



Araştırma/Research

Anadolu Tarım Bilim. Derg./Anadolu J Agr Sci, 34 (2019)
ISSN: 1308-8750 (Print) 1308-8769 (Online)
doi: 10.7161/omuanajas.480586

Saf Gerze tavuğu ve Sinop ili köy tavuğu popülasyonlarının sekiz polimorfik mikrosatellit lokusu bakımından karşılaştırılması

Levent Mercan*, Fatih Bilgi, Merve Budak

Ondokuz Mayıs University, Agriculture Faculty, Agricultural Biotechnology Department, 55139, Samsun, Turkey.

*Sorumlu yazar/Corresponding author: lmercan@omu.edu.tr

Geliş/Received 08.11.2018

Kabul/Accepted 14.03.2019

ÖZET

Araştırma, Sinop ili Gerze ilçesinde bulunan koruma altındaki saf Gerze tavuğu popülasyonu ve aynı ilde yetiştiriciliği yapılan köy tavuğu popülasyonları arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla yürütülmüştür. Çalışmada yüksek düzeyde polimorfizm gösteren 8 adet mikrosatellit lokusu kullanılmıştır. Çalışmanın hayvan materyalini, Sinop ili Ayancık, Boyabat ve Gerze ilçelerinde bulunan 3 köy tavuğu popülasyonuna ait 60 örnek ve Gerze ilçesinde koruma altında tutulan 20 adet saf Gerze tavuğu oluşturmuştur. Sinop Gerze Köy, Sinop Gerze (Hacıkadı), Sinop Ayancık Köy ve Sinop Boyabat Köy popülasyonlarında beklenen heterozigotluk (H_e) değerleri sırasıyla 0.820, 0.755, 0.795 ve 0.741 olarak hesaplanmıştır. Popülasyon ayırımı yapılmaksızın hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerleri LEI0166, MCW0034 ve MCW0069 lokuslarında -0.131, -0.195, -0.137 ve ADL0278, LEI0234, MCW0080, MCW0104, MCW0330 lokuslarında ise sırasıyla 0.178, 0.134, 0.766, 0.508 ve 0.433 olarak bulunmuştur. Temel koordinatlar ve Structure analizi sonuçları saf Gerze (Hacıkadı) popülasyonunun diğer köy popülasyonlarından genetik olarak farklı olduğunu ortaya koymuştur. Araştırmada, halk elinde yetiştiriciliği yapılan Gerze tavuklarının saf olmadığı, bu ırkın korunması için bölgede saf olarak yetiştirilmesinin gerekli olduğu sonucuna varılmıştır.

Anahtar Sözcükler:
Gerze ırkı
Genetik çeşitlilik
Mikrosatellit
Sinop

Comparison of Gerze and village chicken populations in Sinop by eight polymorphic microsatellite loci

ABSTRACT

In this study, we aimed to identify the genetic relation between indigenous Gerze chicken population which is conserved in Gerze district of Sinop province and village chicken populations which are raised in Sinop. We used 8 highly polymorphic microsatellite loci for examinations. Animal materials of this study are total of 60 samples from 3 village chicken populations raised in Ayancık, Boyabat and Gerze districts, and 20 samples from Gerze chicken from the conserved population in Gerze district of Sinop province. Expected heterozygosity (H_e) values in Sinop Gerze Village, Sinop Gerze (Hacıkadı), Sinop Ayancık Village and Sinop Boyabat Village populations were calculated as 0.820, 0.755, 0.795 and 0.741, respectively. F_{IS} values were predicted as -0.131, -0.195, -0.137 in LEI0166, MCW0034 ve MCW0069 loci and 0.178, 0.134, 0.766, 0.508, 0.433 in ADL0278, LEI0234, MCW0080, MCW0104, MCW0330 loci respectively. Principal coordinate and Structure analyses' results showed that Gerze (Hacıkadın) population is genetically different from the other village populations. In the study, it was concluded that the chickens in the Gerze villages are not pure breed. Thus, pure breed raising is necessary to conserve this breed in the region.

Keywords:
Gerze breed
Genetic diversity
Microsatellites
Sinop

© OMU ANAJAS 2019

1. Giriş

Evcilleştirme sürecinde tavuk, doğal ve yapay seleksiyon yoluyla genetik yapısı farklılaşarak büyük oranda değişim geçirmiştir (Romanov ve Weigend, 2001). Evcil tavuğun (*Gallus gallus domesticus*) geçtiğimiz 8000 yıl içerisinde büyük oranda Güneydoğu

Asya'da bulunan Kızıl Orman tavuğundan (*Gallus gallus*) ve düşük oranda Güneybatı Hindistan'da bulunan *Gallus sonneratii* ve Sri Lanka'da bulunan *Gallus lafayetii*'den köken aldığı düşünülmektedir. Evcil tavuğun göç ve ticaret yoluyla özellikle Demir Çağı'nda Çin'den Rusya üzerinden kuzey yoluyla ve İndus Vadisi'den Mezopotamya üzerinden güney

yoluyla Avrupa'ya yayıldığı bildirilmiştir (West ve Zhou, 1989; Lyimo ve ark. 2014). Bu durum Anadolu'nun, evcil tavuğun dünyaya açılma kapılarında biri olduğunu ve tavuklardaki mevcut genetik çeşitliliğin kökeni açısından da önemini göstermektedir.

