



GENOMİK DAMZILIK DEĞER TAHMİNİ

Ebru ŞİRİN¹, Serdar GENÇ^{2*}

¹Kırşehir Ahi Evran University, Agricultural Faculty, Department of Agricultural Biotechnology, 40100, Kırşehir, Türkiye

²Kırşehir Ahi Evran University, Agricultural Faculty, Department of Animal Science, 40100, Kırşehir, Türkiye

Özet: Hayvan yetiştiriciliği, yaklaşık 10 bin yıl önce ilk ıslah çalışması olarak bilinen evciltme ile başlamaktadır. Evciltmeden bugüne, etkili seleksiyon ve çiftleştirme programları ile birçok karakter bakımından çeşitli hayvan gruplarında önemli genetik ilerlemeler sağlanmıştır. Damızlık değerinin tahminiyle yapılan fenotipe dayalı seleksiyon uygulamaları ile seleksiyon yoğunluğu artırılmış ve generasyon aralıkları kısaltılmıştır. Yetiştiricilik bakımından genetik ıslahın amacı, mevcut çevre şartlarında gelecek generasyonda istenen karakterlerin iyileştirilmesini sağlamaktır. Arzu edilen özelliklere ulaşılabilmesi için çevre faktörleri ile birlikte genotipin geliştirilmesi gerekmektedir. Bu amaçla REML, BLUP gibi klasik ıslah yöntemlerinin kullanılabilmesiyle beraber günümüz teknolojisinde meydana gelen gelişmeler genomik bilginin de kullanılabilmesini sağlamıştır. Bu çalışmada markör destekli seleksiyon ve genomik seleksiyon açıklanmıştır.

Anahtar kelimeler: Damızlık değer tahmini, Seleksiyon, Genetik ıslah

Genomic Breeding Value Estimation

Abstract: Animal breeding began approximately 10,000 years ago with domestication, known as the first breeding effort. From domestication to the present day, effective selection and breeding programs have led to significant genetic advances in various animal groups across many traits. Phenotype-based selection, based on breeding indicator prediction, has increased selection intensity and shortened breeding intervals. The goal of genetic improvement in breeding is to enable the modification of desired traits in future generations under current environmental conditions. To obtain improved traits, the genotype must be incorporated along with environmental factors. For this purpose, advances in current technology have enabled the use of genomic methods, enabling the use of classical breeding methods such as REML and BLUP. These traits are described in marker-assisted selection and genomic selection.

Keywords: Breeding value estimation, Selection, Genetic breeding

*Corresponding author: Kırşehir Ahi Evran University, Agricultural Faculty, Department of Animal Science, 40100, Kırşehir, Türkiye

E mail: serdargenc1983@gmail.com (S. GENÇ)

Ebru ŞİRİN  <https://orcid.org/0000-0002-7416-6367>

Serdar GENÇ  <https://orcid.org/0000-0002-1512-9072>

Gönderi: 21 Kasım 2025

Kabul: 04 Aralık 2025

Yayınlanma: 15 Aralık 2025

Received: November 21, 2025

Accepted: December 04, 2025

Published: December 15, 2025

Cite as: Şirin, E., & Genç, S. (2025). Genomic breeding value estimation. *Black Sea Journal of Statistics*, 1(2), 47–53.

1. Giriş

Hayvan yetiştiriciliği, yaklaşık 10 bin yıl önce ilk ıslah çalışması olarak bilinen evciltme ile başlamaktadır (Anderson, 2001; Mc Gill ve Lievaart, 2011; Eggen, 2012). Evciltmeden bugüne, etkili seleksiyon ve çiftleştirme programları ile birçok karakter bakımından çeşitli hayvan gruplarında önemli genetik ilerlemeler sağlanmıştır. Yetiştirme değerinin tahminiyle yapılan fenotipe dayalı seleksiyon uygulamaları ile seleksiyon yoğunluğu artırılmış ve generasyon aralıkları kısaltılmıştır (Mc Gill ve Lievaart, 2011).

Son 30 yıllık periyotta inek başına yıllık süt üretimi 40-80 kg artış (yaklaşık %1) göstermiş, tavuklarda ise daha az besleme ile ticari tüketim ağırlığına ulaşma süresi 50 yıl içinde yaklaşık % 65 oranında azaltılmıştır (Hayes, 2007). Çiftlik hayvanlarında karakterler kalitatif ve kantitatif karakterler olarak gruplandırılır. Kalitatif karakterler bir ya da birkaç gen çifti tarafından kontrol edilir ve çevre faktörlerinden hemen hiç etkilenmezler. Bu nedenle, bu karakterler için istenilen genetik yapıların kısa sürede ve kolayca oluşturulabilmesi mümkündür. Ancak, verimle

ilgili olan karakterler genellikle kantitatif karakterlerdir. Kantitatif karakterler çok sayıda gen tarafından kontrol edilir ve çevreden etkilenirler. Böyle karakterler bakımından bireyin fenotipi değerlendirilerek genotipi hakkında her zaman isabetli sonuçlar elde etmek mümkün olmamaktadır (Daş, 2015).

