

JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE AND PRODUCTS

● Volume: 7

● Number: 2

● Year: 2024



Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi
Journal of Animal Science and Products (JASP)

SAHİBİ / OWNER: Zootekni Federasyonu

Prof. Dr. Zafer ULUTAŞ, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Türkiye

BAS EDİTÖR / EDITOR IN CHIEF

Dr. Öğr. Üyesi Hasan ÇELİKYÜREK, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Türkiye, Türkiye

YARDIMCI EDİTÖR / ASSOCIATE EDITOR

Dr. Öğr. Üyesi Hüseyin ÇAYAN, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Türkiye

YAYIN KURULU / EDITORIAL BOARD

Prof. Dr. Arda YILDIRIM, Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Türkiye
Prof. Dr. Metin YILDIRIM, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Türkiye
Prof. Dr. Yusuf KONCA, Erciyes Üniversitesi, Türkiye
Doç. Dr. Cengiz ERKAN, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Türkiye
Dr. İsmail MERT, Zootekni Derneği Üyesi, Türkiye

İNGİLİZCE EDİTÖRÜ / ENGLISH EDITOR

Prof. Dr. Mehmet Ulaş ÇINAR, Erciyes Üniversitesi, Türkiye

SEKRETERYA / SECRETARY

Doç. Dr. Ahmet UÇAR, Ankara Üniversitesi, Türkiye
Dr. Öğr. Üyesi Emre UĞURLUTEPE, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Türkiye

ALAN EDİTÖRLERİ / SECTION EDITORS

Prof. Dr. Ahmet ŞAHİN, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Türkiye
Prof. Dr. Khalid JAVED, University of Veterinary and Animal Sciences, Lahore, Pakistan
Prof. Dr. Mesut TÜRKOĞLU, Ankara Üniversitesi, Türkiye
Doç. Dr. Dal Bosco ALESSANDRO, Università degli Studi di Perugia, İtalya
Doç. Dr. İlknur UÇAK, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Türkiye
Doç. Dr. Muhammad Kamal SHAH, Gomal University, Dera Ismael Khan, Pakistan
Doç. Dr. Tahereh MOHAMMADABADI, Ramin Agriculture and Natural Resources
University, Iran
Dr. Hoda Javaheri BARFOUROOSHI, Department of Physiology and Reproduction, Animal
Science Research Institute, Iran

TARANDIĐI İNDEKLER / INDEXED BY

- *SIS Scientific Group
- *InfoBase Index
- *JournalTOCs
- *Cite Factor
- *Index Copernicus International
- *BASE (Bielefeld Academic Search Engine)
- *Asos Index
- *Directory of Research Journals Indexing
- *İdeal Kùltür Yayıncılık
- *Google Scholar
- *Food and Agriculture Organization of the United Nations (AGRIS)

YER VE İLETİŐİM / HOME and CONTACT

Zootekni Federasyonu
Tuna Caddesi Halk Sokak Kùltür Apt. No: 20 / 7 Sıhhiye-Ankara

Tel: +90 (312) 434 00 36
Tel: +90 (312) 434 00 76
Faks: +90 (312) 434 00 76

Cilt (Volume) : 7
Sayı (Number): 2

Web: <https://dergipark.org.tr/tr/pub/jasp>
Web: <https://dergipark.org.tr/en/pub/jasp>

ANKARA, 2024

e-ISSN : 2667-4580

Bu Sayının Hakem Listesi / (Referee List in This Volume)

Dr. Ayhan CEYHAN	Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Türkiye
Dr. Ayşe Övgü ŞEN	Ankara Üniversitesi, Türkiye
Dr. Aziz GÜL	Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi, Türkiye
Dr. Cemal BUDAĞ	Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Türkiye
Dr. Emre ALARSLAN	Bandırma Onyedli Eylül Üniversitesi, Türkiye
Dr. Erdal BİNGÖL	Hakkari Üniversitesi, Türkiye
Dr. Gonca ÖZMEN ÖZBAKIR	Harran Üniversitesi, Türkiye
Dr. İbrahim Cihangir OKUYUCU	Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Türkiye
Dr. İsa COŞKUN	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Türkiye
Dr. Mehmet SARI	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Türkiye
Dr. Müzeyyen KUTLUCA KORKMAZ	Malatya Turgut Özal Üniversitesi, Türkiye
Dr. Seyrani KONCAGÜL	Ankara Üniversitesi, Türkiye
Dr. Şükrü ÖNALAN	Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Türkiye
Dr. Yaşar ERDOĞAN	Bayburt Üniversitesi, Türkiye

Bu Sayının Alan Editörü Listesi / (Section Editors List in This Volume)

Dr. Ayhan GÖSTERİT	Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Türkiye
Dr. Ayşe Özge DEMİR	Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Türkiye
Dr. Kadir KARAKUŞ	Malatya Turgut Özal Üniversitesi, Türkiye
Dr. Rahşan İVGİN TUNCA	Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Türkiye
Dr. Samet Hasan ABACI	Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Türkiye
Dr. Seyrani KONCAGÜL	Ankara Üniversitesi, Türkiye
Dr. Tayfun KARATAŞ	Ağrı İbrahim Çeçen Üniversitesi, Türkiye

İçindekiler / Contents

Araştırma Makaleleri / Research Articles

- ◆ A Study on Live Weight Estimation Using Body Measurements in Hair Goats
Şener SAM, Yasin USLU, Metin ÇETİN, Onur YILMAZ 99-111

- ◆ Bombus Arılarında Polen Tercihi
Anıl AKÇAY, Cengiz ERKAN 112-120

- ◆ Siyah Alaca İneklerde Süt Elektriksel İletkenlik ile Süt Verimi, Sağım ve Meme Özellikleri Arasındaki İlişkiler
Ayşenur BAYRAKDAR, Harun Emirhan MENDİ, Ertuğrul KUL 121-133

- ◆ Bioinformatic Comparisons of Some Web-based PCR Primer Design Programs
Hasan KOYUN, M. Furkan ÜSTÜN 134-144

- ◆ Comparison of Chemical, Nutritional and Fatty Acid Composition of Organic and Conventional Milk Manufactured in Türkiye
Selma BÜYÜKKILIÇ BEYZİ 145-152

Derleme Makaleleri / Review Articles

- ◆ İpekböceği Pupalalarının Besin Değeri ve Kullanımı
Fehmi GÜREL 153-165

 - ◆ Genetik Belirteçler ve Hayvan Yetiştiriciliğinde Uygulamaları
M. Furkan ÜSTÜN, Hasan KOYUN 166-184
-



A Study on Live Weight Estimation Using Body Measurements in Hair Goats

Şener SAM¹, Yasin USLU², Metin ÇETİN¹, Onur YILMAZ*³

¹Köyceğiz İlçe Tarım ve Orman Müdürlüğü, 48000, Muğla, Türkiye

²Pamukkale İlçe Tarım ve Orman Müdürlüğü, 20000, Denizli, Türkiye

³Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, 09000, Aydın, Türkiye

Şener SAM, ORCID No: [0009-0002-0669-3031](https://orcid.org/0009-0002-0669-3031), Yasin USLU, ORCID No: [0009-0006-5341-0101](https://orcid.org/0009-0006-5341-0101),
Metin ÇETİN, ORCID No: [0009-0005-3711-7549](https://orcid.org/0009-0005-3711-7549), Onur YILMAZ, ORCID No: [0000-0002-5658-8558](https://orcid.org/0000-0002-5658-8558)

ARTICLE INFO

Research Article

Received : 23.10.2024

Accepted : 28.11.2024

Keywords

Animal production
Morphometric analysis
Regression models
Goat

* Corresponding Author

oyilmaz@adu.edu.tr

ABSTRACT

This study aimed to estimate the body weight of hair goats of various ages during the mating period using body measurements. Age-based regression prediction models were developed using the stepwise regression method. The study involved 205 hair goats from four farms under extensive conditions. The least squares mean values for withers height, back height, rump height, chest girth, chest depth, body length, and live weight were 81.05 cm, 77.24 cm, 79.84 cm, 88.74 cm, 32.71 cm, 83.56 cm, and 58.61 kg, respectively. Given that the goats differed in age, four distinct age groups were established (2, 3, 4, and ≥ 5 years), and separate regression models were defined for each group. High positive phenotypic correlation coefficients of 0.917, 0.834, 0.883, 0.817, and 0.817 were observed for the 2, 3, 4, and ≥ 5 age groups, respectively. Among the prediction equations, the highest level of accuracy ($R^2 = 0.87$) was achieved with the second regression equation for the 2-year age group, while the lowest accuracy ($R^2 = 0.67$) was found in the regression equation designed for the 5-year age group. This study demonstrated that body weight estimation based on body measurements in hair goats can be performed using regression models.

Kıl Keçilerinde Vücut Ölçüleri Kullanılarak Canlı Ağırlık Tahmini Üzerine Bir Çalışma

MAKALE BİLGİSİ

Araştırma Makalesi

Geliş : 23.10.2024

Kabul: 28.11.2024

Anahtar Kelimeler

Hayvansal üretim
Morfometrik analiz
Regresyon modelleri
Keçi

ÖZ

Çalışmanın amacı, farklı yaşlardaki kıl keçilerinin çiftleşme dönemindeki canlı ağırlıklarının vücut ölçümleri kullanılarak tahmin edilmesidir. Bu çalışmada, aşamalı regresyon yöntemi kullanılarak yaşa dayalı regresyon tahmin modelleri geliştirilmiştir. Çalışmanın hayvan materyalini, ekstansif koşullar altında yetiştiricilik yapan 4 işletmedeki toplam 205 baş kıl keçi oluşturmuştur. Cidago yüksekliği, sırt yüksekliği, sağrı yüksekliği, göğüs çevresi, göğüs derinliği, vücut uzunluğu ve canlı ağırlık değerlerinin en küçük kareler ortalamaları sırasıyla 81.05 cm, 77.24 cm, 79.84 cm, 88.74 cm, 32.71 cm, 83.56 cm ve 58.61 kg olmuştur. Hayvan materyalini oluşturan hayvanlar yaş bakımından farklılık gösterdiğinden, dört farklı yaş grubu (2, 3, 4, ve ≥ 5) oluşturulmuş ve her yaş grubu için farklı regresyon modelleri tanımlanmıştır. Çeşitli yaş gruplarında özellikle vücut ölçülerinden göğüs çevresi ile canlı ağırlık arasında 2, 3, 4 ve ≥ 5 yaş grupları için

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Sam, Ş., Uslu, Y., Çetin, M., Yılmaz, O., 2024. A study on live weight estimation using body measurements in Hair Goats, Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):99-111. DOI: [10.51970/jasp.1572336](https://doi.org/10.51970/jasp.1572336)

* **Sorumlu Yazar**
oyilmaz@adu.edu.tr

sırasıyla 0.917, 0.834, 0.883 ve 0.817 gibi yüksek pozitif fenotipik korelasyon katsayıları bulunmuştur. Oluşturulan tahmin denklemlerinden en yüksek isabet derecesi ($R^2 = 0.87$) 2 yaş için oluşturulan ikinci regresyon denkleminde elde edilirken en düşük isabet düzeyi ($R^2 = 0.67$) 5 yaş için tasarlanan regresyon denkleminde elde edilmiştir. Bu çalışma, kıl keçilerde vücut ölçümlerine dayalı vücut ağırlığı tahmininin regresyon modelleri kullanılarak yapılabileceğini ortaya koymuştur.

Introduction

In addition to Türkiye's economic and geographical conditions, its rich cultural heritage provides a significant foundation for animal production. Especially, sheep and goat breeding hold a unique position in this area (Tolunay et al., 2016; Cedden et al., 2020; Gül et al., 2020). Hair goats, which are widely bred in almost every region of Türkiye, constitute approximately 98% of the 11 577 000 goats in Türkiye (TÜİK, 2023). Goat breeding in Türkiye is carried out under extensive conditions, generally in the mountainous parts of the country (Daskiran et al., 2018). The National Genetic Improvement Project for Small Ruminants at Breeders' Conditions, supported by the General Directorate of Agricultural Research and Policies of the Ministry of Agriculture and Forestry, encompasses numerous sub-projects focusing on various species and breeds of livestock across Türkiye. Initiated in 2005, the project has achieved a significant milestone by establishing a registration system for Hair goats, similar to other indigenous breeds (Daskiran and Ayhan, 2013; Daşkiran et al., 2015).

In Hair goat breeding, which is traditionally carried out in Türkiye, the growth characteristics of Hair goat kids are of primary importance (Toplu and Altinel, 2008; Tolunay et al., 2016; Cedden et al., 2020; Varol and Demirhan, 2022). Especially in goat breeding programs focusing on growth characteristics, it is important to collect live weight parameters such as birth weight and weaning weight. By obtaining these parameters accurately, some important measures such as feed conversion and growth rate can be easily monitored (Meza-Herrera et al., 2019; Liotta et al., 2020; Sheriff et al., 2020; Şen et al., 2021; Varol and Demirhan, 2022; Ergül and Hızlı, 2023).

It is not possible to measure some basic parameters on hair goat farms where breeding activities are primarily conducted under extensive conditions, especially in mountainous areas, due to inadequate infrastructure. Although scales are used to determine live weights most accurately, it is neither practical nor economical to suggest using scales to record live weights for each farm. In developed countries, tables have been created to estimate live weight from body measurements obtained using measuring tapes, allowing for some deviations in the recorded parameters (Anonymous, 2017). These tables enable breeders to estimate live weight values with high accuracy without using any weighing instruments.

There is a balanced relationship between body measurements and body weight in farm animals. In related studies, significant phenotypic correlation values have been reported between body measurements and body weight, leading to the development of body weight estimation equations using various statistical approaches (Sowande and Sobola, 2008; Yilmaz et al., 2013; Moaen-Ud-Din et al., 2018; Canul-Solis et al., 2020; Sabbioni et al., 2020; Faraz et al., 2021).

In Türkiye, the number of studies on estimating live weight from body measurements for Hair goats is quite limited (Sağır Akyürek and Akkol, 2024). The present study aimed to develop equations for estimating live weight based on body measurements in Hair goats. These goats are raised extensively throughout Türkiye, where infrastructure for live weight measurements is relatively limited compared to other livestock breeding areas.

Materials and Methods

Animal Material

The animal material for the study comprised 205 female hair goats raised on four different farms. Farms with similar animal care and feeding practices were selected for the study. The age distribution of the animals, whose body weights and body measurements were taken, is presented in Table 1.

Table 1. Distribution of animal material according to ages

Tablo 1. Hayvan materyalinin yaşlara göre dağılımı

Farms	Age Groups				N
	2	3	4	≥5	
Farm-1	4	21	10	19	54
Farm-2	17	5	9	14	45
Farm-3	4	9	12	28	53
Farm-4	13	7	22	11	53
Total	38	42	53	72	205

Live weight and body measurements

Body weights of the animals were determined using an electronic weighing scale with a precision of 50 g. Body measurements, including height at withers (HW), body length (BL), rump height (RH), chest depth (CD), and back height (BH), were taken with a measuring stick, while chest girth (CG) was measured using a tape measure. Body weight and body measurements were taken before the mating period. The points where body measurements were taken in the study on Hair goats are provided in Figure 1 (Karaca et al., 2014).

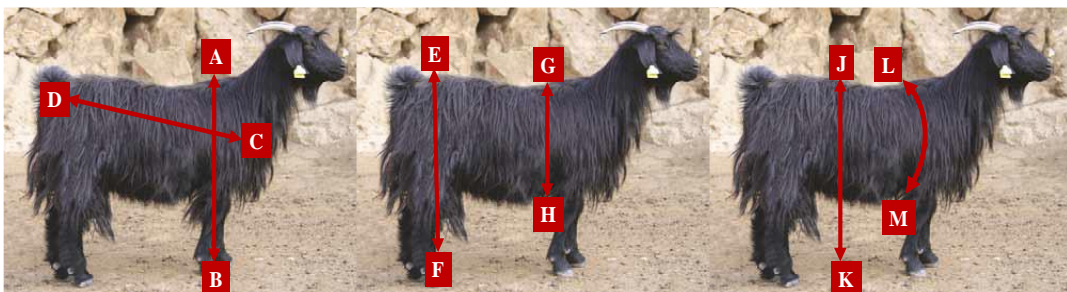


Figure 1. Points where body measurements are taken in Hair goat (A-B: height at withers, C-D: body length, E-F: rump height, G-H: chest depth, J-K: back height, L-M: chest girth)

Şekil 1. Kıl keçisinde vücut ölçülerinin alındığı noktalar (A-B: cidago yüksekliği, C-D: vücut uzunluğu, E-F: sağrı yüksekliği, G-H: göğüs derinliği, J-K: sırt yüksekliği, L-M: göğüs çevresi)

Statistical analysis

The conformity of the data to a normal distribution was tested using the SAS (1999) statistical program. The GLM procedure in the SAS (1999) statistical package program was used for analysis of variance and least squares mean, while the PROC CORR procedure was utilized for phenotypic correlations. Duncan was used as a multiple comparison test to determine the differences between the groups. The mathematical models used for the analysis of variance are presented below.

Mathematical model used for live weight,

$$Y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + e_{ijk} \quad (1)$$

Mathematical model for body measurements,

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + b_j + \beta_1(X_i - \bar{X}) + e_{ijkl} \quad (2)$$

Where;

Y_{ijk} = Observations for body measurement and weight

μ = Overall mean of the trait

a_i = Fixed effect of farms (i =Farm-1, Farm-2, Farm-3, and Farm-4)

b_j = Fixed effect of age (j = 2, 3, 4 and, 5)

β_1 = Coefficient of regression of live weight

\bar{X} = Mean live weight

X_i = Live weight

e_{ijk} and e_{ijkl} =Random errors with the assumption of $N(0, \sigma^2)$

The estimation equations for body weights based on body measurements were derived using stepwise regression procedure in SAS (1999). Since the study included broodstock of different age groups, the prediction equations were obtained based on the age groups outlined in Table 2. The following linear regression model was used for the prediction equations.

$$\hat{y}_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_i x_i \quad (3)$$

$\hat{\beta}_0$ =constant

$\hat{\beta}_i$ =regression coefficient

x_i =body measurements

x_1 = chest girth (CG)

x_2 = height at withers (HW)

x_3 = body length (BL)

x_4 = back height (BH)

x_5 = rump height (RH)

x_6 = chest depth (CD)

Results

The descriptive statistics obtained for the characteristics analyzed in the study are presented in Table 2.

The mean values obtained for HW, BH, RH, CG, CD, and BL were 81.25, 77.40, 79.93, 88.82, 32.84, and 84.09 cm, respectively. The average live weight of the Hair goats was 86.90 kg, which fell within a range of 43.10 kg (minimum) to 86.90 kg (maximum). It is noteworthy

that the variation of the body measurements considered in the study is within acceptable limits, while the body weight parameter has a higher coefficient of variation than the body measurements.

Table 2. Descriptive statistics on body measurements (cm) and live weight (kg)

Tablo 2. Vücut ölçüleri (cm) ve canlı ağırlığa (kg) ilişkin tanımlayıcı istatistikler

Variable	N	Mean±SD	CV(%)	Min	Max
HW	205	81.25±3.478	4.28	69.10	90.70
BH	205	77.40±3.384	4.37	65.20	85.60
RH	205	79.93±3.313	4.14	69.10	88.70
CG	205	88.82±4.484	5.05	76.00	104.00
CD	205	32.84±2.170	6.61	28.75	48.10
BL	205	84.09±4.281	5.09	55.00	94.50
LW	205	58.48±6.850	11.71	43.10	86.90

HW: height at withers, BH: back height, RH: rump height, CG: chest girth, CD: chest depth, BL: body length, LW: live weight, CV: coefficient of variation

The mean values obtained for HW, BH, RH, CG, CD, and BL were 81.25, 77.40, 79.93, 88.82, 32.84, and 84.09 cm, respectively. The average live weight of the Hair goats was 86.90 kg, which fell within a range of 43.10 kg (minimum) to 86.90 kg (maximum). It is noteworthy that the variation of the body measurements considered in the study is within acceptable limits, while the body weight parameter has a higher coefficient of variation than the body measurements.

Analysis of variance was applied to the dataset obtained from the study, and the least squares means and standard errors associated with this analysis are presented in Table 3. The average values for HW, BH, RH, CG, CD, BL, and LW were 81.05 cm, 77.24 cm, 79.84 cm, 88.74 cm, 32.71 cm, 83.56 cm, and 58.61 kg, respectively.

While there was a statistically significant difference between farms in terms of all traits, the effect of animal age on BH, RH, and LW was statistically insignificant. The effect of live weight, treated as a continuous variable for body measurements, was determined to be statistically significant for all body measurements.

Phenotypic correlation coefficients between body measurements and live weights of the age groups included in the study are provided in Table 4.

Table 3. Least squares means and standard errors for body measurements (cm) and live weight (kg) in Hair goat

Tablo 3. Kıl keçisinde vücut ölçüleri (cm) ve canlı ağırlığa (kg) ait en küçük kareler ortalamaları ve standart hataları

Factors	N	HW	BH	RH	CG	CD	BL	LW
Farms		P=0.003	P=0.001	P=0.014	P=0.000	P=0.023	P=0.039	P=0.005
Farm-1	54	81.64±0.480 ^a	78.18±0.469 ^a	80.86±0.466 ^a	89.46±0.309 ^a	33.24±0.272 ^a	81.69±0.892 ^b	60.87±0.949 ^a
Farm-2	45	79.45±0.509 ^b	75.48±0.497 ^b	78.83±0.494 ^b	89.47±0.327 ^a	32.82±0.288 ^{ab}	84.05±0.945 ^b	59.67±1.018 ^{ab}
Farm-3	53	81.21±0.484 ^a	77.44±0.473 ^a	79.42±0.470 ^b	87.71±0.311 ^b	32.07±0.274 ^b	83.14±0.900 ^{ab}	57.16±0.967 ^b
Farm-4	53	81.90±0.471 ^a	77.86±0.460 ^a	80.25±0.457 ^{ab}	88.33±0.303 ^b	32.71±0.267 ^b	85.36±0.876 ^a	56.76±0.938 ^b
Age		P=0.030	P=0.251	P=0.892	P=0.014	P=0.002	P=0.047	P=0.181
2	38	81.13±0.560 ^{ab}	77.29±0.546	79.73±0.543	88.07±0.360 ^b	32.20±0.317 ^b	83.27±1.040 ^{ab}	58.53±1.123
3	42	80.08±0.533 ^b	76.79±0.520	79.62±0.517	88.40±0.342 ^{ab}	32.35±0.302 ^{ab}	83.29±0.989 ^{ab}	58.52±1.069
4	53	80.96±0.469 ^{ab}	76.94±0.458	79.94±0.455	89.35±0.302 ^a	32.78±0.266 ^{ab}	82.26±0.871 ^b	60.08±0.934
≥5	72	82.04±0.403 ^a	77.93±0.393	80.07±0.391	89.15±0.259 ^a	33.52±0.228 ^a	85.42±0.749 ^a	57.32±0.804
Reg. Linear		P=0.013	P=0.044	P=0.019	P=0.000	P=0.000	P=0.000	
LW		0.089±0.035	0.070±0.035	0.081±0.034	0.542±0.023	0.133±0.020	0.437±0.066	
Generall	205	81.05±0.24	77.24±0.234	79.84±0.232	88.74±0.154	32.71±0.136	83.56±0.445	58.61±0.481

HW: height at withers, BH: back height, RH: rump height, CG: chest girth, CD: chest depth, BL: body length, LW: live weight, ^{a,b}: Different letters as superscripts mean significant differences ($p < 0.05$)

Table 4. Phenotypic correlation coefficients between weight and body measurements according to age group

Tablo 4. Yaş gruplarına göre ağırlık ve vücut ölçüleri arasındaki fenotipik korelasyon katsayıları

Age groups	BM	LW	HW	BH	RH	CG	CD
2	HW	0.263 ^{ns}					
	BH	0.187 ^{ns}	0.891 ^{***}				
	RH	0.174 ^{ns}	0.782 ^{***}	0.842 ^{***}			
	CG	0.917 ^{***}	0.092 ^{ns}	0.034 ^{ns}	0.049 ^{ns}		
	CD	0.729 ^{***}	0.018 ^{ns}	0.074 ^{ns}	0.001 ^{ns}	0.771 ^{***}	
	BL	0.632 ^{***}	0.272 ^{ns}	0.230 ^{ns}	0.013 ^{ns}	0.597 ^{***}	0.567 ^{***}
3	HW	0.285 ^{ns}					
	BH	0.291 ^{ns}	0.895 ^{***}				
	RH	0.289 ^{ns}	0.927 ^{***}	0.902 ^{***}			
	CG	0.834 ^{***}	0.220 ^{ns}	0.209 ^{ns}	0.268 ^{ns}		
	CD	0.649 ^{***}	0.330 [*]	0.304 ^{ns}	0.351 [*]	0.765 ^{***}	
	BL	0.647 ^{***}	0.193 ^{ns}	0.172 ^{ns}	0.184 ^{ns}	0.583 ^{***}	0.454 ^{**}
4	HW	0.043 ^{ns}					
	BH	0.062 ^{ns}	0.806 ^{***}				
	RH	0.125 ^{ns}	0.813 ^{***}	0.801 ^{***}			
	CG	0.883 ^{***}	0.086 ^{ns}	0.161 ^{ns}	0.203 ^{ns}		
	CD	0.407 ^{**}	0.053 ^{ns}	0.167 ^{ns}	0.150 ^{ns}	0.565 ^{***}	
	BL	0.242 ^{ns}	0.224 ^{ns}	0.268 ^{ns}	0.294 [*]	0.402 ^{**}	0.278 [*]
≥5	HW	0.045 ^{ns}					
	BH	0.042 ^{ns}	0.891 ^{***}				
	RH	0.163 ^{ns}	0.834 ^{***}	0.914 ^{***}			
	CG	0.817 ^{***}	0.113 ^{ns}	0.060 ^{ns}	0.140 ^{ns}		
	CD	0.289 [*]	0.264 [*]	0.289 [*]	0.372 ^{**}	0.357 ^{**}	
	BL	0.585 ^{***}	0.016 ^{ns}	0.035 ^{ns}	0.053 ^{ns}	0.667 ^{***}	0.225 ^{ns}

BM: body measurements, HW: height at withers, BH: back height, RH: rump height, CG: chest girth, CD: chest depth, BL: body length, LW: live weight, *:p<0.05, **:p<0.01, ***:p<0.001, ns: non-significant

In general, high positive phenotypic correlation coefficients were obtained between body measurements and body weight. In all age groups, the phenotypic correlation coefficients between chest circumference, chest depth, body length, and live weight were significantly higher than the coefficients between other body measurements and live weight. In general, the highest phenotypic correlation coefficients between body measurements and body weight were obtained in 2- and 3-year-old animals.

Separate models were developed for different age groups using the stepwise regression method to predict body weight based on body measurements. The developed models and coefficients of determination (R^2) are presented in Table 5.

Table 5. Live weight estimation models for four different age groups using stepwise regression analysis

Tablo 5. Aşamalı regresyon analizi kullanılarak dört farklı yaş grubu için elde edilen canlı ağırlık tahmin modelleri

Age Groups	Regression Models	β_i						R^2	P
		$\hat{\beta}_0$	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5		
2	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-68.73	1.44					0.84	0.000
	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + \hat{\beta}_2 x_2$	-99.61	1.42	0.41				0.87	0.000
3	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-43.73	1.16					0.70	0.000
	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1 + \hat{\beta}_2 x_3$	-69.72	0.96	0.53				0.73	0.000
4	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-65.98	1.40					0.78	0.000
≥ 5	$\hat{y}_1 = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_1$	-53.23	1.25					0.67	0.000

x_1 = chest girth (CG), x_2 = height at withers (HW), x_3 = body length (BL), x_4 = back height (BH), x_5 = rump height (RH), x_6 = chest depth (CD), $\hat{\beta}_0$ =constant, β_i =coefficient of regression, R^2 =adjusted coefficients of determination

As can be seen from Table 5, two prediction models were obtained for the 2- and 3-year-old age groups, while one prediction model was obtained for the 4- and 5-year-old age groups. When the coefficients of determination (R^2) obtained for the developed models were evaluated, the lowest value was observed in the model developed for the 5 age group, and the highest value was observed in the second model obtained for the 2 age group. Using the enter regression procedure, the coefficient of determination of the regression model including all body measurements was obtained as 0.74. All regression models obtained were statistically significant.

Discussion and Conclusion

Morphometric traits are crucial for identifying populations and classifying breeds (Rodero et al., 2015; Saleh et al., 2021). Numerous studies have been conducted on determining morphometric traits and estimating live weight based on these traits in livestock (Yılmaz et al., 2013; Eydurán et al., 2017; Wangchuk et al., 2018; Dakhlan et al., 2021).

When analyzing the descriptive statistics, it is evident that the coefficients of variation fall within acceptable limits; however, there is a significant disparity between the minimum and maximum values. This observation can primarily be attributed to the relatively low number of animals represented by the minimum values in the data set.

The average live weight values obtained in this study were higher than the values reported in some studies conducted on domestic and foreign breeds (Khargharia et al., 2015; Karakuş, 2016; Gezer, 2018; Yılmaz and Daşkıran, 2018; Manirakiza et al., 2020; Dakhlan et al., 2021) and lower than others (Bingöl et al., 2012; Varol, 2014; Karadağ and Soysal, 2018; Tyasi and Tada, 2023). These differences in the literature are due to variations in breeds and breeding systems.

Studies show that live weight and body measurements are influenced by factors such as breed, age, sex, management, and breeding type (Varol, 2014; Gezer, 2018; Karna et al., 2020; Varol and Demirhan, 2022; Tyasi and Tada, 2023). In the present study, management and age factors had statistically significant effects on body weight and body measurements. This situation aligns with the relevant literature.

It is noteworthy that all body measurements change with age. As a matter of fact, similar situations have been identified in some previous studies conducted on farm animals (Yılmaz et al., 2013; Karna et al., 2020). Similarly, it has been observed that live weight values increase slightly with age but tend to decrease in animals aged five years and older. Comparable findings have been reported in various breeds (Alizadehasl, 2011; Yılmaz and Daşkıran, 2018). This trend indicates potential issues such as decreased metabolic efficiency and loss of muscle mass in older animals.

In this study, high positive phenotypic correlation coefficients were obtained between body measurements and body weight. This result is consistent with the related studies (Karakuş, 2016; Eydurán et al., 2017; Dakhlan et al., 2021). Although body weight was positively correlated with many body measurements, the strongest relationships were observed between body weight and chest girth, body weight and body length, and body weight and height at withers. This indicates that one or a combination of these body measurements could be used in regression models for estimating body weight.

In most studies on the subject, it is noteworthy that chest girth has a stronger linear relationship with body weight than other body measurements. This measurement is widely utilized in body weight estimation equations (Yilmaz et al., 2013; Moaen-Ud-Din et al., 2018; Karna et al., 2020; Sabbioni et al., 2020). In this study, the chest girth parameter is included in all models obtained for estimating body weight, in line with the literature.

As can be seen from the models presented for body weight estimation by age, the parameters of chest girth, height at withers, and body length are crucial in estimating body weight in Hair goats. In addition, incorporating more than one body trait into the model leads to a relative increase in R^2 values. The utilization of the model with higher R^2 values for animals in the 2nd, 3rd, and 4th age groups in the study will enable more precise live weight estimates to be generated. The R^2 value of the stepwise regression model obtained for the age group of 5 years and older was lower than the R^2 value determined for the model obtained using the enter regression procedure, where all body characteristics were added to the model. In the 2 to 3 age groups, the inclusion of additional variables in the model enhanced prediction accuracy. However, in the age group of 5 years and older, the addition of extra variables did not positively impact the model's predictive power. The variation in R^2 values between age groups may be attributed to differences in growth processes and metabolism. Therefore, it would be more meaningful to use the general regression model for this age group. However, it should not be ignored that taking a minimum number of measurements in field studies saves time and enables practical application.

As a result, measuring chest girth, height at withers, and body length, which are considered in the regression models for estimating body weight, is relatively easier to perform than determining body weight under field conditions. The use of live weight estimation models, based on body measurements instead of live weight measurements that cannot be taken due to inadequate infrastructure conditions in the field, will save labor and time. In younger animals (2 to 4 years), live weight can be predicted with greater accuracy, whereas prediction accuracy diminishes in older animals. It was determined that employing multivariate models is particularly beneficial for younger animals. Conversely, in the age group of 5 years and older, simpler models that utilize only chest circumference may suffice. This approach will also enable highly accurate predictions to be made. Considering that live weight varies according to species, breed, nutritional status, age, and body size, it should not be overlooked that these regression models for live weight estimation in hair goats may not be applied with the same success in other species and breeds.

Acknowledgment

We would like to thank the breeders who took part in the Hair goat breeding sub-project carried out in Denizli province within the scope of the National Genetic Improvement Project for Small Ruminants at Breeders' Conditions and provided animal material for the realisation of the study.

References

- Alizadehasl, M., 2011. Kilis Norduz ve Honamlı keçilerinde bazı morfolojik özellikler. Yüksek Lisans Tezi. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, s. 53.
- Anonymous, 2017. <https://meatsheepallianceofflorida.files.wordpress.com/2017/07/sheep-weight-tape-measurment.pdf>. Access date: 17.02.2022
- Bingöl, M., Gökdal, O., Aygün, T., Yılmaz, A., Daşkıran, I., 2012. Some productive characteristics and body measurements of Norduz goats of Türkiye. *Tropical Animal Health and Production*. 44:545-550.
- Canul-Solis, J., Angeles-Hernandez, J.C., García-Herrera, R.A., del Razo-Rodríguez, O.E., Rangel, H.A.L., Piñeiro-Vazquez, A.T., Casanova-Lugo, F., Nieto, C.A.R., Chay-Canul, A.J., 2020. Estimation of body weight in hair ewes using an indirect measurement method. *Tropical Animal Health and Production*. 52: 2341-2347.
- Cedden, F., Cemal, I., Daşkıran, I., Esenbuğa, N., Gül, S., Kandemir, Ç., Karaca, O., Kaymakçı, M., Keskin, M., Koluman, N., Koşum, N., Koyuncu, M., Köycü, E., Özder, M., Savaş, T., Taşkın, T., Tölu, C., Ulutaş Z., Yılmaz, O., Yurtman, Y.İ., 2020. Türkiye küçükbaş hayvancılığında mevcut durum ve gelecek. Türkiye Ziraat Mühendisliği IX. Teknik Kongresi, Ankara, 13-17 Ocak 2020, s. 133-152.
- Dakhlan, A., Hamdani, M.D.I., Putri, D.R., Sulastri, S., Qisthon, A., 2021. Prediction of body weight based on body measurements in female Saburai goat. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 22:1391-1396.
- Daskıran, I., Ayhan, V., 2013. National sheep and goat breeding program and breeder associations' collaboration systems of Türkiye. FAO-CIHEAM Network on sheep and goats sub-network on production systems. 8th International Seminar. Technology creation and transfer in small ruminants: roles of research, development services and farmer associations. FAO-CIHEAM, Tangier, Morocco, pp. 11-13.
- Daskıran, I., Savas, T., Koyuncu, M., Koluman, N., Keskin, M., Esenbuga, N., Konyali, A., Cemal, I., Gül, S., Elmaz, O., Kosum, N., Dellal, G., Bingöl, M., 2018. Goat production systems of Türkiye: Nomadic to industrial. *Small Ruminant Research*. 163: 15-20.
- Daşkıran, İ., Koluman, N., Savaş, T., Keskin, M., Ankaralı, B., 2015. Halk elinde küçükbaş hayvan ıslah projesi ve kazanımları. 9. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi, Konya, 3-5 Eylül 2015, s. 3-5.
- Ergül, Ş., Hızlı, H., 2023. Osmaniye ilinde halk elinde yetiştirilen Kıl keçisi oğlaklarının yaşama gücü ve büyüme performanslarının araştırılması. *Osmaniye Korkut Ata Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*. 6: 234-244.
- Eyduran, E., Zaborski, D., Waheed, A., Celik, S., Karadas, K., Grzesiak, W., 2017. Comparison of the predictive capabilities of several data mining algorithms and multiple linear regression in the prediction of body weight by means of body measurements in the indigenous Beetal goat of Pakistan. *Pakistan Journal of Zoology*. 49:257-265.
- Faraz, A., Tirink, C., Eyduran, E., Waheed, A., Tauqir, N.A., Nabeel, M.S., Tariq, M.M., 2021. Prediction of live body weight based on body measurements in Thalli sheep under tropical conditions of Pakistan using cart and mars. *Tropical Animal Health and Production*. 53:1-12.
- Gezer, G., 2018. Antalya ili Elmalı, Kaş ve Muğla ili Fethiye yörelerinde yetiştirilen kıl

- keçilerinin bazı morfolojik özellikleri. Yüksek Lisans Tezi. Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, s. 43.
- Gül, S., Yılmaz, O., Gündüz, Z., Keskin, M., Cemal, I., Ata, N., Önel, S.E., 2020. The genetic structure of the goat breeds belonging to Northwest part of Fertile Crescent. *Small Ruminant Research*. 182: 22-28.
- Karaca, O., Cemal, İ., Taşkın, T., Gökdal, Ö., Yılmaz, O., Yaralı, E., Özdoğan, M., 2014. Koyun-keçi genetik ıslah çalıştay notları. Türkiye Damızlık Koyun Keçi Yetiştiricileri Merkez Birliği yayınları Yay no: 1
- Karadağ, O., Soysal, M.İ., 2018. The determination of some, reproduction, growth and morphological traits in Honamlı goats breeds. *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty*. 15:135-142.
- Karakuş, F., 2016. Keçilerde vücut kondisyon puanının döl verimi, canlı ağırlık ve bazı vücut ölçüleri üzerine etkisi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*. 26:372-379.
- Karna, D.K., Acharya, A.P., Das, B.C., Nayak, G.D., Dibyadarshini, M.R., 2020. Morphometry of Ganjam goats of Odisha and age specific body weight prediction from linear body measurements. *The Pharma Innovation Journal*. 9:171-175.
- Khargharia, G., Kadirvel, G., Kumar, S., Doley, S., Bharti, P.K., Das, M., 2015. Principal component analysis of morphological traits of Assam Hill goat in Eastern Himalayan India. *Journal of Animal & Plant Sciences*. 25:1251-1258.
- Liotta, L., Chiofalo, V., Presti, V.L., Chiofalo, B., 2020. Effect of production system on growth performances and meat traits of suckling Messinese goat kids. *Italian Journal of Animal Science*. 19:302-302.
- Manirakiza, J., Hatungumukama, G., Besbes, B., Detilleux, J., 2020. Characteristics of smallholders' goat production systems and effect of Boer crossbreeding on body measurements of goats in Burundi. *Pastoralism*. 10:1-11.
- Meza-Herrera, C.A., Menendez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Lopez-Villalobos, N., Baena-Manzano, F., 2019. Estimates of genetic parameters and heterosis for birth weight, one-month weight and litter size at birth in five goat breeds. *Small Ruminant Research*. 174:19-25.
- Moaeen-Ud-Din, M., Waheed, H., Bilal, G., Reecy, J., Khan, M., 2018. Estimation of Beetal goat live-weight for all types of age classes in field and farm conditions through linear body measurements. *Journal of Animal Science*. 96:453-454.
- Rodero, E., González, A., Dorado-Moreno, M., Luque, M., Hervás, C., 2015. Classification of goat genetic resources using morphological traits. Comparison of machine learning techniques with linear discriminant analysis. *Livestock Science*. 180:14-21.
- Sabbioni, A., Beretti, V., Superchi, P., Ablondi, M., 2020. Body weight estimation from body measures in Cornigliese sheep breed. *Italian Journal of Animal Science*. 19:25-30.
- Sağır Akyürek, S., Akkol, S. 2024. Kıl keçilerinin vücut ölçülerini kullanarak canlı ağırlıklarını tahmin etmede kısmi en küçük kareler ve temel bileşenler regresyon yöntemlerinin karşılaştırılması. *Osmaniye Korkut Ata Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*. 7(3): 1162-1176
- Saleh, A.A., Rashad, A.M.A., Hassanine, N.N.A.M., Sharaby, M.A., Zhao, Y.J., 2021. Evaluation of morphological traits and physiological variables of several Chinese goat breeds and their crosses. *Tropical Animal Health and Production*. 53:1-15.

