

Çiftlik Hayvanlarında Markör Destekli Seleksiyon UygulamalarıAli KEPEZKAYA ¹, Yunus Emre BOGA ², Ömer ÇİMEN ^{3*}¹ Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Adana² Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Iğdır³ Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Hayvansal Üretim ve Teknolojileri Bölümü, Niğde*Sorumlu yazar (Corresponding author): omercimen0101@gmail.com**Geliş Tarihi (Received):** 15.05.2024**Kabul Tarihi (Accepted):** 25.06.2024**Özet**

Son yıllarda ki moleküler genetikte ki ilerlemeler, çiftlik hayvanlarının seleksiyon süreçlerinde ve genetik ilerleme hızının artırılmasında büyük önem taşımaktadır. Özellikle moleküler markörler, hayvancılık sektöründe geniş bir uygulama alanı bulmuştur. Moleküler belirteçler sayesinde hayvanların istenilen verim özelliklerini belirlemede, anne-baba tayininde ve genetik hastalıkların kontrolünde önemli rol oynamaktadır. Moleküler markörlerin en önemli kullanım alanlarından biri genomik seleksiyon uygulamalarıdır. Bu uygulama, hayvanların genetik yapısını moleküler düzeyde analiz ederek, istenen özellikleri sergileme potansiyelini önceden tahmin etmeyi sağlar. Bu sayede, sadece fenotipik özelliklere dayalı geleneksel yöntemlerden daha doğru ve hızlı bir şekilde damızlık hayvanların seçilmesi mümkün olur. Moleküler markörlerin kullanımı, geleneksel ıslah yöntemlerinin sınırlamalarını aşarak ekonomik değere sahip özellikler açısından seleksiyon sürecini hızlandırabilir. Sonuç olarak, moleküler biyolojideki ilerlemeler ve moleküler markörlerin hayvancılık sektöründeki uygulamaları, hayvanların genetik potansiyellerinin daha hızlı bir şekilde artırılmasını sağlayarak ülke ekonomisine önemli katkılar yapabilir. Bu teknolojiler, gelecekte de hayvan ıslahı ve hayvancılık yönetimi alanında daha fazla yeniliğin ve gelişmenin kapılarını açabilir.

Anahtar Kelimeler: Islah, gen, markör uygulamaları, genetik ilerleme**Marker Assisted Selection Applications in Farm Animals****Abstract**

Recent advances in molecular genetics have been of great importance in the selection process of livestock and in increasing the rate of genetic progress. Especially molecular markers have found a wide range of applications in the livestock sector. Molecular markers play an important role in determining the desired yield characters of animals, in parentage determination and in the control of genetic diseases. One of the most important applications of molecular markers is genomic selection. This application analyzes the genetic structure of animals at the molecular level to predict their potential to exhibit desired traits. In this way, it is possible to select breeding animals more accurately and quickly than traditional methods based solely on phenotypic traits. The use of molecular markers can overcome the limitations of traditional breeding methods and accelerate the selection process for traits of economic value. In conclusion, advances in molecular biology and applications of molecular markers in the livestock sector can make significant contributions to the national economy by enabling the genetic potential of animals to be increased more rapidly. These technologies can open the doors to further innovations and developments in animal breeding and livestock management in the future.

Keywords: Breeding, gene, marker applications, genetic progress

1. Giriş

Son yüzyılda kantitatif özelliklerin tahmininde ve geliştirilmesinde fenotipe dayalı bir yaklaşım kabul görmüştür, ancak bu yaklaşımın genotipi yeterince yansıtamamasından dolayı fenotipe dayalı seleksiyon uygulamaları bazı sorunları ve sınırlamaları ortaya koymuştur (Montoldo ve ark., 1998). Verim ile ilgili bazı özelliklerin sadece yetişkin hayvanlarda ölçülebilmesi sonucu generasyon aralığı artmakta ve yıllık olarak genetik ilerleme düzeyi düşmekle beraber kantitatif değerlerin genetik ilerlemesi bazı özelliklerin bir cinsiyette ölçülmesi ve çevresel faktörlerin genler üzerindeki etkisi nedeniyle yavaş gelişim göstermektedir (Lara ve ark., 2002).

