

**TÜBİTAK MARMARA ARAŞTIRMA MERKEZİ'NDE
ULUSAL HAYVAN BİYOÇEŞİTLİLİĞİMİZİN
KORUNMASI KAPSAMINDA GERÇEKLEŞTİRİLEN
ÇALIŞMALAR: YABAN VE ÇİFTLİK HAYVANLARI
GENETİK KAYNAKLARININ TANIMLANMASI VE
BİYOBANKALARIN OLUŞTURULMASI**

**STUDIES CONDUCTED ON CONSERVATION OF
NATIONAL ANIMAL BIODIVERSITY AT TUBITAK
MARMARA RESEARCH CENTER: CHARACTERIZATION
OF WILD AND FARM ANIMAL GENETIC RESOURCES AND
DEVELOPMENT OF BIOBANKS**

Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU

TÜBİTAK MARMARA ARAŞTIRMA MERKEZİ'NDE ULUSAL HAYVAN BİYOÇEŞİTLİLİĞİMİZİN KORUNMASI KAPSAMINDA GERÇEKLEŞTİRİLEN ÇALIŞMALAR: YABAN VE ÇİFTLİK HAYVANLARI GENETİK KAYNAKLARININ TANIMLANMASI VE BİYOBANKALARIN OLUŞTURULMASI

Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU

TÜBİTAK MAM

Yaşam Bilimleri Başkan Yardımcısı

Özet

Ülkemiz konumu ve sahip olduğu farklı coğrafi özellikler nedeniyle hayvan çeşitliliği açısından oldukça zengin bir ülkedir. Araştırma bulguları, uzman değerlendirmeleri ve çeşitli anketlerden elde edilen bilgiler ışığında son 50 yılda çiftlik hayvanları genetik kaynaklarında ciddi kayıpların meydana geldiği açıktır. Oysaki hayvan genetik kaynakları hayvancılığın gelişmesi ve hayvansal üretim açısından çok önemlidir. Moleküler ve arkeolojik çalışmalar koyun, keçi ve sığır gibi evcil hayvanların Anadolu'dan evcilleştirildiğini göstermektedir. Topraklarımızda mevcut bulunan bu doğal mirası korumak toplumsal bir görevdir. Ülkemiz hayvan genetik kaynaklarının karakterize edilmesi ve biyobankalarda korunmasına yönelik olarak TÜBİTAK MAM'ın yürütücülüğünde çok sayıda proje gerçekleştirilmiştir. Bu projeler genetik kaynakların korunması çalışmalarına önderlik edecek nitelikte olup, ilk "Ulusal Yerli Hayvan Gen Bankaları" yürütülen TÜRKHAYGEN-I projesi kapsamında kurulmuştur. "Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerinin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi" projesi kapsamında bazı yaban hayvanlarının genetik karakterizasyonları gerçekleştirilerek, biyobankaları kurulmuştur.

Anahtar Kelimeler

Biyoçeşitlilik, Hayvan genetik kaynakları, Biyobanka, Klonlama, TÜBİTAK MAM, TÜRKHAYGEN-I

STUDIES CONDUCTED ON CONSERVATION OF NATIONAL ANIMAL BIODIVERSITY AT TUBITAK MARMARA RESEARCH CENTER: CHARACTERIZATION OF WILD AND FARM ANIMAL GENETIC RESOURCES AND DEVELOPMENT OF BIOBANKS

Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU

TÜBİTAK MAM

Life Sciences, Vice President

Abstract

Due to its location and different geographical features, our country is a very rich country in terms of animal diversity. In the light of research findings, expert evaluations and information obtained from various surveys, it is clear that serious losses have occurred in farm animal genetic resources in the last 50 years. However, animal genetic resources are very important for the development of animal husbandry and animal production. Both molecular and archaeological studies show that domestic animals such as sheep, goats and cattle were domesticated from Anatolia. It is a social duty to protect this natural heritage in our lands. Numerous projects have been carried out under the direction of TUBITAK Marmara Research Center to characterize animal genetic resources of our country and protect them in biobanks. These projects will lead the efforts to protect genetic resources, and first “National Domestic Animal Gene Banks” were established within the scope of the TURKHAYGEN-I project. Within the scope of the “Research, Conservation and Management of Large Mammal Species in the context of National Biodiversity and Gene Resources Conservation Goals” project, genetic characterization of some wild animals was carried out and biobanks were established.

