Kıl keçisi Türkiye'ye komşu Arap ülkelerinde, İran ve Afganistan'da da yetiştirilir (Akçapınar 1994).

Saanen Keçisi

Saanen Keçisi 1959 yılı başlarında Türkiye'ye getirilmiş ve halen saf ya da melez olarak yetiştirilmektedir. Saanen ırkının en önemli özelliği farklı iklim koşullarına uyum gösterme yeteneği sayesinde, götürüldüğü her yere çok çabuk adapte olabilmesidir. Saanen keçileri yemleme ve mera koşullarına karşı çok duyarlıdır. Yüksek verim yeteneği ancak iyi bakım ve besleme koşullarında ortaya çıkar (Özcan 1989, Özder 2006). Türkiye'de Ziraat Fakültelerinin çalışmaları sonucunda Saanen melezlerinin varlığı artmıştır. Saanen melezlerinin varlığının artmasıyla araştırıcılar süt verimi yüksek bu türü Türk Saaneni olarak tanımlamışlardır. Türk Saanen Keçisi ülkemizde süt ve döl verimi bakımından en yaygın yetiştirme alanı bulmuş kültür ırkıdır (Kaymakçı ve ark 2005). Saanen keçileri genel olarak beyaz ve krem renkli kısa kıllara sahiptir. Saanen keçilerinde kulaklar dik, yüz düz veya bombeli, burunlarının üst kısmı düz şekilde gelmektedir. Narin bir vücut yapısına sahiptir boynu ince ve uzundur. Süt veriminin yüksek olması nedeniyle melez yetiştiriciliğinde sıklıkla kullanılmaktadır (Haris ve Frederick 1996, Özder 2006).

Ankara Keçisi

Türkiye'de Ankara Keçisi olarak bilinen tür uluslararası alanda ismini Ankara'dan köken almışve "Angora Goat" olarak isimlendirilmiştir. Ülkemizde bu ırkın büyük çoğunluğu Ankara başta olmak üzere İç Anadolu bölgesinde Orta Anadolu Platosuna yayılmıştır. Ankara keçisi, ufak yapılı olup genelde beyaz ve uzun bukleli parlak bir kıl örtüsüne sahiptir. Boynuzlu, uzun ve sarkık kulaklı bir

ırktır (Akçapınar 1994). Ankara keçilerinin, Türkler'in Orta Asya'dan Anadolu'ya gelirken beraberlerinde getirdikleri bir keçi ırkı olduğunu düşünülmekterdir (Ağaoğlu 2010). Yetiştiriciliği meraya dayalı olarak küçük gruplar halinde yapılmaktadır. Bu keçinin en önemli verimi tiftiktir (Ertuğrul 2007). Ankara keçisinin bazı araştırıcılara göre "Capra prisca" isimli yaban keçisinden köken aldığı düşünülmektedir (Ağaoğlu 2010).

Yerli hayvanların her türlü koşulda verimliliğini devam ettirebilmesi ve çevrenin olumsuz etkilerine karşı avantajlı olması dikkate alınması gerekli olan bir konudur.Verim özellikleri ve verimlilik bakımından yetiştirilen hayvanların genetik olarak iyileştirilmesi çalışmaları sürekli olarak gündemde yer almaktadır. Bu nedenle tür ve genotip üzerinde yürütülen çalışmaların seleksiyona dayalı olması gerekmektedir. Hayvan türlerine ait yerli ırk koleksiyonu gelecek nesillere bırakılacak en değerli genetik miraslardandır (Soysal ve ark 2004, Anonim 2005).

Yaban Keçisi

Türkiye sahip olduğu yaban hayatı çeşitliliğiyle Avrupa'nın en zengin ülkelerinden birisidir. Bu zenginliğin önemli bir bölümünü 140 dolayında belirtilen memeli hayvan türleri oluşturmaktadır. Araştırma konusunu oluşturan yaban keçisi, Caprinae (keçi) altfamilyasına dâhildir. Caprinae altfamilyası 11 cins ihtiva etmektedir. Yaban keçisinin mensup olduğu Capracinsininde günümüzde 9 türü ve bu türlere ait 11 alttürünün var olduğu bilinmektedir (Gündoğdu 2006). Ülkemizde yayılış gösteren yaban keçisi (Capra aegagrus) , Bovidae familyası içinde yer alan 5 türden birisidir (Turan 1987).

Yaban keçisi türüne ait dünyada 5 alt tür olduğu tespit edilmiştir. Bunlardan ülkemizde yayılış göstereni C.aegagrus ssp. aegagrus, diğerleri ise C.aegagrus ssp. blythi, C.aegagrus ssp. chialtanensis, C.aegagrus ssp. cretica ve C.aegagrus ssp. turcmenica olduğu bilinmektedir (Shackleton 1997).

Yaban keçisi çok eski zamanlardan bu yana, insanlar için önemli bir av hayvanı olmuştur. Dünya üzerinde Kafkasya ve Orta Doğu'nun bazı ülkelerinde yayılış gösteren yaban keçisine yurdumuzda Ege, Akdeniz, Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Karadeniz bölgelerinde deniz seviyesinden itibaren 4000-4500 m yüksekliklere kadar rastlamak mümkündür(Gündoğdu 2006).



Şekil 1.3. Yaban keçisi Capra aegagrus'un Dünya üzerinde yayılış gösterdiği ülkeler (Turan1987)'den değiştirilerek alınmıştır.

Yaban keçisi, geniş bir yayılım alanı ve uyum yeteneği ile büyük bir gen havuzuna sahiptir. Kendi içerisinde zengin genetik çeşitlilik gösteren ve dağ ekosistemlerinin temsilci türlerinden biri olan yaban keçisi, ülkemiz için önemli bir biyolojik çeşitlilik unsurudur. Anadolu evcilleştirmenin başlangıcı ve yayılışı bakımından önemli bir coğrafik konuma sahiptir. Yaban keçisinin atası olduğu bilinen evcil keçilerin köken aldığı Capra hircus bu bölgeden tüm dünyaya yayılmıştır. Ayrıca yaban keçisinin evcilleştirilmesi yerleşik düzene geçilmede, tarım ve hayvancılığın başlamasında önemli bir basamak olmuştur (Macar 2004). 2002 yılından bu yana ülke genelinde bazı sahalarda, Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nün önderliğinde yaban keçisi envanterleri yapılmakta ve uygun alanlar yaban hayatı geliştirme sahası olarak ilan edilmektedir. Ülkemizde yaban keçisi ile ilgili yeni başlayan bu envanter çalışmalarının yanı sıra türle ilgili çok sınırlı sayıda bilimsel araştırma yapılmıştır (Ebubekir 2006).

Evcil türlerin yaban ırklarından köken aldığı düşünüldüğünde yaban hayatında bulunan hayvanların biyolojik çeşitliliklerinin tespiti önemli hale gelmiştir.Fakat buna rağmen Türkiye'de evcil hayvanların çok azının kökenleri hakkında detaylı bir araştırma yapılmıştır.

Yerli keçi ırkları yok olmadan genetik bilgilerinin korunması ve kullanılması gerekmektedir. Türkiye'deki mevcut yerli keçi ırklarının genetik niteliklerini ayırıcı

ve özgün yanlarının klasik teknikler dışında daha ayrıntılı moleküler tekniklerlede belirlenmesi gerekliliğinden dolayı; ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitliliğin mevcut durumunun DNA düzeyinde mikrosatellitler ile ortaya konması sürdürülen koruma stratejilerinin bu bilgiler ışığında daha da etkin kılınması gerekmektedir (Ertuğrul ve ark 2010b).

1.2. Populasyon Genetiği

Populasyon, aynı türden olan, aynı coğrafyada yaşayan, potansiyel olarak birbirleri ile çiftleşebilen ve aynı özelliklere sahip bireylerin oluşturduğu topluluklardır. Populasyon genetiğinin amacı bireyleryerine populasyonun tümünün genetik yapısını incelemektir. Populasyon genetiği çalışmaları, populasyonlarda genetik varyasyonun nasıl korunduğunu ve bazı varyasyonların nasıl ortadan kaybolduğunu araştırmaktadır. Zaman içerisinde populasyonun nasıl bir değişim gösterdiğini anlamak için allel frekansları dikkate alınmalıdır (Özşensoy 2011). Populasyon genetiği, gen frekanslarının gelecek nesillerdeki oranlarını tahmin etmeye çalışan, allellerin dağılımını ve bunların frekanslarını değiştiren veya koruyan faktörler üzerinde araştırma yapan genetiğin alt dallarından birisini oluşturmaktadır (Klug ve Cummings 2000, Passarge 2000).

Populasyon genetiğinin temelleri İngiliz matematikçisi Geoffrey H. Hardy ve Alman fizikçisi Wilhelm Weinberg tarafından birbirlerinden bağımsız olarak geliştirdikleri bir matematik modeline dayanmaktadır. Bu matematik modeli Hardy-Weinberg Dengesi (Hardy-Weinberg Equilibrium; HWE) olarak isimlendirilir ve bazı basit varsayımlar altında bir populasyondaki genotip ve allel frekanslarının ne olacağını gösterir. Bu varsayımlar, gerçek populasyonların karşılaştığı göç, darboğaz ve mutasyon gibi durumlarınbulunmadığı ideal bir populasyonun varlığına dayanmaktadır (Klug ve Cummings 2000).

İdeal bir populasyonun özellikleri; a)Model populasyonda; tüm bireylerin hayatta kalma şansları eşit orandadır ve eşit orandagamet ile gen havuzuna katkıda bulunmaktadır. b) Model populasyonumuzda; mevcut ailelerin hiçbiri mutasyon sonucu ile var olan diğer bir allele dönüşmez veya yeni bir allel oluşturmaz. c)Model populasyonda; hiçbir birey ayrılmaz veya dışardan populasyona birey katılmaz.

d) Bazı genotiplere sahip bireylerin, diğer genotiplere göre, sonraki nesillere daha fazla allel aktarmasını sağlayacak şansa bağlı bir olay yoktur (Klug ve Cummings 2000).

İdeal durumda olan bir populasyonda allel frekanslarınesilden nesile değişim göstermez, rasgele çiftleşmenin oluşturduğu jenerasyonda dengeardından genotip ferakansları allel frekansından tahmin edilebilir(Klug ve Cummings 2000).HWE temel olarak, yeteri kadar geniş ve rasgele çiftleşmeler yapılan populasyonlarda, mutasyon, seleksiyon, genetik kayma ve göçün (populasyondan bir allel kaybolduğunda veya yeni bir allel geldiğinde) olmadığı durumlarda geçerli olmakta ve denge korunabilmektedir (Passarge 2000). Homozigot allellerin populasyonda çok fazla meydana gelmesi bir populasyon için tehlikeli durumdur.Çünkü letal etkiye sahip olabilecek resesif karakterler etkin olmaya başlayacaktır.

Bir lokusda bir allelin bulunma sıklığına o allelin frekansı (sıklığı) veya gen frekansı denilmektedir. Burada bireyin genotip frekansı değil populasyonun allel frekansını tanımlamaktadır. Örneğin, bir lokusa ait *A* ve *a* allellerinin frekansları sırasıyla *p* ve *q* ile tanımlanırsa toplam frekansları %100 (yani 1.0) olmalıdır. Gen frekanslarının hesaplanmasında değişik metotlar kullanılmakta olsa da en sık kullanılan yöntem allellerin sayımına dayanmaktadır. Bu metot da fenotipe bakarak bütün genotiplerin tespit edilebildiği karakterler için kullanılmaktadır (Alpan 1992, Klug ve Cummings 2000, Passarge 2000).

İki allelli lokusun dağılımı $(p+q)^2$= 1binomial ilişki gösterir ve genotip dağılımı $p^2 + 2pq + q^2 = 1$ olacaktır. Populasyon genetiğinde yapılan çalışmaların ilk aşaması ilgili lokusta bulunan allel frekanslarının hesaplanmasıdır. Bu amaçla çok sayıda bireyin genotipinin belirlenmesi gerekmektedir. Populasyondaki her bir karakter için ikiden fazla genetik variyantın bulunmasına genetik polimorfizm denilmektedir (Alpan 1992, Klug ve Cummings 2000, Passarge 2000).

1.3.Populasyon Genetiğinde Kullanılan Moleküler Metotlar

1.3.1. Moleküler Markörler

Genomun özgün bir bölgesini tanımlamak amacıyla birçok markör sistemi kullanılmaktadır. Morfolojik, biyokimyasal ve DNA düzeyinde izlenebilen karakterlere genetik markörler denir. Bu karakterlerin markör olarak

isimlendirilmesinin nedeni, çalışılan organizmadaki ilgilenilen diğer özelliklerin genetiği hakkında dolaylı da olsa bilgi sağlamalarıdır. Genom analizleri ve genetik çalışmalar başta olmak üzere moleküler çalışmalarda morfolojik, protein ve DNA markörleri olmak üzere 3 tip markör kullanılmaktadır (Liu 1998).

1.3.2.Morfolojik markörler

İnsanlar yaban hayvanlarıarasından kolay idare edebileceği ve faydalanabilecekleri hayvanları seçmişlerdir. Evcilleştirme sürecinde hayvanların morfolojik, fizyolojik ve davranışsal özelliklerinde önemli değişiklikler meydana gelmiştir. Bu değişikliklerin daha kolay idare edilebilmeleri yönünde olduğu düşünülmektedir. Arkeolojik metotlar ile evcilleştirme süreci incelendiğinde hayvanlardayavrularına genetik olarak aktarılan bazı morfolojikkarakterler ayırt edici özellik olarak kullanılabilmektedir0. Bunlar vücut büyüklüğü, boynuz şekli ve boynuz büyüklüğü gibi morfolojikyönden önemli markörler olarak kullanılabilirler(Zeder ve ark 2006).

Suni Morfolojik markörler

Kazı alanlarında yapılan çalışmalar sonrasında elde edilen kemiklerde hayvanın yaşam süresinde beslenmeye ya da yaşadığı ortama bağlı olarak görülen fiziksel değişimlerin ayırt edici özellik olarak kullanılmasıdır. Bunlar; yeme alışkanlarının değişmesi sonucunda bir atın ikinci molar dişindeki aşınma yüzeyi ya da serbest olarak dolaşmaya alışmış bir keçinin ağılda kapalı tutulmasıyla birlikte ayak kemiklerinde şekillenen patolojik durumlar olabilir. Bunlar insan idaresi sonrasında şekillendiği için bir sonraki soya aktarılmayan ve bireye özgü olarak kalan karakterlerdir (Zeder ve ark 2006).

Morfolojik olmayan markörler suni morfolojik belirteçlerde olduğu gibi genetik olarak aktarılmayan ama insan eliyle yapılan seleksiyonlar sonrasında gözlenebilen ayırt edici özelliklerdir. Bunlar kazı alanlarında elde edilen kemiklerden hayvanların demografik profili hakkında bilgi elde edilmesini sağlar (Zeder ve ark 2006).

Örneğin; kazı alanlarında elde edilen kemikler kalın, gelişmiş ve genelde erkek hayvanlara ait ise bu topluluk avcı-toplayıcı bir toplumdur denilebilir.Çünkü avcı-toplayıcı topluluklar avlanmak için büyük cüsseli, ergin ve erkek olan hayvanları tercih etmekteydi. Tarım toplumlarının bulunduğu düşünülen bölgelerde

yapılan arkeolojik incelemelerde ise hayvan kemikleri daha küçük, ince yapılı ve genelde yavru elde etmek için dişi hayvanlara ait kemikler bulunmaktadır (Zeder ve ark 2006, Zeder 2008).

1.3.3.Protein Markörleri

Protein markörleri, depo proteinleri ve enzim proteinleri olarak ikiye ayrılılar.Depo proteinleri yapısında bulunan farklı aminoasitler nedeniyle moleküler ağırlıkları ve antikor-antijen ilişkilerinde farklılıklara sebep olur. Moleküler büyüklük ve aminoasit bileşimi farklılıklardan faydalanılarak proteinler, jel elektroforez yöntemi ile genetik markör olarak kullanılabilirler. Enzim markörleri ise, alloenzim ve izoenzim olarak iki grupta incelenebilir. Alloenzimler aynı genin farklı alleleri tarafından meydana getirilmektedir. İzoenzimler ise farklı genler tarafından üretilen, ancak işlevleri aynı olan enzimleri ifade etmektedir. Genetik çalışmalarda ilk zamanlarda protein polimorfizmlerinin araştırılması amacıyla izoenzim markörleri yaygın olarak kullanılmıştır. İzoenzimler, bir enzimin alternatif bir formudur ve aynı enzim aktivitesine sahip olmalarına rağmen elektroforetik hareketleri farklılık göstermektedir (Liu 1998). Proteinmarkör sistemleri genomun belli bölgelerinde toplanmış bulunmaları, polimorfizm değerlerinin düşük olması, iş yükünün ağır olması ve analizlerin uzun zaman alması nedeniyle yerini DNA temelli markörlere bırakmıştır (Kurar 2001).

1.3.4.DNA Temelli Markörler

DNA markörleri, bir tür içerisindeki farklı bireylerde dizi polimorfizmi gösteren DNA bölgeleridir ve varyasyonun belirlenmesinde günümüzde en sık kullanılan yöntemdir (Liu 1998). DNA markörleri; DNA'nın enzimatik kesimi sonucu elde edilen Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizmi(Restriction Fragment Lenght Polymorphism, RFLP) ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) kullanımına dayalı olan Single Strand Confromation Polymorphism(SSCP), Randomly Amplified Polymorphic DNA(RAPD), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Sequence-Tagged Sites (STS), Single Nucleotide Polymorphism (SNP), Mitokondriyal DNA (mtDNA), Variable Number of Tandem Repeats (VNTR), Short Tandem Repeat (STR) veya mikrosatellitlerdir (Bulut 2004).

Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmleri (RFLP)

RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) hibridizasyon temelli kullanılan en yaygın moleküler markör tekniğidir ve DNA polimorfizminin tespitinde, restriksiyon endonükleaz enzimiyle kesilen DNA parçaları jel elekroforezde yürütüldükten sonra nitroselüloz membran üzerine transfer edilir, kimyasal etiketli problarla hibridize edilir ve farklı DNA parçaları ortaya çıkmış olur. Farklı mutasyonlar nedeniyle DNA profilinde nükleotid değişimleri olur bunlara genel olarak Single Nucleotide Polymorphism (SNP) denir. Bu tarz DNA üzerinde meydana gelen değişimlerin tespitinde kullanılır. RFLP markörleri yüksek polimorfizme sahip, kodominant ve tekrarlanabilirliği yüksektir. RFLP, populasyon ve tür içi gen haritalamalarında, yakın akraba taksonlarının ilişkilerinin incelenmesinde ve gen akışı tespitlerinde kullanılmaktadır (Miller ve Tanksley1990, Desplanque ve ark 1999).

