

İç Ege Bölgesinde Yetiştirilen Yerli Kaz Genotiplerinin Genetik Çeşitliliğinin PFGE Yöntemiyle Belirlenmesi

Yüksel AKIN^{1*}, Mehmet Fatih ÇELEN², Alper KARAGÖZ³, Nadir KOÇAK⁴, Sibel ALAPALA DEMİRHAN⁵

¹Uşak Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Zootekni Anabilim Dalı, Uşak

^{2,5} Uşak Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Hayvan Yetiştirme Anabilim Dalı, Uşak

³ Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi Tıp Fakültesi Temel Tıp Bilimleri Bölümü, Tıbbi Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Bilecik

⁴ Selçuk Üniversitesi Tıp Fakültesi Dâhili Tıp Bilimleri Bölümü, Tıbbi Genetik Anabilim Dalı, Konya

¹<https://orcid.org/0000-0001-7240-2031>

²<https://orcid.org/0000-0002-2513-3980>

³<https://orcid.org/0000-0002-8178-223X>

⁴<https://orcid.org/0000-0002-1104-1292>

⁵<https://orcid.org/0000-0001-7677-5919>

* Sorumlu yazar: yuksel.akin@usak.edu.tr

Araştırma Makalesi

Makale Tarihiçesi:

Geliş tarihi: 10.11.2022

Kabul tarihi: 30.04.2023

Online Yayınlanma: 20.12.2023

Anahtar Kelimeler:

İç Ege Bölgesi

Kaz

PFGE

Genetik çeşitlilik

ÖZ

Bu araştırma, İç Ege Bölgesinde yetiştirilen yerli kaz genotiplerinin genetik çeşitliliğinin PFGE yöntemiyle belirlenmesi amacıyla yapılmıştır. Çalışmanın kan örnekleri, Kütahya, Afyonkarahisar ve Uşak İllerinde tespit edilen 4 farklı noktadan erkek-dişi (karışık) olmak üzere her köyden 10 adet, toplamda 40 adet kazdan alınmıştır. Araştırma sonunda, tüm örnekler birbirleri ile PFGE profili olarak %85 ilişkili bulunmuştur. Suşların, 1 major PFGE pulstotip'i bulunmuş ve bu ana profil ise 3 alt kümeye ayrılmıştır. Uşak I. küme, Afyonkarahisar II. küme ve Kütahya ili ise III. küme grubunu oluşturmuştur. Sürekli benzer noktalardan elde edilen damızlıklar genetik açılmaya sebebiyet verdiğinden dörlülük ve kuluçka randımanını olumsuz etkilemekte ve kuluçkadan çıkan civciv sayısının düşük olmasına neden olmaktadır. Dolayısıyla dörlülüğü, kuluçkadan çıkan civciv sayısını artırabilmek ve başarılı bir kaz yetiştiriciliği için, mevcut damızlıkların birkaç yılda bir değiştirilmesi faydalı olabilir.

Determination of Genetic Diversity of Domestic Goose Genotypes Raised in the Inner Aegean Region by PFGE Method

Research Article

Article History:

Received: 10.11.2022

Accepted: 30.04.2023

Published online: 20.12.2023

Keywords:

Inner Aegean Region

Goose

PFGE

Genetic diversity

ABSTRACT

This research was carried out to determine the genetic diversity of domestic goose genotypes grown in the Inner Aegean Region by the PFGE method. The blood samples of the study were taken from 40 geese in total, 10 from each village as male-female (mixed) from 4 different points identified in the provinces of Kütahya, Afyonkarahisar, and Uşak. At the end of the research, all samples were 85% correlated with each other as PFGE profile. Of the strains, 1 major PFGE pulstotype was found and this main profile was divided into 3 subsets. Uşak I. cluster, Afyonkarahisar II. cluster and the province of Kütahya III. cluster group. Breeders obtained from constantly similar points cause genetic dehiscence, negatively affect fertility and hatchability, and cause a low number of hatched chicks. Therefore, it may be beneficial to replace existing breedings every few years to increase fertility, the number of hatched chicks and for successful

To Cite: Akın Y., Çelen MF., Karagöz A., Koçak N., Alapala S., Demirhan SA. İç Ege Bölgesinde Yetiştirilen Yerli Kaz Genotiplerinin Genetik Çeşitliliğinin PFGE Yöntemiyle Belirlenmesi. *Osmaniye Korkut Ata Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi* 2023; 6(Ek Sayı): 42-54.

Giriş

Türkiye’de kaz yetiştiriciliği hemen hemen tüm bölgelerimizde yapılmakla beraber, soğuk iklim şartlarının hâkim olduğu Kuzey Doğu Anadolu Bölgesinde; Kars, Ardahan, Erzurum, Ağrı ve Muş dolaylarında yoğunlaşmıştır. Bununla birlikte Orta Karadeniz’de Samsun, Çorum, Orta Anadolu’da Yozgat, Kırşehir, Akdeniz’de Isparta ve İç Ege’de ise Kütahya, Afyonkarahisar ve Uşak’ta kaz yetiştiriciliği yaygındır (İşgüzar ve Pingel, 2003; Saatçi, 2008; Çelik ve Bozkurt, 2009; Tilki ve ark., 2011; Yakan ve ark., 2012, Boz, 2015; Akın ve Çelen 2020). Belirtilen bölgelerde kaz yetiştiriciliğinin yaygın olması kazların otlama becerilerinin diğer kanatlı hayvan türlerine göre yüksek oluşu, yabancı otları tüketebilmeleri ve zor çevresel şartlara daha dirençli olmalarıyla açıklanabilir (Labatut, 2002). Dünya nüfusunda sürekli artış yaşanması hayvansal proteinlere olan talebi artırmakta ve hayvansal proteinlere erişim giderek zorlaşmaktadır. Bu sorunun üstesinden gelmek için; düşük maliyetli, insan sağlığına zararsız ve yüksek verimli genotipler geliştirilmelidir (Akın, 2022). Hayvancılıkta mevcut ırkların ıslah edilerek verimlerinin artırılmasına yönelik çalışmalar giderek yaygınlaşmaktadır. Bu amaçla yerli gen kaynaklarının genetik çeşitliliğinin saptanması ve korunması gerekmektedir. Mercan (2010) yerli genetik kaynakları, herhangi bir organizmanın yaşadığı ortamın olumlu ve olumsuz etkilerine optimum seviyede adapte olanların oluşturduğu özgün genetik zenginlikler olarak tanımlamaktadır (Mercan, 2010).