- SAS, 1999. The SAS System. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, Version 8 Copyright © 1999.
- Şen, U., Şirin, E., Filik, A.G., Önder, H., Piwczynski, D., Kolenda, M., 2021. Growth and slaughter characteristics of weaning male kids of Turkish native goat breeds. *Animals-Basel*. 11.
- Sheriff, O., Alemayehu, K., Haile, A., 2020. Production systems and breeding practices of Arab and Oromo goat keepers in northwestern Ethiopia: implications for community-based breeding programs. *Tropical Animal Health and Production*. 52:467-1478.
- Sowande, O.S., Sobola, O.S., 2008. Body measurements of west African dwarf sheep as parameters for estimation of live weight. *Tropical Animal Health and Production*. 40:433-439.
- Tolunay, A., Türkoğlu T., Bekiroğlu, S., 2016. Türkiye ekonomisinde koyun-keçi yetiştiriciliğinin yeri ve önemi. Kuzu ve oğlak kayıplarının önlenmesinde koyun keçi sağlığı ve yetiştiriciliği. *Türkiye Ormancılık Dergisi*. 17:99-106.
- Toplu, H.D.O., Altinel, A., 2008. Some production traits of indigenous Hair goats bred under extensive conditions in Türkiye. 2 communication: viability and growth performances of kids. *Archives of Animal Breeding*. 51:507-514.
- TÜİK, 2023. Tarım İstatistikleri, <https://data.tuik.gov.tr/Search/Search?text=hayvan%20>, (Access date: 01.02.2024).
- Tyasi, T.L., Tada, O., 2023. Principal component analysis of morphometric traits and body indices in South African Kalahari Red goats. *South African Journal of Animal Science*. 53:28-37.
- Varol, M., 2014. Denizli ilinde yetiştirilen kıl keçilerinin morfolojik özelliklerinin tanımlanması. Yüksek Lisans Tezi. Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, s. 41.
- Varol, M., Demirhan, S.A., 2022. Isparta ilinde yetiştirici koşullarındaki Kıl keçilerinin morfolojik özellikleri. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*. 10: 2801-2805.
- Wangchuk, K., Wangdi, J., Mindu, M., 2018. Comparison and reliability of techniques to estimate live cattle body weight. *Journal of Applied Animal Research*. 46:349-352.
- Yılmaz, A., Daşkiran, İ., 2018. Ekstansif koşullarda yetiştirilen Kilis keçilerinde canlı ağırlık ve vücut ölçüleri arasındaki korelasyonlar ve bazı tanımlayıcı ölçüler. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*. 15:51-56.
- Yılmaz, O., Cemal, I., Karaca, O., 2013. Estimation of mature live weight using some body measurements in Karya sheep. *Tropical Animal Health and Production*. 45:397-403.



Bombus Arılarında Polen Tercihi

Anıl AKÇAY*¹, Cengiz ERKAN¹

¹ Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, 65080, Van, Türkiye

Anıl AKÇAY, ORCID No: [0000-0002-8046-1186](https://orcid.org/0000-0002-8046-1186), Cengiz ERKAN, ORCID No: [0000-0003-3510-2800](https://orcid.org/0000-0003-3510-2800)

MAKALE BİLGİSİ

ÖZ

Araştırma Makalesi

Çalışma 13. Ulusal Zootekni Bilim Kongresinde (2023) sözlü olarak sunulmuş, Bildiri Kitabında sadece özet şeklinde basılmıştır.

Geliş: 22.11.2024

Kabul: 01.12.2024

Anahtar Kelimeler

Bombus terrestris
Polen tercihi
Haşhaş poleni
Ayçiçeği poleni
Şurup
Perga

* Sorumlu Yazar

anil.akcay@hotmail.com

Çalışmada, *Bombus terrestris* arılarının farklı içerik ve orjine sahip polenleri tüketim tercihleri incelenmiştir. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Arıcılık Araştırma Merkezi'nde yürütülen denemede, haşhaş ve ayçiçeği polenlerinin şurup ile karıştırılmış formları ile pergaları hazırlanarak onar adet mikro bombus kolonisi beslenmiştir. 20 gün sonundaki besin tüketim miktarları belirlenmiştir. Araştırma sonuçlarına göre haşhaş şurup (HŞ), haşhaş perga (HP), ayçiçeği şurup (AŞ) ve ayçiçeği perga (AP) olarak oluşturulan besinler içerisinde en fazla tüketimin HŞ grubunda olduğu belirlenmiş, verilere uygulanan Araştırma sonuçlarına göre haşhaş şurup (HŞ), haşhaş perga (HP), ayçiçeği şurup (AŞ) ve ayçiçeği perga (AP) muamele grupları için besin tüketim ortalamaları arasındaki fark önemli bulunmuştur ($p < 0.05$). Duncan çoklu karşılaştırma testi sonucuna göre *Bombus* işçi arılarının en fazla besin tüketiminin HŞ grubunda olduğu belirlenmiştir. Polen (% protein-yag) içeriklerinin de değerlendirmeye alındığı çalışmadan elde edilen bulgulara göre protein içeriğinin bombus arılarının besin tüketim tercihlerini değiştirdiği ortaya çıkmış ve kolonilerin beslenme stratejilerinin geliştirilmesinde bu bilginin kullanılabilmesi sonucuna varılmıştır.

Pollen Preference in Bumblebees

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Research Article

The study was presented as oral presentation at the 13th National Animal Science Congress (2023) and was published only as an abstract in the Proceedings Book.

Received : 22.11.2024

Accepted : 01.12.2024

Keywords

Bombus terrestris
Pollen preference
Poppy pollen
Sunflower pollen
Syrup
Perga

* Corresponding Author

anil.akcay@hotmail.com

The study examined the feeding preferences of *Bombus terrestris* bees for pollen with different compositions and origins. In the experiment conducted at Van Yüzüncü Yıl University Beekeeping Research Center, micro-colonies of ten bumblebees each were fed with poppy and sunflower pollen mixed with syrup and prepared as perga. The amount of food consumed after 20 days was determined. According to the results, among the dietary groups of poppy syrup (PS), poppy perga (PP), sunflower syrup (SS), and sunflower perga (SP), the highest consumption was observed in the PS group. Statistical analysis revealed significant differences in the average food consumption among the treatment groups ($p < 0.05$). The Duncan multiple comparison test showed that worker bumblebees had the highest food consumption in the PS group. Findings from the study, which also evaluated the protein and fat contents of the pollen, demonstrated that protein content influenced the feeding preferences of bumblebees. This information could be utilized in developing nutritional strategies for bumblebee colonies.

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Akçay, A., Erkan, C., 2024. Bombus arılarında polen tercihi, Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):112-120.

DOI: [10.51970/jasp.1589874](https://doi.org/10.51970/jasp.1589874)

Giriş

Çiçekli bitkilerin büyük bir kısmı üreyebilmek için tozlaşmaya ihtiyaç duymaktadır. Basit anlamda bitkilerin üremesini sağlamak için polenlerin aktarım işlemi olarak tanımlanabilen tozlaşma, olgun anterden polenlerin alıcı stigmaya taşınması esasına dayanır (Kevan ve Baker, 1983; Klein ve ark., 2007; Garibaldi ve ark., 2013; Halder ve ark., 2019; Omar ve ark., 2021; Elisante ve ark., 2020. Kuşlar, böcekler, su ve rüzgar gibi biyotik ve abiyotik araçlar tarafından gerçekleştirilen bu olay sayesinde bitkisel üretimin miktarı ve kalitesi artmaktadır (Kevan ve Baker, 1983; Klein ve ark., 2007; Garibaldi ve ark., 2013; Halder ve ark., 2019; Elisante ve ark., 2020. Tozlaşma biyolojisi genel anlamda tozlayıcı ve bitki arasındaki karşılıklı etkileşimle ilişkilendirilirken tozlayıcı canlılar besin kaynağı için çiçekleri kullanırken bitkilerin üremesini kolaylaştırmak için polen aktarımı sağlarlar (Menz ve ark., 2011; Marshman ve ark. 2019).

Tozlaşmada etkili böceklerin bitkisel üretime %75'in üzerinde katkısı olduğu bilinmektedir (Klein ve ark., 2007). Arıların da içerisinde olduğu böcek tozlayıcılar ekosistemin sürdürülebilirliğini sağlamak, bitkilerde genetik çeşitliliği teşvik etmek ve küresel gıda güvenliğini sağlamak için özel bir öneme sahiptir.

En yaygın tozlayıcılar arasında yer alan bal arıları, gelişmiş sosyal yapıları ve kolonilerinin büyüklüğü sayesinde geniş bir bitki yelpazesinin tozlaşmasında rol oynamaktadır (Free, 1993; Klein ve ark., 2007; Garibaldi ve ark., 2013; Goulson ve ark., 2015).

Ancak tarımsal alanlarda yoğun monokültür uygulamaları ve pestisit kullanımının artışı, bal arıları popülasyonlarında önemli ölçüde azalmaya neden olmakta, bu durum ise tarımsal verimliliği olumsuz etkilemektedir (Vanbergen, 2013). Dolayısıyla bal arılarına alternatif tozlayıcı türlerin; özellikle bombus arılarının, tarımsal ekosistemlerdeki katkısı gün geçtikçe daha fazla önem kazanmaktadır (Goulson ve ark., 2015). Bombus arıları gibi yabancı tozlayıcılar, bal arılarının yetersiz kaldığı ortamlarda bitki çeşitliliğini koruma ve verimi artırma açısından önemli bir role sahiptir (Garibaldi ve ark., 2013).

Bombus arıları, dünya genelinde birçok bitkisel ürünün verimliliğini ve kalitesini artırmak amacıyla kullanılan oldukça değerli tozlayıcılardandır. Bitkisel üretimin büyük bir bölümünün böcek tozlaşmasına bağımlı olması bombus arılarının ekosistemin sürdürülebilirliği ve tarımsal üretimde verimlilik yönünden önemini ortaya koymaktadır (Ollerton ve ark., 2011; Rader ve ark., 2016).

Bombus arıları özellikle seracılık gibi kontrollü ortamlarda sıkça tercih edilen tozlayıcılardandır. Örneğin, domates gibi kendine özgü çiçek yapısına sahip olan bitkilerde bal arılarının tozlaşma yapma kapasitesi sınırlı olduğundan bombus arılarının bu süreçteki etkisi oldukça değerlidir (Morandin ve Winston, 2005). Ekonomik değeri yüksek bitkilerin başarılı şekilde meyve vermesi için yeterli miktarda polen transferi gereklidir (Saha ve ark., 2023). Bu aşamada bombus arıları, geniş gövde yapıları ve yüksek titreşim kapasiteleriyle daha verimli bir tozlaşma sağlamaktadır (Wahengbam ve ark., 2019). Bombus türleri, sadece ticari seracılık alanlarında değil, aynı zamanda doğal ekosistemlerde de biyolojik çeşitliliği desteklemektedir (Goulson, 2010).

Bombus terrestris, güçlü kanat kasları ve soğuk hava koşullarında bile aktif olabilme kabiliyetleri ile bilinmektedir (Corbet ve ark., 1993). Seralarda düşük ışık yoğunluğu ve sıcaklık koşullarında tozlaşmayı sürdürebilmeleri sayesinde (Ercan ve Onus, 2003) bu arı türü, polen

kalitesinin düşüklüğü veya çiçeklerin yetersiz gelişimi gibi sera ortamlarında karşılaşılan sorunların çözümünde kritik bir rol üstlenmektedir. Bu özellikleri nedeniyle *B. terrestris* özellikle ticari seracılıkta yaygın olarak kullanılmaktadır (Gösterit ve Gürel, 2018). Bu amaçla kullanımları giderek artan bombus arılarında kolonilerinin verimliliğini artırmak ve hastalıklardan korumak amacıyla koloni sağlığı, beslenme düzeni ve hastalık kontrolü gibi konular üzerinde de yoğun araştırmalar yürütülmektedir (Meeus ve ark., 2011).

Kolonilerin gelişimi ve sağlığı açısından en önemli besin kaynağı polen, özellikle larva ve genç yetişkin bireyler için değerli bir protein kaynağı olarak öne çıkmaktadır (Pernal ve Currie, 2000). Araştırmalar, farklı bitkilerden toplanan polenlerin protein ve yağ içeriklerinin değişiklik gösterdiğini, dolayısıyla arıların bu içeriklere göre beslenme tercihleri geliştirdiğini oraya koymaktadır (Roulston ve ark., 2000). Polen çeşitliliği, arıların bağışıklık sistemi ve koloni dayanıklılığı için de önemlidir. Bu nedenle arılar protein açısından zengin ve yüksek besleyici değere sahip polenleri tercih ederek koloni sağlığını korumaya çalışmaktadırlar (Mapalad ve ark., 2008).

Ticari bombus arısı yetiştiriciliğinde, besin ihtiyaçlarını karşılamak ve farklı polen türlerinin etkilerini belirlemek amacıyla yapılan araştırmalar uzun bir geçmişe sahiptir (Regali ve Rasmont, 1995; Ribeiro ve ark., 1996). Yüksek protein içerikli polenlerin, bombus arılarının üreme başarısını artırdığı ve koloni sağlığını koruduğu bilinmektedir (Vanderplanck ve ark., 2014; Moerman ve ark., 2017).

Yetiştiricilik faaliyetlerinde kullanılan farklı protein düzeylerine sahip polenlerin arılar tarafından tercih edilme oranlarının belirlenmesi üretim çalışmalarına katkı sağlayacaktır. Bu amaçla yürütülen araştırmada polenin fermente hali de (perga) değerlendirmeye alınarak literatüre katkı sağlanması hedeflenmiştir.

Materyal ve Yöntem

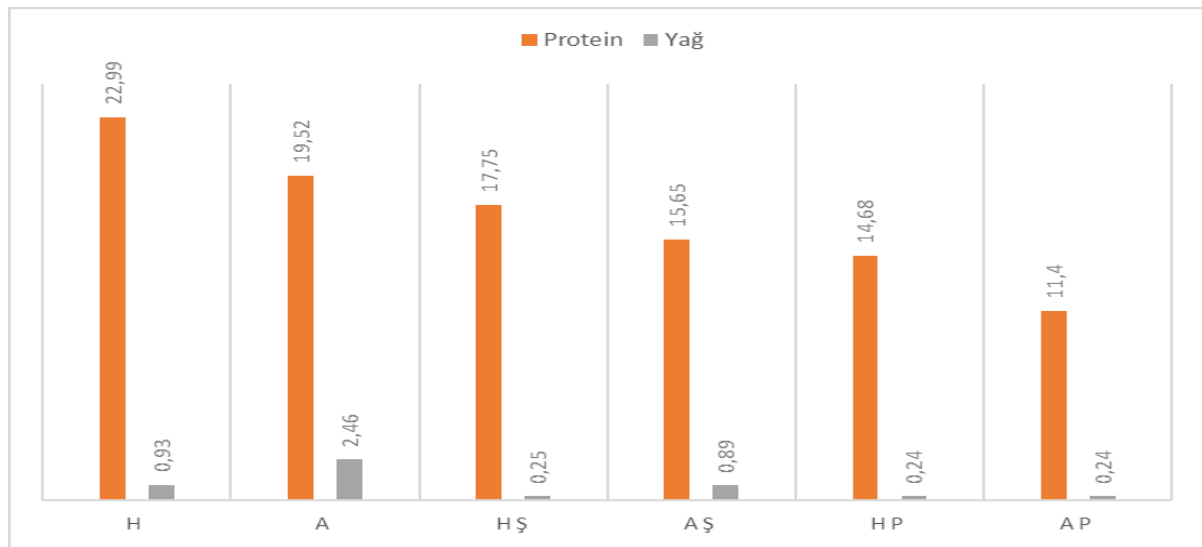
Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Arıcılık Uygulama ve Araştırma Merkez Müdürlüğü işletmesinde sıcaklık ve nem kontrollü koşullarda gerçekleştirilen çalışmanın arı materyalini ana arısız ve her birinde yirmişer adet *B. terrestris* işçi arısı bulunan mikro koloniler oluşturmuştur. Beslemede ise ticari bir firmadan temin edilen monofloral yaş haşhaş ve ayçiçeği polenleri kullanılmıştır. Polenler üretim faaliyetlerinde olduğu gibi şeker şurubu ile yoğrulmuş formda ve ayrıca perga olarak kolonilere verilmiştir. Perga yapımı Krell (1996)'ya göre gerçekleştirilmiştir. Buna göre 1 kg haşhaş ve ayçiçeği polenlerinin her birine 0.25 lt su ve 0.2 g *Lactobacillus xylosus* bakterisi ilave edilerek 0.15 kg balla yoğrulmuş ve 15 gün süreyle oda sıcaklığında cam kavanozlarda fermente olmaları sağlanmıştır. Elde edilen polenler haşhaş şurup (HŞ), Haşhaş perga (HP), ayçiçeği şurup (AŞ) ve ayçiçeği perga (AP) olarak gruplandırılarak 3 mg kapasiteli ependorf tüplerde, baş kısımları açık olacak şekilde her birinde 10 adet koloni bulunan gruplara verilmiştir. Gruplar ve gruplardaki koloni sayıları aşağıdaki gibi oluşturulmuştur.

1. Grup	HŞ/HP	(10 mikro koloni)
2. Grup	HŞ/AŞ	(10 mikro koloni)
3. Grup	AŞ/AP	(10 mikro koloni)
4. Grup	AP/HP	(10 mikro koloni)
5. Grup	HŞ/HP/AŞ/AP	(10 mikro koloni)

Deneme süresince şeker şurubu (%50 brix) ile adlibitum beslenen toplam 50 koloninin haşhaş ve ayçiçeği polenleri ile oluşturulan besinlere aynı anda ulaşabilmeleri sağlanmış ve tüplere azaldıkça besin ilavesi yapılmıştır. Toplam 5 kez 4 gün aralıklarla yapılan tüketim ölçümleri kaydedilmiş; elde edilen veriler SAS paket programı (SAS, 2023) kullanılarak t-testi ve Duncan Çoklu Karşılaştırma Testi uygulanmış ve değerlendirilmiştir. Çalışmada polenlerden oluşturulan besleme materyallerinin protein ve yağ içerikleri de ele alınmış ve içerikler hizmet alımı ile belirlenmiştir.

Bulgular ve Tartışma

Besin gruplarının protein, yağ ve şeker düzeylerinin yer aldığı içerik analizleri Şekil 1'de verilmiştir.



Şekil 1. Besin gruplarının protein (%) ve yağ (%) düzeyleri

Figure 1. Protein and fat levels of food groups

Her iki polenin de işlem görmemiş (şurup ile yoğrulmamış yada fermente edilmemiş) formlarının daha yüksek protein içeriğine sahip olduğu, haşhaş poleninde bu oranın % 30 seviyesine yaklaştığı, şurup ile yoğrulduğunda yapılarında protein düzeyinin biraz daha azaldığı ve perga halinde ise daha düşük protein seviyesine sahip olduğu Şekil 1'de görülmektedir. Şekil 1'de ayrıca en yüksek yağ içeriğine ayçiçeği polenin sahip olduğu görülmektedir.

Arıların gelişimi için temel besin kaynağı olan polen; proteinler, vitaminler, amino asitler, mineraller, lipitler, flavonoidler ve fenolik bileşikler gibi makro ve mikro besin maddelerince oldukça zengin bir üründür. Buna karşılık polenin petek gözlerinde bakteriyel ve enzimatik faaliyetler sonucu dönüşüme uğramış hali olan perga bazı içerikler bakımından polenden ayrılmaktadır (Baky ve ark., 2023). Polenin protein seviyesi pergadan yüksek olmakla birlikte pergadaki proteininin daha yüksek yararlı ve sindirilebilir olduğu farklı araştırmalarda ifade edilmektedir (Baky ve ark., 2023; DeGrandi-Hoffman ve ark., 2013; Kieliszek ve ark., 2018; Mayda, 2019; Ertosun, 2020). Söz konusu belirleme, araştırma sonuçlarında yer alan polendeki yüksek protein düzeyinin fermente olduktan sonra azalmasını açıklamaktadır.

Yağ içerikleri dikkate alındığında ayçiçeği poleni en yüksek yağ oranına (% 2.46) sahipken diğer polen olduğu ve perga örneklerinin nispeten düşük yağ içerdiği gözlemlenmiştir.

Kolonilerinin enerji ihtiyaçlarını karşılamada yağın önemli bir kaynak olduğu, dolayısıyla enerji tüketiminin yüksek olduğu dönemlerde yağ içeriği zengin polenlerin tercih edebildikleri bilinmektedir (Vaudo ve ark., 2015). Diğer taraftan araştırma bulgularına göre işleme uğramamış ayçiçeği polenindeki yüksek yağ içeriğinin polenlerden elde edilen besin gruplarına yansıdığı Şekil 1’de görülmektedir.

İkili kombinasyonlar ile besin tüketimlerinin ele alındığı Tablo 1’e göre dört günlük aralıklarla yapılan ölçümlerde ortalama tüketimler 0.58 ± 0.05 mg ile 0.87 ± 0.05 mg aralığında değişmiş; en yüksek tüketim seviyesi 2.70 mg’a kadar çıkabilirken tüketim olmadığı dönemler de gözlemlenmiştir. Diğer taraftan yirmi günlük deneme süresindeki tüketimlere göre sıralama yapıldığında 3. grupta HŞ besininin 43.50 mg ile en yüksek, aynı grupta HP’nin ise 29.20 mg ile en düşük toplam tüketim olduğu belirlenmiştir.

Tablo 1. Grupların besin tüketimleri (mg)
Table 1. Food consumption of groups (mg)

	Besin	N	Ortalama± Std. Sapma	En düşük değer	En yüksek değer	Toplam tüketim	
Gruplar	1. Grup	HP	50	0.66 ± 0.06	0	1.80	33.10
		AP	50	0.63 ± 0.05	0	2.70	31.40
	2. Grup	AŞ	50	0.60 ± 0.05	0	1.80	30.30
		HŞ	50	0.76 ± 0.05	0.10	1.80	38.20
	3. Grup	HP	50	0.58 ± 0.05	0	1.40	29.20
		HŞ	50	0.87 ± 0.05	0.10	1.70	43.50
	4. Grup	AP	50	0.78 ± 0.05	0	1.60	39.20
		AŞ	50	0.72 ± 0.06	0	2.00	36.00

Çalışmadan elde edilen bulgulara yönelik genel değerlendirmeye göre yüksek ve düşük protein içeriğine sahip besinlerin birlikte yer aldığı gruplarda (1. Grup- HP/AP ve 2. Grup- AŞ/HŞ) tercihin yüksek protein içeriğine sahip besinden (HP ve HŞ) yana kullanıldığı, şurup ile yoğrulmuş ve fermente durumların karşılaştırılmasında ise (3. Grup- HP/HŞ ve 4. Grup- AP/AŞ) önemli bir farkın olmadığı ortaya çıkmıştır. Bu belirmelere rağmen grup ortalamalarının t-testi ile karşılaştırılması sonucunda gözlenen farklılıkların ise istatistik olarak önemli olmadığı belirlenmiştir ($p > 0.05$).

Araştırmada besinlerin ikili kombinasyonların yanında her biri aynı anda kolonilere de verilmiş ve çalışmanın 5.grubunu (HP/AŞ/AP/AŞ) oluşturmuştur. Elde edilen veriler Tablo 2’de sunulmuştur.

Tablo 2. Kolonilerin karma besin tüketimleri (mg)
Table 2. Mixed food consumption of colonies (mg)

Besin	N	Ortalama± Std. Sp.	En düşük değer	En yüksek değer	Toplam tüketim
AP	50	0.37 ± 0.04^a	0	1.60	18.80
AŞ	50	0.40 ± 0.04^a	0	1.70	20.00
HP	50	0.37 ± 0.04^a	0	1.60	18.60
HŞ	50	0.53 ± 0.05^b	0	1.90	26.80

a,b ; $P < 0.05$

Tablo 2'ye göre AP ve HP besinleri en düşük ortalamalara sahipken (0.37 ± 0.04 mg) bunları 0.40 ± 0.04 mg ile AŞ besini izlemiştir. Diğer taraftan HŞ besininin 0.53 ± 0.05 mg ile en yüksek ortalamaya sahip olduğunun görüldüğü Tablo'2 de yirmi gün süren deneme boyunca tüketim bakımından da aynı grubun toplam 26.80 mg ile en yüksek seviyede olduğu anlaşılmaktadır. Besin tüketim ortalmalarına uygulanan Duncan Çoklu Karşılaştırma Testi sonuçlarına göre fark önemli bulunmuş ($P<0.05$), HŞ diğerlerinden ayrılmıştır. Buna karşılık gerek ikili kombinasyonlar, gerekse karma besin grubundan elde edilen değerler ile bombus arılarının koloni yaşantısında büyük öneme sahip polenlerin fermente yapılarına (perga) ilişkin net bir yargıya varılamamıştır.

Tablo 2'den elde edilen bulgular, ikili kombinasyon ortaya çıkan farklılıkların değerlendirilmesine de katkı sağlamaktadır. Buna göre *B. terrestris* arıları haşhaş polenini ayçiçeği polenine tercih etmektedir. Bu belirleme bombus arılarının beslenme davranışları ile ilişkilendirilebilen araştırmalardaki protein içeriğince zengin besinlere yönelmeleri bulgularıyla uyum göstermektedir (Regali ve Rasmont, 1995; Leonhardt ve Blüthgen, 2012; Vaudo ve ark., 2015).

Bombus arılarının gelişiminde protein içeriğinin kritik olduğu; proteinin larva gelişimi, kas gelişimi ve bağışıklık sistemi üzerinde olumlu etkiler sağladığı daha önceki araştırmalarla da doğrulanmıştır (Leonhardt ve Blüthgen, 2012; Roulston ve Cane, 2000; Roger ve ark., 2017; Kraus ve ark., 2019) protein içeriği yüksek olan polenlerin arılar için daha çekici olduğunu ve kolonilerin büyüme ve gelişimi üzerinde önemli bir etki yarattığını belirtmiştir. Ayrıca, Ribeiro ve ark. (1996), protein yoğunluğu yüksek polenlerin daha düşük miktarlarla bile arıların besin ihtiyaçlarını karşılayabildiğini ifade etmiştir.

Araştırma bulguları bombus arılarına yönelik besleme stratejileri geliştirilmesine katkı sağlayacak özelliكتedir. Haşhaş poleni gibi yüksek protein içerikli polenler arıların sağlıklı koloni yapısını sürdürmeleri için gerekli temel besin kaynakları olarak değerlendirilmektedir. Vaudo ve ark. (2015) bombus arılarının enerji gereksinimlerini karşılamak için yüksek yağ içeriğine sahip kaynaklara yönelebildiğini ve bu kaynakların tamamlayıcı bir rol üstlenebileceğini belirtmişlerdir.

Çalışmada besinlerin yağ içerikleri ile tüketim tercihleri arasında ilişki kurulamamıştır. Kolonilerin şeker şurubu ile adlibitum beslenmelerinin bunda temel etken olduğu ön görülürken bu amaçla bir değerlendirme yapabilmek için enerji kısıtlı bir besleme programının uygun olacağı düşünülmektedir.

Sonuç

Farklı protein ve yağ içeriğine sahip haşhaş ve ayçiçeği polenleri ile oluşturulan besinlerin tüketimlerini konu alan araştırmadan elde edilen sonuçlara göre bombus arıları haşhaş polenini daha fazla tüketme eğilimindedirler. Haşhaş poleninin protein içeriğinin yüksek olması bunun temel nedeni olduğu değerlendirilirken bulgular ile polenlerin yağ içerikleri ve fermente yapıları ilişkilendirilememiştir.

B. terrestris arılarının beslenme davranışlarını açıklamaya ve ticari yetiştiricilikte besleme projeksiyonlarının geliştirilmesine katkı sağlayacağı düşünülen araştırmanın koloni gelişim özelliklerinin de ele alınacağı daha fazla koloni tekrarlanması yararlı olacaktır.

Etik Kurul Onayı

Bu çalışma için etik kurul izni gerekmemektedir.

Kaynaklar

- Baky, M. H., Abouelela, M. B., Wang, K., & Farag, M. A. 2023. Bee Pollen and Bread as a Super-Food: A Comparative Review of Their Metabolome Composition and Quality Assessment in the Context of Best Recovery Conditions. *Molecules*, 28(2), 715. <https://doi.org/10.3390/molecules28020715>
- Corbet, S. A., Fussell, M., Ake, R., Fraser, A., Gunson, C., Savage, A., Smith, K., 1993. Temperature and the pollinating activity of social bees. *Ecological Entomology*, 18(1): 17-30.
- DeGrandi-Hoffman, G., Chen, Y., & Simonds, R. 2013. The Effects of Pesticides on Queen Rearing and Virus Titers in Honey Bees (*Apis mellifera* L.). *Insects*, 4(1), 71–89. <https://doi.org/10.3390/insects4010071>
- Elisante, F., Ndakidemi, P., Arnold, S. E. J., Belmain, S. R., Gurr, G. M., Darbyshire, I., Xie, G., Stevenson, P. C. 2020. Insect pollination is important in a smallholder bean farming system. *PeerJ*, 8: e10102. <http://doi.org/10.7717/peerj.10102>
- Ercan, N., Onus, A. N., 2003. The effects of bumblebees (*Bombus terrestris* L.) on fruit quality and yield of pepper (*Capsicum annuum* L.) grown in an unheated greenhouse. *Israel Journal of Plant Sciences*. https://brill.com/view/journals/ijps/51/4/article-p275_5.xml
- Ertosun, S. 2020. Thermal stability of nutraceuticals in bread enriched with bee products (Master's Thesis). Escola Superior Agrária de Bragança.
- Free, J. B., 1993. Insect pollination of crops. Academic Press.
- Garibaldi, L. A., Steffan-Dewenter, I., Winfree, R., Aizen, M. A., Bommarco, R., Cunningham, S. A., Kremen, C., Carvalheiro, L. G., Harder, L. D., Afik, O., ve diğerleri, 2013. Wild pollinators enhance fruit set of crops regardless of honey bee abundance. *Science*, 339(6127): 1608-1611.
- Goulson, D., 2010. Bumblebees: Behaviour, ecology, and conservation. Oxford University Press.
- Goulson, D., Nicholls, E., Botías, C., Rotheray, E. L., 2015. Bee declines driven by combined stress from parasites, pesticides, and lack of flowers. *Science*, 347(6229): 1255957.
- Halder, S., Ghosh, S., Khan, R., Khan, A. A., Perween, T., Hasan, A. 2019. Role of pollination in fruit crops: A review. *The Pharma Innovation Journal*, 8(5): 695–702.
- Gösterit A., Gürel F., 2018. The role of commercially produced bumblebees in Good Agricultural Practices. *Scientific papers, Series D., Animal Science*, 61, 201-204.
- Kevan, P. G., Baker, H. G., 1983. Insects as flower visitors and pollinators. *Annual Review of Entomology*, 28(1): 407-453.
- Kieliszek, M., Piwowarek, K., Kot, A. M., Błażejczak, S., Chlebowska-Śmigiel, A., Wolska, I. 2018. Pollen and bee bread as new health-oriented products: A review. *Trends in Food Science & Technology*, 71: 170–180. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2017.10.021>
- Klein, A. M., Vaissière, B. E., Cane, J. H., Steffan-Dewenter, I., Cunningham, S. A., Kremen, C., Tscharntke, T., 2007. Importance of pollinators in changing landscapes for world crops. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 274(1608): 303-313.

- Kraus, S., Gomez-Moracho, T., Pasquaretta, C., Latil, G., Dussutour, A., and Lihoreau, M., 2019. Bumblebees adjust protein and lipid collection rules to the presence of brood. *Curr. Zool.*, 65: 437–446.
- Krell, R. 1996. Value-Added Products From Beekeeping. *FAO Agricultural Services Bulletin*, 124, 409p, Rome.
- Leonhardt, S. D., Blüthgen, N. 2012. The same, but different: pollen foraging in honeybee and bumblebee colonies. *Apidologie* 43: 449-464.
- Menz, M. H., Phillips, R. D., Winfree, R., Kremen, C., Aizen, M. A., Johnson, S. D., Dixon, K. W. 2011. Reconnecting plants and pollinators: challenges in the restoration of pollination mutualisms. *Trends in Plant Science*, 16(1): 4–12.
- Mapalad, K. P., Leu, D., Nieh, J. C., 2008. Bumble bees heat up for high quality pollen. *Journal of Experimental Biology*, 211(14): 2239-2242.
- Marshman, J., Blay-Palmer, A., Landman, K. 2019. Anthropocene crisis: Climate change, pollinators, and food security. *Environments – MDPI*, 6: 1–16.
- Mayda, N. 2019. Arı Polenleri ve Arı Ekmeğinin Palinolojik, Kimyasal ve Antioksidan Kapasitelerinin Belirlenmesi (Yüksek Lisans Tezi). Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı, Ankara.
- Meeus, I., Brown, M. J., De Graaf, D. C., Smagghe, G. 2011. Effects of invasive parasites on bumble bee declines. *Conservation Biology*, 25(4): 662-671.
- Moerman, R., Vanderplanck, M., Fournier, D., Jacquemart, A. L., Michez, D. 2017. Pollen nutrients better explain bumblebee colony development than pollen diversity. *Insect Conservation and Diversity*, 10(2): 171-179.
- Morandin, L. A., Winston, M. L., 2005. Wild bee abundance and seed production in conventional, organic, and genetically modified canola. *Ecological Applications*, 15(3): 871-881.
- Omar, N. A., Zarif Man, N. A., Nurul Huda, A. 2021. Pollination in the Tropics: Role of Pollinator in Guava Production. *International Journal of Life Sciences and Biotechnology*, 4(3): 623-639.
- Ollerton, J., Winfree, R., Tarrant, S., 2011. How many flowering plants are pollinated by animals? *Oikos*, 120(3): 321-326.
- Pernal, S. F., Currie, R. W., 2000. Pollen quality of fresh and aged pollens collected by honey bees (*Apis mellifera* L.). *Apidologie*, 31(3): 375-385.
- Rader, R., Bartomeus, I., Garibaldi, L. A., Garratt, M. P. D., Howlett, B. G., Winfree, R., Cunningham, S. A., Mayfield, M. M., Arthur, A. D., Andersson, G. K. S., ve ark., 2016. Non-bee insects are important contributors to global crop pollination. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(1): 146-151.
- Regali, A., Rasmont, P., 1995. Nouvelles méthodes de test pour l'évaluation du régime alimentaire chez des colonies orphelines de *Bombus terrestris* (L) (Hymenoptera, Apidae). *Apidologie* 26 (4): 273-281.
- Roger, N., Michez, D., Wattiez, R., Sheridan, C., and Vanderplanck, M., 2017. Diet effects on bumblebee health. *J. Insect Physiol.*, 96,:128–133.
- Ribeiro, M. F., Duchateau, M. J., Velthuis, H. H. W., 1996. Comparison of the effects of two kinds of commercially available pollen on colony development and queen production in *Bombus terrestris* L. (Hymenoptera, Apidae). *Apidologie*, 27(3): 273-280.

- Roulston, T. H., Cane, J. H., Buchmann, S. L., 2000. What governs protein content of pollen: pollinator preferences, pollen-pistil interactions, or phylogeny? *Ecological Monographs*, 70(4): 617-643.
- Saha, H., Chatterjee, S., Paul, A., 2023. Role of Pollinators in Plant Reproduction and Food Security: A Concise Review. *Res. J. Agric. Sci.*, 14(1): 72-79.
- SAS, 2023. SAS/STAT Software Version 9.4 for Windows. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc.
- Vanbergen, A. J., Insect Pollinators Initiative, 2013. Threats to an ecosystem service: pressures on pollinators. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 11(5): 251-259.
- Vanderplanck, M., Moerman, R., Rasmont, P., Lognay, G., Wathelet, B., Wattiez, R., Michez, D., 2014. How does pollen chemistry impact development and feeding behaviour of polylectic bees? *PLOS ONE*, 9(1): e86209.
- Vaudo, A. D., Patch, H. M., Mortensen, D. A., Tooker, J. F., Grozinger, C. M., 2015. Macronutrient ratios in pollen shape bumble bee (*Bombus impatiens*) foraging strategies and floral preferences. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(28): 4035-4040.
- Wahengbam, J., Raut, A, Pal, S., Banu A.N., 2019. Role of bumble bee in pollination. *Annals of Biology*, 35 (2): 290-295.



Siyah Alaca İneklerde Süt Elektriksel İletkenlik ile Süt Verimi, Sağım ve Meme Özellikleri Arasındaki İlişkiler

Ayşenur BAYRAKDAR¹, Harun Emirhan MENDİ¹, Ertuğrul KUL^{*1}

¹Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, 40100, Kırşehir, Türkiye.

Ayşenur BAYRAKDAR, ORCID No: [0009-0001-9045-6153](https://orcid.org/0009-0001-9045-6153), Harun Emirhan MENDİ, ORCID No: [0009-0007-3907-0400](https://orcid.org/0009-0007-3907-0400), Ertuğrul KUL, ORCID No: [0000-0003-4961-5607](https://orcid.org/0000-0003-4961-5607)

MAKALE BİLGİSİ

ÖZ

Araştırma Makalesi

Geliş: 30.10.2024
Kabul: 10.12.2024

Anahtar Kelimeler

Siyah Alaca
Elektiksel iletkenlik
Süt verimi
Sağım süresi
Süt akış hızı

* Sorumlu Yazar

ertugrul.kul@ahievran.edu.tr

Bu çalışmada Siyah Alaca ineklerde süt elektriksel iletkenlik ile süt verimi, sağım ve meme özellikleri arasındaki ilişkiler ve bunlar üzerine laktasyon sırası ve laktasyon döneminin etkilerinin ortaya konulması amaçlanmıştır. Araştırma materyalini Kırşehir ilinde özel bir süt sığırcılığı işletmesinde 2023 ve 2024 yıllarında buzağılayan 104 baş Siyah Alaca ineği oluşturmuştur. Çalışmada, elektriksel iletkenlik, test günü süt verimi (TGSV), sağım süresi ve süt akış hızı ortalamaları sırasıyla 9.01 ± 0.05 mS/cm, 35.74 ± 0.67 kg, 5.83 ± 0.09 dk ve 2.40 ± 0.06 kg/dk olarak tespit edilmiştir. Laktasyon sırasının elektriksel iletkenlik ($P < 0.001$), TGSV ($P = 0.001$) ve sağım süresi ($P = 0.004$) üzerine etkisi istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. Laktasyon döneminin TGSV ($P = 0.048$) ve sağım süresi ($P = 0.045$) üzerine etkisi önemli bulunurken, elektriksel iletkenlik ve süt akış hızı üzerine etkisi ise istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur ($P > 0.05$). Laktasyon sırasının ön meme bağlantısı (ÖMB), meme derinliği (MD), meme başı uzunluğu (MBU, $P < 0.001$) ve arka meme yüksekliği (AMY, $P = 0.002$) üzerine etkisi istatistiksel olarak önemli olduğu tespit edilmiştir. Laktasyon döneminin tüm meme özellikleri üzerine etkisi önemsizdir ($P > 0.05$). Süt iletkenlik değeri ile ÖMB ($r = -0.327$) ve MD ($r = -0.390$) arasında negatif yönde ($P < 0.01$), MBU ($r = 0.199$) ile pozitif yönde ve istatistiksel olarak önemli korelasyonlar belirlenmiştir ($P < 0.05$). Çalışmada elektriksel iletkenlik ile sağım süresi arasında pozitif yönde ($r = 0.228$) ve önemli ($P < 0.05$), TGSV ve süt akış hızı ile negatif yönde ve önemsiz korelasyonlar tespit edilmiştir ($P > 0.05$). Sonuç olarak süt elektriksel iletkenlik değerleri ile ilgili meme özellikleri arasındaki korelasyonlara göre değerlendirildiğinde daha zayıf bir ÖMB ve daha sığ bir MD ile daha kısa sağım süresine sahip ineklerin daha düşük elektriksel iletkenlik ya da mastitis yakalanma riskine sahip olacağı söylenebilir.

Relationships Between Milk Electrical Conductivity and Milk Yield, Milking and Udder Characteristics in Holstein Cows

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Research Article

Received : 30.10.2024
Accepted : 10.12.2024

This study aimed to determine the relationships between milk electrical conductivity and milk yield, milking and udder characteristics in Holstein cows and the effects of parity and lactation period on these parameters. The research material consisted of 104 Holstein cows calving in 2023 and 2024 years in a private dairy farm in Kırşehir province. In the study, the means of electrical conductivity, test day

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Bayrakdar, A., Mendi HE., Kul, E., 2024. Siyah Alaca ineklerde süt elektriksel iletkenlik ile süt verimi, sağım ve meme özellikleri arasındaki ilişkiler, Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):121-133. DOI: [10.51970/jasp.1576484](https://doi.org/10.51970/jasp.1576484)

Keywords

Holstein
Electrical conductivity
Milk yield
Milking duration
Milk flow rate

*** Corresponding Author**

ertugrul.kul@ahievran.edu.tr

milk yield (TDMY), milking duration and milk flow rate were determined as 9.01 ± 0.05 mS/cm, 35.74 ± 0.67 kg, 5.83 ± 0.09 min and 2.40 ± 0.06 kg/min, respectively. The effects of parity on electrical conductivity ($P<0.001$), TDMY ($P=0.001$) and milking duration ($P=0.004$) were found to be statistically significant. The effect of lactation period on TDMY ($P=0.048$) and milking duration ($P=0.045$) was found to be significant, while the effect on electrical conductivity and milk flow rate was found to be statistically insignificant ($P>0.05$). The effect of parity on fore udder attachment (FUA), udder depth (UD), teat length (TL, $P<0.001$) and rear udder height (RUH, $P=0.002$) was found to be statistically significant. The effect of lactation period on all udder characteristics was insignificant ($P>0.05$). Negative correlations ($P<0.01$) were determined between milk conductivity value and FUA ($r=-0.327$) and UD ($r=-0.390$), and positive and statistically significant correlations ($P<0.05$) were determined with TL ($r=0.199$). In the study, positive ($r=0.228$) and significant ($P<0.05$) correlations were found between electrical conductivity and milking duration, and negative and insignificant correlations were found with TDMY and milk flow rate ($P>0.05$). As a result, when evaluated according to the correlations between milk electrical conductivity values and related udder characteristics, it can be said that cows with a weaker FUA, a shallower UD and a shorter milking duration will have lower electrical conductivity or mastitis risk.