Yetiştiricilik bakımından genetik ıslahın amacı, bir sürü ya da popülasyondaki hayvanlarda belirli verimleri artırmaktır. Verimleri artırmak için çevre faktörleri ile birlikte genotipin de geliştirilmesi gerekmektedir. Genotipin geliştirilmesinde ise çeşitli seleksiyon yöntemleri kullanılmaktadır (Mc Gill ve Lievaart, 2011; Gürses ve Bayraktar 2014).

2. Modern Islah Yöntemleri

2.1. Markör Destekli Seleksiyon

Yetiştiricilik bakımından genetik ıslahın amacı, bir sürü ya da popülasyondaki hayvanlarda belirli verimleri artırmaktır. Verimleri artırmak için çevre faktörleri ile birlikte genotipin de geliştirilmesi gerekmektedir. Ancak, verimle ilgili olan karakterler genellikle kantitatif



karakterlerdir. Kantitatif karakterler çok sayıda gen tarafından kontrol edilir ve çevreden etkilenirler. Böyle karakterler bakımından bireyin fenotipi değerlendirilerek genotipi hakkında her zaman isabetli sonuçlar elde etmek mümkün olmamaktadır (Daş, 2015).

Seleksiyon uygulamalarında hedef, genotipin doğru tahminini sağlayabilmenin yanında istenilen genotipe sahip olan ve bunu fenotipe yansıtabilen hayvanları kısa sürede ve düşük maliyetlerle elde edebilmektir (Özdemir ve Doğru, 2008; Daş, 2015).

Seleksiyonda moleküler yöntemler üzerine yapılan çalışmalar artmıştır. 1990'lı yıllara kadar çiftlik hayvanlarında bazı kantitatif karakterler ile protein polimorfizmleri arasındaki ilişkiler araştırılmıştır. Sığırlarda kan grupları ile süt verimi arasında bağlantı kurulmaya çalışılmış, süt ve kan proteinlerindeki polimorfizmlerle çeşitli verimler arasındaki ilişkiler incelenmiştir. Ancak proteinler üzerine yapılan bu çalışmalar, karakterlerle yeterince ilişkilendirilememiştir (Özşensoy ve Kurar, 2013; Bal ve Akyüz, 2014).

DNA markörlerine dayalı seleksiyon fikri yaklaşık 40 yıl öncesinden beri var iken, kantitatif karakterlerin oluşumunda rol alan genlerin çok sayıda oluşu ve bu genler arasındaki ilişkilerin yeterince bilinmeyişi nedeniyle kullanılabilirliği 2000'li yılların başından itibaren mümkün olabilmıştır (Şekil 1) (Hayes vd, 2009).



Şekil 1. Moleküler markerların kullanımı.

Kantitatif karakterlerin oluşumunda etkili olan genetik varyasyonu açıklamak için "Infinitesimal model" ve "The finite loci model" olmak üzere 2 model önerilmiştir. Hayvan yetiştiriciliğinde uzun süre oldukça öneme sahip olan Infinitesimal model'de, bir karakterin oluşumunda birbirinden bağımsız çok sayıda genin az ancak toplamalı etkisinin olduğu önerilmiştir. The finite loci model ile ise genomun 20000 civarında gen veya sınırlı sayıda lokustan oluştuğu belirlenmiş, kantitatif karakterlerdeki varyasyonda sınırlı sayıda lokusun etkili olduğu anlaşılmıştır.

Herhangi bir karakterin oluşumundan önemli derecede sorumlu olan majör genler ve çok sayıda lokusun etkileri

2000'li yıllarda araştırılmış ve lokuslardaki (Quantitative Trait Loci, QTL: Kantitatif özelliklerin belirlendiği lokuslar) varyasyonların karakterler üzerine önemli etkilerinin olduğuna yönelik kanıtlar artmıştır. QTL bölgelerinin belirlenmesi için aday gen yaklaşımı ve QTL haritalama olmak üzere 2 yaklaşım bulunmaktadır (Hayes, 2007).