Genetik çeşitlilik, belirli bir coğrafik bölgeye uyum sağlamış herhangi bir türün ve bu türlere ait ırkların gen havuzundaki genetik özelliklerinin toplam sayısını ifade eden bir kavramdır. Ayrıca, o türe ait popülasyonların değişen çevre koşullarına uyum sağlayabilme yeteneğini de içermektedir. Çevresel koşullar ve diğer şartlar altında ortaya çıkan genetik çeşitlilik ve varyasyon, popülasyondaki bazı bireylerin çevre şartlarına uygun allel varyasyonlara sahip olmasını sağlamaktadır. Böylece, seleksiyon işlemleriyle istenilen özelliklere sahip döller elde edilerek, hali hazırdaki popülasyonun o çevre şartları altında varlığını sürdürmesi sağlanır (Mercan, 2010). Genetik çeşitliliğin saptanması sadece yerli ırkların korunmasına katkıda bulunmaz, ayrıca ıslah çalışmalarının geliştirilmesine de fırsat tanımaktadır. Çiftlik hayvanlarının genetik çeşitliliğinin saptanmasında DNA polimorfizm analizlerinden yararlanılmaktadır (Baumung ve ark., 2004). Bu bağlamda DNA markörleri, filogenetik analizler ve faydalı genlerin araştırılması gibi temel araştırmalarda tercih edilmektedir. Ayrıca markörlerden yararlanarak ebeveyn testlerinde, popülasyonlar içerisinde homozigotluğun belirlenmesinde ve seleksiyon işlemleri gibi uygulamaya yönelik çalışmalarda da DNA markörlerinden yararlanılmaktadır.

Kırıkçı (2017), ırk içerisindeki ve ırklar arasındaki genetik çeşitliliğin saptanmasında, ırkların tanımlanarak popülasyonlar arasındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde mikrosatellit markörlerin tercih edildiğini belirtmiştir. Günümüzde genel olarak kazların genetik çeşitliliğinin ortaya konulmasında; Greylag kazı (*Anser anser*), Kanada kazı (*Branta canadensis L.*), Swan kazı (*Anser cygnoides L.*), White-fronted goose (*Anser albifrons*) gibi kazların yabancı formlarından mikrosatellit markörler izole edilmektedir. Bu markörlerin ayrıca Çin, Macar, Embden ve Zatorska, Slovak vb. kaz ırklarının genetik çeşitliliğinin saptanmasında kullanıldığı belirtilmiştir (Cathey ve ark., 1998; Tu ve ark., 2006; Li ve ark., 2007; Weiß ve ark., 2008; Mindek ve ark., 2014a). Moleküler markörler, başta tavuklar olmak üzere, bıldırcın, ördek, kaz vb. birçok farklı kümes hayvanlarının genetik özelliklerinin saptanması amacıyla kullanılmaktadır. Tercih edilen yöntem üzerinde çalışılan hayvanının özelliğine ve yapılan çalışmanın amacına göre farklılık göstermektedir. Taihu kazlarının popülasyon ve yapısının genetik çeşitliliğinin araştırıldığı bir çalışmada, 26 mikrosatellit markör kullanılmış, toplam 83 allel saptanmıştır. Çalışma sonunda, Taihu kazlarının yetiştirme alanlarında kayıp yaşanmasına rağmen, genetik çeşitliliğin önemli derecede olduğu ve akrabalık düzeyinin ise düşük seviyelerde kaldığı belirtilmiştir (Qing-Ping ve ark., 2009). Mindek ve ark., (2014a) Slovakya’da nesli tükenme tehlikesi altında olan Suchovska ve Slovak kaz ırklarının heterozigotluk değerlerini ve genetik çeşitliliklerinin düşük olduğunu saptamışlardır. Düşük popülasyon büyüklüğünün ve heterozigotluğun etkisiyle genetik çeşitliliğin düştüğünü, bu durumun da iki ırkın neslinin tehlike altına girmesine sebep olduğunu belirtmişlerdir. Araştırmacılar farklı bir çalışmada ise Tesedik kazının genetik çeşitliliği ve genetik karakterizasyonunu yapmış ve 28 farklı allelin tespit edildiğini bildirmişlerdir (Mindek ve ark., 2014b). Beş adet yerli ve bir adet yabancı menşeli Çin kazı ırkları arasındaki evrimsel ilişkinin saptanması amacıyla yürütülen bir çalışmada, 29 adet mikrosatellit markörü kullanılmıştır. Araştırma sonunda, altı ırk içerisinde 334 allel tespit edildiği ve bu allellerden %13,5’inin (45 adeti) sadece bir ırka ait olduğu ortaya konulmuştur (Li ve ark., 2012).