Moleküler belirteçlerin çiftlik hayvanlarında kullanımı, 1990'lara değin, çiftlik hayvanlarında çeşitli kantitatif özellikler ve protein polimorfizmleri arasındaki ilişkileri araştırmak için moleküler markörler kullanılmıştır. Özellikle sığırlarda, kan grupları ile süt verimi arasındaki ilişkiyi anlamlandırmaya çalışmış ve süt ile kan proteinlerindeki genetik varyasyonların çeşitli verimler üzerindeki etkisi araştırılmıştır. Fakat bu protein odaklı çalışmalar, fenotipik özelliklerle yeterince ilişkilendirilememiştir. (Bal ve Akyüz, 2014; Özşensoy ve Kurar, 2013). DNA markörlerine dayalı seleksiyon fikri, ekonomik değere sahip verim özellikleri üzerinde etkili olan genlerin önemli bir rol oynadığı rapor edilmiştir. Ancak, bu süre zarfında, bu karakterleri etkileyen genlerin sayısının çokluğu ve bu genler arasındaki karmaşık ilişkilerin yeterli düzeyde açıklanamaması sebebiyle, bu yöntemin kullanımı sınırlı kalmıştır. Ancak 2000'li yılların başından itibaren, genetik araştırmalarda ve teknolojilerindeki ilerlemeler sayesinde, DNA markörlerine dayalı seleksiyonun pratik uygulamaları mümkün olmuştur. (Hayes ve ark., 2009) Moleküler genetikte ki gelişmelerle beraber çiftlik hayvanlarında genetik ilerleme ve ekonomik değeri olan verim özelliğine

sahip hayvanların seleksiyonunda heyecan verici gelişmeler olmuştur. DNA'lardaki ortaya çıkan nükleotid dizilimi ile ilgili farklılığı çeşitli yöntemlerle ortaya çıkaran DNA markerleri, geniş bir uygulama alanına sahip, ancak gerçekte kullanımları marker destekli seleksiyon gibi genotipik seleksiyon uygulamaları için kantitatif karakter lokuslarının ortaya çıkması üzerine olacağı rapor edilmiştir (Hillel ve ark., 1992; Nicholas, 1996). Çiftlik hayvanlarında kalitatif ve kantitatif karakterler olmak üzere 2 karakter grubu vardır. Fenotipik karakterler genellikle az sayıda gen çifti tarafından kontrol edilir ve çevresel faktörlerden hemen hemen etkilenmezler. Bu nedenle, bu karakterler için istenilen genetik yapıların hızlı ve kolay bir şekilde oluşturulabilmesi mümkündür.

Ergin ve yavru hayvanlarda başta olmak üzere, verimi ilgilendiren karakterler genel olarak kantitatif karakterlerdir. Bu karakterler ekonomik değer taşıyan özelliklerden oluşur ve genellikle çok sayıda gen tarafından kontrol edilirler. Ayrıca, çevresel faktörlerin etkisi altındadırlar. Bu karmaşıklık sebebiyle, bireyin fenotipi temelinde genotipi hakkında her zaman kesin ve doğru sonuçların elde edilmesi mümkün olmayabilir (Daş, 2015; Özkan ve Yakan, 2017).

1.1.Morfolojik markörler ve DNA markörleri

Morfolojik markörler, genetik çalışmalarda önemli rol oynayan görsel özelliklerdir. İnsan, hayvan ve bitki genetik araştırmalarında kullanılan bu markörler, özellikle başlangıçta genlerin ve kromozomların anlaşılmasında büyük öneme sahiptir. Örneğin, göz rengi, kanat yapısı, boynuzluluk gibi basit kalıtım özellikleri üzerinde yapılan çalışmalar, Mendel'in kalıtım yasalarının ilkelerini anlamamıza yardımcı olmuştur. Bu tür morfolojik karakterler, genellikle belirli genlerin varlığını veya yokluğunu gösteren güvenilir işaretçiler olarak kullanılabilir. Bu genlerin kromozom üzerindeki