TGDD'nin seleksiyonda kullanılması genomik seleksiyon olarak adlandırılmıştır. Genomik seleksiyon, belirteçlerin (SNP'ler) tüm popülasyondaki QTL'lerle bağlantı dengesizliği (BD) içinde olmasını gerektirir. BD, iki lokusun alelleri arasındaki (örneğin, bir belirtecin ve bir QTL'nin alelleri arasındaki) rastgele olmayan ilişki olarak tanımlanabilir. Aynı kromozom üzerinde bir belirteç lokusu A (alelleri A_1, A_2) ve bir QTL lokusu B (alelleri B_1 ve B_2) göz önüne alındığında, LD, belirteç ile QTL arasındaki korelasyon (r^2) olarak Eşitlik 1 ve 2'de verildiği şekilde ölçülebilir:

$$D = \text{frek.}(A_1B_1) * \text{frek.}(A_2B_2) - \text{frek.}(A_1B_2) * \text{frek.}(A_2B_1) \quad (1)$$

$$r^2 = D^2 / [\text{frek.}(A_1) * \text{frek.}(A_2) * \text{frek.}(B_1) * \text{frek.}(B_2)] \quad (2)$$

Belirteç ile QTL arasındaki r^2 , belirteçde açıklanabilen QTL'ye ait varyansın oranını gösterir.

Aday gen yaklaşımında tek bir karakterin oluşumunda büyük etkiye sahip majör genlerdeki varyasyonların, karakterlerdeki varyasyonlardan sorumlu olabileceği düşünülmüştür. Birçok gen ve gen bölümü çok sayıda çiftlik hayvanında incelenerek karakterlerdeki varyasyonlarla ilişkilendirilmiştir. Koyunlarda; boorola genindeki varyasyonla bir batında çok sayıda yavru elde etme ve östrojen reseptör geni (ESR) ile bir batında doğan yavru sayısı gibi ilişkiler ortaya konulmuştur. Bu çalışmalara benzer çok sayıda aday gen çalışması birçok tür için yapılmış ve yapılmaya devam etmektedir. Fakat aday gen analizinde; çoğunlukla bir karakteri birden çok genin etkiliyor oluşu ve birçok hayvanda çok sayıda genin dizilenmesinin gerekliliği, dolayısıyla ortaya çıkan yüksek maliyet bu yöntemin dezavantajlarını oluşturmuştur. Ayrıca aday gen yaklaşımında bir gende tespit edilen varyasyonun fenotipe yansması ile ilgili yapılan çıkarımlar da yanıltıcı olabilmektedir (Hayes, 2007; Komisarek ve Doynek, 2009).

İkinci yaklaşımda herhangi bir karakterdeki varyasyonla ilişkisi olan kromozom bölgeleri tanımlanmakta ve incelenmektedir. QTL haritalama olarak bilinen bu yaklaşımda karakteri etkileyen gen ya da genler bilinmemektedir. Bunun yerine gen ya da genlerle ilişkili DNA markörleri kullanılmakta, markörler ile varyasyonlar arasındaki ilişkiler incelenmektedir. Markörler, kromozomlarda fonksiyonları bilinmeyen fakat kalıtımı izlenilebilen sınırlı bölgelerdir. Bağlantı haritalama (Linkage Mapping) sayesinde belirli miktarda markör ile QTL bölgeleri arasındaki ilişkiler popülasyon çapında incelenmiş ve birçok karakter için bağlantı analizine dayalı QTL haritalama çalışmaları neredeyse bütün çiftlik hayvanlarında yapılmıştır. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), SSCP (Single Strand Conformation

Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), SNP (Single Nucleotide Polymorphism) gibi çok sayıda DNA temelli genetik markör olmakla birlikte daha çok yüksek derecede değişken mikrosatellit markör kullanılarak yakın akrabalı yetiştirmelerin olduğu sürülerde bağlantı analizi uygulamaları yapılmış ve çeşitli QTL bölgeleri haritalanmıştır (Özşensoy ve Kurar, 2013; Sharma vd., 2015).

Ancak bağlantı analizleri ile haritalanan markör ve QTL bölgeleri arasındaki uzaklıklar fazla olduğu için markör kullanımı ve varyasyon tespiti hayvan yetiştirme programlarında yeterince etkili olamamıştır. Bağlantı analizi ile yapılan haritalama çalışmalarında çok sayıda akraba içeren birden fazla sürü kullanılması gerekmektedir. Ayrıca bu analiz yöntemi ile bir popülasyonda herhangi bir karakterle ilişkili markör başka popülasyonlarda geçersiz olabilmektedir. Bağlantı analizi daha çok sürü bazında çalışılabilmektedir ve büyük popülasyonlarda yeterince güvenilir olmamaktadır. Genomda markör ve QTL bölgeleri arasındaki mesafe fazla olduğu için generasyonlar boyunca bağlantı analizine dayalı çalışmalar etkili değildir (Dekkers, 2004).