Andres ve Kapkowska (2011), kazların dünyada görülen çok sayıda yerli ve ticari ırkı var olmasına karşın moleküler düzeyde genetik çeşitliliğinin yeterince tespit edilemediğini ileri sürmüştür. Bu amaçla, genetik çeşitliliğinin saptanabilmesinde kullanılmak üzere moleküler markör geliştirmek için yapmış oldukları bir çalışmada, hâlihazırda birçok kanatlılarda tercih edilen 24 adet mikrosatellit markörünün kazlara dair yapılması planlanan popülasyon genetiği ve genetik çeşitliliğinin saptanmasına yönelik çalışmalarda tercih edilebileceğini belirtmişlerdir. Pellegrino ve ark., (2015) mtDNA (mitokondriyal DNA) ve mikrosatellitler kullanarak Avrupa Atlantik kıyı şeridindeki Greylag kaz popülasyonlarının genetik çeşitliliğini saptamak amacıyla yürüttükleri bir çalışmada, Hollanda, Norveç ve Kuzey Fransa’da düşük genetik çeşitliliği olduğunu tespit etmiş, Fransa’nın güney bölgelerindeki popülasyonunun diğer 3 popülasyondan kısmen farklı bir genetik değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir.

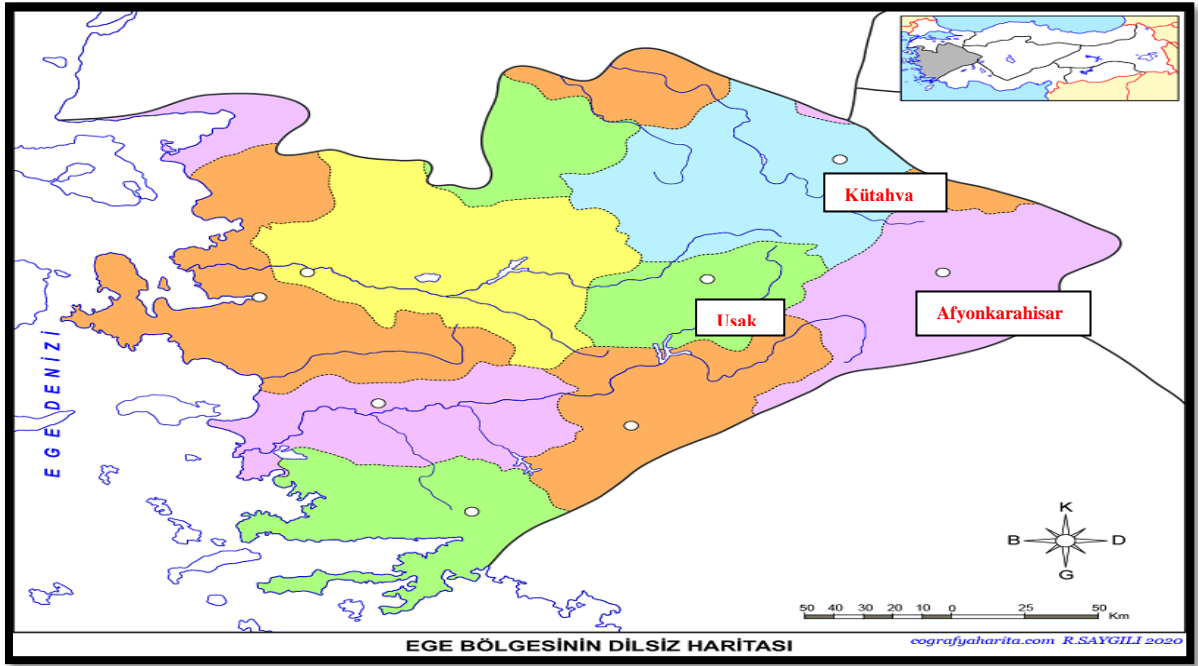
Tu ve ark., (2006), Çin Halk Cumhuriyeti'nde 14 yerli Gri Kaz ırklarına ait genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla mikrosatellit markörler kullanılarak yürüttükleri bir çalışmada, toplam 31 mikrosatellitten 25 tanesinin orta düzeye sahip polimorfizm özelliği gösterdiğini, ortalama heterozigotluğun 0,4985 ile 0,6916 arasında gerçekleştiğini bildirmişlerdir. Araştırma sonunda, Doğu Çin Bölgesine ait yerli ırkların özelliklerinin araştırılarak, bu ırkların koruma altına alınması gerektiğini açıklamışlardır. Poyarkov ve ark., (2010), Rusya'da Kuğu kazlarına ait genetik çeşitliliğini mtDNA yöntemi ile incelemiş, toplam 11 haplotip tanımlamışlardır. Kuğu Kazlarının genetik çeşitliliğinin, nesli tükenme tehlikesi altında olan diğer bazı kazların genetik çeşitliliğine nazaran daha düşük olduğunu açıklamışlardır. Sun ve ark., (2014) 245 yerli kazın mtDNA kontrol bölgelerini incelemiş, Çin'deki yerel kaz ırkının Swan kazından (*Anser cygnoides*) köken aldığını, Avrupa Kıtasındaki kazların ise Greylag kazından (*Anser anser*) türediğini, belirtmiştir. Weiß ve ark., (2008) tarafından, Greylag kazlarından 10 polimorfik mikrosatellit lokusu izole edilmiş, yakın genetik ilişkisi bulunanlardan daha önceki mikrosatellit lokuslarından yararlanarak 5 yeni primer çifti tasarlanmıştır. Bu markörler sayesinde Greylag kaz popülasyonlarına ait yeni bireylerin orjinlerinin ve oranlarının saptanmasında daha etkin olabileceğini ifade etmişlerdir.

