

**TC  
TRAKYA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİLEN  
YERLİ VE KÜLTÜR SIĞIR  
IRKLARININ GENETİK YAPILARININ  
MİKROSATELİTLER İLE İNCELENMESİ**

**EMEL ÖZKAN  
DOKTORA TEZİ  
ZOOTEKNİ ANA BİLİM DALI  
TEKİRDAĞ ZİRAAT FAKÜLTESİ  
2005**

T.C.  
TRAKYA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİLEN YERLİ VE KÜLTÜR SIĞIR IRKLARININ GENETİK  
YAPILARININ MİKROSATELİTLER İLE İNCELENMESİ**

EMEL ÖZKAN  
TRAKYA ÜNİVERSİTESİ  
TEKİRDAĞ ZİRAAT FAKÜLTESİ  
ZOOOTEKNİ BÖLÜMÜ

DOKTORA TEZİ  
ZOOOTEKNİ ANABİLİM DALI

TEZ DANIŞMANI: PROF. DR. M. İHSAN SOYSAL

2005  
TEKİRDAĞ

T.C.  
TRAKYA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİLEN YERLİ VE KÜLTÜR SIĞIR IRKLARININ GENETİK  
YAPILARININ MİKROSATELİTLER İLE İNCELENMESİ**

EMEL ÖZKAN  
TRAKYA ÜNİVERSİTESİ  
TEKİRDAĞ ZİRAAT FAKÜLTESİ  
ZOOTEKNİ BÖLÜMÜ

DOKTORA TEZİ  
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

Bu tez 15./07/2005 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından kabul edilmiştir.

Prof. Dr. M. İhsan SOYSAL  
T.Ü. Tekirdağ Ziraat Fak. Zooteknî Bölümü  
Müh. Bölümü

Prof. Dr. Mehmet DEMİRCİ  
T.Ü. Tekirdağ Ziraat Fak. Gıda

Prof. Dr. Muhittin ÖZDER  
T.Ü. Tekirdağ Ziraat Fak. Zooteknî Bölümü

Prof. Dr. İnci TOGAN  
ODTÜ Biyoloji Bölümü

Prof. Dr. Okan ERTUĞRUL  
Ankara Üniv. Veteriner Fak. Genetik Anabilim Dalı

# TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN YERLİ VE KÜLTÜR SIĞIR IRKLARININ GENETİK YAPILARININ MİKROSATELİTLER İLE İNCELENMESİ

## ÖZET

Bu çalışmada, Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapısı 7 mikrosatellit bölgesi (*TGLA122*, *TGLA227*, *ETH10*, *ETH225*, *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*) kullanılarak incelenmiştir.

Çalışmada genetik varyasyon ölçütlerinden biri olan ortalama gözlenen allel sayısının 11.286 (GAK) ile 7.571 (Jersey) arasında değiştiği, bir diğer ölçüt olan beklenen heterozigotluk değerlerinin ( $H_E$ ) ise 0.7345 (Jersey) ile 0.8114 (Yerli Kara) arasında değiştiği belirlenmiştir. Yerli sığır ırklarında ortalama allel sayısının kültür ırklarından daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Yedi mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda; toplam 11 ırka özgün allel gözlemlenmiş olup bu allellerin görülme sıklığı düşük olduğu için ırk belirleyici özelliklerinin olmadığı belirlenmiştir. Çalışmada elde edilen allel uzunluklarına ait frekanslar incelendiğinde, Türkiye’nin doğusundan batısına doğru gidildikçe bazı mikrosatellit bölgesine ait allel uzunluklarının frekanslarında bir azalma olduğu belirlenmiştir (*ETH225*, *ETH10*, *TGLA227*, *HEL5*, *ILSTS005*).

Yerli ırklarda görülen allel sayısı yüksekliğinin ve bazı allel frekanslarında görülen doğudan batıya doğru gidildikçe azalmanın nedenlerinin; Türkiye’nin coğrafi konum olarak sığırın evcilleştirme merkezine yakın oluşundan kaynaklanabileceği gibi Türkiye’nin doğusundaki ırklarda zebu bireyleri ile karışımın olması nedeniyle de olabileceği tahmin edilmektedir. Türkiye’deki yerli ve kültür ırklarına zebu allelleri ile karışımın olduğu düşünülen allel frekanslarından yararlanılarak, yaklaşık zebu karışım oranları hesaplanmıştır. Bu karışım oranları değerlerinin yerli ırklarda %12.58 (DAK) ile %8.11 (Bozırk) arasında değiştiği belirlenmiş, kültür sığır ırklarında ise bu oranların %0.34 (Jersey) ile %6.2 (Siyah Alaca) arasında değiştiği tespit edilmiştir. Ayrıca çalışmada Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırklarından yerli sığır ırklarına da bazı allellerin karışmış olduğu belirlenmiştir. Bu karışım oranları incelendiğinde, Jersey ırkından yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin yaklaşık oranları

değerlerinin %18.84 (Yerli Kara) ile %30.5 (Bozırk) arasında olduğu belirlenmiştir. Siyah alaca ırkından yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin yaklaşık karışım oranı değerlerinin ise, %7.52 (GAK) ile %15.63 (Bozırk) arasında değiştiği belirlenmiştir. Esmer İsviçre ırkından yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin yaklaşık karışım oranlarının ise %6.54 (DAK) ile %24.82 (Bozırk) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Çalışmada  $F_{IS}$  değerlerinin  $-0.0368$  ile  $0.1488$  arasında değiştiği belirlenmiş olup, yapılan önemlilik testi sonucunda populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir.  $F_{ST}$  değerleri incelendiğinde ise, bu değerlerin yerli ırklarda  $0.0104$  ile  $0.03442$  arasında değiştiği belirlenmiş olup bu değerlerin aynı ırkın farklı populasyonları arasında yapılan karşılaştırmalara eşit yada daha az olduğu bulunmuştur. Kültür ırklarında gözlenen  $F_{ST}$  değerlerinin ise yerli ırklar aralığının en az üç katı daha fazla değerde olup  $0.0445$  ile  $0.09816$  arasında değiştiği belirlenmiştir.

Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapıları 7 mikrosatellit bölgesi sonuçlarına dayanılarak yapılan AMOVA,  $F_{ST}$  Değerleri, Genetik Yapı Testi, Irkları Tanımlama Değeri, Faktöriyel Birleştirici Analiz, Allel Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü gibi analiz metodlarının sonuçlarına göre yerli sığır ırklarının birbirlerinden net olarak ayıramadığı, çalışılan farklı ırklara ait bireylerin birbirleri ile öbeklendiği görülmüştür. Yerli sığır ırkları arasında çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından ırklar arasında az bir genetik farklılaşmanın olduğu belirlenmiştir. Yapılan Mantel test sonucunda, allellerin doğu-batı geçişli değişiminden de bekleneceği gibi, coğrafik uzaklık ve  $D_S$  genetik uzaklık değerleri arası korelasyonun önemli olduğu belirlenmiştir. Irkların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğinin test (bottleneck testi) edilmesi sonucunda yakın geçmişte hiçbir ırkın yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmadığı belirlenmiştir.

Elde edilen tüm sonuçlar birlikte değerlendirildiğinde, 7 mikrosatellite dayalı çalışılma sonucunda fenotipik olarak o ırka ait olan yerli ırklar, genetik olarak birbirlerinden ayıramamıştır. Genetik olarak tüm yerli ırk bireylerinin tek bir gen havuzuna ait gibi davrandığı görülmektedir.

# AN INVESTIGATION ON GENETIC STRUCTURE OF NATIVE AND CULTURAL CATTLE BREEDS IN TURKEY BY USING MICROSATELLITE MARKERS

## ABSTRACT

In this study, the genetic variation within and among Turkish native and cultural cattle breeds was analyzed by using 7 microsatellite loci (*TGLA122*, *TGLA227*, *ETH10*, *ETH225*, *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*).

It was determined that observed average number of alleles ranged from 11.286 (South Anatolian Red) to 7.571 (Jersey) and expected heterozygosity ( $H_E$ ) values ranged from 0.7345 (Jersey) to 0.8114 (Anatolian Black). Average number of alleles in native cattle breeds was higher than average number of alleles in cultural breeds. As a results of the analyses of 7 microsatellite loci, totally 11 private alleles were observed. However, these alleles could not be used for breed determination since they have very low frequencies. A decreasing gradient in the frequencies of alleles of several microsatellite loci (*TGLA122*, *TGLA227*, *ETH10*, *ETH225*, *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*) was observed from eastern to western Turkey.

It is assumed that the reason for high observed number of alleles in native breeds and the decrease in the frequencies of several alleles from eastern to western Turkey were that Turkey is close to the domestication center of cattle as a consequence of its geographical location and that there is admixture with zebu individuals and individuals of the breeds in eastern Turkey. Approximate rations of zebu contribution to native and cultural breeds in Turkey were calculated by using the frequencies of alleles that were thought to have contribution from zebu alleles. Rations of zebu contribution ranged from 12.58% (East Anatolian Red) to 8.11% (Grey Steppe) in native breeds and ranged from 0.34% (Jersey) to 6.2% (Holstein) in cultural breeds. Additionally, in the present study it was determined that there is allele contribution from cultural cattle breeds to native cattle breeds in Turkey. Approximate rations of contribution of alleles from Jersey to native breeds ranged from 18.84% (Anatolian Black) to 30.5 % (Grey Steppe). Rations of contribution of alleles from Holstein to native breeds ranged from

7.52 % (South Anatolian Red) to 15.63 % (Grey Steppe) and ratios of contributions of alleles from Brown Swiss to native breeds ranged from 6.54 (East Anatolian Red) to 24.82 5 (Grey Steppe).

In the present study, it was determined that  $F_{IS}$  values ranged from -0.0368 to 0.1488 and that all of the populations were in the Hardy – Weinberg Equilibrium.  $F_{ST}$  values ranged from 0.0104 to 0.03442 in native breeds and this value was same or lower when calculated for comparisons of different populations of the same breed.  $F_{ST}$  values in cultural breeds ranged from 0.0445 to 0.09816 and these values were at least three times higher than that of native breeds.

Results of different analyses (AMOVA, Calculating  $F_{ST}$  Values, Genetic Structure Test, Determining Breed Integrity Values, Factorial Correspondence Analysis, Measuring Allele Sharing Distance) done in native and cultural cattle breeds in Turkey based on 7 microsatellite loci showed that native cattle breeds were not differentiated from each other genetically and individuals from different breeds were clustered together. Therefore, it was determined that based on 7 microsatellite loci studied, there was a little differentiation among native cattle breeds. As it was also expected from the change in frequency of alleles from east to west, result of Mantel test showed that there is a significant correlation between geographic distance and  $D_S$  genetic distance values. It was also tested by Bottleneck test whether breeds had any risk of extinction in the near past and results of this test showed that none of the breeds had an extinction risk in the near past. The interpretation of all of the results based on 7 microsatellite loci led to the conclusion that native breeds phenotypically belonging to a specific breed could not be differentiated genetically. Therefore, it was observed that genetically, individuals of all of the native cattle breeds acted as members of one common native gene pool.

## İÇİNDEKİLER İÇİNDEKİLER

İçindekiler.....	
Tablo Listesi .....	
Şekil Listesi.....	
Kısaltmalar.....	
Özet.....	
Abstract.....	
<b>1. Giriş.....</b>	<b>1</b>
<b>2. İlk Genetik Çalışmalar Ve Gelişim Süreci .....</b>	<b>4</b>
2.1. DNA Düzeyindeki Polimorfizm Teknikleri Ve DNA Polimorfizm Tekniklerinin Avantajları.....	5
2.2. Mikrosatellitler.....	7
2.3. Moleküler Genetik Çalışmalarda Mikrosatellitlerin Kullanıldığı Yerler.....	9
2.4. Mikrosatellit Bölgelerinin Seçiminde Dikkate Alınan Kriterler.....	10
2.5. Türkiye’de Yetiştirilen Yerli Sığır Irkları.....	10
2.5.1. Yerli Kara.....	10
2.5.2. Doğu Anadolu Kırmızısı.....	11
2.5.3. Güney Anadolu Kırmızısı.....	12
2.5.4. Bozırk .....	12
2.6. Türkiye’de Yetiştirilen Kültür Sığır Irkları.....	13
2.6.1. Jersey .....	13
2.6.2. Esmer İsviçre.....	14
2.6.3. Siyah Alaca .....	15
<b>3. Çalışmanın Amacı.....</b>	<b>16</b>
<b>4. Önceki Araştırmalar .....</b>	<b>17</b>
<b>5. Materyal ve Metod.....</b>	<b>47</b>
5.1. Çalışılan Populasyonlar.....	47
5.2. Örneklerin Toplandığı Alanlar.....	47
5.3. Mikrosatellit DNA İşaretlerinin Çalışılmasına İlişkin Metod.....	49
5.3.1. Örneklerin Hazırlanması.....	49
5.3.2. Toplam DNA İzolasyonu: Fenol-Kloroform Tekniğine Göre Kandan DNA İzolasyonu.....	49



5.3.3.DNA Bantlarının Gözlenmesi.....	50
5.3.4.Mikrosatellit Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Yükseltgenmesi.....	51
5.3.5. Çalışmada Kullanılan Mikrosatellit İşaretleyiciler.....	53
A) <i>TGLA122</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	53
B) <i>ETH 225</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	54
C) <i>ETH 10</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	55
D) <i>TGLA227</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	56
E) <i>HEL5</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	57
F) <i>ILSTS005</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	58
G) <i>ILSTS006</i> İsimli Mikrosatellit Bölgesi.....	59
5.3.6. Polimeraz Zincir Reaksiyonu Sonucunda Elde Edilen DNA Bantlarının Gözlenmesi.....	61
<b>5.3.7. Mikrosatellit Lokuslarından Elde Edilen Verilerin Bant Uzunluklarının Hesaplanması.....</b>	<b>64</b>
6. Elde Edilen Verilerin Analizinde Kullanılan İstatistik Metodları.....	66
6.1. Genetik Varyasyonları Belirleyen Ölçütler.....	66
A)Genetik Çeşitlilik Analizleri .....	66
A.1. Allelik Varyasyon.....	66
A.2. Heterozigotluk.....	68
A.3. F İstatistikleri .....	69
<b>B) Moleküler Genetik Verilerin Varyans Analizi.....</b>	<b>73</b>
C) Allellerin Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü .....	75
D) Faktöriyel Birleştirici Analiz.....	76
E) Irkları Tanımlama Değeri(=Bütünlük Değeri) .....	76
F) Bireylerin Irklara Ayrılması Testi.....	78
G) Populasyonların Genetik Yapı Testi.....	79
H) Irklar Arası Genetik Uzaklıklar.....	81
H.1. Nei'ye Göre Standart Genetik Uzaklık ( $D_S$ ) Metodu.....	82
H.2. Nei $D_A$ Genetik Uzaklığı Metodu.....	83

İ) Temel Bileşenler Analizi .....	83
J) Mantel Test Analizi.....	84
K) Irkların Yok Olma Tehlikesi Geçirip Geçirmediğini Test Etme.....	85
<b>7. Sonuçlar .....</b>	<b>86</b>
7.1. Mikrosatellit Bölgelerinin Allellerinin Tesbiti.....	86
7.2. Populasyonlar İçi Allelik Varyasyonlar ve Heterozigotluk Analizi...	86
7.3. F Parametreleri .....	103
7.4. Moleküler Genetik Verilerinin Varyans Analizi .....	109
7.5. Allellerin Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü.....	110
7.6. Faktoriyel Benzerlik Analizi.....	112
7.7. Irkları Tanımlama Değeri ( = Bütünlük Değeri).....	117
7.8. Bireylerin Ayrılması Testi.....	118
7.9. Irkların Yapısını Belirleme Testi .....	120
7.10. Irklar Arası Genetik Uzaklıklar .....	122
A) Nei Standart Genetik Uzaklık Metodu ( $D_S$ ).....	122
B) $D_A$ Genetik Uzaklık Metodu (Nei ve ark., 1983) .....	124
7.11. Temel Öğeler Analizi .....	126
7.12. Mantel Test Analizi .....	128
7.13. Irkların Yok Olma Tehlikesi Geçirip Geçirmediğini Test Etme.....	128
<b>8. Tartışma .....</b>	<b>130</b>
8.1. Populasyonlar İçi Varyasyonlar Ve Heterozigotluk Değerleri Sonuçları.....	130
8.2. F Parametreleri.....	144
8.3. Moleküler Genetik Verilerin Varyans Analizi Sonuçları .....	149
8.4. Allellerin Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü Sonuçları .....	151
8.5. Faktöriyel Birleştirici Analiz Sonuçları.....	152
8.6. Irkları Tanımlama Değeri .....	154
8.7. Bireylerin Irklara Ayrılması Testi.....	155
8.8. Populasyonların Mevcut Yapı Testi Sonuçları.....	156
8.9. Irklar Arası Genetik Uzaklıklar .....	157
8.10. Temel Öğeler Analizi Sonuçları .....	162
8.11. Mantel Test.....	166
8.12. Irkların Yok Olma Tehlikesi Geçirip Geçirmediğinin Testi Sonuçları	166
8.13. Yerli Gen Kaynaklarının Mevcut Durumu, Uygun Koruma Stratejilerinin Oluşturulması İçin Yeni Yaklaşımlar.....	167
<b>9. Sonuç ve Öneriler .....</b>	<b>173</b>
<b>KAYNAKLAR.....</b>	<b>176</b>
<b>TEŞEKKÜR .....</b>	<b>188</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ.....</b>	<b>190</b>
<b>EKLER .....</b>	<b>.....</b>