konumlarının belirlenmesi, genetik haritalama ve gen lokasyon analizleri için büyük önem taşır. Morfolojik markörlerin avantajı, gözlemlenmelerinin kolay olmasıdır. Ancak, alel sayılarının sınırlı olması, bu markörlerin genetik çalışmalarda kullanımını kısıtlayabilir. Bu nedenle, genetik araştırmalarda morfolojik markörlerin yanı sıra, moleküler markörler gibi daha spesifik ve geniş bir genetik çeşitliliği yansıtan markörler de kullanılmaktadır ancak, bu markörlerin sınırlamaları da göz önünde bulundurulmalıdır (Liu, 1998). Genetikte bu alanla ilgili yapılan araştırmalarda doku ve kan proteinleri markör olarak uzun süre kullanılmış olsa da, bu sistemlerin bazı sınırlamaları bulunmaktadır. Özellikle, kan grupları ve protein markörlerinin genomda belirli bölgelere yoğunlaşmış olmaları ve polimorfizm değerlerinin sınırlı olması, bu markörlerin kullanımını kısıtlamaktadır ve bu kısıtlamalar örnek alımı için kan gibi özgün materyallere ihtiyaç duyulması, analizlerin zaman alıcı ve iş gücü gerektiren süreçler olması da bu sınırlamalar arasındadır ve bu nedenlerden dolayı, moleküler biyolojideki ilerlemeler ve DNA temelli markörlerin gelişimi, genetik araştırmalarda bu tip markörlerin yerini almıştır. DNA temelli markörler, daha yüksek çözünürlükte ve genetik çeşitliliği daha iyi yansıtabilen araçlar olarak kabul edilir. Bu markörler, genetik haritalama, gen lokasyon analizleri ve genetik çeşitlilik çalışmaları gibi alanlarda yaygın olarak kullanılmaktadır (Kurar, 2001).

2. Markör destekli seleksiyon

Çiftlik hayvanlarında markör destekli seleksiyon uygulamaların temel hedefi genotiplerin doğru tahminiyle birlikte genetik olarak istenilen özelliğe sahip hayvanların fenotipi yeterince yansıtarak kısa süre içerisinde ekonomik şekilde hayvanların elde edilmesi ilkesine dayanmaktadır (Daş, 2015; Özdemir ve Doğru, 2008). Moleküler markörlerin başlıca uygulama alanları kısa ve uzun dönem olarak 2 temel başlık halinde tanımlanabileceği bildirilmiştir. Anne baba

hatlarının tayini, Yavru cinsiyetinin belirlenmesi, ikizlik ve freemartinismus olgularının tespiti, genetik uzaklığın tahmini, hastalık taşıyıcılarının tespit edilmesi ve genetik hastalıkların kontrolü gibi kısa dönem uygulamaları ile beraber kantitatif karakter lokuslarının ortaya çıkarılması ve genom haritalarının oluşturulması uzun dönem uygulamaları olarak tanımlanabilmektedir (Mitra ve ark., 1999). Kantitatif özelliklerin değerlendirilmesinde kan grupları, spesifik protein polimorfizmleri (kan serum proteinleri ve süt proteinleri) ve DNA polimorfizmleri gibi genetik tahminin doğruluğunu yükseltecek ve seleksiyonun erken yaşlarda kullanılabilmesine olanak gösteren yöntemlere gereksinim olduğunu rapor etmişlerdir (Lin ve ark., 1992).

2.1. Moleküler markörlerin uygulama alanları

2.1.2. Ebeveyn tayini yöntemi

Moleküler Markörlerin Uygulama alanlarından olan ebeveyn tayin yöntemi, bir hayvanın yetiştiricilik özelliklerinin oluşturulmasında kullanılan verilerin akrabalardan yararlanılması sebebiyle kritik öneme sahiptir. Bu tür analizlerde moleküler markerler kullanılarak yapılan ebeveyn tayinleri, kan grupları ve diğer biyolojik markerler kullanılarak yapılan testlere göre daha yüksek güvenilirlik sağlar. Özellikle, yüksek düzeyde polimorfik mikrosatellit DNA markerleri ebeveyn tayini için uygun ve etkilidirler. Bu markerler, % 90 ve üzeri güvenilirlik sağlayabilirken, kan grupları % 70-90, diğer biyolojik markerler ise % 40-60 aralığında güvenilirlik sağlayabildiği bildirilmiştir (Jeffreyes ve ark., 1985). Çiftlik hayvanlarında markörlerin kullanımı ile gerçekleştirilen PCR temelli anne-baba tayinleri başarılı olarak kullanılmaktadır (Mitra ve ark., 1999).

