

## Gerze Tavuğu ve Bazı Saf Hat Genotiplerinde Majör Doku Uyumluluğu Gen Kompleksi Polimorfizmi

Derya EKİNCİ<sup>1</sup>, Levent MERCAN<sup>2\*</sup>

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Samsun.

<sup>1</sup><https://orcid.org/0000-0002-8354-0402>, <sup>2</sup><https://orcid.org/0000-0002-6790-1458>

✉: lmercan@omu.edu.tr

### ÖZET

Bu çalışmada Gerze tavuğu popülasyonuna ait 43 örnek ile ticari saf hatlardan oluşturulan 50 örneklik Saf hat popülasyonunun majör doku uyumluluğu gen kompleksi (MHC) bakımından moleküler incelenmesi amaçlanmıştır. Allelik çeşitlilik, MHC içerisinde yer alan MCW0371 ve LEI0258 mikrosatellit lokuslarının PCR yöntemi yardımıyla çoğaltılarak elde edilen DNA fragmentlerinin agaroz jel elektroforezi ile ayrılması ile hesaplanmıştır. Gerze popülasyonunda LEI0258 lokusunda elde edilen allel sayısı, etkili allel sayısı, gözlenen heterozigotluk ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla; 16, 10.82, 0.67, 0.91, Saf hat popülasyonunda ise 19, 11.84, 0.60, 0.92 olarak bulunmuştur. MCW0371 lokusu için sırasıyla; Gerze popülasyonunda 3, 2.68, 0, 0.63 ve Saf hat popülasyonunda 3, 1.96, 0, 0.49 olarak tespit edilmiştir. Popülasyonlar arasında Nei genetik uzaklık ve genetik benzerlik değerleri sırasıyla 0.419 ve 0.658 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasında  $F_{ST}$  değeri 0.068 olarak bulunmuştur. Elde edilen bulgular, içerdiği allel deseni bakımından Gerze tavuğunun özgün bir genetik kaynak olarak korunmasının ve ıslah programlarına dahil edilmesinin önemli olduğu sonucuna varılmıştır.

### Araştırma Makalesi

#### Makale Tarihi

Geliş Tarihi : 20.11.2019

Kabul Tarihi : 16.01.2020

#### Anahtar Kelimeler

Tavuk

Dayanıklılık

Islah

PCR

Mikrosatellitler

## Major Histocompatibility Gene Complex Polymorphism in Gerze Chicken and Some Pure Line Genotypes

### ABSTRACT

The aim of this study was to molecularly investigate the major histocompatibility complex (MHC) polymorphisms of the Gerze chicken population of 43 samples and the commercial pure line population of 50 samples. Allelic diversity was calculated based on PCR amplification of MCW0371 and LEI0258 microsatellite loci in MHC and separation of DNA fragments by agarose gel electrophoresis. In the Gerze population, number of different alleles, number of effective alleles, observed heterozygosity and expected heterozygosity values were calculated as: 16, 10.82, 0.67, 0.91, whereas the values were determined as 19, 11.84, 0.60, 0.92 for the pure line population, respectively for LEI0258 locus. As for MCW0371 locus, the values were calculated as 3, 2.68, 0, 0.63 in the Gerze population and 3, 1.96, 0, 0.49 in the Pure line population, respectively. Nei's genetic distance and genetic identity values between the populations were calculated as 0.419 and 0.658, respectively. The  $F_{ST}$  value among the populations was found to be 0.068. The findings revealed that Gerze chicken should be included in breeding programs as a unique genetic resource with its allelic richness.

### Research Article

#### Article History

Received : 20.11.2019

Accepted : 16.01.2020

#### Keywords

Chicken

Resistance

Breeding

PCR

Microsatellites

**To Cite** : Ekinci D, Mercan L 2020. Gerze tavuğu ve bazı saf hat genotiplerinde majör doku uyumluluğu gen kompleksi polimorfizmi. KSÜ Tarım ve Doğa Derg 23 (3): 781-787. DOI: 10.18016/ksutarimdog.vi.648942

### GİRİŞ

Hayvancılıkta belirli bir verim karakteri yönünde

ıslah edilmiş, sınırlı sayıda ırkın yaygınlaşması ve eldeki popülasyonlara uygulanan yoğun seleksiyon

baskısı özellikle olumsuz çevre koşullarına ve hastalıklara dayanıklılık konusunda sorunların artmasına neden olmaktadır. Damızlık popülasyonlarda homozigotlaşmanın artması bu popülasyonların, hem güncel sorunların üstesinden gelebilmek hem de değişen tüketici beklentilerine cevap verebilmek için ileride gereksinim duyulacak ıslah planlamaları açısından sınırlı genetik potansiyele sahip olmaları sonucunu doğurmuştur (Rauw ve ark., 1998, Hoffmann, 2010).