## TABLolar

<b>Tablo.1.</b> Çalışılan Populasyonların Örneklerinin Alındığı Yerler ve Bu Irkların Türkiye'deki Dağılım Bölgeleri .....	48
<b>Tablo.2.1.</b> TGLA122 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler..	53
<b>Tablo.2.2.</b> TGLA122 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları .....	54
<b>Tablo.3.1.</b> ETH225 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi ile İlgili Tanımlayıcı Bilgiler...	54
<b>Tablo.3.2.</b> ETH225 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları.....	55
<b>Tablo.4.1.</b> ETH10 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler....	55
<b>Tablo.4.2.</b> ETH10 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları.....	56
<b>Tablo.5.1.</b> TGLA227 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler..	56
<b>Tablo.5.2.</b> TGLA227 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları .....	57
<b>Tablo.6.1.</b> HEL5 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler...	57
<b>Tablo.6.2.</b> TGLA227 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları .....	58
<b>Tablo.7.1.</b> ILSTS005 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler.	58
<b>Tablo.7.2.</b> ILSTS005 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları .....	59
<b>Tablo.8.1.</b> ILSTS006 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler.	59
<b>Tablo.8.2.</b> ILSTS006 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları.....	60
<b>Tablo.9.</b> Gözlenen Allel Sayılarının Irklar Ve Lokuslar Bazında Dağılımı, Irk Başına Ve Lokus Başına Gözlenen Allel Sayıları Ve Ortalamaları.....	87
<b>Tablo.10.</b> Bozırk Populasyonlarının Ayrı Birer Populasyon Olarak Değerlendirilmesi Sonucunda Gözlenen Allel Sayılarının Irklar Ve Lokuslar Bazında Dağılımı, Irk Başına Ve Lokus Başına Gözlenen Allel Sayıları Ve Ortalamaları.....	88
<b>Tablo.11.</b> Çalışmada Gözlenen Heterozigotluk ( $H_0$ ) Değerlerinin Her Bir Lokus İçin Populasyonlara Dağılımı, Lokuslar ve Irklar Bazında Hesaplanan Ortalama Gözlenen Heterozigotluk Düzeyleri.....	89
<b>Tablo.12.</b> Çalışmada Beklenen Heterozigotluk ( $H_e$ ) Değerlerinin Her Bir Lokus İçin Populasyonlara Dağılımı, Lokuslar ve Irklar Bazında Hesaplanan Ortalama Gözlenen Heterozigotluk Düzeyleri .....	89
<b>Tablo.13.</b> Irklarda Saptanan Ortalama Gözlenen ( $H_0$ ) ve Beklenen ( $H_e$ ) Heterozigotluk Değerleri .....	90

<b>Tablo.14.</b> Çalışmada Gözlenen Özgün Allellerin Lokuslar ile Irklar Açısından Dağılımı ve Gözlenen Özgün Allellerin Frekansları.....	91
<b>Tablo. 15.</b> Türkiye'deki Yerli ve Kültür Sığır Irklarında Zebu Karışım Oranları...	101
<b>Tablo. 16.</b> Türkiye'deki Jersey Irkından Yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin oranları.....	101
<b>Tablo.17.</b> Türkiye'deki Siyah Beyaz Alaca Irkından Yerli Sığır Irklarına Karışımın Olduğu Düşünülen Allellerin Oranları.....	102.
<b>Tablo. 18.</b> Türkiye'deki Esmer İsviçre Irkından Yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin oranları.....	102.
<b>Tablo.19.</b> Çalışılan Populasyonların $F_{IS}$ Değerlerine Ait Dağılım.....	103
<b>Tablo. 20.</b> Bozırk Irkının Farklı Örnekleme Grupları Ayrı Tutulduğunda Hesaplanan $F_{IS}$ değerleri ve İstatistiksel Önemlilik Analizi Sonuçları .....	104
<b>Tablo. 21.</b> Bozırk Irkının Farklı Örnekleme Gruplarından Rastgele Seçilerek Alınan Aynı Sayıda Bireyin Karşılaştırılması ve Ayrı Grup Olarak Tutulması Sonucunda Hesaplanan $F_{IS}$ Değerleri ve İstatistiksel Önemlilik Analizi Sonuçları.....	104
<b>Tablo.22.</b> Populasyonların İkili Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan $F_{ST}$ değerleri ve önemlilik düzeyleri.....	105
<b>Tablo.23.</b> Aynı Irkın Farklı Populasyonlarının Ayrı Grup Olarak Tutulup, Irklar / Populasyonların İkişerli Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan $F_{ST}$ değerleri ve Önemlilik Düzeyleri.....	107
<b>Tablo.24.</b> Aynı Irkın Farklı Populasyonlarının Ayrı Grup Olarak Tutulup, Irklar / Populasyonların İkişerli Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan $F_{ST}$ değerleri ve Önemlilik Düzeyleri .....	107
<b>Tablo. 25.</b> Çalışılan Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Ortalama Irkları Tanımlama Değeri .....	117
<b>Tablo.26.</b> Yerli ve Kültür Sığır Irklarının Birbirlerine Olan $D_S$ Genetik Uzaklıkları.	123
<b>Tablo.27.</b> Yerli ve Kültür Sığır Irklarının Birbirlerine Olan $D_A$ Genetik Uzaklıkları..	125
<b>Tablo.28.</b> Türkiye 'nin Doğusundan Batısına Doğru Gidildikçe Allel Frekanslarında Azalma Görülen Alleller.....	143

## ŞEKİLLER

- Şekil. 1.** DNA'daki bir mikrosatellit bölgesinin farklı (2 bp fark gösteren) allel uzunluklarının jel üzerindeki görüntüleri.....8
- Şekil.2.** Sığırların kökeni ve kıtalara yayılışı (Loftus ve ark., 1994).....22
- Şekil.3.** Sığırlarda mtDNA dizilimlerinin çalışılması sonucunda çizilen komşu birleştirme ağacı ( Troy ve ark., 2001) .....23
- Şekil. 4.** Farklı sığırların mtDNA ve mikrosatellit analizi sonuçlarına göre ayrımları.24
- Şekil 5.** Çalışılan Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Populasyonların Örneklerinin Toplandığı Yerler.....48
- Şekil.6.** İtalya – ConsDABI Araştırma Merkezinde Kullanılan PCR Cihazından Bir Görünüm.....60
- Şekil.7.** Agaroz Jel (%2'lik) Üzerinde ETH225, ETH10 Ve ILSTS006 İsimli Mikrosatellit genBölgelerinin Çoklu (Multipleks) Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Çoğaltılması Sonucunda Bantların Görünüşü.....62
- Şekil.8.** Agaroz Jel (%2'lik) Üzerinde TGLA227 İsimli Mikrosatellit Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Çoğaltılması Sonucunda Bantların Görünüşü.....63
- Şekil. 9.** İtalya-ConsDABI Araştırma Merkezinde Kullandığımız ABI 310 Kapiller Elektroforezinden Bir Görünüm.....64
- Şekil.10.** Bir Bireyin ABI 310 Kapiller Elektroforezinde DNA Bant Uzunluğunun Okunması Sırasında Elde Edilen Pik Değerlerine ait Görüntü.....65
- Şekil.11.** Çalışılan 7 Farklı Mikrosatellit Bölgesinden Biri Olan TGLA227 Mikrosatellit Bölgesinin Allellerinin Görülme Sıklıklarının Yerli Sığır Irklarında Dağılımının Türkiye Haritası Üzerinde Görünümü .....93
- Şekil.12.** Bireyler Arası Paylaşım Uzaklıkları (ASD) kullanılarak çizilen Komşu Birleştirme (NJT) Metodu Kullanılarak Çizilen Ağaç.....110
- Şekil.13.** Her Irkı Temsilen Rastgele Seçilen 10'ar Birey Kullanılarak Çizilen Allel Paylaşım Uzaklıklarına Göre Çizilen Komşu Birleştirme Ağacı.....111
- Şekil.14.** Çalışılan Tüm Yerli Irklara ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği .....113

<b>Şekil.15.</b> Çalışılan Tüm Kültür Irklara ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği.....	114
<b>Şekil.16.</b> Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği.....	115
<b>Şekil.17.</b> Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği.....	116
<b>Şekil.18.</b> Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği.....	116
<b>Şekil 19.</b> Türkiye’de Yetiştirilen Sığır Irklarının Yapı Testi Analizi Sonuç Grafiği (K=7 değerinde populasyonların genetik yapısının görüntülenmesi) .....	121
<b>Şekil.20.</b> Tüm ırklar ve örnekler için $D_S$ genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki.....	123
<b>Şekil.21.</b> Tüm ırklar ve örnekler için $D_A$ genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki.....	125.
<b>Şekil. 22.</b> Çalışılan 7 Farklı Mikrosatellit Bölgesi Verilerininin Sonuçlarına Gore İki Boyutlu Düzlemde Yerli Ve Kültür Sığır Irklarının Konumu ( YZ Eksenleri).....	127



## KISALTMALAR

ABI 310	: DNA Sekans Analizatörü
AFLP	: Çoğaltılabilen Parça Uzunluğu Polimorfizmi (Amplified Fragment Length Polymorphism),
Brown Swiss	: Esmer İsviçre
bp	: Baz çifti (bç)
C <sup>0</sup>	: Santigrad derece
D <sub>A</sub>	:(Nei ve ark., 1983) tarafından geliştirilen Genetik Uzaklık Metodu
DAK	: Doğu Anadolu Kırmızısı
DNA	: Deoksiribonükleik asit (Deoxyribonucleic acid)
dNTP	: Deoksinükleosid Trifosfat((Deoxynucleoside triphosphate)
D <sub>S</sub>	: Nei'nin Standart Genetik Uzaklığı (Nei, 1972)
EDTA	: Etilendiaminetetraasetik asit(Ethylenediaminetetraacetic acid)
EtBr	: Etidyum Bromid (Ethidium Bromide)
FAO	: Tarım ve Gıda Organizasyonu (Food and Agriculture Organization)
F <sub>IS</sub>	: Saf yetiştirme katsayısı
F <sub>IT</sub>	:
F <sub>ST</sub>	: Populasyonlar arası standardize varyans
F & R	: İleri ve Geri Primerler (Forward and Revers)
GAK	: Güney Anadolu Kırmızısı
Holstein Friesian	: Siyah Alaca
H <sub>O</sub>	: Gözlenen ortalama heterozigotluk
H <sub>E</sub>	: Beklenen ortalama heterozigotluk
IAM	: Sınırsız Allel Modeli (Infinite Allele model)
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
mtDNA	: Mitokondriyal DNA Polimorfizmi Tekniği (mtDNA Polymorphism)
MCMC	: "Monte Carlo Markov Chain" Metodu



NJT	: Komşu Birleştirme Ağacı (Neighbour – Joining Tree)
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
PCA	: Temel Bileşenler Analizi ( Principle Component Analysis)
rpm	: Bir dakikadaki rotor devir sayısı (Rotor per minute)
RFLP	: Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniği (Restriction Fragment Length Polymorphism)
RAPD	: Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Tekniği (Random Amplified DNA Polymorphism),
SDS	: Sodyumdedoksisülfat
SSCP	: Tek Zincir Konformasyon Polimorfizmi Tekniği (Single Strand Conformation Polymorphism)
STS	: Dizisi Etiketlenmiş Alanlar Tekniği (Sequence Tagged Sites),
SMM	: Basamak Tarzı Model (Stepwise Mutation Model)
SNPs	: Tek Nükleotid Polimorfizm Tekniği (Single Nucleotide Polymorphism),
VNTR	: Değişken Sayıda Ardarda Tekrarlanan Bölgeler Polimorfizmi (Variable Number of Tandem Repeats ),
SSR yada STR	: Mikrosatellit DNA Polimorfizm Tekniği (SSR – Simple Sequence Repeat veya STR– Short Tandem Repeat )
TAGEM	: Tarımsal Araştırma Genel Müdürlüğü
Taq	: Restriksiyon Enzimi
Tamra	: DNA sekans analizatörü işaretleyicisi (marker)
TİGEM	: Tarımsal İşletmeler Genel Müdürlüğü
TBE	: Tris/ Borik asit/ EDTA Tamponu
TE	: Tris EDTA tamponu
TPM	: İki safhalı model (Two Phased Model)
UV	: Ultraviyole ( Ultraviolet)
YK	: Yerli kara
µg	: Mikrogram

$\mu\text{l}$  : Mikrolitre  
ng : nanogram

## 1. GİRİŞ

Türkiye Asya, Avrupa ve Afrika'nın oluşturduğu eski kıtalar arasında bir geçit bölgesinde yer aldığından yerli gen kaynakları açısından zengin genetik çeşitliliğe sahiptir. Bir çok çiftlik hayvanı (koyun, sığır, keçi ve manda) ilk olarak Anadolu ve civarında evcilleştirildiği için, söz konusu evcil hayvanlardaki yüksek genetik çeşitlilik özgünlükleri açısından da çok değerlidir (Bruford ve ark., 2003). Zor iklim koşullarına, yetersiz beslenme koşullarına, hastalıklara ve deniz seviyesinden (1000-2000 m) yükseklikteki iklim koşullarına toleranslarının yüksek olması nedeni ile yerli ırkların sayısı önceleri kültür ırklarına oranla daha yüksekti.

Türkiye çiftlik hayvanları yetiştiriciliği açısından ve hayvan sayısı açısından oldukça önemli bir ülke olmasına rağmen, yerli ırkların sayısının çokluğu ve bu ırkların verimlerinin düşük olması nedeniyle hayvansal ürünlerin üretimi açısından yıllarca oldukça geri sıralarda yer almıştır. Çiftlik hayvanlarının ıslahı ekonomik bir süreç olup başlıca amacı verimlilik ve karlılığın artırılmasıdır. Yüksek verime sahip ırklar elde ederken uygulanan seleksiyon esnasında genetik çeşitliliği de korumak mümkün değildir. Bir taraftan yerli ırkların gen havuzlarını olduğu gibi korumak diğer taraftan ırkları seleksiyon ve melezleme çalışmalarında kullanarak yeni verimli ırklar elde etmemiz gerekmektedir. Ülkemizde, paralel sürdürülmesi gerekli bu tutumlardan sadece ikincisi uygulanmıştır ve 1970'li yıllardan günümüze kadar uygulanan programsız seleksiyon ve melezleme çalışmalarında bazı yerli ırklar ya kaybedilmiş yada melez ırklar oluşturulmuştur. Bu durum özellikle Türkiye'nin bugünkü koyunculuk ve sığircılığının durumu için geçerlidir. Örneğin, Trakya bölgesinde yetiştirilen Bozırk sığır ırkından ve Kıvırcık koyun ırkından saf birey bulmak günümüzde nerede ise imkansız hale gelmiştir. Bir ırkın genetik varyasyonunun azalmasına ve nesillerin tükenmesine neden olabilen, pazar koşullarının yönlendirdiği, aşağıda belirtilen başka etmenler de mevcuttur. Bu etmenler, tarımsal faaliyetlerin azalması, kırsal kesimde yaşayan toplumların kentlere göç etmesi, bir yörede yaşanan sosyal huzursuzluklar, yerli ırkların yerini yüksek verimli özelleşmiş kültür ırklarının almasıdır (Örn: Siyah Alaca).

Ayrıca yetiştirme sistemlerinde ekstansif yetiştiricilikten entansif yetiştiriciliğe geçişte meydana gelen değişiklikler, ekonomik önemi olan verim özelliklerini arttırmak için rastgele melezleme tekniklerinin uygulanması ırklardaki orijinal genetik yapının değişmesine veya gen kaynaklarının saflığının kaybolmasına ve genetik çeşitliliğin azalmasına neden olabilmektedir. Yukarıda belirtilen etmenlerin neticesinde son yirmi yıldır Türkiye’de yetiştirilen yerli ırklara ait ırklarda ve bu ırklara ait birey sayılarında (sığır, koyun, keçi ve manda) önemli düzeylerde azalmalar gözlenmektedir. Bu azalma her geçen gün artmakta ve yerli ırkların yerini kültür ırkları ve melezleri (yerli x kültür melezi) almaktadır.