Tavukçulukta uygulanan temel ıslah stratejisi az sayıda ırkın sınırlı sayıda özellik bakımından seleksiyona tabi tutulmasına dayanmaktadır. Bu durum yüksek düzeyde genetik benzerlik gösteren hatların damızlık ebeveynleri olarak kullanılması sonucunu beraberinde getirmiştir (Notter, 1999). Bugün bu tavuk hatları tavukçuluk sektörüne hâkim durumdadır. Gelişmiş ülkelerde genetik ve fenotipik çalışmalar çoğunlukla bu ticari tavuk hatları üzerine yoğunlaşmaktadır.

Ticari tavukçuluğun evrildiği endüstriyel üretim yüksek verime sahip tavuk hatlarının tercih edilmesini gerektirmiştir. Dünyada yetiştiriciliği yapılan genetik kapasiteleri, yemden yararlanma oranları yükseltilmiş ve hızlı gelişim gösteren ticari tavuk hatlarının üretimde kullanılması ticari avantajlar sağlamaktadır. Ancak bu durum ekonomik verim özellikleri bakımından düşük yeteneğe sahip yerel popülasyonlarda azalmaya, hatta yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmasına sebebiyet vermektedir (Granevitze ve ark., 2007; FAO, 2007; Sarıca ve ark., 2014; Abebe ve ark., 2015). Dünya üzerinde orta veya düşük verime sahip olarak karakterize edilmiş, küçük popülasyonlar şeklinde yetiştirilen birçok yerel ırk bulunmaktadır (Romanov ve ark., 1996).

Yetersiz verim özellikleri nedeniyle düşük ticari değere sahip bulunan yerel tavuk ırkları diğer çiftlik hayvanlarına nazaran genetik kaynakların korunması çalışmalarında daha az dikkat çekmektedir (Wilkinson ve ark., 2011). Yerel ırkların genetik durumlarının ortaya çıkarılması, bu özel ve değerli genetik kaynakların buldukları bölgeye adaptasyonları sürecinde edindikleri özgün allellerin belirlenmesi açısından çok önemlidir. Bu eşsiz allellere sahip yerel ırkların gelecekte karşılaşılabilecek sorunların ve öngörülemeyecek tüketici beklentilerinin karşılanmasında ıslah planlamalarında kullanılmak üzere saklanması zorunluluğu bulunmaktadır (Suh ve ark. 2014; Romanov ve Weigend, 2001; Chatterjee ve ark., 2014).

Tavukçuluk sektörü bütün dünyada tarımsal faaliyetler arasında özel bir yere sahiptir. Ülkemizde tavuk eti tüketimi toplam et tüketiminin yarısından fazlasını oluşturmaktadır. Ülkemiz, sahip olduğu tesisler ve rekoltesi bakımından dünyada sayılı tavuk eti üreticisi ülkeler arasında yer almaktadır (Sarıca ve ark., 2014). Ülkemizde 2017 yılında toplam piliç eti üretim miktarı 2.136.734 ton olarak gerçekleşmiştir (FAO, 2017). Bununla birlikte halen, küçük kümeslerde yapılan köy tavukçuluğu şeklindeki üretim sistemleri düşük yatırım gereksinimi sebebiyle tercih edilmektedir. Yerel köy popülasyonları ticari popülasyonlardan önemli fenotipik farklılıklar göstermesine rağmen

genetik yapıları hakkında yeterli bilgi bulunmamaktadır (Mercan ve Okumuş, 2015).

Kuş gribi salgını nedeniyle yapılan itlaf çalışmaları sonucunda yerel genetik kaynaklarda önemli kayıplar meydana gelmiştir. Ülkemiz genetik kaynaklarının en önemlilerinden biri olan Gerze tavuğunda yapılan çalışmalarda kuş gribine karşı dayanıklılık ile ilişkili allellerin varlığı bildirilmektedir (Fadhil ve Mercan, 2017). Gerze tavuğunun yakın çevresinde yetiştirilen köy tavukları ile olan genetik ilişkilerinin belirlenmesi, olası allel paylaşımlarının tespit edilmesi bölgedeki genetik yayılımının ortaya konulması açısından önemlidir. Genetik markör polimorfizmleri, diğer pek çok çiftlik hayvanında olduğu gibi tavuklarda da genetik çeşitliliğin belirlenmesinde güçlü araçlardır. Tavuklarda genetik çeşitliliğin saptanması için birçok genetik markör tipi kullanılmıştır. Mikrosatellit DNA markörleri; kodominant özellikte olmaları, gösterdikleri yüksek polimorfizm oranı ve tüm genomda bulunmaları nedeniyle genetik çeşitlilik çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Bruford ve Wayne, 1993; Tadano ve ark., 2007; Anmarkrud ve ark., 2008; Wilkinson ve ark., 2011). Saha çalışmaları sırasında çiftçi elindeki ve saf Gerze tavuğu sayısının oldukça az olduğu, yok olma tehlikesiyle karşı karşıya bulunduğu dikkati çekmiştir.