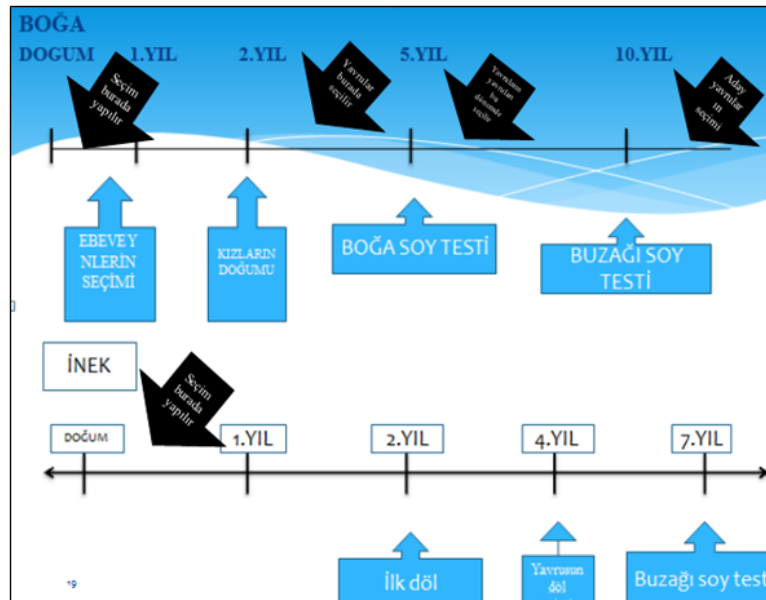
QTL tespiti, Linkage disequilibrium (Bağlantı eşitsizliği, LD)'dan yararlanılarak mümkün olmuştur. LD bir popülasyondaki bireylerin genomlarının bazı bölgelerinde beklenen rekombinasyonun şekillenmemesidir. Bir QTL bölgesi ile LD halinde olan yani beraber kalıtılan bölgelerin markör olarak

kullanımıyla QTL bölgeleri tespit edilebilmiştir (Goddard ve Hayes, 2009; Özbeyaz ve Kocakaya, 2011). ABD Tarım Bakanlığı tarafından çiftlik hayvanlarına ait QTL haritaları geniş bir veritabanı olarak saklanmaktadır (<http://www.animalgenome.org/QTLdb>).