Tek zincir konformasyon polimorfizmleri(SSCP)

Tek zincir konformasyon polimorfizmi (SSCP- "Single-strand conformational polymorphism") markörleri, bir DNA dizilim bölgesindeki (1000 baz çiftinden daha kısa) dizi varyantlarını ve mutasyonlarını (özellikle nokta mutasyonları) belirlemede kullanılan bir markör sistemidir (Orita ve ark 1989). PZR ile çoğaltılan bir genom bölgesi, uygun ısıda denatürasyona tabi tutularak mutasyon bölgesinde II. ve III. DNA konformasyonlarının oluşturulması esasına dayanmaktadır. Varyasyona bağlı olarak oluşan II. ve III. konformasyondaki DNA molekülleri jel elektroforezinde farklı bant profilleri oluşturarak varyantların tespitine olanak sağlamaktadır. Teknolojik olarak basit olmasına rağmen, her bir mutasyon için farklı ortamların oluşturulması gerekliliği, bu tekniğin uygulamasını kısıtlayan en önemli etkendir (Liu 1998).

Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA(RAPD)

İlk kez1990'da Williams ve arkadaşları tarafından yeni bir genetik markör olarak geliştirilmiştir.Rastgele nükleotid dizilimine sahip olan 6-10 baz uzunluğundaki primer DNA parçalarını çoğaltmakta ve oluşan farklı bant profillerine göre DNA polimorfizminin tespit edilmesine dayanan bir markördür. Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD- "Randomly amplified polymorphic DNA")

markörleri, PZR tabanlı geliştirilmiştir. Bu markör kullanılarak yapılan çalışmalarda, aynı lokustaki iki farklı allel belirli büyüklükteki bantların varlığıyla ya da yokluğuyla ayırt edilebilmektedir (Liu 1998). RAPD markör sisteminin avantajları; az miktarda DNA yeterlidir, hızlı ve kolay bir yöntemdir, primer tasarımı kolaydır ve dizi analizine gerek yoktur. Dezavantajları ise; yalnızca dominant markörler oluşturması, PCR şartlarındaki küçük bir değişmenin bile sonuçları ve tekrarlanabilirliğini etkilemesi olarak sayılabilir (Williams ve ark 1990, Santos ve ark 1994, Thormann ve ark 1994).

Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi(AFLP)

Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP- "Amplified fragment length polymorphism") tekniği, RE enzimleri ile kesilmiş genomik DNA parçalarının seçici PZR ile çoğaltılması temeline dayanmaktadır. Bu teknik, DNA'nın enzimlerle kesilmesi ve oligonükleotid adaptörlerin bağlanması, kesilen bölgelerin seçici PZR yöntemiyle çoğaltılması ve çoğalan bölgenin poliakrilamid jelde analiz edilmesi olmak üzere 3 temel aşamadan meydana gelmektedir. RE ile kesilen parça bölgeleri nükleotid dizilimi bilinmeden jel elektroforez yöntemi ile görüntülenebilmektedir. Parmak izi analizlerinde ağırlıklı olarak kullanılan AFLP markör sistemi, RFLP markörüne benzer özelliklere sahip olmakla birlikte RFLP'ye göre analizi daha kolaydır ve daha az miktarda DNA'ya gereksinim duymaktadır (Vos ve ark 1995).

Dizisi etiketlenmiş alanlar (STS)

STS(Sequence-Tagged Sites) tekniği RFLP güvenilirliği ve PCR kolaylığını bir araya getiren bir tekniktir. Nükleotid dizisi bilinen az kopyalı RFLP problarından yeterli uzunlukta (16-24 nükleotid) başlatıcı DNA'lar geliştirilmekte ve bu başlatıcılarla genomik DNA üzerinde çok spesifik şartlarda DNA üretimi yapılmasıyla RFLP probunun temsil ettiği lokus çoğaltılmaktadır. Teknik kullanım olarak RFLP'ye göre daha kolay, ucuz ve daha az miktarda DNA gerektirir. Farklı haritalar arasında transferi mümkündür. Tekniğin dezavantajı; ilgili RFLP probu nükleik asit dizilişinin bilinmesini ve buna göre bir çift başlatıcı DNA geliştirilmesini gerektirir. Ayrıca polimorfizm oranı orta düzeydedir (Yıldırım ve Kandemir 2001).

Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP)

Tek nükleotid polimorfizmleri (SNP-"Single nucleotide polymorphism") genomun herhangi bir bölgesindeki tek nükleotid dizilim farklılıklarıdır. Genomda oldukça yaygın bulunan bu markörlere intron ve ekzon bölgelerinde, 500–1000 bç sıklıkta rastlanılabilir (Wang ve ark1998). Genellikle iki allele sahip olan SNP markörlerinin polimorfizmleri daha düşük kalmakta, veri tabanı katalog bilgisine ve polimorfizm dizi bilgisine ihtiyaç duyulmaktadır (Smigielski ve ark2000).

SNP'ler araştırmacıların ihtiyaçlarına göre çalışmaları kolaylaştırmak için dizi konumu, fonksiyonu, türler arası homoloji ve heterozigotluk derecesi olmak üzere 4 büyükbilgi ekseni tek veya daha fazlası bir arada olmak üzere düzenlenebilmektedir (Smigielski ve ark2000). Genomda bilinen 1.42 milyon SNP'nin her 1.91 kbç başına 1 SNP yoğunlukta bulunduğu bilinmekle birlikte ekson gen bölgelerinde 60.000 SNP bulunduğu ve eksonun %85'inin SNP'nin 5 kbç yakınında yer aldığı belirlenmiştir (The International SNP Map Working Group 2001**)**. SNP bilgilerine ulaşmak için; GenBank, PubMed, LocusLink ve Genome Sequence gibi kaynak bilgiler ile NCBI veri tabanındaki bilgiler kullanılmaktadır(Smigielski veark2000). Geliştirilen yeni moleküler teknikler(mikrodizin, gerçek zamanlı PCR) ile çok sayıda SNP'nin analizi daha hızlı ve ekonomik olarak yapılabilmektedir. SNP'ler genetik çeşitlilik, populasyon yapısı, kantitatif özellik lokusları (QTL), markör destekli seleksiyon (MAS) çalışmalarında ve ailesel ilişkilerin araştırılmasında yaygın kullanılmaktadır(Özşensoy ve Kurar 2012).

Mitokondriyal DNA

Maternal kalıtım gösteren mitokondrial DNA(mtDNA), çift zincirli, halkasal yapıda ve aerobik solunumu destekleyen genleri içermektedir. mtDNA toplam genetik materyalin %0.3'ünü oluşturmaktadır (Rokas ve ark2003, Başaran 2004). Tipik bir somatik hücre 500-1000 mitokondri içermektedir (Rokas ve ark2003). mtDNA'da gözlenen mutasyon oranı nükleer DNA'ya (nDNA) göre daha hızlıdır. Bu durumun sebebi olarak, mtDNA'da meydana gelen mutasyonların nDNA'da meydana gelen mutasyonlardan yaklaşık 10–20 kat daha fazla olması ve mtDNA'nın tamir mekanizmasının bulunmaması olduğu gösterilmektedir. Sonuçtaoluşan mutasyon oranı, mtDNA'nın baz diziliminde çok farklı varyasyonların oluşmasına

yol açmaktadır (Başaran 2004). mtDNA canlıların orjinleri, göç haritalarının çıkarılması, adli tıp, dejeneratif hastalıkların sebebinin araştırılmasında ve kanser çalışmalarında kullanılmaktadır. mtDNA rekombinasyon eksikliğinin tespiti ve genetik olarak klonlanan canlıların kalıtımının tespit edilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Rokas ve ark 2003). mtDNA'nın kodlanan bölgesindeki varyasyonun iyi anlaşılması populasyonların genetik yapısının (filogenetik geçmişinin) belirlenmesinde yararlı olacaktır (Finnilä ve ark 2001).

Mikrosatellitler ve Basit dizi tekrarları (STR veya SSR)

Genomda bir lokusta arka arkaya gelen rastgele tekrar dizilerine kısa ardışık tekrarlar (STR "Short Tandem Repeat") denilmektedir. Kısaardışık tekrarlar1–6 bç uzunluğunda tekrarlardan oluşmuş ise mikrosatellit markörler yada basit dizi tekrarları (SSR-"Simple Sequence Repeat") olarak isimlendirilir (Weber ve May 1989, Liu 1998). Genomda 9–100 bç arasında değişen rastgele dizi tekrarları ise minisatellit markörler veya değişken ardışık nükleotid tekrarlar (VNTR-"Variable Number of Tandem Repeats) olarak tanımlanmaktadır. Mikrosatellitlerin tekrar sayısı genelde 100'den, minisatellitlerin tekrar sayısı ise 1000'den daha azdır (Liu 1998). Mikrosatellitler prokaryot ve ökaryot genomun herhangi bir bölgesinde bulunabilmektedir. Prokaryot ve ökaryot hücrelerde rolü tam olarak bilinmemektedir (Bennett 2000). Mikrosatellit markörler, yaygın olarak –di,-tri nükleotidli tekrarlardan [(CA)n] oluşmakla birlikte farklı formlarda da (AC, AT, AAC, AAT, CCG vb) bulunabilmektedir (Ellegren ve ark1997, Orti ve ark1997, Bruford ve ark 2003).

Mikrosatellit markörleri, PZR teknolojisinin yardımıyla genetik çalışmalarda en çok tercih edilen markör sistemini oluşturmaktadır (Weber ve May 1989, Liu 1998). Mikrosatellitlerde tekrar bölgelerini kuşatan DNA dizileri bir türün bireylerinde aynı olmasına rağmen tekrar dizilim sayıları bireyler hatta bireyin homolog kromozomları arasında dahi farklılık gösterebilmektedir. Üç nükleotid tekrarlı mikrosatellit bölgelerinin %60 oranında polimorfik olduğu, 2 bç tekrarlı mikrosatellitlerin ise %100 polimorfik özelliğe sahip olduğu belirlenmiştir (Metta ve ark2004). Mikrosatellitler, genomda yaygın olarak bulunmaları, polimorfizm oranının yüksek olması ve kullanımının kolay olması nedeniyle populasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla tercih edilmektedir.Çok yüksek teknolojilerin var olmasına

rağmen mikrosatellitler pratik, ucuz ve populasyon yapıları hakkında güvenilir bilgiler vermesinden dolayı hala en çok tercih edilen ve kullanılan markör sistemlerindendir(MacHungh ve ark 1997, Kurar 2001, Freeman ve ark 2005).

Mikrosatellit markörlerin unlinked olması, polimorfizm derecesinin yüksek olması, mutasyon oranının düşük olması ve allelerinin kolayca belirlenebilmesi istenen özelliklerdendir. Bu amaçla ebeveyn tayinlerinde gerçek dışlama gücünün (DG) hesaplanabilmesi için kullanılacak mikrosatellitler arasında linkage (birleşik) olmaması istenmektedir. Dolayısıyla bu markörlerin farklı kromozomlar üzerinde olmaları tavsiye edilmektedir (Bulut 2004).

Dışlama gücü ilk kez Fisher (1951), tarafından ortaya konulmuştur. DNA testlerinde, testin özellikle akrabalık ilişkisinin varlığının güvenilirliğinin tespiti amacıyla istatistiksel olarak dışlama gücü kullanılmaktadır (Bulut 2004).

1.4.Keçilerde Yapılan Genetik Karakterizasyon Çalışmaları

Keçi genomu 30 çift kromozomdan meydana gelmiş olup, diğer memeli hayvanlara benzer olarak 2500 - 3000 cM büyüklüğünde olduğu tahmin edilmektedir. Diğer memeli hayvanların genomlarına benzer olarak, keçi genomunda yaklasşık 50.000 – 70.000 genin varlığı tahmin ediliyordu. Fakat özellikle insan genom projesinin tamamlanması ile insan ve dolayısıyla diğer memeli hayvanların gen sayılarının 25.000 – 30.000 civarında olduğu tahmin edilmektedir (Bulut ve ark 2009).

Son 20 yılda biyoteknolojik gelişmelerin artmasıylabirlikte hemen hemen bütün evcil ve yaban hayvanlarında genom projeleri tamamlanmakta veya tamamlanmak üzere çalışılmaktadır. Gen çip (mikroarray) teknolojisiningelişmesiyle çok kısa sürede binlerce genin analizi tamamlanabilmektedir. Farklı keçi ırklarının kullanıldığı bir çalışmada (Tosser-Klopp 2012), Ankara Keçilerinde47195 adet SNP varlığı bildirilmiştir.Koyun ve keçi ırklarında yapılacak benzerlik, farklılık ve genetik yapı çalışmaları içinmikrosatellitler, AFLP, SNP, mtDNA ve Y kromozomlarının uygun markörler olduğubelirtilmektedir (Lenstra ve ark 2005).

Biyokimyasal enzim polimorfizmi çalışmaları değişik elektroforez teknikleriKullanılarak uzun yıllardır gerçekleştirilmektedir. Farklı ülkelerdeki bazı araştırıcılar kendiülkelerine özgü keçi ırklarının genetik yapılarını elektroforetik

yöntemlerle belirlemişler(Tucker ve Clarke 1980, Fesüs ve ark 1983, Tunon ve ark 1989, Wang ve ark 1990, Elmacı ve Asal 1998, Altunok ve ark 2002) ve diğer ülke keçi ırkları arasındaki genetik yakınlığıaraştırmışlardır.

Önceleri çiftlik hayvanlarının genotipik farklılıklarının ve benzerliklerinin belirlenmesinde fenotipik veriler, morfolojik karakterler değerlendirilmiş ancak bu veriler çoğunlukla çevre şartlarından yoğun olarak etkilendiklerinden yetersiz kalmıştır (Mercan ve Okumuş 2004).

DNA tabanlı markörlerin özellikle mikrosatellitlerin populasyon genetiği ve ebeveyn tayini çalışmalarında kullanılmaya başlanılmasıyla diğer markör sistemleri daha az tercih edilir duruma gelmiştir.

Saitbekova ve ark (1999), sekiz İsviçre keçi ırkında genetik çeşitlik üzerine çalışmalar yapmış, çalışmada 20 adet sığır mikrosatelellit markörü kullanmışlardır. Çalışmada toplam populasyon içerisindeki genetik çeşitliliğin %27'sinin populasyonlar arasındaki farklardan olduğu ortaya konmuştur.

Diez-Tascon ve ark (2000), altı Merinos populasyonunda akraba olmayan 253 bireyde 20 adet mikrosatellit markörü kullanarak genetik varyasyonu araştırmışlardır. Çalışma sonucunda İspanyol populasyonun en yüksek varyasyona sahip olduğu ve Portekiz populasyonlarından önemli şekilde ayrıldığı ortaya konmuştur.

Ganai ve Yadav (2001), üç Hindistan keçi ırkında; genetik varyasyon, genetik mesafe ve bu üç türün birbirinden ayrılma zamanlarını araştırmak amacıyla 16 adet sığır mikrosatellit markörü kullanmışlardır. Ortalama allel sayısı 5.37±0.78 ve mikrosatellit başına düşen ortalama allel uzunluğu 143.9±33.75 olarak belirtilmiştir.

Koyun ve keçi ırkları arasındaki genetik farklılığı araştırmak için yapılan bir çalışmada(Sun ve ark 2004), 7 adet mikrosatellit markör kullanılmış ve bu iki tür arasında genetik olarakönemli bir farklılığın bulunmadığı belirtilmiştir. Benzer bir çalışmada da (Yang ve ark 2003) yine 7 adet mikrosatellit markörü kullanılmış ve bu tip çalışmalar için mikrosatellitler tavsiyeedilmiştir.

Yapılan bazı çalışmalar (Luikart ve ark 1999, Maudet ve ark 2001, Kim ve ark 2004, Yang ve ark 2004), koyun mikrosatellit markörlerinin keçi ve diğer yakın ilişkili türlerdedekullanılabileceğini göstermektedir.

Farklı keçi populasyonları arasındaki genetik ilişkiyi araştırmak için değişik ülkelerdebirçok araştırıcı mikrosatellit markörlerden yararlanmıştır. Zhang ve ark (2004), 4 adetmikrosatellit lokusunu 3 farklı keçi ırkında çalışmış ve kullanılan bu markörlerin keçiırklarının genetik farklılığın araştırılması için kullanılabileceğini belirtmişlerdir. YineAfrika'daki yerli keçi ırklarının genetik karakterizasyonunu belirlemek için yapılan birçalışmada (Chenyambuga ve ark 2004), Afrika'nın çeşitli bölgelerinden keçiler kullanılmış, ayrıca Avrupa, Asya ve Orta Doğu Bölgelerinin keçi ırkları da bu çalışmaya dâhil edilerek 19mikrosatellitle çalışma yapılmıştır. Benzer çalışmalar Hindistan'da (Ganaive Yadav 2001, Rahul ve ark 2003), Çin'de (Li ve ark 2002), Fransa'da (Ouafi ve ark 2002), İsviçre'de(Stahlberger-Saitbekova ve ark 1999, Stahlberger-Saitbekova ve ark 2001) ve diğer ülkelerde (Barker ve ark 2001, Jandurova ve ark 2004) yapılmıştır.

Thilagam ve ark (2006), Hindistanın karakteristik keçi ırkı olan Kanniadu keçilerinde 20 adet mikrosatellit markör ile polimorfizm çalışması yapmışlardır. Çalışmada 163 adet allel gözlenmiş ve çalışılan lokus başına ortalama allel sayısı 8.2 olarak belirtilmiştir. 20 lokus için 4 tanesinin HWE dengesinde olduğu diğer 16 lokusun ise HWE dengesinden sapmış olduğu tespit edilmiştir.