Giriş

Mastitis, dünya genelinde süt endüstrisinde önemli ekonomik kayıplara neden olan en yaygın hastalıklardan biridir. Bu hastalığın oluşumunda, bakteriler, mantarlar, virüsler ve mayalar gibi bulaşıcı ajanlar etkili olmaktadır. Ayrıca, çevresel faktörler, stres, yaralanmalar ve yüksek kalorili yemlerle hayvanların beslenmesi de mastitisin yaygınlık düzeyini artırmaktadır (Kul ve ark., 2006). Mastitisten kaynaklanan en önemli ekonomik kayıplar arasında süt üretiminin ve kalitesinin azalması, üreme sorunları, artan veteriner hekimlik ve ilaç maliyetleri ve hayvan ayıklama oranı yer almaktadır (Kul ve ark., 2006; Neamţ ve ark., 2016; Samaraweera ve ark., 2022). Mastitisin hayvan refahı üzerinde olumsuz etkileri de bulunmaktadır. Özellikle mastitisin önlenmesi ve kontrolünde antibiyotik kullanımı insan sağlığı ve gıda güvenliği bakımından önemli bir sorun haline gelmektedir (Zucali ve ark., 2021). Bu nedenle mastitisin erken teşhisi ve yönetimi, hem ekonomik hem de hayvan refahı ve sağlığı için büyük önem taşımaktadır (Olofsson ve ark., 2024).

Mastitis teşhisinde en güvenilir yöntem olarak somatik hücre sayımı (SHS) kabul edilmektedir. Ancak SHS tespiti genellikle aylık olarak yapılmakta, bu da mastitisin erken tanısı için yeterli olamamaktadır (Zucali ve ark., 2021). Süt elektriksel iletkenlik (Norberg ve ark., 2004a), sağım süresi (Carlström ve ark., 2016) ve süt akış hızı/sağım hızı gibi sağım özellikleri mastitis tespitinde dolaylı seleksiyon ölçütü olarak kullanılmaktadır. Hem süt verimi hem de sağım özellikleri birçok otomatik sağım sisteminde bulunan sensörler yardımıyla ölçülmekte (Olofsson ve ark., 2024) ve hayvanların sağlık durumu hakkında önemli bilgiler vermektedir (Lukas ve ark., 2009). Otomatik sağım sistemlerinde süt elektriksel iletkenlik ve sağım özelliklerine ait veriler düşük maliyetli olup kolaylıkla elde edilebilmektedir (Juozaitienė ve ark., 2015).

Sütün elektriksel iletkenliđi, mastitisin tespiti için bir gösterge olarak kullanılmaktadır. Bu iletkenlik deđeri, anyon ve katyonların sütteki konsantrasyonuna bađlıdır. İneklerde meme içi enfeksiyon meydana geldiđinde, sütteki Na⁺ ve Cl⁻ konsantrasyonu artmakta ve bu da enfekte olan meme çeyređindeki elektriksel iletkenliđin yükselmesine neden olmaktadır (Norberg ve ark., 2004a; Norberg ve ark., 2004b). Birçok çalıřma sonucu, klinik ve subklinik mastitisten etkilenen ineklerden alınan sütün elektriksel iletkenliđinin, sađlıklı ineklerden alınan süte kıyasla daha yüksek olduđunu göstermiřtir (Norberg ve ark., 2004a; Tangorra ve ark., 2010). Bu bakımdan otomatik sađım sistemlerinde her sađımda ölçülen süt elektriksel iletkenlik deđeri meme sađlıđının takibinde, mastitisin erken tanısında ve ekonomik kayıpların önlenmesinde güvenilir bir göstergedir (Neamț ve ark., 2016; Tian ve ark., 2024). Rutten ve ark. (2013) tarafından mastitis tespitinde en yaygın kullanılan sensör teknolojisinin süt elektriksel iletkenlik olduđu bildirilmiřtir.

Sađım süresi ve süt akıř hızı ineklerin yalnızca ineklerin genel sađlık durumu ve süt verimi deđil (Erdem ve ark., 2010) aynı zamanda iřçilik, elektrik tüketimi ve sađımhane maliyetlerini etkileyen önemli sađım özelliklerindedir (Samoré ve ark., 2011). Sađım süresi, süt verimi ve süt akıř hızıyla iliřkilidir (Tançin ve ark., 2006). Süt akıř hızı ise meme sađlıđı üzerinde etkili olup, ineklerin mastitise karřı duyarlılıđını etkileyen önemli bir ölçüttür (Zwald ve ark., 2005). Hızlı sađım, memede deformasyonlara yol açarak klinik mastitis riskini artırmakta, yavař sađım ise sađımhanedeki iř akıřını aksatmakta ve tam sađım yapılmaması sonucu mastitis vakalarını artırmakta ya da uzun sađım süresinden dolayı meme uçlarında tahriře neden olabilmektedir. Bu sebeple, süt akıř hızının ne çok hızlı ne de çok yavař olmaması ve optimum seviyede tutulması büyük önem arz etmektedir (Laureano ve ark., 2012; Marete ve ark., 2018).

Süt sığırıcılıđı açısından büyük önem taşıyan meme konformasyon özellikleri mastitise karřı direnç amacıyla dolaylı seleksiyon kriteri olarak kullanılmaktadır. Memede sarkmalar veya yaralanmalar gibi dıř etkenler, meme sađlıđını olumsuz etkileyerek ilerleyen dönemlerde hayvanın elden çıkarılmasına yol açmaktadır. Nitekim, mastitisten korunmada meme özellikleri önemli rol oynamaktadır. Özellikle meme derinliđi (MD), ön meme bađlantısı (ÖMB) ve meme bařı uzunluđu (MBU) meme sađlıđı ve makineli sađım açısından önemlidir (Kul ve ark., 2006). Ayrıca meme morfolojisi ve sađım özellikleri süt sığırılarının makineli sađımın sađlıklı yapılabilmesinde önemlidir. Meme özelliklerinin kalıtım derecesi yüksek olup bu durum makineli sađım üzerinde dođrudan etkilidir. Meme yapısının ve sađım özelliklerinin iyileřtirilmesinin, süt sığırılarında daha iyi meme sađlıđı ve daha uzun ömür sađladıđı bildirilmiřtir (Atigui ve ark., 2021). Nitekim daha geniř bir meme bařı kanalı ve sfinkter kası daha yüksek süt akıř hızına olanak tanırken, patojenlerin memeye eriřimini de kolaylařtırabilmektedir (Sewalem ve ark., 2011; Carlström ve ark., 2016).

Birçok arařtırımcı, elektriksel iletkenliđin tek bařına mastitisin belirlenmesinde istenen duyarlılık ve güvenilirlik için yeterli olmadıđını, mastitisin erken tanısında süt verimi, sađım süresi, süt akıř hızı (Inzaghi ve ark., 2021) ve meme özelliklerinin de (Kul ve ark., 2006) dikkate alınması gerektiđini vurgulanmaktadır. Bu nedenle mastitisin erken tanısında bir çok faktörlerinde göz önünde bulundurulması ve birlikte deđerlendirilmesi önerilmektedir (Düz ve ark., 2021). Ayrıca, bu özellikler üzerine etkili çevre faktörleri de arařtırılmalıdır. Ancak bu konuda yapılan çalıřma sayısı ölkemiz kořullarında yeterli düzeyde bulunmayıp bu konuda daha fazla çalıřma yapılmasına ihtiyaç duyulmaktadır.

Bu çalışmada süt elektriksel iletkenlik ile süt verimi, sağım süresi, sağım hızı ve farklı meme özellikleri arasındaki ilişkilerin belirlenmesi ve bunlar üzerine laktasyon sırası ve laktasyon dönemlerinin etkilerinin tespit edilmesi amaçlanmıştır.

Materyal ve Yöntem

Materyal

Araştırma materyalini Kırşehir ilinde özel bir süt sığırı işletmesinde 2023 ve 2024 yıllarında buzağılayan 1. (n=56) ve ≥ 2 . (n=48) laktasyon sırasında bulunan toplam 104 baş Siyah Alaca ineği oluşturmuştur. Araştırmada, inekler laktasyonun ≤ 150 ve >150 günlerinde rastgele meme özellikleri bakımından puanlanmıştır. Meme puanlama özellikleri sağımdan önce hayvanlar düz bir zeminde üzerinde tutularak yapılmıştır.

İşletmede sağım 2 x 20 balık kılçığı şeklinde otomatik sağım tesisinde eşit aralıklarla sabah (07.00), akşam (14.30) ve gece (23.00) olmak üzere günde üç kez yapılmaktadır. Hayvanın tüm verileri (iletkenlik, süt verimleri, sağım süreleri, süt akış hızı, kızgınlık, gebelik vs.) bilgisayarlı sürü yönetim (afimilk) ile takip edilmektedir. Sağım sonrasında 3 kez yemleme yapılmaktadır. Rasyonda kullanılan kaba yemler silaj, saman ve yoncadır. Kesif yem olarak ta süt yemi, mısır flake, arpa ezmesi, saya küspesi, mısır gluteni, melas ve çığit (pamuk tohumu) kullanılmaktadır.

Yöntem

Doğrusal (linear) tanımlama özelliklerinin tanımlanması

Araştırmada meme puanlaması 1. ve ≥ 2 . laktasyon sırasında ve laktasyonlarının ≤ 150 (30-150) ve >150 . (151-305) günlerinde olan ineklerde yapılmıştır. Meme puanlaması yapılırken 1-9 puanlama cetveli dikkate alınarak yapılmıştır (Duru, 2005; Erkmen, 2020). Çalışmada meme özelliklerine ait puanlamalar Tablo 1’de verilmiştir (Anonymous, 2018).

Tablo 1. Meme özellikleri için en düşük ve en yüksek puanların anlamı ile ideal puanlar

Table 1. Meaning of minimum and maximum scores and ideal scores for udder characteristics

Özellikler		En düşük 1	En yüksek 9	İdeal
Ön Meme Bağlantısı	ÖMB	Zayıf	Güçlü	7-9
Meme Derinliği	MD	Derin	Sığ	5
Meme Başı Uzunluğu	MBU	Kısa	Uzun	5
Arka Meme Yüksekliği	AMY	Alçak	Yüksek	9
Meme Merkez Bağı	MMB	Zayıf	Güçlü	9

İletkenlik, süt verimi, sağım süresi ve süt akış hızı

Hayvanlara ait elektriksel iletkenlik, süt verim (test günü süt verimi) ve sağım özelliklerine (sağım süresi ve süt akış hızı) ait veriler işletmede bulunan sürü yönetim sisteminden alınmıştır.

İstatistiksel analiz

Araştırmada, elektriksel iletkenlik, süt verimi, sağım özellikleri ve meme özellikleri üzerine etki eden çevre faktörlerin (laktasyon sırası ve laktasyon dönemi) etkisinin belirlenmesinde aşağıdaki modelden yararlanılmıştır:

$$\gamma_{ijk} = \mu + \alpha_i + \sigma_j + \varepsilon_{ijk} \quad (1)$$

γ_{ijk} = i'nci laktasyon sırasındaki, j'nci laktasyon dönemindeki, k'nci ineğe ait gözlem değeri

μ = Genel ortalama

α_i = i. Laktasyon sırası (i: 1, ≥ 2)

σ_j = j. Laktasyon dönemi (j: ≤ 150 , > 150)

ε_{ijk} = Tesadüfi hata

Elektriksel iletkenlik değerlerinin süt verimi, sağım özellikleri ve meme özellikleri üzerine etkisinin belirlenmesinde aşağıdaki model kullanılmıştır:

$$\gamma_{ij} = \mu + \alpha_i + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

γ_{ijk} = i'nci elektriksel iletkenlik değerindeki, j. ineğe ait gözlem değeri

μ = Genel ortalama

α_i = i. Elektriksel iletkenlik değeri (i: < 9.01 , ≥ 9.01)

ε_{ij} = Tesadüfi hata

Veriler SPSS 17 paket programı kullanılarak analiz edilmiştir. Shapiro-Wilk ve Kolmogorov Smirnov testleri ile normallik analizleri yapılmıştır. Ayrıca varyansların homojenliği Levene testi ile belirlenmiştir. Varyans analizinde homojenitenin sağlanmadığı özelliklerin analizinde parametrik olmayan testlerden Kruskal- Wallis testinden yararlanılırken, bu verilere ait ortalamaların karşılaştırılmasında Tamhane yöntemi uygulanmıştır. Alt gruplar arasındaki farklar, Duncan Çoklu Karşılaştırma Testi kullanılarak yapılmıştır. Çalışmada grupların istatistiksel karşılaştırılmasında General Linear Model analizinden yararlanılmıştır. Ayrıca çalışmada korelasyon katsayıları hesaplanmıştır.

Bulgular ve Tartışma

Çalışmada ortalama süt elektriksel iletkenlik, TGSV, sağım süresi ve süt akış hızı sırasıyla 9.01 ± 0.05 mS/cm, 35.74 ± 0.67 kg, 5.83 ± 0.09 dk ve 2.40 ± 0.06 kg/dk olarak belirlenmiştir (Tablo 2). Bu çalışma sonucu ile benzer olarak Özhelvacı Bayar (2019) tarafından Siyah Alaca sığırlarda ortalama süt akış hızı 2.86 kg/dk ve sağım süresi 5.07 dk olarak belirlenmiştir. Neamţ ve ark. (2016) tarafından ortalama elektriksel iletkenlik değeri 8.97 ± 0.08 mS/cm olarak tespit edilmiştir. Samaraweera ve ark. (2022) ise Jersey ineklerinde ortalama süt elektriksel iletkenlik ve süt akış hızını 6.16 mS/cm ve 1.18 kg/dk belirlemişlerdir.

Laktasyon sırasının iletkenlik ($P < 0.001$), TGSV ($P = 0.001$), sağım süresi ($P = 0.004$) üzerine etkisi istatistiki olarak önemli olup, süt akış hızı laktasyon sırasından etkilenmemiştir ($P > 0.05$). En yüksek iletkenlik, TGSV ve sağım süresi ≥ 2 . laktasyon sırasında olan hayvanlarda tespit edilmiştir. Başka bir ifadeyle laktasyon sırası arttıkça ya da hayvanın yaşı ilerledikçe elektriksel iletkenlik, TGSV ve sağım süresi artmıştır. Laktasyon sırasının ilerlemesi ile birlikte TGSV'nin artmasında, ineğin yaşının ilerlemesi ile birlikte vücut ağırlığının ve gelişiminin artması ve bu duruma bağlı olarak meme dokusunun büyümesinin önemli etkisinin olduğu düşünülmektedir (Kul, 2013). Nitekim süt veriminin artışı ile birlikte ineklerde sağım süresi

de uzamıştır. Ayrıca laktasyon sırasının ilerlemesi ile elektriksel iletkenlik değerinin daha yüksek çıkmasının yaşı ilerlemesi ile birlikte artan süt verimine bağlı olarak meme dokusunun daha fazla defermasyona uğramasının önemli etkisinin olduğu söylenebilir. Bu çalışma sonucu ile benzer olarak Erdem ve ark. (2010) laktasyon sırasının TGSV ve sağım süresi üzerine etkisini önemli bulurlarken, süt akış hızı üzerine etkisini ise önemsiz bulmuşlardır. Aynı çalışmada bu çalışma sonucu ile benzer olarak laktasyon döneminin TGSV ve sağım süresi üzerine etkisi önemli bulunmuştur. Sandrucci ve ark. (2007) tarafından süt akış hızı ve sağım süresi üzerine laktasyon sırasının etkisi önemli olarak belirlenmiştir. Mijić ve ark. (2002) Siyah Alaca ineklerde laktasyon sırasının ilerlemesi ile birlikte süt akış hızının da arttığını, birinci ve ikinci laktasyonlara göre üç ve üstü laktasyonlarda daha yüksek süt akış hızının belirlendiğini bildirmişlerdir. Neamţ ve ark. (2016) tarafından elektriksel iletkenlik üzerine hem laktasyon sırası hem de de laktasyon döneminin etkisi önemli bulunmuştur.

Laktasyon döneminin TGSV ($P=0.048$) ve sağım süresi ($P=0.045$) üzerine etkisi önemli bulunurken, iletkenlik ve süt akış hızı üzerine etkisi ise istatistiki olarak önemsiz bulunmuştur ($P>0.05$). Laktasyonun erken döneminde vücut rezervlerinin mobilize olması nedeniyle NED’nde süt veriminde meydana gelen artışa bağlı olarak (Kul, 2013) sağım süresi de uzamakta, laktasyonun ilerlemesi ile birlikte ise süt verimindeki azalma sonucu olarak sağım süresi azalmaktadır. Bu çalışma sonucundan farklı olarak Lukas ve ark. (2009) laktasyon döneminin ilerlemesi ile birlikte elektriksel iletkenliği arttığını bildirilmiştir.

Tablo 2. Laktasyon sırasının ve laktasyon döneminin elektriksel iletkenlik, süt verimi ve sağım özellikleri üzerine etkileri

Table 2. Effects of parity and lactation period on electrical conductivity, milk yield and milking traits

	N	İletkenlik (mS/cm)	TGSV (kg)	Sağım Süresi (dk)	Süt Akış Hızı (kg/dk)	
Laktasyon Sırası	1	56	8.80±0.05 ^b	33.76±0.70 ^b	5.59±0.12 ^b	2.33±0.08
	≥2	48	9.27±0.09 ^a	38.04±1.13 ^a	6.11±0.13 ^a	2.47±0.10
	<i>P</i>		<0.001	0.001	0.004	0.266
Laktasyon Dönemi	≤150	56	9.01±0.07	36.83±1.01 ^b	5.99±0.13 ^b	2.40±0.09
	>150	48	9.02±0.08	34.47±0.83 ^a	5.65±0.11 ^a	2.39±0.09
	<i>P</i>		0.913	0.048	0.045	0.918
Genel	104	9.01±0.05	35.74±0.67	5.83±0.09	2.40±0.06	

a,b: Aynı sütunda farklı harfleri taşıyan grup ortalamaları arası farklar önemlidir ($P<0.05$)

TGSV: Test günü süt verimi

Laktasyon sırasının ÖMB, MD, MBU ($P<0.001$) ve AMY ($P=0.002$) üzerine etkisi istatistiki olarak önemli olup, MMB üzerine etkisi ise önemsiz bulunmuştur ($P>0.05$). En yüksek ÖMB, MD ve AMY 1. laktasyon sırasında olan ineklerde belirlenirken en yüksek MBU ≥2. laktasyondaki ineklerde tespit edilmiştir (Tablo 3). Bir başka ifadeyle ≥2. laktasyondaki inekler daha zayıf ÖMB, daha derin MD, daha alçak AMY ve daha uzun MBU’na sahiptirler. Meme özelliklerinin laktasyon sırasının ilerlemesi ile birlikte değişimi, hayvanların yaşı ilerlemesine paralel olarak, meme gelişimi ile birlikte meme kapasitesinin ve hacminin de

artması ve deformasyonlar sonucu memede meydana gelen sarkmaların bir sonucu olarak meme bağlantısının zayıflamasından kaynaklanabileceği şeklinde açıklanabilir (Kul, 2006). Görüldüğü üzere hayvanların yaşları ilerledikçe memeler sarkmakta, bağlantılar zayıflamakta ve meme başları uzamaktadır. Bu çalışma sonucu laktasyon sırasının ÖMB (Gökçe ve Göncü, 2016; Akdağ, 2019; Erkmen, 2020), MD (Gökçe ve Göncü, 2016; Yanar ve ark., 2018; Akdağ, 2019; Erkmen, 2020), MBU (Yanar ve ark., 2018; Akdağ, 2019; Erkmen, 2020), AMY (Yanar ve ark., 2018) üzerine önemli ve MMB (Yanar ve ark., 2018; Erkmen, 2020) üzerine etkisinin önemli olmadığını bildiren çalışma sonuçları ile benzerdir. Ancak MMB üzerine laktasyon sırasının etkisinin önemli, AMY üzerine önemsiz olduğunu bildiren çalışma sonuçları (Gökçe ve Göncü, 2016; Akdağ, 2019) bu çalışma sonucundan farklıdır.

Bu çalışmada tüm meme özellikleri üzerine laktasyon dönemini etkisi önemsiz bulunmuştur ($P>0.05$). Benzer olarak Kul (2006) tarafından Jersey ineklerinde yapılan çalışmada laktasyon dönemlerinin tüm meme özellikleri üzerine etkisi önemsiz bulunmuştur. Görüldüğü üzere konu üzerinde yapılan araştırma sonuçları arasındaki farklılıkların başlıca nedenleri olarak araştırmaların ırk, bölge, çevre, laktasyon sırası ve laktasyon dönemleri arasındaki farklılıklardan kaynaklandığı düşünülmektedir (Kul, 2006).

Tablo 3. Laktasyon sırası ve laktasyon döneminin meme özellikleri üzerine etkileri

Table 3. Effects of parity and lactation period on udder characteristics

		N	ÖMB	MD	MBU	AMY	MMB
Laktasyon Sırası	1	56	5.75±0.16 ^a	5.71±0.13 ^a	4.73±0.11 ^b	5.70±0.18 ^a	5.68±0.21
	≥2	48	3.75±0.16 ^b	3.58±0.13 ^b	5.40±0.13 ^a	4.71±0.24 ^b	5.19±0.29
	P		<0.001	<0.001	<0.001	0.002	0.196
Laktasyon Dönemi	≤150	56	4.89±0.22	4.70±0.20	4.93±0.12	5.36±0.20	5.40±0.24
	>150	48	4.75±0.20	4.77±0.20	5.17±0.13	5.10±0.24	5.52±0.25
	P		0.821	0.665	0.193	0.476	0.696
	Genel	104	4.83±0.15	4.73±0.14	5.04±0.09	5.24±0.15	5.46±0.17

a,b: Aynı sütunda farklı harfleri taşıyan grup ortalamaları arası farklar önemlidir ($P<0.05$)

ÖMB: Ön meme bağlantısı, MD: Meme derinliği, MBU: Meme başı uzunluğu, AMY: Arka meme yüksekliği, MMB: Meme merkez bağı

Tablo 4.4'te verildiği üzere elektriksel iletkenliğin sağım süresi üzerine etkisi istatistiki olarak önemli olup ($P=0.044$), TGSV ve süt akış üzerine etkisi önemsiz bulunmuştur ($P>0.05$). Nitekim, elektriksel iletkenlik değeri yüksek olan hayvanların (<9.01 mS/cm) daha uzun sağım süresine ($6.03±0.13$ dk) sahip olduğu tespit edilmiştir. Samaraweera ve ark. (2022) sağım süresi arttıkça patojenlerin girişinin kolaylaştığı ve sütte SHS'nın artış gösterdiği bildirilmiştir. Böylelikle bu çalışmada olduğu gibi meme sağlığı için dolaylı bir ölçüt olan süütün elektriksel iletkenliği de sağım süresinin uzamsı ile artış göstermiştir.

Elektriksel iletkenliğin ÖMB, MD ($P<0.001$) ve MBU ($P=0.004$) üzerine etkisi istatistiki olarak önemli olup, AMY ve MMB üzerine etkisi önemsiz bulunmuştur ($P>0.05$). Sonuçlardan daha zayıf ÖMB, daha derin MD ve daha uzun MBU'na sahip ineklerin daha yüksek iletkenlik değerine, bir başka ifadeyle mastitise yakalanma riskinin daha yüksek olabileceği söylenebilir. Kul (2006) yaptığı çalışmasında memenin yere olan mesafesinin azalmasına bağlı olarak

SHS'nda önemli düzeyde artışlar olduğu bildirilmiştir. Nitekim memenin yere olan mesafesinin azalması hem kirlenme ve yaralanma riskini artırmakta hem de memede meydana gelen deformasyon ve sarkmalara neden olmaktadır. Bu da meme enfeksiyonlarının ve dolayısıyla mastitis riskinin yada elektriksel iletkenlik değerinin artması anlamına gelmektedir. Sütteki düşük sodyum ve klorür ile yüksek potasyum seviyesi aktif hücre metabolizması tarafından korunur. Bakteriyel bir enfeksiyonun etkisi olarak, meme dokusu hasar görür ve sodyum ve klorür seviyeleri artar. İyon bileşimindeki bu değişiklik nedeniyle, iltihaplı çeyrekteki sütün elektriksel iletkenliği artar (Kaşıkçı ve ark., 2012; Anglart, 2021). Ilie ve ark. (2010) meme özelliklerinin dikkate alınması ile elektriksel iletkenliğin meme sağlık durumunun tespitinde doğru sonuçlar vereceği bildirilmiştir. Fernando ve ark. (1985) sütün elektriksel iletkenliğinin subklinik mastitisin bir göstergesi olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Tablo 4. Süt verimi, sağım özellikleri ve meme özellikleri üzerine elektriksel iletkenlik değerinin etkisi

Table 4. Effect of electrical conductivity value on milk yield, milking traits and udder characteristics

	N	<9.01	≥9.01	P
		57	47	
Süt Verimi ve Sağım Özellikleri	TGSV, kg	35.57±0.76	35.95±1.18	0.780
	Sağım Süresi, dk	5.67±0.12 ^b	6.03±0.13 ^a	0.044
	Süt Akış Hızı, kg/dk	2.46±0.08	2.33±0.10	0.313
Meme Özellikleri	ÖMB	5.30±0.19 ^a	4.26±0.21 ^b	<0.001
	MD	5.23±0.18 ^a	4.13±0.19 ^b	<0.001
	MBU	4.81±0.10 ^b	5.32±0.15 ^a	0.004
	AMY	5.35±0.18	5.11±0.26	0.431
	MMB	5.51±0.22	5.39±0.28	0.737

a,b: Aynı sütunda farklı harfleri taşıyan grup ortalamaları arası farklar önemlidir (P<0.05)

TGSV: Test günü süt verimi, ÖMB: Ön meme bağlantısı, MD: Meme derinliği, MBU: Meme başı uzunluğu, AMY: Arka meme yüksekliği, MMB: Meme merkez bağı

Tablo 5'te verildiği üzere, elektriksel iletkenlik değeri ile ÖMB ($r=-0.327$) ve MD ($r=-0.390$) arasında negatif yönde ($P<0.01$), MBU ($r=0.199$) ile ise pozitif yönde istatistiki olarak önemli ($P<0.05$) korelasyonlar belirlenmiştir. TGSV ile ÖMB ($r=-0.255$) ve MD ($r=-0.299$) arasında negatif yönde ($P<0.01$), MMB ($r=0.261$) ile pozitif yönde korelasyonlar tespit edilmiştir ($P<0.05$). Sağım süresi ile ÖMB ($r=-0.262$) ve MD ($r=-0.348$) arasında negatif yönde ve önemli $P<0.01$) korelasyonlar tespit edilmiştir. Süt akış hızı ile meme özellikleri arasında negatif ve pozitif yönde önemsiz korelasyonlar tespit edilmiştir ($P>0.05$). Buradan daha zayıf ÖMB ve daha derin MD'ne sahip ineklerin daha yüksek elektriksel iletkenlik, daha yüksek süt verimi ve daha uzun sağım süresine sahip olduğu söylenebilir. Ayrıca daha uzun MBU'na sahip hayvanların daha yüksek iletkenlik ve daha güçlü MMB'na sahip ineklerin daha yüksek süt verimine sahip olduğu söylenebilir. Bu çalışma sonucundan farklı olarak Tilki ve ark. (2005) ve Wiggans ve ark. (2007) sağım süresi ile MBU arasında negatif korelasyonlar belirlemişlerdir.

Tablo 5. Elektriksel iletkenlik, süt verimi, sağım özellikleri ve meme özellikleri arasındaki korelasyonlar

Table 5. Correlations between electrical conductivity, milk yield, milking traits and udder characteristics

	Meme Özellikleri					Süt Verimi ve Sağım Özellikleri		
	ÖMB	MD	MBU	AMY	MMB	TGSV	Sağım Süresi	Süt Akış Hızı
İletkenlik	-0.327**	-0.390**	0.199*	-0.100	-0.096	-0.044	0.228*	-0.155
TGSV	-0.255**	-0.299**	0.159	0.045	0.261**	-	0.289**	0.380**
Sağım Süresi	-0.262**	-0.348**	0.156	-0.100	-0.094	-	-	-0.381**
Süt Akış Hızı	-0.039	0.015	0.029	0.058	0.056	-	-	-

*: $P < 0.05$, **: $P < 0.01$, ÖMB: Ön meme bağlantısı, MD: Meme derinliği, MBU: Meme başı uzunluğu, AMY: Arka meme yüksekliği, MMB: Meme merkez bağı, TGSV: Test günü süt verimi, SS: Sağım süresi, SAH: Süt akış hızı

Çalışmada elektriksel iletkenlik ile sağım süresi arasında pozitif yönde ($r=0.228$) ve önemli ($P < 0.05$) korelasyon hesaplanmıştır. Sonuçlar sağım süresinin artışı ile birlikte süt elektriksel iletkenlik değerinin bir başka ifadeyle mastitis riskinin de arttığını göstermektedir. Yine TGSV ile sağım süresi ($r=0.289$) ve süt akış hızı ($r=0.380$) arasında pozitif yönde, sağım süresi ile süt akış hızı arasında ($r=-0.381$) ise negatif yönde korelasyonlar tespit edilmiştir. Nitekim TGSV artışı ile birlikte sağım süresi ve süt akışı artmakta, sağım süresinin uzaması ile birlikte ise süt akış hızı azalmaktadır. Bu çalışma sonucu ile benzer olarak Weiss ve ark. (2004) ve Tilki ve ark. (2005) süt verimi ve sağım süresi arasında pozitif yönde yüksek bir korelasyon belirlemişlerdir. Berry ve ark. (2004) süt verimi ile süt akış hızı arasında pozitif yönde genetik korelasyon olduğunu bildirmişlerdir. Erdem ve ark. (2010) yaptıkları çalışmalarında sağım süresi ve süt akış hızı ile süt verimi arasında pozitif korelasyonlar hesaplamışlardır. Bir başka çalışmada daha hızlı sağım yapan ineklerin daha yüksek ortalama laktasyon SHS tespit edilmiştir (Grindal ve Hillerton, 1991). Juozaitienė ve ark. (2015), daha düşük SHS'na sahip ineklerin orta veya yüksek sağım hızına sahip olduğunu belirlemişlerdir. Aydın ve ark. (2008) ise süt verimi ile sağım süresi ve süt akış hızı arasında pozitif korelasyonlar tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın sonuçlarının diğer araştırmacıların bulgularından farklılık göstermesinin temel nedenleri arasında, araştırmaların farklı sığır ırklarında gerçekleştirilmesi, örnekleme dönemlerindeki farklılıklar, puanlama yöntemlerindeki farklılıklar, araştırmacının meme özelliklerini değerlendirme biçimi ile bilgi ve deneyim düzeyi yer almaktadır (Kul, 2006).

Sonuç

Çalışmada laktasyon sırasının elektriksel iletkenlik, TGSV ve sağım süresi üzerine etkili olduğu, daha yaşlı ineklerin daha yüksek iletkenlik, süt verimi ve sağım süresine sahip olduğu tespit edilmiştir. Laktasyon döneminin ise TGSV ve sağım süresi üzerine etkisi önemli olup, laktasyon dönemi ilerledikçe süt verimi ve sağım süresinin kısaldığı belirlenmiştir. Ayrıca daha zayıf ÖMB, daha derin MD ve daha uzun MBU'na sahip ineklerin yüksek elektriksel iletkenlik değerine sahip olduğu görülmüştür. Yine daha uzun sağım süresine sahip ineklerin daha yüksek elektriksel iletkenlik yada mastitise neden olacağı söylenebilir. Sonuç olarak süt elektriksel

iletkenlik değerleri ile aralarındaki korelasyonlara bakarak daha zayıf bir ÖMB ve daha sığ bir ÖMB ile daha kısa sağım süresine sahip ineklerin daha düşük iletkenlik yada mastitis yakalanma riskine sahip olacağı söylenebilir.

Teşekkür

Bu araştırma Ayşenur BAYRAKDAR ve Harun Emirhan MENDİ'nin lisans Mezuniyet Çalışması kapsamında yapılmıştır. Ayrıca çalışmada hayvanlar ile herhangi bir temas olmadığı için Etik Kurul Onayı alınmasına gerek duyulmamıştır.

Kaynaklar

- Akdağ, M., 2019. Siyah Alaca süt sığırlarında tip özellikleri üzerine bazı sistematik çevre faktörlerinin etkisi. Yüksek Lisans Tezi, Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ.
- Anglart, D., 2021. Indicators of mastitis and milk quality in dairy cows: data, modeling, and prediction in automatic milking systems. *Acta Universitatis Agriculturae Sueciae*, (2021: 5).
- Anonymous, 2018. ICAR Guidelines for conformation recording of dairy cattle, beef cattle, dual purpose cattle and dairy goats. The Global Standard For Livestock Data. Section 5- Conformation Recording, Version June 2018, ICAR.
- Atigui, M., Brahmi, M., Hammadi, I., Marnet, P. G., Hammadi, M., 2021. Machine milkability of dromedary camels: Correlation between udder morphology and milk flow traits. *Animals*, 11(7): 2014.
- Aydin, R., Yanar, M., Güler, O., Yuksel, S., Uğur, F., Turgut, L., 2008. Study on milkability traits in Brown Swiss cows reared eastern region of Turkey. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 7(10): 1218-1222.
- Berry, D. P., Buckley, F., Dillon, P., Evans, R. D., Veerkamp, R. F., 2004. Genetic relationships among linear type traits, milk yield, body weight, fertility and somatic cell count in primiparous dairy cows. *Irish Journal of Agricultural And Food Research*, 161-176.
- Carlström, C., Strandberg, E., Johansson, K., Pettersson, G., Stålhammar, H., Philipsson, J., 2016. Genetic associations of in-line recorded milkability traits and udder conformation with udder health. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A-Animal Science*, 66(2): 84-91.
- Duru, S., 2005. Siyah Alaca sığırlarda dış görünüş özelliklerine ait parametre ve damızlık değer tahmini. Doktora Tezi, Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa.
- Düz, M., Doğan, Y. N., Doğan, İ., 2021. İnek sütlerinde somatik hücre sayısı ile süt amiloid A, elektriksel iletkenlik ve pH arasındaki ilişkiler. *KSÜ Tarım ve Doğa Dergisi*, 24(2): 457-463.
- Erdem, H., Atasever, S., Kul, E., 2010. Relationships of milkability traits to udder characteristics, milk yield and Somatic Cell Count in Jersey Cows. *Journal of Applied Animal Research*, 37(1): 43-47.

- Erkmen, R., 2020. Siyah alaca ineklerde dış görünüş özellikleri ile süt ve döl verim özellikleri arasındaki ilişkiler, Yüksek Lisans Tezi, Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kırşehir.
- Fernando, R. S., Spahr, S. L., Jaster, E. H., 1985. Comparison of electrical conductivity of milk with other indirect methods for detection of subclinical mastitis. *Journal of Dairy Science*, 68(2): 449-456.
- Grindal, R. J., Hillerton, J. E., 1991. Influence of milk flow rate on new intramammary infection in dairy cows. *Journal of Dairy Research*, 58(3): 263-268.
- Gökçe, G., Göncü, S., 2016. Entansif süt sığırcılığı ünitesinde yetiştirilen Siyah Alaca sığırların dış yapı özellikleri bakımından değerlendirilmesi. *Çukurova Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 31(1): 69-78.
- Ilie, L. I., Tudor, L., Galis, A. M., 2010. The electrical conductivity of cattle milk and the possibility of mastitis diagnosis in Romania. *Medicina Veterinara*, 43(2): 220-227.
- Inzaghi, V., Zucali, M., Thompson, P. D., Penry, J. F., Reinemann, D. J., 2021. Changes in electrical conductivity, milk production rate and milk flow rate prior to clinical mastitis confirmation. *Italian Journal of Animal Science*, 20(1): 1554-1561.
- Juozaityenė, V., Juozaitis, A., Brazauskas, A., Žymantienė, J., Žilaitis, V., Antanaitis, R., Stankevičius, R., Bobinienė, R., 2015. Investigation of electrical conductivity of milk in robotic milking system and its relationship with milk somatic cell count and other quality traits. *Journal of Measurements in Engineering*, 3(3): 63-70.
- Kaşıkcı, G., Çetin, Ö., Bingöl, E. B., Gündüz, M. C., 2012. Relations between electrical conductivity, somatic cell count, California mastitis test and some quality parameters in the diagnosis of subclinical mastitis in dairy cows. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 36(1): 49-55.
- Kul, E., 2006. Jersey sığırlarında bazı meme özellikleri ile süt verimi ve süttteki somatik hücre sayısı arasındaki ilişkiler. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.
- Kul, E., 2013. Jersey sığırlarında süt insülin benzeri büyüme faktörü-I (Igf-I) konsantrasyonu ile doğrusal puanlama özellikleri, süt somatik hücre sayısı ve verim özellikleri arasındaki ilişkiler. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.
- Kul, E., Erdem, H., Atasever, S., 2006. Süt sığırlarında farklı meme özelliklerinin mastitis ve süt somatik hücre sayısı üzerine etkileri. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 21(3): 350-356.
- Laureano, M. M. M., Bignardi, A. B., El Faro, L., Cardoso, V. L., Albuquerque, L. G. D., 2012. Genetic parameters for first lactation test-day milk flow in Holstein cows. *Animal*, 6(1): 31-35.
- Lukas, J. M., Reneau, J. K., Wallace, R., Hawkins, D., Munoz-Zanzi, C., 2009. A novel method of analyzing daily milk production and electrical conductivity to predict disease onset. *Journal of Dairy Science*, 92(12): 5964-5976.
- Marete, A., Sahana, G., Fritz, S., Lefebvre, R., Barbat, A., Lund, M. S., Boichard, D., 2018. Genome-wide association study for milking speed in French Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 101(7): 6205-6219.

- Mijić, P., Knežević, I., Domaćinović, M., Baban, M., Kralik, D., 2002. Distribution of milk flow in Holstein Friesian and Fleckvieh cows in Croatia. *Archives Animal Breeding*, 45(4): 341-348.
- Neamț, R., Ilie, D. E., Gavojdian, D., Acatincăi, S., Neciu, F., Csiszter, L., 2016. Influence of electrical conductivity, days in milk and parity on milk production and chemical composition. *Scientific Papers Animal Science and Biotechnologies*, 49(2): 128-128.
- Norberg, E., Hogeveen, H., Korsgaard, I. R., Friggens, N. C., Sloth, K., Løvendahl, P., 2004a. Electrical conductivity of milk: ability to predict mastitis status. *Journal of Dairy Science*, 87(4): 1099-1107.
- Norberg, E., Rogers, G. W., Goodling, R. C., Cooper, J. B., Madsen, P., 2004b. Genetic parameters for test-day electrical conductivity of milk for first-lactation cows from random regression models. *Journal of Dairy Science*, 87(6): 1917-1924.
- Olofsson, C., Toftaker, I., Rachah, A., Reksen, O., Kielland, C., 2024. Pathogen-specific patterns of milking traits in automatic milking systems. *Journal of Dairy Science*, 107: 6035-6051.
- Özhelvacı Bayar, N., 2019. Siyah Alaca sığırlarda sağım, meme ve süt verimi özellikleri için varyans bileşenleri ve genetik parametrelerin tahmini, Yüksek Lisans Tezi, Bursa Uludağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bursa.
- Rutten, C. J., Velthuis, A. G. J., Steeneveld, W., Hogeveen, H., 2013. Invited review: Sensors to support health management on dairy farms. *Journal of Dairy Science*, 96(4): 1928-1952.
- Samaraweera, A. M., Boerner, V., Disnaka, S., Van Der Werf, J. J., Hermes, S., 2022. Genetic associations between mastitis, milk electrical conductivity, and milk flow rate in temperate dairy cows in tropics. *Livestock Science*, 264: 105064.
- Samoré, A. B., Román-Ponce, S. I., Vacirca, F., Frigo, E., Canavesi, F., Bagnato, A., Maltecca, C., 2011. Bimodality and the genetics of milk flow traits in the Italian Holstein-Friesian breed. *Journal of Dairy Science*, 94(8): 4081-4089.
- Sandrucci, A., Tamburini, A., Bava, L., Zucali, M., 2007. Factors affecting milk flow traits in dairy cows: results of a field study. *Journal of Dairy Science*, 90(3): 1159-1167.
- Sewalem, A., Miglior, F., Kistemaker, G. J., 2011. Genetic parameters of milking temperament and milking speed in Canadian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 94(1): 512-516.
- Tančin, V., Ipema, B., Hogewerf, P., Mačuhová, J., 2006. Sources of variation in milk flow characteristics at udder and quarter levels. *Journal of Dairy Science*, 89(3): 978-988.
- Tangorra, F. M., Zaninelli, M., Costa, A., Agazzi, A., Savoini, G., 2010. Milk electrical conductivity and mastitis status in dairy goats: Results from a pilot study. *Small ruminant research*, 90(1-3): 109-113.
- Tian, H., Zhou, X., Wang, H., Xu, C., Zhao, Z., Xu, W., Deng, Z., 2024. The prediction of clinical mastitis in dairy cows based on milk yield, rumination time, and milk electrical conductivity using machine learning algorithms. *Animals*, 14(3): 427.
- Tilki, M., Çolak, M., İnal, Ş., Çağlayan, T., 2005. Effects of teat shape on milk yield and milking traits in Brown Swiss cows. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 29(2): 275-278.