Keywords

Biodiversity, Animal genetic resources, Biobank, Cloning, TUBITAK MRC, TURKHAYGEN-I

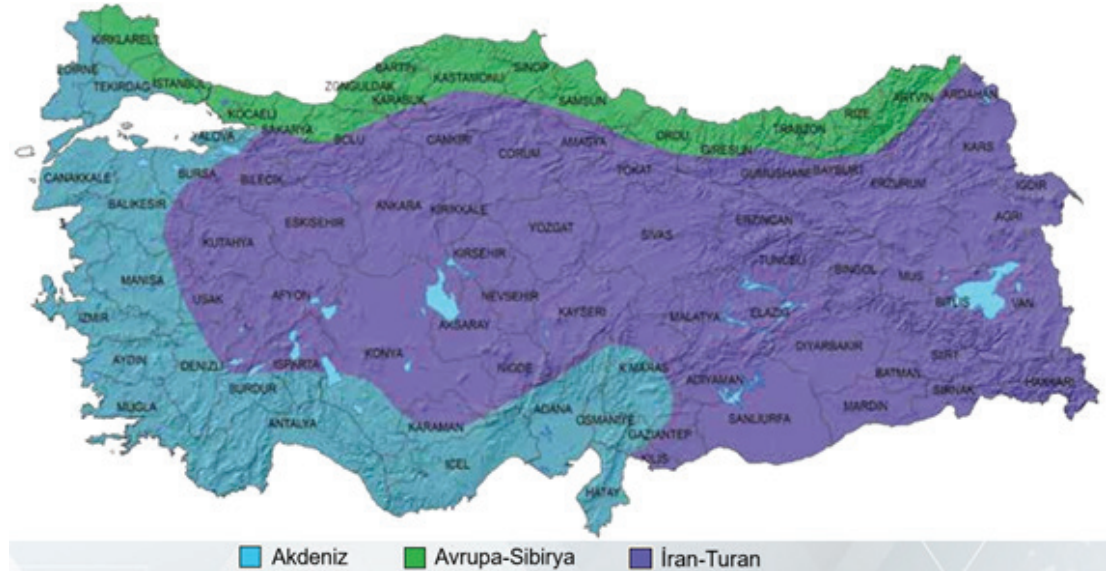
1. Giriş

1.1. Ulusal Hayvan Genetik Kaynaklarımız

Biyçeşitlilik bir yaşam ortamındaki canlı türlerini, bu canlılara ait genetik özellikleri, habitatları ve bu habitatlarda gerçekleşen ekolojik ilişkilerin zenginliğini ifade eden bir kavramdır (Çepel, 1997). Bir bölgedeki genlerin, türlerin, ekosistemlerin ve ekolojik olayların oluşturduğu bir bütün olarak da tanımlanabilen biyoçeşitliliği (Işık, 1997) simgeleyen dört temel öge bulunmaktadır (Çepel, 1997);

- Tür çeşitliliği
- Genetik çeşitlilik
- Habitat çeşitliliği
- Ekosistemlerin işlevsel açıdan çeşitliliği

Türkiye, Akdeniz, Avrupa-Sibirya ve İran-Turan olmak üzere üç farklı biyocoğrafik bölge ve bu bölgelerin geçiş kuşaklarına sahip olduğundan (Şekil 1) farklı ekosistemler ve habitatlar barındırmakta ve bu durum biyoçeşitlilik açısından zenginliğe yol açmaktadır. Ülkemiz, dünyada üretimi ve yetiştirilmesi yapılan birçok bitki ve hayvan türünün yabancı atasının kaynağı konumundadır.



Şekil 1. Türkiye'deki üç biyocoğrafya bölgesi (TOB, 2019).

Türkiye, hayvan çeşitliliği açısından bakıldığında oldukça zengin bir ülkedir. Anadolu'nun Asya, Avrupa ve Afrika kıtalarının kesişme noktasında yer almasına bağlı olarak çok çeşitli coğrafi özelliklerin oluşturduğu farklı ekosistemler farklı türlerde hayvanların yaşamasına olanak vermekte ve Anadolu'da zengin bir hayvan çeşitliliği ortaya çıkmaktadır. Ayrıca, kuşların göç yolu üzerinde olması da kuş türleri bakımından zenginlik sağlamaktadır. Denizlerimiz ve Kızıldeniz'den gelen tropik kökenli canlılar da ülkemizin hayvansal tür zenginliğini arttırmaktadır. Ayrıca, göller ve akarsular da tatlı su balıkları ve omurgasızların yaşamasına ortam sağlayarak bu zenginliğe katkıda bulunmaktadır (TOB, 2021).