Tavukçuluk sektörü tüm dünyada olduğu gibi Türkiye’de de entansif yetiştiriciliğin en yoğun olarak uygulandığı sektörlerin başında gelmektedir (Sarıca ve Türkoğlu, 2009). Entansif üretimin yaygınlaşması ile birlikte genetik olarak benzer ebeveynlerden köken alan yüksek verimli hatlar geliştirilmiş, üretim stratejileri bu hatların kontrollü çiftleştirilmesi üzerine kurulmuştur. Bu durum sınırlı sayıda özellik bakımından yüksek performans elde edilmesini sağlasa da özellikle yaşama gücü konusunda gün geçtikçe artan sorunları beraberinde getirmiştir.

Tavuk, QTL (kantitatif karakter lokusu) ve son yıllarda da QTN (Kantitatif karakter nükleotidi) belirleme çalışmalarının en yoğun olarak yapıldığı çiftlik hayvanı türlerinin başında gelmektedir (Siwek ve ark., 2015). QTL bölgelerinin tespit edilmesi ve seleksiyon kriteri olarak kullanılabilmesi ile ilgili en önemli kısıtlayıcıların başında hastalıklara dayanıklılık ya da diğer verim karakterlerini determine eden genlerin poligenik yapıda olması gelmektedir (Goddard ve Hayes, 2009). Bu durum tek bir morfolojik farklılığın bile çok sayıda genin ortaklaşa etkisiyle ortaya çıkabilmesi sonucunu doğurur (Abasht ve ark., 2006).

Majör doku uyumluluğu kompleksi (Major Histocompatibility Complex, MHC) hücrelerin yüzeylerinde bulunan ve yabancı maddeleri tanıyan proteinleri (antijenleri) kodlayan bir gen grubudur (Chazara ve ark., 2013). MHC, tüm omurgalılarda bulunan, bağışıklıkla ilgili olsun ya da olmasın doku uyumunda rol alan bütün genleri kapsamaktadır. Bu gruptaki genler, kodlanan bölgeler arasında en yüksek polimorfizm gösterenlerdir (Eimes ve ark., 2011).

Tavuk MHC genlerinin genomik organizasyonu memelilerden farklıdır. Tavuk kromozomu 16 (GGA 16) ile eşleştirilen neredeyse tüm genler ya bağışıklık tepkilerinde bir role sahiptir ya da diğer türlerde tanımlanan bağışıklık sistemi genleri ile dizi homolojisi nedeniyle bağışıklıkta bir şekilde görev aldığı düşünülmektedir (Miller ve Taylor Jr, 2016). Tavuk MHC genleri kromozom 16 üzerinde B ve kesim parça deseni Y (Rfp-Y) olmak üzere 2 bağımsız bölgeden oluşur. Bu bölgelerin her ikisi de sınıf 1 (B-F ya da Y-F) ve sınıf 2 (B-L ya da Y-L) lokuslarını içerir (Emara ve ark., 2002). Klasik MHC sınıf I molekülleri, tüm çekirdekli hücreler üzerinde eksprese edilen membran proteinleridir. MHC’nin bazı kanatlı hayvan

hastalıklarına duyarlılığı ve direnci sağladığı ya da bağışıklık yanıtlarını etkilediği bildirilmektedir. Tavuk majör doku uyumluluğu kompleksi genel olarak yüksek ölçüde polimorfik MHC sınıf 1 (BF) ve MHC sınıf 4 (BG) antijenlerin özel antikörlerle birlikte eritrositlerin serolojik tepkileri tarafından tanımlanır. Tavuk MHC B sınıf I bölgesi, sınıf Ia zincirleri kodlayan 2 gen içermektedir; B-F1 (B-F1 ya da B-F minör) ve B-F2 (B-F4 ya da B-F majör). B-F2 geni asıl ifade edilen lokus olarak tanımlanmıştır. MHC B sınıf 2 bölgesi 3 gen içermektedir; klasik olmayan DM zincirleri, tek zincir B-DMA ve iki zincir B-DMB1 ve B-DMB2 (Chazara ve ark., 2011). LEI0258 ve MCW0371 mikrosatellit markörleri MHC içerisinde BG ve BF bölgeleri arasında yer almakta olup, LEI0258 lokusunun 10.560 bp aşağısında ise MCW0371 lokusu bulunur (Fulton ve ark., 2006). Tavuk majör doku uyumluluğu gen kompleksine ait harita Şekil 1’de verilmiştir.