Tüm bu bilgiler doğrultusunda kurgulanan ve tamamlanan bu çalışma, Sinop ilinde bulunan koruma altındaki saf Gerze tavuğu popülasyonu ve Sinop ilinde yetiştiriciliği yapılan köy tavuğu popülasyonları arasındaki genetik ilişkinin 8 polimorfik mikrosatellit markörü kullanılarak ortaya çıkarılmasını amaçlamıştır.

2. Materyal ve Yöntem

2.1. Örneklem ve DNA izolasyonu

Bu çalışmada kullanılan hayvan materyalini Sinop ili; Ayancık, Boyabat ve Gerze ilçelerinde bulunan köy tavuğu popülasyonlardan 2010 yılında alınan 60 örnek ve Gerze ilçesinde koruma altında bulunan saf Gerze tavuğu popülasyonundan 2014 yılında alınan 20 örnek olmak üzere 80 tavuk oluşturmuştur. Kan örneklerinin DNA izolasyonu Miller ve ark. (1988) bildirdiği tuz çöktürme prensibine dayalı klasik DNA izolasyon protokolüne göre yapılmıştır. Elde edilen DNA'ların saflık ve miktarları spektrofotometrik olarak tespit edilmiş, örneklerin her biri 20 ng/µl DNA içerecek şekilde PCR işlemleri için seyreltilmiştir.

2.2. PCR işlemleri

PCR işlemlerinde, daha önce kanatlılarda yapılan çalışmalarda (Hillel ve ark., 2007; Mercan ve Okumuş, 2015) yüksek derece polimorfizm gösterdiği bildirilen, 8 adet mikrosatellit lokusu yükseltgenmiştir (Çizelge 1). PCR toplam hacmi 20 µl (4 µl genomik DNA + 0,5 µl ileri primer + 0,5 µl geri primer + 4 µl PCR hazır karışım + 11 µl steril saf su) olarak ayarlanmıştır.

PCR işlemleri için reaktifler, 95°C'de 5 dakikalık ilk

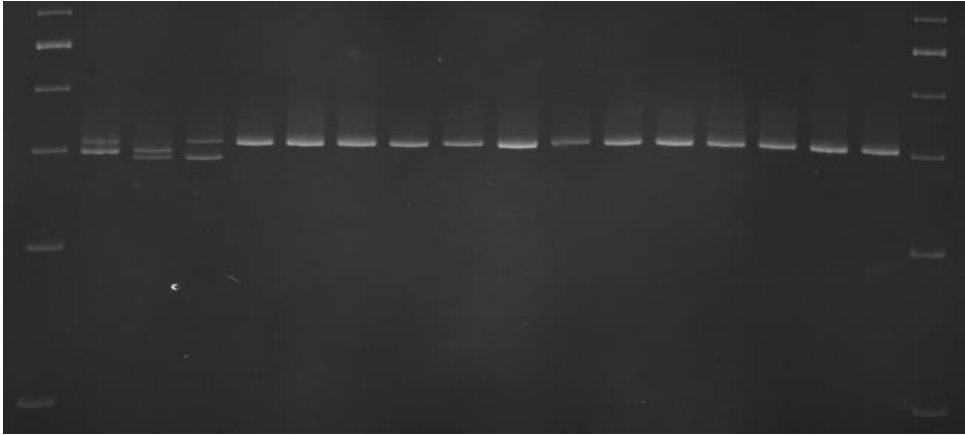
denatürasyonu takiben 35 döngü boyunca; 45'er saniye denatürasyon için 95, primerlerin bağlanması için 52-58 ve uzama için 72 °C'de tutulmuştur. Döngüler tamamlandıktan sonra son uzama için 10 dakika 72°C'de bekletilmiştir.

2.3. Jel elektroforez işlemleri

PCR'da yükseltgenen mikrosatellit lokus fragmentler % 10'luk poliakrilamid jel kullanılarak dikey elektroforez sistemde 30 dk 60 V, 150 dakika 250 V'ta ayrılmıştır. Ethidyum bromür muamelesi ile boyanan fragmentler Syngene jel dokümantasyon sistemi ile görüntülenmiştir. Tespit edilen mikrosatellit allel büyüklükleri Syngene Gene Tools programı kullanılarak belirlenmiştir (Şekil 1).