Türkiye'de hayvan genetik kaynaklarının varlığı, dağılımı ve risk durumuna yönelik bilgiler yeterli değildir. Araştırma bulguları, uzman değerlendirmeleri ve çeşitli anketlerden elde edilen bilgiler ışığında son 50 yılda çiftlik hayvanları genetik kaynaklarında ciddi kayıpların meydana geldiği açıktır (FAO, 2019). Oysaki hayvan genetik kaynakları hayvancılığın gelişmesi ve hayvansal üretim açısından çok önemlidir. Dünya'da çiftlik hayvanlarının yüksek verim özellikleri yönünden seleksiyonu ağırlık kazanmıştır. Kültür ırklarının sadece verim özellikleri iyileştirilmekte, bu ırkların çevre koşullarına dayanıklılıkları ve hastalık dirençlilikleri üzerinde durulmamaktadır. İklim değişiklikleri, değişen çevre koşulları ve göç gibi faktörler kültür ırklarının geleceğini tehdit etmekte ve riske sokmaktadır. Bu durum genetik varyasyonu koruyan ve çevre koşullarına (yüksek rakım, kuraklık vb.) ve hastalıklara, kültür ırklarına oranla, daha dayanıklı yerli ırkların önemini daha da arttırmaktadır. Yerli evcil hayvanlar genetik çeşitliliklerini koruduklarından gelecekte başvurulabilecek kaynaklar olarak düşünülmektedir. Gerek moleküler gerekse arkeolojik çalışmalar, dünyanın önemli gen merkezlerinden biri olan Anadolu'nun koyun, keçi, sığır ve domuz türlerinin evcilleştirildiği alanların büyük bölümünü bünyesinde barındırdığını göstermektedir (Ertuğrul, 2015). Topraklarımızda mevcut bu doğal mirası korumak en önemli toplumsal görevdir.

Ülkemizde, hayvan genetik kaynakları ulusal odak noktası görevi TAGEM bünyesinde Hayvan Genetik Kaynakları Araştırmaları Çalışma Grubu Koordinatörlüğü tarafından yürütülmektedir. Hayvan genetik kaynaklarının korunmasında in situ koruma (Yerinde, doğal yaşam alanında koruma) ve ex situ koruma (Doğal yaşam alanı dışında canlı koruma veya dondurarak saklama) yöntemleri kullanılmaktadır. Ülkemizde, doğal yaşam alanı dışında canlı koruma faaliyetleri 1995 yılında T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı araştırma enstitülerinde özel koruma sürüleri oluşturularak başlatılmıştır. 2005 yılında ise "Halk Elinde Koruma Programı" devreye alınmıştır. Bu faaliyetler kapsamında, çok sayıda ilde koyun, sığır, keçi, manda, tavuk ve Kafkas arı ırkı ile ipekböceği hatları koruma altına alınmıştır (<https://docplayer.biz.tr/29343120-Hayvan-genetik-kaynaklari-ulusal-strateji-ve-eylem-plani-tarimsal-arastirmalar-ve-politikalar-genel-mudurlugu.html>). Hayvan genetik materyallerinin gen bankalarında korunma çalışmaları ise ilk kez 2007 yılında "Türkiye Yerli Hayvan Genetik Kaynaklarından Bazılarının in vitro Korunması ve Ön Moleküler Tanımlanması-I (TÜRKHAYGEN-I)" projesi ile başlamıştır.

1.2. TÜBİTAK Marmara Araştırma Merkezi'nde Ulusal Hayvan Biyoçeşitliliğimizin Korunması Kapsamında Gerçekleştirilen Çalışmalar

TÜRKHAYGEN-I Projesi



Şekil 2. TÜRKHAYGEN-I projesinde çalışılan hayvan türlerine ait örnek görseller.

2007-2012 yılları arasında TÜBİTAK MAM'da Prof. Dr. Sezen Arat'ın yöneticiliğinde TÜBİTAK 1007 programı desteğiyle yürütülen TÜRKHAYGEN-I projesi (KAMAG-106G005), ülkemizde ilk "Ulusal Yerli Hayvan Gen Bankaları"nın kurulduğu ve bu konudaki çalışmalara öncülük etmiş bir projedir. Projede, T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı müşteri kurum olarak yer almış olup, TÜBİTAK MAM Gen Mühendisliği ve Biyoteknoloji Enstitüsü (yeni adıyla Yaşam Bilimleri Başkan Yardımcılığı) yöneticiliğinde T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü (yeni adıyla Uluslararası Hayvancılık Araştırma ve Eğitim Merkezi) ve 10 üniversite (ODTÜ, İstanbul Üniversitesi, Namık Kemal Üniversitesi, Selçuk Üniversitesi, Uludağ Üniversitesi, Ankara Üniversitesi, Atatürk Üniversitesi, Adnan Menderes Üniversitesi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi) işbirliğiyle gerçekleştirilmiştir. Projede, ilgili bakanlığın öncelik verdiği risk altında bulunan yerli evcil hayvanların genetik kaynaklarını koruma altına alacak bankalar oluşturulması, ele alınan türlerin ön genetik karakterizasyon çalışmalarının yapılması, hayvan genetiği ve biyoteknolojisi alanında yeni teknolojilerin ülkeye kazandırılması, bu alanda kritik araştırmacı kütesinin oluşturulması ve bilgi paylaşımı amaçlanmıştır. 13 koyun ırkı (Karayaka, Herik, Gökçeada, Karagül, Morkaraman, Akkaraman, Kıvrıkcık, İvesi, Dağlıç, Çineçaparı, Hemşin, Norduz, Sakız), 5 keçi ırkı (Ankara, Honamlı, Kilis, Kıl, Norduz), 6 sığır ırkı (Boz, Yerli Kara, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Zavot, Yerli Güney Sarısı), 5 at ırkı (Ayvacak Midillisi, Canik, Malakan, Hıms'ın Kolu Kısası, Çukurova) ve Anadolu mandası olmak üzere beş tür ele alınmıştır (Şekil 2). Tüm türlerde mtDNA ve mikrosatellit markörler ile ön genetik karakterizasyon çalışmaları gerçekleştirilerek, ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Elde edilen bulgular, ırklarımızın zengin genetik çeşitliliğini ortaya çıkarmıştır. Çalışılan türlere ait DNA, embriyo, sperm ve hücre bankaları hazırlanmıştır. TÜBİTAK MAM ve T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı Uluslararası Hayvancılık Araştırma ve Eğitim Merkezi'nde olmak üzere iki gen bankası kurulmuştur. Bu bankalarda 1500 bireye ait DNA, hücre, sperm ve embriyo dondurulmuş olarak saklanmaktadır (<https://docplayer.biz.tr/29343120-Hayvan-genetik-kaynaklari-ulusal-strateji-ve-eylem-plani-tarimsal-arastirmalar-ve-politikalar-genel-mudurlugu.html>; Koban, 2010).