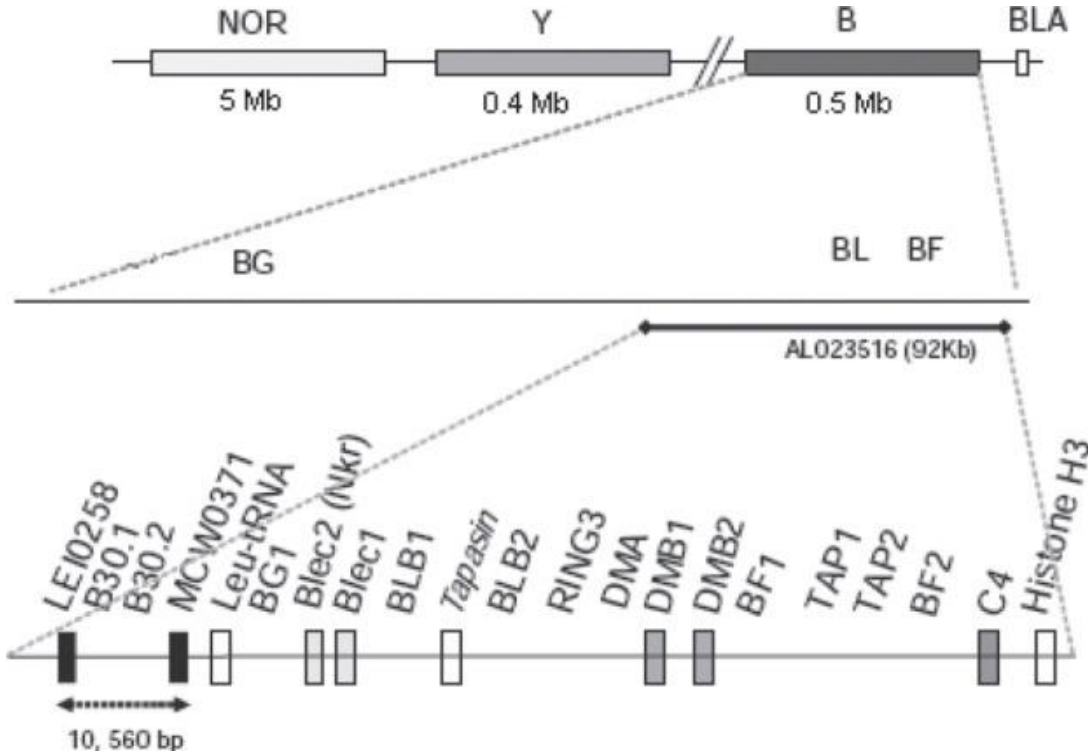
Tavuk MHC, hem BG antijenleri hem de BF kodlanmış sınıf I moleküllerinden dolayı serolojik reaktiftir. Viral, bakteriyel ve parazitik patojenlere dayanıklılık ile ilişkili olduğu bilinmektedir. Özellikle de Rous sarkoma tümör virüsü, kuş lökoz virüsü, kuş kolerası, koksidiyoz, salmonella ve Marek hastalığı virüsü de dahil olmak üzere çeşitli patojenlere karşı hastalık direnci ve duyarlılık ile yakın ilişkili olduğu bildirilmiştir (Schat ve Skinner, 2014).

Gerze tavuğu Karadeniz Bölgesi’nde özellikle Sinop ve çevresinde yetiştirilen bir ırk olarak Türkiye’nin önemli genetik zenginliklerinden biridir (Mercan ve ark., 2019). Yerel genetik kaynakların en önemli üstünlükleri yetiştirildikleri bölgenin ekolojik koşullarına göstermiş oldukları yüksek adaptasyon yeteneklerinden gelir (Mercan ve Okumuş, 2015). Bu çalışmada Gerze tavuğunun majör doku uyumluluğu gen kompleksi içerisinde yer alan mikrosatellit lokusları bakımından bazı ticari saf hat genotiplerinden özgün niteliğinin bulunup bulunmadığının tespit edilmesi amaçlanmıştır.

## MATERYAL ve METOT

### Hayvan Materyali

Araştırmanın hayvan materyalini 93 adet yaklaşık bir yaşında tavuk oluşturmuştur. Çalışmada Gerze İlçe Tarım ve Orman Müdürlüğünden alınan 43 örnek (14 horoz, 29 tavuk) saf Gerze popülasyonu olarak kabul edilmiştir. Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğünden alınan 10 saf hatta ait 50 örnek (10 horoz, 40 tavuk) saf hat genotipleri temsil etmektedir. Bu hatlar sırasıyla Brown Line, Barred Rock I, Rhode Island Red I, Barred Rock II, Maroon Line, Line-54, Blue Line, Columbian Rock, Black Line ve Rhode Island Red II hatları olup, örnek numaraları sırasıyla 1-50 arasında verilmiştir. Her bir hatta dört tavuk ve bir horoz bulunmaktadır. Maroon hattına ait saf hat popülasyonundan iki örnek (23 ve 24 numaralar) DNA



Şekil 1. Tavuk majör doku uyumluluğu gen kompleksi haritası. Kosmid küme 1’de dizilenmiş genler belirtilmiştir. BF = MHC sınıf 1; BG = MHC sınıf 4; BL = MHC sınıf 2; NOR = Çekirdekçik organize edici bölgeler; Y = MHC-Y kompleksi; B = MHC-B kompleksi; BLA = MHC sınıf 2  $\alpha$  geni (Izadi ve ark., 2011 ‘den değiştirilmiştir).