2.1.3. Yavrularda cinsiyetin belirlenmesi yöntemi

Yavrularda cinsiyet tayini, hayvan yetiştiriciliklerinde popülasyonun olması gereken niteliklere göre dizayn edilmesine

önemli katkı sağlayan yöntemdir. İmplantasyon öncesinde kullanılan çeşitli teknikler olmasına rağmen, en önemli öncelik bu yöntemlerin embriyonun sağlıklı gelişimini koruyarak uygulanabilmesidir. Ayrıca bu yöntemler kolaylıkla uygulanabilir olmalı, tekrarlandığında tutarlı sonuçlar vermelidir ve zaman kazandırmalıdır. Y kromozomuna özgü kullanılarak yapılan hibridizasyon gibi sitogenetik teknikler, implantasyon öncesi yavru cinsiyetinin güvenilir bir şekilde belirlenmesinde etkilidir. Ancak bu metodların uygulamasının sağlanabilmesi için yüksek oranda embriyonik materyale gereksinim duyulması bir dezavantaj olarak görülmektedir (Mitra ve ark., 1999).

2.1.4. İkizlik ve freemartinismus olgularının belirlenmesi

Farklı cinsiyetli (XX/XY) ikizlik olgularının saptanması, monoovulator hayvanlarda büyük önem taşır (Mitra ve ark., 1999). Özellikle, biri erkek ve diğeri dişi olan ikizlerden dişi olanın steril olabileceği freemartinizm olgusu, yetiştiriciler için önemli ekonomik kayıplara yol açabilir. Bu durum sitogenetik ve moleküler teknikler kullanılarak belirlenebilir (Nowacka ve ark., 2004). Bu amaçla, farklı tekniklerden yararlanılarak farklı cinsiyetli ikizlik olgularının belirlenmesi mümkündür. Bunlar arasında DNA polimorfizmleri analizi bulunmaktadır (Rejduch ve ark., 2001; Plante ve ark., 1992). Ayrıca, cinsiyet kromozomları üzerinde yer alan belirli genlerin (SRY, AMELX/AMELY, ZFX/ZFY) analizi (Justi ve ark., 1995; Schellander ve ark., 1992) ve sadece tek kromozoma (Y) özgü markörlerin (BOV97M, BRY.1 ve BRY.4a gibi) kullanımı da yaygın olarak tercih edilmektedir (Olsaker ve ark., 1993; Nowacka ve ark., 2004).

2.1.5. Genetik uzaklığın tahmini

Genetik uzaklığın tahmini, birden fazla popülasyonda soyağacının doğruluğuna, popülasyon içerisinde ki farklı ırkların veya hatların belirlenmesine ve zamanla türler

arasında ortaya çıkan varyetelerin değerlendirilmesine imkan sağlayan önemli bir durumdur (Mitra ve ark., 1999). Bu tür genetik uzaklık analizlerinde mikrosatellit DNA belirteçleri AFLP (amplified fragment length polymorphisms) ve RAPD (random amplified polymorphic DNA) gibi yöntemler sıkça tercih edilebilmektedir. (Elmacı ve ark., 2007).

Kuzey Asya bölgesinde yapılan bir çalışmada Tapio ve ark. (2010), yetiştirilen 52 adet koyun ırkı arasındaki genetik uzaklığını, 20 mikrosatellit belirteç kullanımı ile bulmuşlardır. Negrini ve ark. (2007), Avrupa'nın farklı bölgelerinde AFLP yöntemi ile sığırlar arasındaki genetik mesafeyi Negrini ve ark., (2007) yaptıkları çalışma da tespit etmişlerdir. Elmacı ve ark. (2007) yaptıkları çalışmada Gökçeada, Kıvırcık ve Sakız koyun ırkları arasındaki genetik aralığı RAPD yöntemiyle bulmuşlardır.

2.1.6. Hastalık taşıyıcılarının saptanması ile ortaya çıkabilecek genetik hastalıkların kontrolü

Hastalık taşıyıcılarının tayini, genel olarak fenotipik olarak normal bireylerden ayırt edilemeyen ancak zararlı alleli taşıyan heterozigot bireylerin sürüden uzaklaştırılmasında kritik bir rol oynamaktadır. Bu süreç, genetik hastalıkların sürü içinde yayılmasını önlemeye yardımcı olur ve genetik kaynaklı sağlık sorunlarının kontrol altında tutulmasına katkı sağlar. Birçok tedavi edilemeyen ciddi hastalığın kaynağı genetik kusurlar olup, bunlar bakteri veya virüslerden ziyade genomdaki bazı bozukluklardan kaynaklanmaktadır. Hayvanların genetik varyasyonları, belirli hastalıklara karşı duyarlılığı veya direnci etkileyebilir (Mitra ve ark., 1999). İğirlerde lökosit bağlanma eksikliği (LBE), üridin monofosfat sentez eksikliği (ÜMSE), omur anormallikleri ve sitrülin birikimi gibi genetik kusurlar, tek nokta mutasyonları sonucu oluşan otozomal resesif hastalıklardır. Bu tür hatalı çekinik allellere sahip taşıyıcı hayvanlar, PCR-RFLP yönteminin kullanımı ile basit şekilde