Dünya'da kazların genetik çeşitliliğinin saptanmasına dair birçok çalışma bulunurken, Türkiye'de yürütülen çalışmalar arzu edilen seviyelerde değildir. Nitekim Türkiye'de kazların genetik çeşitliliğinin saptanmasına dair ilk araştırmanın Devrim ve ark., tarafından 2007 yılında yapıldığı görülmektedir. Devrim ve ark., (2007) Kafkas Dağları ile Anadolu arasındaki geçiş bölgesinde beyaz, siyah, alaca ve sarı olmak üzere dört tüy rengiyle tanımlanan yerel kazların genetik yapısını, evrimsel ilişkilerini ve genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla bir çalışma yürütmüşlerdir. Bu amaçla 100 hayvandan DNA örnekleri alarak, rastgele 50 primer ile taramışlardır. Genetik ilişkilerin tüm popülasyonlar arasında 40 polimorfik bant (%83,33) gösterdiğini ve toplam 48 lokustan elde edilen rastgele amplifiye polimorfik DNA polimorfizmlerini ortaya koymuşlardır. Bu çalışma sonunda oluşturdukları bir dendrogramla, beyaz ve siyah tüylü kazlar arasında yakın bir ilişki olduğunu saptamışlardır. (Devrim ve ark., 2007). Türkiye'de yapılan diğer bir çalışmada ise Demirtaş (2018), Alaca, Beyaz, saf yerli kaz genotipleri ile ÇinxEmden melezi kazların genetik çeşitliliğini saptamıştır. Alaca, Beyaz, saf yerli ve ÇinxEmden melezi popülasyonlarının allel sayılarının 37,0, 40,3, 41,8 ve 38,5 olduğunu, popülasyonların zengin bir allelik çeşitliliğe sahip olduğunu ifade etmiştir (Demirtaş, 2018).

Kanatlı hayvan sektöründe önemli yeri olan kazların yerli genetik varlığının tespit edilmesi, hayvan varlığımızın korunarak sürekliliğinin sağlanmasına katkıda bulunacaktır. Bu çalışmayla, İç Ege Bölgesi'nde yetiştirilen yerli kazların genetik çeşitliliği PFGE yöntemiyle analiz edilmiş ve çalışma sahasını oluşturan Afyonkarahisar, Kütahya ve Uşak illerindeki kazlar arasındaki akrabalık ilişkileri tespit edilmeye çalışılmıştır.

Materyal ve Metot

Çalışma sahası, TÜİK 2017 yılına ait verilerden yararlanarak bölgede en fazla kaz yetiştiriciliği yapılan Kütahya, Afyonkarahisar ve Uşak illerinden oluşturulmuştur (TÜİK, 2018). Köy bazında TÜİK verileri bulunmadığından bu ilçelere bağlı köylerin muhtarlarıyla iletişime geçilerek kaz yetiştiriciliği faaliyetleri hakkında bilgi alınmıştır. İlgili köylerin muhtarları ve üreticileri ile sözlü mülakat yapılmış ve çalışma hakkında bilgi verilerek destek mektupları toplanmıştır. Çalışma sahasına ait İç Ege Bölümü Haritası Şekil 1’ de gösterilmiştir.



Şekil 1: İç Ege Bölümü Haritası-Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak (HGM, 2022; Akın, 2022)

Bu çalışma, Uşak Üniversitesi Rektörlüğü Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'nun (UÜHADYEK) 21.12.2018 tarih ve 2018/02 sayılı toplantısında alınan 2018/02-01 nolu kararı kapsamında gerçekleştirilmiştir. Araştırmanın kan örnekleri, genetik analiz işlemleri yapılana kadar coğrafi koordinatları $38^{\circ}00'-40''-05.7'''-N$, $29^{\circ}00'-19''-40.0'''-E$ olan Uşak Üniversitesi Ziraat Fakültesi öğrenci laboratuvarlarında $-18^{\circ}C$ 'de muhafaza edilmiştir. Örneklem modeli oluşturulurken Mercan, (2010) tarafından oluşturulan örneklem modelinden yararlanılmıştır. Araştırmada kan örneklerinin alındığı il, ilçe, köy ile örnek kodu ve alınan örnek sayısı Tablo 1’de gösterilmiştir. Tablo 1’de belirtilen 12 farklı coğrafik noktanın örnek kodunda; örneğin alındığı ili ilk iki harf (Kütahya: **KU**; Afyonkarahisar: **AF** ve Uşak: **US**) belirtirken, sonrakiler ise; ilçe, köy, sıra numarasını oluşturmaktadır (**Örnek**: Uşak ili, Merkez ilçesi, Bozkuş Köyü, 1 nolu kaz için; Örnek Kodu: **USMEB-01**).

Tablo 1: Kan örneklerine ait örneklem modeli (Akın, 2022)

Çalışma Sahası Kodu	Örneğin Alındığı İl	Örneğin Alındığı İlçe	Örneğin Alındığı Köy	Örnek Kodu
02 NOLU ÇALIŞMA SAHASI-KÜTAHYA İLİ				
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-01
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-02
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-03
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-04
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-05
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-06
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-07
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-08
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-09
01	KÜTAHYA	DUMLUPINAR	Küçükashanlar	KUDUK-10
07 NOLU ÇALIŞMA SAHASI-AFYONKARAHİSAR İLİ				
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-01
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-02
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-03
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-04
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-05
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-06
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-07
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-08
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-09
02	AFYONKARAHİSAR	SİNANPAŞA	Balmahmut	AFSIB-10
09 NOLU ÇALIŞMA SAHASI-UŞAK (I) İLİ				
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-01
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-02
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-03
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-04
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-05
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-06
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-07
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-08
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-09
03	UŞAK	MERKEZ	Bozkuş	USMEB-10
10 NOLU ÇALIŞMA SAHASI-UŞAK (II) İLİ				
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-01
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-02
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-03
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-04
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-05
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-06
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-07
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-08
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-09
04	UŞAK	MERKEZ	İkisaray	USMEI-10
Çalışmada kullanılan toplam örnek sayısı				40 adet

Kan Alım İşlemleri

Çalışmanın hayvan materyalini İç Ege Bölgesi illeri; Kütahya, Afyonkarahisar ve Uşak İllerinde tespit edilen 4 farklı noktadan erkek-dişi (karişik) olmak üzere her köyden, 10 adet, toplamda 40 adet kaz oluşturmaktadır. Çalışma sahasını oluşturan illerde yerli kazlar; beyaz, alaca, gri renk varyetelerini içeren karişik sürülerden oluşmaktadır. Kan örnekleri bu sürülerden rastgele seçilerek alınmıştır. Araştırmada yerli kaz genotiplerinin çeşitliğinin belirlenmesi prosedürleri uygulanırken daha önce yapılan çalışmalardan yararlanılmıştır (Fields ve Scribner, 1997; Weiß ve ark., 2008; Mercan, 2010; Li

ve ark., 2013; Özdemir ve ark., 2018). Kan örneği, kanın alınacağı yerde her bir kazın kanat altı toplar damarlarından alınarak, antikoagulant özelliğe sahip Etilendiamintetraasetikasit (EDTA) veya Lityum-Heparin madde içeren 3 ml kapasiteli steril tüplerle soğuk zincir bozulmadan ve herhangi bir işleme tabi tutulmadan Uşak Üniversitesi Ziraat Fakültesi laboratuvarına ulaştırılmıştır. Kan alım işlemi Şekil 2’de gösterilmiştir.