- Yanar, M., Güler, O., Aydın, R., Koçyiğit, R., Diler, A., 2018. The effect of non-genetic factors on the linear type traits in Brown Swiss cows reared in Eastern Region of Turkey. *Alinteri Ziraat Bilimleri Dergisi*, 33(2): 193-200.
- Weiss, D., Weinfurter, M., Bruckmaier, R. M., 2004. Teat anatomy and its relationship with quarter and udder milk flow characteristics in dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 87(10): 3280-3289.
- Wiggans, G. R., Thornton, L. L. M., Neitzel, R. R., Gengler, N., 2007. Genetic evaluation of milking speed for Brown Swiss dairy cattle in the United States. *Journal of Dairy Science*, 90(2): 1021-1023.
- Zucali, M., Bava, L., Tamburini, A., Gislon, G., Sandrucci, A., 2021. Association between udder and quarter level indicators and milk somatic cell count in automatic milking systems. *Animals*, 11(12): 3485.
- Zwald, N. R., Weigel, K. A., Chang, Y. M., Welper, R. D., Clay, J. S., 2005. Genetic evaluation of dairy sires for milking duration using electronically recorded milking times of their daughters. *Journal of Dairy Science*, 88(3): 1192-1198.



Bioinformatic Comparisons of Some Web-based PCR Primer Design Programs

Hasan KOYUN^{1*}, M. Furkan ÜSTÜN¹

¹Van-Yüzüncü Yıl University, Agricultural Faculty, Department of Animal Science, Biometry-Genetics Unit, 65100 Van, Türkiye

Hasan KOYUN, ORCID No: [0000-0001-9424-6850](https://orcid.org/0000-0001-9424-6850), M. Furkan ÜSTÜN, ORCID No: [0009-0008-4219-070X](https://orcid.org/0009-0008-4219-070X)

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Research Article

This article was presented as an oral presentation at the 17th National Student Congress on Animal Science, May 17-19, 2024, and was awarded first place in the categories of best presentation and research project at the congress.

Received : 05.12.2024

Accepted : 17.12.2024

Keywords

Bioinformatics analysis
Primer design
Web-based PCR primers design programs

* Corresponding Author

hkoyun@yyu.edu.tr

Bioinformatics has become an indispensable tool for both basic and applied research in biotechnology in the life sciences. The polymerase chain reaction (PCR) is a laboratory method that can be used to quickly amplify a large number of identical copies of a specific DNA segment. In PCR, short synthetic DNA fragments known as primers are used to selectively amplify a specific section of the genome. For PCR to be as efficient and specific as possible, it is important to choose an effective primer sequence and use the correct concentration of primers. If the primer is not designed carefully, non-specific amplification and/or primer dimer formation may occur, which may prevent product formation. Currently, a number of different design tools are available on the internet to assist molecular geneticists in designing PCR primers under optimal conditions. In this study, out of 39 web-based PCR primer design programs, 7 accessible, freely available and widely used web-based PCR primer design programs (NCBI, Primer3, Biserach, Genscript and Primer3plus; Stitcher 2.0; and PrimerQest Tool) were compared using bioinformatics applications for genomic sequences. The advantages and disadvantages of the web-based PCR programs are discussed on the basis of the comparison results.

Web Tabanlı Bazı PCR Primer Tasarım Programlarının Biyoinformatik Karşılaştırılması

MAKALE BİLGİSİ

ÖZ

Araştırma Makalesi

Bu makale, 17-19 Mayıs 2024 tarihlerinde 17. Ulusal Zootekni Öğrenci Kongresi'nde sözlü bildiri olarak sunulmuş, kongrede en iyi sunum ve araştırma projesi dallarında 1.cilik ile ödüllendirilmiştir.

Geliş: 05.12.2024

Kabul: 17.12.2024

Biyoinformatik, yaşam bilimleri biyoteknolojisinde hem temel hem de uygulamalı araştırmalar için önemli bir araç haline gelmiştir. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR), DNA'nın belirli bir bölümünün çok sayıda özdeş kopyasını hızla çoğaltmak için kullanılan bir laboratuvar yöntemidir. PCR, genomun belirli bir bölümünü seçici olarak çoğaltmak için primer adı verilen kısa sentetik DNA parçalarını kullanır. PCR'nin mümkün olduğu kadar verimli ve spesifik olması için etkili bir primer dizisinin seçilmesi ve doğru primer konsantrasyonunun kullanılması önemlidir. Primer dikkatli bir şekilde tasarlanmadığı sürece spesifik olmayan amplifikasyon ve/veya primer dimer oluşumu meydana gelebilir ve bu durum hedeflenen PCR ürününün oluşumunu engelleyebilir. Günümüzde moleküler genetikçiler için optimum koşullarda PCR primerleri oluşturmasına yardımcı olacak çeşitli tasarım araçlarına internette kolaylıkla erişilebilir. Bu çalışmada

Anahtar Kelimeler

Biyoinformatik analiz

Primer tasarımı

Web tabanlı PCR primer tasarım programları

* Sorumlu Yazar

hkoyun@yyu.edu.tr

erişilebilir, kullanıma açık ve yaygın olarak kullanılan 39 adet web tabanlı PCR primer tasarım programlarından, 7 adet web tabanlı PCR primer tasarım programları (NCBI, Primer3, Biserach, Genscript, Primer3plus, Sticher 2.0, PrimerQest Tool) biyoinformatik tabanlı genomik dizi uygulamaları ile karşılaştırılmıştır. Karşılaştırma sonuçlarına göre web tabanlı PCR programlarının kullanım üstünlükleri ile olumsuz yanları tartışılmıştır.

Introduction

Due to the remarkable advancements in biological sciences during the last century, a substantial volume of genetic data has been amassed. Simultaneously, the emergence of the computer era has facilitated the processing of genetic data in a manner congruent with contemporary standards. Consequently, bioinformatics is an interdisciplinary field that integrates computational programs with established scientific disciplines such as mathematics, statistics, molecular genetics, physics, chemistry, biochemistry, and biology, facilitating the storage and analysis of extensive genetic data to elucidate the convergence of biology and computer science.

As an approach, Bioinformatics, was initially formulated by Pauling and Corey in the 1950s to examine the secondary structures of proteins, while the field of bioinformatics commenced with the publication of the inaugural article on molecular graphics created using computer programs in Scientific American in 1966. Today, the term bioinformatics is supported by many software programs and is widely used. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) is one of the few methods established in 1988 for the analysis and interpretation of complex data. In October 1990, the "Human Genome Project" (HGP), one of the most important projects in this field, made significant contributions to the advancement of bioinformatics with its emergence. At the same time, bioinformatics science provides ease of analysis to the user with various informatics, mathematical, statistical models such as artificial intelligence models, internet-based uses, and different programming strategies. For this reason, while the development of genetics science is progressing rapidly, it will also increase and expand its intersections and common work areas with different branches of science in the near future, thus this natural intersection will develop an interdisciplinary approach and have an important share in its progress. This shows that bioinformatics science is one of the keys to science in the near future (Andrade and Sander, 1997; Collins et al., 2003).

Bioinformatics is primarily used to analyze the structures and functions of RNA, DNA, and amino acids or protein sequences. This includes areas such as pharmacology, the treatment of genetic diseases, genome analysis, and the development of vaccines. Bioinformatics uses a variety of techniques to carry out all associated research work. In relation to genetics and genomics, bioinformatics refers to the use of computer technology to capture, store, analyze and disseminate biological data. To improve our understanding of health and disease, and in some cases to provide medical care or improve the traits of farm animals, scientists use databases to organize and index biological information. (Sahu et al., 2024)

The most important of these instruments are the databases. These databases can independently store considerable amounts of genetic information and at the same time make

this data available to the user for analysis. The use of biological databases such as sequence databases and portals such as GenBank, the UCSC Genome Browser and Ensembl plays a crucial role in bioinformatics. This allows scientists to access a wide range of biologically relevant data, including genomic sequences of an increasingly broad range of organisms. In addition, there are databases for model organisms such as WormBase, Arabidopsis Information Resource (TAIR) and Mouse Genome Informatics (MGI) as well as databases that do not focus on sequences, e.g. Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM), Protein Data Bank (PDB), MetaCyc and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) (Baxevanis and Bateman, 2015).

PCR is a widely used biotechnological technique for the enzymatic replication or amplification of a specific region between two known DNA segments. This technical approach was first discovered by Kjell Klape. Later, in 1985, Kary Mullis introduced polymerase chain reaction technology using the heat-resistant TAQ polymerase. PCR, which involves more than one method, has many advantages, including easy amplification of DNA, examination of regions coding for amino acids, quantitative yield (QTL and diseases, etc.), analysis and interpretation of loci. It is currently used in various fields such as molecular genetics, medical and pharmaceutical sciences, the detection of hereditary diseases, animal sciences, and archeology. (Rose, 1991; Desquesnes et al., 2002; Al-Samarai and Al-Kazaz 2015; Kaunitz, 2015).

In addition, the efficiency and sensitivity of PCR tests depend largely on the correct design of the primers. These depend on several important parameters. These are: a) %GC ratio and primer melting temperature (T_m); b) primer length, which are the most critical points for PCR success. As a result of incorrect or incomplete adaptations, a poorly designed primer can be so dominant that it prevents product formation. For this reason, errors in the primers in question can lead to a PCR reaction that does not work. Non-specific primer formation can lead to low or no product yield in PCR, which has various consequences. Therefore, it is important to consider the above primer phases throughout the design process. Further detailed information on this topic can be found in the relevant publications (Yang et al., 2004).

The G/C ratio indicates how high the proportion of G/C is in the DNA. For a strong primer design, an ideal G/C ratio should therefore be present in the DNA. For efficient annealing, the G/C ratio should be kept at 40–55 %. The correct matching of the T_m values with the G/C ratio determines the specificity of the primer pairs. This is because under conditions that depend on a high T_m temperature, a low primer content can lead to no or incorrect results. Conversely, no specific result can be achieved at a low T_m temperature. For this reason, the correct matching of T_m temperature and G/C content is directly proportional to the specificity of the product and is very important. Therefore, the T_m temperature of primers with an ideal length of 15-25 nucleotides can be calculated using the formula “ $2*(nA+nT) + 4*(nG+nC)$ ”, also known as Wallace's rule, and the T_m temperature corresponding to the G/C content can be determined (Dieffenbach et al., 1993; Benita et al., 2003; Ruijter et al., 2009; Svec et al., 2015).

Besides, annealing specificity and specific primer content are not completely effective, but depend on primer length. Therefore, for a successful PCR, an appropriate primer length should be selected. Primers with a length of 18-24 nucleotides (nt) can show good working

properties during PCR in terms of specificity and cause the least problems. The reason for this is that primers shorter than 18 nt may not bind completely to the DNA and/or in some cases bind to the wrong loci due to their short length. However, if the primers are longer than 24 nt, the primer may bind to its own sequence instead of the DNA sequence due to the length of the designed sequence. As the temperature required for binding increases at the same time, PCR efficiency may decrease. For this reason, this can prevent the formation of sufficient product during PCR and reduce the success rate of the PCR. Therefore, primers with a minimum length of 18 base pairs should be selected for the proper operation of PCR and optimization of the appropriate T_m temperature (Dieffenbach et al., 1993 and Obradovic et al., 2013).

As far as web-based PCR applications are concerned, they occupy a very important place in bioinformatics science as they store, process, and interpret large amounts of genetic data. In particular, web-based software allows researchers to perform analyzes outside the laboratory as they are accessible via internet browsers from any computer or device. At the same time, they help researchers to use the programs without complex programming knowledge by providing different and easy-to-use interfaces. These software programs are constantly updated so that researchers have access to the latest functions. Similarly, web-based platforms can also store data in the cloud and make it available for sharing so that multiple users can access the same data. Cloud-based web services offer fast and powerful computing capabilities, often for large amounts of data, and bring significant benefits in analyzing large amounts of stored data sets and applying complex algorithms and interpreting their results. Finally, web-based programs can be easily integrated with other databases, tools, and services, making it easier to merge data from different sources. Since these programs usually support multiple users, it is possible to continuously develop the data and programs and offer new interfaces based on user feedback. As a result, there are numerous web-based software programs in the field of bioinformatics that have become an important tool for researchers to analyze genetic data, interpret the results, and publish their work (Ryan et al., 2008 and You et al., 2008).

Considering all these factors mentioned above, the aim of this study was to identify the system requirements of web-based bioinformatics programs for the design of PCR primers that are commonly used today. Another aim was to provide guidance to users by discussing the advantages and disadvantages of the web-based PCR programs based on the results of the bioinformatics comparisons.

Materials and Methods

Program running conditions

Two different customization methods were applied to the operation of the systems. Since the settings of the programs are unique for each system, we first used the internal settings of the program, i.e. the default settings, and then loaded the parameters (modified) we had previously defined into the program to optimize it for the system.

Primer length, the GC content and Melting temperature (T_m)

In this study, the primer length was chosen in the range of 15-20-25 nt to achieve optimal results for primer design programs and to obtain successful results in PCR. In addition, the ideal G/C ratio for a given primer design in the range of "20-35-50%" and the T_m temperature in the

range of "52-55-58 °C" were selected as appropriate for the G/C content according to Wallace's rule and the programs were run with these settings.

PCR Yield

The ideal working range for sequences in primer design programs is usually between 300 and 500 bp, but since the goal is to systematically challenge the programs, a 150-200 bp long amino acid coding (CDS) locus sequence of a preselected gene to be used in the study is loaded into all programs to be used in the study.

Gene (Leptin)

In view of the required parameters, the leptin gene was considered suitable for the primer design in the study carried out with reference to the NCBI "National Center for Biotechnology Information," both with regard to primer quantitative properties and because it contains the corresponding locus range.

The leptin gene is a potential protein and candidate gene that is secreted from the adipose region of the skin and plays a role in the growth and metabolism of cattle, affecting immune system functionality and muscle fattening, carcass characteristics, meat quality, milk quantity, and composition. Leptin is a gene with a total length of 16,751 base pairs, 2 exons, and 3 introns and the NCBI reference code: NC_037331.1. The selected locus region was chosen from the first exon region, which is 12,104-12,247, with a length of 143 base pairs (bp), and the analyzes were performed according to the settings contained in these parameters (Fitzsimmons et al., 1998; Leifers et al., 2005; Wylie, 2011).

Sequence analysis

The sequences loaded into the system for the primer design were then executed with the default settings of the programs. The data obtained were saved to limit the range of settings of the system, to force the programs, and to compare the results obtained with variable parameters. To systematically test the primer design programs, the previously determined system settings were adjusted to the programs, and the primer design program was run again, comparing the variable parameters obtained with the recorded data. Finally, using the comparative data obtained from the analysis results in both ways, web programs that are systematically suitable for primer design were determined.

Results

Parameters given above were operated by narrowing the range of settings and adjusting the subjective settings to the systems so that the systems could make more original designs. The default settings of the programs vary from system to system, and these parameters are available in the address links of the programs given in the table, and the subjective settings were loaded the gene sequences along with modifying parameters equally into each program.

Moreover, each program uses the web working order, and there are different and more than one programming language in the programs used. For this reason, it is thought that the working range of the systems is affected depending on the density of these programming languages in the results obtained. It was found that 5 of the programs that execute functions

work with JavaScript and 2 of them work with the programming languages PHP (Hypertext Preprocessor) and ASP (Active Server Pages Developer) (Table 1).

Based on the program running parameters (G/C ratio: 20-35-50; primer melting temperature (T_m): 52-55-58 °C; primer length: 15-20-25 nt), only 7 of the 39 previously selected web-based PCR primer design programs were able to obtain primers in different time units using the parameters determined in this study (primer length, GC content and melting temperature (T_m) and PCR yields).

Table 1 shows the results corresponding to the leptin gene sequences entered into the web-based PCR primer design programs.

Table 1. Results from liner design programs

Tablo 1. Primer tasarım programlarından elde edilen sonuçlar

Web-based PCR Primer Designing Programs	Program Language	Primer T _m (°C)	GC Content (%)	Product Size (bp)	Time (min-sec)
NCBI (Anonymous, 2024a)	php,asp	59.40/59.48	55.00/43.48	95	4m30s
	javascript	55.76/55.62	47.62/45.00	71	3m04s
Primer3 (Anonymous, 2024b)	php, java	58.59/59.78	55.00/45.45	144	1s
		55.53/54.83	45.00/45.00	118	1s
Bisearch (Anonymous, 2024c)	javascript	60.30/60.80	50.00/47.60	69	1.1s
		53.2/53.4	43.8/41.2	84	1.2s
Genscript (Anonymous, 2024ç)	javascript	59.59/59.21	-	100	1.5s
		55.17/55.02	-	119	1.6s
Primer3 Plus (Anonymous, 2024d)	javascript	59.90/59.60	63.20/45.50	101	0.6s
		55.50/55.00	45.00/45.00	109	0.7s
Stitcher 2.0 (Anonymous, 2024e)	Javascript,	55.27/57.86	42.11/45.00	-	1.92s
		56.91/57.51	42.11/42.11	-	0.90s
PrimerQest Tool (Anonymous, 2024f)	php, asp.net	60.00/60.00	47.60/42.90	108	1.91s
		55.00/55.00	44.40/44.40	101	3.60s

The data shown in red include the results of designs made with subjective settings, while the data shown in blue show the results of designs made with default settings belonging to the systems (minute (m), second (s)).

Although Primer3 Plus (0.6s / 0.7s) and Primer3 (1s/ 1s) had the fastest response time for primer design for both default and modified parameters, NCBI (4m30s / 3.04s) was the most time-consuming program (Table 1). It was also found that 32 of the 39 programs did not work or were not functional. Table 2 shows the other thirty-two web-based PCR primer design programs that did not executed and the explanations for their failure.

Discussion

In this study, of 7 web-based PCR primer design programs, Primer3 Plus (0.6s / 0.7s) and Primer3 (1s / 1s) achieved the fastest response time, while NCBI (4m30s / 3.04s) was the most time-consuming program. for the other programs, the order of speed was found to be Bisearch (1.1s / 1.2s), Genscript (1.5s / 1.6s), Stitcher 2.0 (1.92s / 0.9s) and PrimerQest Tool (1.91s / 3.6s) (Table 1.).

Primer3 and Primer3Plus are programs with simple interfaces and very fast primer design. In addition, it is one of the fastest programs in terms of time (min) and at the same time

shows very stable and design-compliant data for the precursor parameters. At the same time, the Primer3Plus program allows the user to instruct the NCBI program to perform BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) at the end of the primer design. Besides, The NCBI program enables the design of primers and also provides detailed information on genes at three levels (GenBank, Fasta, Graphics). In addition, it has a very large data set and enables the comparison of nucleic acid and protein-based sequences with BLAST. At the end of the study, the T_m temperature and G/C ratio in the precursor parameters were found to be ideal and suitable for PCR. The reason why the time (min) required is higher than other programs is probably due to the intensive use of the software languages used, the inclusion of more than one application and the wide distribution.

Although the Biserach program offers a simple interface and ease of use, it has been found to contain less data in terms of parametrics than other programs. In addition, there are differences between the primers and the precursor parameters at the end of the design. In addition, the programs Genscript and Stitcher 2.0 have a new interface and deliver fast results. However, they provide missing precursor parameters at the end of the design. In Genscript this is the G/C content. This parameter is a very important precursor for the PCR, so its absence can negatively influence the success of the PCR. In the Stitcher 2.0 program, the product size is not indicated at the end of the design. This gives us incomplete information about the quantity of the product obtained, which seems to have a negative impact on the chances of success. The PrimerQest Tool program has a new and improved interface. It is also a program that can provide quite adequate and ideal results in terms of preliminary parameters and can be quite fast in terms of time (min).

Furthermore, for the primer design, 39 primer design programs were selected, but it was found that 32 of the programs did not work during the design. Anonymous (2024ö) and Abd-Elsalam (2003) provided the web addresses of the 32 programs in question, and commented on whether they functioned optimally. However, in this study, after 21 years, 32 programs were found to be either not currently working or not being operated. For this reason, the reasons for the non-functioning of the programs and/or their shortcomings are listed in Table 2.

Conclusion

Genetics, which has made incredibly rapid progress over the last century, has generated a huge amount of data. For this reason, bioinformatics occupies a very important place in the processing, storage, interpretation, and presentation of genetic data to the users.

For primer designs to give effective results in PCR, the necessary criteria must always be considered. These variable criteria play an important role in obtaining unique primers for primer design and PCR to achieve effective results in bioinformatics analysis programs. To achieve an optimal primer design, 39 web-based PCR software programs from the Internet were used in this study to determine the strategies and accuracy of the programs. Based on the results, it can be said that the NCBI program, which initially provides the user with all current information on the genes and displays the homology rates at the end of the design, requires more time than other programs (min). However, the NCBI program is one of the programs suitable for primer design because it can perform BLAST and provides the user with up-to-date information about the candidate gene. Moreover, The Primer3Plus and PrimerQuest Tool

programs are suitable programs for primer design and are recommended to other users as they provide fast design results, have a simple and ergonomic user interface and also provide ideal parametric data for PCR success, more conveniently than other programs. In addition, 32 programs seem to work on the Internet, but it was found in this study that they do not work for various reasons. The reasons are explained in detail in Table 2. Thus, with the results obtained, this study also provides the current information on whether these programs work or not.

Acknowledgments

We would like to thank Dr. Hasan ÇELİKYÜREK of Van-Yuzuncu Yil University for giving us his valuable time for this study and sharing his interest and expertise with us.

Ethical approval

No ethical documentation was required in this study. As this study is a bioinformatic research, no living being (human, animal, etc.) was used as material.

Table 2. Non-operating liner design programs and their causes

Tablo 2. Çalışmayan primer tasarım programları ve nedenleri

Primer Programmes and web addresses	Explanation
MFEprimer	The site appears to be active. However, it takes 10-12 hours for the design to be finalized (Anonymous, 2024g).
dnaMATE	The site appears to be active, but the interface is not sufficient and up-to-date. Therefore, it has a complex structure for the user (Anonymous, 2024ğ).
TaxMan	The site is known as a free Primer design program. However, it does not design, it only gives BLAST results of the designed primers (Anonymous, 2024h).
Mongo Oligo Mass Calculator V2.06	The site appears to be free and active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Anonymous, 2024ö).
Primer Desinger 4	The system appears to be active. However, it is not working and is an invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
Primaclade	The system appears to be active. However, it is out of use and not working (Anonymous, 2024ö).
AMUSER	The system is active. However, it does not meet the criteria required for liner design (Anonymous, 2024ı).
The PCR Suite	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
Overlapping Primers	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
Genomic Primers	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
SNP Primers	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
cDNA Primers	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
Protein to DNA reverse translation	The site is active but does not meet the necessary setting criteria for the liner design. Also, the interface is inadequate (Anonymous, 2024i).
Overlapping Primersets	The system appears active but does not design a liner and gives a system error (Anonymous, 2024ö).
Primerize	The system is active and working. However, it does not have the necessary setting parameters for the liner design. For this reason, the specificity of the design may be insufficient (Anonymous, 2024j).
OligoWalk	The system appears to be active. However, it is an invalid page and is out of use (Anonymous, 2024ö).
VIRsiRNApred	The system is actively working. However, it does not contain the necessary setting parameters for the liner design. For this reason, the specificity of the design may be insufficient (Anonymous, 2024k).
pssRNAit	The system is actively working. However, it does not contain the necessary setting parameters for the liner design. For this reason, the specificity of the design may be insufficient (Anonymous, 2024l).
PCR Primer Desing	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
siDRM	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Anonymous, 2024ö).
PCR Primer Design Tool	The site appears to be active and includes sufficient design criteria. However, the design takes 10-12 hours to complete (Anonymous, 2024m).
Web Primer	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
Primerx	The system is actively working. However, it does not contain the necessary setting parameters for liner design (Anonymous, 2024n).
PCR Desinger	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
DoPrimer	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
Primer Selection	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
The primer Genetor	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
OligoEvaluator	The site is active but does not contain the necessary setting criteria for the liner design. Therefore, it may negatively affect the specificity of the design (Anonymous, 2024o).
Array Desinger 2	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
GenomPRİDE 1.0	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
Primer Premier	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).
PrimerDesing	The system appears to be active. However, it is an out of use and invalid page. The server is not visible (Abd-Elsalam, 2003).

References

- Abd-Elsalam, K.A., 2003. Bioinformatic tools and guideline for PCR primer desing. *African Journal of Biotechnology*. 2(5):91-95.
- Al-Samarai, F.R., Al-Kazaz, A.A., 2015. Applications of Molecular Markers in Animal Breeding: A review. *American Journal of Applied Scientific Research*, 1(1): 1-5.
- Andrade, M.A., Sander, C., 1997. Bioinformatics: from genome data to biological knowledge. *Current Opinion in Biotechnology*. 8(6): 675-683.
- Anonymous, (2024a). National Library of Medicine (NCBI). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024b). Primer3web. <https://primer3.ut.ee>. Access date:10.05.2024.
- Anonymous, (2024c). Bisearch. <http://bisearch.enzim.hu/?m=search>. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024ç). Genscript. <https://www.genscript.com/tools/real-time-pcr-taqman-primer-design-tool?src=pullmenu>. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024d). Primer3Plus. <https://www.primer3plus.com/index.html>. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024e). Stitcher 2.0. http://www.ohalloranlab.net/STITCHER_2_0/index.html. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024f). PrimerQuest™ Tool. <https://www.idtdna.com/pages/tools/primerquest>. Access date: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024g). MFEprimer^{3.1}. <https://mfepimer3.igenetech.com/spec>. Access date:: 10.05.2024.
- Anonymous, (2024ğ). dnaMATE_{v1.0}. <http://melolab.org/dnaMATE/>. Access date:: 11.05.2024.
- Anonymous. (2024h). TaxMan. <https://www.ibi.vu.nl/programs/taxmanwww/>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024ı). Amuser1.0. <https://services.healthtech.dtu.dk/services/AMUSER-1.0/>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024i). Protein to DNA reverse translation. http://www.biophp.org/minitools/protein_to_dna/demo.php. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024j). Primerize. https://primerize.stanford.edu/design_1d/. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024k). VIRsiRNAPred. <http://crdd.osdd.net/servers/virsirnapred/>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024l). pssRNAit. <https://www.zhaolab.org/pssRNAit/>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024m). PCR Primer Design Tool. <https://eurofinsgenomics.eu/en/ecom/tools/pcr-primer-design/>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024n). Primerx. http://www.bioinformatics.org/primerx/cgi-bin/DNA_1.cgi. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024o). OligoEvaluator. <http://www.oligoevaluator.com/LoginServlet>. Access date: 11.05.2024.
- Anonymous, (2024ö). Design pcr primers. <https://molbiol-tools.ca/PCR.htm>. Access date: 11.05.2024.
- Baxevanis, A.D., Bateman, A., 2015. The importance of biological databases in biological discovery. *Current protocols in bioinformatics*. 50(1): 1-1.
- Benita, Y., Oosting, R.S., Lok, M.C., Wise, M.J., Humphery-Smith, I., 2003. Regionalized GC content of template DNA as a predictor of PCR success. *Nucleic acids research*. 31(16): e99.

- Collins, F.S., Morgan, M., Patrinos., 2003 A. The human genome project: lessons from large scale biology. *Science*. 300(5617): 286-290.
- Desquesnes, M., Dávila, A.M., 2002. Applications of PCR-based tools for detection and identification of animal trypanosomes: a review and perspectives. *Vet Parasitol*. 109(3-4): 213-31.
- Dieffenbach, C.W., Lowe, T.M., Dveksler, G.S., 1993. General concepts for PCR primer design. *PCR methods appl*. 3(3): S30-S37.
- Fitzsimmons, C.J., Schmutz, S.M., Bergen, R.D., McKinnon, J.J., 1998. A potential association between the BM 1500 microsatellite and fat deposition in beef cattle. *Mammalian Genome*. 9: 432-434.
- Kaunitz, J.D., 2015. The discovery of PCR: ProCuRement of divine power. *Digestive diseases and sciences*, 60(8): 2230-2231.
- Leifers, S.C., Veerkamp, R.F., Te Pas, M.F.W., Chilliard, Y., Van der Lende, T. 2005. Genetics and Physiology of leptin in periparturient dairy cows. *Domestic Animal Endocrinology* 29: 227-238.
- Obradovic, J., Jurisic, V., Tomic, N., Mrdjanovic, J., Perin, B., Pavlovic, S., Djordjevic, N., 2013. Optimization of PCR conditions for amplification of GC-Rich EGFR promoter sequence. *J Clin Lab Anal*. 27(6):487-93.
- Rose, E.A., 1991. Applications of the polymerase chain reaction to genome analysis. *The FASEB journal*, 5(1): 46-54.
- Ruijter, J.M., Ramakers, C., Hoogaars, W.M., Karlen, Y., Bakker, O., van den Hoff, M.J., Moorman, A.F., 2009. Amplification efficiency: linking baseline and bias in the analysis of quantitative PCR data. *Nucleic Acids Res*. 37(6): e45.
- Ryan, M.C., Zeeberg, B.R., Caplen, N.J., Cleland, J.A., Kahn, A.B., Liu, H., Weinstein, J.N., 2008. SpliceCenter: a suite of web-based bioinformatic applications for evaluating the impact of alternative splicing on RT-PCR, RNAi, microarray, and peptide-based studies. *BMC bioinformatics*, 9: 1-12.
- Sahu, S., Supriya, P., Sharma, S., Shiv, A., Singh, D.B., 2024. Role of bioinformatics in genome analysis. In *Integrative Omics* (pp. 187-199). Academic Press.
- Svec, D., Tichopad, A., Novosadova, V., Pfaffl, M.W., Kubista, M., 2015. How good is a PCR efficiency estimate: Recommendations for precise and robust qPCR efficiency assessments. *Biomolecular detection and quantification*. 3: 9-16.
- Yang, S., Rothman, R.E., 2004. PCR-based diagnostics for infectious diseases: uses, limitations, and future applications in acute-care settings. *The Lancet infectious diseases*. 4(6): 337-348.
- You, F.M., Huo, N., Gu, Y.Q., Luo, M.C., Ma, Y., Hane, D., Iazo, G.R., Dvorak, J., Anderson, O. D., 2008. BatchPrimer3: a high throughput web application for PCR and sequencing primer design. *BMC bioinformatics*. 9: 1-13.
- Wylie, A.R.G., 2011. Leptin in farm animals: where are we and where can we go?. *Animal*. 5(2): 246-267.



Comparison of Chemical, Nutritional and Fatty Acid Composition of Organic and Conventional Milk Manufactured in Türkiye

Selma BÜYÜKKILIÇ BEYZİ*

Erciyes University, Faculty of Agriculture, Department of Animal Science, 38039 Kayseri, Türkiye

Selma BÜYÜKKILIÇ BEYZİ, ORCID No: [0000-0002-4622-0645](https://orcid.org/0000-0002-4622-0645)

ARTICLE INFO

Research Article

Some data in the study presented at the congress of "5th International Eurasian Congress on Natural Nutrition, Healthy Life & Sport, 02-06 October 2019, Ankara-Turkey".

Received : 24.10.2024

Accepted : 23.12.2024

Keywords

Organic and conventional milk
Cholesterol
PUFA
CLA
SFA

* Sorumlu Yazar

sbuyukkilic@erciyes.edu.tr

ABSTRACT

Due to its polyunsaturated fatty acids (PUFA) and conjugated linoleic acid (CLA), milk plays a significant role in human nutrition. The purpose of this study was to ascertain the fatty acid composition of milk samples that were both conventional and organic. The commercial milk products were bought from several shops in the Türkiye city of Kayseri. From various retail establishments in the city, three different brands and three different lots within a brand were acquired. The t-test was used to assess the data. C14:0, C16:0, C18:0, and C18:1 fatty acids were the main ones found in milk. Organic milk showed a higher PUFA, but also lower levels of monounsaturated fatty acids (MUFA) and higher levels of saturated fatty acids (SFA). There was no difference between conventional and organic milk CLA concentration. Excess cholesterol in the diet has been increasingly acknowledged to cause atherosclerosis in recent years. As a result, dairy products with low cholesterol are more popular and advised. This study measured the fat and cholesterol content of conventional and organic milks. The percentage of milk fat in the conventional and organic samples was 3.34% and 2.73%, respectively. Organic and conventional milk had cholesterol ratios of 207.1 and 452.0 mg/100 g, respectively. The conventional and organic milk samples had 4% fat-corrected cholesterol concentrations of 303.5 and 541.28 mg/100g, respectively. Consequently, organic milk had a decreased cholesterol level ($P < 0.01$).

Türkiye'de Üretilen Organik ve Konvansiyonel Sütün Kimyasal, Besinsel ve Yağ Asidi kompozisyonunun Karşılaştırılması

MAKALE BİLGİSİ

Araştırma Makalesi

Bu çalışmadaki bazı veriler "5th International Eurasian Congress on Natural Nutrition, Healthy Life & Sport, 02-06 October 2019, Ankara-Turkey" kongresinde sunulmuştur.

Geliş: 24.10.2024

Kabul: 23.12.2024

ÖZ

Süt, içeriğindeki konjuge linoleik asit (CLA) ve çoklu doymamış yağ asitleri (PUFA) nedeniyle insan beslenmesinde önemli bir rol oynar. Bu çalışmanın amacı hem geleneksel hem de organik olarak üretilen süt örneklerinin yağ asidi kompozisyonunu belirlemektir. Süt ürünleri, Türkiye'nin Kayseri şehrindeki çeşitli dükkanlardan satın alındı. Şehirdeki çeşitli perakende işletmelerinden, üç farklı marka ve bir marka içinde üç farklı partiden elde edildi. Verileri değerlendirmek için t-testi kullanıldı. Sütte bulunan başlıca yağ asitleri C16:0, C18:0, C14:0, ve C18:1'di. Geleneksel sülle karşılaştırıldığında, organik süt daha yüksek oranda çoklu doymamış yağ asidi (PUFA) gösterdi, ancak aynı

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Büyükkılıç Beyzi, S., 2024. Comparison of chemical, nutritional and fatty acid composition of organic and conventional milk manufactured in Türkiye, Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):145-152. DOI: [10.51970/jasp.1567907](https://doi.org/10.51970/jasp.1567907)

Anahtar Kelimeler	zamanda daha yüksek seviyelerde doymuş yağ asidi (SFA) ve daha düşük seviyelerde tekli doymamış yağ asidi (MUFA) gösterdi. CLA ile geleneksel ve organik süt arasında bir fark görülmedi. Diyetteki aşırı kolesterolün son yıllarda giderek daha fazla ateroskleroza neden olduğu kabul edilmektedir. Sonuç olarak, düşük kolesterolü süt ürünleri daha popüler ve tavsiye edilmektedir. Bu çalışmada, geleneksel ve organik sütlerin yağ ve kolesterol içeriği ölçülmüştür. Geleneksel ve organik örneklerdeki süt yağı yüzdesi sırasıyla %3,34 ve %2,73'tür. Organik ve geleneksel sütün kolesterol oranları sırasıyla 207,1 ve 452,0 mg/100 g'dır. Organik ve geleneksel süt örneklerinin %4 yağ düzeltilmiş kolesterol seviyeleri sırasıyla 303,5 ve 541,28 mg/100 g'dır. Organik sütün kolesterol seviyesi daha düşük tespit edilmiştir (P <0,01).
Organik ve konvansiyonel süt Kolesterol PUFA CLA SFA	
* Corresponding Author	
sbuyukkilic@erciyes.edu.tr	

Introduction

Cow's milk comprises several fatty acids, including those potentially advantageous to human health, such as polyunsaturated fatty acids (PUFA) omega-3, and conjugated linoleic acid (CLA) (Jensen, 2002). Augmenting dietary intake of PUFA is believed to be advantageous in mitigating cardiovascular disease (Hu and Willett, 2002). Moreover, in vitro research indicates that dietary CLA offers protection against cancer (Ip et al. 1991) and is linked to antiatherogenic and antiobesity properties (Whigham et al. 2000). The milk fatty acid profile can be affected by numerous circumstances. The primary factors are species, season, ration composition, grazing, roughage proportion, and fat sources utilized in the ration (Ellis et al., 2006). Research indicates that including alfalfa as roughage in the diet enhances the milk fatty acid profile (Dewhurst et al., 2003). It is shown that farms producing organic milk predominantly utilize roughage for feeding. Cholesterol is a lipid synthesized by the liver and ingested via animal-derived food, including meat, eggs, fish, and dairy. Cholesterol in the body facilitates nerve insulation and the formation of cell membranes. However, it is generated in sufficient amounts by the body, thus extra supplementation is unnecessary. Nonetheless, cholesterol is crucial for cardiovascular health. Cholesterol is classified as both beneficial and detrimental. While low-density lipoprotein (LDL) is regarded as detrimental cholesterol, high-density lipoprotein (HDL) is seen as good cholesterol. Human cardiovascular illnesses, such as coronary heart disease and stroke, are significantly increased by elevated serum cholesterol levels (Tabas, 2002). Excess cholesterol in the bloodstream can lead to the formation of plaque, a dense and rigid deposit, on artery walls. A buildup of cholesterol or atherosclerosis causes the arteries to thicken, harden, and lose their flexibility, which hinders and occasionally blocks the heart's blood flow. Chest pain may be the result of blocked blood flow. When the heart's blood supply is severely restricted, a clot totally stops circulation, a heart attack happens (Ma, 2004). Consequently, it is imperative to diminish dietary cholesterol intake. The quantity of research determining the chemical and fatty acid composition, and cholesterol levels in milk samples from organic and conventional sources in our nation is significantly restricted. This study aims to ascertain the chemical composition, fatty acid profile, and cholesterol levels in milk samples sourced from both organic and conventional packaged products available for purchase.

Materials and Methods

Preparation of milk samples

The research included 18 milk samples from various commercial milk products acquired from diverse retailers in Kayseri, Türkiye. Three separate brands and three unique lots from each brand were obtained from various retail outlets within the city.

Chemical analysis

The dry matter content was determined using oven drying in a laboratory oven at 105 °C for 24 hours (AOAC, 1984). The total protein was calculated using a total nitrogen factor of 6.38. The extraction of milk fat was conducted utilizing the Gerber method (James, 1995). The crude ash was determined by subjecting the samples to dry ashing in a muffle furnace at 550 °C for 24 hours (AOAC, 1984). All samples completed triple testing, and the procedure was repeated as required.

Cholesterol analysis

The cholesterol levels were determined by Fletouris et al. (1998) procedure. In a flask, 20 mg of the reference standard was dissolved in hexane to prepare the stock solution (2 mg/ml) and working solutions ranging from 10 to 100 mg/ml were prepared by appropriately diluting aliquots of the stock solution with hexane. A fused silica capillary column (60 m, 0.25 mm) were used. The oven temperature was set to 285 °C, the flame ionization detector to 300 °C and the injection port to 300 °C. The airflow rate was 300 ml/min, hydrogen was 30 ml/min, and helium was 2 ml/min. One milliliter was administered, and the split ratio was 20:1.

Five milliliters of methanolic KOH solution were introduced to a 0.2-g milk sample, which had been weighed and positioned in a sample preparation tube. Upon properly sealing the tube, the contents were vortexed for fifteen seconds. The tube was immersed in a water bath (80 °C) for 15 minutes, with every 5 minutes removed to vortex for 10 seconds. Arranging several tubes within a wire basket would facilitate their handling. Subsequent to heating, the tube was permitted to cool using tap water, after which 1 ml of water and 5 ml of hexane were introduced. The contents were subsequently agitated vigorously for 1 minute, centrifuged at 2000 × g for 1 minute, and then extracted. In preparation for GC analysis, the upper phase was transferred into vial and then the GC's autosampler (Fletouris et al., 1998).

One milliliter of each standard solution was injected, and the measured peak area was graphed against the mass of the injected analyte to construct a calibration curve. The slope, intercept, and least squares fit of the standard curve were computed. The analyte mass in the injected 1 ml of unknown sample extracts was determined using the slope and intercept from the calibration curve data. The milk samples cholesterol concentration (milligrams per 100 g) in the analyzed samples was calculated as equation $C = M \times V \times 2.5$. M represents the analyte in the injected extract (1 ml) computed mass (nanograms), whereas V; the relevant dilution factor (Fletouris et al., 1998).

