

## Mikrosatellit Belirteçleri ile Darboğaz (Bottleneck) Testi

Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU<sup>1</sup>, Okan ERTUĞRUL<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Zootečni Anabilim Dalı, 15030, Burdur-TÜRKİYE

<sup>2</sup> Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Genetik Anabilim Dalı, 06110, Ankara-TÜRKİYE

**Özet:** Populasyon darboğazlarının belirlenmesi oldukça önemlidir, çünkü darboğaz söz konusu olduğunda populasyon yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalır. Herhangi bir populasyonda darboğazın erken tespiti ciddi bir konudur ve darboğazın belirlenmesi için geliştirilmiş güçlü istatistik programları bu konuda yardımcı olmaktadır. Genetik kaynaklarının korunması kapsamında mikrosatellit belirteçlerinden elde edilen veriler ile darboğazların araştırılması yaygın kullanılan bir yöntemdir. Bu derlemede mikrosatellit belirteçleri ile darboğaz (bottleneck) testi hakkında bilgi vermek amaçlanmıştır.

**Anahtar Sözcükler:** Darboğaz, genetik, mikrosatellit

### Bottleneck Test with Microsatellite Markers

**Summary:** It is important to detect population bottlenecks since bottlenecks can increase the risk of population extinction. Early detection of bottlenecks is critical, and statistically powerful monitoring programs for detecting bottlenecks are utilized for this purpose. Genotyping data of microsatellite markers obtained within the conservation of genetic resources is a common method of investigating bottlenecks. This review article addresses the general information about bottlenecks with microsatellite markers.

**Keywords:** Bottleneck, genetic, microsatellite

### Giriş

Son yıllarda, moleküler genetik yöntemlerindeki ilerlemeler ve geliştirilen yeni teknikler ile çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi çalışmaları hız kazanmıştır. Bu amaçla; sıklıkla tercih edilen; Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniği (Restriction Fragment Length Polymorphism; RFLP), mikrosatellit veya kısa ard arda tekrarlar (Short Tandem Repeats, STR), Tek Nükleotid Polimorfizm Tekniği (Single Nucleotid Polymorphism, SNP) ve mitokondriyal DNA dizilerinin belirlenmesine yönelik çalışmalar yapılmaktadır (2, 31). Geliştirilen yeni moleküler tekniklerle elde edilen verilere uygun olarak her geçen gün yeni istatistik yazılımlar geliştirilmektedir (23) ve sonuçlar birbirleri ile karşılaştırılarak yorumlanabilmektedir.

Özellikle genetik kaynağı olarak değerli durumda olan populasyonlara yönelik moleküler tanımlamalar koruma programlarının planlanması ve etkinliği de bir anlamda bu çalışmalar ile test edilebilmektedir. Koruma programlarının asıl amacı var olan genetik çeşitliliği en az kayıpla gelecek kuşaklara ulaştırmaktır. Genetik çeşitlilik de ancak DNA düzeyinde yapılan çalışmalarla etkili bir şekilde ortaya konabilmektedir (6).

Dünya’da, özellikle gelişmekte olan ülkelerde yitiriciliği yapılan ırklar giderek azalmaktadır. Bu ırkların yok olmadan koruma altına alınıp genetik bilgilerinin belirlenmesi gerekmektedir. Türkiye’deki mevcut hayvan türlerinin ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitlilik seviyesinin DNA düzeyinde ortaya konması ve sürdürülen koruma etkinliklerinin bu bilgiler ışığında daha da etkin kılınması gerekmektedir. Hayvancılığın ilerlemesi ve yeni ıslah metodlarının devreye girmesiyle birlikte; çalışmalar hayvanlardan birim başına elde edilen verimin artırılması üzerine yoğunlaştırılmış ve bu süreçte yerel ırklar sürekli ihmal edilmiştir. Dolayısıyla, birçok yerli genetik kaynağı yok olma riskiyle karşı karşıyadır (12). Bu nedenle, yerli hayvan genetik kaynaklarının korunması önem taşımaktadır. Koruma çalışmalarında yerli ırklarda mevcut olan genetik çeşitliliğin ortaya konması ve sürdürülen koruma etkinliklerinin bu bilgiler ışığında daha da etkin olması nedeniyle; FAO (Food and Agriculture Organization) mikrosatellit belirteçlerin kullanılmasını önermektedir. FAO, çiftlik hayvanlarının genetik karakterizasyonu ve korunması çalışmalarını “evcil hayvan çeşitliliği ölçümü programı (MoDAD; Measurement of Domestic Animal Diversity)” ile koordine etmektedir.