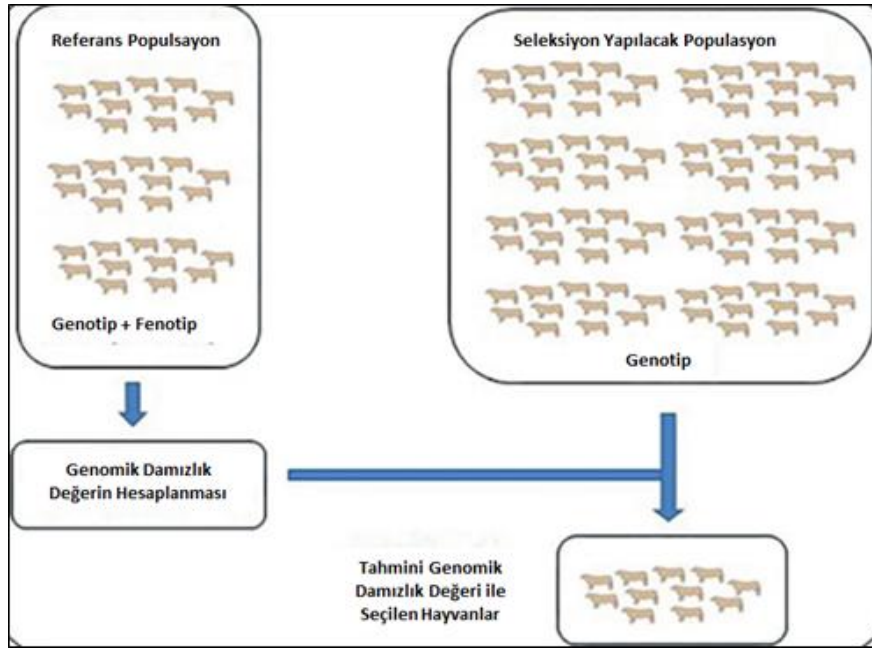
2.2. Genomik Seleksiyon

Meuwissen vd. (2001) yılında çok sayıda LD markör ile QTL bölgelerinin genomdaki konumları kesin bir şekilde bilinmeden hayvanların tahmini yetiştirme değerlerinin ortaya konulabileceğini bildirmiştir. GS, bireyler arasında herhangi bir karakterde varyasyona sebep olan genetik varyasyonu çok sayıda markörün, QTL bölgeleri ile arasındaki LD durumunu kullanarak tespit etme prensibine dayanmaktadır. Yöntem, tüm genomu kapsayan yoğun markör kullanımıyla bir popülasyonda bulunan adayların, yetiştirme değerlerinin istatistiksel metotlar kullanılarak tahmin edildiği bir çeşit MAS yöntemidir (Hayes vd., 2013; Cole ve Silva, 2016).

Genomik seleksiyonda Genomik Damızlık Değeri'nin (GDD) belirlenebilmesi için referans popülasyonlar kullanılmaktadır. Referans popülasyondaki hayvanların genotip ve fenotip bilgilerinin kombinasyonu ile hesaplanan Tahmini Genomik Damızlık Değeri (GEBV), fenotip bilgisi olmayan ve sadece markörlerle genotiplendirilmiş olan aday popülasyondaki hayvanların GDD'nin hesaplanmasında kullanılır. Bu hesaplamalar ile aday popülasyonda üstün olduğu tespit edilen hayvanlar gelecek generasyon için ebeveyn olarak seçilir (Şekil 2 ve 3).



Şekil 2. Genomik seleksiyonda boğa ve ineğin seçimi.



Şekil 3. Fenotipi bilinen referans bir populasyonun genotiplendirilmesi ile elde edilen GYD'nin sadece genotiplendirilmiş aday populasyonda kullanımı ile aday populasyondaki hayvanların TGDD'nin belirlenmesi ve en iyilerin seçimi.

2.3. Genomik Seleksiyon Uygulamalarının Güvenilirliği

Referans populasyonun büyüklüğüne, hedef populasyon ile referans populasyon arasındaki genetik ilişkiye, markör yoğunluğuna, hesaplama metodlarına ve karakterlerin kalıtım derecelerine bağlıdır. Kalıtım derecesi düşük karakterlerde GDD doğruluğunun yüksek olması için referans populasyondaki hayvan sayısının fazla olması gerekmektedir. Genomik seleksiyon uygulamalarında GDD'yi hesaplamak için Least Squares (En Küçük Kareler Yöntemi), BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) ve Bayes (Bayesian Estimation) yöntemleri kullanılmaktadır. GDD'nin güvenilir olabilmesi için çok sayıda genom dizisi ve SNP (Şekil 4) verisi gerekmektedir. Her geçen gün önemli çiftlik hayvanı türlerinde çeşitli karakterlerin varyasyonlarından sorumlu olduğu tespit edilen spesifik SNP'ler tanımlanmaktadır. Sığırlarda şimdiye kadar 3 milyon SNP tanımlanmıştır. Tanımlanmış SNP'ler birçok yöntemle belirlenebilmekle birlikte günümüzde en yaygın uygulama alanı bulan yöntem çip teknolojisi. Bu teknoloji ile on binlerce SNP'in populasyonlardaki durumları tespit edilebilmektedir. SNP çip, DNA bağlayan binlerce küçük noktadan oluşur ve her nokta spesifik bir SNP'den sorumludur. Küçük bir plastik ya da cam ile DNA'nın incelenmesine olanak veren bu teknoloji sayesinde SNP'ler ile karakterler ilişkilendirilmekte ve seleksiyonda önemli bir parametre olarak değerlendirilmektedir.

Sığırlarda, yaşadığı süre içerisinde normalde verebileceği yavru sayısından 3-4 kat fazla sayıda yavru almak süperovulasyon ve embriyo transferi gibi uygulamalar ile mümkün olmaktadır. Bir boğa ise doğal yöntemlerle ömrü boyunca 10-100 baş buzağı verebilmektedir. Suni tohumlama teknolojisi sayesinde bir boğa bir sürüdeki

genetik ilerlemenin % 90'ından daha fazlasını etkileyebilir ve sürüde binlerce yavru ile temsil edilebilir. Bu nedenle, seleksiyon uygulamalarında genellikle baba hattının belirlenmesi amacıyla Progeny Testing (döl kontrolü) yapılmaktadır (Kappes, 1999; Koning, 2008; Bouquet ve Juga, 2013). PT uygulamasının sağlayacağı genetik ilerleme, yüksek genetik değere sahip boğaların doğru bir şekilde seçilebilmesi ve PT'nin etkili bir şekilde yapılabilmesine bağlıdır (Vishwanath, 2003).