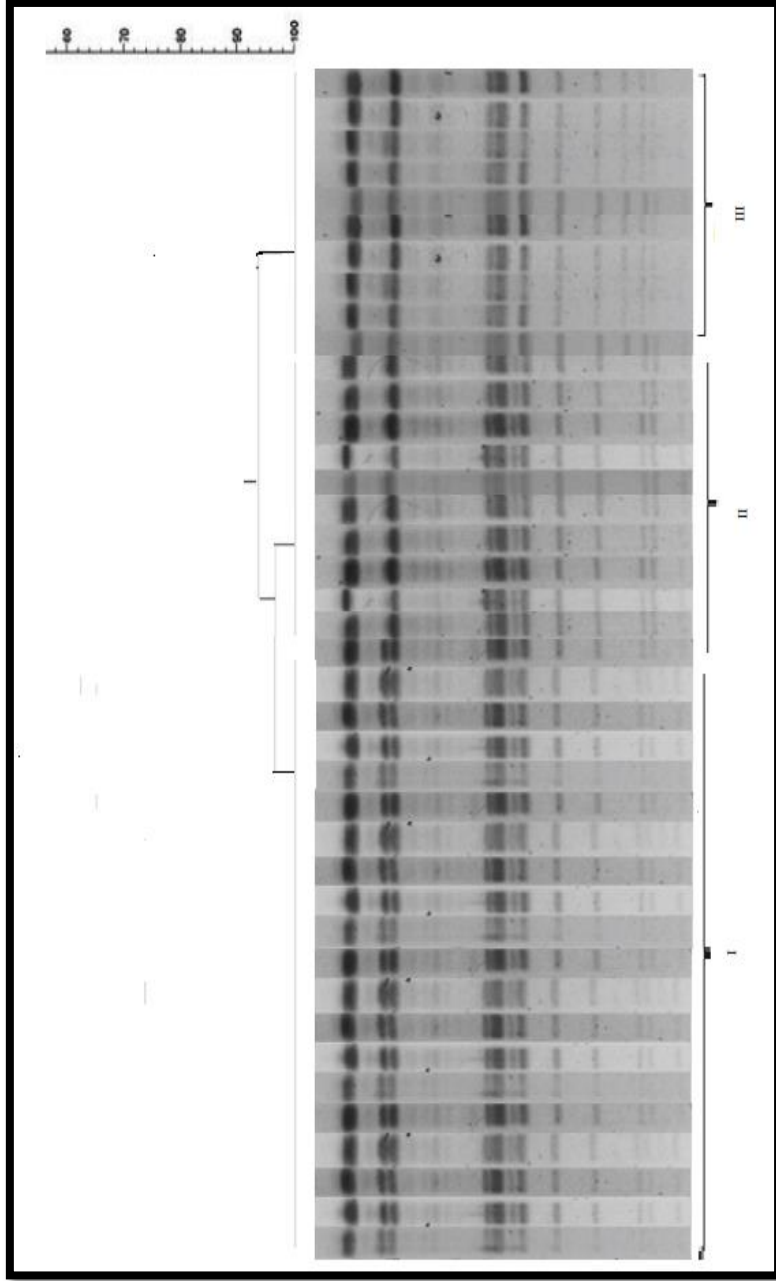


Şekil 2. Kan alım işlemleri (Akın, 2022)

PFGE (Pulsed Field Gel Electrophoresis) Yöntemi

PFGE yöntemi ilk olarak, Schwartz ve ark., (1982) tarafından büyük DNA’ların saflaştırılması, paketlenmesi ve özelliklerinin belirlenmesinde yeni teknikler adlı çalışmalarında öne sürülmüştür. PFGE yöntemi moleküler biyolojide daha önceleri zor ve uzun süreç gerektiren prosedürleri basitleştirmiş ve günümüzde bakteri, virüslerden memelilere kadar birçok alanda yürütülen biyoteknolojik araştırmalarda tercih edilmektedir. Geleneksel jel elektroforez yöntemlerinde DNA fragmentlerinin 50 kilobaza (kb) kadar ayrıştırılabildiği bildirilirken, bu yöntem DNA’ların birkaç kb’dan, 10 megabaza (Mb) kadar parçalara ayrılabilmesine olanak sağlar (Levene ve ark., 1992; Kaufmann, 1998). PFGE sistemi genel olarak; sıcaklık kontrol araçları, jel kutusu, anahtarlama birimi (elektrik alanlarını kontrolü), soğutucu ve güç kaynağından müteşekkildir (Lai ve ark., 1989). Yöntem, düşük erime ısıya sahip agaroz içine gömülü haldeki üzerinde çalışılan organizmadan izole edilen genomik DNA’nın uygun restriksiyon endonükleaz enzimi (RE) ile kesilerek, ortaya çıkan bant profillerin tespit edilmesi ve yorumlanması aşamalarından ibarettir (Türe ve Altınok, 2013). Uşak, Afyonkarahisar ve Kütahya illerinden temin edilen kan örneklerinden elde edilen genomik DNA’lar arasındaki klonal ilişkinin saptanması amacıyla, RE aktiviteli *XbaI* enzimi kullanılmıştır. DNA paternleri; PFGE cihazında %1,2’lik agaroz jel, 6V/cm akım, 14°C ısı ve 0.5x TBE içerisinde başlangıç 2,1 sn ve bitiş vuruş zamanları 64 sn olacak şekilde 19 saat yürütülmüştür. PFGE prosedürünün ardından ortaya çıkan DNA paternleri BioNumerics software (version 6.01; Applied