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslar, elde edilen alleller ve polimorfik bilgi içeriği değerleri

Lokus Adı	Allel Sayısı		Allel Büyüklüğü	PIC değerleri
	Toplam	Özel		
ADL0278	15	2	102-130	0.916
LEI0166	16	3	360-394	0.903
LEI0234	28	2	244-380	0.944
MCW0034	16	2	212-242	0.916
MCW0069	16	3	144-182	0.911
MCW0080	16	3	280-320	0.917
MCW0104	20	5	186-232	0.919
MCW0330	20	4	260-302	0.932



Şekil 1. MCW0330 lokusuna ait örnek poliakrilamid jel görüntüsü

2.4. İstatistik Analizler

Tespit edilen mikrosatellit allel fragmentlerine ait skorlar GenAEx yazılımına yüklenerek; allel frekansları, allel genişlikleri, F istatistikleri, gözlenen (H_o) ve beklenen (H_e) heterozigotluk, allel sayısı (N_a) ve allelik zenginlik değerleri hesaplanmıştır. Popülasyonların Temel koordinatlar analizi popülasyonlara ait genetik benzerlik matrisi kullanılarak NTSYSpc programı (Rohlf, 2000) yardımıyla yapılmıştır. Metrik çok boyutlu ölçekleme (Metric multidimensional scaling-MDS), Klasik ölçekleme (Classic scaling) ya da Torgerson ölçeklemesi olarak da ifade edilebilen Temel koordinatlar analizi (Principle coordinate analysis-PCoA), verilerin benzerlik ve farklılıklarının araştırılması ve görselleştirilmesi amacıyla kullanılan bir yöntemdir (Anderson ve Willis, 2003). Temel koordinatlar analizi ile genel olarak bir dizi gözlem arasındaki farklılık matrisindeki verinin

boyutu indirgenmiş olarak grafik görünümü ortaya çıkarılmaktadır (Elmaci ve Berry, 1999). Popülasyonlar arası genetik ilişkinin belirlenmesinde kullanılan Structure programı ile (Pritchard ve ark., 2000) popülasyonlara ait bireylerden elde edilen moleküler veriler doğrultusunda önceden bilinmeyen ve deneme yanılma yoluyla varsayılan gruplara bireyler dağıtılarak doğru küme sayısı ve bireylerin kümelere dağılımı tahmin edilmektedir.

3. Bulgular

Sinop Gerze Köy, Sinop Gerze (Hacıkadı), Sinop Ayancık Köy ve Sinop Boyabat Köy tavuk popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri GenAEx yazılımı ile hesaplanmıştır (Peakall ve Smouse, 2012). Çalışma sonucu elde edilen genetik çeşitlilik parametrelerine ait değerler Çizelge 2, 3 ve 4'te verilmiştir.

Çizelge 2. Sinop Gerze Köy (Pop1), Sinop Gerze Hacıkadı (Pop2), Sinop Ayancık Köy (Pop3) ve Sinop Boyabat Köy (Pop4) popülasyonlarında her bir mikrosatellit lokusa ait örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen ortalama heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

Pop	Lokus	N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
Pop1	ADL0278	18	7.000	5.226	1.790	0.722	0.809	0.832	0.107
	LEI0166	15	10.000	6.522	2.053	1.000	0.847	0.876	-0.181
	LEI0234	20	6.000	3.478	1.440	0.450	0.713	0.731	0.368
	MCW0034	19	8.000	7.010	2.007	0.947	0.857	0.881	-0.105
	MCW0069	20	8.000	5.128	1.794	1.000	0.805	0.826	-0.242
	MCW0080	20	7.000	5.479	1.792	0.600	0.818	0.838	0.266
	MCW0104	20	8.000	5.405	1.834	0.200	0.815	0.836	0.755
	MCW0330	20	12.000	10.000	2.374	0.250	0.900	0.923	0.722
Pop2	ADL0278	20	7.000	5.161	1.774	0.750	0.806	0.827	0.070
	LEI0166	15	9.000	6.923	2.027	1.000	0.856	0.885	-0.169
	LEI0234	20	7.000	5.755	1.832	0.950	0.826	0.847	-0.150
	MCW0034	20	6.000	5.195	1.714	1.000	0.808	0.828	-0.238
	MCW0069	20	5.000	2.920	1.215	1.000	0.658	0.674	-0.521
	MCW0080	20	7.000	4.651	1.688	0.350	0.785	0.805	0.554
	MCW0104	20	3.000	2.299	0.927	0.000	0.565	0.579	1.000
	MCW0330	20	5.000	3.774	1.431	0.000	0.735	0.754	1.000
Pop3	ADL0278	20	6.000	4.444	1.579	0.550	0.775	0.795	0.290
	LEI0166	16	14.000	9.660	2.439	1.000	0.896	0.925	-0.115
	LEI0234	20	6.000	3.738	1.512	0.550	0.733	0.751	0.249
	MCW0034	18	6.000	5.586	1.756	1.000	0.821	0.844	-0.218
	MCW0069	19	10.000	5.918	2.016	0.684	0.831	0.853	0.177
	MCW0080	20	5.000	3.670	1.397	0.450	0.728	0.746	0.381
	MCW0104	17	10.000	4.898	1.900	0.588	0.796	0.820	0.261
	MCW0330	20	7.000	4.494	1.659	0.300	0.778	0.797	0.614
Pop4	ADL0278	20	6.000	3.846	1.509	0.550	0.740	0.759	0.257
	LEI0166	18	12.000	9.000	2.325	0.944	0.889	0.914	-0.063
	LEI0234	18	7.000	3.192	1.405	0.611	0.687	0.706	0.110
	MCW0034	16	7.000	5.505	1.791	1.000	0.818	0.845	-0.222
	MCW0069	20	8.000	7.143	2.017	0.900	0.860	0.882	-0.047
	MCW0080	20	4.000	1.677	0.763	0.150	0.404	0.414	0.628
	MCW0104	14	8.000	3.733	1.658	0.643	0.732	0.759	0.122
	MCW0330	20	8.000	4.938	1.780	0.200	0.798	0.818	0.749