Mikrosatellit markörler bireylerin gerçekten bahsedilen ırka ait olup olmadığınıbelirlemede oldukça bilgi verici sistemlerdir. Bu amaçla kullanılan assignment testindeoldukça başarılı sonuçlar elde edilebilmektedir. Çin'de 5 farklı populasyon kullanılarakyapılan bir çalışmada (Fan ve ark2008), 18 mikrosatellit markör kullanılmış ve her bir bireyinsöylenilen ırka ait olup olmadığı araştırılmış ve % 71-85 düzeyinde başarı elde edilmiştir.Koruma altına alınacak ırkları belirlemede de mikrosatellit markörleri yaygın olarakkullanılmaktadır. Suudi Arabistan'da bulunan Ardi keçi ırklarında genetik çeşitliliğinseviyesini belirlemek için yapılan çalışmada (Aljumaah ve ark 2012), 14 adet mikrosatellitmarkör kullanılmış ve sonuçların çalışılan ırk için geliştirilecek milli koruma stratejisi için kullanılabileceği belirtilmiştir. Tantia ve ark (2004), 2 farklı keçi ırkında son dönemlerdegenetik bir darboğaz olup olmadığını araştırmak için mikrosatellitleri kullanmışlar ve iki ırktada allel çeşitliliğinde bir azalma tespit etmişler ve koruma stratejileri önermişlerdir. İtalya'dayapılan bir çalışmada (di Stasio 2002), 7 koyun ve 2 keçi ırkı kullanılmış, populasyonlarda genetik sürüklenme olduğu, genetik çeşitliliğin azaldığı tespit

edilmiş ve çalışılan koyunırklarının ikisi için acil koruma programlarının uygulanması gerekliliği bildirilmiştir.

Mikrosatellitler ebeveyn tayini çalışmalarında da, kullanılabilecek ideal markörlerdenbiridir. İçerisinde Türkiye'den de bir araştırıcının bulunduğu bir çalışmada (Luikart ve ark1999), mikrosatellitlerin ebeveyn tayini çalışmalarında doğruluğu yüksek sonuçlar verdiği veayrıca bu markörlerin keçilerde populasyon yapısı, geçmişi ve çeşitliliğini kapsayançalışmalarda kullanılabileceği belirtilmiştir.

Türkiye'de de keçi populasyonlarında genetik çalışmalar yapılmış ve yapılmayadevam etmektedir. Bu çalışmalar daha çok protein ve enzim polimorfizmini kapsamaktadır.Ertuğrul ve Akyüz (2000), protein polimorfizmini araştırmış ve Ankara keçilerindevaryasyonun daha geniş olduğunu belirtmişlerdir. Elmacı ve Asal (1998), Ankara keçilerinde transferin polimorfizmini araştırmışlar ve çalışmada kullanılan populasyonun transferinlokusu bakımından polimorf olduğu bildirilmiştir. Yine Ankara keçilerinde Altunok ve ark (2002), tarafından yapılan enzim polimorfizmi çalışmasında ise çalışılan enzimlerde polimorfizm görülmediğibildirilmiştir.

Türkiye'de keçi ırklarında DNA markörleriyle yapılan çalışmalar enzim ve proteinpolimorfizmi ile yapılan çalışmalardan daha az sayıda görünmektedir. Fakat son yıllardamikrosatellit markörler ile yapılan çalışma sayısı artmaya başlamış ve halen devametmektedir. Türkiye'de bulunan 8 farklı keçiırkında 11 mikrosatellit markör kullanılarak yapılan çalışmada (Bulut ve ark 2009),evcil keçi ırklarında genetik çeşitlilik araştırılmış, mikrosatellitlerin hem genetik çeşitlilik hem dekimliklendirme çalışmalarında güvenle kullanılabileceği belirtilmiştir.

Ağaoğlu ve ark (2012)'nın yaptıkları çalışmada,5 farklı yerli keçi ırkında 20 adetmikrosatellit markör kullanılarak çoklu (multiplex) PZR sistemi denenmiş, sonuçların genetikçeşitlilik ve çoklu PZR sistemi çalışmalarında başarıyla kullanılabileceği belirtilmiştir.İlgili çalışmada mikrosatellit markörler kullanılarak Türkiye'de bulunan bazıyerli keçi ırklarında genetik yapı ve çeşitlilik araştırılmış, ayrıca bu markörlerin kimliklendirmeçalışmalarında kullanılabilirliğide test edilmiştir.

Son yıllarda özellikle keçi ve koyun gibi küçükbaş hayvan türlerinin hem yaban hem de evcil türlerinde sayı olarak hızla azalma görülmektedir. Birçok etkene

bağlı olan ve istenmeyen bu durum, biyolojik çeşitliliğin temel özelliği olan genetik varyasyonu da olumsuz etkilemektedir. Hayvansal genetik çeşitliliğin azalması, gelecekte genotiplerin geliştirilme şansını da ortadan kaldırmaktadır. Bu nedenle yerli gen kaynaklarının hassasiyetle korunması gerekmektedir.

Sunulan bu çalışmada populasyon genetiğinde sıklıkla tercih edilen mikrosatellit markörler kullanılarak Türkiye'de bulunan evcil ve yaban keçileri arasındaki genetik benzerlik ve farklılıklar araştırılmıştır.

2.GEREÇ ve YÖNTEM

2.1.Hayvan Materyali

Çalışmada 8 farklı keçi populasyonuna ait toplam 320 birey kullanılmıştır.Daha önce laboratuvarımızda çalışılmış olan 'Türkiye'de Bulunan Bazı Keçi Irklarının Genetik Yapılarının Mikrosatellit Markörlerle İncelenmesi'' isimli ve 05401104numaralı BAP Projesinde kullanılan Kilis Keçisi (30 adet), Shami Keçisi (30 adet), Honamlı Keçisi (30 adet), Saanen Keçisi (25 adet) ve Kıl Keçisi (30 adet)'ne ait olan kan örnekleri DNA elde etmek için kullanılmıştır. Ankara Keçisi (Eskişehir Hattı ve Lalahan Hattı, 60 adet) için ise T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı'na bağlı Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde bulunan hayvanlardan kan örneği alınarak DNA elde edilmiştir. Yaban Keçisi için TÜBİTAK-KAMAG tarafından desteklenen "Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi'' isimli 109 G103 (Ana proje no:109 G016) nolu araştırma projesi kapsamında elde edilen 115 adet DNA örneği kullanılmıştır.

Çizelge2.1. Evcil keçi türlerinin ve Yaban keçisi örneklerinin toplandığı yerler.

Populasyonlar	**Örnek Sayısı**	**Örneklerin Toplandığı Bölgeler**
Kilis Keçisi	30 adet	Hatay
Shami Keçisi	30 adet	Hatay
Honamlı Keçisi	30 adet	Konya-Seydişehir, Karaman- Kâzımkarabekir
Saanen Keçisi	25 adet	S.Ü Ziraat Fakültesi
Kıl Keçisi	30 adet	Konya-Seydişehir
Ankara keçisi (Lalahan hattı)	30 adet	Lalahan Hayvancılık Merkezi/Ankara
Ankara keçisi (Eskişehir hattı)	30 adet	Lalahan Hayvancılık Merkezi/Ankara
Yaban keçisi	115 adet	Antalya, Alanya, Mersin, Erzincan, Niğde, Isparta Adıyaman, Erzurum, Muğla, Artvin, Tunceli, Sivas, Giresun, Adana, Maraş, Tokat, Hatay

2.2. Kandan DNA Ekstraksiyonu

Daha önce mevcut olan kan örnekleri ve sonradan tekniğine uygun olarak Vena jugularis'ten EDTA'lı tüplere alınan kan örnekleri kullanılıncaya kadar -20 ^{0}C'de muhafaza edilmiştir.

Alınan kan örneklerinden DNA'yı ekstrakte etme işlemi için Standart Fenol/Kloroform Yöntemi (Sambrook ve ark 1989) kullanılmıştır.

- Derin dondurucuda (– 20 ^{o}C) muhafaza edilen kan örnekleri çözdürülerek her bir örnekten 100 µl 1,5 ml'lik ependorf tüplerine aktarıldı.
- Üzerine 300 µl 1XTNE, 30 µl Tris-Hcl (pH: 8), 5µl Proteinaz-K (10 mg/ml) ve 10 µl % 20'lik SDS solüsyonlarından ilave edildi. Tüplerin ağzı kapatılarak 50-55 ^{o}C'de 12 saat (1 gece) karıştırıcılı inkübatörde bekletildi.
- İnkübasyon işleminden sonra her bir tüpe 445 µl fenol çözeltisi eklenerek 10 dakika (dk) alt üst edilerek karıştırıldı ve 3000 rpm'de, +4 ^{o}C'de, 10 dk santrifüj (Hettich Universal 32R) edildi.
- Santrifüj işleminden sonra tüplerin üst kısmındaki süpernatant tabakası dikkatlice alınarak temiz ependorf tüplerine aktarıldı ve üzerlerine 445 µl fenol:kloroform:izoamilalkol (25:24:1) eklendi ve tüpler 10 dk alt üst edildikten sonra 3000 rpm'de, +4 ^{o}C'de, 10 dk santrifüj edildi.
- Süpernatant tekrar temiz ependorf tüplerine aktarıldı ve bu sefer üzerine 445 µl kloroform:isoamil alkol (24:1) eklenerek 10 dk alt üst edilip, 3000 rpm'de, +4 ^{o}C'de, 10 dk santrifüj edildi.
- Süpernatant tekrar temiz ependorf tüplerine aktarıldı ve üzerlerine – 20 ^{o}C'de bekletilen etil alkolden (% 96) 890 µl eklendi, 10.000 rpm'de +4 ^{o}C'de 10 dk santrifüj işlemi yapıldı.
- Santrifüj işleminden sonra tüplerin dip kısmında pellet elde edildi.
- Tüpler tamamen boşaltılarak pellet %70'lik 890 µl etil alkol ile 10 dk karıştırılarak yıkandıktan sonra tekrar 10.000 rpm'de +4 ^{o}C'de 10 dk santrifüj işlemi yapıldı.
- Santrifüj işleminden sonra tüplerdeki etil alkol boşaltıldı.
- Pellet üzerine 100 µl TE solüsyonu ilave edilerek bütün gece (overnight) + 4 ^{o}C'de bekletilerek pellet çözdürüldü.
- Çözdürülen pelletler kullanılmadığı zamanlarda – 20 ^{o}C'de muhafaza edildi.

2.3. DNA Ekstraksiyonunda Kullanılan Çözeltilerin Hazırlanışı.

1XTNE(30 ml)
0.1 M Tris-HCl(pH:8) (1,5 ml)
1 M NaCl (3 ml)
0,5 M EDTA (300 µl)
Distile su ile 30 ml'ye tamamlanır.

0.1 M Tris-HCl (pH:8) (1 lt)
12.1 g Tris
800 ml Distile su
HCl kullanılarak pH ayarlanır
Distile su ile 1 lt'ye tamamlanır.

SDS %20 (1 lt)
200 g SDS
900 ml distile su ile çözdürülür
pH 7,2'ye ayarlanır
Distile su ile 1 lt'ye tamamlanır.

0,5 M EDTA (pH:8) (1 lt)
86,1 g $EDTANa_2$
800 ml distile su ile çözdürülür
NaOH ile pH ayarlanır
Distile su ile 1 lt'ye tamamlanır.

TE (100 ml)
1 M Tris-HCl (pH:8) (2ml)
1 M EDTA (pH:8) (200 µl)
Distile su ile 1 lt'ye tamamlanır.

M NaCl(1 lt)
58,44 g NaCl
800 ml distile su ile çözdürülür.
Distile su ile 1 lt'ye tamamlanır

1M EDTA (pH:8) 1 lt)
172,2 g $EDTANa_2$
800 ml distile su ile çözdürülür.
NaOH ile pH ayarlanır.
Distile su ile ile 1 lt'ye tamamlanır.

2.4.Absorbans Tayini

Saflık derecesini ve DNA miktarını ölçmek için NanoDrop 1000 Spektrofotometre cihazı kullanılmıştır.Ekstraksiyonu yapılan örneklerin DNA saflık derecelerini hesaplamak için örneklerin 260 nm ve 280 nm dalga boylarında optik dansite (OD) oranları spektrofotometre kullanılarak ölçülmüştür.

DNA için 260/280 oranı; 1.80 nm olması tavsiye edilmektedir (Sambrook ve ark 1989).DNA izolasyonu yapılan tüm örneklerin nanodrop ölçümleri yapıldı ve 10ng/µl altındakimiktar sonuçlarında örnekler tekrar izole edildi.

2.5.DNA Bantlarının Gözlemlenmesi

DNA bantları için %0.8'lik agaroz jelkullanılmıştır. 1.6 gram agaroz tartılıp üzerine 200ml 0.5 X TBE tamponu eklenerek mikrodalga fırında eritilir.Üzerine 4-5 µl Ethidium Bromide ilave edilir. 2 µl DNA örneği 6X Loading Dye ile birlikte %0.8'lik agaroz jelinde 100 V/h elektroforez işlemine tabi tutularak, bantların boyutlarına göre DNA miktarı ve kalitekontrolü yapılır.

2.6. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) Aşaması

Çalışmada PZR karışımı her bir örnek için son hacim 15 µl olacak şekilde 0.2 ml'lik kuyucuklara sahip 96-well plate'ler içerisine hazırlanmıştır. Her PZR reaksiyonunda 2 adet negatif kontrol (DNA örneği ilave edilmemiş) ve 2 adet pozitif kontrol (daha önceden aynı gen bölgeleri yönünden çalışılmış, allel uzunlukları bilinen DNA örnekleri) kullanılarak hem kontaminasyon olup olmadığı, hem de yükseltgenmenin doğruluğu kontrol edilmiştir. PZR reaksiyonu için optik dansiteleri önceden hesaplanan TE içinde çözdürülen DNA solüsyonlarından her örnek için 2-2.5 µl kullanılmıştır.

Araştırmada genomik DNA'da 20 adet mikrosatellit (Çizelge 2.3) bölgesi PZR işlemi ile çoğaltıldı (amplifiye edildi). Çalışmada kullanılan mikrosatellitler Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) ve Uluslararası Hayvan Genetiği Derneği (ISAG) tarafından tavsiye edilen listeden seçilmiş olan ve "Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi'' isimli TÜBİTAK-KAMAG projesi kapsamında kullanılan lokuslardır.

PZR protokolü olarak multipleks PZR yöntemi uygulanmıştır. Bu amaçla 8 ayrı multipleks grubu kullanılmıştır. Her PZR reaksiyonu için kullanılan PCR buffer, dNTPs, $MgCl^{++}$, primerler, Taq DNA Polimeraz, DNA miktarları ve PZR reaksiyonu şartları aşağıda Çizelge2.4'teverilmiştir.

2.6.1. PZR ürünlerinin varlığını tespiti

PZR işleminden sonra amplifikasyon ürünlerinin olup olmadığını kontrol etmek amacıyla % 1.5'luk agaroz jel kullanılmıştır. 0.45 gr agaroz tartılıp 30 ml 0.5XTBE tamponu (Tris-Borik Asit-EDTA) içerisine konur ve mikrodalga fırında

eritilir. Bu karışım içerisine 1 µl ethidium bromide (10 mg/ml) ilave edilir. Hazırlanan karışım, içerisinde tarak bulunan jel tepsisine hava kalmayacak şekilde dökülür, oda sıcaklığında jel polimerize olana kadar beklenir. Daha sonra tarak dikkatlice çıkarılır. Jel tepsisi içinde TBE (0.5X) bulunan elektroforez tankına yerleştirilir. 1 µl PZR ürününe 5 µl bromfenol mavisi ve 5 µl distile su ilave edilir. Hazırlanan bu karışım tarakla oluşturulan jelin kuyucuklarına dikkatlice otomatik pipetle yüklenir. Jel güç kaynağı kullanılarak 100 V voltajda 30 dk yürütülür. Bu işlem tamamlandıktan sonra jel UV transilluminatör kullanılarak gözlemlenir ve PZR ürünleri görüntülenir.

Amplifikasyonu gerçekleşmeyen örnekler için PZR işlemi tekrarlandı, amplifikasyonu gerçekleşen örnekler ise bir sonraki işleme kadar – 20 ^{o}C'de muhafaza edildi.

Çizelge2.3. Çalışmada kullanılan mikrosatellitlere ait bilgiler.

Lokus	PZR Grup	Primer Dizisi		İşaretleme
		Forward	Reverse	
MM12	1	caagacaggtgtttcaatct	atcgactctggggatgatgt	D3
ILSTS030	1	ctgcagttctgcatatgtgg	cttagacaacaggggtttgg	D2/D3
CSSM39	1	aatcggaacctagaatattttgag	agataaaatgtgagtgtggtctcc	D4
RT1	1	tctgtggtttctaggcaggg	tgaccaccagtacaaggacc	D4
CSRP26	2	acagaggtgaagaataaggagagtg	gatagtttcagaagacccagttgag	D2/D4
ETH10	2	gttcaggactggccctgctaaca	cctccagcccactttctcttctc	D3
BMC1009	2	gcaccagcagagaggacatt	accggctattgtccatcttg	D4
BM848	2	tggttggaaggaaaacttgg	ccctctgctcctcaagacac	D4
INRABERN172	3	ccacttccctgtatcctcct	ggtgctcccattgtgtagac	D4
ILSTS11	3	gcttgctacatggaaagtgc	ctaaaatgcagagccctacc	D4
TGLA122	3	ccctcctccaggtaaatcagc	aatcacatggcaaataagtacatac	D3
ILSTS05	4	ggaagcaatgaaatctatagcc	tgttctgtgagtttgtaagc	D4
ETH152	4	agggagggtcacctctgc	cttgtactcgtagggcaggc	D3
IDVGA29	5	cccacaaggttatctatctccag	ccaagaaggtccaaagcatccac	D3
CSSM43	6	aaaactctgggaacttgaaaacta	gttacaaatttaagagacagagtt	D4
FCB20	7	aaatgtgtttaagattccatacagtg	ggaaaaccccatatatacctatac	D4
INRA05	7	caatctgcatgaagtataaatat	cttcaggcataccctacacc	D3
BM203	7	gggtgtgacattttgttccc	ctgctcgccactagtccttc	D3
FCB304	8	ccctaggagctttcaataaagaatcgg	cgctgctgtcaactgggtcaggg	D3
MB25	8	ggacacgttctgcagatacaactac	gaactctccttaagcatacttgctc	D2

Çizelge 2.4. Çalışmada kullanılan PZR grupları, kullanılan primerler ve PZR şartları.

1. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	8µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	1,5µl	94˚---20sn
MgCl2	1,2µl	56˚---35sn
dNTPs	0,3µl	72˚---1dk
MM12	0,3µl	72˚---5dk
ILSTS030	0,5µl	10˚--- ∞
CSSM39	0,4µl	
RT1	0,2µl	
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2,5 µl	

2. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	8,25µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	1,5µl	94˚---20sn
MgCl2	1,2µl	56.5˚---35sn
dNTPs	0,3µl	72˚---1dk
CSRP26	0,4µl	72˚---5dk
ETH10	0,35µl	10˚--- ∞
BMC1009	0,2µl	
BM848	0,2µl	
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2,5 µl	

3. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	6,6µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	2µl	94˚---20sn
MgCl2	1,5µl	57˚---40sn
dNTPs	1µl	72˚---50sn
INRABERN172	0,7µl	72˚---5dk
ILSTS11	0,2µl	10˚--- ∞
TGLA122	0,5µl	
BSA	0,4µl	
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2 µl	

4. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	7,7µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	2µl	94˚---20sn
MgCl2	1,5µl	56.5˚---35sn
dNTPs	1µl	72˚---50sn
ILSTS05	0,3µl	72˚---5dk
ETH152	0,4µl	10˚--- ∞
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2 µl	

5. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	14,2µl	95˚---4dk
10xPzr Buffer	2,5µl	94˚---30sn
MgCl2	1,5µl	60-52˚---30sn
dNTPs	4µl	72˚---30sn
IDVGA29	0,6µl	94˚---30sn
Taq polimeraz	0,1µl	52˚---30sn
DNA	2 µl	72˚---30sn
		72˚---10dk
		10˚--- ∞

6.Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	8µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	2µl	94˚---20sn
MgCl2	1,5µl	51.5˚---35sn
dNTPs	1µl	72˚---50sn
CSSM43	0,4µl	72˚---5dk
Taq polimeraz	0,1µl	10˚--- ∞
DNA	2 µl	

7. Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	7,3µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	1,5µl	94˚---25sn
MgCl2	2,4µl	57˚---40sn
dNTPs	0,3µl	72˚---1dk
FCB20	0,35µl	72˚---5dk
INRA05	0,35µl	10˚--- ∞
BM203	0,30µl	
BSA	0,4µl	
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2 µl	

8.Grup PZR Mix	1 Örnek için	**PZR şartları**
dH2O	8,15µl	95˚---3dk
10xPzr Buffer	2,25µl	94˚---25sn
MgCl2	1,2µl	57˚---40sn
dNTPs	0,3µl	72˚---1dk
MB25	0,5µl	72˚---5dk
FCB304	0,5µl	10˚--- ∞
Taq polimeraz	0,1µl	
DNA	2 µl	

2.7.Kapiller Elektroforez

Floresans WELL-RED işaretli primerler (Çizelge2.3) kullanılarak yükseltgenen PZR ürünlerine Beckman Coulter CEQ-8000 Genetik Analiz Sistemi ile kapiller elektroforez işlemi uygulanmıştır. Kapiller elektroforez işlemlerinde farklı WELL-RED (D2, D3 ve D4) işaretli ve farklı büyüklükte aynı DNA'ya ait farklı mikrosatellit PZR ürünleri birleştirilerek 8 farklı havuz (pool) sistemi uygulanmıştır.

Hazırlanan her bir PZR ürünü havuzundan 0.5 µl PZR ürününe 25 µl Hi-Di formamide içeren Sample Loading Solution (SLS) ve S-400 DNA standardı (Beckman Coulter p/n 608098) eklenmiştir. FRAG-3 metodu (95 ^{0}C'de 2 dakika denatürasyon, 2.0 kV 30 sn enjeksiyon, 6 kV 35 dakika seperasyon ve 50 ^{0}C kapiller ısısı) ile 33 cm DNA seperasyon kapilleri (Beckman Coulter p/n 608087) kullanılarak kapiller elektroforez ile ayrıştırılmıştır. Fragtest programı kullanılarak markör genotipleri (allelleri) belirlenmiştir.

2.8.İstatistiksel Analizler

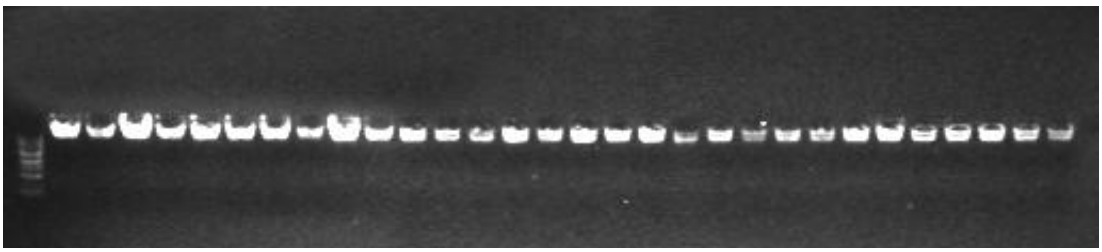
Elde edilen genotipik veriler kullanılarak Raymond ve Rousset (1995) tarafından tavsiye edildiği şekilde, temel parametreler olan toplam allel sayısı, allel frekansları, gözlenen (Ho) ve beklenen heterozigotluk (He), Hardy-Weinberg Dengesine (HWE) uygunluk değerleri ve bireylerin ırklara atanması (Assignment Test) GenAlEx6 (Peakall ve Smouse 2006)programı yardımıyla yapılmıştır. Wright'ın F istatistikleri değerleri ve Faktoriyel Birleştirici Analizleri (Factorial Correspondence Analysis; FCA)GENETIX 4.05 (Belkhir ve ark 1996–2004) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Filogenetik ağaçların çizimi için Populaton 1.0 (Goldstein ve Pollock 1997) ve TreeWiev (Nei ve ark 1983) programlarından yararlanılmıştır.

Ayrıca mikrosatellit verileri kullanılarak populasyonlara Structure (Yapı) Testi uygulanmış, bu amaçla Structure v2.2 (Falushve ark 2007)'den yararlanılmıştır.

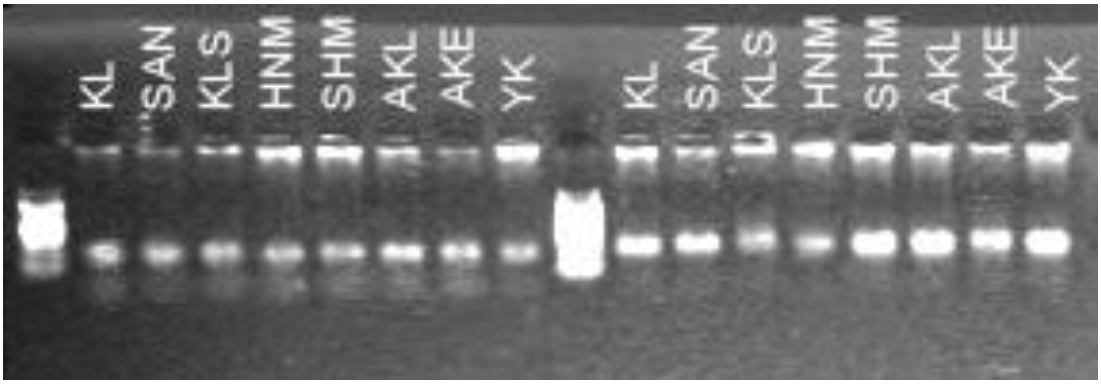
3.BULGULAR

3.1. DNA İzolasyonu Sonuçları

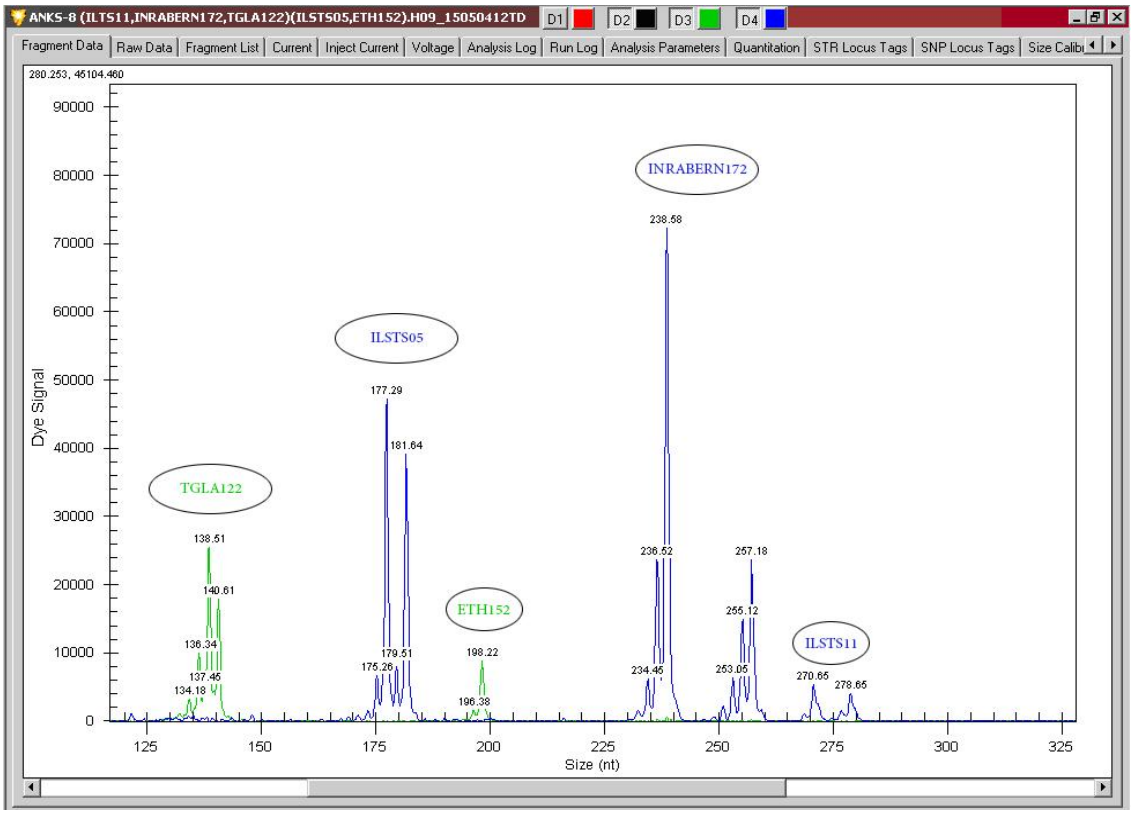
Organik yöntem (standart fenol/kloroform) ile elde edilen ve TE solüsyonu ile çözdürülen DNA'ların kalite kontrolü % 0.8'lik agaroz jelde görüntülenerek (Şekil3.1) ve OD_{260}/OD_{280}'de spektrofotometre ile ölçümü yapılarak PZR analizlerinde kullanılmıştır. PZR analizlerinden sonra ise PZR ürünlerinin varlığı % 1.5'luk agaroz jelde görüntülenerek (Şekil3.2)kontrol edilmiştir.



Şekil3.1.DNA örneklerinin% 0.8'lik agaroz jel görüntüsü.



Şekil3.2.PZR ürünlerinin % 1.5'luk agaroz jel görüntüsü.



Şekil3.3. Mikrosatellit bölgelerinin fragment analizi sonuçlarından bir görüntü.

3.2. Genetik Varyasyon ve Heterozigotluk Düzeyleri

Çalışmada 8 farklı keçi populasyonuna ait toplam 320 birey (Çizelge2.1)ve 20 adet mikrosatellit markör (Çizelge2.3)kullanılmıştır.

Toplam 20 mikrosatellit lokusuna ait allel genotipleri kullanılarak yapılan genetik karakterizasyon çalışmasında toplam 286 adet allel gözlenmiştir. Tüm populasyonlarda en az allel sayısı ETH152 (4) ile IDVGA29 (4) lokuslarında, en fazla allel sayısı ise MM12 (20)lokusunda gözlenmiştir (Çizelge3.1). Populasyonlar bazında ortalama allel sayısı 5.70 (Ank-La) ile 11.1 (Yaban Keçisi) arasında değişmektedir. Ortalama allel sayıları evcil keçilerde bibirine yakın sayılarda olmasına rağmen (5.75-7.50) Yaban keçisi ortalama allel sayıları (11.1) dikkat çekici oranda yüksek bulunmuştur.

Çizelge3.1. Populasyonlarda Görülen Allel Sayıları ve Uzunlukları.

Locus	Allel Uzunluğu (bç)	SHAMİ	KİLİS	HONAMLI	KIL	SAANEN	ANK_LA	ANK_ES	YABAN KEÇİSİ	Toplam
MM12	90-120	12	14	13	12	16	7	7	20	**25**
ILSTS030	140-180	10	11	11	12	11	8	6	16	**18**
CSSM39	180-190	4	2	3	3	4	3	3	3	**6**
RT1	190-210	9	8	6	9	7	8	7	11	**15**
CSRP26	128-146	6	10	9	8	6	7	6	18	**22**
ETH10	200-210	5	6	5	5	3	4	6	5	**11**
BMC1009	290-320	10	9	10	10	9	9	10	15	**17**
BM848	230-260	14	16	14	16	9	10	10	17	**24**
INRABERN172	240-252	7	6	6	7	5	6	7	12	**14**
ILSTS11	260-280	9	8	8	8	5	5	5	10	**13**
TGLA122	126-150	8	8	7	10	8	5	7	16	**20**
ILSTS05	180-270	7	4	7	7	3	5	6	8	**11**
ETH152	190-200	2	2	2	2	3	2	2	4	**4**
IDVGA29	80-120	1	1	1	2	2	2	2	3	**4**
CSSM43	238-240	6	6	5	8	5	6	6	7	**12**
FCB20	70-110	5	10	8	7	6	6	6	9	**15**
INRA05	120-150	5	5	5	6	4	4	4	5	**8**
BM203	180-230	2	1	2	1	3	1	1	7	**8**
FCB304	120-170	10	13	10	8	9	8	7	20	**23**
MB25	190-230	7	10	6	9	9	8	7	16	**16**
ORTALAMA	**---**	**6,95**	**7,50**	**6,90**	**7,50**	**6,35**	**5,70**	**5,75**	**11,10**	**286**

Beklenen heterozigotluk (He) ortalama olarak 0.644 olarak belirlenmiş, değerlerin 0.609 – 0.705 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise ortalama olarak 0.578 olarak belirlenmiş ve 0.499 – 0.632 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. En yüksek gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri Kilis ve Kıl (0.933) keçilerinde, en düşük gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri ise Ankara_Es (0.067) keçilerinde gözlenmiştir(Çizelge3.2).

Çizelge3.2. Beklenen (He) ve Gözlenen (Ho) Heterozigotluk Değerleri.

LOKUS	He/ Ho	POPULASYON SHAMİ (n=30)	KİLİS (n=30)	KIL (n=30)	HONAMLI (n=30)	SAANEN (n=25)	ANK_L (n=30)	ANK_ES (n=30)	YABAN KEÇİSİ (n=115)
MM12	**He**	0,777	0,880	0,835	0,885	0,869	0,830	0,804	0,886
	Ho	0,767	0,933	0,767	0,800	0,840	0,800	0,633	0,706
ILSTS30	**He**	0,857	0,858	0,880	0,882	0,898	0,650	0,655	0,865
	Ho	0,733	0,867	0,933	0,700	0,760	0,633	0,700	0,737
CSSM39	**He**	0,342	0,183	0,288	0,159	0,291	0,239	0,186	0,384
	Ho	0,067	0,000	0,200	0,100	0,320	0,133	0,067	0,294
RT1	**He**	0,815	0,787	0,836	0,770	0,770	0,777	0,779	0,836
	Ho	0,633	0,733	0,767	0,733	0,800	0,767	0,833	0,559
IDVGA29	**He**	0,000	0,000	0,472	0,000	0,507	0,235	0,381	0,112
	Ho	0,000	0,000	0,000	0,000	0,920	0,067	0,367	0,118
CSRP26	**He**	0,666	0,779	0,770	0,781	0,791	0,728	0,659	0,911
	Ho	0,767	0,767	0,633	0,833	0,760	0,733	0,793	0,578
ETH10	**He**	0,632	0,706	0,713	0,686	0,496	0,676	0,674	0,507
	Ho	0,552	0,667	0,690	0,724	0,400	0,433	0,379	0,333
BMC1009	**He**	0,845	0,842	0,808	0,860	0,870	0,822	0,812	0,808
	Ho	0,833	0,800	0,833	0,862	0,880	0,767	0,667	0,326
BM848	**He**	0,896	0,915	0,910	0,912	0,849	0,871	0,873	0,920
	Ho	0,733	0,867	0,700	0,828	0,840	0,867	0,833	0,707
MB25	**He**	0,757	0,811	0,675	0,699	0,728	0,739	0,829	0,888
	Ho	0,393	0,467	0,655	0,448	0,480	0,621	0,464	0,333
FCB304	**He**	0,719	0,731	0,719	0,750	0,769	0,745	0,780	0,906
	Ho	0,733	0,833	0,828	0,655	0,800	0,500	0,586	0,682
ILSTS11	**He**	0,838	0,821	0,812	0,816	0,796	0,751	0,767	0,740
	Ho	0,800	0,857	0,862	0,767	0,792	0,733	0,724	0,510
TGLA122	**He**	0,631	0,585	0,713	0,750	0,784	0,707	0,769	0,867
	Ho	0,633	0,643	0,724	0,700	0,917	0,600	0,862	0,697
ILSTS05	**He**	0,648	0,334	0,699	0,680	0,260	0,684	0,681	0,743
	Ho	0,433	0,393	0,655	0,633	0,250	0,621	0,586	0,476
ETH152	**He**	0,068	0,070	0,334	0,210	0,329	0,313	0,321	0,654
	Ho	0,000	0,071	0,276	0,166	0,333	0,310	0,393	0,367
FCB20	**He**	0,702	0,677	0,773	0,760	0,733	0,742	0,703	0,806
	Ho	0,833	0,767	0,833	0,536	0,682	0,700	0,700	0,704
INRA05	**He**	0,729	0,686	0,728	0,593	0,730	0,595	0,534	0,647
	Ho	0,800	0,500	0,467	0,571	0,636	0,600	0,700	0,509
BM203	**He**	0,066	0,000	0,000	0,070	0,172	0,000	0,000	0,108
	Ho	0,000	0,000	0,000	0,000	0,046	0,000	0,000	0,065
CSMM43	**He**	0,754	0,750	0,720	0,664	0,738	0,599	0,661	0,626
	Ho	0,633	0,833	0,800	0,786	0,565	0,667	0,533	0,533
INRABERN172	**He**	0,777	0,771	0,762	0,796	0,666	0,705	0,741	0,879
	Ho	0,800	0,750	0,862	0,900	0,625	0,700	0,724	0,750
ORTALAMA	**He**	**0,626**	**0,609**	**0,672**	**0,636**	**0,652**	**0,620**	**0,630**	**0,705**
	Ho	**0,557**	**0,587**	**0,624**	**0,587**	**0,632**	**0,563**	**0,577**	**0,499**

3.3.F Parametreleri

Populasyonlarda çalışılan lokuslar açısından Hardy-Weinberg dengesinden sapmalara homozigotlaşma indeksi (F=Fixation index) denir (Wright 1951, Wright 1965, Wright 1978). Populasyonlar ya da ırklar arasındaki genetik çeşitliliği ortaya koymak için, F istatistikleri (F-statistics) ya da homozigotlaşma indeksi olarak adlandırılan parametreler populasyonların genetik yapısının belirlenmesinde

kullanılmaktadırlar (Wright1965, Nei 1978, Li ve ark2002, Gour ve ark2006, Dixit ve ark 2008).