Eş-baskın (ko-dominant) belirteçlerden olan mikrosatellitler, 2-6 nükleotid uzunlukta kısa, tekrarlanan DNA dizilerini ifade etmektedir (7, 15). Polimorfik bir lokusta tekrarların sayısı 5’ten 100’e kadar değişebilmektedir. Mikrosatellit PZR

(Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ürünleri her bir lokusa göre değişen ve genel olarak 75 ile 300 baz çifti uzunluğu arasındadır (3).

Mikrosatellitler, eş-baskın kalıtım özellikleri (28), lokusa özgü olmaları (8), genom içinde düzgün ve geniş yayılımları (18, 28), yüksek mutasyon oranı (34) ve enformatif değerleri (28) yanında PZR' ye dayalı bir teknik olmasından dolayı birçok türde yaygın olarak kullanılmaktadır.

İrkların olası yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğinin analizi amacıyla darboğaz (bottleneck) testi oldukça önemlidir. Eğer bir populasyonda bir veya daha fazla nesil boyunca nüfus azalır, buna populasyon darboğazı denir. Genetik sürüklenme, küçük populasyonlarda genetik çeşitliliği hızla azaltabilir. Dolayısıyla, darboğazdan geçen bir populasyon genetik çeşitliliğinin çoğunu yitirebilir (17). Darboğaz; genetik varyasyon kaybı, zararlı allellerin sabitlenmesi ve akrabalı yetiştirme depresyonuna neden olmaktadır (17, 22).

Herhangi bir populasyonda darboğazın erken tespiti ciddi bir konudur ve darboğazın belirlenmesi için geliştirilmiş güçlü istatistik programlar bu konuda yardımcı olmaktadır. Bu bağlamda; mikrosatellit lokuslarında heterozigotluk ve allel frekansı dağılım analizi, populasyonlarda darboğaz etkisinin belirlenmesi amacıyla (9, 22), Bottleneck programı (versiyon 1.2.02) kullanılarak gerçekleştirilmektedir (26).

Darboğaz durumu farklı metotlar ile test edilmektedir (20). Bunlardan biri heterozigot fazlalığını belirleyen metot ve diğeri ise allel frekansı dağılımının kalitatif grafiksel olarak gösterimine olanak sağlayan metottur.

Cornuet ve Luikart (9) tarafından geliştirilen ve heterozigot fazlalığını belirleyen metot; İşaret Testi (Sign Test), Standardize Farklılık Testi (Standardized Difference Test) ve Wilcoxon Testlerini (Wilcoxon Sign-rank Test) içermektedir. Mutasyon ve göç dengesinin bulunduğu varsayımı altında hesaplamalarda; örnek sayısından, gözlenen allel sayısından ve beklenen heterozigotlukların dağılımından yola çıkılarak her bir lokus ve her bir populasyon için dağılımlar tespit edilmektedir (24). Bu dağılım, Sınırsız Allel Modeli (IAM; Infinite Allele Model), Basamak Tarzı Mutasyon modeli (SMM; Stepwise Mutation Model) ve İki Safhalı Mutasyon Modeli (TPM; Two Phase Model of Mutation) olarak isimlendirilen (20) üç olası mutasyon modeli altında 1000 simülasyon yapılarak bulunur. Simülasyon boyunca elde edilen dağılım, heterozigotluk için bir P-değerinin hesaplanmasına olanak sağlar.