Çiftlik hayvanlarının verimliliğini artırma yönünde uygulanan çalışmalar istenilen özelliklerde olumlu artışlara neden olurken, çevre koşullarına adaptasyon ve hastalıklara karşı dayanıklılık gibi özelliklerde gerilemeye yol açmaktadır. Bu nedenle yüksek adaptasyon kabiliyetinde olan yerli ırklara ait genotiplerin mutlaka korunması gerekmektedir. Bugün ekonomik açıdan önemli olmayan genotiplere gelecekte ne ölçüde ihtiyaç duyulacağını tahmin edebilmek mümkün değildir. Ancak biliyoruz ki yerli gen kaynakları gelecekte Türkiye’de veya dünyada yeni tiplerin oluşturulmasında temel genetik materyaldir ve onların korunması aynı zamanda heterosiz olanaklarının korunması anlamına gelmektedir.

Son yıllarda yerli ırkların korunmasına yönelik programlar Türkiye’de de uygulanmaktadır. Fakat bu programlar, hayvancılık bakımından ileri ülkeler düzeyinde uygulanan yerli ırkları koruma programları ile karşılaştırıldığında henüz başlangıç aşamasında olup bir çok düzenleme yapılması gerekmektedir. Oysaki Türkiye’nin çoğu bölgelerinde insanların geçim kaynağı tarıma dayanmaktadır. Bu nedenle ekonominin tarım ve hayvancılığa dayalı olduğu bölgelerde yetiştirilmesi açısından yüksek adaptasyon değerine sahip olan yerli ırkların korunması oldukça önemlidir.

Hayvancılıkta yerli genetik kaynakların korunması ilkelerine ilişkin bilgi birikimlerinin giderek arttığı belirtilmiştir (Bodo, 1990; Henson, 1992; Wiener, 1994, Soysal ve ark., 2003). Bu nedenle dünyanın birçok yerinde yerli genotiplerin ve ırkların kaybolmasını önlemek için çalışmalar başlatılmıştır. Özellikle son yıllarda FAO

(Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü), UNEP (Birleşmiş Milletler Çevre Projesi) ve EAAP (Avrupa Zootečni Federasyonu ) gibi ulusal ve uluslar arası örgütler tarafından yerli hayvan gen kaynaklarının saptanması, korunması ve değerlendirilmesi alanında projeler yürütülmüş ve yürütülmektedir.

FAO ve EAAP tarafından 1987 yılında Almanya’da Uluslararası Gen Kaynağı Veri Bankası kurulmuş, 1990 yılında FAO özellikle ikisi bölgesel düzeyde olmak üzere genetik materyalin dondurularak saklanmasına hizmet edecek 3 adet gen bankasının kurulmasına yardımcı olmuştur. 2000’li yıllardan sonra FAO dünya çapında oldukça önemli bir yazılım sistemi olan “Evcil Hayvan Genetik Çeşitlilik Bilgi Sistemi” (DAD-IS: Domestic Animal Diversity Information System) adıyla bilinen sistemi hazırlamıştır. Ayrıca FAO Hayvan Genetik Kaynaklarını korumak adına bir çalışma grubu oluşturulmuştur. Bu grupta bir çok ülkenin birlikte çalışılması sonucunda bir rapor hazırlanacak ve bu raporda yok olma tehlikesi altında olan çiftlik hayvanlarına ait genetik çeşitlilik bilgilerini içeren bir kitap haline getirilmesi sağlanacaktır (Dünya Gözlem Listesi-World Watch List). Her ülke kendi milli koordinatörleri aracılığı ile kendi yerli gen kaynaklarını içeren bir rapor hazırlayacaktır. Bu raporda yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalan çiftlik hayvanlarına ait tüm bilgiler yer alacaktır.

Dünyada halen birçok resmi, gönüllü ve özel kuruluş hayvan gen kaynaklarının korunmasına yönelik ulusal ve uluslar arası projeler yürütmektedir (Henson, 1992; Barker, 1999).

Bir çok çalışmada, yerli gen kaynaklarının korunması için aşağıda belirtilen aşamaların sırası ile yapılması gerektiği belirtilmektedir (Soysal ve ark., 2003). Irkların genetik yapıları belirlenmeli, sürü kayıtları tutulmalı (pedigri kayıtları), ırkların envanter çalışması yapılmalı, yetiştirici birlikleri kurulmalı, yerli ırklarda süt ve et verimi için uygun seleksiyon kriterleri belirlenmeli ve ayrıca diğer ülkelerde olduğu gibi orijinal etiketli agro-turizm ürünleri geliştirilmelidir. Tüm bu aşamaları başarı ile sonuçlandırmak için en önemli ve öncelikli yapılması gereken aşama, yerli ırkların genetik yapılarının belirlenmesi, ırklar arası ve ırklar içi farklılıkların incelenmesi gerektiği bildirilmiştir ( Maudet ve ark., 2002; Bruford ve ark., 2003; Soysal ve ark., 2005).

## 2. İLK GENETİK ÇALIŞMALAR VE GELİŞİM SÜRECİ

Son yıllarda bir çok ülkede moleküler genetik tekniklerinden elde edilen veriler yardımı ile yerli ırkların genetik yapı ve farklılıklarını belirleme çalışmaları yürütülmektedir. Çiftlik hayvanlarında ırklar arası ve ırklar içi farklılıkların belirlenmesinde ilk kullanılan moleküler işaretleme tekniği protein polimorfizmi çalışmalarıdır. 1960'lı yılların ortalarından 2000'li yıllara kadar bir çok çalışmada çiftlik hayvanlarının genetik yapılarının incelenmesinde protein polimorfizmi kullanılmış ve halen kullanılabilir. Protein polimorfizmi yardımı ile 1000'in üzerinde canlı türünde çalışılmış ve bu türlerin varyasyon gösterdikleri belirlenmiştir. Protein jel elektroforezi populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik varyasyonun tanımlanması için kullanılan rutin bir yöntem haline gelmiştir (Hoelzel, 1995). Protein polimorfizmi çalışmaları doğal populasyonların çoğunun büyük ölçüde genetik varyasyon gösterdiğini ortaya koymuştur.

Protein polimorfizminde kullanılan işaretleyiciler ilk dönemlerde sınırlı sayıdaydı ve birkaç yüz tanesi biliniyordu. Bu tip protein çalışmaları ile birçok çiftlik hayvanının (koyun, keçi sığır, manda vs.) genetik yapıları protein işaretleyiciler (markerlar) ile incelenmiş ve başarılı sonuçlar elde edilmiştir. Protein işaretleyiciler; depo proteinleri ve enzim proteinleri olmak üzere 2 gruba ayrılmaktadır. Depo proteinleri, elektroforez işlemine tabi tutulup uygun boyama tekniği ile boyandıklarında elde edilen farklı genotiplerin genetik işaretleyici (marker) olarak kullanılması temeline dayanmaktadır. Depo proteinleri ile çalışmanın en önemli avantajları çabuk, güvenilir ve tekrarlanabilir nitelikte olmalarıdır. Fakat sayıca az olmaları en büyük dezavantajdır. Enzim işaretleyicileri (markerlar) ise alloenzim ve izoenzim olarak iki gruba ayrılmaktadır. Alloenzimler aynı genin farklı allelleri tarafından meydana getirilmekte; izoenzimler ise farklı genler tarafından üretilmekte fakat işlevleri aynı olan enzimleri ifade etmektedir. Alloenzim ve izoenzimleri birbirinden ayırmak için elektroforez işlemi uygulanır. Jel üzerinde elektrik akımı etkisi ile proteinler taşıdıkları yük ve kütle oranına göre farklı hızlarda hareket ederler. Daha sonra jel ilgili proteine spesifik olan boya maddesi ile boyanarak proteinin jel üzerindeki pozisyonu belirlenir ve bu

pozisyonlara göre farklı alleller belirlenir. Enzim markerlarının en önemli avantajı analizlerin güvenilir, hızlı ve ucuz olması, dezavantajı ise enzim markerlarının sayılarının az olmasıdır.

Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının pek çoğunun genetik yapıları, kan proteinleri (hemogloblin ve transferrin protein polimorfizmi) ve bazı süt proteinleri polimorfizmi açısından incelenmiştir. Çalışmalar sonucunda bazı ırklarda genetik yapı ve çeşitli verim özellikleri (günlük ortalama süt verimi, laktasyon uzunluğu, laktasyon süt verimi, vs.) arasında ilişkilerin önemli olduğu belirlenmiştir (Doğrul, 1973; Üstdal, 1980; Alpan ve Ertuğrul, 1990; Özbeyaz, 1991; Ertuğrul ve Alpan, 1991; Doğru, 1992; Soysal ve Haskırış, 1993; Soysal ve Gürcan, 1993; Gürkan ve Soysal, 1994; Doğru ve Tüzümen, 1996; Doğru ve ark., 1996, 1997a, 1997b; Doğan ve Kaygısız, 1999; Soysal ve Gürcan, 2000). Ancak fenotipik karakterlerin pek çoğunda karşılaşıldığı gibi protein polimorfizmi tekniğinde de birbirine çok yakın olan ırkların ayırt edilmesinde güçlüklerle karşılaşmaktadır.

DNA ile genetik polimorfizm çalışmanın, protein polimorfizmi ve diğer gen ürünleri üzerine çalışmalara nazaran daha fazla avantajlarının olduğu belirtilmektedir (Nei ve Kumar, 2000). Protein jel elektroforezi kullanılarak yapılan protein varyasyonu çalışmaları populasyon genetiği çalışmalarında azalsa da, türleri karşılaştırmada ve populasyonların yapısı hakkındaki bazı spesifik soruların çözümlenmesinde hala kullanılmaktadır (Lewontin, 1989).

## **2.1. DNA DÜZEYİNDEKİ POLİMORFİZM TEKNİKLERİ VE DNA POLİMORFİZM TEKNİKLERİNİN AVANTAJLARI**

Son yıllarda oldukça hızlı ilerleme gösteren moleküler genetik teknikler ve bu tekniklere uygun yeni istatistik metotlarının geliştirilmesi ile başta biyoloji ve tıp olmak üzere bir çok alanda ( tarım, hayvancılık, vs. ) önemli ilerlemeler ve atılımlar kaydedilmeye başlanmıştır. Bu tekniklerin hayvan ıslahında ilk kullanıldığı alanlar genetik kusurların ve bazı kalıtsal hastalıkların gen yerlerinin belirlenmesine yönelik çalışmalardır. Fakat son yıllarda birçok bilim adamı kalıtsal kusurların ve hastalıkların

belirlenmesinin yanı sıra doğrudan verim özelliklerini etkileyen genlere de ilgi duymaktadırlar. Yeni gelişen ve aşağıda açık yazılımları belirtilen bu teknikler ile (Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniği – RFLP; Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Tekniği – RAPD; Minisatellit; Mikrosatellit; Tek Zincir Konformasyon Polimorfizm Tekniği – SSCP; Çoğaltılabilen Parça Uzunluğu Polimorfizmi – AFLP; Dizisi Etiketlenmiş Alanlar Tekniği – STS; Tek Nükleotid Polimorfizm Tekniği – SNPs; Mitokondriyal DNA – mtDNA; Değişken Sayıda Ardarda Tekrarlanan Bölgeler Polimorfizmi - VNTR) ırklara özgü (spesifik) özellikler, ekonomik verimler üzerine etkili kantitatif özellik lokusları incelenebilmektedir. Ayrıca bu yeni teknikler ile populasyonların genetik çeşitlilik düzeyleri ve evrim tarihlerinin belirlenmesi de mümkün olabilmektedir. Geçmişte yetiştirme ve ıslah programlarında ekonomik önemi olan karakterler fenotipik olarak yapılan ölçümler ile seleksiyona tabi tutulurken günümüzde moleküler genetik tekniklerinin uygulanması ile DNA düzeyindeki genetik yapı belirlenerek seleksiyon yapılabilmektedir. Populasyonlardaki genetik varyasyonları çalışmak için DNA sekanslarını çalışmak protein sekanslarını çalışmaya göre daha fazla aydınlatıcı bilgi içermektedir. Çünkü DNA sekanslarının büyük bir kısmı protein içerisinde şifre edilememektedir, genetik kod içerisinde dejenerasyonlar ve mutasyonlar olabilmektedir. DNA çalışmalarında kullanılan teknikler genellikle her bir bölge için aynıdır. DNA içerisinde daha fazla genetik polimorfizm mevcuttur. Ayrıca DNA dizilimleri (sekansları) insersiyon / delesyon, gen değişmesi, düzensiz krosingover ( düzensiz parça değiş tokuşu), horizontal gen transferleri vb gibi sebepler nedeni ile polimorfizm hakkında daha detaylı bilgi verebilmektedir (Nei ve Kumar, 2000). DNA çalışmalarında kullanılan otomasyon oldukça kolay olduğu belirlenmiştir. Daha fazla sayıda işaretleyici bir arada kullanılarak çalışmalarda kolaylık sağlamaktadır (Cavalli – Sforza, 1998). Uygun teknikler ile izole edilen DNA istenilen koşullarda çok uzun süre saklanabilir. Polimeraz Zincir Reaksiyonu metodunun kullanılması ile DNA'nın çok küçük miktardaki bir bölgesi dahi çoğaltılabilmektedir. Bu metodun kullanılması ile çok az sayıdaki örnek ile çalışmak mümkün olabilmektedir. Moleküler işaretleyiciler (markerlar) genetik çalışmalarda anahtar rolü oynamakta olup, DNA işaretleyicileri (markerlar) farklı genotiplere ait DNA'nın nükleik asit diziliş farklılıklarını değişik şekillerde ortaya koyabilmektedir. Son yıllarda geliştirilen, çalışılan ve her birinin pek çok avantajları olan çeşitli



polimorfizm teknikleri vardır. Bu teknikler; DNA'nın enzimatik restriksiyon enzimleri ile kesimi sonucu elde edilen Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniđi (RFLP) ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) kullanımının temeline dayalı olan Tek Zincir Konformasyon Polimorfizm Tekniđi (SSCP); Rastgele ođaltılmıř Polimorfik DNA Tekniđi (RADP); ođaltılabilen Para Uzunluđu Polimorfizmi ( AFLP ); Dizisi Etiketlenmiř Alanlar Tekniđi ( STS ); Tek Nkleotid Polimorfizm Tekniđi ( SNPs ); mitokondriyal DNA Polimorfizm Tekniđi ( mtDNA ); Deđiřken Sayıda Ardarda Tekrarlanan Blgeler Polimorfizmi ( VNTR ); Mikrosatellit DNA Polimorfizm Tekniđi ( SSR veya STR )'dir (Hoelzel, 1998) .

alıřmada bu tekniklerden biri olan mikrosatellit DNA tekniđi kullanılmaktadır. Son yıllarda genotipin belirlenmesi, ırklar ii ve ırklar arası benzerlik yada farklılıkların belirlenmesi ve heterozigotluk dzeylerinin belirlenmesi alıřmalarında kullanılan molekler genetik tekniklerinden en yaygın olanı mikrosatellit DNA polimorfizm tekniđidir. Bu teknik daha dođru, daha hassas ve daha kısa srede bilgi verebilmektedir. Ayrıca mikrosatellit DNA tekniđi, maddi aıdan kıyaslandığında diđer molekler genetik tekniklere gre daha ucuz bir tekniktir DNA temeline dayandırılan en yeni teknolojilerden biri olan bu metod yksek dzeyde varyasyon gsteren blgelerin incelenbilmesi aısından kullanılan bir analiz metodudur. Mikrosatellit DNA blgeleri bitki ve hayvanların genomunda olduka yksek sayıda varyasyon gstermektedir.

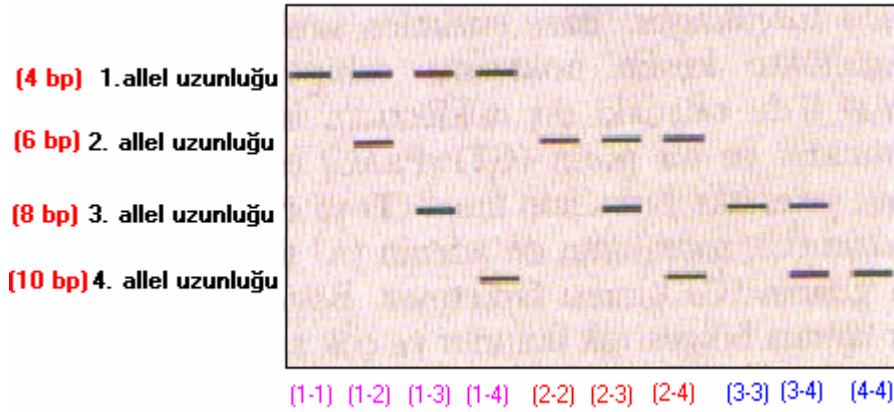
## **2.2. MİKROSATELLİTLER**

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) tekniđinin geliřtirilmesiyle birlikte molekler genetik alanında son yirmi yıl iersinde hayal edilemeyecek ilerlemeler olmuřtur. Farklı canlı trlerine ait popülasyonların bireylerinin eřitli DNA blgeleri ođaltılıp (ykseltgenip) incelenbilmeye bařlanmıřtır.