Anadolu Yerli Sığır Irklarının Klonlanması Projesi (TÜBİTAK-TOVAG-104O360)



Şekil 3. Anadolu Yerli Sığır Irklarının Klonlanması projesi kapsamında elde edilen Anadolu Boz sığır klonu ve proje ekibi.

2005-2009 yılları arasında TÜBİTAK MAM'da Prof. Dr. Sezen Arat'ın yürütücülüğünde İstanbul ve Uludağ Üniversitelerinin işbirliği ile TÜBİTAK 1001 programı destekli "Anadolu Yerli Sığır Irklarının Klonlanması Projesi" (TÜBİTAK-TOVAG-104O360) yürütülmüştür. Bu projede, sayıları gün geçtikçe azalan yerli sığır ırklarımızın klonlama teknolojisi ile üretilebilme olanaklarının araştırılması amaçlanmıştır. Bu kapsamda, seçilen üç (Anadolu Boz Sığır, Güney Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara) ırk üzerinde teknolojinin uygulanabilirliği test edilmiş ve en az bir canlı klon buzağı eldesi hedeflenmiştir. Çekirdek kaynağı olarak TÜRKHAYGEN-I projesi kapsamında Türkiye'de ilk defa kurulan hayvan gen bankası hücre materyalleri kullanılmıştır. Yapılan çalışmalar sonucu, tüm ırklarda klon embriyolar üretilmiş ve üretilen embriyoların alıcılara transferi ile 100 günün üzerinde 7 gebelik elde edilmiştir. Bunlardan beşi canlı klon buzağı ile sonuçlanmıştır. Tüm dünyada yapılan çalışmalarda klon buzağların en az %8'inin doğum sonrası kaybedildiği bildirilmesine rağmen bu proje çerçevesinde doğan 5 klon buzağı da gelişimlerini normal olarak sürdürmektedir. Bu çalışma ile dünyada ilk kez Anadolu Boz Sığırının klonu üretilmiştir (Şekil 3). Yine ilk kez hayvan gen bankasında dondurularak saklanan hücrelerden bir canlı üretilebildiği gösterilmiştir ve bu bilgi Dünya Gıda ve Tarım Organizasyonu (FAO) ile paylaşılmıştır. Bu bağlamda, gen kaynaklarının korunması amacıyla oluşturulan bankalarda genetik materyal olarak hücrelerin saklanması etkili bir yöntem olduğu kanıtlanmıştır (Arat, 2008, 2011; https://www.tubitak.gov.tr/sites/default/files/content_files/iletisim/tanitim_materyalleri/ardeb/basari_oykuleri/assets/common/downloads/publication.pdf). Bu çalışma, kaybolma tehlikesi altındaki genetik kaynakların bu yolla koruma altına alınabileceği ve genetik çeşitlilik yok olmadan muhafaza edilerek yıllar sonra gerektiğinde bu kaynaklardan faydalanma imkânı sağlanabileceğini göstermesi açısından çok önemlidir.

Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerinin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi Projesi



Şekil 4. *Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerinin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi projesi kapsamında çalışılan türlere ait örnek görseller.*