Darboğaz testinde, TPM heterozigot fazlalığını test etmek için en kullanışlı modeldir. Bu model diğer iki modelin (IAM ve SMM) her ikisini de kullanmakta olup bu modeller farklı oranlarda simülasyonlarda kullanılır. Mikrosatellit lokusları için mutasyonlar çoğu zaman IAM ve SMM'de tutarlı değildir. Sonuç olarak; mikrosatellit verileri için daha çok TPM önerilmektedir (11, 13, 22, 26).

Darboğaz analizi için önerilen Wilcoxon testi sınırlı sayıda lokusun (<20) kullanıldığı çalışmalarda dahi güçlü olması ve yüksek istatistik gücünden (en az 4 lokus ve 15-20 birey) dolayı bottleneck için en uygun test olduğu bildirilmektedir (13, 26). Ancak, Standardize Farklılık Testi ise 20 veya daha fazla polimorfik lokusun kullanıldığı çalışmalarda önerilmektedir.

İlk olarak Luikart ve ark. (22) tarafından önerilen diğer bir metot; allel frekansı dağılımının kalitatif grafiksel olarak gösterimidir (mode shift). Bu grafiksel metotta; her bir populasyonda en az 30 örnek ve 10-20 polimorfik lokusun allel frekanslarının hesaplanması gerekmektedir. Allel frekansı sınıfı; düşük (0-0.100), orta (0.101-0.900) ve yüksek (0.901-1.000) olarak tanımlanmaktadır. Bu testin prensibi; bir allel sınıfının sahip olduğu allel sayısı; düşük frekanslı allel sınıfının sahip olduğu allel sayısından oldukça yüksek olduğu zaman darboğaz etkisindeki populasyonda, düşük frekanslı olarak bulunan allellerin kaybının belirlenmesidir. Allel frekansı dağılımı grafiğinin "L şekilli dağılımı" kriter olarak kullanılmaktadır. Eğer grafik; normal dağılım (L şekilli) gösteriyorsa; mutasyon göç dengesi söz konusudur. Ancak dağılım "L şekilli" değil ise bu durum populasyonda darboğazların mevcut olduğunu göstermektedir. Ağaoğlu (1)'nin Türkiye'de yetiştirilen yerli keçi ırklarında yapmış olduğu çalışmadan darboğaz testi ile elde edilen allel frekansı dağılım grafiği örnek olarak verilmiştir (Şekil 1).

Son zamanlarda özellikle koruma programlarında mikrosatellit belirteçleri ile darboğaz testine ilişkin çiftlik hayvanlarında (özellikle sığır, koyun ve keçi) çalışmalar yapılmıştır (4, 14, 16, 21, 33). Bu çalışmalardan bazılarında aşağıda örnekler verilmiştir.

Li ve ark. (21); 12 Çin keçi populasyonunda yapmış oldukları çalışmada 17 mikrosatellit lokusu kullanarak üç Tibet populasyonu hariç tüm populasyonlarda dengeden sapmanın olduğunu bildirmişlerdir. Tania ve ark. (33) Black Bengal ve Chegu keçi ırklarında 22 mikrosatellit lokusu kullanarak darboğaz testi çalışması yapmışlardır. Her iki populasyonun darboğaza maruz kaldığı belirlenmiş ve çalışma sonunda bu iki ırk koruma altına alınmıştır. Glowatzki-Mullis ve ark. (16), İsviçre