bulunabilir ve sürüden uzaklaştırılabilir (Mitra ve ark., 1999, Meydan ve ark., 2010).

3. Aday gen yaklaşımı

Aday gen yaklaşımı, genellikle tüm genomun taranması yerine belirli bir fenotipi etkileyen genlerin veya gen bölgelerinin QTL (Kantitatif Karakter Lokusu- Quantitative Trait Loci) aranması şeklinde uygulanır. Önce fenotip üzerinde etkili olan genler veya gen bölgeleri belirlenir, daha sonra bu genlerin QTL olup olmadığı ilişki veya bağlantı analizleri ile doğrulanır. Bu yaklaşım genotipleme maliyetlerini düşürebilir, çünkü sadece belirli aday genler veya gen bölgeleri için genotipleme yapılır. Fakat aday genler için kullanılan analiz metotları özellikle pek fazla bilinmeyen özellikler için uygun olmayabilir. Çünkü bu tür özelliklerde,

etkileyen genler veya gen bölgeleri önceden bilinmeyebilir ve aday genlerin belirlenmesi zor olabilir. Buna karşın, genel genom taraması (genom-wide scanning), özellikle iyi bilinen özellikler için avantajlı olabilir. Çünkü bu yaklaşımda tüm genom taranarak önceden şüphelenilmemiş lokuslar da ortaya çıkarılabilir. Bu sayede fenotip ile ilişkili genetik faktörler daha kapsamlı bir şekilde keşfedilebilir. Sonuç olarak, aday gen yaklaşımı ve genom taraması her birinin kendi avantajlarına sahiptir. Hangi yaklaşımın kullanılacağı, araştırılan özelliklerin bilinirliği, genotipleme maliyetleri ve araştırmacının amaçlarına bağlı olarak değişebileceği rapor edilmiştir (Beuzen ve ark., 2000). Sığır, tavuk, koyun ve keçilerde kantitatif karakter lokuslarının durumu tablo 1'de verilmiştir.

Tablo 1. Sığır, tavuk, koyun ve keçilerde kantitatif karakter lokuslarının güncel durumu (Anonim, 2024).

Sığır		Tavuk		Koyun		Keçi	
Özellik Tipi	QTL	Özellik Tipi	QTL	Özellik Tipi	QTL	Özellik Tipi	QTL
Süt Yağ Yüzdesi	111.785	Vücut ağırlığı	2.863	Süt yağı verimi	344	Süt protein yüzdesi	319
Süt Protein Yüzdesi	9.663	Yem dönüşüm oranı	787	Vücut ağırlığı	253	Süt yağ yüzdesi	134
Süt Yağ Verimi	9.088	Yumurta kabuğu kalınlığı	746	Süt verimi	227	Vücut ağırlığı	119
Süt Verimi	7.411	Yumurta sayısı	637	Toplam kuzu sayısı	223	Süt verimi	39
Süt C14 İndeksi	4.848	Yumurta ağırlığı	338	Süt protein verimi	114	Süt yağ verimi	24
Süt Kappa-Kazein Yüzdesi	4.832	Vücut ağırlığı artışı	262	Günlük canlı ağırlık kazancı	72	Süt enerji içeriği	20
Metabolik Vücut Ağırlığı	4.275	Tüy pigmentasyonu	251	Gövde yüksekliği	68	Süt laktoz yüzdesi	17
Süt Protein Verimi	3.676	Cilt rengi	223	Boynuz tipi	124	Vücut uzunluğu	98