TÜBİTAK MAM'da ulusal hayvan biyoçeşitliliğinin korunmasına yönelik çalışmalar sadece evcil hayvanlarla sınırlı kalmamıştır. Türkiye faunasında yer alan yaban hayvanlarının bir kısmı için (büyük memeliler) DNA ve hücre bankalarının kurulması bir ilk olarak yine TÜBİTAK MAM'da Doç. Dr. Evren Koban Başkanlar'ın yöneticiliğinde "Ulusal Biyoçeşitliliğin ve Gen Kaynaklarının Korunması Hedefleri Doğrultusunda Büyük Memeli Türlerinin Araştırılması, Korunması ve Yönetimi" projesi ile gerçekleştirilmiştir. 2010-2015 yılları arasında TÜBİTAK 1007 programı tarafından desteklenen TÜBİTAK MAM'ın yönetici, T.C. Çevre, Şehircilik ve İklim Değişikliği Bakanlığı'nın müşteri kurum olarak yer aldığı ve Selçuk Üniversitesi, Afyon Kocatepe Üniversitesi ve Aksaray Üniversitesi'nden araştırmacıların işbirliğiyle yürütülen projede Türkiye'nin yaban hayatının önemli bir parçası olan büyük memelilerin genetik olarak tanımlanması ve koruma planlarına katkı sağlanması amaçlanmıştır. Projede, yaban koyunu (*Ovis gmelini*), yaban keçisi (*Capra aegagrus*), ceylan (*Gazella gazella*), alageyik (*Dama dama*), kızıl geyik (*Cervus elaphus*), karaca (*Capreolus capreolus*), çengel boynuzlu dağ keçisi (*Rupicapra rupicapra*), karakulak (*Caracal caracal*), boz ayı (*Ursus arctos*), vaşak (*Lynx lynx*), çakal (*Canis aureus*), kurt (*Canis lupus*), sırtlan (*Hyaena hyaena*), tilki (*Vulpes vulpes*) olmak üzere otçul ve etçil türler ele alınmıştır. Şekil 4'de proje kapsamında genetik olarak karakterize edilen bazı hayvanlar örnek olarak verilmiştir. Belirtilen türlerin mtDNA, mikrosatellit DNA ve/ya Y-kromozomu olmak üzere 3 tip DNA işareti ile genotiplendirme çalışmaları gerçekleştirilerek, genetik çeşitlilik, tür içi çeşitlilik ve tür-alt tür ilişkisi araştırılmıştır. Ayrıca, bu hayvanların hücre ve DNA bankaları oluşturulmuştur. Müşteri kurum tarafından DNA ve hücre bankalarının muhafazası Ankara Üniversitesi'ne devredilmiştir. DNA bankası Ankara Üniversitesi'ne teslim edilmiştir. İlgili üniversitede hücre bankası için gerekli alt yapı oluşturulduğunda hücre bankasının da teslimatı gerçekleştirilecektir (Koban, 2010).

1.3. Biyoçeşitlilik Çalışmalarında Güncel Yaklaşımlar

Dünya'da kaygı uyandırıcı hızda biyoçeşitlilik kaybı yaşanmaktadır. Örneğin, WWF Yaşayan Gezegen Raporu (2014)'nda 10 binden fazla omurgalı popülasyonunun (memeliler, kuşlar, balıklar, sürüngenler ve amfibiler) izlenmesi sonucunda, bu popülasyonlarda 1970 - 2010 yıllarında %52 oranında düşüş gerçekleştiği belirlenmiştir. Yaşayan Gezegen Endeksi (2022) ise, 1970 - 2018 yıllarında izlenen yaban hayatı popülasyonlarında ortalama %69'luk bir düşüş olduğunu göstermektedir. Dünya genelinde görülen biyoçeşitlilik kaybının en önemli nedenleri arasında habitat kaybı, kaynakların aşırı kullanımı, istilacı yabancı türler, kirlilik, iklim değişikliği gibi etkenler yer almaktadır. Biyoçeşitlilik kaybının önüne geçebilmek için, tek ve basit bir çözümün olmadığını kabul ederek, çözümler üretilmeye çalışılmaktadır. Biyoçeşitliliğin temel öğelerinden biri olan genetik çeşitlilik ele alındığında; varolan genetik çeşitliliği en hızlı şekilde belirleme ve koruma altına almak üzere her geçen gün farklı teknolojilerin de kullanılmaya başlandığı görülmektedir.

Günümüzde, mikrosatellit markörleri gibi DNA işaretleri, genetik çeşitlilik karakterizasyon çalışmalarının en güçlü araçlarından biridir. Sadece popülasyonun genetik çeşitliliğinin analiz edilmesinin yanı sıra, popülasyonlar arasındaki genetik ilişkilerin de çalışılması açısından önem taşırlar.

Son yıllarda, yeni nesil dizileme (Next Generation Sequencing, NGS) teknolojisinin ortaya çıkışı, tüm genom dizilerinin ortaya konmasını takiben, genomda yer alan tek nükleotit polimorfizm (SNP) varyasyonlarının kısa sürede elde edilmesine olanak sağlamıştır. Elde edilen SNP bilgileri ile sığır, koyun ve tavuk gibi hayvanlara yönelik SNP çipleri geliştirilerek, ticari kullanıma sunulmuştur. Çiftlik hayvanlarında bu çipleri kullanmak suretiyle tüm genomda yayılan genetik varyantları belirlemek mümkün olmuştur (Eusebi vd., 2020).