Çizelge 3. Sinop Gerze Köy (Pop1), Sinop Gerze Hacıkadı (Pop2), Sinop Ayancık Köy (Pop3) ve Sinop Boyabat Köy (Pop4) popülasyonlarında tüm mikrosatellit lokusa ait ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

Pop		N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
Pop1	Ort	19.000	8.250	6.031	1.885	0.646	0.820	0.843	0.211
	SH	0.627	0.675	0.676	0.095	0.115	0.019	0.020	0.137
Pop2	Ort	19.375	6.125	4.585	1.576	0.631	0.755	0.775	0.193
	SH	0.625	0.639	0.538	0.128	0.158	0.035	0.036	0.207
Pop3	Ort	18.750	8.000	5.301	1.782	0.640	0.795	0.817	0.205
	SH	0.559	1.086	0.683	0.118	0.088	0.020	0.021	0.094
Pop4	Ort	18.250	7.500	4.879	1.656	0.625	0.741	0.762	0.192
	SH	0.796	0.802	0.824	0.163	0.114	0.054	0.055	0.120

Çizelge 4. Tüm lokus ve popülasyonlara ait ortalama örnek sayısı (N), allel sayısı (N_a), etkili allel sayısı (N_e), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e), tarafsız beklenen heterozigotluk (uH_e) ve fiksasyon indeksi (F) değerleri

		N	N_a	N_e	I	H_o	H_e	uH_e	F
Toplam	Ort	18.844	7.469	5.199	1.725	0.636	0.778	0.799	0.200
	SH	0.321	0.416	0.341	0.065	0.058	0.017	0.018	0.069

Çizelge 5. Wright'ın F istatistikleri

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	N_m
ADL0278	0.178	0.218	0.049	4.849
LEI0166	-0.131	-0.076	0.049	4.880
LEI0234	0.134	0.193	0.068	3.444
MCW0034	-0.195	-0.152	0.036	6.791
MCW0069	-0.137	-0.037	0.088	2.599
MCW0080	0.433	0.503	0.124	1.762
MCW0104	0.508	0.571	0.128	1.708
MCW0330	0.766	0.790	0.103	2.182
Ortalama	0.195	0.251	0.080	3.527
SH	0.123	0.121	0.013	0.645

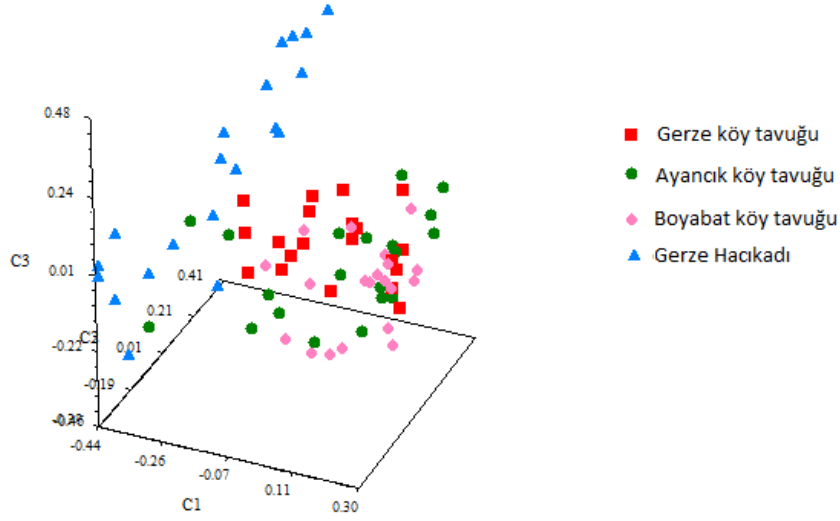
Wright'ın F-istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} , F_{ST}) popülasyon farkı gözetmeksizin tüm lokuslar için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Sinop Gerze Köy, Sinop Gerze

(Hacıkadı), Sinop Ayancık Köy ve Sinop Boyabat Köy popülasyonları için lokus seviyesinde hesaplanan Wright'ın F istatistiği değerleri Çizelge 5'te verilmiştir.