Fatty acid analysis

Folch et al. (1957) were employed to extract lipids from 5 g of milk samples using 100 ml of a chloroform-methanol solvent (2:1, v/v). One milliliter aliquots of the extracts were dried in triplicate in a water bath at 50–60 degrees.

Fatty acid methyl esters were created from the materials using a one-step extraction-transesterification process (Sukhija and Palmquist, 1988). The analyses were performed in gas chromatography (GC) (Schimadzu, GC 2010 plus, Kyoto, Japan) fitted with a fluorescence ionization detector, a capillary column (60 m x 0.25 mm ID x 0.250 µm; cat. # 13199), and hydrogen as carrier gas. The FAMES were isolated using a temperature gradient methodology (injection: 2.0 µL split (split ratio 200:1), injection temperature: 225 °C, 4 mm inlet liners (cat # 20814), carrier gas: hydrogen, oven temperature: 100 °C (4 min) to 240 °C (10 min) at 3 °C/min), flow rate: 1.2 mL/min. Authentic standards (Supelco #37, Supelco Inc., Bellefonte, PA, USA; L8404 and O5632, Sigma) were compared to the retention times. The retention times compared with the CLA standard (cat # 16413 Sigma-Aldrich) retention times and the amount of milk fat CLA was determined (Folch et al., 1957)

Color measurement

The milk's colors were assessed in a cold, dark environment using a chroma meter (Konica Minolta, Tokyo, Japan). The brightness (L*) and yellowness (b*) characteristics were assessed utilizing the methodology of Kim et al. (2013). The calibration properties of the white reference plate were established by measuring its brightness (97.46), redness (0.08), and yellowness (1.81).

Statistical analysis

The SPSS software (IBM Statistics SPSS) was used to statistically evaluate all of the data. The results of the t-test analysis were displayed as the mean and standard error of means.

Results and Discussion

Table 1 displays the chemical content of organic and conventional milk. Conventional milk samples exhibited elevated levels of dry matter, fat, and lactose (P<0.05), whereas organic milk samples demonstrated superior protein content and density (P<0.05). During the investigation, milk sourced from organic production methods was chosen for both production techniques; nevertheless, the chemical content of the collected milk samples exhibited substantial variations. The chemical composition of milk is known to vary based on animal breed, lactation stage, nutrition, and care settings (Walker et al., 2004).

Tablo 1. Türkiye'de organik ve ticari olarak üretilen süt örneklerinin kimyasal bileşimi (g/100g)
 Table 1. Chemical composition (g/100g) of milk samples in organic and commercially produced in Türkiye

Items	Organic		Conventional		P
	Mean	SEM	Mean	SEM ¹	
Dry matter	7.61	0.082	7.07	0.029	0.004
Fat	2.74	0.027	3.34	0.015	0.000
Protein	2.87	0.029	2.68	0.033	0.006
Lactose	4.18	0.033	3.87	0.029	0.000
Density	25.58	0.217	22.85	0.330	0.001

¹Standart error of means

The fatty acid analysis of milk samples identified a total of 16 fatty acids. No significant difference was seen in the concentrations of C14:0, C12:0, C17:1, C16:1, C18:1n9t, C18:2n6c, and CLA fatty acids in milk from organic versus conventional production ($P>0.05$). The concentrations of short-chain fatty acids (C4) and medium-chain fatty acids (C6, C8, and C10) were significantly elevated in organically produced milk ($P<0.05$). The concentration of SFA (C16:0 and C18:0) was significantly elevated in organically produced milk ($P<0.05$). The oleic acid concentration was significantly greater in conventional milk ($P<0.05$). The PUFA (C18:2n6t, C18:2n6c) were found to be elevated in organic milk ($P<0.05$). Significant distinctions exist between conventional and organically produced milk, particularly regarding seasonal and nutritional factors, which may influence the fatty acid profile of the milk. Nonetheless, 50% of the fat in cow's milk fat is derived from plasma lipids, with 88% of this sourced from the diet (Grummer, 1991). Consequently, altering the diet may significantly impact the fatty acid composition. While dietary components are unspecified in this study, it is established that organic agricultural firms rely on pasture or grazing or utilize feed with a high roughage content. Research indicates that pasture-based feeding or the incorporation of alfalfa enhances the levels of CLA and PUFA in milk (Dewhurst et al., 2003). A study indicated no disparity in the levels of CLA between conventional and organic milk (Ellis et al., 2006).

Tablo 2. Türkiye'de organik ve ticari olarak üretilen süt örneklerinin yağ asidi bileşimi (g/100g)
Table 2. Fatty acid composition (g/100g) of milk samples in organic and commercially produced in Türkiye

Fatty acids ¹	Organic		Commercial		P
	Mean	SEM	Mean	SEM	
(C4:0) Butyric Acid	2.17	0.06	1.03	0.01	0.002
(C6:0) Caproic Acid	3.73	0.29	1.10	0.03	0.011
(C8:0) Caprylic Acid	2.94	0.19	0.96	0.03	0.008
(C10:0) Capric Acid	3.13	0.18	0.99	0.02	0.007
(C12:0) Lauric Acid	1.71	0.17	0.94	0.22	0.053
(C14:0) Myristic Acid	6.92	0.08	6.70	0.01	0.096
(C14:1) Myristoleic Acid	0.80	0.03	0.94	0.01	0.019
(C16:0) Palmitic Acid	25.35	0.30	35.79	0.01	0.001
(C16:1) Palmitoleic Acid	1.22	0.20	1.25	0.03	0.908
(C17:1) Heptadecenoic Acid	0.53	0.08	0.45	0.18	0.720
(C18:0) Stearic Acid	20.34	0.33	16.72	0.04	0.007
(C18:1n9c) Oleic Acid	25.02	0.19	28.21	0.20	0.000
(C18:1n9t) Elaidic Acid	3.92	0.05	3.24	0.26	0.118
(C18:2n6t) Linoleaidic Acid	0.62	0.01	0.16	0.03	0.003
(C18:2n6c) Linoleic Acid	0.55	0.01	0.50	0.02	0.084
(cis-9, trans-11) CLA	1.05	0.06	1.04	0.05	0.877
SFA	66.29	1.60	64.22	0.39	0.002
MUFA	32.54	0.61	35.12	0.73	0.011
PUFA	1.17	0.02	0.66	0.05	0.001

¹CLA conjugated linoleic acid; MUFA: monounsaturated fatty acids; PUFA: polyunsaturated fatty acids; SFA: saturated fatty acids; SEM: standard error of means

This study assessed the cholesterol levels in conventional and organically produced cow's milk. The cholesterol level is dependent upon the fat content of the milk; thus, the fat content was assessed, and adjustments were made based on the fat % to ascertain cholesterol levels in both conventional and organic milk at equivalent fat content. The fat percentage in organic milk was measured at 2.74%, whereas conventional milk exhibited a fat content of 3.34%. The cholesterol levels in organic and conventional milk, based on fat content, were measured at 207.1 mg/100g and 452.0 mg/100g, respectively, with organic milk exhibiting a considerably lower cholesterol level ($P < 0.01$). To eliminate the influence of fat content on this difference, both milk samples were adjusted to a fat content of 4%. The analysis revealed cholesterol levels of 303.5 mg/100g in organic milk and 541.3 mg/100g in conventional milk, indicating that the cholesterol level in organically produced milk samples was significantly lower ($P < 0.05$). Recent studies have been undertaken to lower cholesterol levels (Jiang et al., 1996; Register et al., 1997). The primary factor is the origin and quantity of fat incorporated into the diet. In ruminants, elevated fat levels are not advisable due to their detrimental impact on rumen microbial activity, which results in reduced milk production (Song et al., 1998). This study evaluated cholesterol levels in organic and conventionally produced milk, revealing that organic milk contained lower cholesterol levels. This scenario is believed to result from the feed utilized in organic agriculture.

Tablo 3. Türkiye'de organik ve ticari olarak üretilen süt örneklerinin renk ve kolesterol konsantrasyonu

Table 3. Color and cholesterol concentration of milk samples in organic and commercially produced in Türkiye

Color ¹	Organic		Commercial		P
	Mean	SEM	Mean	SEM	
L	88.21	0.504	88.06	0.254	0.009
a	-2.79	0.009	-2.91	0.097	0.112
b	5.72	0.140	6.19	0.496	0.140
Fat, %	2.74		3.34		
Cholesterol, mg/100g	207.1	2.60	452.0	5.50	0.001
C Cholesterol, mg/100g	303.5	2.84	541.3	3.41	0.003

¹C cholesterol: correction for 4% milk fat

Conclusions

The quantity of studies analyzing fatty acid content and cholesterol levels in milk samples from organic and conventional production in our country is notably restricted. Thus, the findings will benefit individuals engaged in this domain. Consequently, it was established that organic milk possesses reduced fat and cholesterol levels compared to conventional milk, a finding that remains consistent when adjusted for equivalent fat content. Organic milk possesses elevated levels of PUFA compared to regular milk, along with increased SFA and reduced MUFA. There was not a significant variation in the CLA content of conventional and organic milk.

Ethical Statement

In this study, milk samples were obtained from the market; no live animals were used. Therefore, the use of experimental animals does not require an ethics committee approval document.

References

- AOAC, Association of Analytical Chemists (1984). Standard Official Methods of Analysis of the Association of Analytical Chemists. 14th edition, S.W Williams (Ed), Washington, DC., p. 121.
- Dewhurst, R. J., Fisher, W. J., Tweed, J. K. S., Wilkins, R. J. 2003. Comparison of grass and legume silages for milk production. 1. Production responses with different levels of concentrate. *Journal of Dairy Science*. 86: 2598–2611.
- Ellis, K. A., Innocent, G., Grove-White, D., Cripps, P., McLean, W. G., Howard, C. V., Mihm, M. 2006. Comparing the fatty acid composition of organic and conventional milk. *Journal of Dairy Science*. 89(6): 1938-1950.
- Fletouris, D. J., Botsoglou, N. A., Psomas, I. E., Mantis, A. I. 1998. Rapid determination of cholesterol in milk and milk products by direct saponification and capillary gas chromatography. *Journal of Dairy Science*. 81(11): 2833-2840.
- Folch, J., Lees, M., Sloane-Stanley, G. 1957. A Simple Method for the Isolation and Purification of Total Lipids from Animal Tissues. *Journal of Biological Chemistry*. 226: 497-509.
- Grummer, R. R., & Carroll, D. J. (1991). Effects of dietary fat on metabolic disorders and reproductive performance of dairy cattle. *Journal of Animal Science*, 69(9), 3838-3852.
- Hu, F. B., Willett, W. C. 2002. Optimal diets for prevention of coronary heart disease. *J. Am. Med. Assoc.* 288: 2569–2578.
- Ip, C., Chin, S. F., Scimeca, J. A., Pariza, M. W. 1991. Mammary cancer prevention by conjugated dienoic derivative of linoleic acid. *Cancer Research*. 51: 6118–6124.
- James, C. S., 1995. Determination of the fat content of dairy products by the Gerber Method. *Analytical Chemistry of Food*. Blackie Academic and Professionals, an imprint of Chapman and Hall, Glasgow, UK, pp: 93–95.
- Jensen, R. G. 2002. The composition of bovine milk lipids. *Journal of Dairy Science*. 85: 295–350.
- Jiang, J., Bjoerck, L., Fondén, R., Emanuelson, M. 1996. Occurrence of conjugated cis-9, trans-11-octadecadienoic acid in bovine milk: effects of feed and dietary regimen. *Journal of Dairy Science*. 79(3): 438-445.
- Kim, Y., Son, H. H., Yi, K., Kim, H. Y., Ahn, J., & Chang, J. (2013). The color change in artificial white spot lesions measured using a spectroradiometer. *Clinical oral investigations*, 17, 139-146.
- Ma, T. 2004. Cholesterol and Human Health. *Nature and Science*. 2(4).
- Regester, G.O., Smithers, G.W., Mitchell, I.R., McIntosh, G.H., Dionysius, D.A., 1997. Bioactive factors in milk: natural and induced. In: Welch, R.A.S. (Ed.), *Milk*

- Composition, Production and Biotechnology. C.A.B. International, USA, pp.119–132.
- Song, M. K., Huang, Z. Z., Choi, S. H. 1998. Effect of source and level of oil on the hydrogenation of C18 unsaturated fatty acids and incorporation of oleic acid by rumen bacteria. Proc. 8th WCAP, 1, 556-557.
- Sukhija, P. S., Palmquist, D. L. 1988. Rapid method for determination of total fatty acid content and composition of feedstuffs and feces. Journal of Agricultural and Food Chemistry. 36(6): 1202-1206.
- Tabas, I. 2002. Cholesterol in health and disease. Journal of Clinical Investment. 110: 583-90.
- Whigham, L. D., Cook, M. E., Atkinson, R. L. 2000. Conjugated linoleic acid: Implications for human health. Pharmaceutical Research. 42: 503–510.
- Walker, G. P., Dunshea, F. R., Doyle, P. T. 2004. Effects of nutrition and management on the production and composition of milk fat and protein: a review. Australian Journal of Agricultural Research. 55(10): 1009-1028.



İpekböceği Pupalarının Besin Değeri ve Kullanımı

Fehmi GÜREL*

Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Antalya, Türkiye

Fehmi GÜREL, ORCID No: [0000-0003-1492-8910](https://orcid.org/0000-0003-1492-8910)

MAKALE BİLGİSİ

ÖZ

Derleme

Bu çalışma "4. Uluslararası Yenilikçi Akademik Çalışmalar Konferansında" sözlü olarak sunulmuş ve yalnız özeti yayımlanmıştır.

Geliş: 02.03.2024
Kabul: 18.10.2024

Anahtar Kelimeler

İpekböceği
Pupa
Besin değeri
Kullanımı

İpekböceği (*Bombyx mori* L.), yaklaşık beş bin yıldır ipek üretmek için geleneksel olarak yetiştirilen, ekonomik olarak önemli evcilleştirilmiş bir böcektir. Ticari ipek üretiminde kozalar, kelebekler çıkmadan önce hasat edilmekte ve pupalar başkalaşımını tamamlamadan önce genellikle buhar veya sıcak hava ile öldürülmektedir. Daha sonra kozalardan ipek iplikleri çekilmektedir. Her bir kg ham ipek üretiminde yaklaşık 2 kg kuru pupa (8 kg yaş pupa) ipek sanayinin başlıca yan ürünü olarak ortaya çıkmaktadır. İpekböceği pupaları proteinler, lipitler, esansiyel amino asitler, yağ asitleri ve diğer besin maddeleri açısından zengin bir içeriğe sahiptir. İpekböceği pupaları çoğunlukla hayvan yemi ve gübre olarak kullanılmakta ve bazı Asya ülkelerinde yenilebilir bir böcek olarak insanlar tarafından da tüketilmektedir. Son yıllarda yapılan çalışmalarda ipekböceği pupalarının yüksek besin değerlerinin yanı sıra farmakolojik etkiler gösteren çok çeşitli bioaktif bileşikler içerdiği de bulunmuştur. Bu derlemede ipekböceği pupalarının besin değeri ve kullanımı konusunda son yıllarda yapılan çalışmalar özetlenmiştir.

* Sorumlu Yazar

fgurel@akdeniz.edu.tr

The Nutritional Value and Utilization of Silkworm Pupae

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Review

This study was presented as oral in "4th International Conference on Innovative Academic Studies" and was published as abstract only.

Received : 02.03.2024
Accepted : 18.10.2024

Keywords

Silkworm
Pupae
Nutritive value
Utilization

The silkworm (*Bombyx mori* L.), traditionally cultivated for silk production for approximately five thousand years, is an economically significant domesticated insect. For commercial silk production, cocoons are harvested before the adults emerge and the pupae are usually killed with steam or hot air before completing their metamorphosis and then silk fibers are reeled. Approximately 2 kg of dry pupae (8 kg of wet pupae) are generated for each kg of raw silk production. Therefore, silkworm pupae are the main byproduct of the silk industry. Silkworm pupae have a rich content of proteins, lipids, essential amino acids, fatty acids and many other nutrients. Silkworm pupae are mostly used as animal feed and fertilizer and are also consumed by humans as an edible insect in some Asian countries. In addition to their high nutritional value, recent studies have also found that silkworm pupae contain a wide variety of bioactive compounds that have pharmacological effects. This review summarizes recent studies on the nutritional value and utilization of silkworm pupae.

* Corresponding Author

fgurel@akdeniz.edu.tr

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Gürel, F., 2024. İpekböceği pupalarının besin değeri ve kullanımı. Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):153-165. DOI: [10.51970/jasp.1446220](https://doi.org/10.51970/jasp.1446220)

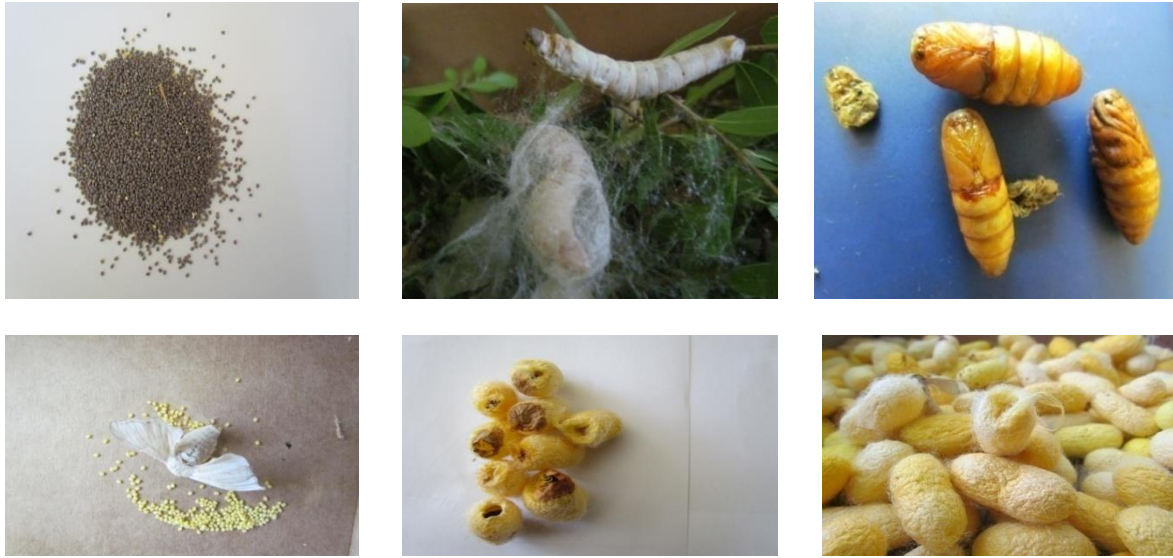
Giriş

Yaklaşık beş bin yıl önce Çin’de keşfedilmiş olan ipekböceği, ilk evcilleştirilen ve kitlesel yetiştiriciliği en çok yapılan böcek türüdür. İpek ipliği, ipekböceği larvalarının koza örmek için salgıladıkları çok ince ipek liflerinin bir araya getirilmesiyle elde edilmektedir. Tarih boyunca çok değerli olan ipek ipliği, yumuşaklığı, parlaklığı, dayanıklılığı ve iyi boya tutma kabiliyetinden dolayı günümüzde de en değerli doğal lif olarak kabul edilmektedir. Dünyada Dut ipeği, Eri ipeği, Tasar ipeği ve Muga ipeği olmak üzere ticari olarak üretilen dört çeşit doğal ipek bulunmaktadır. Yalnız dut yaprağı ile beslenen ipekböceklerinden (*Bombyx mori* L.) elde edilen Dut ipeği, dünya ipek üretiminin % 90’ından fazlasını oluşturmaktadır. Bu nedenle “ipek” terimi genel olarak dut yaprakları ile beslenen ipekböceklerinin ürettiği ipeği ifade etmektedir (Xiang ve ark., 2005; Şahan, 2011; Bhattacharyya ve ark., 2016; Reddy ve ark., 2021).

İpekböceğinin yaşam döngüsü yumurta, larva, pupa (krizalit) ve kelebek (ergin) olmak üzere 4 farklı gelişim aşamasıyla tamamlanır (Resim 1.). İpekböceği yumurtaları 10-14 gün süren kuluçka döneminden sonra larva dönemine geçerler. İpekböcekleri, beslenme ve çevre koşullarına göre değişmekle birlikte uygun koşullarda yaklaşık 25 gün süren larva döneminde dut yaprağı ile yoğun beslenirler ve bu süreçte yaklaşık on bin kat ağırlık artışı kazanırlar. Larvalar kısa sürede hızlı büyüdükleri için deri değiştirirler. Larva döneminde ipekböcekleri 4 defa deri değiştirir. İpekböceği larvası deri değiştirirken besleme olmaksızın en az 24 saat hareketsiz kalır. Bu devre deri değiştirme ya da uyku devresi olarak adlandırılır. Deri değiştirerek uyku dönemini tamamlayan larvalar yeni bir yaşa girerek dut yaprağı yemeye (beslenmeye) devam ederler. Ticari yetiştiriciliği yapılan ipekböceği larvaları 4 uyku ve 5 yaş dönemi geçirirler. En uzun süren yaş dönemi yaklaşık 8 gün süren 5. yaş dönemidir. İpekböceği larvası 5. yaşın sonunda yem tüketmeyi sonlandırır ve 2-3 günde vücudunun her iki tarafındaki ipek bezlerinden salgıladığı ipek lifi ile kendisini içine hapsettiği ve yaklaşık 1000-1400 metre uzunluğundaki ipek ipliğinden oluşan kozasını örür. Koza örme işlemi bitince ipekböceği larvası koza içerisinde başkalaşım (metamorfoz) geçirerek pupa dönemine geçer. İpekböceği çevre koşullarına bağlı olarak koza örmeye başladıktan yaklaşık 15 gün sonra koza içerisinde kelebek formuna dönüşür ve kelebek salgıladığı bir sıvı ile kozayı delerek koza dışına çıkar (Resim 1.). Erkek ve dişi kelebekler çiftleşir. Dişi kelebekler yumurtlar ve birkaç gün içerisinde erkek ve dişi kelebekler ölürler. Binlerce yıldır evcilleştirmenin bir sonucu olarak kelebekler uçuş yeteneklerini yitirmişlerdir ve beslenmezler. Ticari koza üretiminde ise kozanın delinmesini önlemek için larvaların koza örmeye başladıklarından sonraki 8-10. günlerde pupa aşamasında, kozalar hasat edilir, pupalar uygun yöntemlerle öldürülür, kozalar kurutulur ve daha sonra çekilerek ipek ipliği elde edilir (Akbay, 1986; FAO, 1987; Anonim, 1997; Şahan, 2011; Shahzadi ve ark., 2022).

İpekböceği yetiştiriciliği temel olarak ipekböceklerini dut yaprakları ile besleyerek ipek kozalarını üretmeyi amaçlayan tarımsal bir faaliyettir. Bu tarımsal faaliyet ipekböceğinin tek besin kaynağı olan dut yaprağının üretilmesi (dut fidanı ve ağacı yetiştirilmesi), damızlık ipekböceği yumurta (tohum) üretimi, yumurtalardan larvaların çıkışı (kuluçka), larvaların bakım ve beslenmesi, koza hasadı, koza boğma ve kurutma, kozadan ipek çekilmesi ve ipeğin işlenmesi ve ürüne dönüştürülmesi gibi birçok aşamayı da kapsamaktadır (Akbay, 1986; Anonim, 1997; Şahan, 2011). Dut yaprağından ipek ipliği üretimine kadar geçen süreçte

ipekböceği yumurta kabukları, ipekböceği dışkısı, larva deri döküntülerini, kurumuş yaprakları ve dalları içeren ipekböceği altlığı, ipekböceği pupası, ipek lifi atıkları ve serizin gibi birçok atık ürün/ yan ürün ortaya çıkmaktadır. Bu ürünlerden bazıları uzun yıllardır Çin, Hindistan gibi Asya ülkelerinde beslenme ve geleneksel tıp uygulamalarında kullanılmaktadır. Son yıllarda ise ipekböceği yetiştiriciliğinin atık ve yan ürünleri ve bu ürünleri kullanarak geliştirilen yeni ürünlerin farmakoloji, kozmetik, hayvan besleme, gıda gibi çeşitli sektörlerde kullanılması giderek yaygınlaşmaktadır (Singh ve Jayasomu, 2002; Sharma ve ark., 2022; Mahanta ve ark., 2023). İpekböceği yetiştiriciliğinde sıralanan bu yan ürünler, atık ürünler arasında en fazla ortaya çıkan, çok farklı amaçla kullanılan ve üzerinde en çok araştırma yapılan yan ürün / artık ürün ipekböceği pupasıdır (Priyadharshini ve ark., 2017; Wu ve ark., 2021; Tassoni ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023). Bu nedenle bu derlemede ipekböceği pupasının özellikleri ve kullanım alanları ile ilgili güncel bilgilerin sunulması amaçlanmıştır.



Resim 1. İpekböceği yumurta, larva, pupa, kelebek ve kozalarına ait görseller (F. Gürel)
 Picture 1. Images of egg, larvae, pupae, adult and cocoons of silkworm (F. Gürel)

İpekböceği Pupası

İpekböceği kozalarından ipek ipliği elde etmek için kozaların içindeki pupalar yaygın olarak sıcak kuru hava, sıcak buhar, güneş ışığı ve diğer bazı yöntemlerle öldürülür. Kozaların hasadı ve pupaların öldürülmesi için en uygun zaman pupa derisinin sertleşerek kahverengine döndüğü evredir. Yaş koza hasat edildiği zaman yaklaşık % 60 oranında nem içermektedir. Kozaların uzun süre depolanarak saklanması için koza bünyesindeki nem oranının % 10'nun altına düşecek şekilde kurutulması gereklidir. Kurutulan kozalar sıcak sular içerisinde yumuşatılarak geleneksel veya modern tekniklerle çekilmekte ve ipek ipliği elde edilmektedir. Pupa ağırlığı, yaş koza ağırlığının yaklaşık % 80'ini kuru koza ağırlığının ise % 50-60'ını oluşturmaktadır (Akbaş, 1986; FAO, 1987; Anonim, 1997; Şahan, 2011).

Kozalar ipek çekim tesislerinde çekilmekte ve koza içerisindeki pupalar önemli bir yan ürün ve/veya biyolojik atık olarak ortaya çıkmaktadır. Her bir kg ham ipek çekimi sürecinde

yaklaşık 8 kg yaş pupa ve bu pupaların kurutulmasıyla yaklaşık 2 kg kuru pupa doğal olarak meydana gelmektedir (Patil ve ark., 2013; Sheikh ve ark., 2018; Reddy ve ark., 2021). Uzun yıllardır dünya ham ipek üretiminin yaklaşık % 95'i Çin (% 58) ve Hindistan'da (% 37) yapılmaktadır. Son yıllarda düşüş gözlenirse de dünyada yılda yaklaşık 100 000 ton ham ipek üretilmekte ve dolayısıyla her yıl Çin'de 100 000 ton'dan, Hindistan'da ise 50 000 ton'dan fazla kuru pupa yan ürün olarak ortaya çıkmaktadır (INSERCO, 2021; Wu ve ark., 2021; Sadat ve ark., 2022) Kozalardan ipek çekimi yapıldıktan sonra ortaya çıkan büyük miktarlardaki taze pupalar yüksek su içerikleri nedeniyle hızla parçalanmakta, bozulmakta, kokmaya başlamakta ve çevre kirliliğine yol açmaktadır. Yan ürün olarak ortaya çıkan pupalar geçmiş yıllarda bazı bölgelerde atık olarak yerleşim bölgelerinin dışına atılmış, bazı bölgelerde gübre olarak, bazı bölgelerde ise kurutulmuş ve öğütülerek hayvan yemi olarak değerlendirilmiş ve uzun yıllardır Çin ve bazı Asya ülkelerinde ise işlenerek insanlar tarafından tüketilmektedir (Yhoung-Aree ve ark., 1997; Zhou ve Han, 2006; Wu ve ark., 2021).

İpekböcekleri sadece larva döneminde dut yaprağı ile beslenirler. Larva döneminin sonunda koza örmeye başladığı aşamada besleme faaliyeti sonlanmakta ancak yaşam döngüsü devam etmektedir (Akbay, 1986; Anonim, 1997; Şahan, 2011). İpekböceği, koza içerisinde pupa ve kelebeğe dönüşebilmesi ve kelebek olduktan sonra da birkaç gün yaşaması, çiftleşebilmesi ve dişi kelebeklerin yaklaşık 500 yumurta yumurtlaması için gerekli tüm besin maddelerini depoladığı besinlerinden sağlamaktadır. Bu nedenle pupa evresi ipekböceğinin yaşam döngüsünde besin maddelerinin en üst düzeyde depolandığı aşamadır. Son yıllarda yapılan çalışmalardan elde edilen veriler ipekböceği pupalarının zengin bir besin profiline sahip olduğunu göstermektedir. İpekböceği pupaları protein ve esansiyel amino asitler, yağlar ve çoklu doymamış yağ asitleri, karbonhidratlar, mineraller ve vitaminler bakımından oldukça zengin bir içeriğe sahiptir (Patil ve ark., 2013; Priyadharshini ve ark., 2017; Sheikh ve ark., 2018; Wu ve ark., 2021; Sadat ve ark., 2022; Tassoni ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023). Son yıllarda yüksek besin değerleri ve çeşitli biyolojik özellikleri nedeniyle ipekböceği pupalarının başta farmakoloji, kozmetik, gıda, hayvan besleme olmak üzere bir çok sektörde katma değeri yüksek yeni ticari ürünlere dönüştürülmesine yönelik çalışmalar yoğunlaşmış ve birçok ürün de geliştirilmiştir (Singh ve Jayasomu, 2002; Sharma ve ark., 2022; Mahanta ve ark., 2023).

İpekböceği Pupasının Besin Bileşenleri

Son yıllarda ipekböceği pupalarının besin öğeleri ve gıda, hayvan besleme, farmakoloji gibi çeşitli sektörlerde kullanıma yönelik çok sayıda araştırma yapılmıştır. Araştırmalar dünya yaş koza üretiminde lider konumda olan Çin ve Hindistan'da yoğunlaşmış ayrıca araştırma sonuçlarının topluca değerlendirildiği etki faktörü yüksek dergilerde derlemeler de yayınlanmıştır. Larva beslemesinde kullanılan dut yaprağı miktarı ve kalitesi, ipekböceği pupalarının öldürülme zamanı ve yöntemi, kozadan ipek çekim yöntemi, örnek alınan pupaların kurutma yöntemleri ve saklama koşulları, uygulanan analiz yöntemleri gibi birçok faktör pupaların kimyasal bileşimine etki edebilmektedir (Sadat ve ark., 2022; Sharma ve ark., 2022; Tassoni ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022). İpekböceği kozalarından ipek çekilme aşamasında kozaların sıcak su içerisinde yumuşatılması gerekmektedir. Bu nedenle elde edilen pupalar yüksek su içerikleri nedeniyle çabuk bozulmaktadır. Bu makalede kimyasal analiz değerleri incelenen pupa örnekleri kurutulmuş ve toz haline getirilmiş pupa örnekleridir. Kurutulmuş ve

toz haline getirilmiş pupa içeriklerine ait birçok çalışmadan elde edilen analiz sonuçları genel olarak değerlendirilerek, özetlenmiştir.

Son yıllarda yapılan çalışmalarda ipekböceği pupasının ham protein oranı, kuru ağırlığın % 50-60'ı arasında değişim gösterdiği bulunmuştur. İpekböceği pupası amino asit çeşitliliği ve esansiyel amino asitleri yüksek oranda içermesi nedeniyle kaliteli ve önemli bir protein kaynağıdır. Pupa, esansiyel amino asitlerin tamamı olmak üzere toplam 18 amino asit içermektedir. İpekböceği pupasında metionin, valin ve fenilalanin gibi esansiyel amino asitler yüksek düzeyde bulunmaktadır (Tomotake ve ark., 2010; Anootthato ve ark., 2019; Akande ve ark., 2020; Priyadharshini ve Swathiga, 2021; Sadat ve ark., 2022; Sharma ve ark., 2022; Tassoni ve ark. 2022; Zhou ve ark., 2022). Yağı alınmış pupa ununda ise protein oranı % 70-80' e ulaşırken, yağ oranı % 4' ün altına düşmektedir (Kim ve ark., 2016; Anootthato ve ark., 2019; Felix ve ark., 2020).

Yağ, ipekböceği pupalarında proteinden sonra en çok bulunan ikinci bileşendir. Yağ, pupanın toplam kuru ağırlığının yaklaşık %30' unu (% 25-35) oluşturmaktadır. İpekböceği pupaları yalnızca yüksek düzeyde yağ içermemekte, aynı zamanda yüksek düzeyde doymamış yağ asitleri özellikle de beslenmede çok önemli olan çoklu doymamış yağ asitlerini içermektedir. Yapılan çalışmalarda ipekböceği pupasından elde edilen yağ asitlerinin büyük ölçüde palmitik, stearik, oleik, linoleik ve alfa-linolenik asit' den oluştuğu bulunmuştur. Toplam yağ asitlerinin % 60-70' ini doymamış yağ asitleri oluşturmaktadır. Çoklu doymamış yağ asidi olan alfa-linolenik asit toplam yağ asitlerinin yaklaşık % 38' ini oluşturmaktadır (Tomotake ve ark., 2010; Kumar ve ark., 2021; Tassoni ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023).

İpekböceği pupalarının çok sayıda mineral maddeyi içerdiği saptanmıştır. İpekböceği pupaları iyi bir kalsiyum, potasyum, magnezyum ve fosfor kaynağıdır. Ayrıca yüksek demir ve çinko içeriği ve düşük Na/K oranı da sağlık beslenmedeki önemini artırmaktadır (Kim ve ark., 2016; Akande ve ark., 2020; Tassoni ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023). İpekböceği pupaları vitamin bakımından da zengindir. Pupada en çok bulunan vitaminler B1, B2, B3, B5, B7, B9, B12 ve E vitaminidir. İpekböceği pupaları iyi bir tiamin, riboflavin ve niasin kaynağıdır. İpekböceği pupaları yüksek düzeyde tokoferoller içermektedir (Paul ve Dey, 2014; Wu ve ark., 2021). İpekböceği pupalarından elde edilen kitin ve kitosan, dimetiladenozin türevleri, polifenoller, peptitler, yağ asitleri güçlü fizyolojik aktiviteler gösteren bioaktif bileşiklerdir ve farmakolojik çalışmalarda test edilmektedir (Sadat ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022; Mahanta ve ark., 2023).

İpekböceği Pupasının İnsan Beslenmesinde Kullanım

İpekböceği pupaları yüksek protein ve diğer zengin besin içeriğinden dolayı Asya'da ipek üreten Çin, Hindistan, Japonya, Güney Kore ve Tayland gibi ülkelerde uzun yıllardan beri insanlar tarafından sevilerek tüketilen bir yiyecektir (Mitsuhashi, 1997; Yhoung-Aree ve ark., 1997; Valerie ve ark., 2015; Feng ve ark., 2018). Ancak, geçmişte ipekböceği yetiştiriciliğinin yoğun yapıldığı Anadolu, Balkanlar ve Avrupa'da hayvansal protein kaynaklarının bol olması ve dini, kültürel, beslenme tarzı gibi nedenlerden dolayı ipekböceği pupaları insanlar tarafından tüketilmemektedir. İpekböceği pupaları henüz Avrupa'da yenilebilir böcek olarak kabul edilmemiştir. (Habeanu ve ark., 2023; Stobernack ve ark., 2023). Günümüzde ipekböceği pupaları; taze ipekböceği pupası, kurutulmuş ipekböceği pupası, dondurulmuş ipekböceği pupası, konserve ipekböceği pupası, kurutulmuş ipekböceği pupa unu, yağı alınmış ipekböceği

pupa unu, yağı alınmış pelet formunda ipekböceği pupası gibi çeşili ticari ürünlere dönüştürülerek Asya ülkelerinde tüketime sunulmaktadır.

İpekböceği pupaları Asya ülkelerinde çiğ, haşlanmış ve kızartılmış olarak tüketilebilmektedir. Bazı ülkelerde kebap yapılarak sokak yemeği atıştırmalığı olarak tüketimi yaygınken, bazı ülkelerde cips, çerez gibi paketlenmiş atıştırmalık olarak da tüketimi yaygındır. Aromatik bitkiler eklenerek ipekböceği pupalarından geleneksel yemekler de yapılmaktadır. İpekböceği pupa unu ve özellikle yağı alınmış pupa unu yüksek protein içeriği nedeniyle protein kaynağı olarak değerlendirilmektedir. Yağı alınmış pupa unu çorbalara, soslara, yoğurt, mayonez, ekmek, kek kurabiye gibi ürünlere de katılarak bu gıdaların protein miktarını ve lezzetini artırmak için kullanılmaktadır. Japonya’da pupa unundan yapılan bir kurabiyenin astronotların beslenmesinde kullanılması da önerilmiştir. İpekböceği pupası ve ipekböceği pupa unu hijyenik olmayan taşıma, işleme, paketlenme ve depolama koşullarında gıda kaynaklı enfeksiyon risk taşımaktadır. Ancak birçok firma sağlıklı, taze ipekböceği pupalarını sterilize edip, uygun yöntemlerle kurutup, vakumlayarak tüketime sunmaktadır. Bu işlemler taze ipekböceği pupasında tüketiciler tarafından hoş karşılanmayan kokuların da giderilmesine katkı sağlamaktadır. Benzer şekilde pupa yağının alınması da hoş olmayan kokuların giderilmesinde önemli bir uygulamadır (Valerie ve ark., 2015; Feng ve ark., 2018; Imathiu, 2020 ;Priyadharshini ve Swathiga, 2021;Ying ve ark., 2022).

İpekböceği pupası ve pupa unu genellikle güvenli gıdalar olarak kabul edilmektedir. Yüksek proteinli diğer gıdalarla özellikle deniz ürünleri ile karşılaştırıldığında daha güvenli oldukları da ifade edilmektedir. Ancak hem mikrobiyal ve toksikolojik güvenlik hem de alerjik reaksiyonlar açısından ilave araştırmalara ve güvenlik değerlendirmelerine hala ihtiyaç duyulmaktadır (Feng ve ark., 2018 ; Imathiu, 2020; Zhou ve ark., 2022). İpekböceği pupaları da dahil olmak üzere yenilebilir böceklerin ve yeni protein kaynaklarının gıda alerjisine neden olma potansiyelleri vardır. Son yıllarda ipekböceği pupaları tüketildikten sonra ürtiker, baş dönmesi, ciltte kaşıntı ve hatta anafilaktik şok da dahil çok sayıda alerjik reaksiyon vakası rapor edilmiştir (Ji ve ark., 2008; Araujo ve ark., 2014; Feng ve ark., 2018). Ancak ipekböceği pupalarının neden olduğu alerjik reaksiyonlar, karides ve balık gibi geleneksel gıdaların neden olduğu alerjik reaksiyonlardan daha yaygın ve tehlikeli değildir (Gier ve Verhoeckx, 2018). İpekböceği pupalarının günlük insan diyetine giderek daha fazla dahil edilmesi nedeniyle, bu alerjik reaksiyonları yönlendiren mekanizmaların açıklığa kavuşturulması gerekmektedir. Bugüne kadar 26 ipekböceği proteini alerjen olarak tanımlanmasına karşın, ipekböceği pupalarında alerjen olarak onaylanan tek protein arginin kinaz’ dır. Arginin kinaz dışında, ipekböceği pupalarının hiçbir alerjeni, Dünya Sağlık Örgütü ve Uluslararası İmmünoloji Toplulukları Birliği (WHO/IUIS) tarafından resmi olarak doğrulanmamış ve tescil edilmemiştir. Ayrıca arginin kinaz’ın ipekböceği larvalarının alerjeni olduğu, larvalar büyüdükçe arttığı, pupalarda ise nispeten düşük bir seviyede bulunduğu ve pupaların alerjeni olmadığı da rapor edilmiştir. Bu nedenle ipekböceği pupalarında arginin kinaz kaynaklı alerjiyi inceleyen çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır (Ji ve ark., 2008; Liu ve ark., 2009; Araujo ve ark., 2014; Wu ve ark., 2021). Alerjik reaksiyonlar, ipekböceği pupalarının gıda veya sağlık ürünlerinde kullanımını sınırlayabilir. Bu nedenle alerjik reaksiyonları azaltacak uygulamaların bulunması önem kazanmaktadır. Gıda endüstrisinde, ısı işlem, hidroliz, fermantasyon, yüksek basınç gibi uygulamalar ürünlerin alerjik reaksiyonlarını azaltılabilmektedir (Lepski ve Brockmeyer, 2013; Verhoeckx ve ark., 2015; Wu ve ark., 2021). Yenilebilir böceklerin

doğrudan gıda olarak benimsenmesinin önündeki en büyük engellerden biri tüketici tarafından kabul edilmesindeki güçlüklerdir. Tüketiciler için böceklerden ekstrakte edilen belirli bileşenleri içeren ürünler (örneğin protein tozu veya hidrolize peptitleri içeren ürünler gibi) böcekleri doğrudan tüketmeye oranla daha çok tercih edilmektedir (Wu ve ark., 2021; Zhou ve ark., 2022).