Populasyonlar arası varyasyonun önemli olup olmadığını görmek için F_{ST} değerleri hesaplanmış (Çizelge3.3) ve F_{ST} değerlerinin0.001 ile 0.169 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Bütün lokuslar için hesaplanan F_{ST}değeri 0,095 olup, bu değerin istatistiki olarak önemli olduğu (P< 0.001) belirlenmiştir. Genetik uzaklık değerlerinin ise 0.040 – 0.305 arasında değiştiği gözlemlenmiştir.

Çizelge3.3.F_{ST}(Alt diagonal) ve D_A (Üst diagonal) Değerleri Çizelgesi.

	SHAMI	**KİLİS**	**HONAMLI**	**KIL**	**ANKARA_A**	**ANKARA_E**	**SAANEN**	**YABAN**
SHAMI	----------	0.134	0.181	0.148	0.197	0.163	0.177	0.305
KİLİS	0.041***	--------	0.156	0.146	0.210	0.185	0.161	0.258
HONAMLI	0.118***	0.096***	----------	0.093	0.151	0.136	0.163	0.191
KIL	0.080***	0.068***	0.029***	---------	0.119	0.098	0.141	0.201
ANKARA_A	0.119***	0.125***	0.065***	0.041***	----------	0.040	0.154	0.252
ANKARA_E	0.088***	0.100***	0.055***	0.030***	0.001**ns**	----------	0.133	0.263
SAANEN	0.072***	0.061***	0.067***	0.042***	0.061***	0.040***	---------	0.258
YABAN	0.169***	0.143***	0.072***	0.081***	0.107***	0.113***	0.115***	----------

*: P<0.05, **:P<0.01, ***: P<0.001, ns: İstatistiksel olarak anlamlı değil

Hardy-Weinberg Dengesinin (HWE) tespiti için X^2 testi yapılmış, IDVGA29 ve BM203 lokuslarının monomorfik olduğu tespit edilmiş ve buna bağlı olarakta heterozigotluk azlığı gözlemlenmiştir. HWE değerleri ile ilgili sonuçlar Çizelge3.4'te verilmiştir.

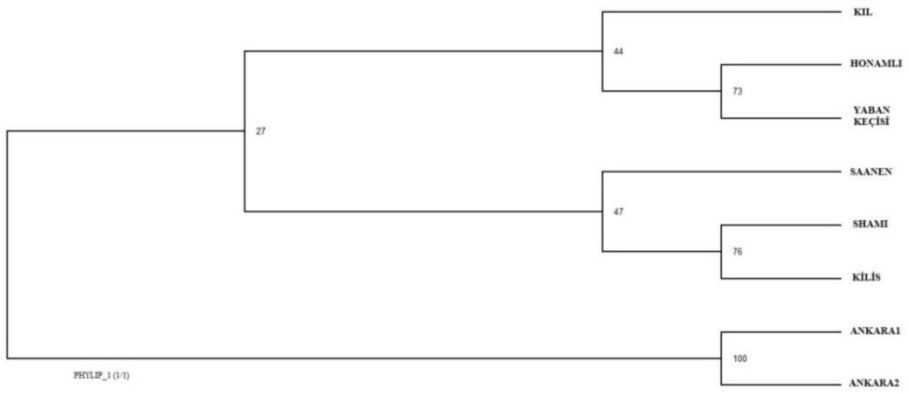
Çizelge3.4. Keçi populasyonlarında Hardy-Weinberg Dengesinin tespiti için yapılan X^2 testinin sonuçları.

	SHAMİ		KİLİS		KIL		HONAMLI		SAANEN		ANK_LA		ANK_ES		YABAN KEÇİSİ	
Lokus	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**	**P**	**Önem**
MM12	0,633	ns	0,465	ns	0,982	ns	0,554	ns	0,096	ns	0,746	ns	0,046	*	0,000	***
ILSTS030	0,488	ns	0,818	ns	0,981	ns	0,042	*	0,045	*	0,000	***	0,613	ns	0,000	***
CSSM39	0,000	***	0,000	***	0,297	ns	0,005	**	0,989	ns	0,046	*	0,000	***	0,139	ns
RT1	0,332	ns	0,281	ns	0,043	*	0,158	ns	0,678	ns	0,723	ns	0,003	**	0,000	***
IDVGA29	monomorfik		monomorfik		0,000	***	monomorfik		0,000	***	0,000	***	0,903	ns	0,954	ns
CSRP26	0,212	ns	0,249	ns	0,446	ns	0,875	ns	0,426	ns	0,766	ns	0,768	ns	0,000	***
ETH10	0,000	***	0,770	ns	0,243	ns	0,527	ns	0,486	ns	0,001	***	0,000	***	0,000	***
BMC1009	0,742	ns	0,349	ns	0,000	***	0,011	*	0,349	ns	0,152	ns	0,017	*	0,000	***
BM848	0,036	*	0,012	*	0,008	**	0,081	ns	0,237	ns	0,489	ns	0,055	ns	0,000	***
MB25	0,001	**	0,000	***	0,066	ns	0,000	***	0,000	***	0,000	***	0,000	***	0,000	***
FCB304	0,993	ns	0,999	ns	0,000	***	0,480	ns	0,010	**	0,001	***	0,011	*	0,000	***
ILSTS11	0,257	ns	0,498	ns	0,066	ns	0,512	ns	0,589	ns	0,697	ns	0,776	ns	0,000	***
INRABERN172	0,312	ns	0,714	ns	0,341	ns	0,293	ns	0,473	ns	0,818	ns	0,750	ns	0,000	***
TGLA122	1,000	ns	0,993	ns	0,997	ns	0,191	ns	0,735	ns	0,427	ns	0,907	ns	0,000	***
ILSTS05	0,000	***	0,947	ns	0,109	ns	0,030	*	0,061	ns	0,000	***	0,075	ns	0,000	***
ETH152	0,000	***	0,845	ns	0,391	ns	0,295	ns	0,786	ns	0,958	ns	0,196	ns	0,000	***
FCB20	0,254	ns	0,914	ns	0,433	ns	0,436	ns	0,928	ns	0,876	ns	0,852	ns	0,000	***
INRA05	0,000	***	0,182	ns	0,000	***	0,141	ns	0,685	ns	0,953	ns	0,346	ns	0,000	***
BM203	0,000	***	monomorfik		monomorfik		0,000	***	0,000	***	monomorfik		monomorfik		0,000	***
CSSM43	0,779	ns	0,497	ns	0,833	ns	0,580	ns	0,628	ns	0,000	***	0,040	*	0,000	***

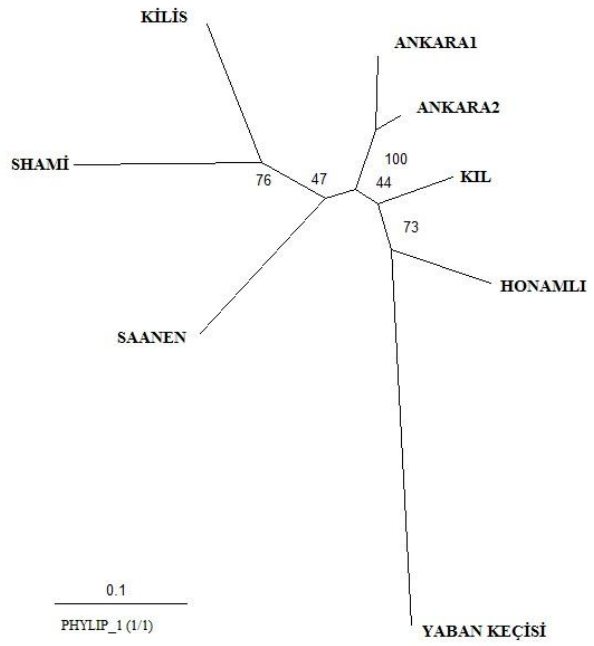
ns= Önemsiz, * P<0.05, **P < 0.01, *** P < 0.001

3.4. Filogenetik İlişkileri Gösteren Şema Ağaçlar

Nei'nin D_A genetik uzaklık değeri (Çizelge3.3) kullanılarak, komşu birleştirme (Neigbour Joining Tree,NJT) metodu ile filogenetik ilişkiyi gösteren ağacın3 temel grupta toplandığı görülmüştür (Şekil3.1). Bunlardan Kıl, Honamlı ve Yaban Keçisi bir grup, Saanen, Shami ve Kilis keçisi diğer bir grup, Ankara keçisinin Lalahan ve Eskişehir hattı ise ayrı bir grup olarak ayrılmıştır.



Şekil 3.1. Keçi populasyonlarında D_A genetik uzaklığına göre çizilen filogenetik ilişki(NJT-Neighbour Joinin Tree).

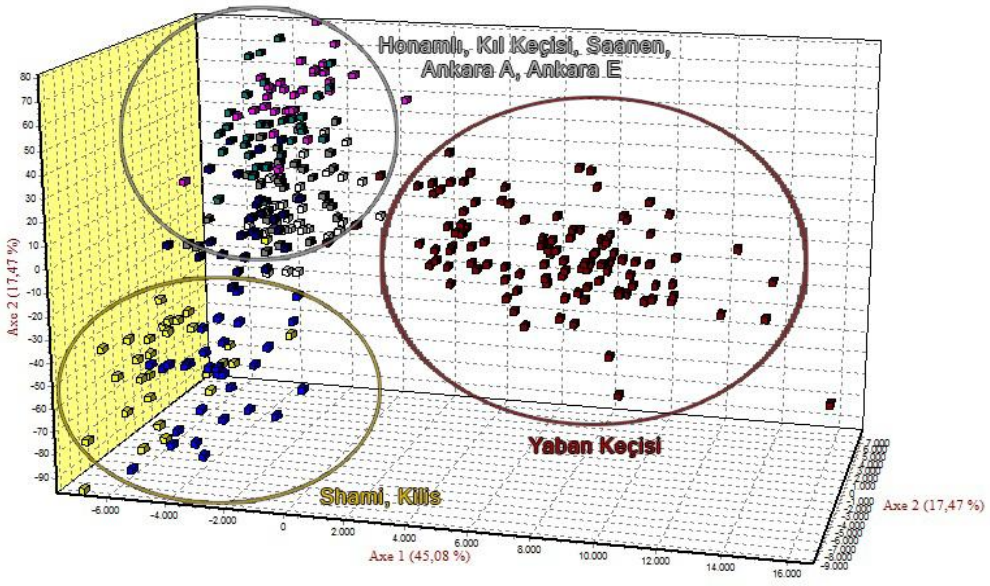


Şekil 3.2. D_A genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu (NJT) ile çizilen radyal ağaç.

Komşu birleştirme metodu ile çizilen radyal ağaçtada(Şekil 3.1) 3 grup oluştuğu, sonuçların diğer ağacı (Şekil 3.2) desteklediği ve Yaban keçisinin diğer populasyonlardan tamamen ayrıldığı ve genotip olarak diğer türlerden farklı olduğu gözlemlenmiştir.

3.5. Faktöriyel Birleştirici Analiz (Factorial Correspondence Analysis; FCA)

Çalışmada kullanılan bireyler arasındaki genetik ilişkinin tespiti amacıyla faktöriyel benzerlik analizi (FCA-Factorial Correspondence Analysis) yapılmış ve 3 boyutlu düzlemde her birey genotiplerine göre yerleştirilmiştir.FCA analizi sonuçları D_A genetik uzaklıklarına göre çizilen ağaçları (Şekil 3.1 ve 3.2) destekler niteliktedir. Şekil 3.2'de gözlendiği gibi Yaban keçileri çok açık şekilde ayrı bir grup oluşturmaktadır. Ankara keçilerine ait populasyonlar, Shami ve Kilis diğer evcil keçilere oranla daha belirgin olarak gruplar oluşturmuş, diğer evcil keçilere ait bireyler birbirine çok yakın olarak gruplanmıştır.



Şekil 3.3. Keçi populasyonları arasındaki ilişkiyi gösteren FCA (Factorial Correspondence Analysis) grafiği.

Sarı: Shami, Mavi: Kilis, Beyaz: Honamlı, Gri: Kıl Keçisi, Lacivert: Saanen, Yeşil: Ankara_E, Pembe: Ankara_A, Kırmızı: Yaban Keçisi.

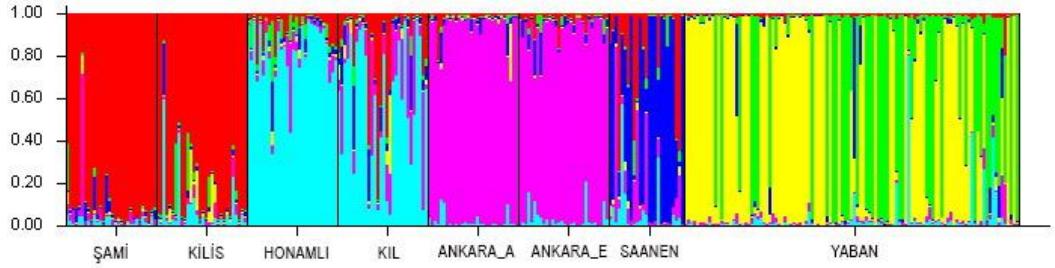
3.6. Assignment (Bireylerin Irklara Atanması) Testi

Evcil ve yaban keçisi ırklarının genotip verilerine göre ırk tanımlamalarının yapılması amacıyla Assignmet Testi GenAlEx6 (Peakall ve Smouse 2006) programı kullanılarak yapılmıştır. Bu program populasyonlarda gözlenen en sık genotipin görülme olasılığına (likelihood) göre bireylerin ırklara tanımlanmasını yapmakta ve bir ırka logaritmik bir değer ile atamaktadır (Paetkau ve ark 1995, Paetkau ve ark 2004). Yapılan analizler sonucunda çalışmaya konu olan bireylerin %82 oranında olması gereken populasyona atandığı, %18 oranında da bireylerin farklı populasyonlarda yer aldıkları gözlemlenmiştir.

3.7. Structure (Yapı) Testi

Structure (Yapı) testi, populasyonun genetik yapısının gösterilmesi ve populasyonlara ait bireylerin gruplandırılmasını ortaya koyar (Pritchard ve ark2000). Structure metodunda; Bayesian yaklaşımı ve "Markov Chain Monte Carlo - MCMC" metodu kullanılmaktadır. Bu test metodunda populasyonlara ait örnekleri ilgili populasyonlara ayırmak ve doğru parametreleri belirleyebilmek için uygun Markov Zinciri sayısının ve uzunluğunun saptanmasına ihtiyaç vardır. Bu nedenle doğru uzunluğu ve sayıyı bulabilmek için farklı çalışmalarda çeşitli uzunluk değerleri (length of burning period) ve MCMC sayıları denenerek en uygun sayının 10.000 ile 100.000 arasında olmasının yeterli olduğu belirtilmiştir (Pritchard ve ark 2000, Falush ve ark2007).

Çalışmada kullanılan 8 ayrı keçi populasyonunun bireylerinin hangi keçi ırkına ait olduğunun belirlenmesi ve gruplandırılması amacıyla populasyonlaraStructure (Yapı) testiuygulanmıştır. Şekil 3.4'tegörüldüğü gibi K=4 kullanılarak yapılan analizlerde bütün populasyonların birbirlerinden ayrıldığı, özellikle Ankara keçilerinin ve Yaban keçisinin diğerlerine göre daha saf olduğu gözlemlenmiştir.



Şekil 3.4. Keçi populasyonlarında uygulanan Structure Testi.

4. TARTIŞMA

Evcil ve yaban hayvanlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi, genetik kaynakları koruma stratejilerinin geliştirilmesi ve ıslah programralarının uygulanması için uygulanan en temel adımlardan birisidir.

Daha çok verim alma amacıyla yapılan melezleme çalışmaları kendi coğrafyalarına adapte olmuş yerli ırkların hızla yok olmasına veya genotipik olarak değişmesine neden olmaktadır. Yerli ırklar özellikle bulundukları floraya iyi adapte olduklarından kültür ve melez ırklara göre hastalıklara karşı daha dirençli ve çevre şartlarını daha iyi bir şekilde verime dönüştürebilmektedirler.

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (Food and Agricultural Organization; FAO) kaynaklarına göre dünyadaki çiftlik hayvanlarının % 30'u yok olma riski altındadır (FAO 1997). Bu verilerden hareketle yerli ırkları koruma tedbirleri tarımsal açıdan bütün dünyada öncelikli ve önemli bir çalışma alanı haline gelmiştir. Yerli ve evcil ırkları koruma politikaları ekonomik ve kültürel faktörlere bağlı olduğu kadar hayvanlar arasındaki tarihi ve genetik ilişkiyede bağlıdır.

Türkiye coğrafi konumu nedeniyle evcil ve yaban hayvanlarında büyük bir gen havuzunu ve biyoçeşitliliği temsil etmektedir. Türkiye sahip olduğu biyolojik çeşitliliği ve hayvan gen kaynaklarının korunması amacıyla Bern Sözleşmesi, Birleşmiş Milletler Biyolojik Çeşitlilik Sözleşmesi, Ramsar Sözleşmesi gibi çeşitli uluslararası sözleşmelere taraftır. Türkiye bu sözleşmeler ile kendi sınırları içindeki biyolojik çeşitliliğin korunması için gerekli tedbirleri alacağına dair taahhütlerde bulunmuştur. Ayrıca bu sözleşmelerin ve Türkiye'nin mevcut durumu doğrultusunda 2007 yılında ''Ulusal Biyolojik Çeşitlilik Stratejisi ve Eylem Planı'' çeşitli kurumların katılımlarıyla hazırlanmıştır. Konu ile ilgili evcil hayvanlarda ve büyük memeli yaban hayvanlarında Kamu Kuruluşları, Üniversiteler ve TÜBİTAK işbirliği ile kapsamlı projeler yapılarak taahhütler yerine getirilmeye çalışılmaktadır.