Bir trn popülasyonları gibi evrimsel olarak birbirine yakın olan canlı gruplarının karřılařtırılmasında mikrosatellitler kullanılmaktadır. Ayrıca ırklara ait popülasyonlarda yakın zamanda meydana gelmiř bir olayın izlerinin aranacađı durumda

en çok kullanılan genetik işaretlerden biri mikrosatellitlerdir ( Bruford ve ark., 2003; Togan ve ark., 2003).

Mikrosatellitler DNA dizilişinde 1-6 bp (baz çifti) uzunluğunda tekrarlanan bölgeler olup, bu tekrar sayıları ( genellikle 6-30 arasında) varyasyon göstermektedir (Ashley ve Dow, 1994; Forbes ve ark., 1995; Ellegren ve ark., 1997; Schlötterer, 1998; Hoelzel,1998; Goldstein ve Schlötterer, 2000; Toth ve ark., 2000). Mikrosatellit bölgelerinin genom boyunca yaygın olarak görüldüğü belirtilmektedir (Hoelzel, 1995). Bu ardışık tekrar dizilimlerinin gösterdiği tekrar sayısı aynı lokus bakımından incelenen bireyler arasındaki farklılıkların belirlenmesinde kolaylık sağlamaktadır. Her tip tekrar sayısı bir allele karşılık geldiğinden bir lokus farklı allel uzunluklarını (6-30 allel) içermektedir (Şekil. 1.). Allel sayısının fazlalığı populasyonlar içi ve populasyonlar arası genetik farklılık ve benzerliklerin incelenmesi olasılığını arttırmaktadır.



**Şekil. 1.** DNA'daki bir mikrosatellit bölgesinin farklı (2 bp fark gösteren) allel uzunluklarının jel üzerindeki görüntüleri

Mikrosatellitler, genomun herhangi bir yerinde bulunabilir ve genom içerisinde mono-di-tri-tetra-penta nükleotid uzunluktaki dizilimlerden biri şeklinde ardışık olarak tekrarlanabilirler. Ökaryotların genomunda oldukça yüksek sayıda bu tekrarlardan bulunurken, prokaryotlarda daha az frekanslarda bulunurlar. Bu tekrarlar her organizmada kendine özgüdür. Memelilerde en çok görülen tekrar motifi (GT/ AC)

olarak belirlenmiş olup bu motifin ortalama her 30 kb'da bir tekrar edildiği bildirilmiştir (Hoelzel,1998).

Mikrosatellit lokusları kısa ardışık tekrarlar (Short Tandem Repeat - STR) veya Basit Tekrarlanan Dizilimler (Simple Sequence Repeat - SSR) olarak ta adlandırılmaktadır.

### **2.3. MOLEKÜLER GENETİK ÇALIŞMALARDA MİKROSATELLİTLERİN KULLANILDIĞI YERLER**

Mikrosatellit DNA polimorfizm tekniği, son yıllarda hayvancılık sahasındaki çalışmalarda da uygulanmaya başlamıştır. Yüksek düzeyde polimorfik özelliğe sahip olan mikrosatellitler, bireyden bireye 2 ila 6 nükleotidlik küçük farklılıklar göstermektedir. Yüksek derecede varyasyon gösteren bu DNA dizilimlerinin (mikrosatellitlerin) kullanıldığı çalışmalar;

- a) Populasyon genetiği ve populasyonların evrim tarihi çalışmaları (Loftus ve ark., 1999)
- b) Yüksek derecede polimorfizm göstermelerinden dolayı ve lokuslara özgü işaretleyiciler olması nedeniyle mikrosatellitler linkage ( bileşiklik) analizleri ve ebeveyn tayini ( paternity testing) çalışmalarında oldukça yaygın kullanım alanlarına sahiptirler (Ellegren ve ark. 1997; MacHugh ve ark. 1997; Zane ve ark. 2002, Togan ve ark. 2003)
- c) Gen haritalarının çıkartılması çalışmalarında (Hughes, A.E., 1993)
- d) Populasyonlar içi genetik çeşitliliğin ölçülmesine ilişkin çalışmalarda, populasyonlar arası genetik farklılık yada benzerliklerin belirlenmesine ilişkin çalışmalarda (MacHugh ve ark., 1997, Loftus ve ark., 1999, Martin-Burriel ve ark., 1999)
- d) Akrabalı yetiştirme (inbreeding)'nin ölçülmesinde, kodominant kalıtımın belirlenmesinde ve akrabalık ilişkilerinin belirlenmesi çalışmalarında kullanılırlar ( Hedrick ve ark., 2001).

## 2.4. MİKROSATELLİT BÖLGELERİNİN SEÇİMİNDE DİKKATE ALINAN KRİTERLER

Çalışılan mikrosatellitlerin farklı kromozom bölgeleri üzerinde olmalarına, polimorfizm düzeyinin yüksek olmasına, heterozigotluk düzeylerinin yüksekliğine, allel sayılarına ve allel uzunluklarının birbirine olan uzaklıklarına, ebeveyn tayininde kullanılabilen mikrosatellit bölgelerinin olmasına dikkat edilmiştir. Ayrıca mikrosatellit bölgeleri, FAO tarafından kabul edilen 30 mikrosatellit bölgesi arasından seçilmiştir.

## 2.5. TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİLEN YERLİ SIĞIR IRKLARI

### 2.5.1. YERLİ KARA

Türkiye'de en yaygın olan ve en büyük popülasyona sahip olan yerli sığır ırkı olup, siyah renkli ve küçük cüsselidir. Orta ve Kuzey Anadolu en yaygın oldukları bölgelerdir. Renk siyah olup, siyahtan sarıya değişen varyasyonları da bulunmaktadır. Anadolu'nun ekstansif koşullarına uyum sağlamış olan yerli kara sığır ırkında yapılan seleksiyon ve saf yetiştirme çalışmaları sonucunda entansif yetiştiricilik için uygun genotipler elde edilememiştir ( Kumlu, 2000 ). Bu nedenle özellikle 1970'li yılların başından itibaren Esmer İsviçre, Siyah Alaca ve Jersey ırkları ile melezleme çalışmalarına başlanmış ve uygulanan çevirme melezlemeleri sonucunda sayısal varlığı ve saflığı gitgide azalmıştır. Laktasyon süt verimi 400-1200 kg arasında değişmektedir. Canlı ağırlığı 200-300 kg civarındadır. Geç gelişen bir ırk olup sütteki yağ düzeyi %5'tir. Verim yönü; et ve süttür (Kumlu, 2000; Yüksel ve ark. 2000).

Yerli Kara sığır ırkının *Bos taurus primigenius*'un alt grubu olan *Bos taurus taurus*'tan (kısa boynuzlu bir ırk) köken aldığı belirtilmektedir (Kumlu, 2000; Yüksel ve ark., 2000).

Yerli Kara sığır ırkından toplam 42 bireyden kan örneği alınmış ve bu kan örnekleri halk elindeki popülasyonlardan (Çankırı ve Kastamonu civarındaki köylerden) toplanmıştır.

TAGEM tarafından 1995 yılında uygulamaya konan Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma Projesi kapsamında, Yerli Kara sığır ırkı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü'ne bağlı Lalahan Hayvancılık Merkez Araştırma Enstitüsü'nde koruma altına alınmıştır.

### 2.5.2. DOĞU ANADOLU KIRMIZISI

Başta Kars ve Erzurum olmak üzere Anadolu'nun Doğu ve kuzey doğusunda yetiştirilen ve adını buradan alan Doğu Anadolu Kırmızısı, kırmızının değişik tonlarındaki renklere sahiptir (sarı- kırmızıdan, mor kırmızıya) kadar renk değişir. Yetiştirildiği bölgedeki ekstansif koşullara uyum sağlamış olan Doğu Anadolu Kırmızısı sığırlarında ortalama laktasyon süt verimi 1000 kg kadardır. Canlı ağırlıkları 300-350 kg civarında olup sütteki yağ düzeyi %4.4'tür. Verim yönü ; süt, et ve işgücüdür.

1970'li yıllardan itibaren uygulamaya konulan çevirme melezlemeleri uygulamalarından önemli ölçüde etkilenen bu ırkın sayısı ve saflığı da hızla azalmaktadır. Melezlemede kullanılan ırkların başında Esmer İsviçre ve kısmen Simmental ırkı gelmektedir. *Bos taurus primigenius*'un alt grubu olan *Bos taurus taurus* 'tan köken aldığı belirtilmektedir (Kumlu, 2000; Yüksel ve ark. 2000).

TAGEM tarafından 1995 yılında uygulamaya konan Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma Projesi kapsamında, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı Erzurum'daki Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü'ne bağlı Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsünde koruma altına alınmıştır. Çalışmada bu ırkı temsil eden bireylerin kan örnekleri Erzurum'da bulunan bu araştırma enstitüsünden alınmıştır. Toplam 35 bireyde çalışılmıştır.

### **2.5.3. GÜNEY ANADOLU KIRMIZISI**

Yalnız Türkiye'nin değil Suriye, Lübnan, Irak, Ürdün ve İsrail'inde yerli bir ırkıdır. Türkiye'deki yayılma alanı Torosların güneyinde kalan Akdeniz bölgesi ile Güney Anadolu bölgeleridir.

Bu grup içerisinde 2 ayrı ırk ayırt etmek mümkündür. Bunlardan birincisi; Yerli Güney Sarısı kirli sarıdan kırmızı tarçın rengine kadar değişen varyasyona sahiptir. Mersin, Hatay ve Urfa bölgelerinde yer alırlar. Canlı ağırlıkları 200 kg civarındadır. Süt verimleri 200 günlük laktasyon süresince 600 – 700 kg'dır. Besi kabiliyetleri ve et kalitesi orta düzeydedir (Kumlu, 2000; Yüksel ve ark. 2000).

İkinci grup ise Güney Anadolu Kırmızısı yada Kilis ırkı adı ile bilinmektedir. Laktasyon verimleri 1500 - 2500 kg civarındadır. En çok rastlanan renk sarımsı kırmızıdır. Laktasyon süreleri 260 gün olup sütteki yağ düzeyi %4.2'dir. Bu ırkın Halep sığırı yada Damaskus sığırından köken almış olduğu düşünülmektedir. Yerli sığır ırklarımız içerisinde en çok süt veren ırkıdır (Kumlu, 2000; Yüksel ve ark. 2000).

TAGEM tarafından 1995 yılında uygulamaya konan Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma Projesi kapsamında, Güney Anadolu Kırmızısı ırkı (Kilis ırkı) Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü (TAGEM)'ne bağlı Çukurova Tarımsal Araştırma Enstitüsünde koruma altına alınmıştır. Koruma altına alınacak bireyler, bölgedeki illerin (Adana, Mersin, Osmaniye, Hatay, Gaziantep, Kahramanmaraş, Şanlıurfa, Mardin) taranması sonucunda ırk özelliklerini gösteren ve hastalıklardan ari olan bireylerin satın alınması yoluyla gerçekleştirilmiştir. Çalışmada bu ırka ait örnekler, bu araştırma enstitüsünden alınmış ve toplam 48 bireyde çalışılmıştır.

### **2.5.4. BOZIRK**

Trakya ve diğer Marmara bölgesi illerinde yaygın olarak yetiştirilen Bozırk çevirme melezlemelerinden en çok etkilenen ırklarımızın başında gelmektedir. Bozırk Türkiye'de genellikle Trakya bölgesi ile Balıkesir, Bursa, Çanakkale ve Kocaeli illeri

civarında yaygındır. Bu bölgeye Balkan göçmenlerince getirilmiş olduğu düşünülmektedir.

Gerçekte bu bölgelerde saf Bozırk özelliğini taşıyan bireylere rastlamak oldukça güçtür. Laktasyon süt verimleri 1200 – 1900 kg arasında olan Bozırk sığırlar özellikle Esmer İsviçre ırkı ile melezlenmiş kısmen ise Siyah Alaca (Holstein-Friesian) ırkı ile melezlemelerde de kullanılmışlardır. Sütteki yağ düzeyi %4'tür. Bozırk ırkının kökeni de *Bos taurus primigenius*'un alt grubu olan *Bos taurus taurus*'tan köken aldığı belirtilmektedir (Kumlu, 2000).

TAGEM tarafından 1995 yılında uygulamaya konan Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma Projesi kapsamında, Bozırk sığır ırkı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğüne bağlı Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsünde koruma altına alınmıştır. Çalışmada Bozırk sığır ırkının örnekleri Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsünden ve Keşan civarındaki köylerden toplanmıştır. Bu bireylerden 34 tanesi halk elindeki sürülerden, 12 tanesi Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsünden alınmıştır.

## 2.6. TÜRKİYE'DE YETİŞTİRİLEN KÜLTÜR SIĞIR IRKLARI

### 2.6.1. JERSEY

İngiltere'ye ait aynı adlı adadan köken alan Jersey ırkı tipik sütçü bir ırk olarak ıslah edilmiştir. Açık kahverengi ile siyah arasında renklere sahip olan Jersey ırkı sığırlar küçük cüsseli olup et verimleri düşüktür.

Siyah alaca (Holstein-Friesian) ırkı sığırlar ile birlikte Türkiye'ye ilk kez 1958 yılında getirilen Jersey ırkı yıllarca yalnızca Karadeniz Bölgesi'nde yetiştirilmeye çalışılmış ve bu bölgede yaygın olarak yerli kara sığırların ıslahında kullanılmıştır. Jersey ırkının laktasyon süt veriminin 3000 kg dolayında olduğu ve sütteki yağ düzeyinin %5.3 olduğu belirtilmiştir (Yüksel ve ark., 2000; Kumlu 2000).

Jersey sığırı, Türkiye'ye ilk kez 1958 yılında Amerika'dan Samsun Karaköy harasına getirilmiş ve Karadeniz Bölgesinde yaygın olarak Yerli Kara sığırlarının ıslahında kullanılmıştır. Ancak cüssenin küçük olması, gösterişli olmaması ve erkek buzağuların beside başarısız olması gibi nedenler ile Siyah Alaca ve Esmer İsviçre ırkı ile rekabet edememiş ve yayılma alanı sınırlı kalmıştır. Jersey sığır ırkının örnekleri Samsun ilinde bulunan Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğüne bağlı Karaköy Tarım İşletmesinden alınmış ve toplam 51 bireyde çalışılmıştır.

### 2.6.2. ESMER İSVİÇRE

İsviçre, Güney Almanya ve Avusturya'dan köken alan Esmer İsviçre (Brown Swiss) ırkı sığırlar, Siyah alacalar gibi süt ve et verimi bakımından ıslah edilmiştir. Süt sığırı ırkları içerisinde en iri ve sağlam yapılı olanlardan biridir. Orjinal yaşama bölgelerinde kombine nitelikte olup canlı ağırlıkları 600-1200 kg arasında değişmektedir. Süt verimleri bir laktasyonda 4000 kg civarındadır. Sütteki yağ oranı



siyah alacalardan yüksek olup %3.8 – 4 dolayındadır. Türkiye'nin tüm bölgelerinde iyi bir adaptasyon sağlanmıştır.

Türkiye'ye ilk ithal edilen kültür ırkı olan ve ilk kez 1925'li yıllardan sonra getirilen Esmer İsviçre sığırları uzun yıllar yalnızca kamuya ait tarım işletmelerinde yetiştirilmişlerdir. Türkiye'ye ithal edilen Esmer ırkı sığırların Avrupa kökenli olması nedeni ile süt verimleri düşük, ancak et verimleri özellikle de et kaliteleri oldukça iyidir. Holstein gibi Türkiye'nin tüm bölgelerinde başarı ile yetiştirilebilen Esmer sığır ırklarının yaygın olduğu bölgeler Batı Anadolu, İç Anadolu ve Doğu Anadolu bölgeleridir. Bu bölgelerde en yoğun bulunduğu iller Bursa, Balıkesir, Aydın, Eskişehir, Ankara, Bilecik illeridir.