İpekböceği Pupasının Hayvan Beslemede Kullanımı

Hayvan beslemede sürekli artan yem talebini karşılamak için protein açısından zengin alternatif yem kaynaklarının araştırılması ve kullanımı hep gündemde olmuştur. Hayvan yemi olarak böceklerin yaygın kullanımı 1960'lı yıllarda başlamıştır (Ordenez-Araque ve ark., 2022). İpekböceği pupalarında proteinlerin, esansiyel amino asitlerin ve yağ asitlerinin yüksek düzeyde bulunması hayvan beslemede kullanılmasına yönelik ilgiyi artırmıştır. İpekböceği pupaları uzun zamandır Asya ülkelerinde hayvan beslemede kullanılmaktadır. Ayrıca Avrupa Birliği ülkelerinde de hem su ürünleri beslemesinde hem de kanatlı ve domuz gibi çiftlik hayvanları beslemesinde ipekböceği pupalarının kullanımına birkaç yıl önce izin verilmiştir. İpekböceği pupaları, hayvan beslemede yaygın kullanılan soya fasulyesi küspesi veya balık unu gibi geleneksel protein kaynaklarının yerini daha düşük maliyetle alabilecek yem kaynağı olarak değerlendirilmektedir. İpekböceği pupalarının kanatlı hayvan türleri, su ürünleri (balık türleri, karides vb.) geniş getiren hayvan türleri ve pet hayvanları beslenmesinde kullanılmasına yönelik çok sayıda araştırma yapılmıştır (Shakoori ve ark., 2013; Asimi ve ark., 2017; Sheikh ve ark., 2018; Habeanu ve ark., 2023; Mahanta ve ark., 2023).

İpekböceği pupası toksik bileşenler içermemektedir. Ancak hayvan besleme rasyonlarında yüksek yağ içeriği nedeniyle yaygın olarak yağı alınmış ipekböceği pupa unu kullanılmaktadır. Yağı alınmış pupa ununda ise protein oranı % 70-80 e ulaşırken, yağ oranı % 4' e kadar düşmektedir (Kim ve ark., 2016; Anoothatho ve ark., 2019; Felix ve ark., 2020). İpekböceği pupa unu, balık unundan biraz daha düşük kaliteye sahip, değerli ve daha ucuz bir alternatif protein kaynağıdır. İpekböceği pupa unu en yaygın balık beslemede kullanılmaktadır. Özellikle sazan, alabalık türleri gibi havuzlarda beslenen balıkların beslenmesinde başarı ile kullanılmaktadır. Kanatlı, domuz, büyükbaş ve küçükbaş hayvan beslemede rasyondaki balık unu miktarı azaltılarak, ipekböceği pupa unu ikame edilmiş ve olumlu sonuçlar elde edilmiştir. Benzer şekilde ipekböceği pupa unu kedi ve köpek mamalarının üretiminde de kullanılmaktadır (Ioselevich ve ark., 2004; Medhi ve ark., 2009; Jintasataporn, 2012; Sheikh ve ark., 2018).

İpekböceği Pupasının Gübre Olarak Kullanımı

Kozalardan ipek çekimi sonucunda ortaya çıkan ipekböceği pupaları tarımsal ürünlerden daha yüksek verim elde etmek için gübre ve kompost olarak da kullanılmaktadır. Kozalar çekildikten sonra artık ürün olarak ortaya çıkan pupalar çok yaş oldukları için kurutularak ve öğütülerek doğrudan toprağa serpilmekte, saksı toprakları ile karıştırılmakta veya kompost yapımında kullanılmaktadır. Kurutulmuş ipekböceği pupaları % 8 oranında nitrojen ve birçok makro ve mikro besin maddelerini içermektedir. İpekböceği pupası da katılarak yapılan kompostun, dut ağaçlarında hem büyüme hem de verim özelliklerini önemli ölçüde arttırdığı saptanmıştır (Priyadharshini ve ark., 2017; Priyadharshini ve Swathiga, 2021; Sharma ve ark., 2022).

İpekböceęi Pupasının Farmakoloji ve Dięer Alanlarda Kullanımı

İpekböceęi pupaları, uzun yıllardan beri geleneksel Çin tıbbında, bakteri oluşumunun azaltılması, karacięerin korunması, baęışıklık sisteminin güçlendirilmesi, kan basıncının düşürülmesi, kan şeker ve lipid düzeyinin düzenlenmesi gibi çeşitli amaçlarla kullanılmıştır (Ratcliffe ve ark., 2011). İpekböceęi pupasında, yüksek düzeyde protein, yağ, esansiyel amino asitler ve yağ asitlerinin bulunmasının yanı sıra çeşitli biyoaktif bileşenler içeren polisakkaritler (kitin ve dięerleri), peptitler, polifenoller gibi metabolitler de bulunmaktadır. Günümüzde yapılan deneysel çalışmalarda ipekböceęi pupalarında bulunan bioaktif bileşenlerin kalp damar sistemini koruyucu, karacięeri koruyucu, baęışıklık sistemini düzenleyici, antitümör, antioksidan, antibakteriyal etkiler gibi insan saęlığı üzerinde önemli olumlu etkilere sahip olabileceęi gösterilmiştir (Sadat ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023; Mahanta ve ark., 2023). İpekböceęi pupalarının çeşitli farmakolojik etkiler gösteren bileşikler içermesine ek olarak kısa sürede büyük miktarlarda düşük maliyetle üretilebilir olması da ilaç ve dięer saęlık ürünlerinin üretiminde kullanılabilecek umut verici bir kaynak olmasını sağlamaktadır. Ancak ipekböceęi pupalarının saęlık sektöründe kullanımı sınırlayan faktörler de bulunmaktadır. Kozalardan ipek iplięi üretildikten sonra elde edilen ipekböceęi pupaları su içerięi çok yüksek organik bir materyaldir ve çürüme ve mikrobiyal bozulmaya karşı hassastır. Pupalарın uygun şekilde toplanması, yabancı maddelerden ayrıştırılması, kurutulması, muhafaza edilmesi ve ayrıca pupa içerisinde bulunan bioaktif maddelerin standart yöntemlerle ekstraksiyonları, saflaştırılmaları ve yapısal özelliklerinin tanımlanmaları gerekmektedir. İpekböceęi pupalarında bulunan bioaktif maddelerin etki mekanizmalarına ilişkin mevcut araştırmalar yeterli deęildir ve bu çalışmalar yalnızca in vitro ve sınırlı hayvan deneyleri düzeyinde kalmıştır. İpekböceęi pupalarında bulunan bioaktif maddelerin etki mekanizmalarını doğrulayacak ayrıntılı klinik araştırmalara gereksinim duyulmaktadır (Reddy ve ark., 2021; Wu ve ark., 2021; Habeanu ve ark., 2023).

Pupa proteinleri ve peptitleri

İpekböceęi pupaları yüksek düzeyde protein içermektedir. Yaęı alınmış kuru pupa ununda protein oranı % 70-80 düzeyine ulaşabilmektedir. Günümüzde çeşitli yöntemlerle ipekböceęi pupalarından peptidler ve polifenoller izole edilebilmekte ve bu maddelerin etkileri de in vitro koşullarda ve bazı hayvan deneylerinde test edilmektedir. Proteinlerin saflaştırılması ve daha fazla aktif peptitlerin elde edilmesi tıbbi uygulamalar için öncelikli bir aşamadır. Son yıllarda, Çin'de yaęı alınmış ipekböceęi pupa proteinlerinden elde edilen bileşik amino asitleri içeren toplam 11 ürün Çin Saęlık Bakanlığı ve Devlet Gıda ve İlaç İdaresi tarafından onaylanmış ve Çin pazarında ticari olarak satışı sunulmuştur (Wu ve ark., 2021; Zhou ve ark., 2022). Yapılan çalışmalarda ipekböceęi pupa proteinleri ve hidrolize peptitlerinin kanser oluşumunu önleme, bakteri gelişimini önleme, kan basıncını düşürme, kan şeker ve yağ düzeyini azaltma, antioksidan etki gösterme, hücre yaşlanmasını azaltma gibi çok önemli etkilerinin olabileceęi gösterilmiştir (Reddy ve ark., 2021; Wu ve ark., 2021; Sadat ve ark., 2022; Zhou ve ark., 2022; Mahanta ve ark., 2023).

Pupa yaęı

Kurutulmuş ipekböceęi pupaları yüksek oranda yaklaşık % 30 düzeyinde yağ içermektedir. İpekböceęi pupasından elde edilen yağ, yüzde 70' den fazla doymamış yağ

asitleri, özellikle de yüksek düzeyde alfa-linolenik asit ve oleik asit içermektedir. İpekböceği pupaları kurutulmakta, ekstraksiyon, rafinasyon gibi işlemlerden geçirilerek saf, kokusuz, açık renkli pupa yağı elde edilebilmekte ve gıda, kozmetik, sağlık gibi çok çeşitli alanlarda kullanılmaktadır. İlaç endüstrisinde pupa yağının iltihap ve enfeksiyon önleyici ve lenfatik dolaşımı uyarıcı etkilerinden faydalanılmaktadır. Çin ve Japonya’da pupa yağı kullanılarak geliştirilmiş iki ilaç satışa sunulmuştur (Tomotake ve ark., 2010; Kumar ve ark., 2021; Tassoni ve ark., 2022; Habeanu ve ark., 2023). Hayvanlarda yapılan çalışmada pupa yağının lipit metabolizmasını düzenlediği ve karaciğer yağlanmasını azalttığı saptanmıştır (Liao ve ark., 2023). Ayrıca pupa yağ asitlerinin kalp damar hastalıkları üzerinde özellikle kalp krizi riskini azaltmada yararlı etkileri olabileceği belirtilmiştir (Kim ve ark., 2020). İpekböceği pupa yağı, krem, pudra, nemlendirici, losyon, deodorant, tonik ve sabun gibi birçok kozmetik ürünün üretiminde kullanılmaktadır. Pupa yağı ayrıca tekstil (jüt, ipek sanayi), boya, vernik, mum, plastik sektöründe de farklı amaçlarla kullanılabilir (Priyadharshini ve ark., 2017; Sharma ve ark., 2022).

Kitin

Kitin, böcekler, örümcekler, yengeçler, karidesler gibi eklem bacaklıların dış iskeletlerinde ve kabuklularda bulunan azotlu bir polisakkarittir. İpekböceği pupa derisi, pupa kuru ağırlığının yaklaşık % 4’ü düzeyinde kitinden oluşmaktadır. Kitinin birçok türevi bulunmaktadır ve bunlar arasında en önemlisi kitinden deasitle edilen kitosan’ dır. Kitin ve kitosan türevleri gıda, kozmetik, tarım, tıp, tekstil, kâğıt ve arıtma olmak üzere çeşitli sektörlerde geniş kullanım alanı bulmuştur. Kitin ve kitosan türevleri farmakolojide de ameliyat sonrası yaraların iyileştirilmesinde, bakteri ve mantar gelişiminin önlenmesinde, ilaç salınımının düzenlenmesinde ve kontak lens yapımında kullanılmaktadır (Singh ve Jayasomu, 2002; Ahamed ve Satry, 2011, Priyadharshini ve ark., 2017; Sadat ve ark., 2022).

Sonuç

İpekböceği yetiştiriciliği, binlerce yıldır yapılan ve özellikle kırsal alanda yaşayan insanlar için gelir ve istihdam kaynağı olan tarımsal bir faaliyettir. Dut ağaçlarının azalması ve ekonomik sebeplerden dolayı son yıllarda hem dünya hem de ülkemiz ipekböceği yetiştiriciliğinde gerileme yaşansa da ipek üretim sürecinde ortaya çıkan yan ürünlerin (dışkı, pupa, serizin vb.) bilimsel ve teknolojik gelişmeler ışığında gübre, yem, gıda, ilaç, kozmetik gibi sektörlerde katma değeri yüksek ürünlere dönüştürülme çabalarının ipek üretiminin artırılmasına katkı sağlayacağı beklenmektedir.

İpekböceği yetiştiriciliği ülkemizde 1500 yıldan beri geleneksel olan yapılan kültürel boyutu da önemli olan tarımsal bir faaliyettir. Sürekli kamu desteğine karşın, ülkemizde yıllara göre değişimle birlikte yaklaşık 25 ton ham ipek üretilmektedir (Şahan, 2011). Dolayısıyla yan ürün olarak yaklaşık 50 ton pupa ortaya çıkmaktadır. Ülkemizde de gübre ve yem olarak değerlendirilme potansiyeli olan pupaların katma değeri daha yüksek fonksiyonel ürünlere dönüştürülmesine yönelik çalışmaların yapılması, ülkemiz ipekböcekçiliğinin gelişmesine önemli katkı sağlayacaktır. Sonuç olarak, dünya nüfusunun yaklaşık 1/3’ünü oluşturan ve dünya ipek üretiminin % 95’ini üreten Çin ve Hindistan’da ipekböceği yan ürünlerini ve özellikle pupaları kullanarak sağlık, kozmetik, biyoteknoloji gibi farklı alanlarda katma değeri

yüksek ürünlere dönüştürme çabaları ipekböceği yetiştiriciliğini sadece ipek lifi üretmenin ötesine taşımaktadır.

Kaynaklar

- Ahamed, M. I. S., Satry, T. P., 2011. Wound dressing application of chitosan based bioactive compounds. *International Journal of Pharmacy and Life Sciences*, 2(8): 991-996.
- Akande, A. O., Jolayemi, O. S., Adelugba, V. A., Akande, S. T., 2020. Silkworm pupae (*Bombyx mori*) and locusts as alternative protein sources for high-energy biscuits. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 23: 234–241.
- Akbay, R. 1986. Arı ve İpekböceği Yetiştirme. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları: 956, Ders Kitabı: 276.
- Anonim, 1997. İpekböceği ve Dutçuluk. Bursa, İpekböceği Araştırma Enstitüsü Yayınları, 97.
- Anoothatho, S., Therdthai, N., Ritthiruangdej, P., 2019. Characterization of protein hydrolysate from silkworm pupae (*Bombyx mori*). *Journal of Food Processing and Preservation*, 43: e14021.
- Araujo, L. M., Filho, N. A. R., Riedi, C. A., 2014. Respiratory allergy to moth: The importance of sensitization to *Bombyx mori* in children with asthma and rhinitis. *Jornal de Pediatria*, 90(2): 176–181.
- Asimi, O.A., Bhat, T.H., Nasir, H., Irfan, K., 2017. Alternative source of protein “silkworm pupae” (*Bombyx mori*) in coldwater aquaculture. *International Journal of Poultry and Fisheries Sciences*, 1: 1–4.
- Bhattacharyya, P., Jha, S., Mandal, P., Ghosh, A., 2016. Artificial diet based silkworm rearing system-A Review. *International Journal of Pure and Applied Bioscience*, 4(6): 114-122.
- FAO, 1987. Silk Worm Rearing. FAO, United Nations, Rome, 2: (15) 2.
- Felix, M., Bascon, C., Cermeno, M., Fitz Gerald, R.J., de la Fuente, J., Carrera-Sanchez, C., 2020. Interfacial / foaming properties and antioxidant activity of a silkworm (*Bombyx mori*) pupae protein concentrate. *Food Hydrocolloids*, 103: 105645.
- Feng, Y., Chen, X. M., Zhao, M., He, Z., Sun, L., Wang, C.Y., Ding, W. F., 2018. Edible insects in China: Utilization and prospects. *Insect Science*, 25: 184–198.
- Gier, S., Verhoeckx, K., 2018. Insect (food) allergy and allergens. *Molecular Immunology*, 100: 82–106.
- Habeanu, M., Gheorghe, A., Mihalcea, T., 2023. Nutritional value of silkworm pupae (*Bombyx mori*) with emphases on fatty acids profile and their potential applications for humans and animals. *Insects*, 14 (3): 254.
- Imathiu, S., 2020. Benefits and food safety concerns associated with consumption of edible insects. *NFS Journal*, 18: 1–11.
- INSERCO, 2021. International Sericultural Commisioni, INSERCO, 2021 Statistics.
- Ioselevich, M., Steingab, H., Rajamurodov, Z., Drochner, W., 2004. Nutritive value of silkworm pupae for ruminants. *VDLUFA, Qualitätssicherung in landwirtschaftlichen Produktionssystemen*, Rostock, 116: 108.
- Ji, K. M., Zhan, Z. K., Chen, J. J., Liu, Z. G., 2008. Anaphylactic shock caused by silkworm pupa consumption in China. *Allergy*, 63(10): 1407-1408.

- Jintasataporn O., 2012. Production performance of broiler chickens fed with silkworm pupa (*Bombyx mori*). *Journal of Agricultural Sciences and Technology*, 2: 505-510.
- Kim, S.K., Weaver, C.M., Choi, M.K., 2016. Proximate composition and mineral content of five edible insects consumed in Korea. *CyTA—Journal of Food*, 15 (1): 143–146.
- Kim, Y.J., Lee, K.P., Kim, Y.T., Aek, S., Yoon, M.S., 2020. Inhibitory effect of modified silkworm pupae oil in PDGF-BB-induced proliferation and migration of vascular smooth muscle cells. *Food Science and Biotechnology*, 29:1091-1099.
- Kumar, R.V., Srivastava, D., Kumar, U., Kumar, M., Singh, P., 2021. Bioprospecting of omega-3 fatty acid from silkworm pupal oil: From molecular mechanism to biological activities. *Journal of Biologically Active Products from Nature*, 10: 495–506.
- Lepski, S., Brockmeyer, J., 2013. Impact of dietary factors and food processing on food allergy. *Molecular Nutrition & Food Research*, 57(1):145–152.
- Liao, A.M., Zhang, J., Thakur, K., Zhang, J.G., Wei, Z.J., 2023. Beneficial effects of silkworm (*Bombyx mori*) pupal oil on serum and hepatic lipid parameters in high fat diet fed rats. *Journal of Insects as Food and Feed*, 9 (1): 109–118.
- Liu, Z., Xia, L., Wu, Y., Xia, Q., Chen, J., Roux, K. H., 2009. Identification and characterization of an arginine kinase as a major allergen from silkworm (*Bombyx mori*) larvae. *International Archives of Allergy and Immunology*, 150 (1): 8–14.
- Mahanta, D.K., Komal, J., Samal, I., Bhoi, T.K., Dubey, V.K., Pradhan, K., Nekkanti, A., et al., 2023. Nutritional aspects and dietary benefits of “Silkworms”: Current scenario and future outlook. *Frontiers in Nutrition*, 10:1121508.
- Medhi, D., Nath, N.C., Gohain, A.K., Bhuyan, R., 2009. Effect of silk worm pupae meal on carcass characteristics and composition of meat in pigs. *Indian Veterinary Journal*, 86:816-818.
- Mitsuhashi J., 1997. Insects as traditional foods in Japan. *Ecology of Food and Nutrition*, 36:187-199.
- Ordóñez-Araque, R., Quishpillo-Miranda, N., Ramos-Guerrero, L., 2022. Edible insects for humans and animals: Nutritional composition and an option for mitigating environmental damage. *Insects*, 13(10): 944.
- Patil, S.R., Amena, S., Vikas, A., Rahul, P., Jagadeesh, K., Praveen, K., 2013. Utilization of silkworm litter and pupal waste-an eco-friendly approach for mass production of *Bacillus thuringiensis*. *Bioreserch Technology*, 131: 545–547.
- Paul, D., Dey, S., 2014. Essential amino acids, lipid profile and fat-soluble vitamins of the edible silkworm *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae). *International Journal of Tropical Insect Science*, 34: 239–247.
- Priyadarshini, P., Maria Joncy, A., Saratha, M., 2017. Industrial utilization of silkworm pupae – A review. *Journal of International Academic Research for Multidisciplinary*, 5(7): 62-70.
- Priyadarshini, P., Swathiga, G., 2021. Value addition of silkworm pupae. *Just Agriculture*, 2(1): 1-8.
- Ratcliffe, N. A., Mello, C. B., Garcia, E. S., Butt, T. M., Azambuja, P., 2011. Insect natural products and processes: New treatments for human disease. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 41(10):747–769.

- Reddy, R., Jiang, Q., Aramwit, P., Reddy, N., 2021. Litter to leaf: The unexplored potential of silk byproducts. *Trends in Biotechnology*, 39 (7): 706-717.
- Sadat, A., Biswas, T., Cardoso, M., Mondal, R., Ghosh, A., Dam, P., et al., 2022. Silkworm pupae as a future food with nutritional and medicinal benefits. *Current Opinion in Food Science*, 44:100818.
- Shahzadi, N., Tahir, H.M., Ali, S., Bhatti, M.F., Azizullah Khan, S.Y., Khaliq, A., 2022. An overview of sericulture and enhanced silk production in *Bombyx mori* L. (Lepidoptera: Bombycidae) through artificial diet supplementation. *Punjab University Journal of Zoology*, 37(1): 07-17.
- Shakoori, M., Gholipour, M., Naseri, S., 2013. Effect of replacing dietary fish meal with silkworm (*Bombyx mori*) pupae on hematological parameters of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. *Comparative Clinical Pathology*, 24: 139–143.
- Sharma, P., Bali, K., Sharma, A., Gupta, R.K., Attri, K., 2022. Potential use of sericultural by products: A review. *The Pharma Innovation Journal*, 11(8): 1154-1158.
- Sheikh, I.U., Banday, M.T., Baba, I.A., Adil, S., Nissa, S.S., Zaffer, B., Bulbul, K.H., 2018. Utilization of silkworm pupae meal as an alternative source of protein in the diet of livestock and poultry: A review. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 6(4): 1010-1016.
- Singh, K.P., Jayasomu, R.S., 2002. *Bombyx mori* – A review of its potential as a medicinal insect. *Pharmaceutical Biology*, 40 (1): 28-32.
- Stobernack, T., Zarske, M., Niedzwiecka, A., Zagon, J., Steinhilber, A., Poetz, O., Herfurth, U.M., 2023. LC-MS-based detection of silkworm pupae in feed with and without prior immunoaffinity enrichment. *Journal of Insects as Food and Feed*, 9(4): 463-474.
- Şahan, Ü. 2011. İpekböcekçiliği. Bursa, Dora Yayıncılık Ltd. Şti.
- Tassoni, L., Cappellozza, S., Dalle Zotte, A., Belluco, S., Antonelli, P., Marzoli, F., Saviane, A., 2022. Nutritional composition of *Bombyx mori* pupae: A systematic review. *Insects*, 13 (7): 644.
- Tomotake, H., Katagiri, M., Yamato, M., 2010. Silkworm pupae (*Bombyx mori*) are new sources of high quality protein and lipid. *Journal of Nutritional Science and Vitaminology*, 56: 446–448.
- Valerie, H., Tran, G., Giger-Reverdin, S., Lebas, F., 2015. Silkworm pupae meal. Feedipedia, a programme by INRA, CIRAD, AFZ and FAO.
- Verhoeckx, K. C. M., Vissers, Y. M., Baumert, J. L., Faludi, R., Feys, M., Flanagan, S., et al., 2015. Food processing and allergenicity. *Food and Chemical Toxicology*, 80: 223-240.
- Wu, X., He, K., Velickovic, TC., Liu, Z., 2021. Nutritional, functional, and allergenic properties of silkworm Pupae. *Food Science & Nutrition*, 9:4655–4665.
- Xiang, Z., Huang, J., Xia, J., Lu, C., 2005. *Biology of Sericulture*. Beijing, China, China Forestry Publishing House.
- Ying, L.Y., Seng, N.S.S., Mustapha, W.A.W., Razalli, N.S.M., 2022. . Physicochemical characteristics and microbiological quality of silkworm (*Bombyx mori*) larval and pupae powder: Comparative study. *Sains Malaysiana*, 51(2): 547-558.
- Yhoun-Aree, J., Puwastien, P., Attig, G.A., 1997. Edible insects in Thailand: An unconventional protein source. *Ecology of Food and Nutrition*, 36:133-149.

- Zhou, J., Han, D., 2006. Safety evaluation of protein of silkworm (*Antheraea pernyi*) pupae. Food and Chemical Toxicology, 44(7): 1123–1130.
- Zhou, Y., Zhou, S., Duan, H., Wang, J., Yan, W., 2022. Silkworm pupae: A functional food with health benefits for humans. Foods, 11 (11): 1594.



Genetik Belirteçler ve Hayvan Yetiştiriciliğinde Uygulamaları

M. Furkan ÜSTÜN¹, Hasan KOYUN^{*1}

¹Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü, 65100, Van, Türkiye

M. Furkan ÜSTÜN, ORCID No: [0009-0008-4219-070X](https://orcid.org/0009-0008-4219-070X), Hasan KOYUN, ORCID No: [0000-0001-9424-6850](https://orcid.org/0000-0001-9424-6850),

MAKALE BİLGİSİ

ÖZ

Derleme

Bu makale, 26-28 Ekim 2023 tarihlerinde 16. Ulusal Zootečni kongresinde sözlü bildiri olarak sunulmuştur.

Geliş: 29.07.2024

Kabul: 28.11.2024

Anahtar Kelimeler

Hayvansal üretim
Genetik belirteçler
Genetik polimorfizm
Moleküler uygulamalar

* Sorumlu Yazar

hkoyun@yyu.edu.tr

DNA dizilimlerinde genetik polimorfizmlerin keşfedilmesi, hayvanlarda gözlemlenen fenotipik varyasyonu açıklamak için yeni araçlar sunmuştur. Belirli lokuslarda allelik varyasyonun ortaya koyulması, bu çeşitliliğin anlaşılması amacıyla genetik belirteçler kullanılması yaygın hale gelmektedir. Bu da, çiftlik hayvanlarındaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesine, ebeveyn kontrolüne ve hastalık vektörlerinin belirlenmesinin yanında ekonomik öneme sahip özelliklerde rol oynayan önemli gen ve/veya genlerin tanımlanmasına (QTL ve MAS) olanak sağlamıştır. Bu çalışmada, son yıllarda hayvansal üretimde yaygın olarak kullanılan genetik belirteçlerin belirlenmesinde kullanılan yaygın yöntemlere (AFLP, RAPD, RFLP, SSCP, mikrosatellit işaretleyiciler, STR ve SNP) yer verilmiş ve uygulama alanları değerlendirilmiştir.

Genetic Markers and Their Applications in Animal Breeding

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Review

This article was presented as an oral presentation at the 16th National Animal Science Congress on 26-28 October 2023.

Received : 29.07.2024

Accepted : 28.11.2024

Keywords

Animal Production
Genetic Markers
Genetic polymorphisms
Molecular Applications

* Corresponding Author

hkoyun@yyu.edu.tr

The discovery of genetic polymorphisms in DNA sequences has opened up new possibilities for explaining phenotypic variation in animals. It is becoming increasingly common to uncover allelic variations at specific loci and to use genetic markers to understand these variations. This has made it possible to find disease-carrying animals and measure genetic diversity in animal breeding. It has also helped to find important genes and genes involved in economically important traits (QTL and MAS). In this study, common methods (AFLP, RAPD, RFLP, SSCP, microsatellite markers, STR and SNP) that have been used in recent years in the determination of genetic markers widely used in animal production were included and their areas of application were evaluated.

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Üstün, MF., Koyun, H., 2024. Genetik belirteçler ve hayvancılıkta uygulamaları, Journal of Animal Science and Products (JASP) 7 (2):166-184. DOI: [10.51970/jasp.1524234](https://doi.org/10.51970/jasp.1524234)

Giriş

Hayvancılık, insanoğlunun binlerce yıl boyunca temel besin kaynağı olmuş ve günümüzde, hala önemini koruyan, son derece gereksinim duyulan bir gıda sektörüdür. Hayvancılık et, süt ve süt ürünleri, döl, yumurta, bal vb. verimleri ile yapı, deri gibi diğer hayvansal ürünleri elde etmeyi sağlamakla kalmaz, tarım sektörünün ekonomik açıdan devamında önemli bir yere sahiptir. Dolayısıyla verimli ve sağlıklı hayvanların yetiştirilmesi (hayvancılık), tarım sektörünün sürdürülebilirliği ve ekonomik karlılığı açısından kritik bir öneme sahiptir.

Son kırk yıl içerisinde özellikle moleküler düzeyde araştırma yapabilmek için sağlanan, gelişmekte olan teknolojilerle birlikte moleküler genetik başta olmak üzere hayvancılık araştırmalarında (genetik, ıslah-yetiştirme, besleme ve hastalıklar) kullanılmak üzere özgün yöntemler geliştirilmiştir.

Bu yöntemler pratikte uygulanabilir hale gelmiş, farklı canlı türlerinde gerçekleşen karmaşık fizyolojik olayların (hastalık, besleme, üreme) ve çoğu verim kalıtımının gen düzeyinde saptanabilmesi yönünde kolaylık sağlamıştır. Böylece hayvancılıkla ilişkili geniş ve yeni çalışma alanlarına olanak sağlamıştır. Bu sebeple moleküler genetiğin çalışma yöntemlerinden sağlanan yeni gelişmeler, karmaşık gen yapılarının ve işlevlerinin saptanmasına ve anlaşılmasına yönelik oldukça önemli bilgilerin elde edilmesine olanak sağlamıştır (Mitra ve ark., 1999; Vaiman, 1999; Koyun ve Okut, 2007; Qureshi ve ark., 2014).

Moleküler Genetik Belirteçler (İşaretleyiciler)

Genetik belirteç veya işaretleyici; canlının bir kromozomu üzerinde fiziksel konumu bilinen bir DNA dizisidir. İster fenotipik ister genotipik olsun, bir farklılık, eğer bir bireyin genotipi ve/veya fenotipinin özelliklerini tanımlıyorsa ve kalıtımı farklı nesiller boyunca takip edilebiliyorsa, genetik bir belirteç görevi görebilir. Genetik belirteçler, canlı genomuna sıkça dağılmış, kimi zaman düzgün tekrarlı motiflerde rastlanılan, genellikle, amino asit kodlaması yapmayan yani işlevsel olmayan intron DNA bölgelerinde bulunurlar (mini ve mikrosatellitler gibi). Bu belirteçler, genlerin yanı sıra genomun belirli özgün noktaları işaret etme ve tespit edilmelerine yardımcı olurlar. Başka bir deyimle belirteçler canlının genomik yapısında meydana gelen değişiklikleri belirlemeye yardımcı olur. Bundan dolayı genetik belirteçler genetik analiz ve araştırmalarda kullanılan önemli araçlardır. Genomların özgün bölgelerini saptayıp tanımlamak için birden fazla belirteç sistemi kullanılmaktadır. Bunlar morfolojik, protein ve nükleik asit tabanlı (DNA, RNA) belirteçler olmak üzere 3 tiptedir (Liu, 1998; Beuzen ve ark., 2000; Teneva, 2009; Yorgancılar ve ark., 2015; Dumbovic ve ark., 2017).

Morfolojik belirteçler

Morfolojik belirteçler insan, hayvan ve bitkilerde fenotipik verileri değerlendirerek genotipik farklılıkları tespit etmek için kullanılan bir yöntem olmakla beraber genetik çalışmalarında kullanılmaktadır. Geleneksel olarak, hayvan ırklarının genetik ıslahı fenotipik seleksiyona dayanmaktadır. Geçtiğimiz yüzyıl, genetik tepkinin doğru seçimi ve tahminine yönelik niceliksel teori ve metodolojinin gelişmesiyle karakterize edilmiştir. Morfolojik belirteçlerde yapılan ilk çalışmalar kanatlılarda kanat yapısı, büyük ve küçükbaşlarda post

rengi, boynuzluluk gibi kolay gözlemlenebilir Mendel kalıtımı üzerine yapılmıştır. Ancak morfolojik belirteçlerin gözlemlenmesi kolay olmasına rağmen karakterin cinsiyete bağlılığı, düşük kalıtım derecesi göstermesi, alel sayılarının yetersiz, polimorfizmin nispeten düşük olması, epistatik etkilere maruz kalması ve aynı zamanda çevresel faktörlerden etkilenmesi gibi nedenlerden dolayı hedef özelliğin tespitinin zaman alması sebebiyle kullanım alanı sınırlıdır (Liu, 1998; Othman ve ark., 2012; Teneva, 2009).

Protein belirteçler

Protein belirteçler morfolojik belirteçlere göre daha güvenilir sonuçlar vermektir. Ancak bu yöntem de genom işaretleyiciler pratik ve yeterli bulunmamıştır. Çünkü protein sistemleri (kan antijenleri, izoenzim belirteçleri, kan ve doku proteinleri) polimorfizm bakımından yetersiz olup genomda bulunma dereceleri düşüktür (Mercan ve Okumuş, 2004).

Nükleik Asit Tabanlı Belirteçler

RNA belirteçler

Organizmaların filogenetik analizleri ile tür ve tür içi genetik varyantların tespitinde en çok tercih edilen moleküler belirteçlerden biri Ribozomal RNA (rRNA) gen bölgesidir. Bu etiketleme sisteminin avantajları yüksek polimorfizm, kolay analiz, kısa sürede sonuç alınması, çevre koşullarından etkilenmemesi ve düşük maliyetidir. Öte yandan, rRNA belirteçler türler arasındaki akrabalık derecelerinin belirlenmesi, genetik karakterizasyonu, ıslah çalışmaları ve genetik materyallerin değerlendirilmesi açısından önemli bulunup ve gelecekte yapılacak olan daha gelişmiş ve geniş kapsamlı benzer çalışmaların da önünü açacağı düşünülmektedir. Ayrıca domuzlar için ıslah programlarının çoğu et-kas kütlesi, kas lifinin yapısı, et rengi ve pH gibi kas özelliklerini iyileştirmeye odaklanmıştır. Tüm genom ekspresyon profillerini analiz etmek ve domuzlardaki ekonomik açıdan önemli özelliklerle ilişkili genleri seçmek için cDNA mikrodizi yöntemi (RNA-seq) bu alanda oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır (Ropka-Molik ve ark., 2014; Eker ve Kolören 2017).

DNA belirteçler

Günümüzde en fazla kullanılan yöntem olan DNA belirteçler bir tür içindeki farklı bireylerde görülen polimorfizimleri gösteren özgün DNA bölgelerine denir. Ayrıca genetik varyasyonun nükleotid mutasyonlarını belirleyecek yöntemler araştırmacıları DNA belirteçlere yönlendirmiştir. Polimeraz zincir reaksiyonunun (PCR) bulunması ile genetik çalışmalarda PCR bazlı belirteçler daha çok tercih edilmeye başlanmıştır. Bu yöntem genomun özgün bölgelerini laboratuvar ortamında agaroz jel- elektroforez yöntemiyle görüntülemesine olanak sağlamıştır. Ayrıca hızlı gelişmeye bağlı olarak bu yöntem daha ekonomik, kolay, hızlı ve polimorfik olmalarından dolayı daha çok tercih edilmeye başlanmıştır. DNA tabanlı belirteçler (RFLP, RAPD, AFLP, SSCP, STR ve SNP) gerek bitki gerek insan ve hayvan genomik çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Liu, 1998; Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015; Reshma ve Das, 2021).

RAPD (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA)

Bu yöntem nükleotid dizisi rastgele seçilmiş kısa zincirli PCR ile DNA da seçilen yerlerin çoğaltıldığı bir polimorfizm saptama yöntemidir. Burada nükleotid uzunluğu 6-10 bp olup DNA'lar kullanılarak genom üzerinde seçilen bölgeler rastgele çoğaltılmaktadır. Yöntemin hızlı sonuç vermesi, düşük maliyet, az iş gücü ve az miktarda DNA ile polimorfizm oranının yüksek olması gibi yararları olsa da güvenilirliğinin, tekrarlanma oranının düşüklüğü ve dominant kalıtım sergilemeleri ise istenmeyen özelliklere sahiptir (Kaçamaklı ve Akşit, 2011).

Bu yöntemle hayvancılıkta yapılan araştırmalara ise sığırlarda; genomik polimorfizm (Rincón ve ark., 2000), akrabalı yetiştirme tahmini (Bhattacharya ve ark., 2003), genetik çeşitlilik (Hassen ve ark., 2007), mastitis (Mustopa ark., 2018). Koyunlarda; genetik tanımlama ve gen haritalama (Cushwa ve ark., 1996), kuzularda et kalitesi özellikleri (Malau-aduli ve ark., 2006) ve DNA Polimorfizmi (Elmacı ve ark., 2007) örnek verilebilir.

AFLP (Çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi)

Temelde genomik DNA'nın kesim enzimleri sayesinde parçalara ayrıldıktan sonra ortaya çıkan yeni parçaların uygun primerlerle, PCR ile çoğaltma esasına dayanmaktadır. Bu yöntemin avantajları polimorfizm oranının yüksek olması ve masraf, iş gücü ve zamandan tasarruf etmesidir. Ancak yöntemin çoğunlukla dominant karakter sergilemesi, farklı genetik haritalar arasında transferin zor olması sebebiyle analizlerde güçlükler çıkmaktadır (Vos ve ark., 1995; Al-Samarai ve Al-Kazaz, 2015).

Bu yöntemle hayvancılıkta yapılan çalışmalar sığırlarda; filogenetik ilişki (Buntjer ve ark., 2002), ırk tayini (Negrini ve ark., 2007). Koyunlarda; genetik varyasyon analizleri (Bogani ve ark., 2001). Keçilerde; genetik uzaklık (Ajmone-Marsan ark., 2002). Atlarda; genetik hastalıklara karşı seleksiyon (Silvestrelli ve ark., 1999), gen ekspresyonu (Verini ve ark., 2003), gibi araştırmalar örnek verilebilir.

RFLP (Sınırlı parça uzunlukları polimorfizmi)

DNA kesici enzim bölgelerinin farklı olan yerlerinde homolog DNA molekülleri arasındaki farkın ortaya koyulmasında faydalı bir yöntemdir. RFLP, DNA'nın özgün kesim (endonükleazlar) enzimleriyle oluşan farklı uzunluklarda DNA parçalarının analizidir. RFLP yöntemi sayesinde analiz, genom haritalama ve genetik hastalık tayininde önemli bir araç olarak kullanılmıştır ancak son çıkan yöntemler ve teknikler sebebiyle yavaş ve maliyetli bulunduğu için kullanımı sınırlı kalmıştır (Chaudhary ve Kumar, 2020).

Bu yöntemle hayvancılıkta yapılan çalışmalarda ise sığırlarda; büyüme özellikleri (Zhang ve ark., 2009), et tiplerinin tanımlanması (Haider ve ark., 2012), tüberküloz ve hastalık tespiti (Oryan ve ark., 2022). Koyunlarda; filogenetik sınıflandırma ve tür tanımlaması (Sedighe ve ark., 2019). Domuzlarda; büyüme hızı ve karkas kalitesi (Pierzchała ve ark., 2004), büyüme hormonu ve gen polimorfizmi (Bižienė ve ark., 2011). Kanatlılarda; filogenetik ilişkinin belirlenmesi (Karlı ve ark. 2020) gibi örnek verilebilir.

SSR (Tek dizi tekrarları)

SSR'ler veya STR'ler genom boyunca dağılmış olarak türden türe ve kromozomdan kromozoma değişiklik gösterirler. Bunlar yüksek oranda korunmuş diziler olup kısa ardışık tekrarlar olarak da bilinen mini ve mikrosatellitler (STR) belirteçleridir. Prokaryotik ve

ökaryotik genomlarda yaygın ve dağınık olarak bulunurlar. Mikrosatellit tekrar dizileri genellikle ikili, üçlü ve dördü kopya nükleotid dizilerdir. Memeli (özellikle insan) genomunda CA ve TG mikrosatellit tekrar dizileri en bol olanlardır. Baz dizisi olarak yaklaşık 200-600 baz çifti uzunluğunda değişebilir. Art arda tekrarlı motiflerin boyutları 1 ila 6 bc arasında değiştiği gibi bazı genomlar 102 bc'ne kadar tekrarlanan motiflere sahip olabilirler. Mikrosatellitler fazla polimorfik yapıya sahip olup, ko-dominant karakterlidirler. PCR ve kapillar elektroforez teknolojisine uygunluğu, kolay ve hesaplı genotipleme işlemlerine olanak sağlamaktadır. Mikrosatellit belirteçler çiftlik hayvanları ve diğer organizmaların gen tanımlama, gen ekleme-çıkarma, hastalık ve diğer verimlere etkiyen kromozom ve genom bölgelerinin bulunması (gen haritalama), DNA düzeyinde ebeveyn tayini, forenzik ve filogenetik parametrelerin tahmini çalışmalarında oldukça yaygın olarak kullanılmaktadır (Koyun, 2004; Kalia ve ark., 2011; Weber ve May, (1989) ve Liu (1998) atfen Özşensoy ve Kurar, 2012; Marwal ve ark., 2014).

Bu yöntemle yapılan araştırmalara sığırlarda; DNA mutasyonlarının belirlenmesi (Machugh ve ark., 1994), ebeveyn kontrolü (Glowatzki-Mullis ve ark., 1995), süt verimi ve somatik hücre sayısı (Ashwell ve ark., 1997), gen haritalama (Ihara ve ark., 2004), genetik çeşitlilik (Pandey ve ark., 2006). Koyunlarda; ikizlik ve döl verimi (Montgomery ve ark., 1994), genetik varyasyon (Vajed Ebrahimi ve ark., 2017). Domuzlarda; et kalitesinin geliştirilmesi (Lee ve ark., 2011). Kanatlılarda ve Atlarda; gen haritalama (Cheng ve Crittenden, 1994; Shiue ve ark., 1999); örnek verilebilir.