Son yıllarda sayısı bütün dünyada ve Türkiye'de hızla azalan ilk evcilleştirilen hayvanlardan olan keçi ırklarıda koruma ve çoğaltma politikalarının uygulanması gereken hayvanlardan birisidir(Aziz 2010).

Verim özellikleriyle tüm dünyada dikkat çeken keçi günümüzde biyomedikal çalışmalar için uygun bir hayvan modeli olarak bilinmekte ve çok yönlü verimlerin

genetik temelini tanımlamada, peptid ilaçların üretiminde transgenik model olarak yaygın olarak kullanılmaktadır (Ebert ve ark 1991, Ko ve ark 2000).

FAO (2008) verilerine göre dünyada keçi varlığı 1990 yılında 590.1 milyon iken bu sayı 2008 yılına geldiğinde 861.9 milyon olmuştur. Yani bahsedilen yıllar arasında dünyada keçi sayısında % 146 oranında bir artış görülmektedir (FAOSTAT 2008). Türkiye'de durum dünyadaki istatistiklere göre biraz farklı seyretmektedir. TÜİK (2014) verilerine göre 1990 yılından günümüze keçi sayısında yaklaşık % 42'lik bir azalma görülmektedir. Özellikle yerli ırklarımızdan olan Ankara keçileri varlığı 177.811 (TÜİK 2014) olarak bildirilmekte ve neredeyse yok olma tehlikesiyle karşı karşıya olduğu görülmektedir. Bu nedenle Türkiye'de T.C. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Resmi Gazete'nin 28356. sayısında 2012/54'nolu "Hayvan Genetik Kaynakları Yerinde Koruma ve Geliştirme Desteklemeleri Hakkında Uygulama Esasları Tebliği" yayınlayarak başta Ankara keçileri olmak üzere keçi ırklarımızdan Kilis, Honamlı, Abaza, Gürcü (Osmanlı), Kaçkar, İspir ve Halep keçileri için koruma amaçlı destek programları başlatmıştır.

Yaban hayvanları ve yaban hayatı içinde durum evcil hayvanlardaki riskleri taşımaktadır. Yaban hayvanları konusundaki çalışmalar evcil hayvanlara göre daha geri planda ve daha zayıf kalmıştır. Bunun başlıca nedenlerinden birisi yaban hayvanlarının doğası gereği yaşam alanlarının gözlem ve örnekleme için pek uygun olmamasıdır.

Son yıllarda Türkiye'de gerek Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı gerekse T.C. Orman ve Su İşleri Bakanlığı üniversitelerde yapılan yerli ve yaban hayvanlarında genetik çeşitliliğin tespiti, yok olma tehdidinde olan hayvanların korunmasına yönelik projelere bizzat katılıp, destek olarak mevcut durumu düzeltmeye yönelik çalışmalar başlatmıştır. Sunulan bu yüksek lisans tez çalışmasıda TÜBİTAK-KAMAG tarafından desteklenen T.C. Orman ve Su İşleri Bakanlığı'nın da taraf olduğu "Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi'' isimli ve 109 G103 (Ana proje no:109 G016) nolu araştırma projesi kapsamında yapılmıştır.

Keçi için yapılan genetik çalışmalarda mikrosatellit markörler yaygın olarak kullanılmakta ve tercih edilmektedir. Yüksek derecede polimorfizm göstermeleri,

genomda yaygın bulunmaları, lokusa spesifik markörler olmaları nedeniyle oldukça fazla tercih edilmektedirler. Bilinen bu özellikleri sayesinde filogenetik çalışmalarda, ebeveyn tayini çalışmalarında, evrim genetiği çalışmalarında, populasyonların genetik karakterizasyonunu belirlemede en çok tercih edilen markör sistemleridir.

Mikrosatellitlerin çalışmalarda kullanılırken ko-dominant olmalarına, enformatif gücünün yüksek olmasına, polimorfik olmasına ve farklı kromozomları temsil etmesine dikkat edilir.

Sunulan çalışmada genetik yapı, genetik karakterizasyon ve ilişkinin belirlenmesi amacıyla Türkiye'deki yerli keçi ırklarından Ankara (Eskişehir ve Lalahan hattı), Kilis, Honamlı ve Kıl keçileri, ayrıca Türkiye'de bulunan diğer keçi ırklarından Shami ve Saanen keçileri, ayrıca Türkiye'de yayılım gösteren Yaban keçisi (Capra aegagrus) olmak üzere 7 farklı keçi ırkı (8 populasyon) kullanılmıştır. Genetik çeşitliliği daha sağlıklı belirleyebilmek için farklı kromozom bölgelerinden olmak üzere toplam 20 adet mikrosatellit markör (Çizelge 2.3) kullanılmıştır.

Genetik analizlerde kullanılacak DNA materyali olarak kan kullanılmış ve standart fenol/kloroform yöntemi ile izolasyon işlemi yapılmıştır. $OD_{260/280}$ oranının1.8-2.0 arasında olmasına dikkat edilmiştir. Bu oranın daha düşük olması ortamda protein varlığı olduğuna işaret etmektedir (Miller 1988).

Genetik çeşitliliğin göstergelerinden biri olarak tanımlanan toplam allel sayısı sunulan çalışmada 286 olarak belirlenmiş olup lokus başına ortalama 14.3 allel düştüğü gözlemlenmiştir. Populasyonlar için hesaplanan ortalama allel sayısının ise 5.70 (Ankara-Lalahan hattı) ile 11.10 (Yaban keçisi) arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Tüm populasyonlarda en düşük allel sayıları ETH152 (4) ile IDVGA29 (4) lokuslarında, en fazla allel sayısı ise MM12 (20) lokusunda gözlenmiştir. Ortalama allel sayıları evcil keçilerde bibirine yakın sayılarda olmasına rağmen (5.75-7.50) Yaban keçisi ortalama allel sayıları (11.1) dikkat çekici oranda yüksek bulunmuştur.

Bulut ve ark (2008)'nın 8 farklı keçi ırkında 11 mikrosatellit lokusu ile yapmış oldukları çalışmada; toplam 163 allel tespit edilmiş ve allel sayılarının 4 ile 25 arasında değiştiği bildirilmiştir. Ağaoğlu ve Ertuğrul (2012), 5 farklı yerli keçi ırkında 20 mikrosatellit ile yaptıkları çalışmada; toplam 313 allel tespit etmiş ve bu

allel sayılarının 4-18 arasında değiştiğini gözlemlemişlerdir. Sonuçlar sunulan çalışma ile benzerlik göstermesine rağmen görülen farklılıkların keçi populasyonları ve mikrosatellit bölgelerinin farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir. Ayrıca Bulut ve ark (2008)'nın yaptıkları çalışmada kullanılan keçi ırklarının çoğunun aynı olmasına rağmen kullandıkları mikrosatellit lokuslarının daha polimorfik olduğu görülmektedir.

Hem Bulut ve ark (2008), hem de Ağaoğlu ve Ertuğrul (2012), Ankara keçilerinde ortalama allel sayılarını benzer olarak (10.09 ve 11.8) bildirmektedirler.Ancak sunulan çalışmada Ankara keçilerinin ortalama allel sayılarının Lalahan ve Eskişehir hattında sırasıyla 5.70 ve 5.75 bulunması özellikle kullanılan lokusların düşük polimorfizme sahip olması ve hayvanların örneklemesinin yapıldığı işletmede akrabalık derecesinin yüksek olduğu durumunu akla getirmektedir.

Thilagam ve ark (2006)'nın Hindistan'a özgü Kanniadu keçi ırkında 20 mikrosatellit kullanarak yaptıkları çalışmada lokus başına düşen ortalama allel sayısının 8.2 allel/lokus olduğu belirtilmiştir. Hindistan'da Barbari keçilerinde 21 mikrosatellit kullanılan diğer bir çalışmada (Ramamoorthi ve ark 2009), 133 adet allel tespit edilmiş ve lokus başına düşen ortalama allel sayısı 6.3 olarak belirtilmiştir. Gohilwari keçilerinde 25 mikrosatellit lokusunun kullanılarak yapıldığı bir çalışmada ise lokus başına düşen allel sayısı 4-20 arasında olduğu, ortalama allel sayısı 10.2 ± 5.46 olarak bildirilmiştir (Kumar ve ark 2009).

Martinez ve ark (2004), Blanca Serrana keçi ırkında ISAG ve FAO tarafından önerilen 27 mikrosatellit bölgesi kullanmış, lokusların polimorfik olduğu tespit edilmiş, allel sayısının 3 ile 17 arasında değiştiği ve ortalama allel sayısının 8.22 olduğu hesaplanmıştır. Yine Martinez ve ark (2006)'nın 27 mikrosatellit ile yaptıkları bir diğer çalışmada ise lokus başına düşen ortalama allel sayısı 9.59 olarak bildirilmiştir.

Mahmoudi ve ark (2012), İranda bulunan Korki Jonub Horasan keçi populasyonunun genetik tanımlaması ve dar boğaz analizini yapmak amacıyla 13 adet mikrosatellit markörü kullanmışlar ve toplam 98 allel tespit etmişlerdir. Mikrosatellitlerin 9 adedinin HWE'den sapma gösterdiği, populasyonun yakın geçmişte herhangi bir darboğaz ile karşılaşmadığı öne sürülmüştür. Yine Mahmoudi

ve ark (2014), yaptıkları diğer bir çalışmada İran'da bulunan 6 keçi populasyonunda 13 mikrosatellit markörü kullanarak toplam 134 allel gözlemlemişlerdir.

Vahidi ve ark (2014), 7 ayrı İran keçi türünü ve Zagros dağının ayırdığı Pakistan bölgesinde bulunan iki ayrı keçi türünü karşılaştırmışlar, iki ayrı bölge için farklı sonuçlar elde etmiştir. Toplam 317 örnek 14 mikrosatellit markörü kullanılan çalışmada 150 adet allel tespit edilmiş, ortalama allel sayısının 10.7 olduğu belirlenmiştir. İran'da bulunan türlerin yüksek polimorfizm gösterdiği ortaya konmuştur.Zagros dağının kuzey, batı ve orta kısmında yer alan bölgelerde populasyonlar arası gen alış-verişinin batı bölgesindeki diğer iki bölgeye göre daha az olduğu belirlenmiştir.

Çin'de Ling ve ark (2012), 7 farklı keçi türünün genetik ayrımını göstermek için 302 adet et keçisi örneğini, referans olarak kullanılan 42 adet Boer keçi örneği ile karşılaştırmış,çalışmada 11 adet mikrosatellit bölgesinde 106 adet allel tespit edilmiş, lokus başına ortalama sayısı 9.6 bulunmuştur.

Xin ve ark (2015), Çin'e özgü 10 keçi türünü MHC bölgesinde bulunan 4 farklı mikrosatellit lokusu ile incelemiş, toplamda 74 adet allel tespit edilirken, türlere ve lokuslara göre değişen ortalama allel sayısının 5.50 - 11.50 arasında değiştiğini gözlemlemişlerdir.

Sunulan çalışmada, kullanılan tüm ırklar birlikte değerlendirildiğinde ortalama lokus başına düşen allel sayısı 14.3 olarak, populasyon başına düşen ortala allel sayısı ise 7.22 olarak belirlenmiştir. Bu haliyle diğer keçi ırklarına benzerlik göstermekle birlikte lokus bazında diğer keçi ırklarından yüksek olduğu gözlenmektedir. Bu durum kullanılan markörlerin polimorfik olmalarının genetik çalışmalar için öneminide ortaya koymaktadır. Ayrıca Yaban keçisinde tespit edilen ortalama allel sayısının (11.10) çalışmada kullanılan evcil keçilere oranla oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu durumun doğal ortamda serbest olarak çiftleşerek çoğalmalarından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Genetik çeşitliliğin göstergelerinden biriside heterozigotluk değerleridir. Sunulan çalışmada, ortalama beklenen heterozigotluk (He) değeri 0.644 olarak tespit edilmiş, değerlerin 0.609 (Kilis) – 0.705 (Yaban Keçisi) arasında değiştiği gözlenmiştir. Ortalama gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.578 olarak tespit

edilmiş ve değerlerin 0.499 (Yaban Keçisi) – 0.632 (Saanen) arasında değiştiği gözlenmiştir.

Bulut ve ark(2008), Türkiye'de yetiştirilen 8 farklı keçi ırkında 11 mikrosatellit lokusu ile yapmış oldukları çalışmada beklenen heterozigotluk (He) değerlerinin 0.694 - 0.788, gözlenen heterozigotluk (Ho) değerlerinin ise 0.621 - 0.731 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Yine Türkiye'de evcil keçilerde yapılan bir diğer çalışmada (Ağaoğlu ve Ertuğrul 2012), beklenen heterozigotluk (He) değerleri 0.569 - 0.912 arasında, gözlenen heterozigotluk (Ho) değerleri ise 0.519 - 0.940 arasında bildirilmiştir.

Fan ve ark (2008)'nın 18 mikrosatellit kullanarak Çin'de bulunan 5 farklı keçi ırkında yaptıkları çalışmada, ortalama He ve Ho sırasıyla 0.695 ve 0.631 olarak bildirilmiştir. Luikart ve ark (1999), 22 mikrosatellit kullanarak 4 farklı keçi ırkında yaptıkları çalışmada He değerlerini 0.028-0.882 arasında gözlemlemişlerdir.

Blanca Andaluza keçi ırkında 27 mikrosatellit kullanılarak yapılan bir çalışmada (Martinez ve ark 2004), ortalama He ve Ho değerleri sırasıyla 0.705 ve 0.663 olarak belirlenmiştir. Güney Afrika'da 6 farklı keçi ırkında 10 farklı mikrosatellit ile yapılan diğer bir çalışmada (Visser ve ark 2004), heterozigotluk değerleri 0.620-0.690 olarak belirtilmiştir.

Behl ve ark(2003), Hindistan'da bulunan Bengal ve Chegu keçi türlerinde 22 adet mikrosatellit markörü kullanmışlar, heterozigotlukları sırasıyla 0.69 ±0.11 ve 0.66 ± 0.07 olarak gözlemlemişler ve iki populasyondada yüksek oranda heterozigotluk olduğunu bildirmişlerdir.

Xin ve ark (2015)'nın Çine özgü 10 farklı keçi ırkında, 4 farklı mikrosatellit lokusu kullandıkları çalışmadabeklenen heterozigotluk değerinin 0.49-0.78 arasında olduğu, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.25-0.54 arasında olduğu tespit edilmiştir.

Sunulan çalışmada, ortalama beklenen (He) ve gözlenen (Ho) heterozigotluk değerleri hem Türkiye hem de diğer ülkelerde yapılan çalışmalar ile karşılaştırıldığında heterozigotluğun yüksek olduğu söylenebilir. Özellikle Kıl keçilerinde Ho değeri 0.993 oranına kadar çıkabilmektedir. Ancak çalışmada

kullanılan markörlerden BM203 ve IDVGA29'un monomorfik olması ortalama heterozigotluk değerlerini düşürmektedir.

Yaban keçisinde gözlenen heterozigotluk (Ho) değeri 0.499 olarak tespit edilmiş ve evcil keçilere göre Ho değerinin düşük olduğu tespit edilmiştir. Maudet ve ark (2001), yaban keçilerinde (Capra i. ibex) yaptıkları çalışmada, çalışılan 67 mikrosatellit markörden 29 adedini polimorfik bulmuşlardır. Bu durumu yaban keçisi türlerinin tarihsel sürecinde birçok defa yok olma tehdidi (bottleneck) geçirmeleriyle açıklamışlardır. Sunulan çalışmanın Yaban keçisi heterozigotluk değerleri Maudet ve ark (2001)'nın bottleneck hipotezini desteklemektedir.

Hardy-Weinberg dengesinin (HWE) hesaplanması için X^2 testi uygulanmış bütün populasyonlarda birden fazla ve önem değerleri değişmekle birlikte HWE'den sapmalar olduğu gözlenmiştir.

Kapalı ve özellikle aile tipi işletmelerde akrabalı yetiştirme oldukça fazla görülen bir durumdur. Birbirine yakın olan çiftlik ve köylerde bu durum oldukça fazla meydana gelmekte ve heterozigotluğuda olumsuz olarak etkilemektedir. HWE'den sapma görülmesi şaşırtıcı bir durum olmayıp, diğer araştırmacıların (Sechi ve ark 2007, Aljumaah ve ark 2012), çalışmalarındada sıklıkla görülen bir durumdur. Araştırıcılar bu durumu tek bir nedenle açıklamanın zor olduğunu, populasyonun doğal olmamasının, mutasyon, göç, rastgele olmayan çiftleşmelerin bu duruma neden olabileceğini belirtmektedirler.

Populasyonlar arasındaki farklılaşmayı ifade eden genel F_{ST} değeri 0.095 olarak belirlenmiş ve istatistiki olarak önemli ($P < 0.001$) bulunmuştur. Populasyonlar ikişerli düşünüldüğünde bütün populasyonların genetik olarak birbirinden farklı oldukları tespit edilmiş, ancak Ankara keçilerinde Eskişehir ve Lalahan hattı olarak bilinen populasyonların birbirlerinden genetik olarak bir farklılık göstermediği belirlenmiştir. Yine D_A genetik uzaklık değerlerininde Ankara keçilerinin bu iki populasyon arasında en düşük değere (0.040) sahip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca çizilen NJT ağacı, FCA grafiği ve Structure analizi sonuçları bu durumu desteklemektedir.

Li ve ark (2002), tarafından 26 mikrosatellit kullanılarak farklı keçi ırklarında yapılan bir çalışmada F_{ST} değerleri 0.052-0.215 arasında bildirilmiştir. Xiang-Long ve Valentini (2004), 18 mikrosatellit kullanarak yaptıkları çalışmada F_{ST} değerlerini

0.001-0.116 olarak belirlemişlerdir. Sunulan çalışmada ise F_{ST} değerleri 0.001-0.169 olarak belirlenmiş, genel F_{ST} değeri 0.095 olarak bulunmuş ve populasyonlar arası varyasyonun önemli olduğu sonucuna varılmıştır.

Populasyonlara ait elde edilen genotip verileri kullanılarak ırk tanımlamalarının yapıldığı Assignment testinde bireylerin % 82 oranında kendi populasyonlarında olduğu gözlemlenmiştir.

Yine Assignment testine benzer şekilde hayvanların hangi keçi ırkına ait olduğunun belirlenmesi ve gruplandırılması amacıyla yapılan Structure (Yapı) testindede kullanılan 8 farklı populasyonun birbirlerinden ayrılabildiği, Shami, Honamlı, Ankara ve Yaban keçisi ırklarının diğerlerine göre daha saf olduğu gözlenmiştir.