**Şekil 1.** BOTTLENECK testi ile elde edilen allel frekansı dağılım grafiği örneği (L şekilli dağılım) (1).

keçi ırklarında yaptıkları çalışmada; Valais Blackneck (VBL) ırkının darboğaz etkisinde olduğunu bildirmişlerdir. Fatima ve ark. (14), Zalawadi, Gohilwadi ve Surti keçi ırklarında 18 mikrosatellit kullanarak yaptıkları çalışmada; Wilcoxon testinde üç farklı model (IAM, TPM ve SMM) üzerinden değerlendirme yapmışlar ve Surti keçi ırkının IAM'da darboğaz etkisinde olduğunu bildirmişlerdir. Ancak sonuçta mikrosatellitler için önerilen en iyi modelin TPM ve en güçlü testin Wilcoxon testi olduğunu vurgulamışlar ve bu çalışmada kullandıkları ırkların Wilcoxon test ve TPM'ye göre darboğaz etkisinde olmadıklarını bildirmişlerdir. Kumar ve ark. (20)'nin Hindistan'a özgü Gohilwari keçi ırkında yaptıkları çalışmada darboğazı test etmişlerdir. Üç farklı mutasyon modelinde (IAM, TPM ve SMM) yapmış oldukları testler ve kalitatif metot sonucunda bu ırkın darboğaz etkisinde olmadığını bildirmişlerdir. Ağaoğlu (1), Türkiye'de yetiştirilen beş yerli keçi ırkında Wilcoxon testi, TPM modeli ve allel frekans dağılımı değerlendirmesinde; Ankara, Kilis, Honamlı, Kıl ve Norduz Keçilerinin darboğaz etkisinde kalmadığını bildirmiştir. Mikrosatellit lokuslar ile yapılan bir çalışmada, Anadolu yerli ve melez koyun ırklarının bir darboğaz etkisinde kalmadıkları tespit edilmiştir (19). Hindistan da yetiştirilen Hassan (30), Jalguni (4), Kilakrsal (27) ve Munjal (35) koyun ırklarının darboğaz etkisinde kalmadığı bildirilmiştir..

Genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmalarda Dadi ve ark. (10) güneybatı Etiyopya'da yetiştirilen Sheko sığır ırkında, Pandey ve ark. (25) Kherigarh sığır ırkında ve Sodhi ve ark. (32) Hindistan Zebu

Tharparkar ırklarında darboğazın olmadığını bildirmişlerdir. Özkan, (24) Türkiye'de yetiştirilen yerli (Boz İrk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara) ve kültür sığır ırklarının (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Beyaz Alaca) yok olma tehlikesi geçirmiş olma ihtimalinin söz konusu olmadığını bildirmiştir.

BOTTLENECK (versiyon 1.2.02) (9) her bir popülasyonu ve lokusta, mutasyon göç dengesi varsayımı ile gözlenen allel sayılarının ( $k$ ), gözlenen ( $H_o$ ) ve beklenen ( $H_e$ ) heterozigotlukların dağılımını ve dolayısıyla darboğazın hesaplanmasında kullanılan bir programdır. Simülasyon verileri farklı olası mutasyon modelleri (IAM, SMM ve TPM) ile hesaplanmaktadır. Heterozigotluk azlığı veya çokluğu bulunan lokuslarda,  $H_o$  ile  $H_e$  hesaplanmasına olanak sağlar. Ayrıca, heterozigotluğun mutasyon kayma dengesinde standart sapma (SD), her bir lokus için standartlaştırılan farkı hesaplamak için kullanılır ( $(H_o - H_e)/SD$ ). Simülasyon boyunca elde edilen dağılım, heterozigotluk için bir P değerinin hesaplanmasına ve yorumlanmasına olanak sağlar. Allel frekans dağılımının hesaplanmasına da olanak sağlayan bu program ile herhangi bir darboğazın olup olmadığını da bu açıdan da değerlendirebilmektedir (mode-shift).

BOTTLENECK programı Delphi 4™ (Inprise Co.) bilgisayar dilinde yazılmış olup 5 farklı veri dosyası formatı kullanılabilmektedir. Bunlardan en çok tercih edilenler; GENEPOP (29) ve GENETIX (5) yazılımlarında kullanılan veri formatlarıdır.