Esmer İsviçre ırkı Türkiye'nin yerli ırkları ile melezlemelerde kullanılmış ve değişik isimlerde anılmıştır. Ege, Marmara ve İçbatı Anadolu'da yetiştirilen Bozırk'tan meydana gelenlere Batı Anadolu Esmeri, Orta Anadolu'da Yerli Kara'dan meydana gelen yeni melez tiplere Orta Anadolu Esmeri ve Doğu Anadolu'da yetiştirilen Doğu Anadolu Kırmızısı ile melezlenmesi sonucunda elde edilen melez tiplere ise Doğu Anadolu Esmeri adı verilmiştir. Türkiye'nin tüm bölgelerinde oldukça iyi bir adaptasyon sağlanmıştır. Fakat son yıllarda Esmer İsviçre yetiştiriciliği ve melezleme çalışmaları oldukça azalmış olup bu ırkın yerini Siyah Alaca ırkı yetiştiriciliği almaya başlamıştır.

Esmer İsviçre sığır ırkının örnekleri Eskişehir'deki Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü'ne bağlı Anadolu Tarım İşletmesinden alınmış ve toplam 47 bireyde çalışılmıştır.

### **2.6.3. SİYAH ALACA ( HOLSTEIN FRIESIAN)**

*Bos taurus primigenus*'tan köken alan Siyah Alaca (Holstein) ırkının anavatanı Hollanda'nın Frizya bölgesidir. Siyah Alacalar dünyanın en iyi sütçü ırklarındandır. Türkiye'de sistemli Siyah Alaca yetiştiriciliği 1958 yılında başlamıştır. 1970'li yıllardan sonra yaygın olarak Türkiye'ye giren Holstein ırkı yetiştiriciler tarafından beğeniyle

karşılanmış ve bu nedenle saf ve melez sayıları hızla artmıştır. Türkiye’deki yapılmış olan araştırmalar saf Siyah Alacalarda süt veriminin 3000 – 6000 kg arasında olduğunu göstermektedir.

Siyah alaca ırkı Türkiye’de saf olarak yetiştirildiği gibi yerli ırklarımızın melezlenmesinde de kullanılmıştır. Akdeniz bölgesinde Holstein x Güney Anadolu Kırmızısı ırkının melezlerinde süt veriminin Güney Anadolu Kırmızısı ırklarına göre %60 oranında artış gösterdiği belirlenmiştir (Alpan, O.; 1993, Alpan ve Arpacık, 1998). Türkiye’nin tüm bölgelerinde başarı ile yetiştirilebilen Siyah alaca ırkı sığırların en yaygın olduğu bölgeler Batı Anadolu ve Marmara bölgeleridir (Kumlu, 2000).

Türkiye’ye Siyah Alaca ilk kez 1958 yılında Amerika’dan Karacabey harasına getirilmiştir. 1970’li yıllardan sonra dahada yaygın olarak yetiştirilmeye başlanan bu ırk yetiştiriciler tarafından beğeni ile karşılanmış ve bu nedenlerle saf melez sayıları özellikle son 20 yıldır hızla artmıştır. Türkiye’nin tüm bölgelerinde başarı ile yetiştirilebilmekte ve bugün Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırkları arasında sayısal olarak en fazla olan ırk olarak dikkati çekmektedir.

Siyah Alaca (Holstein Friesian) sığır ırkının örnekleri Lüleburgaz’da bulunan Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğü’ne bağlı Türkgeldi Tarım İşletmesinden alınmış ve toplam 48 bireyde çalışılmıştır.

### **3. ÇALIŞMANIN AMACI**

Bu çalışma kapsamında son yıllarda uygulanmaya başlanan DNA tekniklerinden biri olan mikrosatellit yöntemi kullanılmış olup, bu teknik ile Türkiye’de yetiştirilen 4 yerli (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara) ve 3 kültür sığır ırkının (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Alaca) genetik çeşitlilikleri moleküler genetik teknikleri ile belirlenmesine çalışılmıştır. Çalışmada 7 farklı mikrosatellit lokusu kullanılmıştır (*TGLA122*, *ETH225*, *ETH10*; *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*, *TGLA227*). Bu işaretlerle ırk içi ve ırklar arası varyasyonlar saptanacaktır.

Sunulan çalışmada:

- 1) Belirtilen 7 mikrosatelit bölgesinin sığırlarda çalışılabilmesi için gerekli metod oturtulacaktır.
- 2) Populasyon genetiğinde yeni geliştirilen çok değişkenli istatistiksel metodlar ve yazılımlarının kullanımı sağlanacaktır.
- 3) Belirtilen ırklar ve populasyonlarda ırk içi ve ırklar arasındaki heterozigotluk düzeyleri, birey benzerlik dağılımları tespit edilecektir. Yapılacak karşılaştırmalarla özgün nitelikleri ile dikkati çeken yada farklılık gösteren özelliklere sahip ırk yada ırk içi bireylerin olup olmadığı incelenebilecektir.
- 4) Mevcut literatür verilerinden yola çıkarak Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan yerli ve kültür sığır ırkları ile dünyadaki sığır ırkları arasında karşılaştırmalar yapılabilecektir.
- 5) Türkiye’de 1970’li yıllardan sonra yapılan çevirme melezlemeleri sonucunda ve Doğudan zebu sığırlarından olan karışımın Türkiye’deki yerli sığır ırklarının genetik saflığının giderek azaldığı tahmin edilmektedir. Saflık kaybı boyutunun çalışılan mikrosatelitlerle gözlenmesine çalışılacaktır.
- 6) Yerli ırkların korunmada öncelikleri ile ilgili yorumlar yapılacaktır.

#### 4. ÖNCEKİ ARAŞTIRMALAR

Çiftlik hayvanları üzerinde yapılan arkeolojik çalışmalardan elde edilen sonuçlar (Clutton-Brock, 1981; Meadow, 1993; Legge, 1996; Uerpman, 1996) ve son yıllarda hızla gelişme gösteren moleküler genetik çalışmalarından elde edilen sonuçlar (Loftus ve ark., 1994; Bradley ve ark., 1996; Tanaka ve ark., 1996; Luikart ve ark., 1999; Loftus ve ark., 1999; Troy ve ark., 2001; Luikart ve ark., 2001; Hiendleder ve ark., 2002, Bruford ve ark., 2003; Bruford ve Townsend, 2004) ortak bir noktayı işaret etmektedir. Tüm bu çalışmaların sonuçlarına göre, sığır, koyun, keçi, lama, domuz ve manda gibi çiftlik hayvanlarının birbirinden ayrı en az iki veya daha fazla yerde evcilleştirilmiş olduğu görülmektedir. Bu evcilleştirme merkezlerinden birinin ve en eskisinin Yakın Doğu ve civarında olduğu tahmin edilmektedir (Bruford ve ark., 2003). Bunun en önemli göstergesi Yakın Doğu ırklarında görülen genetik çeşitlilik (mikrosatellitler ve mtDNA açısından) seviyesinin yüksek olmasıdır. Aynı çalışmada özellikle evrimleşme merkezine yakın olan ve yüksek genetik çeşitlilik gösteren yerli ırkların korunmada global olarak öncelikli olması gerektiği belirtilmiştir (Bruford ve ark., 2003).

Sığırlar üzerinde daha önceki dönemlerde yapılan arkeolojik (Legge, 1996; Perkins, 1969) ve genetik (Loftus ve ark., 1999; Troy ve ark., 2001; Loftus ve ark., 1994) çalışmalarda sığırdaki evcilleştirme merkezlerinden birinin Güneydoğu Anadolu civarında olduğunu işaret etmektedir. Avrupa' da yetiştirilen sığır ırklarının atalarının Anadolu'nun Güneydoğu eteklerinden gittiği tahmin edilmektedir (Bruford ve ark., 2003; Togan ve ark., 2004). Benzer olarak koyun üzerinde yürütülen arkeolojik ve genetik çalışmaların bulgularına göre de Güneydoğu veya Doğu Anadolu'nun koyununda ilk evcilleştirme merkezlerinden biri olduğunu göstermektedir (Hiendleder ve ark., 1998; Hiendleder ve ark., 1999; Townsend, 2000; Hiendleder ve ark., 2002; Koban, 2004; Bruford ve Townsend, 2004). İki ayrı çiftlik hayvanı türünde elde edilen sonuçlar, Doğu ve Güneydoğu Anadolu yerli ırklarımızın gen kaynağı olarak çok önemli olabileceklerine işaret etmektedir (Loftus ve ark., 1999; Hiendleder ve ark., 1999; Troy ve ark., 2001; Bruford ve Townsend, 2004; Koban, 2004).

Moleküler genetik teknikler ile çiftlik hayvanları üzerinde yapılan en detaylı çalışmaların sığırlar üzerine olmasına rağmen, genetik çalışmalar yapılmadan önce evcil sığırın kökeni ve taksonomik sınıflandırılması hakkındaki bilgilerin çelişkili olduğu belirtilmiştir (Loftus ve ark., 1994). *Zebu* ve *taurine* isimli ırkların birbirlerinden oldukça farklı olduğu ve bu ırkların 2 farklı tür olarak kabul edilmekte olduğu bildirilmiştir. Bu türler *Bos taurus* ve *Bos indicus* olarak adlandırılmakta ve bu türlerin milattan yaklaşık 100.000 yıl önce bir evcilleştirmeden geçtiğine inanılmaktadır (Loftus ve ark., 1999).

Sığırlarda *Bos taurus primigenius* olarak adlandırılan formunun bugünkü gerçek sığıra atalık ettiği genel olarak kabul edilmektedir. Halen yetiştirilmekte olan ve *Bos taurus primigenius* olduğu kabul edilen gerçek sığırlarda *Bos taurus taurus* ve *Bos taurus indicus* olarak iki gruba ayrılmaktadır. Bunlardan *Bos taurus indicus*' un en belirgin özelliği hörgüçlü olmasıdır. Avrupa ve Amerika'da yaygın olarak yetiştirilen *Bos taurus taurus* ise hörgüçsüz olup bugün yetiştirilen kültür sığır ırklarının tamamının atası olarak kabul edilmektedir.

Dünyada toplam 800 civarında sığır ırkı olmasına rağmen bunların pek çoğu genellikle modern hayvancılık çalışmalarının uygulanmaya başlanması sürecinde yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmıştır. Irklara özgü yetiştirme programlarının oluşturulması, genetik kaynakların korunması için gerekli olan ön koşuldur. Irklar arasındaki genetik çeşitliliğin incelenmesi, yerli ırkların korunması için oluşturulacak uygun ve sürdürülebilir yetiştirme programlarının geliştirilmesine yardımcı olmaktadır. Bundan başka sığır ırkları arasındaki akrabalığın belirlenmesi, hayvan yetiştiriciliğinin kökenini açıklayan arkeolojik veriler içinde tamamlayıcı nitelik taşımaktadır. Sığırın tarih öncesi evrimini açıklamak oldukça zordur. Yabani ve evcil sığır formları arasındaki farklılıkları arkeolojik kayıtlara göre belirlemek de oldukça zordur. Genellikle kayaların üzerine insan eli ile yapılan resimler ve figürler sığır ırklarının yada tiplerinin ilk evcilleştirme tarihleri hakkında yeterli bilgi vermez. Populasyonların genetik yapılarını belirlemek ve evcilleştirilme merkezlerine ait çeşitli sorulara yanıtlar bulabilmek için daha önceleri protein polimorfizmi ile çalışılmaktaydı. Son on beş yılda ise moleküler genetik yöntemlerdeki ilerlemeler ve geliştirilen yeni yöntemler evrimsel

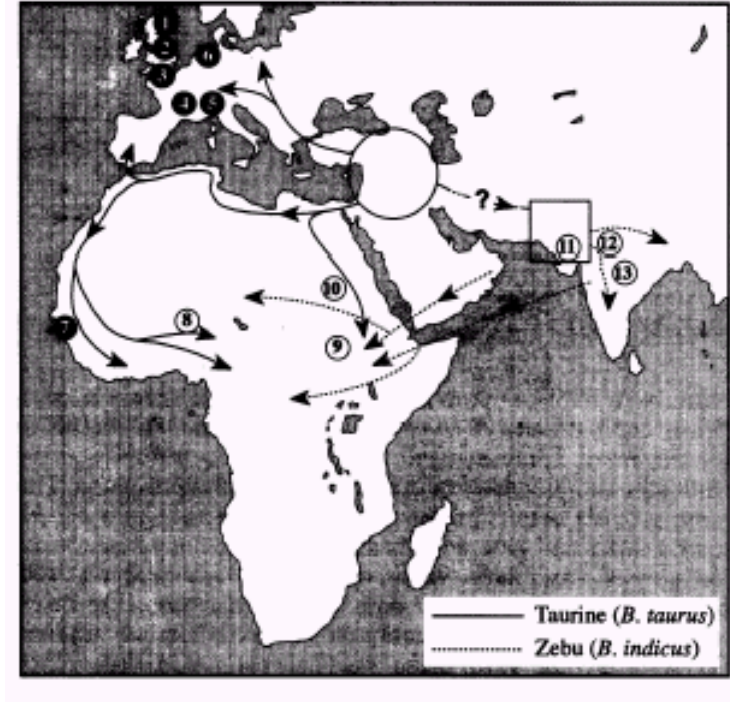
sürece ait soruların cevaplandırılmasını hızlandırmıştır. Bu moleküler genetik teknikleri ile (örn: mikrosatellitler, mtDNA kontrol bölgesi sekansı, Y kromozomu vs.) çiftlik hayvanlarında ırklar içi bireyler arası, ırk içi popülasyonlar arası ve ırklar arası genetik çeşitliliğin saptanması yönünde verilerin hızla elde edilmesini sağlamıştır. Geliştirilen yeni moleküler tekniklerle elde edilen verilere uygun olarak yeni istatistiki yazılımlar her geçen gün geliştirilmektedir (Luikart ve England, 1999). Farklı moleküler yöntemler uygulanarak toplanan ve biriken veriler yeni geliştirilen istatistiki programlarda analiz edildikten sonra birbirleri ile karşılaştırılmalı ve daha önceki veriler ile bütünleştirilmelidir. Böylece tarihte yerli ırklara ait genlerin coğrafi alanlarda cereyan etmiş evcilleştirme olayları ile ilgili sorulara cevap bulabilmemiz ve iyi gözlem yapabilmemiz mümkün hale gelmektedir.

Dünyanın birçok ülkesindeki bilim adamları ve araştırmacılar kendi ülkelerine özgü yerli ırklarla DNA polimorfizm tekniklerini kullanarak çalışmalar yapmıştır. Fakat Türkiye’de DNA düzeyinde yürütülen çalışmalar oldukça yeni sayılabilecek durumdadır. Aşağıda farklı sığır ırkları üzerinde yapılan moleküler genetik çalışmalarına ait sonuçlar verilmektedir.

Moleküler genetik teknikler (mtDNA, mikrosatellitler, Y kromozomu) ile ilk kapsamlı çalışmalar sığırlarda yapılmaya başlanmıştır. Bu çalışmalar evcil sığır ırklarının Yakın Doğu ( *taurine* ırkları, hörgüçsüz) ve Hindistan’daki Indus vadisi (zebu, hörgüçlü) civarında olmak üzere en az iki ayrı merkezde evcilleştirilmeye başlandığını göstermektedir (Loftus ve ark., 1994a, 1994b; Bradley ve ark., 1996; MacHugh ve ark. 1997; Loftus ve ark., 1999; Edwards ve ark., 2000; Troy ve ark., 2001). Sığırlarda yapılan çalışmaların sonuçlarında belirlenen (mtDNA ve mikrosatellit sonuçları) bu iki ayrı grubaşmaya (Troy ve ark., 2001) (zebu ve *taurine* ırklarının birbirlerinden ayrılmasının) benzer sonuçların; keçide ( Luikart ve ark., 2001) ve koyunda da ( Hiendleder, 2002; Bruford ve Townsend, 2004) en az iki grup olarak gözlemlenmesi bu türlerde en az iki evcilleştirme merkezinin bulunmasına işaret etmektedir (Bruford ve ark, 2003).

Loftus ve ark. (1994)'nin mtDNA sekanslarını inceledikleri çalışmada, 6 Avrupa *taurine* ırkı, 3 Hindistan *zebu* ırkı ve 4 Afrika ırkı (3 *zebu* ve 1 *taurine*) ile çalışılmıştır. Çalışmada büyük kıtalara ait olan grupların her birinin içindeki bireyler arasında benzer seviyede ortalama dizilim uzaklıklarının olduğu gözlemlenmiştir. Bu uzaklık değerlerinin Avrupa ırklarında %0.41, Afrika ırklarında %0.38 ve Hindistan ırklarında %0.42 olduğu bulunmuştur. Bununla birlikte mtDNA dizilimleri birbirinden farklı 2 coğrafik hat (geographic lineage) olduğunu göstermektedir. Bu iki hat iki farklı çatallanma göstermekte olup birbirine hiç benzememektedir. Tüm Avrupa ve Afrika ırkları bir hat, diğer tüm Hindistan ırkları diğer bir hattı temsil etmektedir. Moleküler saat dikkate alındığında, iki büyük mtDNA grubunun en az 200.000 yıl önce, büyük bir olasılıkla da bir milyon yıl önce birbirinden ayrıldığı belirtilmektedir. Aynı çalışmanın önemli bir sonucu da Afrika *zebu* sığırları ile *taurine* ırkları arasında mtDNA dizilimleri açısından önemli bir farklılığın olmadığı görülmüştür. Afrika *zebu* ırklarının Avrupa'daki *taurine* ırklarından çok düşük oranda ayrıldığı (ortalama %0.73), fakat Hindistan'daki *zebu* ırklarından yüksek oranda ayrıldığı (ortalama %5.01) belirlenmiştir. Bu çalışmanın sonuçlarına benzer sonuçlar daha sonraki yıllarda da bulunmuştur (Troy ve ark., 2001).