Assignment ve Structure analizleri sonuçlarına göre çalışmada kullanılan mikrosatellitlerin populasyonları ayırmada oldukça kullanışlı olduğu görülmektedir.

Kullandıkları mikrosatellit ve ırk sayısı değişiklik göstermekle beraber birçok araştırıcı (Paetkau ve ark 1995,MacHugh ve ark 1998, Cornuet ve ark 1999, Diez-Tascon ve ark 2000, Maudet ve ark 2002), Assignment sonuçlarını % 80-100 arası bildirmektedirler. Türkiye'de evcil keçilerde yapılan başka bir çalışmada ise (Bulut ve ark 2008), bu oran % 93 olarak bildirilmiştir. Sunulan çalışmanın sonuçları diğer araştırıcılar ile benzerlik göstermektedir.

Elde edilen D_A genetik uzaklıkları değerlerine göre çizilen NJT ağacında temel olarak 3 grup belirlenmiştir. Bu durum yapılan diğer istatistik analizleri doğrulamaktadır. Ankara keçilerinin farklı iki populasyonu birlikte gruplanmıştır. Saanen, Shami ve Kilis keçileri ayrı bir grup oluşturmuş ve coğrafi olarak aynı bölgede bulunduklarından birbirleriyle ilişkili oldukları düşünülmektedir. Bir diğer grup ise Yaban keçisi, Kıl ve Honamlı keçileridir. Aslında diğer istatistiki analizlerde ve FCA grafiğinde Yaban keçisinin genotipinin evcil keçilere göre oldukça farklılık gösterdiği açık şekilde görülmektedir. Ancak Yaban keçisinin bulunduğu alanlar Kıl ve Honamlı keçilerinin bulundukları alanlara yakın coğrafi bölgelerdir. Bu nedenle geçmişte veya yakın zamanda aralarında bir gen alış-verişinin muhtemel olduğunu düşündürmektedir. Ayrıca NJT'nin radyal olarak çizilen ağacında bu 3 ırkın birlikte

gruplanmasına rağmen Yaban keçisinin çok açık bir şekilde diğerlerinden ayrıldığını ve uzak olduğunu göstermektedir.

Populasyonların 3 boyutlu düzlemde gösterildiği FCA grafiğinde yine Yaban keçisi genotip olarak diğer populasyonlardan net bir şekilde ayrılırken evcil keçi ırklarının birbirlerine yakın oldukları gözlenmektedir. Ancak bu yakınlık içinde bile Ankara keçileri populasyonlarının birlikte gruplandığı, Saanen, Shami ve Kilis keçilerinin birbirine yakın gruplar oluşturduğu ve Honamlı ve Kıl keçilerinin birlikte gruplandığı görülmektedir.

Sunulan çalışmada kullanılan mikrosatellitlerden monomorfik olanlar olmasına rağmen populasyonların genetik yapı ve karakterizasyonlarını belirlemede oldukça başarılı olduğu görülmektedir.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Sonuç olarak;

- Sunulan çalışmada kullanılan mikrosatellitlerin genetik çeşitlilik, populasyonların genetik yapılarını inceleme ve bireylerin iddia edilen populasyonlara ait olup olmadığını belirleme gibi çalışmalar için oldukça güvenilir markörler olduğu anlaşılmaktadır.

- Çalışmanın amaçlarından birisi olan evcil ve yaban keçileri arasndaki genetik fark ve benzerliğin durumu araştırılmış, yaban keçilerinin çok net şekilde evcil keçilerden genotipik olarak farklı olduğu belirlenmiştir.

- Yaban keçilerinin geçmişte maruz kaldığı muhtemel darboğaz nedeniyle heterozigotluk değerlerinin evcil keçilerden daha düşük oldukları belirlenmiştir. Bu nedenle kamu kurumları tarafından yaban türlerini koruma ve çoğaltma stratejilerini sürdürmeleri ve üniversiteler ile işbirliği yapılarak bu stratejilerin sonuçlarınıgenetik analizler ile kontrol ederek yeni stratejiler oluşturmalarının türlerin korunmasında önemli olacağı düşünülmektedir.

- Çalışmada kullanılan ve Türkiye'nin önemli yerli gen kaynaklarından olan Ankara keçilerinde Eskişehir ve Lalahan hattı olarak bilinen populasyonların birbirinden genetik olarak farklı olmadığı ve ortalama allel sayılarının diğer evcil keçilere göre düşük olduğu belirlenmiştir. Bu nedenle kamuya ait kuruluşlarda yetiştirilmesi yapılan Ankara keçilerine dışardan saf olduğu bilinen yeni erkek ve dişi bireylerin ilave edilmesi heterozigotluğun ve genetik çeşitliliğin korunmasında önem arz etmektedir. Ayrıca halk elinde ıslah projeleri bu ırkın sağlıklı bir şekilde devam etmesi ve çoğalması açısından önem arz etmektedir.

- İleriki çalışmalarda monomorfik olan mikrosatellitlerin polimorfik olanlarla değiştirilmesi sonuçları daha da anlamlı hale getirecektir.

- Her ne kadar kullanılan mikrosatellitlerin enformasyon gücü yüksek olsada akrabalık oranları yüksek populasyonlarda daha kesin sonuçlar almak için panelde kullanılacak mikrosatellitlerin sayılarının arttırılması yerinde olacaktır.

- İş gücü, ekonomi ve teknolojik gelişmeler dikkate alındığında bu tür çalışmalar için kapillar elektroforez tekniğinin kullanılması diğer otomatik olmayan sistemlere göre daha avantajlı görünmektedir.

- Sunulan çalışma ile Yaban keçileri ile ilgili olan literatüre katkı sağlanmaya çalışılmıştır. Türkiye'de bulunan diğer yaban hayatı türlerinde genetik çalışmaların

arttırılmasının hem uluslararası yükümlülükleri yerine getirmek hem de mevcut yaban hayatı çeşitliliğinin korunması stratejilerinin geliştirilmesine oldukça önemli katkı sağlayacağı anlaşılmaktadır.

6. KAYNAKLAR

Ağaoğlu ÖK, 2010. Türkiye'deki bazı yerli keçi ırklarında mikrosatellit polimorfizmininb elirlenmesi. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü.

Ağaoğlu ÖK ve Ertuğrul O, 2012. Assessment of genetic diversity, genetic relationship and bottleneck using microsatellites in some native Turkish goat breeds. Small Ruminant Research, 105, 53-60.

Akçapınar H, 1994. Keçi Yetiştiriciliği. A.Ü. Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı, Ders Notu.

Aljumaah RS, Musthafa MM, Al-Shaikh MA, Badri OM and Hussein MF, 2012. Genetic diversity of Ardi goat based on microsatellite analysis. African Journal of Biotechnology, 11(100), 16539-16545.

Alpan O, 1992. Hayvan ıslahında genetik esaslar, uygulamalar ve populasyon genetiği. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi. Ankara.

Altunok V, Nizamlıoğlu M, Bulut Z, 2002. Ankara keçilerinin genetik yapılarının elektroforetik yöntemler kullanılarak araştırılması. SÜAF, Proje No:2000-061,KONYA.

Anonim, 2005. Gelişmelere İlişkin Değerlendirmeler ve Kararlar, Bilim ve Teknoloji Yüksek Kurulu Onikinci Toplantısı. 08 Eylül 2005, Ankara.

Aytuğ CN, Alaçam E, Özkoç Ü, Yalçın BC, Gökçen H, Türker H, 1990. Koyun-Keçi yetiştiriciliği ve hastalıkları. Tüm Vet Hayvancılık Hizmetleri, İstanbul: Teknografik Matbaası.

Aziz MA, 2010. Present status of the world goat populations and their productivity. Lohmann Information, 45 (2), 42-52.

Barker JSF, Tan SG, Moore SS, Mukherjee TK, Matheson JL, Selvaraj OS, 2001. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (Capra hircus). Journal of Animal Breeding and Genetics, 118(4): 213-233.

Baskıcı M, 1998. ‘’Evcilleştirme Tarihine Kısa Bir Bakış”. A.Ü.S.B.F. Dergisi, Cilt 53 Sayı 1-4, s.73-94.

Başaran A, 2004. Tıbbi biyoloji ders kitabı. Güneş & Nobel Tıp Kitapevleri, 7. Baskı. Bursa.

Behl R, Sheoran N, Behl J, Vijh RK, Tantia MS, 2003. Analysis of 22 Heterologous microsatellite markers for genetic variability in Indian goats. Animal Biotechnology 14 (2):167–175.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F, 1996-2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France). Erişim tarihi, 05 Temmuz 2015, Erişim adresi: http://kimura.univ-montp2.fr/genetix/

Bennett P, 2000. Demystified… microsatellites. Journal of Clinical Pathology. Mol Pathol. 53: 177–183.

Bruford MW, Bradley DG, Luıkart G, 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature Genetics. 4: 2-12.

Bulut Z, 2004. Türkiye’deki bazı koyun ırklarının genetik yapılarının mikrosatellitlerle incelenmesi, Doktora Tezi, S.Ü Sağlık Bilimleri Enstitüsü, KONYA.

Bulut Z, Kurar E, Özşensoy Y, Altunok V, Nizamlıoğlu M. Genetic diversty among goat populations in Turkey. XXXI Conference of the International Society for Animal Genetics, RAI Conference Center, 20-24 July 2008, Amsterdam, The Netherlands.

Bulut Z, Kurar E, Özşensoy Y, Altunok V, Nizamlıoğlu M. Türkiye’de Bulunan Bazı Keçi Irklarında Mikrosatellit DNA Markörlerinin Genetik Çeşitlilik ve Kimliklendirme Çalışmalarında Kullanılabilirliğinin Araştırılması, IV. Ulusal Veteriner Biyokimya ve Klinik Biyokimya Kongresi, 2-4 Temmuz 2009, İstanbul.

Chenyambuga SW, Hanotte O, Hirbo J, Watts PC, Kemp SJ, Kifaro GC, Gwakisa PS, Petersen PH, Rege JEO, 2004. Genetic characterization of indigenous goats of sub-Saharan Africa using microsatellite DNA markers. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 17(4): 445-452.

Cornuet JM, Piry S, Luikart G, Estoup A, Solignac M, 1999. New methods employing multilocus

genotypes to select or exclude populations as origins of individuals.Genetics 153:1989-2000.

Darcan KN, Daşkıran İ. Keçi yetiştiriciliğinin küresel iklim değişimine adaptasyonu ve etkileri azaltmaya yönelik stratejiler. Ulusal Keçicilik Kongresi.24-26 Haziran 2010, Çanakkale.

Dellal İ, Dellal G. Türkiye keçi yetiştiriciliğinin ekonomisi, Süt Keçiciliği Ulusal Kongresi. 26-27 Mayıs 2005, İzmir, s.39-48.

Desplanque B, Boudry P, Broomberg K, Saumitou-Laprada P, Cuguen J, Van Dkjk H, 1999. Genetic diversity and gene flow between wild, cultivated and weedy forms of Beta vulgaris L. (Chenopodiaceae), assessed by RFLP and microsatellite markers. Theor Appl Genet, 98: 1194–1201.

Di Stasio L, 2002. Sheep and goat populations of the Piedmont: the conservation of Biodiversity. Scienza e Tecnica Lattiero Casearia, 53(3): 235-243.

Diez-Tascon C, Littlejohn RP, Almeida PA, Crawford AM, 2000. Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. Anim. Genet. 31: 243-251.

Dixit SP, Verma NK, Aahlawat SPS, Aggarwal RAK, Kumar S, Chander R, Singh KP, 2008. Molecular genetic characterization of Kutchi breed of goat. Current Science95(7):946-952.

Ebert KM, Selgrath JP, DiTullio P, Denman J, Smith TE, Memon MA, Schindler JE, Monastersky GM, Vitale JA, Gordon K, 1991.Transgenic production of avariant of human tissue-type plasminogen activator in goat milk: generation of transgenic goats and analysis of expression. Bio/Technology, 9, 835–838

Ebubekir G, 2006. Isparta yöresinde yaban keçisi Capra Aegagru Erxleben 1777 populasyon ekolojisi Doktora Tezi Orman Mühendisliği Anabilim Dalı Isparta.

Ellegren H, Moore S, Robinson N, Byrne K, Ward W, Sheldon BC, 1997. Microsatellite evolution-a reciprocal study of repeat lengths at homologous loci in cattle and sheep. Mol Biol Evol. 14(8): 854–860.

Elmacı C, Asal S, 1998. Ankara keçilerinde transferin (Beta-Globulin) polimorfizmi. Tr J of Veterinary and Animal Science, 321-323.

Elmaz Ö, Dağ B, Saatcı M, Aktaş AH, Mamak N, Gök B, 2012. The determination of some morphologica characteristics of honamlı goat and kids, defined as a new indigenius goat breed of turkey.

Ertuğrul O, Akyüz B, 2000. Halk elinde yetiştirilen Ankara keçilerinde (Capra hircus) bazı kan protein polimorfizmi. A.Ü Veteriner Fak. Derg., 47(1), 23-29.

Ertuğrul O, 2007. Ankara keçisi'nin tanımlayıcı özellikleri. Erişim tarihi, 07 Nisan 2015. Erişim adresi, http://www.turkhaygen.gov.tr/doc/ankarakeci_sunu.pdf.

Ertuğrul M, Savaş T, Dellal G, Taşkın T, Koyuncu M, Cengiz F, Dağ B, Koncagül S, Pehlivan E. Türkiye küçükbaş hayvancılığının iyileştirilmesi. Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi, 11-15 Ocak 2010a, Ankara. s.667-685.

Ertuğrul M, Dellal G, Elmacı C, Akın AO, Pehlivan E, Soysal MI, Arat S. Çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi, 11-15 Ocak 2010b; Ankara.

F.A.O. 1997.Food and agricultural organization. Division of Animal Production and Health, Report of a working group, Mimeo, p.32.

Falush D, Stephens M and Pritchard JK, 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. Molecular Ecology Notes.

Fan B, Han J, Chen, S, Mburu DN, Hanotte O, Chen Q, Zhao S, Li K, 2008. Individual-breed assignments in caprine populations using microsatellite DNA analysis. Small Ruminant Research75:154–16.

FAOSTAT 2008. Erişim tarihi 22 Kasım 2015 Erişim Adresi, http://faostat.fao.org/default.aspx.

Fernandez J, Villanueva B, Pong-wong R, Toro MA, 2005. Efficiency of the use of molecular markers in conservation programmes. Genetics 170: 1313-1321.

Fesüs L, Varkonji J, Ats A,1983. Biochemical polymorphism in goats with special reference to the Hungarian Native breed. Anim Blood Grps Genet, 14,16.

Finnilä S, Lehtonen MS, Majamaa K, 2001. Phylogenetic network for European mtDNA. Am J Hum Genet. 68: 1475– 1484.

Fisher RA, 1951. Standard calculations for evaluating a blood group system. Heredity,5,95–102.

Freeman AR, Bradley DG, Nagda S, Gibson JP, Hanotte O, 2005. Combination of multiple microsatellite data sets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle. Animal Genetics. 37:1–9.

Ganai NA, Yadav BR, 2001. Genetic variation within and among three Indian breed of goat using heterologous microsatellites makers. Animal Biotechnologv, 12(2) : 121-136.

Goldstein DB, Pollock DD, 1997. Launching microsatellites: a review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. Journal of Heredity, 88: 335–342.

Gour DS, Malik G, Ahlawat SPS, Pandey AK, Sharma R, Gupta N, Gupta SC, Bisen PS, Kumar D, 2006. Analysis of genetic structure of Jamunapari goats by microsatellite markers. Small Ruminant Research 66:140–149.

Gündoğdu, E. 2006.Isparta yöresinde yaban keçisi Capra aegagrus Erxleben 1977'nin Populasyon Ekolojisi. S.D.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 126s, Isparta.

Haris BJR, Frederick S, 1996. Dairy goat production. Cooperative Extension Service, Institute of Food and Agricultural Sciences, University of Florida, Gainesville, 32611.

Jandurova OM, Kott T, Kottova B, Czernekova V, 2004. Seven microsatellite markers useful for determining genetic variability in White and Brown Short-Haired goat breeds. Small Ruminant Research, 52(3): 271-274.

Joshi MB, Rout KP, Mandal AK, Tyler SC, Singh L, Thangaraj K, 2004. Phylogeography and Origin of Indian Domestic Goats. Mol. Biol. Evol. 2: 454-462.

Kaymakçı M, Tuncel E, Güney O. Türkiye'de süt keçisi ıslahı çalışmaları. Ulusal süt keçiciliği kongresi. 26-27 Mayıs 2005. Bornova-İzmir.

Kaymakçı M, Dellal G, 2006. Türkiye ve dünya keçi yetiştiriciliği. Meta Basım Matbaacılık Hizmetleri, İzmir İli Damızlık Koyun-Keçi Birliği Yayınları No:2, İzmir, s.3-15.

Keskin M, 2002. Effect of rearing systems on kid performance, lactation traits and profitability of shami(damascus) goats. Journal of Applied Animal Research, 22(2); 267-271.

Keskin M, Biçer O, Gül S. Şam keçisi ve Türkiye keçi yetiştiriciliği için önemi. 5. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi 5-8 Eylül 2007 Van s.49.

Kim KS, Min MS, An JH, Lee H, 2004. Cross-species amplification of Bovidae microsatellites and low diversity of the endangered Korean goral. Journal of Heredity, 95(6): 521-525.

Klug WS, Cummings MR, 2000. Genetik kavramlar, Ed Cihan Öner, Palme Yayıncılık. 6. Baskı, Ankara.

Kul BÇ, 2010. Türkiye yerli keçi ırklarının mitokondrial dna çeşitliliği ve filocoğrafyası, Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü.

Kumar S, Dixit SP, Verma NK, Singh DK, Pande A, Kumar S, Chander R, Singh LB, 2009. Genetic Diversity Analysis of the Gohilwari Breed of Indian Goat (Capra hircus) Using Microsatellite Markers. American Journal of Animal and Veterinary Sciences4(3): 49-57.

Kurar E, 2001. Comparative physical and linkage mapping of bovine chromosome 24 with human chromosome 18. Doktora Tezi (PhD Thesis). University of Wisconsin-Madison.