4. Gen kaynaklarının korunması ve genetik çeşitlilik

Çiftlik hayvanlarında genotipik kaynakların korunması esasında temel olarak 3 yöntem kullanılmaktadır. Bu 3 yöntem ise; genetik materyalin yetiştirme sürüleri halinde (in situ), dondurularak

korunması (ex situ) ve genetik bilgiyi DNA segmentileri halinde korumadır (Primo, 1987; Turner, 1987; Henson 1992; Ertuğrul ve ark., 2005). Türkiye’de Tarım ve Orman Bakanlığı vasıtası ile 2005’de başlatılan "Evcil Hayvan Genetik Kaynaklarının Yerinde Korunması ve Geliştirilmesi

Ülkesel Projesi" kapsamında, Türkiye genelinde 60 ilde 23 koyun ve 7 keçi ırkı yerel ırkların korunması ve geliştirilmesi hedeflenmektedir. Bu projede 7000 yetiştirici ve 180 popülasyon bulunmaktadır. Projede toplam 1.2 milyondan fazla koyun, ırk esasına göre ıslah ve saf yetiştirme yoluyla kontrol edilmektedir. Aynı kapsamda yürütülen Anadolu Mandası Islah Projesi'nde ise 18 ilde 3400 yetiştirici bulunmaktadır. Proje kapsamında 900 anaçlık 32 popülasyon olmak üzere toplam 28.000 anaç ve yavruları ıslah programı kapsamı altındadır. Bu projeler, yerel hayvan ırklarının genetik çeşitliliğini korumayı ve bu ırkların verimliliğini artırmayı hedeflendiğini rapor etmiştir (Ayar, 2019).

Seçilim, akrabalı çiftleştirme ve melezleme gibi ıslah yöntemleri, bir hayvan ırkı içinde genetik varyasyon kaybına neden olabilir ve ırkın genetik çeşitliliğini azaltarak kendini yok etme riskiyle karşı karşıya kalabilir. Bu durum, bilim insanlarının çiftlik hayvanı genetik kaynaklarının korunması gerekliliğini ortaya koyulmuş ve Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO), 1992 senesinde çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının küresel yönetimi için bir program başlatmıştır. Bu programın ana hedefi, küresel düzeyde genetik kaynakların olası kayıpları konusunda farkındalık yaratmak ve koruma faaliyetlerini belirlemektir. Bu çabalar, dünya genelinde çeşitli hayvan ırklarının genetik çeşitliliğinin korunması ve sürdürülebilir kullanımının sağlanması amacıyla önem arz ettiği bildirilmiştir (Gandini, 1999; Qwabe, 2011).

5.Sonuç

Moleküler belirteçler sayesinde çiftlik hayvanlarının performansları önceden tahmin edilerek hayvan genetiğine ve yetiştiriciliğe önemli katkıları olması düşünülmektedir. Moleküler markörler, klasik ıslah metotların bazı dezavantaj ve sınırlamalarını yok ederek ülke ve yetiştirici ekonomisine önemli katkılar ve olanaklar sağlayacaktır. Günümüzde ki MAS

yöntemleri ıslah metotlarının aktivitesini arttırmanın yanı sıra yeni özelliklerin seçilimi için de imkanlar tanyacaktır. MAS uygulamaları, kesim sonrası değerlendirilebilen özellikler veya sadece bir cinsiyette belirtilen özellikler için büyük bir avantaj sağlar et verimliliği gibi özellikler genellikle hayvan kesildikten sonra anlaşılabilir. Ancak, hayvanlar gençken genetik yapılarına dayanarak bu tür özellikler için seçim yapılabilir. Özellikle boğalar veya spermaların seleksiyonunda MAS kullanılması, ülke genelinde hızlı ve etkin genetik ilerleme sağlar. Bu, istenen özelliklere sahip hayvanların üretimine yönelik olarak genetik potansiyelin maksimize edilmesine yardımcı olabilir. Sonuç olarak, MAS sayesinde hayvan yetiştiriciliğinde genetik ilerlemenin hızlandırılması ve istenen özelliklere sahip hayvanların seçilmesi mümkün hale gelerek, verimliliği artırabilir ve üretim maliyetlerini azaltabilir. Markör destekli seleksiyon uygulamaları sayesinde, özellikle farklı hayvan ırkları ve çeşitli özellikler için QTL'lerin belirlenmesini ve bu QTL'lerin genetik etkilerinin daha iyi anlaşılmasını sağlayabilir. Bu araştırmalar, genotipik seleksiyonun kapsamını genişleterek daha fazla özellik için uygulanabilirliğini artırabilir. Ayrıca, yeni nesil DNA dizileme teknolojileri ve analiz yöntemlerinin geliştirilmesi, QTL'lerin daha hassas bir şekilde haritalanmasına ve genetik varyasyonların daha ayrıntılı bir şekilde incelenmesine olanak tanır. Sonuç olarak, çiftlik hayvanlarında genotipik seleksiyon yöntemlerinin daha geniş bir şekilde kullanımının yaygınlaştırılması ile etkisinin artırılması için kantitatif karakter lokuslarının ifade edilmesi bakımından araştırma ve geliştirme çalışmalarının arttırılması gereklidir. Bu, hayvan yetiştiriciliğinde genetik iyileştirmenin daha etkili ve sürdürülebilir olmasına katkı sağlayabilir.