Figure 1. The chicken major histocompatibility complex map. Cosmid cluster 1 sequenced genes are indicated. BF = MHC class 1; BG = MHC class 4; BL = MHC class 2; NOR = nucleolar organizer region; Y = MHC-Y complex; B = MHC-B complex; and BLA = MHC class 2  $\alpha$  gene (modified from Izadi et al., 2011).

izolasyonu ve PCR aşamalarındaki tekrar eden sorunlardan dolayı değerlendirme dışı bırakılmıştır.

Çalışma için OMÜ Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulundan 6.11.2012 tarih ve 1 sayılı toplantı kararı ile izin alınmıştır.

### DNA İzolasyonu ve PCR İşlemleri

Genomik DNA izolasyonu kit yardımıyla (BILATEC, Mannheim, Almanya), üretici protokolüne uygun olarak yapılmıştır. Elde edilen DNA’ların saflık ve miktarları Biophotometer (Eppendorf, Almanya) cihazı ile spektrofotometrik olarak tespit edilmiş, örneklerin her biri 20 ng  $\mu\text{l}^{-1}$  DNA içerecek şekilde PCR işlemleri için seyreltilmiştir. PCR işlemleri Termal döngü cihazı (BIO-RAD, ABD) yardımıyla toplam 20  $\mu\text{l}$  (40 ng tDNA + 5  $\mu\text{M}$  ileri ve 5  $\mu\text{M}$  geri primer + 4  $\mu\text{l}$  PCR hazır karışım + 11  $\mu\text{l}$  steril saf su) hacimde hazırlanmıştır.

Çalışmada Fulton ve ark. (2006) tarafından bildirilen lokuslara özgü primer çiftleri kullanılmıştır. LEI0258 ve MCW0371 lokuslarının çoğaltımında kullanılan ileri ve geri primerlerin dizisi sırasıyla 5’-CACGCAGCAGAACTTGGTAAGG - 3’, 5’-AGCTGTGCTCAGTCCTCAGTGC - 3’; 5’ - CTGCTCCGAGCTGTAATCCTG - 3’, 5’-

TTTCATGGCATCCTAAGATG - 3’ dir.

PCR işlemleri için reaktifler, 94 °C’de 1 dakikalık ilk denatürasyonu takiben 35 döngü boyunca; 45’er saniye denatürasyon için 92, primerlerin bağlanması için 57 ve uzama için 72 °C’de tutulmuştur. Döngüler tamamlandıktan sonra son uzama için 10 dakika 72 °C’de bekletilmiştir.

### Jel Elektroforezi İşlemleri

Elektroforetik ayırmada agaroz jel elektroforezi yöntemi kullanılmıştır. PCR ürünlerinin ayırılmasında %4’lük yüksek çözünürlüklü (high resolution) agaroz (Amresco, İngiltere) kullanılmıştır. Ethidyum bromür ile boyanan jeller, jel dokümantasyon sistemi (Syngene, İngiltere) ile görüntülenmiş ve fragment büyüklükleri belirlenmiştir.

### İstatistik Analizler

Tespit edilen mikrosatellit allelleri GenAlex v.6.5 (Smouse ve Peakall, 2012) ve GenePop v.4.6 (Rousset, 2008) yazılımları yardımıyla analiz edilmiş; allel frekansları, allel genişlikleri, F istatistikleri, gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk gibi temel genetik çeşitlilik parametreleri hesaplanmıştır.

## BULGULAR ve TARTIŞMA

Gerze tavuk ırkını temsil eden popülasyonu oluşturan bireylerde LEI0258 lokusundan elde edilen allelere ait agaroz jel görüntüleri Şekil 2'de verilmiştir.