Loftus ve ark.(1994)'nin farklı kıtalardaki sığır ırklarının mtDNA sekanslarını inceledikleri çalışması referans olarak alındığında günümüz sığır ırklarının kökeni ve kıtalara yayılışı harita üzerinde incelendiğinde, Bradley ve Cunningham'a göre (1999) Batı Asya ve Afrika'nın bir yanından diğer bir yanına kadar olan sığırların hareket yolları aşağıdaki haritada olduğu gibidir (Şekil.2.). Haritada mtDNA analizi için örneklenen ırkların coğrafik orijinleri daire içerisindeki numaralarla gösterilmiştir. *Taurine* kökenli ırklar siyah, *zebu* kökenli ırklar beyaz daire ile gösterilmiştir. Orjinal evcilleştirme merkezinin durumu geniş bir halka ile harita üzerinde gösterilirken , Asya *zebu* yapısı kare ile gösterilmiştir. *Taurine* ırkları sırası ile; Aberdeen Angus, Hereford, Jersey, Charolais, Simmental, Friesian, N'Dama'dır. *Zebu* ırkları ise sırası ile Beyaz Fulani, Kenana, Butana, Tharparkar, Sahiwal, Hariana ırklarıdır.



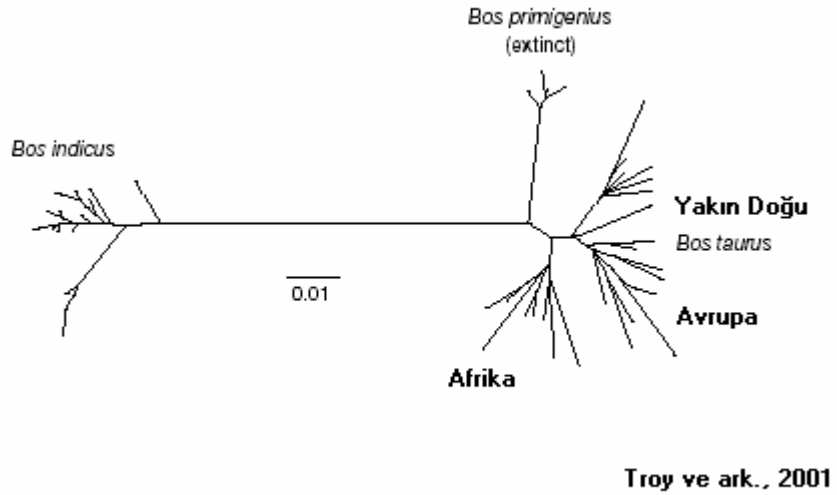
**Şekil.2.** Sığırların kökeni ve kıtalara yayılışı (Loftus ve ark., 1994).

Loftus ve ark. (1994)'nin çalışmasında belirlenmiş olan 2 farklı mtDNA grubu arasında görülen uzaklığın iki farklı evcilleştirme olayı için çok basit bir kanıt olduğu belirtilmiştir. Bu evcilleştirmenin *Bos taurus primigenius*' un alt türlerinde meydana geldiği belirlenmiştir. Sığırlarda yapılan moleküler genetik çalışmaları (mtDNA, mikrosatellitler, Y kromozomu ile) sonucunda (MacHugh ve ark.1997, Loftus ve ark., 1999; Troy ve ark., 2001) genetik çeşitliliğinin Yakın Doğu' dan Avrupa' ya doğru gidildikçe azaldığı belirtilmiştir. Orta Doğu ve Anadolu'da daha fazla genetik çeşitliliğin mevcut olduğu belirtilmiş olup, bunun nedeninin en eski evcilleştirme merkezine yakın oluşundan kaynaklandığı düşünülmektedir (Loftus ve ark., 1999).

Troy ve ark. (2001)'nin yaptığı bir çalışmada mtDNA polimorfizm tekniği kullanılarak 34 farklı sığır ırkından (Avrupa, Yakın Doğu ve Afrika ırkları) alınan 392 bireyde sekans yapılmış ve farklı haplotipler gözlemlenmiştir. Çalışmanın sonucunda, yerli sığır ırklarının Güneydoğu Anadolu'dan Avrupa'ya uzun bir zaman diliminde göç ettiği ve bu göçün etkileri Yakın Doğu ülkelerinin yerli ırklarının genetik çeşitliliğinin yüksek bulunmasında önemli rol oynadığı tahmin edilmektedir. Ayrıca aynı çalışmada Afrika'nın zebu görünümlü sığırlarından alınan örneklerin Yakın Doğu (Asya) ve



Avrupa ırklarından alınan örnekler ile karşılaştırılması sonucunda çok şaşırtıcı bulgular elde edilmiştir. Afrika zebu görünümlü sığırların ilk annelerinin *Taurine* kökenli olabileceği belirtilmiştir. Ayrıca İngiltere’de bulunan *Bos primigenius* fosil kemiklerinden elde edilen mtDNA’ların Orta Doğu ırklarının mtDNA’larına yakın gruplandığı belirlenmiştir. Troy ve ark. (2001) bu çalışmasında da ırkların iki farklı öbekenme (gruplaşma) gösterdiği belirlenmiş olup *Bos taurus* ve *Bos indicus* ırklarına ait bireylerin tamamen ayrıldığı görülmüştür (Şekil.3).

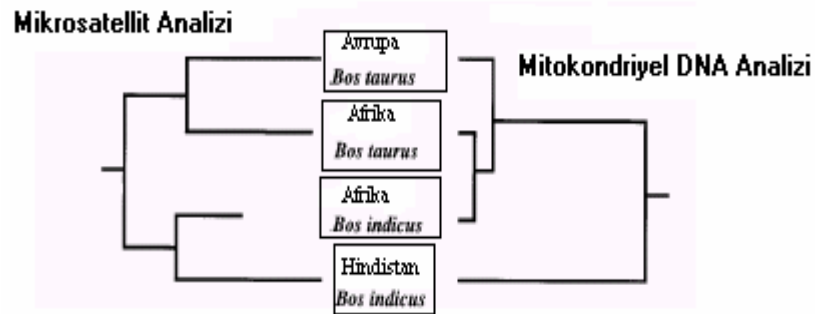


**Şekil.3.** Sığırlarda mtDNA dizilimlerinin çalışılması sonucunda çizilen komşu birleştirme ağacı ( Troy ve ark., 2001).

Bu çalışmaların sonuçlarına benzer sonuçlar diğer çalışmalarda da gözlemlenmiş olup *taurine* ve *zebu* kökenli ırkların birbirlerinden ayrıldıkları belirlenmiştir (Loftus ve ark., 1994; Bradley ve ark., 1996; MacHugh ve Bradley, 2001)

Ayrıca sığırlardaki mtDNA çalışmalarının sonuçlarına benzer olan sonuçlar mikrosatellit çalışmalarında da görülmektedir. Fakat bu iki farklı çalışma metodundan (mtDNA ve mikrosatellitler) elde edilen sonuçları karşılaştırıldığında bazı farklılıkların olduğu belirlenmiştir. Bu farklılık, mtDNA ve mikrosatellit verilerinden yararlanılarak çizilen genetik uzaklık ağaçlarının birbirinden farklı gruplaşmalar göstermesinden kaynaklanmaktadır (Bradley ve ark.,1998).

Mikrosatellit ve mtDNA verilerinin ayrı ayrı incelenmesi sonucunda, *Bos taurus* ve *Bos indicus* kökenli sığır ırklarının birbirlerinden farklı gruplandığı ve birbirlerinden net olarak ayrıldığı gözlemlenmiştir (Şekil.4). Ancak Afrika zebularının gruplaşması her iki metod da farklılık göstermektedir. Mikrosatellit bölgelerinden elde edilen verilerin analizinde Hindistan zebusu ile Afrika zebusu birlikte gruplanırken, mtDNA verilerinden elde edilmiş verilerin analiz edilmesinde çizilen ağaçta Afrika zebuları ile Afrika *taurine* ırklarının birlikte gruplandığı, Hindistan zebularından farklılık gösterdiği belirlenmiştir. mtDNA çalışmalarının sonuçlarına göre Afrika zebusu, *Bos indicus* mtDNA'sı ile zebu nükleer DNA'sının birleşimi ile elde edilen bir hibrit olduğu görülmektedir. Ancak zebuların Afrika kıtasının orijinal *Bos taurus* yerli sığırlarına ait mtDNA'ları ile benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Her iki analiz metodunun sonuçlarından elde edilen ağaçlar incelendiğinde, Afrika ve Avrupa *taurine* ırklarının biraz farklılık gösterdiği belirlenmiştir.



**Şekil. 4.** Farklı sığırların mtDNA ve mikrosatellit analizi sonuçlarına göre ayrışmaları(Bradley ve ark., 1998)

Loftus ve ark. (1999)'nın yaptığı çalışmada Yakın Doğu'nun 8 hörgüçsüz sığır ırkı (Kurdi, İraçî, Damascus, Egyptian, Bozstep, Yerli Kara, DAK, ve GAK), Avrupa'nın 3 sığır ırkı (Jersey, Charolois, Hungarian Grey), Afrika'nın batısına ait olan bir ırk (N' Dama) ve Hindistan'da yetiştirilen 2 zebu sığır ırkında (Ongole ve Nellore) 20 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmada Yakın Doğu'daki sığır popülasyonlarına, zebu sığırlarından oldukça yüksek düzeyde birey katıldığı belirlenmiştir. Yakın Doğu'daki ırklarda zebu sığırları ile karışımın yüksek olduğu görülen popülasyonların daha çok yetiştirildikleri ülkelerin doğusunda bulunan ırklara ait popülasyonlar olduğu bildirilmiştir.

Loftus ve ark. (1999)'nın bu çalışmasında; Zebu allellerinin en fazla görüldüğü ırkların Ongola ve Nellore (%73.5 ve %71.2) olduğu, daha sonra bu allelin batıya doğru gidildikçe oranlarında bir azalma olduğu çalışmanın sonuçlarında bildirilmiştir. Irak'ın yerli sığır ırklarından biri olan İraçî bireylerinde %48.1 oranında bir karışım olduğu, Mısır'a ait olan Egyptian bireyelerine %38.4 oranında bir karışım olduğu, Suriye'nin Damascus ırkına ise %37 oranında bir karışım olduğu belirlenmiştir. Çalışmada Türkiye yerli sığır ırkları için zebu karışım düzeyinin doğudan batıya doğru gidildikçe azalmakta olduğu belirlenmiş olup, her bir ırk için bu değerler Bozstep ırkında %20.7, Yerli Kara ırkında %30.6, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında %30.5 ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında ise %33.5 olarak bulunmuştur(Loftus ve ark., 1999).

Loftus ve ark.(1999)'nın çalışmasında, 20 mikrosatellit bölgesinde toplam 228 allel uzunluğu belirlenmiş olup, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 11.4 allel / lokus olduğu görülmüştür. Popülasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayılarının Yakın Doğu sığırlarında (7.00 ila 8.80 allel/lokus) diğer bölgelere ait olan ırklardan daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Yakın Doğu ırklarında en yüksek ortalama allel sayısının İraçî ırkında (8.80 allel/lokus) olduğu, en düşük ortalama allel sayısının ise Damascus ırkında (7.0 allel/lokus) olduğu belirlenmiştir. Türkiye'nin yerli ırklarında belirlenen ortalama allel sayılarının 8.10 ila 8.65 allel / lokus arasında değiştiği, Avrupa sığır ırkları, Hindistan ırkları ve Afrika ırkında ortalama allel sayısının 4.37 ila 5.65 arasında değiştiği belirlenmiştir. Ancak özetlenen çalışmada Anadolu ve

yakın dođu sığırları için gözlenmiş allel sayısı yüksekliğinin asıl nedeninin evrimleşme merkezine yakınlık olduđu gösterilmiştir.

Loftus, ve ark.(1999)'nın çalışmasında, gen çeşitliliđi (ortalama heterozigotluk) değerinin 0.79 ila 0.54 arasında deđiştii belirlenmiştir. Yakın Dođu ırklarında ortalama heterozigotluđun 0.74 ila 0.79 arasında, diđer ırklarda ise 0.54 ila 0.66 arasında deđiştii belirlenmiştir. Hörgüçsüz sığır ırklarında, gen çeşitliliđi ( $P<0.001$ ) ve ortalama allel sayısı ( $P<0.010$ ) değlerinin ırkların cođrafik orijinlerinden uzaklaşma ile azalan oranda önemli bir korelasyona sahip olduđu belirlenmiştir. Ortalama allel sayısı ve heterozigotluk batıya dođru gidildikçe azalmıştır.

Loftus ve ark.(1999)'nın çalışmasında 14 farklı ırkın  $D_A$  genetik uzaklıklarından yararlanılarak çizilen komşu birleştirme ağacında *Bos taurus* ve *Bos indicus* ırklarının arasındaki genetik uzaklıkların oldukça büyük olduđu söylenmiştir. Çizilen ağaçta Yakın Dođu sığır ırkları *Bos taurus* ırklarına yakın olarak görölmektedir. Verilerin birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli faktörler açısından 3 boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirilmesi için yapılan temel bileşenler analizinde, 14 farklı ırk popülasyonunun dağılımının *Bos taurus* ve *Bos indicus* ırklarını tamamen ayırdığı görölmüştür. Birinci temel eksenin varyasyonun %67.3'ünü kapsadığı , *Bos taurus* ve Hindistan zebu ırklarını tamamen ayırdığı bildirilmiştir. İkinci temel eksenin varyasyonun %14.7'sini kapsadığı ve ırkları ayırabildiđi belirtilmektedir. Üçüncü temel eksenin ise varyasyonun %4.3'ünü kapsadığı ve Afrika'nın ırkı olan N'Dama popülasyonunu diđer popülasyonlardan ayırabildiđi görölmüştür.

Moazami-Goudarzi ve ark.(1997)'nin yaptıđı bir çalışmada 10 farklı Avrupa sığır ırkında 17 farklı mikrosatellit bölgesi ve 13 farklı biyokimyasal işaretleyici (11 farklı kan grubu, transferrin ve  $\beta$  kazein lokusu) kullanılarak ırklar arasında ve ırklar içerisindeki genetik çeşitlilik incelenmiştir. 17 mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda toplam 210 allelin bulunduđu, ortalama heterozigotluđun ise 0.53 (*Jersey*) ila 0.66 (*Parthenais*) arasında deđiştii belirlenmiştir. Ortalama allel sayıları incelendiğinde, *Charolais* ırkının (7.7) ortalama allel sayısının en yüksek olduđu, *Jersey* ırkının ise en düşük allel sayısına sahip olduđu belirlenmiştir. Çalışılan ırklar (*Charolais*, *Limousin*, *Holstein*, *Jersey*, *Normande*, *Vosgien*, *Maine-Anjou*, *Breton*

*Black Pied, Parthenois, Montbéliard*) arasında farklı metodlarla hesaplanan (mikrosatellit verilerinden, biyokimyasal verilerden ve her iki metodun sonuçları birlikte dikkate alınarak) genetik uzaklıklarla komşu birleştirme ağaçları çizilmiştir. Çizilen ağaçların güvenilirliğini ve sonuçların sağlamlığını ortaya koymak için bootstrap testi uygulanmış olup genelde bootstrap değerlerinin düşük olduğu belirlenmiştir. Araştırmacılar, bu çalışmanın sonucunda 17 mikrosatellit bölgesi ve 13 biyokimyasal marker (işaretleyici) ile çalışılması ırklar arası akrabalığı belirlemede ve ırkları ayırmada yeterli olamayacağını bildirmişlerdir. Irkları sınıflamada ve ayırmada daha objektif sistemlere ve daha fazla genetik kaynaklara ihtiyaç olduğu belirtilmiştir.