Şekil 4. SNP: tek nükleotit polimorfizmi.

Üç SNP ile TGDD (Tahmini Genomik Damızlık Değer) hesabının basit bir örneği Tablo 1'de verilmiştir.

Tablo 1. Üç SNP ile TGDD (Tahmini Genomik Damızlık Değer) hesabının basit bir örneği (G: Genotip, D: Değer), (Jonas ve de Koning, 2015).

HAYVAN	SNP1		SNP2		SNP3		TYGD
	G	D	G	D	G	D	
1	AA	8	BB	-4	AA	2	6
2	AA	8	AA	4	BB	-2	10
3	AB	0	AB	0	AA	2	2
4	BB	-8	AA	4	AA	2	-2

Süt verimi ve kalitesi gibi ekonomik öneme sahip karakterlerin çoğu sadece dişi hayvanlarda ölçülebilmekte, seleksiyonda hedeflenen başarıya ulaşmada PT uygulamaları özellikle böyle karakterler için önemli avantaj sağlamaktadır (Scheffers ve Weigel, 2012). PT uygulamaları ülkeden ülkeye, yetiştiriciden yetiştiriciye değişiklik göstermekle birlikte benzer prensiplerle uygulanmaktadır. Hedef, sağlıklı, en üstün verim kapasitesine sahip ve bu özellikleri en uzun süre sürdürebilen hayvanları doğru bir şekilde tespit edebilmektir. Uygulamada çok sayıda damızlık adayı boğa kullanılır. Kullanılan her bir boğanın kızlarının verim ortalamaları, teste giren bütün boğaların kızlarının ortalamalarıyla kıyaslanır (Schaeffer, 2006; Özyurt, 2009; Tırpan ve Tekin, 2014).

Kanada'da Holstein ırkı bir sığır popülasyonunda kullanılan PT yönteminde; bir boğanın bakım, besleme, sperma stoklanması gibi masrafları dahil maliyeti yaklaşık olarak 50000 dolar olmaktadır. Her yıl 500 boğa teste tabi tutulmakta, dolayısıyla yıllık 25 milyon dolar harcanmaktadır. Bir boğa için testin tamamlanma süresi 64 ayı bulmaktadır. 500 aday boğadan sadece en iyi 20 tanesi testi geçmekte, böylece bu 20 boğanın her birinin maliyeti 1,25 milyon dolar olmaktadır.

2.4. Genomik Damızlık Değer Hesaplama

Genomik damızlık değer hesaplama ile ilgili formüller eşitlik (3) ve (4) de verilmiştir. Matris gösterimi eşitlik (5) de verilmiştir.

$$y = Xb + \sum_i^m M_i g_i + e \quad (3)$$

$$y = Xb + \sum_i^m M_i g_i + W_u + e \quad (4)$$

Xb = sabit etki, M_i ve g_i = genomik etki, W_u =pedigri, e = hata.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}X & W'R^{-1}W + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (5)$$

Örnek veri setleri Şekil 5'de gösterilmiştir. Eşitlik 6'daki matris kullanılarak elde edilen her bir hayvana ait GEBV değerleri matrisi Şekil 6'da te gösterilmiştir. Sonuç olarak hesaplanan damızlık değerleri Şekil 7'de gösterilmiştir.

Animal	Sire	Dam	Mean	EDC	Fat	DYD	SNP Genotype											
13	0	0	1	558	9.0	2	0	1	1	0	0	0	2	1	2			
14	0	0	1	722	13.4	1	0	0	0	0	2	0	2	1	0			
15	13	4	1	300	12.7	1	1	2	1	1	0	0	2	1	2			
16	15	2	1	73	15.4	0	0	2	1	0	1	0	2	2	1			
17	15	5	1	52	5.9	0	1	1	2	0	0	0	2	1	2			
18	14	6	1	87	7.7	1	1	0	1	0	2	0	2	2	1			
19	14	9	1	64	10.2	0	0	1	1	0	2	0	2	2	0			
20	14	9	1	103	4.8	0	1	1	0	0	1	0	2	2	0			
21	1	3	1	13	7.6	2	0	0	0	0	1	2	2	1	2			
22	14	8	1	125	8.8	0	0	0	1	1	2	0	2	0	0			
23	14	11	1	93	9.8	0	1	1	0	0	1	0	2	2	1			

Şekil 5. Örnek veri seti.

$$y = Xb + Zg + Wu + e \quad (6)$$

$$Z = \begin{bmatrix} 1,357 & -0,357 & 0,286 \\ 0,357 & -0,357 & -0,714 \\ 0,357 & 0,643 & 1,286 \\ -0,643 & -0,357 & 1,286 \\ -0,643 & 0,643 & 0,286 \\ 0,357 & 0,643 & -0,714 \\ -0,643 & -0,357 & 0,286 \\ -0,643 & 0,643 & 0,286 \end{bmatrix}$$

Şekil 6. Elde edilen her bir hayvana ait GEBV değerleri.