Ko JH, Lee CS, Kim KH, Pang MG, Koo JS, Fang N, Koo DB, Oh KB, Youn WS, Zheng GD, Park JS, Kim SJ, Han YM, Choi IY, Lim J, Shin ST, Jin SW, Lee KK,Yoo OJ, 2000. Production of biologically active human granulocyte colony stimulating factor in the milk of transgenic goat, Transgenic Res, 9, 215–222.

Lenstra JA, 2005. Evolutionary and Demographic History of Sheep and Goats Suggested by Nuclear, mtDNA and Y-Chromosome Markers, The Role of Biotechnology. Villa Gualino, Turin, Italy – 5-7 March.

Li MH, Zhao SH, Bian C, Wang HS, Wei H, Liu B, Yu M, Fan B, Chen SL, HEN, Zhu MJ, Li SJ, Xiong TA, Li K, 2002. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. Genet. Sel. Evol. 34:729–744.

Ling YH, Zhang XD, Yao N, Ding JP, Chen HQ, Zhang ZJ, Zhang YH, Ren CH, Ma YH, Zhang XR, 2012. Genetic Differentation of Chinese indigenous meat goats ascertained using microsatellite information. Asian-Aust J. Animal Science. Vol. 25, No.2:177-182.

Liu BH, 1998. Statistical genomics: Linkage, mapping, and QTL analysis. CRC Press LLC, Boca Raton New York.

Loftus RT, Ertuğrul O, Barbar AH, El-Barody MAA, Machugh DE, Park SDE, Bradley DG, 1999. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. Molecular Ecology. 8: 2015–22.

Luikart G, Biju-Duval MP, Ertugrul O, Zagdsuren Y, Maudet C, Taberlet P, 1999. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (Capra hircus). Animal Genetics, 30(6): 431-438.

Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne JD, Bouvet J, Taberlet P, 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 98: 5927–5932.

Luikart G, Fernandez H, Mashkour M, England PR, Taberlet P, 2006. Origins and Diffusion of Domestic Goats Inferred from DNA Markers. "Example analyses of mtDNA, Y chromosome, and microsatellites (Chapt.20). University of California Press, 294-305.

Macar O, 2004. Köprülü Kanyon milli parkı'ndaki Capra aegagrus, Erxleben 1777 (yaban keçisi) populasyonu üzerine çalışmalar. Yüksek Lisans Tezi, Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, 55. Ankara.

MacHugh DE, Shriver MD, Loftus RT, Cunningham P, BradleyDG. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle 1997. (Bos taurus and Bos indicus). Genetics. 146(3):1071–86.

MacHugh DE, Loftus RT, Cunningham P, Bradley DG 1998. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cattle (Bos taurus and Bos indicus). Genetics 146: 1071–1086.

MacHugh DE, Bradley D 2001. Livestock genetic origins: Goats buck the trend. Proc. Natura. Academic Science. 98(10): 5382-5384.

Mahmoudi B, Esteghamat O, Shahriyar A, Babayev MS, 2012. Genetic characterization and bottleneck analysis of Korki Jonub Khorasan goats by microsatellite markers. Journal of Cell and Moleculer Biology. 10(2): 61-69.

Mahmoudi B, Panahi B,i Mohammadi SA, Daliri M, Babayev MS, 2014. Microsatellite based phylogeny and bottleneck studies of Iranian indigenous goat populations. Animal Biotechnology. 25:210-222.

Maijala K, 1997. Genetic aspect of domestication, common breeds and their origin. In The Genetics of Sheep. Oxford England CAB International. 13-49.

Martinez AM, Acosta J, Vega-Pla JL, Delgado JV, 2006. Analysis of the genetic structure of the canary goat populations using microsatellites. LivestockScience 102:140-145.

Martinez AM, Carrera MP, Acosta JM, Rodriguez-Gallardo PP, Cabello A, Camacho E, Delgado JV, 2004. Genetic characterisation of the Blanca Andaluza goat based on microsatellite markers. South African Journal of AnimalScience, 34(Supplement 1).

Mason IL, 1984. Goats in Evolution of Domesticated Animals. Longmans: London, UK.

Maudet C, Luikart G, Taberlet P, 2001. Development of microsatellite multiplexes for wild goats using primers designed from domestic Bovidae. Biological Sciences Faculty Publications, Paper 377.

Maudet C, Luikart G, Taberlet P, 2002. Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. J. Anim. Sci. 80: 942–950.

Meadow RH, 1989. Osteological evidence for the process of animal domestication. The Walking Larder: Patterns of Domestication, Pastoralism, and Predation. (ed.) CLUTTON-BROCK, J. (Allen and Unwin, London), 80-10.

Mercan L, Okumuş A, 2004. Hayvancılıkta genetik çeşitlilik ve Dad-Is 4. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi. 1-3 Eylül, 585-588 Isparta.

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.

Miller SA, Dykes DD and Polesky HF, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research, 16(3), 1215.

Miller JC, Tanksley SD, 1990. RFLP Analysis of Phylogenetic relationships and Genetic Variation in The Genus Lycopersicon. Theorertical and Applied Genetics Vol 80, Issue 4, pp 437-448.

Naderi S, Rezaei H R, Taberlet P, Zundel S, Rafat S A, Naghash, Elbarody H R M A A, Ertugrul O, Pompanon F, 2007. For the econogene consortıum. Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. PLoS ONE. 2(10):e1012.

Naderi S, Rezaei, HR, Pompanon F, Blum MGB, Negrini R, Naghash HR, Balkız O,Mashkour M, Gaggiotti OE, Ajmone-Marsan P, Kence A, Vigne JD, Taberlet P, 2008. The goat domestication process inferred from largescale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. PNAS105(46):17659-17664.

Nei M, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genet.89: 583-590.

Nei M, Tajima F, and Tateno Y, 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. Journal of Molecular Evolution, 19:153-170.

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.

Orti G, Pearse DE, Avise JC, 1997. Phylogenetic assessment of length variation at a microsatellite locus. Proc Natl Acad Sci USA. 94(20): 10745–10749.

Ouafi AT, Babilliot JM, Leroux C, Martin P, 2002. Genetic diversity of the two main Moroccan goat breeds: phylogenetic relationships with four breeds reared in France. Small Ruminant Research, 45(3): 225-233.

Özcan L, 1989. Küçükbaş hayvan yetiştirme-I (Keçi Üretimi). Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Ders Kitabı. No:111 38-40. Balcalı, Adana.

Özder M, 2006. Keçi ırkları. Keçi yetiştiriciliği (ED) Mustafa Kaymakçı, İzmir ili Damızlık Koyun ve Keçi Yetiştiricileri Birliği Yayınları No:2., 17-42,. İzmir.

Özşensoy Y, 2011. Türkiye'de bulunan bazı yerli sığır ırklarının genetik yapılarının karakterizasyonu, Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Konya.

Özşensoy Y, Kurar E, 2012. Markör Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanımları. Journal of Cell and Molecular Biology, 10(2):11-19.

Paetkau D, Calvert W, Stirling I, Strobeck C, 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. Mol. Ecol. 4: 347-354.

Paetkau D, Slade R, Burden M, and Estoup A, 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. Molecular Ecology,13:55–65.

Passarge E, 2000. Renkli genetik atlası. Çevirenler: Lüleci G, Sakızlı M, Alper Ö. Nobel Tıp Kitapevleri. İstanbul.

Peakall R, Smouse PE, 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes. 6:288–95.

Porter V, 1996. Goats of the World. Ipswich, U.K. Farming Press

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P, 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics 155:945-959.

Rahul B, Neelam S, Jyotsna B, Vijh RK, Tantia MS, 2003. Analysis of 22 heterologous microsatellite markers for genetic variability in Indian goats. Animal Biotechnology,14(2): 167-175.

Ramamoorthi J, Thilagam K, Sivaselvam SN, Karthickeyan SMK, 2009. Genetic characterization of Barbari goats using microsatellite markers. J. Vet.Sci.10(1):73-76.

Raymond M, Rousset F, 1995. An exact test for population differentiation. Evolution. 49(6):1280–83.

Renfrew C, 1991. Before Babel: Speculations on the origins of linguistic diversity. Cambridge Archaeol. 1:3-23.

Rokas A, Ladoukakis E, Zouros E, 2003. Animal mitochondrial DNA recombination revisited. Trends Ecol Evol. 18(8): 411-417.

Rout PK, Joshı MB, Mandal A, Laloe D, Singh L, Thangaraj K, 2008. Microsatellite-based phylogeny of Indian domestic goats. BMC Genetics. 9;1-11.

Saitbekova N, Gaillard C, Obexer-ruff G, Dolf G, 1999. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. Animal Genetics 30:36-41.

Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T, 1989. Molecular Cloning: A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.

Santos JB, Nienhuis J, Skroch P, Tivang J,Slocum MK, 1994. Comparison of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among Brassicaoleracea L. genotypes. Theor. Appl. Genet. 87: 909-915.

Sechi T, Usai MG, Miari S, Mura L, Casu S, Carta A, 2007. Identifying native animals in crossbred populations: the case of the Sardinian goat population. Animal Genetics, 38, 614 620.

Shackleton DM, 1997.Wild sheep and goats and their relatives: Status Survey and Conservation Action Plan. IUCN/SSC Caprinae Specialist Group. IUCN, Grand, Switzerland and Cambridge, UK.

Singer C, Holmyard EJ, Hall AR, 1958. A History of Technology, Vol 4, S. 351.

Smigielski EM, Sirotkin K, Ward M, Sherrry ST, 2000. dbSNP: a database of single nucleotide polymorphisms. Nucl Acids Res. 28(1): 352- 355.

Soysal MI, Tuna YT, Gürcan EK, Özkan E, 2004 Farms In Turkey: Sustainable development in the preservation of animal genetic resources in Turkey and in the World. Trakia journal of Sciences, vol.2, No.3, pp 47-53.

Soysal MI, 2007. Honamlı keçisi. Erişim tarihi 04 Haziran 2015, Erişim adresi, http://www.turkhaygen.gov.tr/doc/honamli_sunu.pdf

Stahlberger-Saitbekova N, Gaillard C, Obexer-Ruff G, Dolf G, 1999. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. Animal-Genetics, 30(1): 36-41.

Stahlberger-Saitbekova N, Schlapfer J, Dolf G, Gaillard C, 2001. Genetic relationships in Swiss sheep breeds based on microsatellite analysis. Journal of Animal Breeding andGenetics, 118(6): 379-387.

Sun W, Chang H, Ren ZJ, Yang ZP, Geng RQ, Lu SX, Du L, Tsunoda K, 2004. Genetic differentiation between sheep and goats based on microsatellite DNA. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 17(5): 583-587.

Şengonca M, 1989. Küçük baş hayvan yetiştirme. Uludağ Üniversitesi Güçlendirme Vakfı Yayın No: 27. U.Ü. I.Ġ.B.F. İşletme İktisadi ve Muhasebe Araşatırma ve Uygulama Merkezi No:27, 170 S.

Şimşek ÜG, Bayraktar M, 2006. Kıl keçisi ve Saanen x kıl keçisi (f1) melezlerine ait büyüme ve yaşama gücü özelliklerinin araştırılması. F. Ü. Sağlık Bil. Derg. 20(3):229-238.

Tantia MS, Rahul B, Neelam S, Riti S, V RK, 2004. Microsatellite data analysis for conservation of two goat breeds. Indian Journal of Animal Sciences. 74(7): 761 767.

The International SNP Map Working Group 2001. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. Nature. 409: 928-933.

Thilagam K, Ramamorrthi J, Sivaselvam SN, Karthickeyan SMK, Thangaraju P, 2006. Kanniadu goats of Tamilnadu, India: genetic characterisation through microsatellite markers. Livestock Research for Rural Development 18(10).

Thormann CE, Ferreira ME, Camargo LEA, Tivang JG, Osborn TC, 1994. Comparison of RFLP and RAPD markers to estimating relationships within and among cruciferous species. Theor Appl Genetic 88;973-980.

Tosser-Klopp G. Goat genome assembly, Availability of an international 50K SNP chip and RH panel: an update of the International Goat Genome Consortium projects, Cattle and sheep workshop, PAG meeting, 2012, January, the 15th.

Troy CS, Machugh DE, Bailey JF, Magee DA, Loftus RT, Cunningham P, Chamberlain AT, Sykes BC, Bradley DG, 2001. Genetic evidence for Near Eastern origins of European cattle. Nature 410:1088–1091.

Tucker EM, Clarke SW, 1980. Comparative aspects of biochemical polymorphism in the blood of Caprinae species and their hybrids. Animal Blood Groups Biochem Genet. 11, 163-183.

Tunon MJ, Gonzales P, Vallejo M, 1989. Genetic relationships between 14 native spanish breeds of goat. Animal Genetic, 20,205-212.

Turan N, 1987. Türkiye'nin büyük av hayvanları ve sorunları. Uluslararası Sempozyum, Türkiye ve Balkan Ülkelerinde Yaban Hayatı, 16-20 Eylül 1987, İstanbul, 61-83,Turkey.

TÜİK, 2014. Türkiye İstatistik Kurumu. Erişim Tarihi, 06 Haziran 2015, Erişim adresi: www.tuik.gov.tr

Uerpmann HP, 1979. Probleme der Neolithisierung des Mittelmeerraums. Tübinger Atlas des Vorderen Orients. B. 28. Wiesbaden, Germany: Ludwig Reichert.

Vahidi SMF, Tarang AR, Naqvi AN, Anbaran MF, Bottcher P, Joost S, Colli L,Garcia F, Marsan PA, 2014. Investigation of the genetic diversty of domestic Capra hircus breeds reared within an early goat domestication area in Iran. Genetic Selection Evolution. 46:27.

Visser C, Hefer CA, Marle Köster EV, Kotze A, 2004. Genetic variation of threecommercial and three indigenous goat populations in South Africa. South African Journal of Animal Science 2004, 34 (Supplement 1), 24-26.

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 DG, Fan JB, Siao CJ, 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 MS, Shen N, Kilburn D, Rioux J, Nusbaum C, Rozen S, Hudson TJ, Lipshutz R, Chee M, Lander ES, 1998. Largescale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome. Science. 280 (5366): 1077–1082.

Wang S, Foote WC, Bunch TD, 1990. Transferrin and hemoglobin polymorphism in domesticated goats in the USA, Animal Genetic, 21: 91-94.

Weber JL, May PE, 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. Am J Hum Genet. 44: 388–396.

Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV, 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucl Acids Res. 18(22): 6531–6535.

Wright S,1951. The genetical structure of population. Ann. Eugen(Lond)1: 323-334.

Wright S, 1965. The interpretation of sample structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution. 19:395–420.

Wright S, 1978. The theory of gene frequencies. Evolution and the genetics of populations. University of Chicago Pres. Vol.4, USA.

Xiang-Long L, Valentini A, 2004. Genetic diversity of Chinese indigenous goat breeds based on microsatellite markers. J. Anim. Breed. Genet.121:350–355.

Xin GE, Huang YF, Zhao YJ, Ma YH, Na RS, Zhang JH, Gao HJ, Wu Xi, 2015 Genetic variability of the Chinese indigenous goats using MHC-linked microsatellite markers, Veterinary Immunology and Immunopathology. 167;196-199

Yalçın BC, 1990. Koyun keçi hastalıkları ve yetiştiriciliği kitabı. Tüm Vet Hayvancılık Hizmetleri Yayınları 2(456), Teknografik Matbaası, İstanbul.

Yang ZP, Chang H, Sun W, Gen RQ, Mao YJ, Tsunoda K, 2004. A comparison of two kinds of markers applied in analysis of genetic diversity in sheep and goat populations. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 17(7): 892-896.

Yang ZP, Chang H, Sun W, Geng RQ, Mao Y, Tsunods K, 2003. The preliminary study of genetic differentiation based on two kinds of markers in two sheep and goats populations by two kinds markers, Journal of Yangzhou University Agricultural and Life Sciences Edition, 24(4): 27-31.

Yıldırım A, Kandemir N, 2001. Genetik markörler ve analiz metodları. Bitki Biyoteknolojisi II – Genetik Mühendisliğ ve Uygulamaları, Ed: Özcan S, Gürel E, Babaoğlu M, Selçuk Üniversitesi Basımevi.

Zeder MA, Hesse B, 2000. The initial domestication of goats (Capra hircus) in the Zagros Mountains 10000 years ago. Scienc. 287: 2254-2257.

Zeder MA, Emshwiller E, Smith BD, Bradley DG, 2006. Archaeological approaches to documenting animal domestication. Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms. Berkeley: University of California Press.

Zeder MA, 2008. Domestication and early agriculture in the mediterranean basin. Origins, Diffusion, and Impact. Proc Natl Acad Sci U S A. 105 (33): 11597-11604.

Zhang YJ, Zhao YZ, Liu YQ, Li Y, Sun SH, S HX, 2004. Genetic polymorphism of 4 microsatellites DNA in 3 goat populations and relationship with heterosis. Hereditas Beijing, 26(5): 631-636.

8. ÖZGEÇMİŞ

13.06.1979 tarihinde Konya'da doğdu. İlkokul eğitimini (1985-1990) yılları arasında İhsan Özkaşıkçı ilkokulunda tamamladı. (1990-1997) yılları arasında ortaokul ve lise eğitimini Özel Gündoğdu lisesinde tamamladı.

1998 yıllında Selçuk Üniversite Mühendislik Fakültesi Jeoloji Bölümü'nü kazandı ve devam etti. 2001 yılında tekrar girdiği sınavda Selçuk Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü'nü kazanarak 2005 yılında bitirdi.

Askerliğini 2006 yılında Erzurum Mareşal Fevzi Çakmak Asker Hastanesi'nde kısa dönem asker olarak tamamladı. 2007 yılında Erol Medikal Ltd. Şti Tıbbi Cihazlar firmasında 1 yıl süreyle Satış Elemanı olarak çalıştı. 2008-2011 yılları arasında İstanbul Sanovel İlaç Sanayi ve Ticaret A.Ş'de mümessil olarak çalıştı. 2011-2012 yıllarında Ankara Pozitif Medikal Sistemleri Sanayi ve Ticaret Ltd. Şti.'nde Satış Elemanı olarak çalıştı.

2011 yılında Aksaray Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü'nde yüksek lisans eğitimine başladı. 2013 yılında Selçuk Üniversitesi Veteriner Fakültesi Biyokimya Anabilim Dalı'na yatay geçiş yaparak 2 sene tam zamanlı yüksek lisans eğitimine devam etti. Halen RTA Laboratuvarları Biyolojik Ürünler, İlaç Sanayi ve Tic. Ltd. Şti.'nde Üretim ve Kalite Kontrol Sorumlusu olarak çalışmaktadır.