MacHugh ve ark.(1997)'nin 20 mikrosatellit lokusu kullanarak yaptıkları çalışmada, Avrupa, Asya ve Afrika'da yetiştirilen 20 farklı sığır ırkının genetik yapısı incelenmiştir. Çalışmada *taurine* ve *zebu* sığırları arasındaki genetik farklılıkların yüksek olduğu ve moleküler saate göre 610.000 ila 850.000 yıl önce bu iki alt türün birbirinden ayrılmış olabileceği belirtilmiştir. Çalışmada toplam 728 bireyde çalışılmış ve 168 allel uzunluğu görülmüştür. Lokus başına düşen ortalama allel sayısının 8.4 allel/lokus olduğu, ortalama beklenen heterozigotluk değerinin 0.551, gözlenen heterozigotluk değerinin ise 0.643 olduğu belirtilmiştir. Çalışmada en düşük gözlenen heterozigotluk değerinin Jersey ırkında olduğu ( $0.44 \pm 0.019$ ), en yüksek gözlenen heterozigotluk değerinin ise ( $0.652 \pm 0.022$ ) Butana ırkında olduğu belirlenmiştir. Çalışmada Asya ve Afrika zebu örneklerinin genetik çeşitliliğinin; Avrupa sığır ırklarından daha fazla olduğu belirlenmiştir. Çalışmada zebu allellerinin en fazla görüldüğü ırkların Asya zebuları olduğu (zebu allel oranı %67), en düşük zebu allellerinin ise N'Dama ırkında olduğu belirlenmiştir. Çalışmada mtDNA ve enzim çalışmalarının sonuçlarına paralel sonuçlar bulunduğu belirtilmiş olup, *Bos taurus* ve *Bos indicus* alt türlerinin birbirlerinden oldukça farklı olduğu bildirilmiştir.

MacHugh ve ark.(1997)'nin çalışmasında elde edilen verilerin birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli faktörler açısından 3 boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirilmesi için yapılan temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde, birinci temel eksenin varyasyonun %52.4'ünü kapsadığını, *zebu* ve *taurine* ırklarının gruplarını tamamen

ayırabildiği belirtilmiştir. İkinci temel ekseninde varyasyonun %14.4'ünü kapsamakta ve yine aynı şekilde *zebu ve taurine* grupları birbirinden ayrılmakta, üçüncü temel ekseninde ise genetik varyasyonun %7.2'sini kapsamakta olup Avrupa ve Afrika *taurine* ırklarının birbirlerinden ayrıldıkları görülmektedir.

MacHugh ve ark.(1998)'nin 20 mikrosatellit lokusu kullanarak yaptıkları çalışmada, Avrupa'da yetiştirilen 7 farklı sığır ırkının (Jersey, Holstein, Hereford, Simmental, A. Angus, Kerry ve Charolais) genetik yapısını incelemiştir. Çalışmada  $F_{ST}$  değerlerinin 0.050 ile 0.181 arasında değiştiği belirlenmiştir. Tüm lokuslardan elde edilen veriler değerlendirildiğinde, Avrupa sığır ırklarına ait popülasyonların arasındaki genetik varyasyon oranının %10 - %11 civarında olduğu belirlenmiştir. Çalışmada 7 farklı sığır ırkına ait mikrosatellit verileri, 3 Hindistan zebu sığır ırkı ile karşılaştırılmıştır. Çizilen ağaçta zebu kökenli olan Hindistan ırkları ile *taurine* kökenli olan 7 Avrupa sığır ırkının birbirlerinden tamamen ayrıldığı belirlenmiştir. Verilerin birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli faktörler açısından 2 boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirilmesi için yapılan temel ögeler analizi sonuçları incelendiğinde, birinci temel eksenin varyasyonun %85'ini kapsadığı, ikinci temel eksenin ise varyasyonun %3.6'sını kapsamakta olduğu ve ırkları 2 farklı ekseninde ayırdığı bildirilmiştir. Avrupa'ya ait olan 3 ırkın (Jersey, A. Angus ve Hereford) diğer ırklardan ayrı bir ekseninde gruplandığı belirtilmiştir.

İspanya'nın altı yerli sığır ırkında, 30 mikrosatellit bölgesi kullanılarak ırklar arasındaki genetik çeşitliliği araştıran Martin - Burriel ve ark. (1999), Avrupa sığır ırklarında bulunan sonuçlara benzer sonuçlar (allel çeşitliliği, heterozigotluk, vs) bulduklarını belirtmişlerdir. Çalışmada toplam 258 farklı allel uzunluğu belirlenmiş olup, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 8.6 allel / lokus olduğu belirlenmiştir. En çok allel *TGLA122* ve *TGLA53* mikrosatellit bölgesinde (14 allel) ve en az allel ise *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgesinde (3 allel) olduğu görülmüştür. 24 farklı mikrosatellit bölgesinde ırklara özgü alleller gözlenmiş fakat genellikle bu allellerin frekanslarının 0.05'ten düşük olduğu belirlenmiştir. Irklar arasındaki  $D_S$  genetik uzaklık değerlerinin 0.071 ile 0.283 arasında değiştiği belirtilmiştir. Irklar arasında beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.564 ile 0.681 arasında değiştiği, gözlenen heterozigotluk

değerlerinin ise 0.512 ile 0.666 arasında değiştiği gözlenmiştir.  $D_S$  genetik uzaklık değerlerinin kullanılması ile çizilen komşu birleştirme ağacında elde edilen bootstrap değerlerinin genelde düşük olduğu belirlenmiştir.

Schmid ve ark., (1999)'nın yaptıkları bir çalışmada, İsviçre'de yetiştirilen 5 farklı sığır ırkında 30 farklı mikrosatellit lokusu ile mevcut genetik çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. Bu ırklardan Herens ırkı hariç diğer populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir. Çalışmada 30 mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda toplam 255 allel gözlemlenmiş olup, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 8.5 allel / lokus olduğu belirlenmiştir. Çalışmada en çok allel *TGLA122* (16 allel) ve en az allel ise *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgesinde (2 allel) olduğu görülmüştür. En fazla allel çeşitliliğine sahip olan ırkın Holstein, en düşük allel çeşitliliğine sahip olan ırkın ise Evolénard ırkı olduğu, ortalama heterozigotluk değerinin ise 0.70 olduğu belirtilmiştir. Irklar arasındaki ortalama beklenen heterozigotluk değerinin 0.60 (Simmental) ile 0.69 (Holstein) arasında değiştiği, ırka özgü allel sayısının ise 1 (Evolénard) ile 26 arasında (Holstein) değiştiği bulunmuştur. Bu allellerin görülme frekanslarının düşük olduğu, fakat bir tanesinin 0.10'dan daha büyük olduğu belirtilmiştir. Genetik uzaklık değerlerinin 0.029 (Evolénard-Hèrens) ile 0.084 (Evolénard - Holstein) arasında değiştiği belirtilmiştir. Temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde, toplam varyasyonun % 86'sının ilk 3 ekseninde açıklandığı belirtilmiştir. Birinci eksen toplam varyasyonun %35'ini kapsamakta, ikinci temel eksen varyasyonun %29'unu kapsamakta, üçüncü temel eksen ise varyasyonun %22' sini kapsamaktadır. İlk eksen Holstein ırkını İsviçre'nin yerli ırklardan tamamen ayırmakta (Hèrens ve Evolénard ve aynı ekseninde holstein ırkı Esmer İsviçre ve Simmental ırklarından ayırmaktadır. İkinci eksen Esmer İsviçre ırkının Simmental ırkından kısmen ayrılabilirdiği belirtilmektedir. Üçüncü temel eksen Simmental ırkı diğer ırklardan ayrılmakta, özellikle de Orijinal Swiss Brown ırkından oldukça fazla ayrılmış olduğu belirtilmektedir.

İtalya, Almanya, Avusturya ve Fransa' ya ait olan (Pustertaler, Pinzgaver, Vages ve Simmental) çeşitli ırklarda 20 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılarak ırklar içi ve ırklar arası genetik farklılıkların incelendiği bir çalışmada, 138 bireyde

çalışılmıştır. Populasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayısının 5.2 ile 6.0 arasında değiştiği görülmüştür. Irkların belirlenen heterozigotluk değerlerinin  $0.58 \pm 0.04$  ile  $0.71 \pm 0.03$  arasında değiştiği, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise  $0.56 \pm 0.04$  ile  $0.68 \pm 0.04$  arasında değiştiği belirlenmiştir. İtalya ve Almanya' da yetiştirilen Pustertaler ırkının genetik çeşitliliğinin diğer ırklar ile benzer olduğu belirlenmiştir. ( $D_A$ ) genetik uzaklık değerleri incelendiğinde, Pustertaler ırkı ile Simmentel ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.1974, Pustertaler ırkı ile Pinzgaver ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.1202 ve Pustetaler ile Vasges ırkı arasındaki uzaklığın ise 0.1240 olduğu görülmektedir. Birbirine en yakın olan ırkların Pustertaler ve Pinzgaver ırkları olduğu ve bootstrap değerinin %85 olduğu belirlenmiştir. Allel paylaşım uzaklığı metoduna göre çizilen komşu birleştirme ağacının çizilmesi sonucunda aynı ırka ait bireylerin bir arada toplandığı (özellikle Simmentel) fakat bazı populasyonlara diğer ırklardan da karışımların görüldüğü belirtilmiştir.(Edwards ve ark., 2000).

Eski Dünya ve Yeni Dünya Siyah Alaca (Holstein Friesian) sığır populasyonlarında yapılan bir çalışmada 211 bireyde 39 farklı mikrosatelit bölgesi ile çalışılmıştır (Hanslik ve ark, 2000). Çalışmada 5 farklı Holstein Friesian sığır populasyonlarında (Almanya Holstein Friesian populasyonu, Danimarka Holstein Friesian populasyonu, Kanada Holstein Friesian populasyonu, Amerika Holstein Friesian populasyonu, İngiltere orijinal Holstein Friesian populasyonu) çalışılmış ve gözlenen heterozigotluğun 0.35 ile 0.46 arasında değiştiği, beklenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.43 ile 0.48 arasında değiştiği bildirilmiştir. Çalışmada Avusturya Esmer İsviçre ırkı (outgroup) populasyonları karşılaştırmada referans ırk olarak alınmış olup, bu ırkın beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerinin sırası ile 0.50 ve 0.53 olduğu bulunmuştur. Beş farklı Holstein populasyonunda genetik çeşitliliğin benzer olduğu gözlenmiştir. Çalışmada beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıkların istatistiki olarak önemli olduğu ve bazı lokuslarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların olduğu belirlenmiştir.

Hanslik ve ark.(2000)'nın çalışmasında elde edilen veriler allel paylaşım uzaklıkları metoduna göre analiz edilmiş olup çizilen (UPGMA) ağaçta, Eski Dünya ve Yeni Dünya Siyah Alaca sığırlarında genetik farklılığın açıkça görüldüğü



bildirilmektedir. Ağata Avusturya Esmer İsvire ırkının bireyleri referans (out grup) olarak kullanılmıř olup tamamen diđer populasyonlardan ayrılmıřtır. Populasyonlar arasındaki genetik farklılıkları belirlemek iin  $F_{ST}$  deęerleri hesaplanmıř olup,  $F_{ST}$  deęerlerinin ise 0.0217 ile 0.286 arasında deęiřtięi bulunmuřtur. Aynı kıtadaki Holstein Friesian populasyonları arasındaki  $F_{ST}$  deęerleri kk olmasına raęmen, aralarındaki farklılıkların olduka nemli olduęu belirlenmiřtir. alıřmanın ilgin bir sonucu ise, Eski Dnya ve Yeni Dnya Siyah Alaca populasyonları arasındaki  $F_{ST}$  deęerleri farklılıkları ile Holstein Friesian ve Esmer İsvire populasyonları arasındaki  $F_{ST}$  deęerleri farklılıklarının benzer olduęu belirlenmiřtir. Sonu olarak ntral genetik iřaretleyicilerin kullanılması ile populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların belirlenebildięi ve bu farklılıkların istatistiki olarak nemli olduęu bildirilmiřtir. Avrupa'daki Yeni Dnya Siyah Alaca ırklarından, Eski Dnya Siyah Alaca populasyonlarına bir karıřım olmasına raęmen, Eski Dnya Siyah Alacalarının hala nemli derecede genetik farklılıklar gsterdięi bulunmuřtur.

Afrika'nın doęusunda yetiřtiricilięi yapılan 7 yerli sıęır ırkı (Danakil, Kilimanjaro zebu, Kaviranda Zebu, Arado, Abigar, Sheko, Kenya Boran) ve 3 referans ırkta (Sahiwal, N'Dama ve Siyah Alaca) 18 farklı mikrosatelit blgesinin alıřıldıęı bir alıřmada (Okomo ve ark., 2001) yerli ile yabancı ırklar arası ve ırklar ierisindeki genetik eřitlilik incelenmiřtir.

Okomo ve ark.(2001)'nin bu alıřmasında, 18 farklı mikrosatelit blgesinin 10 farklı sıęır ırkında alıřılması sonucunda toplam 208 farklı allel uzunluęu grlmřtir. Lokus bařına dřen ortalama allel sayısının 11.5 allel olduęu belirlenmiřtir. Populasyonlarda tespit edilen lokus bařına dřen ortalama allel sayısının 4.3 allel / lokus (N'Dama) ile 7.7 allel / lokus (Kenya Boran) arasında deęiřtięi belirtilmiřtir. alıřmada toplam 26 tane *Bos taurus* ırkına ve 13 tanede *Bos indicus* sıęır ırklarına zg (spesifik) allel olduęu bulunmuřtur. *Bos indicus* allellerinin oranının 0.32 ile 0.74 arasında deęiřtięi, *Bos taurus* allellerinin oranının ise 0.22 ile 0.67 arasında deęiřtięi belirlenmiřtir. Bu sonulara gre, Afrika'da yetiřtirilen *Bos indicus* sıęır ırklarının *taurus*'tan (Sheko) etkilendięi, Afrika'daki *taurus* sıęırlarında ise zebu ırkları ile bir karıřımın olduęu belirlenmiřtir. alıřmada ırklar ierisindeki genetik eřitlilięin

oldukça yüksek olduğu belirlenmiş olup, ırklarda gözlenen heterozigotluğun 0.511 (N'Dama) ile 0.660 (Siyah Alaca) arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışmada bir yerli sığır ırkı hariç (Kenya Boran), diğer tüm ırkların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir. Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan ( $D_s$ ) genetik uzaklık değerlerinin Afrika sığır ırklarında 0.023 (Danakil ve Abigar) ile 0.868 (N'Dama ve Sahiwal) arasında değiştiği belirlenmiştir. Doğu Afrika yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklıkların oldukça küçük olduğu belirlenmiştir. Çalışmada Doğu Afrika sığır ırkları içerisinde genetik varyasyonun önemli olduğu belirlenmiştir.

Del Bo ve ark.(2001)'nin yaptığı bir çalışmada; İtalya'nın Alpine bölgesinde yetiştiriciliği yapılan 7 yerli sığır ırkı (Aosta Black Pied, Aosta Red Pied, Aosta Chestnut, Oropa Red Pied, Grey Alpine, Rendena ve Burlina), Almanya'nın 2 yerli sığır ırkı (orijinal Alman Kahverengisi ve Siyah Beyaz Alaca) ve İsviçre'de yetiştirilen 4 sığır ırkında (Simmental, Herens, Evolene ve Esmer İsviçre) 17 farklı mirosatellit bölgesi ile çalışılmıştır.

İtalyan yerli sığır ırkları ile Almanya ve İsviçre'ye ait olan ırklar arasındaki genetik çeşitliliğin incelenmesinin amaçlandığı Del Bo ve ark. (2001)'nin çalışmasında, mikrosatellit bölgelerinin yüksek düzeyde polimorfizm gösterdiği belirlenmiş olup allel sayısının her bir lokus için 2 ile 12 arasında değişen sayıda olduğu, ortalama allel sayısının ise 5.5 allel / lokus olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada allel frekanslarından yararlanarak genetik uzaklıklar hesaplanmış olup, filogenetik ilişkiler ağaç çizilerek belirlenmiştir. Birbirine en yakın olan yerli ırkların Aosta Red Pied ve Aosta Black Pied olduğu, birbirine en uzak olan ırkların ise Holstein (Siyah-Beyaz Alaca) ve Aosta Chestnut ırkının olduğu belirlenmiştir. Aosta vadisi ırklarından Evolene ve Herens ırkları arasındaki yakınlığın (birlikteliğin), çizilen komşu birleştirme ağacında daha yüksek olduğu ve belirlenen bootstrap değerlerinin de oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Aosta Red Pied, Aosta Black Pied, Aosta Chestnut, Herens ve Evolene ırklarının birbirlerine daha yakın akrabalık gösterdiği belirlenmiştir. Bu ırklar arasındaki genetik uzaklıkların oldukça düşük bir genetik uzaklık olduğu ve boststrap değerlerinin değişim oranlarının (% 49 ile % 90 arasında) olduğu belirlenmiştir. Siyah Beyaz Alaca (Holstein) ırkının diğer ırklardan genetik

uzaklık açısından oldukça farklı olduğu görülmüştür. Siyah-Beyaz Alaca ırkı ile diğer yerli ırklar arasındaki genetik uzaklık değerlerinin 0.272 ile 0.391 arasında değiştiği belirlenmiştir. Orijinal Alman Kahverengisi ile Siyah Beyaz Alaca ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.195 olduğu belirlenmiştir. Orijinal Alman Kahverengisi ırkı ile diğer ırklar arasındaki genetik uzaklığın 0.284 ile 0.366 arasında değiştiği belirlenmiştir. Alman Kahverengisi ırkı ile Esmer İsviçre ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.230 olduğu görülmüştür. Irklar arasındaki genetik uzaklıkların incelenmesinde, Nei genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan genetik uzaklık değerlerinin orta düzeyde olduğu belirlenmiştir.