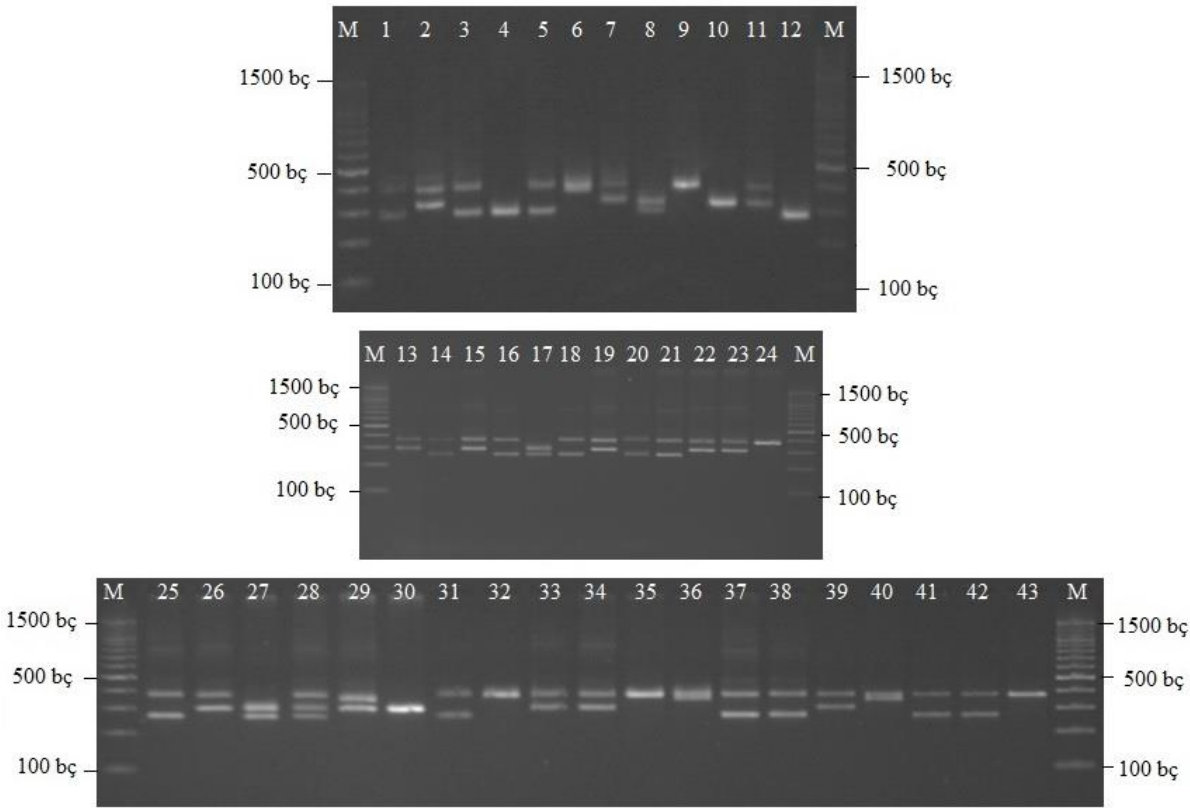
Şekil 3'de Saf hat popülasyonunun LEI0258 mikrosatellit lokusundaki jel görüntüsü verilmiştir.

Gerze popülasyonunun MCW0371 mikrosatellit lokusundaki allelik durumunu gösteren jel görüntüsü Şekil 4'te verilmiştir.

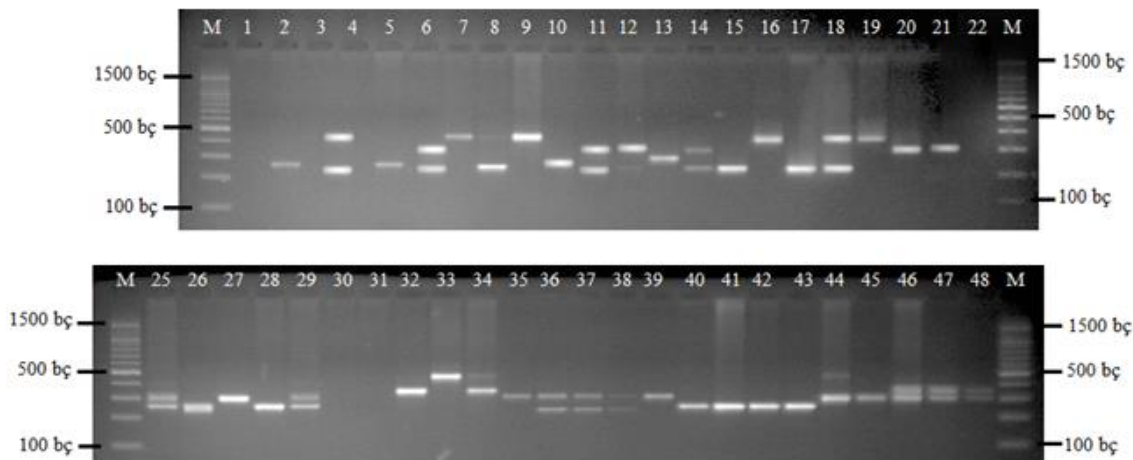
Çalışılan iki lokus bakımından Gerze ve Saf hat popülasyonlarında görülen genetik çeşitlilik parametreleri Çizelge 1'de verilmiştir.

Populasyon farkı gözetmeksizin her iki lokus için hesaplanan Wright'ın F-istatistiği ( $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$ ) ile gen akışı (Nm) değerleri Çizelge 2'de sunulmuştur.

Saf hat popülasyonunun MCW0371 mikrosatellit lokusundaki allelik durumunu gösteren jel görüntüsü Şekil 5'te verilmiştir.