**Sonuç:**

Ciddi darboğaz etkisinde olan popülasyonlar, genetik kaynaklarının korunması açısından oldukça önemlidir. Çünkü bu popülasyonlar olası akrabalı yetiştirme depresyonu, genetik varyasyon kaybı ve zararlı genlerin sabitlenmesi durumu ile karşı karşıya kalabilirler (14). Türkiye'ye özgü yerli ırklarının genetik çeşitliliklerinin yüksek olması bu ırkların önemini artırmaktadır. Bu bağlamda; evcil hayvanların genetik kaynaklarının korunması çok önemli bir konudur. Ancak, yerli ırkların gün geçtikçe sayısı azalmaktadır. Bu durumda acil koruma önlemleri alınmalı ve bu koruma programlarına yol gösterici moleküler genetik analizler yapılmalıdır. Bu analizlerden biri olan darboğaz testi de koruma programlarında kilit rol oynamaktadır. Mikrosatellit belirteçleri ile genetik çeşitliliğin araştırıldığı özellikle de nesli tükenme tehlikesi ile karşı karşıya kalan hayvan popülasyonlarında bu testin kullanılması koruma programlarına yol gösterici olması açısından önerilebilir.

**Kaynaklar**

- Ağaoğlu ÖK, 2010. Türkiye'deki bazı yerli keçi ırklarında mikrosatellit polimorfizminin belirlenmesi. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Akyüz B, Ertuğrul O, 2006. Veteriner hekimlikte kalıtsal bozuklukların belirlenmesinde kullanılan yöntemler. *Erciyes Üniv Vet Fak Derg*, 3(1): 53-56.
- Allendorf FW, Luikart G, 2007. Conservation and the Genetics of Populations. First Edition, Wiley-Blackwell, MA, USA, s. 69-71.
- Arora R, Bhatia S, Sehrawat A, Maity SB, Kundu SS, 2008. Genetic variability in Jalauni sheep of India inferred from microsatellite data. *Livest Res Rural Dev*, 20(1): 1-9.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Goudet J, Bonhomme F, 2011. GENETIX, logiciel sous Windows™ pour la genétique des populations. Version 4.05. Université Montpellier, France. <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm>; 2004; Erişim tarihi:07.07.2011.
- Binbaş P, 2006. Çine Çaparı koyunlarda genetik çeşitliliğin RAPD yöntemi ile belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Aydın.
- Butler JM, 2005. Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers (Second Edition). Elsevier Academic Press, New York, s. 85-87.
- Condit R, Hubbell SP, 1991. Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. *Genome*, 34: 66-71.
- Cornuet JM, Luikart G, 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144: 2001-2014.
- Dadi H, Mwacharo J, Tibbo M, Takahashi Y, Nomura K, Hanada H, Amano T, 2011. No evidence for a recent genetic bottleneck in the endangered Sheko cattle breed (*African Bos taurus*) revealed by microsatellite analysis. *Nature Proceedings*: hdl:10101/npre.2009.3925.1: Posted 30 Oct 2009. <http://proceedings.nature.com/documents/3925/version/1/files/npre20093925-1.pdf>; 2009; Erişim Tarihi: 17.05.2011
- Di Rienzo A, Peterson AC, Garza JC, Valdes AM, Slatkin M, 1994. Mutational processes of simple sequence repeat loci in human populations, *Proc Natl Acad Sci USA*, 91: 3166-3170.
- Ertuğrul M, Dellal G, Elmacı C, Akın AO, Pehlivan E, Soysal Mİ, Arat S, 2010. Çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi, 11-15 Ocak 2010; Ankara.
- Fatima S, 2006. Study of genetic variability among Gohilwadi, Surti and Zalawadi Goats using microsatellite analysis. Master Thesis. Master of Veterinary Science in Animal Genetics and Breeding. Department of Animal Genetics and Breeding, College of Veterinary Science & Animal Husbandry Anand Agriculture University, Anand.
- Fatima S, Bhong CD, Rank DN, Joshi CG, 2008. Genetic variability and bottleneck studies in Zalawadi, Gohilwadi and Surti goat breeds of Gujarat (India) using microsatellites. *Small Rumin Res*, 77: 58-64.
- Freeland JR, 2005. *Molecular Ecology*. John Wiley & Sons Ltd, England, s. 43-45.