Maths, Belçika) programı ile değerlendirilmiştir. Benzerlik indeksinin saptanmasında “Dice” katsayısı kullanılmış ve %1 tolerans değeri baz alınmıştır. Genomik DNA’lar arası kümelenme ilişkisinin saptanmasında ise UPGMA (Unweighted Pair Group Method of Arithmetic Averages) yönteminden yararlanılmıştır. Tenover ve ark., (1995) tarafından belirlenen ilkelere göre genomik DNA’lar arası genotipik ilişki tespit edilmiştir. İlk olarak kazlara ait DNA’ların RE aktiviteli *Xba*I enzimiyle kesildikten sonra, çeşitli bant paternlerinin tespit edildiği PFGE jel görüntüleri saptanmış ve sonraki aşamada dendogram analizi yapılmıştır. Daha sonra PFGE profil dendogramları oluşturularak kazlar arasındaki ilişkiler belirlenmiştir. Şekil 3’de dendogram görüntüsü verilmiştir.



Şekil 3. Yerli kazların PFGE profilleri dendogram görüntüsü* (Akın, 2022)

* I. Küme (Uşak İli-20 Örnek), II. Küme (Afyonkarahisar İli-10 Örnek), III. Küme (Kütahya İli-10 Örnek)

Bulgular ve Tartışma

Kazlara ait 40 adet kan örneklerinin dendogramı, Tenover ve ark. (1995)'nin belirlediği yöntemle değerlendirilmiştir. Tenover ark., (1995) genetik yakınlık kriterinde %85 ve üzerinin dikkate alınması gerektiğini belirtmiştir. Bu bağlamda tüm örnekler birbirleri ile PFGE profili olarak %85 ilişkili bulunmuştur. Eğer suşları sınıflandıracak olursak 1 major PFGE pulsotip'i bulunmaktadır. Bu ana profil ise 3 alt kümeye ayrılmıştır. Uşak ili örnekleri (20 örnek), I. küme; Afyonkarahisar ili örnekleri (10 örnek), II. küme ve Kütahya ili örnekleri (10 örnek) ise III. küme grubunu oluşturmaktadır. Sonuç olarak çalışılan örnekler moleküler tiplendirme yöntemlerinden çok sık kullanılan PFGE tekniğine göre değerlendirildiğinde bütün örnekler genetik olarak ilişkili bulunmuştur. Uşak, Afyonkarahisar ve Kütahya illerinde yetiştirilen yerli kazların genetik olarak birbirleriyle ilişkili olması, üç il içinde kaz sirkülasyonu olduğunu akla getirmektedir.

Türkiye'de kazların genetik çeşitliliğinin saptanmasına dair ilk çalışma Devrim ve ark., (2007) tarafından Kafkas Dağları ile Anadolu arasındaki geçiş bölgesinde beyaz, siyah, alaca ve sarı olmak üzere dört tüy rengiyle tanımlanan yerel kazların genetik yapısını, evrimsel ilişkilerini ve genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla yapılmıştır. Bu amaçla 100 hayvandan DNA örnekleri alınarak rastgele 50 primer ile taranmıştır. Araştırmacılar, genetik ilişkilerin tüm popülasyonlar arasında 40 polimorfik bant (%83.33) gösterdiğini ve toplam 48 lokustan elde edilen rastgele amplifiye polimorfik DNA polimorfizmlerinin tespit edildiğini belirtmişlerdir. Bu çalışma için oluşturdukları bir dendrogramla, beyaz ve siyah tüylü kazlar arasında yakın bir ilişki olduğunu ortaya koymuşlardır. Ayrıca alaca kazların beyaz ve siyah kazlara çok benzediğini ve sarı renkli kazların diğer üç popülasyondan önemli ölçüde farklılık gösterdiğini belirtmişlerdir.

Demirtaş (2018), Alaca, Beyaz, saf yerli kaz genotipleri ile ÇinxEmden melezine ait kazların genetik çeşitliliğini saptamak amacıyla, Türkiye'de Yozgat ilinden 110 kazdan kan örnekleri edinmiş, popülasyonlara ait genetik çeşitliliği; Ans17, Ans02, Ans25, Aalμ1b, Aph19b ve TTUCG5 mikrosatellit lokuslar kullanarak incelemiştir. Bu lokuslara ait polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerlerinin; 0,919, 0,925, 0,917, 0,907, 0,879 ve 0,904 olduğunu, en çok allel Ans25 (28), en az allel ise Aph19b (14) mikrosatellit lokusunda tespit edildiğini açıklamıştır. Alaca, Beyaz, saf yerli ve ÇinxEmden melez popülasyonlarının ortalama allel sayılarının sırasıyla 37,0, 40,3, 41,8 ve 38,5 olduğunu, popülasyonların zengin bir allelik çeşitliliğe sahip olduğunu ifade etmiştir. Taihu kazlarının ırk içi genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısının araştırıldığı bir çalışmada, Taihu kazlarının yetiştirme alanlarının azalmasına karşın, genetik çeşitliliğinin önemli derecede olduğu, akrabalık derecesinin düşük seviyede oldukları saptanmıştır (Qing-Ping ve ark., 2009). Farklı bir çalışmada, 5 adet yerli ve 1 adet yabancı menşeli Çin kaz ırklarının evrimsel ilişkisinin belirlenmesi amacıyla 29 adet mikrosatellit markörü kullanılmış, altı ırk arasında 334 allel gözlemlendiği ve bu allellerin % 13,5'inin sadece tek bir ırka ait olduğu, yabancı menşeli ırkın popülasyon içi genetik çeşitliliğinin yerliye nazaran daha fazla olduğu belirtilmiştir (Li ve ark., 2012). Araştırmacılar ayrıca, Çin'deki bazı yerli