SNP (Tek nükleotit polimorfizmi)

SNP genomun herhangi bir bölgesinde oluşan tek nükleotid'deki dizilim farklılıklarıdır. Bitkiler ve hayvanlar, tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) ile karakterize edilen genomlara sahiptirler. SNP'ler genomlardaki genetik çeşitliliğin en küçük birimi ve en yaygın türleridir. SNP belirteçleri bialeliktir ve aleller hakkında doğru bilgi verirler. SNP'ler çeşitli şekillerde kullanılabilir; örneğin; yüksek çözünürlüklü insan ve hayvan genetik haritaları, çiftlik hayvan genomlarındaki kantitatif verim özellikleri haritamada (QTL haritalama) yaygın şekilde kullanılmaktadır (Ebegbulem ve Ozung, 2013; Yadav ve ark., 2019; Koyun ve ark., 2021).

Son dönemlerde SNP'lerin tanımlanması ve genomda yoğun derecede bulunması ile genomda kararlı bir şekilde dağılım göstermesi, net sonuç vermesi, basit oluşu ve kolay tekrarlanabilir oluşu sebebiyle son zamanlarda tercih edilen bir yöntem olmuştur. Ancak bu yöntem de iki allele sahip olan SNP belirtecinin polimorfizm oranı düşük olduğundan daha fazla polimorfizm dizi bilgisine ihtiyaç duyulması, her lokusta görüntülenememesi gibi çeşitli handikaplar oluşmaktadır ve dezavantaj olarak görülmektedir (Smigielski ve ark., 2000; Gupta ve ark., 2008).

Sığırlarda; genom dizilimi analizi (Stothard ve ark., 2011), akrabalı yetiştirme tahmini (Zhang ve ark., 2015), süt üretim özellikleri (Chamberlain ve ark., 2012), karkas ve et kalitesi özellikleri (Shin ve Chung, 2006). Koyunlarda; ırklarda genetik yapı (Kijas ve ark., 2009), miyostatin geni ve kas hipertrofisi ile ilişkisi (Gan ve ark., 2008), sütteki yağ asidi içeriği (Moioli ve ark., 2013). Domuzlarda; üreme özellikleri (Uimari ve ark., 2011), et kalitesi için QTL analizi (Kim ve ark., 2011). Atlarda; genetik çeşitlilik (Petersen ve ark., 2013), popülasyon büyüklük tahmini (Do ve ark., 2014) için yapılan araştırmalar örnek verilebilir.

SSCP (Tek iplikli konformasyon polimorfizmi)

Tek iplikli konformasyon polimorfizmi (SSCP) analizi, PCR ile güçlendirilmiş olan genomik DNA fragmanlarındaki bilinmeyen ürünlerin ve dizileri farklı olan DNA örneklerinin hızlı tespitine olanak sağlayan ucuz ve kullanışlı bir genetik tarama yöntemidir. Bu yöntem onko ve tümör baskılayıcı genler ve genetik hastalıklardan sorumlu mutasyonları tespit etmek ve DNA polimorfizmlerinin saptanması için kullanılmaktadır (Hayashi ve Yandell, 1993; Vidal-Puig ve Moller, 1994).

Bu metodla yapılan araştırmalarda sığırlarda; süt performansı özellikleri (Brym ve ark., 2004), et kalitesi ve karkas özellikleri (Chung ve ark., 2008), mastitiste genetik polimorfizm analizi (Sen ve ark., 2015), büyüme hormonu varyasyonu (Yao ve ark., 1996). Koyunlarda; kalpastanın ve kalpain genlerinin genetik varyasyonu (Dehnavi ve ark., 2012), miyostatin geni polimorfizmi (Azari ve ark., 2012), kazein geni polimorfizmi (Othman ve ark., 2013) örnek verilebilir.

Genetik Belirteçlerin Uygulama Alanları

Ebeveyn tayini

Ebeveyn tayini, hayvanın potansiyel değerinin belirlenmesinde ve damızlık seçiminde büyük önem taşımaktadır. Bu yöntemin amacı ise ana ve babadan gelen genlerin soy aktarım ve kimlik tespitinde, yetiştiriciler ve pedigree kayıtları için güçlü ve etkili genetik araçlar oluşturmaktır (Cerit ve Avanus, 2007).

Döllerde cinsiyetin belirlenmesi

Yavru cinsiyetinin belirlenmesi, hayvan yetiştiriciliği için verim yönü bakımından oldukça önemlidir. Besicilik yapılacaksa erkek, süt üretimi yapılacaksa dişi olması arzu edilir yani sürüde istenen amaca göre düzenlenmesine olanak sağlayan oldukça önemli bir araçtır. Bundan dolayı doğacak olan buzağuların cinsiyetlerinin önceden belirlenmesi yetiştiricilik için bazı avantajları da beraberinde getirmektedir. Örnek olarak her işletme kendi programına göre hayvan tedarik edebilir ve üretim stratejisine 6-7 ay öncesinden başlayabilir ve uygulayabilir. Erken dönemde embriyo cinsiyetinin belirlenmesi için 16-32 hücre seviyesine ulaşıldığında blastomer hücreleri alınarak PCR yöntemiyle cinsiyet tayini yapılabilmektedir. İn vitro koşullarda biyopsi ile çoğaltılan embriyolar daha sonraki aşamada Y kromozomuna özgü dizileri tanıyan primerlerin PCR ile çoğaltılması yeterli olmakta ve 5 gün gibi kısa süre içerisinde %98 oranında kesin sinyaller vermektedir (Peura ve ark., 1991; Machaty ve ark., 1993; Thibier ve Nibart, 1995).

Freemartinizm olgusunun tespiti

Freemartinizm sendromu farklı cinsiyetlerde (XX/XY) ikiz gebelik mevcut olduğunu göstermektedir. Bu gebelikten doğan dişi yavrularda kısırılık meydana gelebilmektedir ki, yavruların her ikisi dişi olduğunda yaklaşık %82.5 olan bu oran farklı cinsiyette olduklarında % 92 seviyelerine çıkabilmektedir. Biri erkek diğeri dişi olan ikiz yavrulardan dişi olanın kısır olması şeklinde tanımlanan ve yetiştiricilik ile ilgilenen üreticiler için ciddi ekonomik kayıplara neden olan freemartinizm olgusunun tespiti sitogenetik ve moleküler yöntemlerle belirlenebilmektedir. Ancak buzağuların damızlık potansiyelinin belirlenmesi açısından

freemartinizmin erken teşhisi oldukça önemlidir. Freemartinizmin erken tanımlanması Y' kromozomuna özgü primerler, aracılığıyla PCR tekniği sayesinde sitogenetik ve moleküler yöntemlerle gerçekleştirilmektedir (Nowacka ve ark., 2004; Akyüz ve ark., 2011).

Taşıyıcı hastalık genlerinin belirlenmesi ve genetik hastalıkların kontrolü

Kalıtsal hastalıklar ebeveynlerden döllere aktarılan genetik materyallerin mutasyonu sonucunda kaynaklanmaktadır. Böylece hayvan sağlığını ve verimini olumsuz etkileyerek veya embriyonik ölümlere neden olarak fertilitiyi azaltan hastalıklar olarak tanımlanmaktadır. Bu tür hastalıklara, mutasyonların aminoasit kodonlarında değişim oluşturmalarına ve dolayısıyla bozuk veya düzensiz protein sentezine ya da protein sentezinin durmasına neden olmaktadır. Böylece çiftlik hayvanlarında ciddi anlamda bir verim düşüşü ve ekonomik kayıplar görülmektedir. Bu yüzden kalıtsal hastalıkların moleküler düzeyde işleyişlerini bilmek, hastalıkları sürüden uzaklaştırmada oldukça öneme sahiptir (Prajapati ve ark., 2017).

Genetik haritalarının oluşturulması

Hayvanlarda moleküler belirteç uygulamalarının gelişmesi beraberinde yüksek yoğunlukta genom haritalarının oluşturulmasına olanak sağlar. Genom haritaları ile genlerin ve belirteçlerin kromozomlar üzerinde bulunduğu yerler ve birbirleriyle olan uzaklıkları belirlenir. Crossing-over olayından yararlanılarak bağlı genlerin dizilişi ve aralarındaki uzaklık bulunması sonucu genetik haritalar yapılmaktadır. Yani belirteç lokusu ile üzerinde durulan gen bölgesi arasındaki crossing-over oranı kullanılarak aralarındaki mesafe santi-Morgan (cM) cinsinden tahmin edilebilmektedir (Genetik Bağlantı Haritaları). Gen haritalarının oluşturulmasında farklı türlerin genomları arasında homolog genlerin ve korunmuş gen bölgelerinin tanımlandığı yazılım çatıları (synteny), fiziki kromozom, bağlantı ve kıyaslamalı haritalama gibi çok çeşitli haritalama yöntemleri kullanılmaktadır. Bu yolla çiftlik hayvanlarının genom haritaları oluşturulmasında genel olarak bağlantı haritalaması ve karşılaştırılmalı haritalama yöntemleri kullanılmaktadır (Womack ve ark.,1997; Passarge, 2000; Koyun, 2004).

QTL (kantitatif özellik lokusları)

Gen belirteçler temel alınarak yapılan Genetik Bağlantı Haritası'ndan sonraki aşama Kantitatif Özellik Lokusları (QTL)'nin kromozom üzerinde belirlemesi yani haritalanmasıdır. Ekonomik öneme sahip olan fenotipik varyasyonların, genetik oranı birden çok çevre etkenleri ve eklemeli gen etkisine maruz kaldığından dolayı, basit mendel kalıtımı göstermez. Bu nedenle özelliklerin varyasyon kaynaklarını tespit etmek için yapılacak genetik çalışmalarda oldukça karmaşık ve zor olmaktadır. QTL ile gen belirteçleri arasındaki bağlantı istatistiksel olarak belirlenmesi ilgili genomdaki QTL'lerin saptanıp, güvenilir ve doğru bir şekilde kromozomlar üzerinde haritalanması için oldukça önemlidir. Eğer ilişki istatistiksel olarak anlamlı ise belirteçlerin QTL ile aynı kromozomda birbirlerine bağlılığı söz konusudur. Tüm bu aşamada gerçekleşen istatistiksel analiz sürecine QTL belirleme veya QTL haritalama denilmektedir. Her şeyden önce burada kullanılan genetik belirleyicinin eş-baskın (co-dominant) yapıda olması ve polimorfik yapısının yüksek olması, QTL-belirteç arasındaki ilişki varlığının istatistiksel açıdan ortaya çıkarmasında oldukça önemli rol oynar. Böyle belirteçler istatistiksel analizin hem çok güçlü hem de çok daha isabetli olmasını sağlar. QTL belirleme söz konusu gen etkileri yanı sıra

QTL belirteç ilişkisi üzerinden de damızlık değer belirleme ile birlikte istatistiksel ölçümü daha doğru yapılmasında mümkün kılmaktadır (Visscher ve ark., 1996; Bovenhuis ve ark., 1997; Hayes, 2007; Koyun ve Okut, 2007).

Tablo1. Bazı Çiftlik Hayvan Türlerindeki QTL Bölgeleri (Kaynak: QTL Database, 2023).

Hayvan	QTL Bölgesi ve Kantitatif Verim Yönü	Belirteç Türü	Yazar ve Kaynakça
Sığır	BTA 10, süt protein verimi	SNP	(Meredith ve ark., 2012)
	BTA 20, Karkas Verim Derecesi	SNP	(Saatchi ve ark., 2014)
	BTA 03, BTA13 Doğurganlık İndeksi	SNP	(Höglund ve ark., 2014)
	BTA 10, Mastitis Somatik Hücre Skoru	SNP	(Cole ve ark., 2011)
Koyun	OA 2, Süt Yağı Yüzdesi	Mikrosatellitler	(Gutiérrez-Gil ve ark., 2009)
	OA 6, Karkas Kas Yoğunluğu	SNP	(Matika, ve ark., 2016)
	OA 21, Gebelik Oranı	SNP	(Ramos ve ark., 2023)
	OA 23, İmmünoglobulin E düzeyi	Mikrosatellitler	(Crawford ve ark., 2006)
Domuz	SSC 17, Kaslar Arası Yağ İçeriği	SNP	(Fontanesi ve ark., 2017)
	SSC 16, İlk Yavrulama Yaşı	SNP	(Wang ve ark., 2018)
	SSC 13, Bruselloz Duyarlılığı	SNP	(Fabbri ve ark., 2022)
	SSC 12, Agresif Davranış	SNP	(Guo ve ark., 2022)
Kanatlı	GGA 20, Yumurta Üretim Oranı	SNP	(Romé ve ark., 2015)
	GGA 7, Kas Lifi Yoğunluğu	SNP	(Chen ve ark., 2013)
	GGA 24, Yumurtalık Yüzdesi	SNP	(Sun ve ark., 2018)
	GGA 28, Kuş Gribi Duyarlılığı	SNP	(Drobik-Czwarno, ve ark., 2018)
At	EC 31, Yarış Performansı	SNP	(Velie ve ark., 2018)
	EC 20, Genel Vücut Büyüklüğü	SNP	(Staiger ve ark., 2016)
	EC 26, Sperm Konsantrasyonu	SNP	(Gottschalk ve ark., 2016)
	EC 31, İrtifa Adaptasyonu	SNP	(Hendrickson, 2013)

Belirteç destekli seleksiyon (MAS)

Hayvancılıkta kantitatif özellikler genellikle yüksek ekonomik değere sahip olup, bireylerin genetik ıslah uygulamalarında dikkatle ve sıkça kullanılmaktadır. Bu özellikler daha önce de belirtildiği gibi çevresel faktörlerden etkilenmekte ve çok sayıda küçük etkili genler tarafından da kontrol edilmektedir. Hayvancılıkta geleneksel yöntemler aracılığı ile uzun yıllar hayvanın fenotipik bilgilerine bakılarak damızlıklar seçilmekteydi. Ancak bu yöntemler günümüzde gerek ekonomik açıdan gerekse de iş ve zaman verimliliği açısından yetersiz kalmaktadır. Son dönemlerde moleküler belirteçlerin geliştirilip, yaygınlaştırılması hayvancılığa ciddi katkılar sağlamıştır.

Belirteç Destekli Seleksiyon (MAS) dolaylı olarak uygulanan bir seleksiyon yöntemidir. Başka bir deyimle, özelliğin kendisini seçmeyi, arzu edilen özellik ile ilişkili veya yakın olan

(morfolojik, biyokimyasal ve moleküler) belirteçleri kullanarak seçme işidir. Öte yandan, MAS'ın uygulanabilmesi için arzu edilen özellikten sorumlu kantitatif özellik lokusları (QTL) ile çalışılan belirteç(ler) arasındaki bağlantı ve ilişkininin varlığı saptanarak, kromozom üzerindeki mesafelerinin bulunmasını da içermektedir. Potansiyel QTL bölgesinin, belirteçlerle test edebileceği hedef popülasyonlarda doğrulanması ve hayvanların genotiplerinin belirlenip, belirteçler arasındaki bağlantı tanımlandığı takdirde seleksiyon programında kullanılabilir. Genel olarak ölçümü zor ve pahalı olan ve kalıtım derecesi düşük ve cinsiyete bağlı olan özellikler üzerinde MAS'ın etkisi oldukça yüksek olabilmektedir. Bir belirtecin lokusu ile bir QTL arasındaki ilişki kesin olarak netleştirilmesiyle bireylere aktarılan QTL allelini belirlemek de mümkündür. Böylece edinilen genetik bilgiler ıslah programlarında kullanılabilir. MAS, yetiştiriciliği yapılan popülasyonlarda mevcut olan genetik varyasyondan yararlanmayı kolaylaştırdığı gibi, istenilen özelliklerin genetik ilerlemesi ve verim seviyelerinin yükseltilmesinde de kullanılabilir. Ayrıca klasik seleksiyon yöntemlerine göre generasyonlar arası süre kısalmaya için seleksiyonda isabet derecesinin artmasına ve işletmelerde bakım-besleme-sağlık masraflarının düşmesine yardımcı olmaktadır.

Buna ek olarak, MAS uygulamaları pratikte günümüz ıslah yöntemlerinin etkinliğini artırmakla kalmayacak, ayrıca yeni özelliklerin seleksiyonu için de yeni olanaklar sağlayacaktır (Haley ve Visscher, (1999) atfen Gürses ve Bayraktar, 2014; Mitra ve ark., 1999; Hayes, 2007; Koyun ve Okut, 2007; Bayraktar, 2020).

Genom boyu ilişkilendirme çalışmaları (GWAS)

QTL haritalaması 1990'lı yıllarda büyük ölçüde mikrosatellit işaretleyicilerine dayalı yapılmıştır. Bu haritaların kısıtlı veya sınırlı alel frekanslı olmaları, geliştirilmeleri ve güncellenmeleri düşük hızda olup, yüksek maliyet-emek gerektirmeleri gibi çeşitli dezavantajları bulunmaktadır.

Öte yandan genom dizilemenin ortaya çıkmasıyla birlikte gelişen teknolojiler (dizileme, biyoinformatik yazılımlar) ve ucuz fiyatla kullanıma sunulmaları genomun bulunabilirliği çalışmalarında tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) panellerine öncelik kazandırmıştır. Günümüzde GWAS uygulamaları, et kalitesi ve miktarı, buzağılama kolaylığı, süt verimi, %yağ ve %protein verimleri, döl ve yumurta verimi gibi yüksek ekonomik önem gösteren QTL haritalama çalışmalarına popülerlik kazandırmıştır.

Genellikle ırkların farklı genetik yapıları, kantitatif özelliklerin poligenik doğası, farklı genom bölgelerinde ve farklı genlerin aynı verim ya da özellik ile ilişkili olduğu bulunmuştur. Çeşitli fenotiplerle ilişkili genleri tanımlamak ve kantitatif özelliklerin mekanizmalarını aydınlatılmasında GWAS'ın ideal bir yöntem olduğu kanıtlanmıştır. Genom boyu ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), genetik belirteçler olarak tek nükleotid polimorfizmlerini (SNP'ler) kullanarak fenotipik özelliklerle ilişkili hedef genler için tüm genomu taramak için kullanılmaktadır. GWAS, daha yüksek alel frekansları, geniş kapsamlı genomik alanlar ve çok sayıda kalıtsal rekombinasyon olayını tespit etme yeteneği sağlayarak daha güvenilir ve gen haritalarına oranla daha kolay bir yaklaşım sunar. Hayvancılıkta önemli ekonomik özellikler için aday genlerin belirlenmesinde önemli bir yöntem haline gelmişlerdir (Lipkin ve ark., 1998; Zhang ve ark., 2012; Sharma ve ark., 2015; Sahito ve ark., 2024).

Koyunlarda et verimi ve büyüme özellikleri (Zhang ve ark., 2013), atlarda koşu performansına etkileyen genlerin belirlenmesi (Littiere ve ark., 2020), bal arılarında sakinlik

özellikleri (Guichard ve ark., 2021), domuzlarda ateşlenme ve nekroz sendromu (Gerhards ve ark., 2023), tavuklarda göğüs etindeki yağ asitleri genlerinin saptanması (Fan ve ark., 2023), sığırlarda et ve büyüme özellikleri (Sanchez ve ark., 2023) GWAS yöntemi ile yapılan çalışmalara örnek olarak verilebilir.

Sonuç

Moleküler genetikte yaşanan hızlı gelişmeler hayvancılık işletmeleri açısından yeni bir dönemin başladığını ve genetik araştırmalara dayalı bir yapılanmanın gerekli olduğunu ortaya çıkarmıştır. Moleküler belirteçler çiftlik hayvanlarının verim ya da hastalık tahmini için kullanımı hayvan yetiştiriciliği ve genetiğine önemli katkılar sağlayabilecektir. Bu yeni yapılanma kantitatif özellik performansına dayalı seleksiyon ve ıslah çalışmalarında genetik bilginin eklenerek, fenotip veriler ile birleştirilerek kullanılması gerektiğini göstermiştir. MAS gibi genotipik ıslah uygulamalarının daha fazla özellik içermesi, kullanımı, uygulaması ve etkinliğinin artırılması için çiftlik hayvanlarında kantitatif karakter lokuslarının tespiti yönünde daha fazla araştırma yapılması gerekmektedir. Çiftlik hayvanlarının ekonomik verim açısından önemli kantitatif özellik lokuslarının (QTL) haritalanması son yıllarda dikkate değer sonuçlar elde etmiş olsa da QTL haritalama çalışmalarında kullanılan işaretleyicilerin düşük yoğunluğu nedeniyle karmaşık özelliklerdeki genetik çeşitliliğin tamamı belirlenememiştir.

Öte yandan, yüksek yoğunluklu tek nükleotid polimorfizmini (SNP) kullanan genom boyu ilişkilendirme çalışması (GWAS), bizlere bu sorunun üstesinden gelmenin yeni bir yolunu sunmaktadır. Böylece, GWAS ile bir hastalık veya ekonomik öneme sahip özellik ile genetik varyasyonlar arasındaki ilişkilerin belirlenmesi için genetik veriler taranarak, yakın bir gelecekte ekonomik açıdan önemli özellikler için nedensel mutasyonların saptanıp, tanımlanmaları çok daha kolay olabilecektir. Elde edilecek bulgular kaçınılmaz olarak çiftlik hayvanlardaki karmaşık özelliklerin veya hastalıkların genetik dokularının anlaşılmasını ve yetiştirme programlarının pratik olarak iyileştirilmesini kolaylaştıracaktır.

Kaynaklar

- Ajmone-Marsan, P., Negrini, R., Milanese, E., Bozzi, R., Nijman, I.J., Buntjer, J.B., Valentini, J., Lenstra, J.A., 2002. Genetic distances within and across cattle breeds as indicated by biallelic AFLP markers. *Animal Genetics*. 33(4): 280-286.
- Akyüz, B., Bayram, D., Gürbulak, K., 2011. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile sığırlardaki freemartinismus sendromunun tanısı. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*. 17(3): 339-344.
- Al-Samarai, F.R., Al-Kazaz, A.A., 2015. Molecular markers and its applications in animal breeding: A review. *American Journal of Applied Scientific Research*. 1(1): 1-5. doi: 10.11648/j.ajasr.20150101.11
- Ashwell, M.S., JrC, R., Miller, R.H., VanRaden, P.M., Da, Y., 1997. Detection of loci affecting milk production and health traits in an elite US Holstein population using microsatellite markers. *Animal Genetics*. 28(3): 216-222.
- Avanus K. 2007. Mikrosatellitler kullanılarak dna tiplleme yöntemi ile köpeklerde ebeveyn tayini. *Doktora Tezi. İstanbul Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü*, 63 s.

- Azari, M.A., Dehnavi, E., Yousefi, S., Shahmohamadi, L., 2012. Polymorphism of calpastatin, calpain and myostatin genes in native Dalagh sheep in Iran. *Slovak Journal of Animal Science*, 45(1): 1-6.
- Bayraktar, M., 2020. Çiftlik hayvanlarında markör destekli seçim (MAS) uygulaması. *International Eurasian Conference on Biotechnology and Biochemistry*. Ankara, Turkey, 16-18 December 2020, pp. 193.
- Beuzen, N.D., Stear, M.J., Chang, K.C., 2000. Molecular markers and their use in animal breeding. *The Veterinary Journal*. 160(1): 42-52.
- Bhattacharya, T.K., Kumar, P., Joshi, J.D., Kumar, S., 2003. Estimation of inbreeding in cattle using RAPD markers. *Journal of Dairy Research*. 70(1): 127-129.
- Bižienė, R., Miceikienė, I., Baltrėnaitė, L., Krasnopiorova, N., 2011. Association between growth hormone gene polymorphism and economic traits in pigs. *Vet. Med. Zoot.* 56(78): 56-78.
- Bogani, D., Capomaccio, S., Cappelli, K., Sarti, F.M., 2001. Use of AFLP and SAMPL markers for the analysis of the genetic variability of three sheep groups belonging to the Appenninica, Massese and Suffolk breeds. *XLV Convegno Annuale della Società Italiana di Genetica Agraria. Atti XLV Convegno Annuale della Società Italiana di Genetica Agraria*. Italy, 26-29 September 2001.
- Bovenhuis, H., Van Arendonk, J.A.M., Davis, G., Elsen, J.M., Haley, C.S., Hill, W.G., Baret, P.V., Hetzel, D.J.S., Nicholas, F.W., 1997. Detection and mapping of quantitative trait loci in farm animals. *Livestock Production Science*, 52(2):135-144.
- Brym, P., Kamiński, S., Rusc, A., 2004. New SSCP polymorphism within bovine STAT5A gene and its associations with milk performance traits in Black-and-White and Jersey cattle. *Journal of Applied Genetics*. 45(4): 445-452.
- Buntjer, J.B., Otsen, M., Nijman, I.J., Kuiper, M.T.R., Lenstra, J.A., 2002. Phylogeny of bovine species based on AFLP fingerprinting. *Heredity*. 88(1): 46-51.
- Cerit, H. and Avanus, K., 2007. "Sex Determination by CHDW and CHDZ Genes of Avian Sex Chromosomes in *Nymphicus hollandicus*," *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*. 31: 6-1.
- Chamberlain, A.J., Hayes, B.J., Savin, K., Bolormaa, S., McPartlan, H.C., Bowman, P.J., Van Der Jagt, C., MacEachern, S., Goddard, M.E., 2012. Validation of single nucleotide polymorphisms associated with milk production traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 95(2): 864-875.
- Chaudhary, R. and Kumar, G.M. 2020. Restriction fragment length polymorphism. *Encyclopedia of Animal Cognition and Behavior*. 6(175): 1-3.
- Chen, S., An, J., Lian, L., Qu, L., Zheng, J., Xu, G., Yang, N., 2013. Polymorphisms in AKT3, FIGF, PRKAG3, and TGF- β genes are associated with myofiber characteristics in chickens. *Poultry Science*. 92(2): 325-330.
- Cheng, H.H., Crittenden, L.B., 1994. Microsatellite markers for genetic mapping in the chicken. *Poultry Science*. 73(4): 539-546.
- Chung, E.R., Shin, S.C., Shin, K.H., Chung, K.Y., 2008. SNP discovery in the leptin promoter gene and association with meat quality and carcass traits in Korean cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 21(12): 1689-1695.

- Cole, J.B., Wiggans, G.R., Ma, L., Sonstegard, T.S., Lawlor, T.J., Crooker, B.A., Van Tassell, C.P., Yang, J., Wang, S., Matukumalli, L.K., Da, Y., 2011. Genome-wide association analysis of thirty one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary US Holstein cows. *BMC Genomics*. 12(1): 1-17.
- Crawford, A.M., Paterson, K.A., Dodds, K.G., Diez Tascon, C., Williamson, P.A., Roberts Thomson, M., Bisset, S.A., Beattie, A.E., Greer, G.J., Green, R.S., Wheeler, R., Shaw, R.J., Knowler, K., Mcewan, J.C., 2006. Discovery of quantitative trait loci for resistance to parasitic nematode infection in sheep: I. Analysis of outcross pedigrees. *BMC Genomics*. 7:1-10.
- Cushwa, W.T., Dodds, K.G., Crawford, A.M., Medrano, J.F., 1996. Identification and genetic mapping of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to the sheep genome. *Mammalian Genome*. 7: 580-585.
- Dehnavi, E., Ahani, A.M., Hasani, S., Nassiry, M.R., Mohajer, M., Khan, A.A.R., 2012. Genetic variability of calpastatin and calpain genes in Iranian Zel sheep using PCR-RFLP and PCR-SSCP methods. *Iranian Journal of Biotechnology*. 10(2): 136-139.
- Do, K.T., Lee, J.H., Lee, H.K., Kim, J., Park, K.D., 2014. Estimation of effective population size using single-nucleotide polymorphism (SNP) data in Jeju horse. *Journal of Animal Science and Technology*. 56(1): 1-6.
- Drobik-Czwaro, W., Wolc, A., Fulton, J.E., Jankowski, T., Arango, J., O'sullivan, N.P., Dekkers, J.C.M., 2018. Genetic basis of resistance to avian influenza in different commercial varieties of layer chickens. *Poultry Science*. 97(10): 3421–3428.
- Dumbovic, G., Forcales, S.V., Perucho, M., 2017. Emerging roles of macrosatellite repeats in genome organization and disease development. *Epigenetics*. 12(7): 515-526.
- Ebegbulem, V.N., Ozung, P.O., 2013. Application of molecular markers in farm animal improvement: prospects and challenges. *Online Journal of Animal and Feed Research*. 3(3): 149-152.
- Eker, S., Kolören, O., 2017. Yabancı otların moleküler teşhisinde ribozomal RNA (rRNA) internal transcribed spacer (ITS) gen bölgelerinin kullanımı. *Ordu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*. 7(1): 11-21.
- Elmacı, C., Öner, Y., Öziş, S., Tuncel, E., 2007. Türk koyun ırklarında DNA polimorfizminin RAPD analizi. *Biyokimyasal Genetik*. 45: 691-696.
- Fabbri, M.C., Crovetto, A., Tinacci, L., Bertelloni, F., Armani, A., Mazzei, M., Fratini, F., Bozzi, R., Cecchi, F., 2022. Identification of candidate genes associated with bacterial and viral infections in wild boars hunted in Tuscany (Italy). *Scientific Reports*. 12(1): 8145.
- Fan, S., Yuan, P., Li, S., Li, H., Bin, Z., Li, Y., Zhang, H., Gu, J., Li, H., Tian, Y., Kang, X., Zhang, Y., Li, G., 2023. Genetic architecture and key regulatory genes of fatty acid composition in Gushi chicken breast muscle determined by GWAS and WGCNA. *BMC Genomics*. 24: 434
- Fontanesi, L., Schiavo, G., Galimberti, G., Bovo, S., Russo, V., Gallo, M., Buttazzoni, L., 2017. A genome-wide association study for a proxy of intermuscular fat level in the Italian large white breed identifies genomic regions affecting an important quality parameter for dry-cured hams. *Animal Genetics*. 48(4): 459–465.

- Gan, S.Q., Du, Z., Liu, S.R., Yang, Y.L., Shen, M., Wang, X.H., Yin, J.L., Hu, X.X., Fei, J., Fan, J.J., Wang, J.H., He, Q.H., Zhang, Y.S., Li, N., 2008. Association of SNP haplotypes at the myostatin gene with muscular hypertrophy in sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 21(7): 928-935.
- Gerhards, K., Becker, S., Kuehling, J., Lechner, M., Bathke, J., Willems, H., Reiner, G., 2023. GWAS reveals genomic associations with swine inflammation and necrosis syndrome. *Mamm Genome*. 34(4): 586-601.
- Glowatzki-Mullis, M.L., Gaillard, C., Wigger, G., Fries, R., 1995. Microsatellite-based parentage control in cattle. *Animal Genetics*. 26(1): 7-12.
- Gottschalk, M., Metzger, J., Martinsson, G., Sieme, H., Distl, O., 2016. Genome-wide association study for semen quality traits in German warmblood stallions. *Animal Reproduction Science*: 171, 81–86.
- Guichard, M., Dainat, B., Eynard, S., Vignal, A., Servin, B., 2021. Beestrong Consortium; Neuditschko M. Identification of quantitative trait loci associated with calmness and gentleness in honey bees using whole-genome sequences. *Anim Genet*. 52(4):472-481.
- Guo, Y., Zhao, J., Xu, Q., Gao, S., Liu, M., Zhang, C., Shinckel, A.P., Zhou, B., 2022. Identification of functional single nucleotide polymorphisms in the porcine SLC6A4 gene associated with aggressive behavior in weaned pigs after mixing. *Journal of Animal Science*. 100(5): 1-14.
- Gupta, P.K., Rustgi, S., Mir, R.R., 2008. Array-based high-throughput dna markers for crop improvement. *Heredity*. 101(1): 5-18.
- Gutiérrez-Gil, B., El-Zarei, M.F., Alvarez, L., Bayón, Y., De La Fuente, L.F., San Primitivo, F., Arranz, J. J., 2009. Quantitative trait loci underlying milk production traits in sheep. *Animal Genetics*. 40(4): 423–434.
- Gürses, M., Bayraktar, M., 2014. Moleküler markerlerin hayvan özellikleri ve genetiğinde kullanımı. *Fırat Üniv Sağlık Bil Vet Derg*. 28(2):99-106
- Haider, N., Nabulsi, I., Al-Safadi, B., 2012. Identification of meat species by PCR-RFLP of the mitochondrial COI gene. *Meat Science*. 90(2): 490-493.
- Haley, C., Visscher, P., 1999. DNA markers and genetic testing in farm animal improvement: Current applications and future prospects. *Annual Report*. (98-99): 28-39.
- Hassen, F., Bekele, E., Ayalew, W., Dessie, T., 2007. Genetic variability of five indigenous Ethiopian cattle breeds using RAPD markers. *African Journal of Biotechnology*. 6(19): 2274-2279.
- Hayashi, K., Yandell, D.W., 1993. How sensitive is PCR-SSCP?. *Human Mutation*. 2(5): 338-346.
- Hayes, B., 2007. QTL mapping, MAS, and genomic selection. A short-course. *Animal Breeding & Genetics Department of Animal Science*. Iowa State University. 1(1): 3-4.
- Hendrickson, S.L., 2013. A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral andean horses of the Páramo. *BMC Evolutionary Biology*. 13: 273.
- Höglund, J.K., Sahana, G., Brøndum, R.F., Guldbandsen, B., Buitenhuis, B., Lund, M.S., 2014. Fine mapping QTL for female fertility on BTA04 and BTA13 in dairy cattle using HD SNP and sequence data. *BMC Genomics*. 15: 1-10.
- Ihara, N., Takasuga, A., Mizoshita, K., Takeda, H., Sugimoto, M., Mizoguchi, Y., Hirano, T., Itoh, T., Watanabe, T., Reed, K.M., Snelling, W.M., Kappes, S.M., Beattie, C.W.,

- Bennet, G.L., Sugimoto, Y., 2004. A comprehensive genetic map of the cattle genome based on 3802 microsatellites. *Genome Research*. 14(10a): 1987-1998.
- Kaçamaklı, Z., Akşit, M., 2011. Mikrosatellit belirteçlerin kanatlılarda kullanım olanakları. VII. Ulusal Zootečni Öğrenci Kongresi. Aydın, 20-22 Mayıs 2011, s. 22-34.
- Kalia, R.K., Rai, M.K., Kalia, S., Singh, R., Dhawan, A.K., 2011. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*. 177(3): 309-334.
- Karşlı, T., Demir, E., Argun Karşlı, B., Fidan, H.G., 2020. Comparing Autosomal SSR and PCR-RFLP Markers to Determine Phylogenetic Relationship Based on Genetic Distances in Livestock. *Hayvansal Üretim*. 61(2):135-141. <https://doi.org/10.29185/hayuretim.709504>
- Kijas, J.W., Townley, D., Dalrymple, B.P., Heaton, M.P., Maddox, J.F., McGrath, Wilson, P., Ingersoll, R.G., McCulloch, R., McWilliam, S., Tang, D., McEwan, J., Cockett, N., Hutton Oddy, V., Nicholas, F.W., Raadsma, H., 2009. A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds. *PloS One*. 4(3): e4668.
- Kim, S.W., Li, X.P., Lee, Y.M., Choi, Y.I., Cho, B.W., Choi, B.H., Kim, T.H, Kim, J.J., Kim, K.S., 2011. QTL scan for meat quality traits using high-density SNP chip analysis in cross between Korean native pig and Yorkshire. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 24(9): 1184-1191.
- Koyun, H., 2004. Developing of additional microsatellite markers on targeted regions containing ovulation rate QTL of bovine chromosome 7 (BTA7). PhD Thesis. Van-Yüzüncü Yıl University, Institute of Applied Natural Sciences.
- Koyun, H., Okut, H., 2007. Gen belirteç ilişkili seleksiyon (Marker-Assisted Selection) çalışmalarında son gelişmeler. V. Ulusal Zootečni Kongresi. Van, Türkiye, 05-08 September 2007.
- Koyun, H., Kiraz, S., Karaca, S., Koncagül, S., Yılmaz, A., Karakuş, K., Yeşilova, A., Aygün, T., 2021. Single nucleotide polymorphisms of GDF9 gene/exon 2 region and their associations with milk yield and milk content traits in 14 Karakaş and Norduz sheep breeds. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*. 45(5): 881-889. <https://doi.org/10.3906/vet-2010-26>
- Lee, Y.H., Kwon, S.G., Park, D.H., Kwon, E.J., Cho, E.S., Bang, W.Y., Park, H.C., Park, B.Y., Choi, J.S., Kim, C.W., 2011. Development of high meat quality using microsatellite markers in Berkshire pigs. *Journal of Animal Science and Technology*. 53(2): 89-97
- Lipkin, E., Mosig, M.O., Darvasi, A., Ezra, E., Shalom, A., Friedmann, A., Soller, M., 1998. Quantitative trait locus mapping in dairy cattle by means of selective milk DNA pooling using dinucleotide microsatellite markers: analysis of milk protein percentage. *Genetics*. 149(3): 1557-1567.
- Littiere, T.O., Castro, G.H.F., Rodriguez, M.D.P.R., Bonafé, C.M., Magalhães, A.F.B., Faleiros, R.R., Vieira, J.I.G., Santos, C.G., Verardo, L.L., 2020. Identification and Functional Annotation of Genes Related to Horses' Performance: From GWAS to Post-GWAS. *Animals (Basel)*. 10;10(7):1173. doi: 10.3390/ani10071173.
- Liu, B.H., 1998. Statistical genomics: Linkage, mapping, and QTL analysis. CRC Press LLC, Boca Raton New York.
- Machaty, Z., Paldi, A., Caski, T., Varga, Z., Kiss, Í., Barandi, Z., Vajta, G., 1993. Biopsy and sex determination by PCR of IVF bovine embryos *J Reprod Fertil*. 98: 467-470.

- Machugh, D.E., Loftus, R.T., Bradley, D.G., Sharp, P.M., Cunningham, P., 1994. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences.* 256(1345): 25-31.
- Malau-Aduli, A.E.O., Bignell, C.W., Hegarty, R.S., Oddy, H., Johns, W., Tavassoli-Salardini, F., Smolenski, A.J., Malau-Aduli, B.S., Wells, B.B., Lane, P.A., Clark, R.J., 2006. RAPD marker variation in meat quality traits of Poll Dorset second-cross lambs selected for muscle or growth. 52nd International Congress of Meat Science and Technology, 13-18 August 2006, Dublin S.75-76.
- Matika, O., Riggio, V., Anselme-Moizan, M., Law, A.S., Pong-Wong, R., Archibald, A.L., Bishop, S.C., 2016. Genome-wide association reveals QTL for growth, bone and in vivo carcass traits as assessed by computed tomography in Scottish Blackface lambs. *Genetics Selection Evolution.* 48: 1-15.
- Mercan, L., Okumuş, A., 2004. Hayvancılıkta Genetik Çeşitlilik ve DAD-IS. 4. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi. Isparta, 1-3 Eylül 2004. ss. 585-588.
- Meredith, B.K., Kearney, F.J., Finlay, E.K., Bradley, D.G., Fahey, A.G., Berry, D.P., Lynn, D.J., 2012. Genome-wide associations for milk production and somatic cell score in Holstein-Friesian cattle in Ireland. *BMC Genetics.* 13(1): 1-11.
- Mitra, A., Yadav, B.R., Ganai, N.A., Balakrishnan, C.R., 1999. Molecular markers and their applications in livestock improvement. *Current Science.* 77(8): 1045-1053.
- Moioli, B., Scatà, M.C., De Matteis, G., Annicchiarico, G., Catillo, G., Napolitano, F., 2013. The ACACA gene is a potential candidate gene for fat content in sheep milk. *Animal Genetics.* 44(5): 601-603.
- Montgomery, G.W., Lord, E.A., Penty, J.M., Dodds, K.G., Broad, T.E., Cambridge, L., Sunden, S.L.F., Stone, R.T., Crawford, A.M., 1994. The Booroola fecundity (FecB) gene maps to sheep chromosome 6. *Genomics.* 22(1): 148-153.
- Mustopa, A.Z., Puspitasari, I.F., Fatimah, F., Triratna, L., Kartina, G., 2018. Genetic diversity of mastitis cow's milk bacteria based on RAPD-PCR. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity.* 19(5): 1714-1721
- Negrini, R., Milanese, E., Colli, L., Pellicchia, M., Nicoloso, L., Crepaldi, P., Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., 2007. Breed assignment of Italian cattle using biallelic AFLP markers. *Animal Genetics.* 38(2): 147-153.
- Nowacka, J., Switonski, M., Mackowski, M., Slota, E., Radko, A., Zabek, T., Urbaniak, K., 2004. The ambiguity of freemartinism diagnosis in cattle revealed by cytogenetic and molecular techniques. *Czech Journal of Animal Science.* 49(6): 239-243.
- Oryan, A., Yazdi, H.S., Alidadi, S., Doostmohammadi, S., 2022. Use of a gyrB PCR-RFLP method to diagnose tuberculosis and identify the causative *Mycobacterium* sp. in cattle and humans. *Comparative Immunology. Microbiology and Infectious Diseases.* 82: 101767.
- Othman, O.E., El-Fiky, S.A., Hassan, N.A., Mahfouz, E.R., Balabel, E.A., 2013. Genetic polymorphism detection of two α -Casein genes in three Egyptian sheep breeds. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology.* 11(2): 129-134.
- Özşensoy, Y., Kurar, E., 2012. Markör sistemleri ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanımları. *J Cell Mol Biol.* 10: 11-19.