Endemik, nesli tehlike altında olan ve nesli tükenmiş türlerin genom dizileri de NGS teknolojisi yardımıyla belirlenebilir hale gelmiştir. Örneğin, Amerikan mamutuna ait 50, 000 - 130, 000 yaş aralığındaki diş DNA örneği kullanılarak mamutun genom dizisi ortaya çıkarılmış, fillerin ve mamutların evriminin daha iyi anlaşılması için kapsamlı filogenetik çalışma gerçekleştirilmiştir (Rohland vd., 2010).

Çin'in dağlık bölgelerinde bambu ormanlarında yaşamlarını sürdüren dev pandalar hem temel besin kaynağı hem de doğal yaşam alanları olan bambu ormanlarının giderek yok olması nedeniyle, nesli tehlike altında olan hayvan türlerinden biridir (Şekil 5). Li vd., (2010) Nature Dergisi'nde yayınlanan çalışmalarında nesli tehlike altındaki dev pandanın taslak genom dizisini NGS teknolojisini kullanarak ortaya koymuşlardır.



Şekil 5. Nesli tehlike altında olan panda (URL-1). (Fotoğraf: Sid Balachandran)

Kaplanlar ve yakın akrabaları (*Panthera*) dünyanın nesli en tehlikede olan türlerinden bazılarıdır. Cho vd., (2013) yaptıkları bir çalışmada NGS teknolojisini kullanarak Amur kaplanı (Sibirya kaplanı) (Şekil 6) tüm genom de novo dizisi ve yanı sıra beyaz Bengal kaplanı, Afrika aslanı, beyaz Afrika aslanı ve kar leoparının genomik dizilerini ortaya koyduklarını belirtmişlerdir. Bu çalışmada elde ettikleri genomların karşılaştırmalı genetik analizleri ile büyük kedilerin hiperetçil beslenmeleri ve kas güçleri ile uyumlu moleküler adaptasyonları işaret edebilen genetik imzalar bulduklarını ifade etmişlerdir.



Şekil 6. Nesli tehlike altında olan Amur kaplanı.

Görüldüğü üzere, NGS teknikleri genetik çeşitlilik parametrelerinin kapsamlı ve tartışmasız

şekilde analizine olanak sağlamıştır. Tüm genom dizilerinin ortaya konması ile seçici veya adaptif süreçlerle ilgili parametreler daha doğru tahmin edilebilir hale gelmiştir. Tüm genom dizileri sayesinde basit nükleotit değişikliklerinin yanı sıra kopya sayısı değişikliği (CNV) gibi diğer polimorfizmler ortaya konabilmiş, çiftlik hayvanlarında ilgilenilen özellikle ilişkili yeni mutasyonlar keşfedilebilmiş ve minör allel frekanslı az rastlanan mutasyonlar tanımlanabilmiştir (Fernandez & Bennewitz 2018). Eski DNA çalışmalarında büyük gelişme sağlanmıştır. Özgün DNA ekstraksiyonu, kütüphane hazırlama ve NGS teknikleri nesli tükenmiş veya mevcut çiftlik hayvanı türlerinin eski örnekleri ile yapılan genomik çalışmaları artırmıştır. NGS, at (Librado vd., 2017; Raudsepp vd., 2019), domuz (Frantz vd., 2019), koyun ve keçilerde (Alberto vd., 2018) evcilleştirmeden bu yana (insan tarafından yönlendirilen) popülasyon dinamiklerine benzersiz göz atılmasını sağlamıştır (Ludwig vd., 2009). Eski DNA'nın zamanla nasıl parçalandığı tüm genom dizileme analizi ile daha anlaşılır hale gelmiştir (Briggs vd., 2010).

2. Sonuç ve Tartışma

Günümüzde biyoçeşitlilik kaybı başlıca evrensel sorunlardan biri olup, doğal yaşam alanlarının bozulması, gıda ve su gibi temel ihtiyaçların temininde güçlük gibi zorlukların yanı sıra ekonomik, sosyal ve kültürel bir takım sorunları da beraberinde getirmektedir. Dünyada ve ülkemizde biyoçeşitliliğin belirlenmesi ve korunmasına yönelik uzun yıllardır geniş kapsamlı çalışmalar yürütülmektedir. Ülkemizde ilgili Bakanlıklarımız sorumluluk bilinciyle ve taraf oldukları anlaşmalar, antlaşmalar ve sözleşmeler çerçevesinde yükümlülükleri yerine getirmek amacıyla birtakım strateji ve eylem planları geliştirmiş olup, çok sayıda önemli projeye destek vermeye devam etmektedir. Bu çalışmaların bir kısmı genetik çeşitliliğin belirlenmesine odaklanmış olup, genetik verilerden yararlanılmaktadır. Hayvan genetik kaynaklarımızın özellikle moleküler markörler yardımıyla karakterize edilmesine yönelik çok sayıda çalışma mevcuttur. Son yıllarda, yeni nesil dizileme gibi güncel genomik ve biyoteknolojik yöntemlerin hayvan biyoçeşitlilik çalışmalarına dâhil edilmeye başlandığı görülmektedir. Bu alandaki çalışmalar yeni teknolojilerle daha fazla desteklendiğinde genetik çeşitliliğin korunmasına yönelik daha hızlı ve kapsamlı tedbirler alınması mümkün olacaktır.