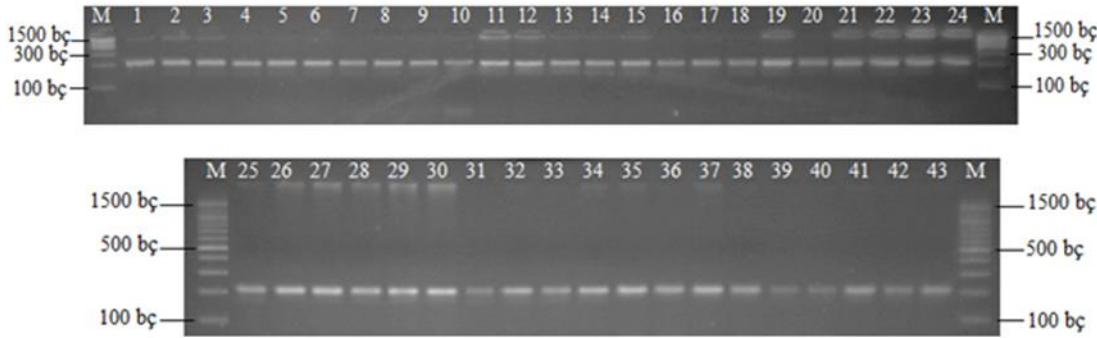


Şekil 2. Gerze popülasyonu LEI0258 mikrosatellit lokusuna ait jel görüntüsü  
Figure 2. Gel image of LEI0258 microsatellite locus in the Gerze population

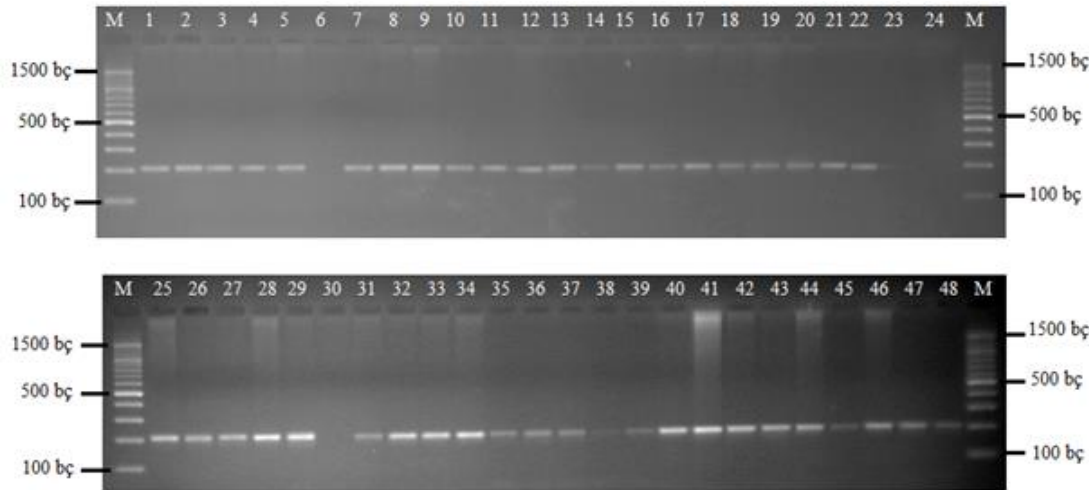


Şekil 3. Saf hat popülasyonu LEI0258 mikrosatellit lokusu jel görüntüsü  
Figure 3. Gel image of LEI0258 microsatellite locus in the Pure line population





Şekil 4. Gerze popülasyonu MCW0371 mikrosatellit lokusu jel görüntüsü  
Figure 4. Gel image of MCW0371 microsatellite locus in the Gerze population



Şekil 5. Saf hat popülasyonu MCW0371 mikrosatellit lokusu jel görüntüsü  
Figure 5. Gel image of MCW0371 microsatellite locus in the Pure line population

Çizelge 1. Değerlendirmeye alınan örnek sayısı (N), allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), bilgi dizini (I), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He), tarafsız beklenen heterozigotluk (uHe) ve fiksasyon (homozigotlaşma) indeksi (F) değerleri

Table 1. Sample size (N), no. alleles (Na), no. effective alleles (Ne), information index (I), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), unbiased expected heterozygosity (uHe), and fixation index (F) values

Popülasyonlar Populations	Lokuslar Loci	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Gerze	LEI0258	42	16.000	10.822	2.564	0.667	0.908	0.919	0.265
Gerze	MCW0371	43	3.000	2.684	1.036	0.000	0.627	0.635	1.000
Saf hat	LEI0258	42	19.000	11.839	2.674	0.595	0.916	0.927	0.350
Pure line	MCW0371	40	3.000	1.956	0.847	0.000	0.489	0.495	1.000

Çizelge 2. Populasyonlarda her iki lokus için Wright'ın F-istatistikleri ile tahmini gen akışı (Nm) değerleri

Table 2. Wright's F-Statistics and estimated number of migrants (Nm) over all populations for each locus

Lokuslar Loci	F <sub>IS</sub>	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>	Nm
LEI0258	0.308	0.321	0.019	12.711
MCW0371	1.000	1.000	0.117	1.881

Çizelge 2 incelendiğinde her iki popülasyon arasında LEI0258 lokusunda allel paylaşımı yüksek bulunmuş ancak MCW0371 lokusunda allel paylaşımının daha

düşük olduğu sonucu ortaya çıkmıştır.