- Pandey, A.K., Sharma, R., Singh, Y., Prakash, B.B., Ahlawat, S.P.S., 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *Journal of Genetics*. 85: 117-122.
- Passarge, E., 2000. Genetik atlası, (Çev: G. Lüleci, M. Sakızlı, Ö. Alper). İstanbul: Nobel Tıp Kitabevleri.
- Petersen, J.L., Mickelson, J.R., Cothran, E.G., Andersson, L.S., Axelsson, J., Bailey, E., Bannasch, D., Binns, M.M., Borges, A.S., Brama, P., Machado, A.C., Distl, O., Felicetti, M., Fox-Clipsham, L., Graves, K.T., Guérin, G., Haase, B., Hasegawa, T., Hemmann, K., Tepesi, E.W., Leeb, T., Lindgren, G., Lohi, H., Lopes, M.S., McGivney, B.A., Mikko, S., Orr, N., Penedo, M.C.T., Piercy, R.J., Raekallio, M., Rieder, S., Røed, K.H., Silvestrelli, M., Swinburne, H., Tozaki, T., Vaudin, M., Wade, C.M., McCue, M.E., 2013. Genetic diversity in the modern horse illustrated from genome-wide SNP data. *PloS One*. 8(1): e54997.
- Peura, T., Hyttinen, J.M., Turunen, M., Jänne, J., 1991. Reliable sex determination assay for bovine preimplantation embryos using the polymerase chain reaction. *Theriogenology*. 35: 547-555.
- Pierzchała, M., Blicharski, T., Kurył, J., 2004. Growth rate and carcass quality in relation to GH/MspI and GH/HaeII PCR-RFLP polymorphism in pigs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 22(1): 57-64.
- Prajapati, B.M., Gupta, J.P., Pandey, D.P., Parmar, G.A., Chaudhari, J.D., 2017. Molecular markers for resistance against infectious diseases of economic importance. *Veterinary World*. 10(1): 112.
- Qureshi, M.I., Sabir, J.S.M., Mutawakil, M.H.Z., El Hanafy, A.A., Ashmaoui, H.E., Ramadan, H., Anvar, Y., Sadek, M.A., Abou-Alsoud, M., Saini, K.S., Ahmed, M.M., 2014. Review of modern strategies to enhance livestock genetic performance: From molecular markers to next-generation sequencing technologies in goats. *Journal of Food, Agriculture & Environment*. 12(2): 752-761
- Ramos, Z., Garrick, D.J., Blair, H.T., Vera, B., Ciappesoni, G., Kenyon, P.R., 2023. Genomic regions associated with wool, growth and reproduction traits in Uruguayan merino sheep. *Genes*.14(1): 167.
- Reshma, R.S., Das, D.N., 2021. Molecular markers and its application in animal breeding, Editor(s): Sukanta Mondal, Ram Lakhan Singh, *Advances in Animal Genomics*, Academic Press. Pages 123-140.
- Rincón, G., D'angelo, M., Gagliardi, R., Kelly, L., Llambí, S., Postiglioni, A., 2000. Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. *Research in Veterinary Science*. 69(2): 171-174.
- Romé, H., Varenne, A., Héroult, F., Chapuis, H., Alleno, C., Dehais, P., Vignal, A., Burlot, T., Le Roy, P., 2015. GWAS analyses reveal QTL in egg layers that differ in response to diet differences. *Genetics Selection Evolution*. 47(1): 1-11.
- Ropka-Molik, K., Żukowski, K., Eckert, R., Gurgul, A., Piórkowska, K., Oczkiewicz, M., 2014. Comprehensive analysis of the whole transcriptomes from two different pig breeds using rna-seq method. *Animal Genetics*. 45(5): 674-684. <https://doi.org/10.1111/age.12184>

- Saatchi, M., Schnabel, R.D., Taylor, J.F., Garrick, D.J., 2014. Large-effect pleiotropic or closely linked QTL segregate within and across ten US cattle breeds. *BMC Genomics*. 15(1): 1-17.
- Sahito, J.H., Zhang, H. Gishkori, Z.G.N., Ma, C., Wang, Z., Ding, D., Zhang, X., Tang, J., 2024. Advancements and Prospects of Genome-Wide Association Studies (GWAS) in Maize. *Int. J. Mol. Sci.* 25, 1918. <https://doi.org/10.3390/ijms25031918>
- Sanchez, M.P., Tribout, T., Kadri, N.K., Chitneedi, P.K., Maak, C.H., Hoze, C., Boussaha, M., Croiseau, P., Philippe, R., Spengeler, M., Kühn, C., Wang, Y., Li, C., Plastow, G., Pausch, H., Boichard, D., 2023. Sequence-based GWAS meta-analyses for beef production traits. *Genet Sel Evol.* 55: 70. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00848-5>
- Sedighe, M.I.R., Dabirzadeh, M., Rokni, M.B., Aryaeipour, M., Shahraki, M.K., Azizi, H., 2019. Identification and Phylogenetic Classification of Fasciola species Isolated from Sheep and Cattle by PCR-RFLP in Zabol, in Sistan and Baluchistan Province, Southeast Iran. *Iranian Journal of Public Health*. 48(5): 934.
- Sen, S., Shukla, R., Ranjan, R., Parmar, S.N.S., 2015. Analysis of genetic polymorphism of IL8R receptor gene a marker associated with bovine mastitis among crossbred cattle. *Indian Journal of Animal Research*. 49(3): 292-294.
- Sharma, A., Lee, J.S., Dang, C.G., Sudrajad, P., Kim, H.C., Yeon, S.H., Kang, H.S., Lee, S.H., 2015. Stories and challenges of genome wide association studies in livestock-a review. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 28(10): 1371.
- Shin, S.C., Chung, E.R., 2006. Association of SNP marker in the thyroglobulin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 20(2): 172-177.
- Shiue, Y.L., Bickel, L.A., Caetano, A.R., Millon, L.V., Clark, R.S., Eggleston, M.L., Micheltore, R., Bailey, E., Guerin, G., Godard, S., Mickelson, J.R., Valberg, S.J., Murray, J.D., Bowling, A.T., 1999. A synteny map of the horse genome comprised of 240 microsatellite and RAPD markers. *Animal Genetics*. 30(1): 1-10.
- Silvestrelli, M., Pieramati, C., Verini Supplizi, A., 1999. Breeding of saddle horse. From tradition to biotechnologies.(Selection against genetic diseases). *Annali dell'Accademia di Agricoltura di Torino*. s.305-320.
- Smigielski, E.M., Sirotkin, K., Ward, M., Sherry, S.T., 2000. dbSNP: a database of single nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acids Research*. 28(1): 352-355. <https://doi.org/10.1093/nar/28.1.352>
- Staiger, E.A., Al Abri, M.A., Pflug, K.M., Kalla, S.E., Ainsworth, D.M., Miller, D., Raudsepp, T., Sutter, N.B., Brooks, S.A., 2016. Skeletal variation in Tennessee Walking Horses maps to the LCORL/NCAPG gene region. *Physiological Genomics*. 48(5): 325-335.
- Stothard, P., Choi, J.W., Basu, U., Sumner-Thomson, J.M., Meng, Y., Liao, X., Moore, S.S., 2011. Whole genome resequencing of black Angus and Holstein cattle for SNP and CNV discovery. *BMC Genomics*. 12: 1-14.
- Sun, Y., Liu, R., Zhao, G., Zheng, M., Li, P., Liu, L., Wen, J., 2018. Genome-wide linkage analysis identifies loci for testicle and ovary traits in chickens. *Animal Biotechnology*. 29(4): 309-315.
- Teneva, A., 2009. Molecular markers in animal genome analysis. *Biotechnology in Animal Husbandry*. 25(5-6-2): 1267-1284.

- Thibier, M., Nibart, M., 1995. The sexing of bovine embryos in the field. *Theriogenology*. 43: 71-80.
- Uimari, P., Sironen, A., Sevón-Aimonen, M.L., 2011. Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genetics Selection Evolution*. 43: 1-8.
- Vaiman, D., 1999. The molecular genetics of cattle. In: *The genetics of cattle* (Eds: R.Fries and A. Ruvinski), CAB International. s.123-161
- Vajed Ebrahimi, M.T., Mohammadabadi, M., Esmailzadeh, A., 2017. Using microsatellite markers to analyze genetic diversity in 14 sheep types in Iran. *Archives Animal Breeding*. 60(3): 183-189.
- Velie, B.D., Fegraeus, K.J., Solé, M., Rosengren, M.K., Røed, K.H., Ihler, C.F., Strand, E., Lindgren, G., 2018. A genome-wide association study for harness racing success in the Norwegian-Swedish coldblooded trotter reveals genes for learning and energy metabolism. *BMC Genetics*. 19(1): 1-13.
- Verini Supplizi, A., Cappelli, K., Silvestrelli, M., 2003. Analysis of gene expression in endurance horses using cDNA-AFLP. 54th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 31 August - 3 September 2003, Rome, Wageningen, pp. 389-389.
- Vidal-Puig, A., Moller, D.E., 1994. Comparative sensitivity of alternative single-strand conformation polymorphism (SSCP) methods. *Biotechniques*. 17(3): 490-492.
- Visscher, P.M., Thompson, R., Haley, C.S., 1996. Confidence intervals in QTL mapping by bootstrapping. *Genetics*. 143: 1013-1020
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T.V.D., Hornes, M., Friters, A., Pot, J., Paleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M., 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*. 23(21): 4407-4414.
- Wang, Y., Ding, X., Tan, Z., Xing, K., Yang, T., Pan, Y., Wang, Y., Mi, S., Güneş, D., Wang, C., 2018. Genome-wide association study for reproductive traits in a Large White pig population. *Animal Genetics*. 49(2): 127-131.
- Weber, J.L., May, P.E., 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am J Hum Genet*. 44: 388-396.
- Womack, J.E., 1997. Mapping animal genomes. *Advances in Veterinary Medicine*. 40: 157-189.
- Yadav, A.K., Tomar, S.S., Jha, A.K., Singh, J., 2017. Importance of molecular markers in livestock improvement: a review. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*. 5(4): 614-622.
- Yao, J., Aggrey, S.E., Zadworny, D., Hayes, J.F., Kühnlein, U., 1996. Sequence variations in the bovine growth hormone gene characterized by single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and their association with milk production traits in Holsteins. *Genetics*. 144(4): 1809-1816.
- Zhang, C., Liu, B., Chen, H., Lan, X., Lei, C., Zhang, Z., Zhang, R., 2009. Associations of a Hinf I PCR-RFLP of POU1F1 gene with growth traits in Qinchuan cattle. *Animal Biotechnology*. 20(2): 71-74.

- Zhang, H., Wang, Z., Wang, S., Li, H., 2012. Progress of genome wide association study in domestic animals. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 3(1): 1-10. <https://doi.org/10.1186/2049-1891-3-26>
- Zhang, L., Liu, J., Zhao, F., Ren, H., Xu, L., Lu, J., Zhang, X., Wei, C., Lu, G., Zheng, Y., Du, L., 2013. Genome-Wide Association Studies for Growth and Meat Production Traits in Sheep. *PLoS ONE*. 8(6): e66569. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066569>
- Zhang, Q., Calus, M.P., Guldbbrandtsen, B., Lund, M. S., Sahana, G., 2015. Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds. *BMC Genetics*. 16(1): 1-11.

Yazarlar İin Bilgi

Makale Yazım Kuralları

Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi, yılda 2 kez yayınlanmaktadır (ISSN: 2667-4580). Derginin kısa adı JASP'dır. Dergi kapsam olarak, hayvan bilimi ve üretiminin tüm aşamalarını içerir.

Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi, açık erişimli uluslararası bir dergidir. Her kullanıcı veya kurum ücretsiz olarak tüm yayınlara ulaşabilir. Yayıncı veya yazardan izin almadan kullanıcılar, makalelerin tam metinlerini okuyabilir, indirebilir, kopyalayabilir, yazdırabilir, bağlantı verebilir ve diğere yasal amaçlarla kullanabilir.

Makale türleri

Dergimizde, orijinal tam metin araştırma makaleleri, kısa araştırma makaleleri, bilimsel raporlar, vaka raporları, teknik notlar, editöre mektuplar, derlemeler ve gerektiğinde araştırma ve konferans kitapları yayınlanır.

Orijinal (tam metin) araştırma makaleleri, bilimsel çalışmalara, gözlemlere ve deneylere dayanan özgün bilimsel makalelerdir. Makale, başlık, özet ve anahtar kelimeler, giriş, materyal ve yöntem, bulgular, tartışma ve kaynaklar kısmından oluşur. Makale 20 sayfayı geçmemelidir. Özet, 300 ± 50 kelime içermelidir.

Kısa araştırma makaleleri, 6 sayfadan az olan araştırma makalelerdir. Makale, özgün olmalı, başlık, özet ve anahtar kelimeler, giriş, materyal ve yöntem, bulgular, tartışma ve kaynaklar kısımlarını içermeli, ancak özet kısmı 150 kelimeyi geçmemelidir.

Bilimsel raporlar, orijinal araştırma bulgularının kısa özetidir. Rapor, tam metin orijinal araştırma makalesi formatında hazırlanmalıdır. Bilimsel raporların uzunluğu, toplamda 6 sayfadan fazla olmamalıdır.

Vaka raporları, hayvan bilimi ve ürünleri hakkında sahada, uygulama ve laboratuvar çalışmalarında karşılaşılan güncel bulguların bildirimleridir. Vaka raporunun başlığı ve özeti tam metin araştırma makalesi formatında yazılmalı, geri kalan bölümleri, giriş, vaka tarihçesi, tartışma ve kaynaklar kısımları takip etmelidir. Vaka raporlarının uzunluğu, en fazla 6 sayfa ile sınırlandırılmıştır.

Teknik notlar, hayvan bilimi ve üretimi ile ilgili yöntemlerin ve teknik bilgilerin yer aldığı makalelerdir. Teknik notun, başlığı ve özeti, tam metin orijinal makaleler gibi yazılmalı ve geriye kalan bölümler giriş, metin (uygun başlıklar ile birlikte), sonuç ve kaynaklar kısımlarını takip etmelidir. Teknik notların uzunluğu toplamda 6 sayfadan fazla olmamalıdır.

Editöre mektuplar, bilimsel veya pratik yararı olan bir konuyu veya vakayı dikkat çeken yazılardır. Mektuplar, 2 sayfadan fazla olmamalıdır.

Derlemeler, belirli bir konu ile ilgili literatür araştırmasına dayanır. Derlemenin başlığı ve özeti, tam metin orijinal makale formatında hazırlanmalı ve kalan bölümleri giriş, metin (uygun başlıklar ile

birlikte), sonuç ve kaynaklar kısımlarının takip etmesi gerekir. Derlemenin uzunluğu, toplamda 16 sayfadan fazla olmamalıdır. Davetli derlemelerin yayınlanması önceliklidir.

Makale hazırlama

MAKALE YÜKLEME DOSYALARI İÇİN ŞABLONLAR

1. Tam Makale olarak; Makalenin yazar isimli versiyonu,
2. Ek dosyalar kısmına ise; Makalenin yazar isimsiz versiyonu,
3. Başlık Sayfası kısmına Makale başlığı ile tüm yazarların bilgilerinin olduğu sayfa,
4. Telif Hakları Devir Sözleşmesi Formu
5. Benzerlik Raporunu (en fazla % 24)

Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi'nde (Journal of Animal Science and Products (JASP)) yer alacak makaleler, aşağıdaki kurallara göre yazılmalı ve on line olarak yüklenmelidir.

1. Dergimiz, Türkçe ve İngilizce makaleleri kabul etmektedir. Makale yazım dili Türkçe ise özet kısmının, şekil ve tablo isimlerinin İngilizcilerinin de verilmesi gerekmektedir. Benzer şekilde İngilizce makalelerin de Türkçe özetleri yazılmalıdır. Ayrıca, tablo ve şekil açıklamalarının da Türkçeleri yazılmalıdır.
2. Makalelerin etik kurallara uygunluğu yazarların sorumluluğundadır. Benzerlik analiz raporunun sistemine yazar tarafından yüklenmesi gerekmektedir. Kaynaklar, Makale Başlığı, Tablo ve Şekil isimleri hariç tutulmalıdır. Diğer bilimsel yayınlara benzerlik oranının %24'ü geçmemesi gerekir. Bununla beraber editör, gerektiğinde yazarlardan etik kurul belgesi isteme hakkını saklı tutar.
3. Eserler, Editörler Kuruluna Word programıyla, A4 botundaki kağıda makale metni Times New Roman tipi harflerle (12 punto) ve 1,15 aralıklı yazılmalı ve 20 sayfayı geçmemelidir. Sayfanın sağında, solunda, altında ve üstünde 2,5'er cm boşluk bırakılmalıdır.
4. Makale içerisinde kaynak kullanım şekli APA'ya göre yapılmalıdır.
5. Tüm makalelerde SI (Systeme International d'Units) ölçüm birimleri kullanılmalıdır. Kısaltma ve semboller metin içerisinde ilk kez kullanıldığında açıklanmalıdır. Kısaltmalar makalenin başlığında kullanılmamalıdır.
6. Formüller ve denklemler numaralandırılmalı ve formül numarası formül'ün yanına sağa dayalı olarak parantez içinde gösterilmelidir.
7. Kabul edilen ve yayımlanan makaleler için yazarlara herhangi bir ücret ödenmez.
8. Yayımlanmak üzere kabul edilen makalelerin her türlü yayın hakkı dergiyi yayımlayan kuruma aittir. Makalelerdeki düşünce ve öneriler tümüyle yazarların sorumluluğundadır.
9. Yazarlar, online olarak makale başvurusu yaparlar. Online başvuru sisteminden yapılan başvuru sırasında yazarlar toplam 5 dosya

Bunlar;

1. Tam Makale olarak; Makalenin yazar isimli versiyonu,
2. Ek dosyalar kısmına ise; Makalenin yazar isimsiz versiyonu,
3. Başlık Sayfası kısmına Makale başlığı ile tüm yazarların bilgilerinin olduğu sayfayı,
4. Telif Hakları Formu ve
5. Benzerlik Raporunu (en fazla % 24) sunmalıdır. Yanlış ve eksik yapılan başvurular değerlendirilmeye alınmaz.

10. Makalede yer alan tüm yazarlar, yayın haklarını Hayvan Bilimi ve Ürünleri Dergisi'ne (Journal of Animal Science and Products (JASP)) verdiklerine dair Telif Hakları Formunu (<https://dergipark.org.tr/tr/journal/3237/file/3291/download> adresinden indirilebilir) imzalamalıdır. Makalede yer alan tüm şekil ve tablolar makale içerisinde ilgili yerlerinde sunulmalıdır.

11. Dergimize makalelerinizi, <https://dergipark.org.tr/tr/pub/jasp/page/8770> adresindeki adımları takip ederek yükleyebilirsiniz.

Makalenin Kısımlarına İlişkin Kurallar

Makale başlığı (Article title)

Çalışmanın Türkçe Başlığı Her Kelimenin İlk Harfi Büyük (Bağlaçlar Hariç) ve “Times New Roman” Fontunda 14 Punto Olacak Şekilde Yazılmalıdır.

Yazar İsimleri (Author Names)

“Times New Roman” Fontunda 12 Punto Olacak Şekilde Yazılmalıdır.

Yazar Bilgileri (Author Information)

“Times New Roman” Fontunda 10 Punto Olacak Şekilde Yazılmalıdır.

Özet (Abstract)

“Times New Roman” Fontunda 10 Punto Olacak Şekilde Yazılmalıdır. Bu kısımda çalışmanın amacı, kullanılan materyal(ler) ve yöntem(ler), önemli bulgular ve varılan sonuç(lar) açık ve öz olarak belirtilmelidir. Metin, Türkçe yazım kurallarına uygun olarak “Times New Roman” fontunda 10 punto, tek satır aralıklı ve bir paragrafta yazılmalıdır. Lütfen yazım alanı sınırlarını sağ-sol yönlerde değiştirmeyiniz. Bu kısımda eklenecek metin en fazla (300) kelime olmalı ve kapak sayfası bir sayfayı aşmayacak şekilde düzenlenmelidir. Eğer çalışmanızı İngilizce olarak sunmak istiyorsanız; ilk başlığı, özeti ve anahtar kelimeleri İngilizce olarak bu kısımda; Türkçe başlık, özet ve anahtar kelimeleri ise aşağıdaki kısımda veriniz. Yazar isimleri ve adresleri ile tarih bilgilerini içeren kısımlarda değişiklik yapmayınız. Çalışmanız yayınlandığında cilt, sayı, sayfa numarası ve tarih bilgileri tarafımızca güncellenecektir. Bu kısımlarda değişiklik yapmayınız.

Anahtar Kelimeler (Keywords)

“Times New Roman” Fontunda 10 Punto Olacak Şekilde Yazılmalıdır. Çalışmanızı en iyi şekilde tanımlayacak 4-6 anahtar kelime alt alta olacak şekilde eklenmelidir.

Giriş (Introduction)

Okuyucuyu konuya hazırlayıcı nitelikli bilgileri içermelidir. Metin içinde paragraftan önce ve sonra boşluk eklenmemiş olduğunu “Satır ve Paragraf Aralığı” düzenleyicisi ile “Satır Aralığı Seçenekleri” bölümünden “Aralık” kısmında “Önce” ve “Sonra” değerlerinin sıfır (0) olduğunu görerak kontrol ediniz. “Giriş” başlığı ile metin arasında bir boşluk ekleyiniz ve bu başlık altındaki metin içerisindeki her paragraf başında bir tab (1.25 cm) boşluk bırakarak metni ekleyiniz.

Materyal ve Yöntem (“Materials and Methods”)

Bu kısımda, İn vivo çalışmalar için çalışmanın etik kurul onay belgesinin sayı ve tarihi verilmelidir.

Materyalde üzerinde çalışılan malzemeler, objeler, çalışma alanı, zaman ve sınırlılıklardan bahsedilmelidir. Materyal ile ilgili tablo, şekil vb. bilgiler bu bölümde yer almalıdır.

Yöntem ise araştırmanın amacına ulaşmasında kullanılan teknik ya da tekniklerdir. Kullanılan yöntem(ler) yeni ise açık ve anlaşılır bir şekilde ayrıntılı olarak verilmelidir. Eğer kullanılan yöntem bilinen bir yöntem ise, sadece kaynak gösterilerek adının verilmesi yeterlidir.

Materyal ve yöntem alt başlığı (isteğe bağlı) (Subtitle (optional))

Bu bölümünde alt başlık altında bilgi verilmesi durumunda alt başlık, “Times New Roman” fontunda, 12 punto, kalın ve italik olarak yazılmalıdır. Alt başlığın ilk kelimesinin ilk harfi büyük, geri kalan kısmı küçük harflerle yazılmalıdır. Alt başlıklardan sonra boşluk bırakılmamalıdır.

Çalışma metni içerisinde denklem yer alacak ise bunlar kenarlıklar gizlenmiş tek satırlık bir tablo içerisinde iki hücre ile verilmelidir. Sol hücreye denklem eklenmeli ve bu hücre ortalı olmalıdır. Sağ hücrede ise denklem numarası yer almalı ve bu hücre sadece denklem numarasının sığacağı büyüklükte, sağa dayalı olmalıdır. Denklem ifadelerinden önceki ve sonraki paragraflar arasında birer satır boşluk olmalıdır.

Bulgular (Results)

Bu kısımda elde edilen bulguları içermeli, şekil ve tablolarda da desteklenmelidir. Bulgular kısmında kaynak gösterilmemelidir.

Tablo dışında kalan fotoğraf, resim çizim ve grafiklerin hepsi “Şekil” olarak verilmelidir. Resim, şekil ve grafikler net ve ofset baskı tekniğine uygun olmalıdır. Her tablo ve şekle metin içinde atıf yapılmalı, şekil ve tablolar yazım alanı içinde olmalıdır. Tüm tablo ve şekiller makale boyunca sırayla numaralandırılmalıdır (Tablo 1, Şekil 1 gibi). Tablo ve şekil başlıkları ve açıklamaları kısa ve öz

olmalıdır. Türkçe sunulan makalelerdeki Tablo ve Şekil başlıklarının İngilizceleri de italik olarak Türkçe başlıkları altında verilmelidir.

Numaralandırma ve açıklama kısımlarında metin “Times New Roman” formatında 12 punto olarak yazılmalı ve görsel ile açıklama satırı arasında boşluk olmamalıdır. Görsel ile önceki ve sonraki paragraflar aralarında birer satır boşluk olmalıdır. Görsel içerisindeki veriler okunaklı olmalıdır. Eğer çalışmanızı İngilizce olarak sunmak istiyorsanız lütfen isimlendirmeleri şekil, grafik ve resim için “figure”, harita için “map” olarak değiştirdiğinizden emin olunuz.

Tablo, şekil, grafik ve resim numaralandırmaları ile aynı metin özelliklerinde olmalıdır. Şekil başlıklarından önce ve tablo başlıklarından sonra 6nk boşluk bırakılmalı, Tablo ve şekil başlıkları bir satırdan fazla ise tek satır aralığı yazılmalı ve asılı (2cm) olarak ayarlanmalıdır. Tablo numaralandırılması ve açıklaması; tablonun üstünde olmalı, tablodan önce ve sonraki paragraflar arasında birer satır boşluk bırakılmalıdır.

Tablo dikey çizgi kullanılmamalıdır. Tabloda kullanılan ilk ve son yatay çizgiler 11/2 nk, ara yatay çizgiler 1/2nk kalınlıkta olmalıdır. Tablo içindeki metin okunaklı olmalıdır (8-12 punto kullanılabilir).

Tartışma ve Sonuç (Discussion and Conclusion)

Bu kısımda, çalışmada elde edilen bulguların nedenselliği ilgili bilimsel kanıtlarla tartışılır. Nedenler ve elde edilen bulgular detaylı şekilde yorumlanır. Bu bölümde elde edilen bulguların tekrarı yapılmamalıdır. Ayrıca, çalışmasından elde edilen sonuçların literatüre katkısı, çalışmanın eksiklikleri ile öneriler de yer alabilir. Yazarın isteğine bağlı olarak bu bölüm “Bulgular” kısmı ile birleştirilmesi tercih edilirse “Bulgular ve Tartışma”, ayrıca “Sonuç” kısmı makaleye eklenmelidir.

Teşekkür (Acknowledgment)

Bu kısımda; çalışmaya katkısı olan kişi, kurum ve kuruluşlara teşekkür edilir.

Kaynaklar (References)

Metin içerisindeki atıflarda:

- Tek yazarlı çalışmalarda: **Doe (2014) ya da (Doe, 2014)**
- İki yazarlı çalışmalarda: **Doe ve Smith (2014) ya da (Doe ve Smith, 2014)**
- Üç veya daha fazla yazarlı çalışmalarda: **Doe ve ark. (2014) ya da (Doe ve ark., 2014)**
- Aynı yazara ait birden fazla çalışmaya atıf yapıldığında: **Doe ve ark. (1993 ve 1994), Doe ve ark. (1993a ve 1993b).** şeklinde düzenlenmelidir.
- Çok sayıda çalışmaya yapılan atıflar kronolojik olarak sıralanır: **(Doe, 1999; Smith ve Doe, 2001; Doe ve ark., 2014 ve 2015)**

Kaynaklarda verilecek kaynaklar, alfabetik sıraya göre aşağıda örneklerde verildiği biçimlerde eklenmelidir.

Aksakal, V., Macit, M., Esenbuğa, N., 2009. Effects of various ages of weaning on growth characteristics, survival rate and some body measurements of Awassi lambs. Journal of Animal and Veterinary Advances. 8(8): 1624-1630. **(Tam metin makale kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

AOAC, 2000. Official Methods of Analysis (17th Ed.). Maryland, USA: Association of Official Analytical Chemists. **(Yazarı belirsiz kitap kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Arıkan, S., Sağroğlu, G., Yıldız, S., Turgut, D., 1994. Bazı hayvan yemlerinden izole edilen funguslar ve bunların ürettiği toksinlerin biyolojik ölçüm metodu ile saptanması. XII. Ulusal Biyoloji Kongresi. Moleküler Biyoloji, Genetik ve Mikrobiyoloji Seksiyonu Bildiriler Kitabı, Cilt V. Edirne, 25-27 Mayıs 1994, s. 48-54. **(Sempozyum bildirisi kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Çetin, F., 2011. Yem katkı maddesi damıtık tahıllar (DDGS). <http://www.tepge.gov.tr/Dosyalar/Yayinlar/719e2ab765e04a0ebdd00839c3505b44.pdf>
Erişim tarihi: 16.06.2016. **(İnternet adresleri kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Dikmen, İ., 1968. Zeytin çekirdeklerinin köklendirilmesi üzerine araştırmalar. Yüksek Lisans Tezi. Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, 98 s. **(Tez kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Jackson, P. G. G., Cockcroft, P. D., 2002. Clinical Examination of Farm Animals. Oxford, UK: Wiley-Blackwell. **(Kitap kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

SPSS, 2013. IBM SPSS Statistics 22.0 for Windows. Armonk, NY. **(Paket programlar kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Young, O. A., West, J., 2001. Meat Color. In Y. H. Hui, W. K. Nip, & R. Rogers (Eds.), Meat Science and Applications (pp. 39-71). Newyork, USA: CRC Press. **(Kitap bölümü kaynakları bu şekilde verilmelidir.)**

Information for Authors

Journal of Animal Science and Products is published 4 times a year (ISSN: 2667-4580). Its short name is JASP. The scope of the journal covers all aspects of animal science and production.

Journal of Animal Science and Products is an open access and an international journal. All issues are freely available without any charge for either user or institution. Users are allowed to read, download, copy, distribute, print, search, or link to the full texts of the articles, or use them for any other lawful purpose, without asking prior permission from the publisher or the author.

Publication types

The journal publishes original research articles, short communications, scientific reports, case reports, technical notes, letters to the editor, reviews, and, when necessary, research and conference books.

Original (full-length) manuscripts are original scientific papers based on sufficient scientific investigations, observations and experiments. Manuscript consists of the title, abstract and keywords, introduction, material and methods, results, discussion, and references. Manuscript length should not exceed 20 pages. Abstract should contain 300±50 words.

If manuscript is shorter than 6 pages, manuscript will be accepted and published as short communication. It should be prepared in the format of full-length original article but its abstract should not exceed 150 words.

Scientific reports are short description of original research findings. These should be prepared in the format of full-length original articles. The length of scientific reports should be no longer than 6 pages in total.

Case reports are the reports of recent findings encountered in the application, zootechnical and laboratory of related fields. The title and summary of these articles should be written in the format of full-length original articles and the remaining sections should follow introduction, case history, discussion and references. The length of case reports should be no longer than 6 pages in total.

Technical notes are notes on methods or guidance related to animal science and production. The title and summary of these articles should be written in the format of full-length original articles and the remaining sections should follow Introduction, text (with appropriate titles), conclusion, and references. The length of case reports should be no longer than 6 pages in total.

Letters to the editor are short and picture-documented presentations of subjects with scientific or practical benefits or interesting cases. The length of letters should be no longer than 2 pages in total.

Reviews are based on literature regarding a particular subject. The title and summary of this review should be prepared as described for the full-length original articles and the remaining sections should follow Introduction, text (with appropriate titles), conclusion, and references. The length of the text should be no longer than 16 pages in total. Invited reviews have priority for publication.

Manuscript preparation

TEMPLATES FOR UPLOADING FILES

1. As a full article; Author's version of the article,
2. In the additional files section; Author unnamed version of the article,
3. In the Title Page section, the page with the title of the article and the information of all authors,
4. Copyright Transfer Agreement Form
5. Similarity Report (maximum 24%)

Articles to be included in the Journal of Animal Science and Products (JASP) should be written according to the following rules and uploaded online.

1. Our journal accepts both Turkish and English articles. If the writing language of the article is Turkish, the English of the abstract, figure and table names should also be provided. Similarly, Turkish abstracts of English articles should be written. In addition, descriptions of tables and figures should be written in Turkish.
2. The authors are responsible for the compliance of the articles with the ethical rules. The similarity analysis report must be uploaded to the system by the author. References, Article Title, Table and Figure names should be excluded. The similarity rate to other scientific publications should not exceed 24%. However, the editor reserves the right to request an ethics committee document from the authors when necessary.
3. The manuscripts should be written by using Microsoft Office Word program, the article text on the paper in A4 format in Times New Roman type letters (12 pt.) With 1.15 spacing and should not exceed 20 pages. 2.5 cm space should be left on the right, left, bottom and top of the page.
4. The use of resources in the article should be made according to APA.
5. SI (Systeme International d'Units) measurement units should be used in all articles. When abbreviations and symbols are used for the first time in the text, they should be explained. Abbreviations should not be used in the title of the article.
6. Formulas and equations should be numbered and their numbers should be shown in parentheses justified to the right next to the formula.
7. No fee is required from the authors to pay for accepted and published articles.
8. The publishing rights of the articles accepted for publication belong to the institution that publishes the journal. The opinions and suggestions in the articles are entirely the responsibility of the authors.
9. Authors apply for articles online. During the application made through the online application system, the authors will receive a total of 5 files as following;
 1. As a full article; Author's version of the article,
 2. In the additional files section; Author unnamed version of the article,

3. In the Title Page section, the page with the title of the article and the information of all authors,

4. Copyright Form and

5. Submit the Similarity Report (maximum 24%). Incorrect and incomplete applications will not be evaluated.

10. All authors in the article have the Copyright Form (<https://dergipark.org.tr/tr/journal/3237/file/3356/download>) state that they have given their publishing rights to the Journal of Animal Science and Products (JASP). All figures and tables in the article should be presented in their relevant places within the article.

11. Authors can upload your articles to our journal by following the steps at <https://dergipark.org.tr/en/pub/jasp/page/8770>

Rules Regarding Sections of the Manuscript

Article title

The Turkish Title of the Study The First Letter of Each Word (Excluding Conjunctions) and “Times New Roman” should be written in 14 font size.

Author Names

It should be written in "Times New Roman" font in 12 font size.

Author Information

It should be written in "Times New Roman" with 10 font size.

Abstract

It should be written in “Times New Roman” font in 10 font size. In this section, the purpose of the study, the material (s) and method (s) used, the important findings and the conclusion (s) should be stated clearly and concisely. The text should be written in "Times New Roman" font, 10 pt, single line spacing and in one paragraph in accordance with the Turkish spelling rules. Please do not change the writing field borders in right-left directions. The text to be added in this section should be at most (300) words and the cover page should not exceed one page. If you want to present your work in English; The first title, summary and keywords are in English in this section; Provide the Turkish title, summary and keywords in the following section. Do not make changes in the parts containing author names and addresses and date information. When your work is published, the volume, issue, page number and date information will be updated by us. Do not make changes in these parts.

Keywords

"Times New Roman" Font should be written in 10 font size. 4-6 keywords that best describe your work should be added one under the other.

Introduction

It should contain information that prepares the reader for the subject. Check that there is no space before and after the paragraph in the text, with the "Line and Paragraph Spacing" editor, by seeing that the "Before" and "After" values in the "Spacing" section are zero (0) in the "Line Spacing Options" section. Add a space between the "Introduction" title and the text, and add the text by leaving a tab (1.25 cm) space at the beginning of each paragraph in the text under this heading.

Material and Methods

In this section, the number and date of the ethics committee approval document of the study for in vivo studies should be given.

Materials, objects, working area, time and limitations to be worked on should be mentioned in the material. All information related to Table, figure and material etc should be included in this section.

Method, on the other hand, is the technique or techniques used in achieving the purpose of the research. If the method (s) used are new, they should be detailed in a clear and understandable manner. If the method used is a known method, it is sufficient to give its name just by showing the source.

Material and method subtitle (optional)

In this section, if information is given under the subtitle, the subtitle should be written in "Times New Roman", 12 pt, bold and italic. The first letter of the first word of the subtitle should be capitalized and the rest should be in lowercase letters. No spaces should be left after subheadings.

If there will be equations in the text of the work, they should be given in two cells in a single-row table with borders hidden. The equation must be added to the left cell and that cell must be centered. The right cell must contain the equation number and this cell must be right aligned, just large enough to fit the equation number. There should be one line of space between the paragraphs before and after the equation statements.

Results

This section should include the findings obtained and should be supported in figures and tables. No reference should be given in the this section.

All photographs, pictures, drawings and graphics other than the table should be given as "Figure". Pictures, figures and graphics should be clear and suitable for offset printing technique. Each table and figure should be cited in the text, figures and tables should be within the writing area. All tables and figures should be numbered consecutively throughout the article (such as Table 1, Figure 1). Table and figure titles and explanations should be short and concise. Table and Figure titles in Turkish articles should be given in italics under Turkish titles.

In the numbering and explanation sections, the text should be written in "Times New Roman" format in 12 pt. There should be no space between the image and the description line. There should be one line space between the visual and the previous and next paragraphs. The data in the image must be legible. If you want to present your work in English, please make sure to change the naming as "figure" for figure, graph and picture, and "map" for map.

They should have the same text properties as the table, figure, graph and picture numbering. 6 nk space should be left before the figure headings and after the table headings. If the table and figure fish are more than one line, one line spacing should be written and set as hanging (2 cm). Table numbering and explanation; It should be at the top of the table, and there should be one blank line between the paragraphs before and after the table.

Table vertical line should not be used. The first and last horizontal lines used in the table should be 1 1/2 pt thick, intermediate horizontal lines should be 1/2 pt thick. The text in the table should be legible (8-12 font size can be used).

Discussion and Conclusion

In this section, the causality of the findings obtained in the study is discussed with relevant scientific evidence. Causes and findings are interpreted in detail. The findings obtained in this section should not be repeated. In addition, the contribution of the results obtained from the study to the literature, the deficiencies of the study and suggestions may also be included. If it is preferred to combine this section with the "Results" section, depending on the author's request, "Results and Discussion", as well as the "Conclusion" section should be added to the article.

Acknowledgments (Acknowledgment)

In this section; We would like to thank the people, institutions and organizations that contributed to the study.

References

In the citations in the text:

- In studies with a single author: **Doe (2014) or (Doe, 2014)**
- In studies with two authors: **Doe and Smith (2014) or (Doe & Smith, 2014)**
- In studies with three or more authors: **Doe et al. (2014) or (Doe et al., 2014)**
- When citing more than one study by the same author: **Doe et al. (1993 and 1994), Doe et al. (1993a and 1993b)**. should be arranged as.
- Citations to a large number of studies are listed in chronological order: **(Doe, 1999; Smith & Doe, 2001; Doe et al., 2014 and 2015)**

The references to be given in the references should be added in alphabetical order as given in the examples below;

Aksakal, V., Macit, M., Esenbuğa, N., 2009. Effects of various ages of weaning on growth characteristics, survival rate and some body measurements of Awassi lambs. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 8(8): 1624-1630. **(Full text articles should be given in this way.)**

AOAC, 2000. *Official Methods of Analysis* (17th Ed.). Maryland, USA: Association of Official Analytical Chemists. **(Books with an unknown author should be given in this way.)**

Arıkan, S., Sağıroğlu, G., Yıldız, S., Turgut, D., 1994. Determination of fungi isolated from some animal feeds and their toxins by biological measurement method. XII. National Biology Congress. *Molecular Biology, Genetics and Microbiology Section Proceedings Book*, Volume V. Edirne, 25-27 May 1994, p. 48-54. **(Symposium papers should be given in this way.)**

Çetin, F., 2011. Feed additive distilled grains (DDGS). <http://www.tepge.gov.tr/Dosyalar/Yayinlar/719e2ab765e04a0ebdd00839c3505b44.pdf> Date of access: 16.06.2016. **(Internet address resources should be given as such.)**

Dikmen, İ., 1968. Research on rooting olive cuttings. Master Thesis. Ege University, Institute of Science, 98 p. **(Thesis should be given in this way.)**

Jackson, P. G. G., Cockcroft, P. D., 2002. *Clinical Examination of Farm Animals*. Oxford, UK: Wiley-Blackwell. **(Book sources should be given in this way.)**

SPSS, 2013. *IBM SPSS Statistics 22.0 for Windows*. Armonk, NY. **(Softwares should be given in this way.)**

Young, O. A., West, J., 2001. Meat Color. In Y. H. Hui, W. K. Nip, & R. Rogers (Eds.), *Meat Science and Applications* (pp. 39-71). Newyork, USA: CRC Press. **(Book chapters should be given in this way.)**



This Journal Published by the Turkish Federation of Animal Science