3. Kaynaklar / References

- Alberto, F.J., Boyer, F., Orozco-terWengel, P., Streeter, I., Servin, B., De Villemereuil, P., Benjelloun, B., Librado, P., Biscarini, F., Colli, L., et al. (2018). Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nat. Commun.*, 9, 813.
- Almond, R.E.A., Grooten, M., Juffe Bignoli, D. & Petersen, T. (Eds). (2022). *Yaşayan Gezegen Raporu 2022–Doğa ile uyumlu bir toplum inşa etmek*. WWF, Gland, İsviçre.
- Arat, S., Caputcu, A., Akkoc, T., Pabuccuoğlu, S., Sagirkaya, H., Cirit, U., Nak, Y., Koban, E., Bagis, H., Demir, K., Nak, D., Senunver, A., Kilicaslan, R., Tuna, B., Cetinkaya, G., Denizci, M. & Aslan, O. (2011). Using cell banks as a tool in conservation programmes of native domestic breeds: the production of the first cloned Anatolian Grey cattle. *Reproduction, Fertility and Development*, 23 (8), 1012-1023.

- Arat, S., Tas, A., Bagis, H., Sagirkaya, H., Nak, Y., Nak, D., Akkoc, T. & Cetinkaya, G. (2008). Cloning of Anatolian Grey Bull. *Reproduction, Fertility and Development*, 21 (1), 110-111. <https://doi.org/10.1071/RDv21n1Ab21>
- Briggs, A.W., Stenzel, U., Meyer, M., Krause, J., Kircher, M., Pääbo, S. (2010). Removal of deaminated cytosines and detection of in vivo methylation in ancient DNA. *Nucleic Acids Res.*, 38, e87.
- Cho, Y., Hu, L., Hou, H. et al. (2013). The tiger genome and comparative analysis with lion and snow leopard genomes. *Nat Commun*, 4, 2433. <https://doi.org/10.1038/ncomms3433>
- Çepel, N. (1997). Biyoçeşitlilik Önemi ve Korunması. *Türkiye Erozyonla Mücadele, Ağaçlandırma ve Doğal Varlıkları Koruma Vakfı Yayınları*, 15, (ss.1-40). İstanbul.
- Ertuğrul, M., Akın A.O., Yıldırım, M., Dellal, G., Togan, İ., Pabuçcuoğlu, S., Koyuncu, M., Öner, Y., Yılmaz, O., Koncagül, S., Pehlivan, E., Kiraz, S., Elmacı, C., Dağ, B., Özder, M. (January 2015). Çiftlik Hayvanları Genetik Kaynaklarının Korunması. Ziraat Mühendisleri Odası VIII. Teknik Kongresi, Ankara.
- Eusebi, P.G., Cortés, O., Dunner, S., Cañón, J. (2017). Genomic diversity and population structure of Mexican and Spanish bovine Lidia breed. *Anim. Genet.*, 48, 682–685.
- FAO (2019). Türkiye'nin Biyoçeşitliliği: Genetik Kaynakların Sürdürülebilir Tarım ve Gıda Sistemlerine Katkısı. Ankara. 222 s. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- Fernandez, J.; Bennewitz, J. (2018). Defining genetic diversity based on genomics tools. *Genomic Management of Animal Genetic Resources*, (49–76). 1st ed.; Oldenbroek, J.K., Ed., Wageningen Academic Publisher, Gelderland, The Netherlands.
- Frantz, L.A., Haile, J., Lin, A.T., Scheu, A., Geörg, C., Benecke, N., Alexander, M., Linderholm, A., Mullin, V.E., Daly, K.G., et al. (2019). Ancient pigs reveal a near-complete genomic turnover following their introduction to Europe. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 116, 17231–17238.
- <https://docplayer.biz.tr/29343120-Hayvan-genetik-kaynaklari-ulusal-strateji-ve-eylem-plani-tarimsal-arastirmalar-ve-politikalar-genel-mudurlugu.html> (18.07.2023)
- https://www.tubitak.gov.tr/sites/default/files/content_files/iletisim/tanitim_materyalleri/ardeb/basari_oykuleri/assets/common/downloads/publication.pdf (18.07.2023)
- Işık, K. (1997). Biyoçeşitlilik. *TÜBİTAK Bilim ve Teknik Dergisi*, 350, 84-88, Ankara.
- Koban, E. (Kasım 2010). Ulusal Gen Kaynaklarımızın Korunması. *Bilim ve Teknik Dergisi*, 42-45, Ankara.
- Li, R., Fan, W., Tian, G. et al. (2010). The sequence and de novo assembly of the giant panda genome. *Nature*, 463, 311–317. <https://doi.org/10.1038/nature08696>
- Librado, P., Gamba, C., Gaunitz, C., Der Sarkissian, C., Pruvost, M., Albrechtsen, A., Fages, A., Khan, N., Schubert, M., Jagannathan, V., et al. (2017). Ancient genomic changes associated with domestication of the horse. *Science*, 356, 442–445.
- Ludwig, A., Pruvost, M., Reissmann, M., Benecke, N., Brockmann, G.A., Castaños, P., Cieslak, M., Lippold, S., Llorente, L., Malaspinas, A.S., et al. (2009). Coat color variation at the beginning of horse domestication. *Science*, 324, 485.