<i>Mean effects</i>		6,895
<i>EBVs for animals with records</i>		
13		3,114
14		1,697
15		4,200
16		3,842
17		2,861
<i>GEBV for genotyped animals</i>		
18		1,477
19		1,410
20		0,572
21		0,691
22		1,526
23		0,036
24		0,564
25		1,765
26		0,527

Şekil 7. Hesaplanan damızlık değerleri.

2.5. Genomik Seleksiyonun Avantajları

- Genetik kazancı artırır.
- Seçim doğruluğunu artırır.
- Generasyonlar arası süreyi kısaltır.
- Verim çağından önce hayvanlar seçilir.
- Döl Kontrolü ihtiyacını azaltır.

2.6. Genomik Seleksiyonun Dezavantajları

- Doğru marker tahminler için yeterince büyük bir hayvan grubunun fenotiplendirilmesi gerekmektedir.
- Daha az kalıtsallık, daha fazla kayıt gerektirir.
- Daha pahalıdır.
- Bazı türlerin haritaları tamamlanmamıştır.
- Generasyon aralığı zaten düşük olduğundan genetik seçimden dolayı genetik kazanç daha az olacaktır.

2.7. Başka Neler Yapılabilir?

- Genetik varyasyonun daha net resmini elde etmek

için daha fazla SNP gereklidir.

- Genotip için daha fazla hayvan kaydı gereklidir.
- Tahmin yöntemleri hassaslaştırılmalıdır.
- BLUP ve Bayesin ne zaman kullanılacağı belirlenmelidir.

3. Sonuç

GEV Daha yüksek doğruluk ve daha kısa üretim aralığıyla daha hızlı genetik ilerleme mümkündür. Birçok ülkede uygulanmaktadır. Klasik ve genetik seleksiyon birleştirilmelidir. Son zamanlarda DNA çip teknolojisindeki bu ilerlemeler sayesinde moleküler genetik yöntemlerin hayvan genetiği ve ıslahı çalışmalarında kullanımı da artmıştır. Damızlık değerlendirmenin belirlenmesindeki isabet genomik değerlendirmeyle çok yükselmiştir. Hayvan popülasyonlarındaki genetik varyasyonları belirlemek için DNA düzeyinde çalışmak çok daha isabetli sonuçlar vermektedir. Bu amaçla DNA polimorfizmlerini belirlemek için birçok yöntem kullanılmaktadır. Bunlar; SNP, Mikrosatellitler, RFLP, RAPD gibi yöntemlerdir. Bu teknolojiler gen fonksiyonlarının belirlenmesi, ebeveyn tayini ebeveyn doğrulama çalışmaları, çeşitli karakterlerle ilgili markerlerin tespiti, genom haritalarının çıkarılması gibi birçok konuda yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu yöntemler içerisinde genetik ilerlemenin sağlanmasında SNP yöntemi diğer yöntemlere oranla daha fazla potansiyele sahiptir. SNP yöntemiyle damızlık değerlendirme sistemlerine moleküler düzeyde katkı sağlanmıştır. Geleneksel damızlık seçimi ile genomik seleksiyonun kombine edilmesi ve böylelikle genetik ilerleme hızının artırılmasına yönelik çalışmalar büyük hız kazanmıştır. Damızlık seçiminde gelecekte SNP teknolojisinin tek alternatif olması, sürpriz bir gelişme olmayabilir.

Katkı Oranı Beyanı

Yazarların katkı yüzdeleri aşağıda verilmiştir. Yazarlar makaleyi incelemiş ve onaylamıştır.

	E.Ş.	S.G.
K	50	50
T	50	50
Y	50	50
VTI	50	50
VAY	50	50
KT	50	50
YZ	50	50
GR	50	50

K= kavram, T= tasarım, Y= yönetim, VTI= veri toplama ve/veya işleme, VAY= veri analizi ve/veya yorumlama, KT= kaynak tarama, YZ= Yazım, GR= gönderim ve revizyon.