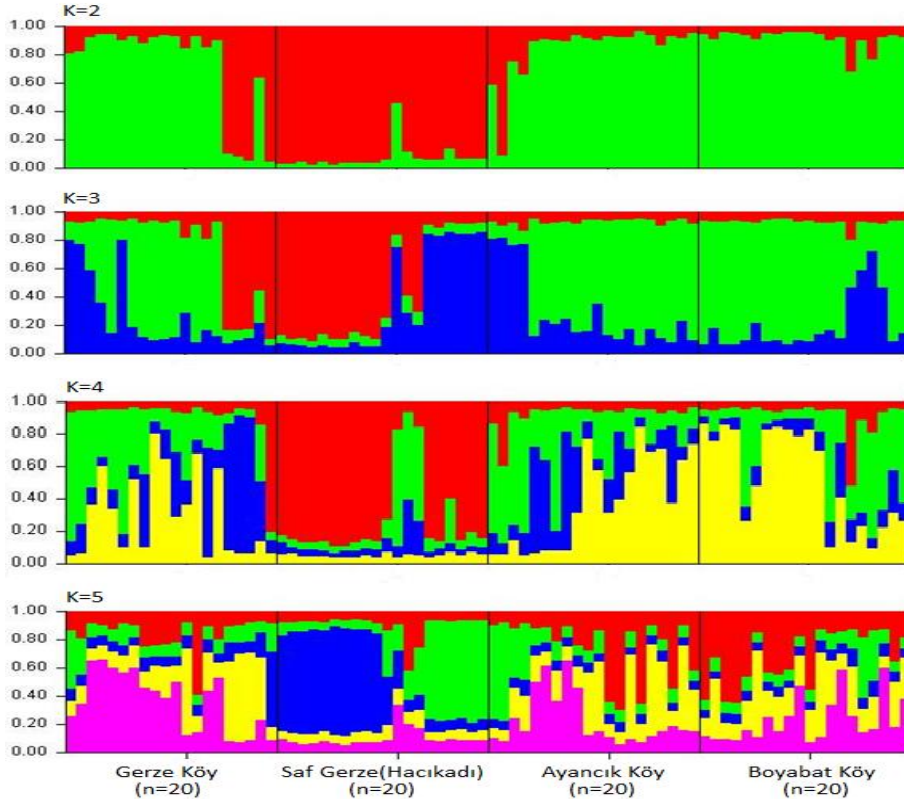
F_{ST} popülasyonlar arası farklılaşmanın bir ölçüsüdür. F_{ST} 'nin değeri ne kadar yüksek olursa popülasyonlar arası farklılaşmada o kadar fazla olacaktır (Wright, 1951). Gen akışı (N_m) değeri ise popülasyondaki genetik farklılaşmanın kaynağını ortaya koyan bir değerdir (Wright, 1969). N_m 'nin değerinin; 0.5'in altında olması popülasyondaki genetik farklılaşmada genetik sürüklenmenin, 0.5'in üstünde olması ise genetik

farklılaşmada gen akışının rol oynadığını ortaya koymaktadır.

Sinop Gerze Köy, Sinop Gerze (Hacıkadı), Sinop Ayancık Köy ve Sinop Boyabat Köy popülasyonlarında genetik varyasyonu belirlemek amacıyla Temel koordinatlar analizi (PCoA) yapılmış ve popülasyonlar arası ilişki Şekil 2'de gösterilmiştir.



Şekil 2. Popülasyonlar arası ilişkinin Temel koordinatlar analizi (PCoA) ile gösterimi (Her popülasyon farklı renk ve şekil ile temsil edilmiştir)



Şekil 3. Structure analiz sonuçlarına göre popülasyonlar arası genetik ilişkinin gösterimi (Her birey, renkli kesimlere ayrılmış tek bir dikey çizgi ile temsil edilmektedir)

Temel koordinatlar analizi sonuçlarına göre Gerze (Hacıkadı) popülasyonunun popülasyonlarından ayrıldığı açıkça görülmüştür. Köy popülasyonları içerisinde Boyabat Köy popülasyonunun bazı bireylerinin diğer köy popülasyonlarıyla benzerlik gösterdiği dikkati çekmektedir. Ayancık ve Gerze Köy popülasyonları yakın görünmekle birlikte Gerze popülasyonunun Ayancık popülasyonuna göre daha sıkı kümelendiği tespit edilmiştir.

Sinop popülasyonlarının genetik ilişkisi Structure programı ile K2, K3, K4 ve K5 düzeyinde incelenmiş elde edilen sonuçlar Şekil 3'te verilmiştir.

K=2'de Gerze (Hacıkadı) popülasyonunun Gerze Köy, Ayancık Köy, ve Boyabat Köy popülasyonlarından açık bir şekilde ayrıldığı görülmüştür. K=3'te Gerze Köy ve Ayancık Köy popülasyonlarının birbirine benzer olduğu gözlenmiştir. K=4'te Ayancık ve Boyabat Köy popülasyonlarının birbirleri arasında benzerlik gösterdiği, K=5'te ise Gerze (Hacıkadı) popülasyonunun diğer popülasyonlardan açık bir şekilde ayrıldığı tespit edilmiştir. Gerze Köy ve Ayancık Köy popülasyonları arasında benzerlik bulunduğu bununla birlikte Boyabat Köy popülasyonunun diğer köy popülasyonlarından ayrıldığı gözlenmiştir.

4. Tartışma ve Sonuç

Sinop ilinde yetiştiriciliği yapılan Gerze Köy, Ayancık Köy, Boyabat Köy ve Gerze (Hacıkadı) popülasyonları ADL0278, LEI0166, LEI0234, MCW0034, MCW0069, MCW0080, MCW0104, MCW0330 mikrosatellit lokusları bakımından tanımlanmış, lokusların polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri sırasıyla; 0.823, 0.917, 0.793, 0.856, 0.864, 0.780, 0.833 ve 0.894 olarak bulunmuş ve tüm lokusların genetik çeşitliliğin tanımlanmasında kullanılabilecek etkin markör lokusları olduğu sonucuna varılmıştır.