Popülasyonlar arasında Nei genetik uzaklık değeri (Nei, 1977) 0.419 ve genetik benzerlik değeri ise 0.658 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasında F<sub>ST</sub> değeri 0.068 olarak bulunmuştur.

Moleküler varyans analizi sonuçlarına göre MCW0371 lokusu için moleküler varyasyonun %84'ü popülasyon içinden, %16'sı popülasyonlar arası genetik çeşitlilikten kaynaklandığı tespit edilmiştir. LEI0258 lokusu bakımından ise moleküler varyasyonun %97'si popülasyon içi genetik çeşitlilikten, %3'ü popülasyonlar arası genetik çeşitlilikten kaynaklanmaktadır. Bu oranlar her iki lokus bakımından incelendiğinde genetik varyasyonun

%90'ının popülasyon içinden %10'unun ise popülasyonlar arasından geldiği tespit edilmiştir.

Elde edilen bulgular Gerze ve Saf hat popülasyonlarının LEI0258 lokusunda yüksek oranda polimorfizm gösterdiği ortaya çıkarmıştır. Bununla birlikte MCW0371 lokusu bakımından her iki popülasyonda da tam bir monomorfizm dikkati çekmektedir.

MCW0371 lokusunda görülen yüksek monomorfizm hem Gerze hem de Saf hat popülasyonlarında mutasyonun gerçekleşmediğini göstermektedir. Buna karşın LEI0258 lokusunda görülen yüksek polimorfizmin bu bölgedeki mutasyon sıklığını ortaya koymaktadır. Bu sonuçlara göre LEI0258 mikrosatellit lokusunda daha aktif bir şekilde farklılaşmanın meydana geldiği söylenebilir.

Miller ve Taylor (2016), MHC bölgesinin de yer aldığı birçok GGA 16 kromozomdaki çok sayıda geninin polimorfik olduğunu bu bölgelerdeki polimorfizmin yapısı, dağılımı, bağları ve örüntüleri, GGA 16'nın bağışıklık savunmasına adanmış bir mikrokromozom olarak geliştiğini öne sürmektedir. Bu bulgular LEI0258 mikrosatellit lokusunda görülen yüksek polimorfizm sonuçları ile uyumludur.

Ngeno ve ark., (2015) yaptıkları çalışmada farklı yerel popülasyonlarda MCW0371 lokusunda 10, LEI0258 lokusunda ise 46 farklı allel tespit etmişlerdir. Bu çalışmada popülasyon ayrımı olmaksızın LEI0258 lokusunda toplam 20 allel elde edilmiş bunlardan 1 allel (367 bç) Gerze popülasyonuna özgü iken Saf hatlardan oluşturulan popülasyonda 4 özgün allel (240, 463, 477, 485 bç) tespit edilmiştir. Ngeno ve ark. (2015) tarafından yapılan çalışmada çok sayıda yerli popülasyon kullanılmış olmasının allel çeşitliliğinin daha yüksek çıkmasına neden olduğu değerlendirilmektedir.

Fadhil ve Mercan (2016) yaptıkları çalışmada Gerze popülasyonunun kuş gribine dayanıklılık ile ilgili olduğu bildirilen alleli yüksek oranda içerdiğini ortaya koymuştur. Bu çalışmada da Gerze popülasyonunda MHC içerisinde görülen yüksek polimorfizm bu popülasyonun dayanıklılık ile ilgili muhtemel varyantları içerebilme potansiyelinin yüksek olduğunu ortaya koymaktadır.

## SONUÇ

Bu çalışma içerdiği allel deseni bakımından Gerze tavuğunun özgün bir genetik kaynak olarak korunmasının önemini ortaya koymuştur. Bununla birlikte dayanıklılık ile ilgili çalışmaların ikinci boyutu bu hayvanların hastalıklara karşı gösterdikleri dayanıklılık performanslarının tam kontrollü laboratuvar koşullarında *in vivo* ölçülmesidir.

Türkiye tavuk genetik kaynaklarının başında gelen Gerze tavuğunun son yıllarda büyük önem kazanan hastalıklara dayanıklılık ile ilgili ıslah

planlamalarında yer alabilecek çeşitliliğe sahip olduğunun belirlenmesi bu kaynağın korunması gerekliliğini ortaya koymaktadır. Gerze tavuğu da diğer birçok genetik kaynak gibi korunmalı ve ıslah programlarına entegrasyonlarının sağlanması için çalışılmalıdır.