16. Glowatzki-Mullis ML, Muntwyler J, Baumle E, Gaillard C, 2008. Genetic diversity measures of Swiss goat breeds as decision-making support for conservation policy. *Small Rumin Res*, 74: 202–211.
17. Hedrick PW, 2005. Genetics of Populations (Third Edition). Jones and Bartlett, Sudbury, MA.
18. Iamartino D, Bruzzone A, Lanza A, Blasi M, Pilla F, 2005. Genetic diversity of Southern Italian goat populations assessed by microsatellite markers. *Small Rumin Res*, 57: 249-255.
19. Koban E, 2004. Genetic diversity of native and crossbreed sheep breeds in Anatolia. PhD Thesis. The Graduate School of Natural and Applied Sciences of Middle East Technical University. Ankara.
20. 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 J Animal & Vet Sci*, 4(3): 49-57.
21. Li MH, Zhao SH, Bian C, Wang HS, Wei H, Liu B, Yu M, Fan B, Chen SL, 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.
22. Luikart G, Allendorf FW, Cornuet JM, Sherwin WB, 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *J Hered*, 89 (3): 238-247.
23. Luikart G, England PR. Statistical analysis of microsatellite DNA data, 1999. *Trends Ecol Evol*, 14(7): 253-256.
24. Özkan E, 2005. Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının mikrosatellitler ile incelenmesi. Doktora Tezi. Trakya Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootekni Programı. Tekirdağ.
25. Pandey AK, Sharma R, Singh Y, Prakash BB, Ahlawat SPS, 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *J Genet*, 85: 117-122.
26. Piry S, Luikart G, Cornuet JM, 1999. Bottleneck: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data. *J Hered*, 502–503.
27. Radha P, Sivaselvam SN, Kumarasamy P, Kumanan K, 2007. Genetic diversity and bottleneck analysis of Kilakarsal sheep by microsatellite markers. *Indian J Biotechnol*, 10(1): 52-55.
28. Ramamoorthi J, Thilagam K, Sivaselvam SN, Karthickeyan SMK, 2009. Genetic characterization of Barbari goats using microsatellite markers. *J Vet Sci*, 10(1): 73-76.
29. Raymond M, Rousset F, 1995. GENEPOP (Version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J Hered*, 86: 248-249.
30. Sharma R, Pandey AK, Kumar D, Jain A, Malik G, Gour DS, Ahlawat SPS, 2006. Genetic variation analysis of Hassan sheep population using microsatellite markers. *Korean J Genetics*, 28(1): 43-51.
31. Shivaji S, Kholkute SD, Verma SK, Gaur A, Umapathy G, Singh A, Sontakke S, Shailaja K, Reddy A, Monika S, Sivaram V, Jyotsna B, Bala S, Ahmed MS, Bala A, Chandrashekar BV, Gupta S, Prakash S, Singh L, 2003. Conservation of wild animals by assisted reproduction and molecular marker technology. *Indian J Exp Biol*, 41(7): 710-723.
32. Sodhi M, Mukesh M, Prakash B, Ahlawat SPS, Sobti RC, 2006. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Tharparkar breed of Indian zebu (*Bos indicus*) cattle, a major breed of Rajasthan. *J Genet*, 85: 165–170.
33. Tantia MS, Behl R, Sheoran N, Sinha R, Vijn R, 2004. Microsatellite data analysis for conservation of two goat breeds. *Indian J Anim Sci*, 74: 761-767.
34. Toro MA, Fernandez J, Caballero A, 2009. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. *Livest Sci*, 120: 174-195.

35. Yadav DK, Arora R, Bhatia S, Singh G, 2011. Short tandem repeat based analysis of genetic variability in Munjal-the threatened sheep population of Northwestern India. *Indian J Anim Sci*, 81 (2): 171-176.

**Yazışma Adresi :**

Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU  
Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi  
Veteriner Fakültesi  
Zootekni Anabilim Dalı  
Örtülü Mevkii  
BURDUR  
Tel: 0248 2132074  
E-mail: ozgecanagaoglu@mehmetakif.edu.tr