Genetik çeşitliliğin başlıca göstergesi olan beklenen heterozigotluk (H_e) değerinin Sinop Gerze Köy (H_e : 0.820), Sinop Gerze Hacıkadı (H_e : 0.755), Sinop Ayancık Köy (H_e : 0.795) ve Sinop Boyabat Köy (H_e : 0.741) popülasyonlarında birbirlerine oldukça yakın değer aldığı gözlemlenmiştir. Ancak Sinop Gerze Köy popülasyonunun diğer popülasyonlara göre daha yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu tespit edilmiştir. Chen ve ark. (2008), 15 yerel Çin tavuk ırkında aynı lokuslar üzerine yaptıkları çalışmalarında beklenen heterozigotluğu 0.440 ile 0.644 değerleri arasında bulduklarını bildirmişlerdir. Suh ve ark. (2014), 9 Kore tavuk ırkında aynı lokusları kullandıkları genetik çeşitlilik çalışmalarında beklenen heterozigotluğu 0.416 ile 0.629 değerleri arasında bulduklarını bildirmişlerdir. Sinop ilinde yetiştiriciliği yapılan popülasyonların beklenen heterozigotluk (H_e) değeri ortalamasına (0.778) göre Sinop popülasyonlarının oldukça yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu ifade edilebilir.

Popülasyon ayrımı yapılmaksızın hesaplanan

akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) değerine göre LEI0166, MCW0034 ve MCW0069 lokuslarında negatif olarak bulunan F_{IS} değeri popülasyonda Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmanın meydana geldiğini ve saf yetiştirmeden uzaklaşmış olduğunu ifade ederken diğer lokuslarda pozitif olarak bulunan F_{IS} değeri homozigotlaşmanın arttığını ifade etmektedir. Chen ve ark. (2008) ve Suh ve ark. (2014) çalışmalarında LEI0166 lokusunun pozitif değer aldığını bildirmişlerdir. Chen ve ark. (2008) üzerinde çalıştıkları Çin popülasyonlarında F_{IS} değerini 0.020 ve F_{ST} değerini ise 0.164 olarak bulduklarını, Suh ve ark. (2014) ise çalışmalarında kullandıkları Kore popülasyonlarında bu değerlerin 0.113 ve 0.218 olduğunu bildirmişlerdir. Sinop ilindeki 4 popülasyon için genel olarak hesaplanan ortalama F_{IS} değerine (0.195) göre bu popülasyonlarında Çin popülasyonlarından farklı olarak Kore popülasyonları gibi Hardy-Weinberg genetik dengesinde olduğu ve ortalama F_{ST} değerinin (0.080) ise popülasyonlar arasında orta düzeyde bir genetik farklılaşmayı ifade ettiği söylenebilir. Çin ve Kore popülasyonlarının Sinop popülasyonundan daha fazla genetik farklılaşma göstermiş olması çalışmaları oluşturan tüm popülasyonların farklı ırklardan oluşturulmuş olmasıyla açıklanabilir.

Temel koordinatlar ve Structure analizleri sonucunda Sinop Gerze (Hacıkadı) popülasyonunun diğer 3 Köy popülasyonundan genetik olarak farklı olduğu ortaya çıkarılmıştır. Gerze ve Ayancık Köy popülasyonlarının koruma altındaki saf Gerze popülasyonuna genetik olarak Boyabat Köy popülasyonuna nazaran daha yakın olduğu gözlenmiştir. Çalışmada elde edilen sonuçlar Sinop ili Gerze ilçesinde yetiştiriciliği yapılan köy tavuğu popülasyonunun saf Gerze popülasyonundan daha çok diğer köy popülasyonları ile genetik benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir. Boyabat Köy popülasyonunun diğerlerinden ayrılmasının nedeninin kıyı şeridinden uzaklaşma ile birlikte meydana gelen iklim koşullarının farklılaşması olduğu düşünülmektedir.

Çalışmada morfolojik olarak özgün Gerze Tavuğu fenotipi ile diğer popülasyonlar arasında farklılık olduğu, örnek alma işlemleri sırasında gözlenmiştir. Moleküler analiz sonuçları ile de Gerze, Ayancık ve Boyabat Köy popülasyonlarının saf Gerze popülasyonundan ayrıldığı ve köy tavuğu popülasyonlarının birbirine daha çok benzediği tespit edilmiştir. Gerze ilçesinde koruma altına alınmış olan sınırlı sayıdaki Gerze tavuğu fenotipik olduğu kadar moleküler olarak da diğer köy tavuklarından ayrılmaktadır. Bu nedenle, bu ırkın saf olarak yetiştirilerek korunmasının gerekli olduğu sonucuna varılmıştır.