Yazarların Katkı Beyanı

Yazarlar makaleye eşit katkıda bulduklarını, makalenin yayına hazır son halini gördüklerini/okuduklarını ve onayladıklarını beyan ederler.

Çıkar Çatışması Beyanı

Tüm yazarlar, bu çalışma için herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan etmektedir.

Kaynaklar

Anonim, 2024. "Animal QTL Database".<http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index/> Son erişim tarihi: 14.04.2024.

Ayar, A., 2019. Animal genetic resources and community based livestock breeding program R and D and innovation under general directorate of agricultural research and policies. *12th World Buffalo Congress Congress Proceeding Books 8-20 September 2019 İstanbul-Turkey.*

Bal, O., Akyüz, B., 2014. Halk Elinde yetiştirilen Holştayn, Doğu Anadolu kırmızısı ve yerli kara sığır ırklarında Diacylglycerol O-Acyltransferase 1 (DGAT1) Gen Polimorfizminin PCR-RFLP Yöntemi ile Belirlenmesi. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(1): 7-13.

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.

Daş, H., 2015. QTL tespiti için hayvanlarda kullanılan popülasyonlar ve istatistiksel metodlar. *Gümüşhane Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi*, 4(2): 270-291.

Elmacı, C., Öner, Y., Öziş, S., Tuncel, E., 2007. Türk koyun ırklarında DNA polimorfizminin RAPD analizi. *Biyokimyasal Genetik*, 45: 691-696.

Ertuğrul, M., Dellal, G., Elmacı, C., Akın, O., Karaca, O., Altın, T., Cemal, İ., 2005. Hayvansal gen kaynaklarının koruma ve kullanımı [Conservation and Use of Animal Genetic Resources]. *Türkiye Ziraat Mühendisliği VI. Teknik Kongresi*, 3-7 Mart 2005, Ankara.

Gürses, M., Bayraktar, M., 2014. Moleküler markerlerin hayvan yetiştiriciliği ve genetiğinde kullanımı. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Veteriner Dergisi*, 28(2): 99-106.

Gandini, G.C., Oldenbroek, J.K., 1999. Choosing the conservation strategy.

Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.J., Goddard, M.E., 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of dairy science*, 92(2): 433-443.

Henson, E.L., 1992. In situ conservation of livestock and poultry (No. 99, pp. vii+-112). Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Hillel, J., Dunnington, E.A., Siegel P.B., 1992. DNA Markers in poultry breeding and genetic analyses. *Poultry Sciences*, 4: 169-186.

Jeffreys, A.J., Wilson, V., Thein, S.L., 1985. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. *Nature*, 316(6023): 76-79.

Justi, A., Hecht, W., Herzog, A., Speck, J., 1995. Comparison of different methods for the diagnosis of freemartinism-- blood group serology, cytology and polymerase chain reaction. *DTW. Deutsche Tierärztliche Wochenschrift*, 102(12): 471-474.

Kurar, E., 2001. Comparative physical and linkage mapping of bovine chromosome 24 with human chromosome 18. The University of Wisconsin-Madison.

Lara, M.A.C., Gama, L.T., Bufarah, G., Sereno, J.R.B., Celegato, E.M.L., de Abreu, U.P., 2002. Genetic polymorphisms at the k-casein locus in pantaneiro cattle. *Archivos de Zootecnia*, 51: 99-105.

Lin, C.Y., Sabour, M.P., Lee, A.J., 1992. Direct typing of milk proteins as an aid for genetic improvement of dairy bulls and cows: a review.

Liu, B.H., 2017. Statistical genomics: linkage, mapping, and QTL analysis. CRC press.