ırkların birbirleri arasında çok fazla melezlenmesi nedeniyle aralarındaki genetik çeşitlilikte azalma meydana geldiğini açıklamışlardır. Pellegrino ve ark., (2015), mtDNA ve mikrosatellitler kullanarak Avrupa Atlantik kıyı şeridindeki Greylag kaz popülasyonlarının genetik çeşitliliğini saptamak amacıyla Hollanda ve Norveç'teki çiftleşme alanları ile Fransa'nın Kuzey ve Güney Bölgelerindeki kışlama alanlarından örnekler edinmişlerdir. Mitokondriyal DNA analizleri sonunda Norveç, Fransa'nın Kuzeyinden ve Hollanda'dan alınan örnekler arasında genetik çeşitliliğin düşük olduğu, Fransa'nın güneyindeki popülasyonunun geriye kalan 3 popülasyondan kısmen farklı bir genetik değişiklik arz ettiğini bildirmişlerdir. Mikrosatellit analizleri neticesinde gruplandırmanın coğrafi olarak mümkün olmadığını, Norveç'te, birbirlerine çok benzeyen popülasyonlar dışında kalan tüm popülasyonlar içerisinde yüksek oranda genetik karışımın olduğunu belirtmişlerdir.

Sonuç

Bu çalışmada, PFGE yöntemi ile kazlara ait 40 adet kan örneklerinin dendogramı oluşturulmuş ve Tenover ve ark. (1995)'nin belirlediği yöntemle göre genetik ilişki saptanmaya çalışılmıştır. Çalışma sonucunda elde edilen tüm örneklerin genetik PFGE profili olarak %85 ilişkili olduğu saptanmıştır. Uşak, Afyonkarahisar ve Kütahya illerinde yetiştirilen yerli kazların genetik olarak birbirleriyle ilişkili olması, üç il içinde yetiştiricilerin kaz değişimi yaptığını akla getirmektedir. Üç ilde tespit edilen genetik ilişki çalışma sahasında akrabalık ilişkisinin de yüksek olabileceğini düşündürmektedir. Sürekli benzer noktalardan elde edilen damızlıklar genetik açılmaya sebebiyet verdiği için döllülük ve kuluçka randımanını olumsuz etkilemekte ve kuluçkadan çıkan civciv sayısının düşük olmasına neden olmaktadır. Dolayısıyla döllülüğü, kuluçkadan çıkan civciv sayısını artırabilmek ve başarılı bir kaz yetiştiriciliği için, mevcut damızlıkların birkaç yılda bir değiştirilmesi faydalı olabilir.

Teşekkür

Bu çalışma Uşak Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü tarafından (UBAP) 2021/TP-001 nolu proje kapsamında desteklenmiştir. Bu araştırma, "İç Ege Bölgesinde Üretilen Yerli Kaz Genotiplerinin Genetik Çeşitliliğinin PFGE Yöntemiyle analizi ve Yetiştirici Koşullarındaki Kazların (*Anser anser*) Yumurta, Kesim ve Karkas Özelliklerinin Belirlenmesi" adlı Doktora Tezi'nden üretilmiştir.

Çıkar Çatışması Beyanı

Makale yazarları herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan eder.

Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarlar makaleye benzer oranda katkı sağlamış olduğunu beyan eder.

Kaynakça

- Andres K., Kapkowska E. Applicability of anamid and galliform microsattellite markers to the genetic diversity studies of domestic geese (*Anser anser domesticus*) through the genotyping of the endangered Zatorska breed. BMC Research Notes 2011; 4(65): 1-10.
- Akın Y., Çelen MF. Ege Bölgesinde kaz yetiştiriciliği ve bölge mutfak kültüründe kazların önemi. Uşak Üniversitesi Fen ve Doğa Bilimleri Dergisi 2020; 4(1): 28-39.
- Akın Y. İç Ege Bölgesinde üretilen yerli kaz genotiplerinin genetik çeşitliliğinin PFGE yöntemiyle analizi ve yetiştirici koşullarındaki kazların (*Anser anser*) yumurta, kesim ve karkas kalite özelliklerinin belirlenmesi. Uşak Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Doktora Tezi 2022; 105s, Uşak.
- Baumung R., Simianer H., Hoffmann I. Genetic diversity studies in farm animals—a survey. Journal of Animal Breeding and Genetics 2004; 121(6): 361-373.
- Boz MA. Doğal ve yapay kuluçka ile elde edilen kazların entansif koşullarda büyüme, kesim ve karkas özelliklerinin belirlenmesi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi,2015; 168s, Samsun.
- Cathey J., DeWoody J., Smith L. Brief communication. Microsattellite markers in Canada geese (*Branta canadensis*). Journal of Heredity 1998; 89(2): 173-175.
- Çelik B., Bozkurt Z. Muş yöresi yerli kazlarında kesim ve karkas özellikleri. Lalahan Hayvan Araştırma Enstitüsü Dergisi 2009; 49(1): 37-46.
- Demirtaş Z. Bazı yerli ve melez evcil kaz populasyonlarında genetik çeşitliliğin mikrosattelit markörler yardımıyla belirlenmesi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 2018; 95s, Samsun.
- Devrim AK., Kaya N., Güven A., Koçer B. Genetic diversity of local geese of varying productivity and feather color in Kars. Biochem. Genet. 2007; 45: 515-522.
- Fields RL., Scribner T. Isolation and characterization of novel waterfowl microsattellite loci: Cross-species comparisons and research applications. Molecular Ecology 1997; 6: 199-202.
- HGM, Harita Genel Müdürlüğü. İl ve ilçe yüzölçümleri 2018; Erişim tarihi: 27.11. 2018. https://www.harita.gov.tr/images/urun/il_ilce_alanlari.pdf.
- İşgüzar E., Pingel H. Growth, carcass composition and content of meat of different local geese in Isparta region of Turkey. Arch Tierz Dummerstorf 2003; 46(1): 71-76.
- Kaufmann M. Molecular bacteriology protocol and clinical applications. Woodford N., and Johnson A. Humana press Inc., Totowa, N. J. Methods in Molecular Medicine 1998; 88-91.
- Kırıkçı K. Karayaka koyun ırkının genetik karakterizasyonu. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi 2017; 126s, Samsun.
- Labatut MC. Goose production in Chieland, South America. Goose Production, FAO Animal Production and Healty 2002.