Kaynaklar

- Abebe, A.S., Mikko, S., Johansson, A.M., 2015. Genetic diversity of five local swedish chicken breeds detected by microsatellite markers. *Plos One*, 10, 4: e0120580.
- Anderson, M., Willis, T.J., 2003. Canonical analysis of principal coordinates: a useful method of constrained ordination for ecology. *Ecology*, 84, 2: 511-525.
- Anmarkrud, J.A., Kleven, O., Bachmann, L., Lifjeld, J.T., 2008. Microsatellite evolution: Mutations, sequence variation and homoplasy in the hypervariable avian microsatellite locus *HrU10*. *BMC Evolutionary Biology*, 8: 138-147.
- Bruford, M.W., Wayne, R.K., 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies. *Current Opinion in Genetics and Development*, 3: 939-943.
- Chatterjee, R.N., Bhattacharya, T.K., Dange, M., Dushyanth, K., Niranjana, M., Reddy, B.L.N., Rajkumar, U., 2014. Genetic heterogeneity among various indigenous and other chicken populations with microsatellite markers. *Journal of Applied Animal Research*, 43, 3: 266-271.
- Chen, G., Bao, W., Shu, J., Ji, C., Wang, M., Eding, H., Muchadeyi, F., Weigend, S., 2008. Assessment of Population Structure and Genetic Diversity of 15 Chinese Indigenous Chicken Breeds Using Microsatellite Markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 21, 3: 331 - 339.
- Elmaci, N., Berry, R.S., 1999. Principal Coordinate Analysis on a Protein Model. *Journal of Chemical Physics*. 110, 21: 10606-10622.
- Fadhil, M., Mercan, L., 2017. Molecular Characterization of Mx Gene Polymorphism in Gerze Chicken Breed and Pure Line Chicken Breed. *Animal Research International*, 13, 3: 2540-2543.
- FAO, 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture.
- FAO, 2017. FAOSTAT, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QL>.
- Granevitze, Z., Hillel, J., Chen, G.H., Cuc, N.T.K., Feldman, M., Eding, H., Weigend, S., 2007. Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. *Animal Genetics*, 38: 576-83.
- Hillel, J., Granevitze, Z., Twito, T., Ben-Avraham, D., Blum, S., Lavi, U., David, L., Feldman, M.W., Cheng, H., Weigend, S., 2007. Molecular markers for assessment of chicken biodiversity. *World Poultry Science Journal*, 63: 33-45.
- Lyimo, C.M., Weigend, A., Msoffe, P.L., Eding, H., Simianer, H., Weigend, S., 2014. Global diversity and genetic contributions of chicken populations from African, Asian and European regions. *Animal Genetics*, 45: 836-848.
- Mercan, L., Okumuş, A., 2015. Genetic diversity of village chickens in central black sea region and commercial chickens in Turkey by using microsatellite markers. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 39: 134-140.
- Miller, S., Dykes, D., Plesky, H.A., 1988. Simple Salting out Procedure for Extracting DNA from Human Cells. *Nucleic Acids Research*, 16: 1215.
- Notter, D. R., 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of Animal Science*, 77: 61-69.
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Rohlf, F.J., 2000. *Numeric Taxonomy System Version 2.11. NTSYSpc*, East Setauket, New York, USA.
- Romanov, M.N., Wezyk, S., Cywa-Benko, K., Sakhatsky, N.I., 1996. Poultry genetic resources in the countries of Eastern Europe history and current state. *Poultry Avian Biology*, 7: 1-29.
- Romanov, M.N., Weigend, S., 2001. Analysis of genetic relationships between various populations of domestic and jungle fowl using microsatellite markers. *Poultry Science*, 80: 1057-1063.
- Sarıca, M., Yamak, U.S., Boz, M.A., Uçar, A., 2014. Geriye Melezlemeyle Üretilen Etçi Genotiplerin Bir Ticari Etlik Piliç Genotipiyle Büyüme, Kesim ve Karkas Özellikleri Bakımından Karşılaştırılması. *Tavukçuluk Araştırma Dergisi*, 11, 1: 5-9.
- Suh, S., Sharma, A., Lee, S., Cho, C.Y., Kim, J.H., Choi, S.B., Kim, H., Seong, H.H., Yeon, S.H., Kim, D.H., Ko, G.Y., 2014. Genetic diversity and relationships of Korean chicken breeds based on 30 microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 27, 10: 1399-1405.
- Tadano, R., Nishibori, M., Imamura, Y., Matsuzaki, M., Kinoshita, K., Mizutani, M., Namikawa, T., Tsudzuki, M., 2007. High genetic divergence in miniature breeds of Japanese native chickens compared to red junglefowl, as revealed by microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 39: 71-78.
- West, B., Zhou, B.X., 1989. Did chickens go north? New evidence for domestication. *World's Poultry Science Journal*, 45: 205-218.
- Wilkinson, S., Wiener, P., Teverson, D., Haleyand, C.S., Hocking, P.M., 2011. Characterization of the genetic diversity, structure and admixture of British chicken breeds. *Animal Genetics*, 43: 552-563.
- Wright, S., 1951, *The Genetical Structure of Populations*. *Annals of Eugenics*, 15: 323-354.
- Wright, S., 1969. *Evolution and Genetics of Populations: The Theory of Gene Frequencies*. Univ. Chicago Press, Chicago.