- Liu BH. Statistical genomics: Linkage, mapping, and QTL analysis. CRC Press LLC, Boca Raton New York. 1998.
- McGill, D., and Lievaart, J., 2011. Genomic selection in dairy cattle: An overview and discussion on some possible applications. In Dairy Research Foundation (DRF) Symposium (pp. 117-122). Sydney Univeristy.
- Meydan, H., Yildiz, M.A., Agerholm, J.S., 2010. Screening for bovine leukocyte adhesion deficiency, deficiency of uridine monophosphate synthase, complex vertebral malformation, bovine citrullinaemia, and factor XI deficiency in Holstein cows reared in Turkey. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 52: 1-8.
- Mitra, A., Yadav, B.R., Nazir, A., 1999. Molecular markers and their applications in livestock improvement. *Current Science*, 77: 1045-1053.
- Montoldo, H.H., Herrera, C.A., 1998. Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock. *Electronic Journal of Biotechnology*, 1: 83-89
- Negrini, R., Nijman, I.J., Milanesi, E., Moazami-Goudarzi, K., Williams, J.L., Erhardt, G., Lenstra, J.A., 2011. Differentiation of European cattle by AFLP fingerprinting.
- Nicholas, F.W., 1996. Introduction to Veterinary Genetics. Oxford University Press, U.K
- Nowacka, J., Switonski, M., Mackowski, M., Slota, E., Radko, A., Zabek, T., and 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.
- Olsaker, I., Hellemann, A.L., Lie, Ø., Jørgensen, C.B., Thomsen, P.D., 1993. A fast and highly sensitive method for detecting freemartinism in bovine twins using immunomagnetic beads and Y-specific PCR primers. *Animal Genetics*, 24(4): 311-313.
- Özdemir, M., Doğru, Ü., 2008. Sığırların verim özellikleri üzerine etkili önemli moleküler markörler. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 39(1): 127-135
- Özkan, H., Yakan, A., 2017. Hayvan yetiştiriciliğinde genomik seleksiyon: dünü, bugünü.
- Özşensoy, Y., Kurar, E., 2013. Genetik bağlantı analizi ve uygulama alanları. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 10(1): 53-62
- Plante, Y., Schmutz, S.M., Lang, K.D.M., Moker, J.S., 1992. Detection of leucochimaerism in bovine twins by DNA fingerprinting. *Animal Genetics*, 23(4): 295-302.
- Primo, T.P., 1987. Conservation of Animal Genetic Resources, Brasil National Programme (Animal Genetic Resource, Strategies for Improved Use and Conservation), *FAO Animal Production And Health Paper*, 66: 165-179
- Rejduch, B., Slota, E., Janik, A., Ząbek, T., 2001. Identification of blood cell chimerism in bovine heterosexual twins using blood groups, karyotype and DNA microsatellite polymorphism analyses.
- Schellander, K., Peli, J., Taha, T.A., Kopp, E., Mayr, B., 1992. Diagnosis of bovine freemartinism by the polymerase chain reaction method.
- Tapio, M., Ozerov, M., Tapio, I., Toro, M. A., Marzanov, N., Činkulov, M., Kantanen, J., 2010. Microsatellite-based genetic diversity and population structure of domestic sheep in northern Eurasia. *BMC Genetics*, 11: 1-11.
- Turner, H.N., 1987. Principles For Preservation of Endangered Species and Breed in The Tropics (Animal Genetic Resource, Strategies for Improved Use and Conservation), *FAO Animal Production and Health Paper*, 66: 165-173.

Qwabe, S.O., 2011. Genetic and phenotypic characterisation of the South African

Namaqua Afrikaner sheep breed. University of Pretoria (South Africa).

Atıf Şekli: Kepezkaya, A., Boga, Y.E., Çimen, Ö., 2024. Çiftlik Hayvanlarında Markör Destekli Seleksiyon Uygulamaları. *MAS Uygulamalı Bilimler Dergisi*, 9(3): 627–635.
DOI: <http://dx.doi.org/10.5281/zenodo.13314044>.

To Cite: Kepezkaya, A., Boga, Y.E., Çimen, Ö., 2024. Marker Assisted Selection Applications in Farm Animals. *MAS Journal of Applied Sciences*, 9(3): 627–635.
DOI: <http://dx.doi.org/10.5281/zenodo.13314044>.