- Lai E., Birren BW., Clark SM., Simon MI., Hood L. Pulsed-field gel electrophoresis. *Biotechniques* 1989; 7: 34-42.
- Levene SD. *Methods in molecular biology. Pulsed-Field Gel Electrophoresis*, Eds. M. Burmeister and L. Ulanovsky, Totowa, NJ, The Humana Press 1992; 345-365.
- Li HF., Chen KW., Yang N., Song, WT., Tang QP. Evaluation of genetic diversity of Chinese native geese revealed by microsatellite markers. *World's Poultry Science Journal* 2007; 63(3): 381-390.
- Li J., Yuan Q., Shen J., Tao Z., Li G., Tian Y., Lu L. Evaluation of the genetic diversity and population structure of five indigenous and one introduced Chinese goose breeds using microsatellite markers. *Canadian Journal of Animal Science* 2012; 92(4): 417-423.
- Li JJ., Li GQ., Shen JD., Tao ZR., Wang DQ., Tian Y., Chen L., Yuan QY., Shen JL., Lu LZ. Characterisation of 57 novel microsatellite markers from the goose (*Anser cygnoides*) genome. *Journal of Applied Animal Research* 2013; 41(1): 111-116.
- Mercan L. Yerli tavuk genotiplerinin ticari genotipler ile olan genetik farklılığının SSR (Simple sequence repeats-basit dizi tekrarları) yöntemi ile analizi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi 2010; 159s, Samsun.
- Mindek S., Mindeková S., Hrnčár C., Weis J., Gašparík J. Genetic diversity and structure of Slovak domestic goose breeds. *Veterinaria ir Zootechnika* 2014a; 67(89): 81-87.
- Mindek S., Trakovická A., Hrnčár C., Weis J. Genetic diversity of Tesedik goose. *Acta Fytotechnica et Zootechnica* 2014b; 17(4): 127-129.
- Qing-Ping T., Shuang-Jie Z., Jun G., Kuan-Wei C., Huo-Lin L., Jian-Dong S. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Taihu goose: A major breed of China. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 2009; 8(11): 2153-2157.
- Pellegrino I., Cucco M., Follestad A., Boos M. Lack of genetic structure in greylag goose (*Anser anser*) populations along the European Atlantic flyway. *Peer J.* 2015; 3(e116): 3-22.
- Poyarkov N., Klenova A., Kholodova M. Genetic diversity of swan goose (*Anser cygnoides L.*) in Russia: Analysis of the mitochondrial DNA control region polymorphism. *Russian Journal of Genetics* 2010; 46(4): 493-496.
- Özdemir S., Arslan H., Özentürk U., Yıldırım F., Yıldız A. Atak-S ve Isa brown tavukları arasındaki genetik çeşitliliğin SSR belirteçleri ile tahmini. *Kocatepe Veterinary Journal* 2018; 11(1): 53-62.
- Saatçi M. Effect of age, sex, feather colour, body measurements, and body weight on down and feather yield in native Turkish geese. *Turkish Journal Veterinary Animal Science* 2008; 32(4): 293-297.
- Schwartz DC., Saffran W., Welsh J., Haas R., Goldenberg M., Cantor CR. New techniques for purifying large DNAs and studying their priorities and packaging. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 1982; XLVII: 189-195.
- Sun J., Zhang S., He DQ., Chen SY., Duan ZY., Yao YG., Liu YP. Matrilinial genetic structure of domestic geese. *The Journal of Poultry Science* 2014; 51(2): 130-137.

- Tenover FC., Arbeit RD., Goering RV. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: criteria for bacterial strain typing. *Journal Clin Microbiol.* 1995; 33(9): 2233-2239.
- Tilki M., Yazıcı K., Sarı M., Işık S., Saatçi M. Yerli Türk kazlarında çıkım ayı ve cinsiyetin kesim ve karkas özelliklerine etkisi. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi* 2011; 17(5): 831-835.
- Tu Y., Chen K., Zhang S., Tang Q., Gao Y., Yang N. Genetic diversity of 14 indigenous Grey Goose breeds in China based on microsatellite markers. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences* 2006; 19(1): 1-6.
- TÜİK, Türkiye İstatistik Kurumu. Ege Bölgesi illerimizin 2017 yılına ait kaz üretim miktarları. 2018; Erişim tarihi: 15.08.2018. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/>
- Türe M., Altınok İ. Pulsed-Field jel elektroforez (PFGE) metodu ve akuatik organizmalarda kullanımı. *Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi* 2013; 9(1): 44-54.
- Weiß BM., Poggemann K., Foerstes K., Hirchenhauser K. Isolation and characterization of microsatellite marker loci in the Greylag goose (*Anser anser*). *Molecular Ecology Resources*, 2008; 8: 1411-1413.
- Yakan A., Aksu Elmalı D., Elmalı M., Şahin T., Motor S., Can Y. Halk elinde yetiştirilen beyaz ve alaca kazlarda karkas ve et kalitesi özellikleri. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi* 2012; 18(4): 663-670.