## TEŞEKKÜR

Bu çalışmanın bir kısmı Ondokuz Mayıs Üniversitesi tarafından PYO.ZRT.1904.13.022 kodlu "Gerze tavuğunda majör doku uyumluluğu kompleksi (MHC) polimorfizminin mikrosatellit markörler ile karakterizasyonu" adlı Yüksek Lisans tez projesi kapsamında desteklenmiştir.

## Çıkar Çatışması Beyanı

Makale yazarları aralarında herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederler.

## Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarlar makaleye eşit oranda katkı sağlamış olduklarını beyan ederler.

## KAYNAKLAR

- Abasht B, Dekkers J, Lamont S 2006. Review of quantitative trait loci identified in the chicken. *Poultry Science* 85(12): 2079-2096.
- Chazara O, Chang C-S, Bruneau N, Benabdeljelil K, Fotsa J-C, Kayang B B, Loukou N G E, Osei-Amponsah R, Yapi-Gnaore V, Youssao I a K, Chen C-F, Pinard-Van Der Laan M-H, Tixier-Boichard M, Bed'hom B 2013. Diversity and evolution of the highly polymorphic tandem repeat LEI0258 in the chicken MHC-B region. *Immunogenetics* 65(6): 447-459.
- Chazara O, Juul-Madsen H R, Chang C-S, Tixier-Boichard M, Bed'hom B 2011. Correlation in chicken between the marker LEI0258 alleles and major histocompatibility complex sequences. *BMC proceedings* 5(4): S29.
- Eimes J, Bollmer J, Whittingham L, Johnson J, Van Oosterhout C, Dunn P 2011. Rapid loss of MHC class II variation in a bottlenecked population is explained by drift and loss of copy number variation. *Journal of Evolutionary Biology* 24(9): 1847-1856.
- Emara M, Kim H, Zhu J, Lapierre R, Lakshmanan N, Lillehojt H 2002. Genetic diversity at the major histocompatibility complex (B) and microsatellite loci in three commercial broiler pure lines. *Poultry Science* 81(11): 1609-1617.
- Fadhil M, Mercan L 2016. Molecular characterization of mx gene polymorphism in gerze chicken breed and pure line chicken breed. *Animal Research International* 13(3): 2540.
- Fulton J E, Juul-Madsen H R, Ashwell C M, McCarron A M, Arthur J A, O'sullivan N P, Taylor R L, Jr.

2006. Molecular genotype identification of the *Gallus gallus* major histocompatibility complex. *Immunogenetics* 58(5-6): 407-421.
- 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.
- Hoffmann I 2010. Climate change and the characterization, breeding and conservation of animal genetic resources. *Animal genetics* 41: 32-46.
- Izadi F, Ritland C, Cheng K M 2011. Genetic diversity of the major histocompatibility complex region in commercial and noncommercial chicken flocks using the LEI0258 microsatellite marker. *Poultry Science* 90(12): 2711-2717.
- Mercan L, Bilgi F, Budak M 2019. Saf Gerze tavuğu ve Sinop ili köy tavuğu popülasyonlarının sekiz polimorfik mikrosatellit lokusu bakımından karşılaştırılması. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi* 34(2): 164-171.
- Mercan L, Okumuş A 2015. Genetic diversity of village chickens in Central Black Sea Region and commercial chickens in Turkey by using microsatellite markers. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences* 39(2): 134-140.
- Miller M M, Taylor Jr R L 2016. Brief review of the chicken major histocompatibility complex: the genes, their distribution on chromosome 16, and their contributions to disease resistance. *Poultry Science* 95(2): 375-392.
- Nei M 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals of human genetics* 41(2): 225-233.
- Ngeno K, Van Der Waaij E, Megens H, Kahi A, Van Arendonk J, Crooijmans R 2015. Genetic diversity of different indigenous chicken ecotypes using highly polymorphic MHC-linked and non-MHC microsatellite markers. *Animal Genetic Resources/Resources génétiques animales/Recursos genéticos animales* 56: 1-7.
- Rauw W M, Kanis E, Noordhuizen-Stassen E N, Grommers F J 1998. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. *Livestock Production Science* 56(1): 15-33.
- Rousset F 2008. genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular ecology resources* 8(1): 103-106.
- Sarıca M, Türkoğlu M 2009. Tavukçuluktaki Gelişmeler ve Türkiye Tavukçuluğu. (Tavukçuluk Bilimi Yetiştirme ve Hastalıklar, Bey Ofset Matbaacılık, Ankara, Türkiye: Ed. Türkoğlu, M Sarıca, M) 1-25.
- Schat K A, Skinner M A 2014. Avian Immunosuppressive Diseases and Immuno-evasion. Elsevier, Ed. 275-297.
- Siwek M, Slawinska A, Rydzanicz M, Wesoly J, Fraszczak M, Suchocki T, Skiba J, Skiba K, Szyda J 2015. Identification of candidate genes and mutations in QTL regions for immune responses in chicken. *Animal genetics* 46(3): 247-254.
- Smouse R P P, Peakall R 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28(19): 2537-2539.