Çatışma Beyanı

Yazarlar bu çalışmada hiçbir çıkar ilişkisi olmadığını beyan etmektedirler.

Kaynaklar

- Andersson, L. (2001). Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Nature Reviews Genetics*, 2(2), 130–138.
- Bal, O., & Akyüz, B. (2014). Halk elinde yetiştirilen holştayn, doğu anadolu kırmızısı ve yerli kara sığır ırklarında diacylglycerol O-Acyltransferase 1 (DGAT 1) gen polimorfizminin PCR-RFLP yöntemi ile belirlenmesi. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(1), 7–13.
- Bouquet, A., & Juga, J. (2013). Integrating genomic selection into dairy cattle breeding programmes: a review. *Animal*, 7(5), 705–713.
- Cole, J. B., & Silva, M. V. G. B. (2016). Genomic selection in multi-breed dairy cattle populations. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 45(4), 195–202.
- Daş, H. (2015). QTL tespiti için hayvanlarda kullanılan popülasyonlar ve istatistiksel metotlar. *Gümüşhane Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi*, 4(2), 27–297.
- Dekkers, J. C. M. (2004). Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82(13, Ek), 313–328. https://doi.org/10.2527/2004.8213_supplE313x
- Engen, A. (2012). The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm. *Animal Frontiers*, 2(1), 10–15. <https://doi.org/10.2527/af.2011-0027>
- Goddard, M. E., & Hayes, B. J. (2009). Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, 10(6), 381–391.
- Gürses, M., & Bayraktar, M. (2014). Moleküler markerlerin hayvan yetiştiriciliği ve genetiğinde kullanımı. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Tıp Dergisi*, 28(2), 99–106.
- Hayes, B. J. (2007). QTL mapping, MAS, and genomic selection. İçinde *A short-course organized by Animal breeding & Genetics* (ss. Sayfa aralığı eksik). Department of Animal Science, Iowa State University.
- 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.
- Hayes, B. J., Lewin, H. A., & Goddard, M. E. (2013). The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends in Genetics*, 29(4), 206–214.
- Jonas, E., & de Koning, D. J. (2015). Genomic selection needs to be carefully assessed to meet specific requirements in livestock breeding programs. *Frontiers in Genetics*, 6, 49.
- Kappes, S. M. (1999). Utilization of gene mapping information in livestock animals. *Theriogenology*, 51(1), 135–147.
- Komisarek, J., & Dorynek, Z. (2009). Effect of ABCG2, PPARGC1A, OLR1 and SCD1 gene polymorphism on estimated breeding values for functional and production traits in polish holstein-friesian bulls. *Journal of Applied Genetics*, 50(2), 125–132.
- Koning, D. J. D. (2008). Application of molecular information in sustainable animal breeding. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 37, 122–126.
- McGill, D., & Lievaart, J. J. (2011). Genomic selection in dairy cattle: A review and discussion on some possible applications. İçinde *Dairy Research Foundation Symposium* (ss. 117–122).
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4), 1819–1829.
- Özbeyaz, C., & Kocakaya, A. (2011). Süt sığırlarında genomik değerlendirme (derleme). *Lalahan Hayvan Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 51(2), 93–104.
- Özdemir, M., & Doğru, Ü. (2008). Sığırların verim özellikleri üzerine etkili önemli moleküler markörler. *Atatürk Üniversitesi*

- Ziraat Fakültesi Dergisi*, 39(1), 127–135.
- Özşensoy, Y., & Kurar, E. (2013). Genetik bağlantı analizi ve uygulama alanları. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 10(1), 53–62.
- Özyurt, A. (2009). TİGEM Esmer popülasyonunda döl kontrolü (progeny testing) ve uygulama olanakları. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 6(3), 257–264.
- SAS Institute Inc. (2007). *QTL mapping, MAS, and genomic selection: A short-course organized by Animal breeding & Genetics* (B. J. Hayes). Department of Animal Science, Iowa State University.
- Schaeffer, L. R. (2006). Strategy for applying Genome-wide selection dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123(4), 218–223.
- Schepers, J. M., & Weigel, K. A. (2012). Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Animal Frontiers*, 2(1), 4–9.
- Sharma, A., Lee, J. S., Dang, C. G., Sudrajat, P., Kim, H. C., Yeon, S. Y., 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. <https://doi.org/10.5713/ajas.14.0715>
- Tırpan, M. B., & Tekin, N. (2014). Türkiye'deki progeny test çalışmalarına genel bir bakış. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(3), 197–203.