- McLellan, R., Iyengar, L., Jeffries, B. and N. Oerlemans (Eds). (2014). *Yaşayan Gezegen Raporu 2014*. WWF, Gland, İsviçre.
- Raudsepp, T. Finno, C.J. Bellone, R.R., Petersen, J.L. (2019). Ten years of the horse reference genome: Insights into equine biology, domestication and population dynamics in the post-genome era. *Anim. Genet*, 50, 569–597.
- Rohland, N., Reich, D., Mallick, S., Meyer, M., Green, R.E., Georgiadis, N.J., Roca, A.L., Hofreiter, M. (2010 Dec 21). Genomic DNA sequences from mastodon and woolly mammoth reveal deep speciation of forest and savanna elephants. *PLoS Biol*, 8 (12):e1000564. doi: 10.1371/journal.pbio.1000564. PMID: 21203580; PMCID: PMC3006346.
- TOB (2019). Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Coğrafi Bilgi Sistemleri Bölümü. Ankara.
- TOB (2021). <https://www.tarimorman.gov.tr/ABDGM/Belgeler/Uluslararası%C4%B1%20Kurulu%C5%9Flar/Su%CC%88rdü%CC%88ru%CC%88lebilir%20G%C4%B1da%20Sistemleri%20U%CC%88lke%20Raporu%20-%20T%C3%BCrkiye%202021.pdf> (18.07.2023)
- URL-1 [https://docplayer .biz.tr/10119293-Rapor-tr-2015-iklim-degisikliginin-turler-uzerindeki-etkisi.html](https://docplayer.biz.tr/10119293-Rapor-tr-2015-iklim-degisikliginin-turler-uzerindeki-etkisi.html)

Yazar Hakkında / About Author

Dr. Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU | TÜBİTAK MAM Yaşam Bilimleri Başkan Yardımcılığı | digdem.aktoprakligil[at]tubitak.gov.tr | ORCID: 0000-0001-9125-2454

Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU ilk, orta ve lise eğitimini Kocaeli’de tamamlamıştır. 1995 yılında Orta Doğu Teknik Üniversitesi (ODTÜ) Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü’nden mezun olmuştur. 1995 yılından beri TÜBİTAK Marmara Araştırma Merkezi Gen Mühendisliği ve Biyoteknoloji Enstitüsü’nde (yeni adıyla Yaşam Bilimleri Başkan Yardımcılığı) görev yapmaktadır. Yüksek lisans (1997) ve doktora (2004) eğitimlerini İstanbul Üniversitesi İstanbul Tıp Fakültesi Biyofizik Anabilim Dalı’nda tamamlamıştır. TÜBİTAK MAM Yaşam Bilimleri Başkan Yardımcılığında kıdemli başuzman araştırmacı olarak hayvan biyoteknolojisi alanında çiftlik hayvanlarında ve kanatlılarda moleküler ıslah, hayvan genetik kaynaklarının karakterizasyonu ve DNA bankası oluşturma, transgenik fare modeli geliştirilmesi, üreme biyolojisine yönelik gen ekspresyon analizleri ve rekombinant protein üretimi gibi konularda çalışmalar yapmaktadır. 2022 yılından bu yana Endüstriyel Biyoteknoloji Araştırma Grubu’nun lider yardımcılığı görevini yürütmektedir.

Dr. Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU | TUBITAK MRC Life Sciences Vice Presidency | digdem.aktoprakligil[at]tubitak.gov.tr | ORCID: 0000-0001-9125-2454

Diğdem AKTOPRAKLIGİL AKSU completed her primary, secondary and high school education in Kocaeli. She graduated from Middle East Technical University (METU) Faculty of Arts and Sciences, Department of Biology in 1995. Since 1995, she has been working at TUBITAK Marmara Research Center, Genetic Engineering and Biotechnology Institute (now Life Sciences Vice Presidency). She completed her master’s (1997) and doctorate (2014) studies at Istanbul University, Istanbul Faculty of Medicine, Department of Biophysics. As a senior principal researcher in the TUBITAK MRC Life Sciences Vice Presidency, she works in the field of animal biotechnology on molecular breeding in livestock and poultry, characterization of animal genetic resources and creating a DNA bank, development of transgenic mouse models, gene expression analysis for reproductive biology and production of recombinant proteins. Since 2022, she has been serving as the deputy leader of the Industrial Biotechnology Research Group.