Del Bo ve ark.(2001)'nin çalışmasındaki temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde, birinci temel eksenin, çalışılan 17 mikrosatelit bölgesi açısından popülasyonlar arasındaki varyasyonun % 20'sini açıkladığı görülmüştür. Bu eksen, orijinal Alman Kahverengisi ve Siyah-Beyaz Alaca ırkının diğer ırklardan tamamen ayrıldığı, Burlina ve Esmer İsviçre ırkının ise ortada yer aldığı belirlenmiştir. İkinci temel eksen genetik varyasyonun % 12'si açıklanmakta ve Siyah Beyaz Alaca ve Orijinal Alman Kahverengisi ırkının diğer ırklardan oldukça farklı olduğu, diğer ırkların ise ortada yer aldığı görülmüştür. Üçüncü temel eksen genetik varyasyonun % 11'i tanımlanmakta ve Aosta Red Pied, Aosta Black Pied, Aosta Chestnut, Evolene ve Herens ırklarının aynı eksen üzerinde yer aldığı belirtilmiştir.

Çalışma sonuçları incelendiğinde; 17 farklı mikrosatelit bölgesinin İtalyan yerli sığır ırklarında çalışılması sonucunda yok olma tehlikesi altında olan 2 yerli sığır ırkında ve yüksek seleksiyonun uygulandığı Siyah Beyaz Alaca (Holstein) ırkında yüksek polimorfizm olduğu bildirilmiştir. Çalışmada yalnızca Grey Alpine ırkında Hardy –Weinberg dengesinden yüksek bir sapma olduğu belirlenmiştir. Bu sapmanın nedeninin, alınan örnek büyüklüğünün küçük olmasından kaynaklandığı bildirilmiştir. Temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde (PCA), tüm Alpine ırkları için benzer bir yakınlığın olduğu, Siyah Beyaz Alaca ve orijinal Alman Esmeri'nin Alpine ırklarından daha uzak olduğu belirlenmiştir. Irklar arasındaki genetik uzaklık değerlerinin, çalışılan ırkların coğrafik ve tarihi orijinleriyle uyum gösterdiği belirlenmiştir.

Kim ve ark. (2002)'nin çalışmasında Kuzey Doğu Asya sığır ırklarının genetik çeşitlilik düzeyleri ve popülasyonların genetik yapısı 13 farklı mikrosatellit bölgesi kullanılarak analiz edilmiştir. Çalışmada 4 farklı ülkeden (Kore'ye özgü sığır ırkı, Çin'e özgü sığır ırkı, Japonya'ya özgü siyah sığır ırkı ve Avrupa Holstein-Siyah Beyaz Alaca Sığır ırkı) toplam 200 bireyde çalışılmıştır. Beklenen ortalama heterozigotluğun en düşük değerinin 0.471 ile Japonya'ya özgü siyah ırka ait olduğu, en yüksek heterozigotluk değerinin ise 0.744 ile Çin'e özgü sığır ırkına ait olduğu belirlenmiştir. Hesaplanan  $F_{ST}$  değerlerinin 0.039 ile 0.197 arasında değiştiği bildirilmiştir. Yapılan istatistiki analizler sonucunda, Kuzey Doğu Asya'daki sığır ırklarının Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiği belirlenmiştir. Allel frekanslarının kullanılması ile hesaplanan Nei'nin  $D_A$  genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak çizilen komşu birleştirme ağacı sonunda Çin ve Kore'ye özgü sığır ırklarının genetik olarak birbirine yakın olduğu Japonya'ya özgü sığır ırkının ise bu iki popülasyondan tamamen farklı olduğunu, Avrupa Holstein (Siyah-Beyaz Alaca) sığır ırkının ise tüm çalışılan ırklardan genetik olarak farklı olduğu belirlenmiştir.

4 farklı sığır ırkı (Brown Swiss, Canadienne, Jersey, Holstein) arasındaki genetik farklılıkların incelendiği bir çalışmada, farklı kromozomlar üzerinde yer alan 15 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır (Hansen ve ark 2002). Holstein, Jersey ve Canadienne ırklarında görülen ortalama allel sayısının 6 allel / lokus, Brown Swiss ırkında ise ortalama allel sayısının 5 allel / lokus olduğu bulunmuştur. 15 farklı mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda elde edilen veriler incelendiğinde, ırka özgü allel uzunluklarının sırası ile Jersey ırkında 4 ırka özgü allel taşıdığı, Holstein ırkında 10 ırka özgü allel, Brown Swiss ırkında 3 allel, Canadienne ırkında 6 ırka özgü allel belirlenmiştir. Çalışmada tüm ırklarda 13 mikrosatellit lokusunda Hardy-Weinberg dengesinin olduğu, bazı ırklarda ise 2 farklı mikrosatellit bölgesinde Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların görüldüğü belirlenmiştir.

Irklar arasındaki gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.59 ila 0.69 arasında değiştiği, en yüksek heterozigotluğun Canadienne ve Holstein ırkında olduğu (0.69), en düşük heterozigotluk değerinin ise Jersey ırkında (0.59) olduğu görülmüştür.  $F_{ST}$

değerleri incelendiğinde, bu değerlerin 0.079 (Holstein -Canadienne) ila 0.190 (Brown Swiss-Jersey) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Çalışmadaki ırklar arasındaki genetik uzaklıklar incelendiğinde, Canadienne ve Holstein ırkları arasındaki uzaklığın 0.156, Canadienne-Brown Swiss arasındaki genetik uzaklığın 0.243, Jersey ile Canadienne ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.235, Brown Swiss ve Holstein arasındaki genetik uzaklığın 0.211, Jersey ile Brown Swiss arasındaki genetik uzaklığın 0.427; Jersey ile Holstein arasındaki genetik uzaklığın ise 0.320 olduğu bulunmuştur.

Çalışmanın sonuçları özetlendiğinde (Hansen ve ark., 2002); Brown Swiss ve Holstein ırkının genetik uzaklık değerleri açısından birbirine yakın olduğu, Canadienne ırkının ise Jersey ile yakın olduğu belirtilmiştir. Fakat çalışmada ilginç bir sonuç, Kanada'nın yerli ırkı olan Canadienne ırkı yetiştirildiği bölgede "Siyah Jerseyler" olarak bilinmesine rağmen, Holstein ırkı ile yakın olması sürpriz olarak yorumlanmıştır.

Maudet ve ark.(2002)'nin yaptığı bir çalışmada, 6 Fransız sığır ırkı (Abondance, Tarentaise, Villard de Lans, Montbéliarde, Limousin ve Cherolais) ve bir kültür sığır ırkında (Holstein) 23 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış, ırklar arasındaki genetik çeşitlilik ve ırklar arası akrabalık araştırılmıştır.

Maudet ve ark.(2002)'nin bu çalışmasında, 23 mikrosatellit bölgesinde toplam 215 allel uzunluğu belirlenmiş olup; popülasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayısının 9.4 allel / lokus olduğu belirlenmiştir. Çalışmada en çok allel sayısının *TGLA122* isimli mikrosatellit bölgesinde (19 allel / lokus) ve en az allel sayısının ise *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgesinde (3 allel / lokus) olduğu görülmüştür. Popülasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayısının 5.61 (Villard de Lans) ila 6.52 (Abondance) arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışmada gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise, 0.65 (Abondance) ila 0.699 (Tarentaise) arasında değiştiği bulunmuştur. Fransa'daki Holstein ırkı ve Tarentaise ırkları içerisinde Hardy – Weinberg dengesinden sapmaların görüldüğü ve bu sapmaların istatistiki olarak önemli olduğu bulunmuştur ( $P<0.001$ ).

Maudet ve ark.(2002)'nin çalışmasında, bireylerin populasyonlara tayini testinde farklı olasılık düzeylerinde analizler yapılmıştır. 3 farklı olasılık değerleri dikkate alınarak yapılan hesaplamalar sonucunda (  $\alpha = 0.05$ ,  $\alpha = 0.01$ ,  $\alpha = 0.001$  ) elde edilen sonuçlar incelendiğinde, bireylerin bir ırka tayin edilmesinin kabul yada red edilmesini belirleyen  $\alpha$  değeri yani olasılık değeri yükseldikçe tayin edildikleri ırk sayısı da düşmekte ve kendi ırkları dahil hiçbir ırka tayin edilemeyen birey sayısının artmakta olduğu bulunmuştur. Örneğin çalışmada (P değeri) olasılık değerinin (0.001) olduğu analiz aşamasında, tüm bireylerin populasyonlara tayin edilme olasılığı % 33'e düşmektedir. Fakat bu olasılık değeri (0.05) olduğu analiz aşamasında, tüm bireylerin populasyonlara tayin edilme olasılığının % 67.5'e yükseldiği görülmektedir.

Çalışmada allel frekanslarından yararlanarak "Nei'nin  $D_s$  genetik uzaklığı metoduna" göre genetik uzaklıklar hesaplanmış olup, değerlerin 0.125 ila 0.325 arasında değiştiği belirlenmiştir. Diğer ırklardan en fazla ayrılan ırkın Holstein ırkı olduğu bulunmuştur. Çalışmada incelenen 7 farklı sığır ırkında belirlenen genetik çeşitliliğin %62'si temel öğeler analizinin (PCA) ilk üç eksenini tarafından açıklanabilmektedir. Temel öğeler analizinde, 4 Alpine ırkının birlikte gruplandığı (Abondance, Tarentaise, Villard de Lans ve Montbéliarde), Charolais ve Limosin ırklarının ise birlikte bir grup oluşturduğu, Fransa'da yetiştirilen Holstein ırkının ise diğer 2 gruptan ayrı gruplandığı belirlenmiştir. Mantel test analizi sonucunda Fransız ırkları içerisinde genetik uzaklık ile coğrafi uzaklık arasında önemli bir korelasyon olduğu ( $r=0.70$ ,  $P=0.012$ ) belirlenmiştir. Bununla birlikte, Holstein sığır ırkının genetik ve coğrafi uzaklıkları diğer ırklardan fazla olup, bu ırk genetik ve coğrafi korelasyonun önemli olmasının asıl kaynağı olarak gösterilmiştir. Holstein ırkı çıkarıldığında, Fransa ırklarında coğrafi ve genetik uzaklıklar arası korelasyonun önemli olmadığı belirlenmiştir ( $r=0.47$ ;  $P=0.067$ ).

Beja-Pereina ve ark. (2003)'nin çalışmasında 15 farklı İberya sığır ırkı ( Portekiz ve İspanya orijinli ) ve 3 farklı Fransız ırkından birbirine akraba olmayan 889 bireyde, 16 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmada toplam 173 allel uzunluğu belirlenmiş olup, populasyonlarda lokus başına düşen ortalama allel sayılarının 5.5

allel/lokus ile 7.2 allel/lokus arasında deęiřtięi grlmřtr. En az genetik polimorfizmin grldę lokusun *ILSTS005* ve en yksek genetik eřitlilięin grldę lokusun ise *TGLA44* isimli mikrosatellit blgesi olduęu belirlenmiřtir. Fransa'ya ait olan ırklardan Gasconne ırkında ırka zg allel sayısının yksek olduęu (5 spesifik allel:private allel) grlmřtr. Beklenen heterozigotluk deęerlerinin 0.611 ila 0.709 arasında deęiřtięi belirlenmiřtir. alıřılan 10 farklı populusyonda bazı mikrosatellit blgeleri aısından Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların olduęu ( $P < 0.018$ ) belirlenmiřtir.  $D_A$  genetik uzaklık deęerlerinin 0.0929 ila 0.2091 arasında deęiřtięi belirlenmiřtir. oklu boyutlu dzlemde izilen grafik incelendięinde, İberyaya ırkları ile Fransız ırkları arasındaki genetik farklılıkların byk ve nemli olduęu belirlenmiřtir. Mikrosatellit verilerinin birbirleri ile iliřkilerinin eřitli faktrler aısından iki boyutlu dzlemsel ortamda grselleřtirilmesi iin yapılan temel bileřenler analizinde, 15 farklı İberyaya populusyonuna ait toplam genetik varyasyonun daęılımı birinci temel ekseninde varyasyonun %16'sını kapsadıęı, ikinci temel eksen varyasyonunun %12'sini kapsadıęı belirlenmiř olup, İberyaya ırklar ile Fransız sığır ırklarının birbirlerinden ayrıldıęı grlmřtr.

Hindistan'da yetiřtirilen 2 yerli zebu (*Bos Indicus*) sığır ırkında (Ongole ve Peoni) genetik eřitlilięin incelendięi alıřmada, 10 farklı mikrosatellit blgesi ile alıřılmıřtır (Metta ve ark.2004). Bu mikrosatellit blgelerinden 5 tanesi iki nkleotid tekrarlı (di-ncleotide repeat), dięer 5 tanesi ise  nkleotid (tri-ncleotide repeat) tekrarlı olup, alıřma sonucunda iki nkleotid tekrarlı mikrosatellit blgelerinin daha fazla polimorfik olduęu bulunmuřtur. alıřma sonucunda toplam 39 polimorfik allel belirlenmiř olup, populusyonlarda lokus bařına dřen ortalama allel sayısının Ongole ırkında 4.5 allel / lokus, Deoni ırkında ise 4.1 allel / lokus olduęu bulunmuřtur. Beklenen heterozigotluk deęerinin Ongole ırkında 0.46 ( $\pm 0.1$ ) ve Deoni ırkında ise 0.50 ( $\pm 0.1$ ) olduęu bildirilmiřtir. *Bos indicus* (zebu) kkenli 2 farklı Hindistan sığır ırklarının  $F_{ST}$  deęerinin 0.10 olduęu bulunmuřtur. Tm sonular birlikte deęerlendirildięinde, Ongole ve Deoni ırklarının birbirlerine genetik olarak olduka yakın oldukları belirlenmiřtir.

Dokuz farklı Avrupa sığır ırkındaki genetik varyasyonun incelendiği çalışmada, 26 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış ve toplam 193 allel uzunluğu olduğu gözlemlenmiştir (Grzybowski ve Prusak, 2004). Çalışmada en çok allel *TGLA122* (20 allel / lokus ) adlı mikrosatellit bölgesinde, en az allel sayısının ise *ILSTS005* ve *INRA005* (4 allel/lokus) isimli mikrosatellit bölgesinde olduğu belirlenmiştir. Populasyonlarda tespit edilen en yüksek allel sayısının görüldüğü ırkın Polonya Kırmızısı (Polish Red-7.4 allel/lokus) ırkında olduğu, en düşük ortalama allel sayısının ise İsviçre Simmental'i (Swiss Simmental-5.5 allel/lokus) ırkında olduğu belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk değerlerinin ırklar arasında 0.598 (Swiss Simmental) ile 0.703 (Polish Red) arasında değiştiği, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.595 (Swiss-Simmental) ile 0.701 (Polish-Red and White) arasında değiştiği görülmüştür. Çalışmada her populasyondan 20 birey rastgele seçilerek bu bireyler arasındaki ortak paylaşılan allellerden yararlanılarak, komşu birleştirme ağacı çizilmiştir. Çizilen ağaçta, 9 farklı Avrupa sığır ırkına ait bireylerin birbirlerinden ayrı olarak gruplandığı gözlemlenmiştir.

Polonya'nın yerli sığır ırklarından biri olan Polonya kırmızısı (Polish Red) ırkı ile Polonya' da yetiştirilen Hereford ve Holstein sığırları arasındaki genetik farklılıkların incelendiği çalışmada 11 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır (Radko ve ark., 2004). Bu çalışmada tüm mikrosatellit bölgelerinin yüksek polimorfizm gösterdiği belirtilmiş olup, toplam 213 allel gözlemlenmiştir. Çalışmada *TGLA227* lokusunda 8 allel, *ETH10* mikrosatellit lokusunda 7 allel, *TGLA122* mikrosatellit lokusunda 10 allel ve *ETH225* mikrosatellit lokusunda 6 allel gözlemlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.541 ile 0.852 arasında değiştiği; ırklar arası genetik uzaklık değerinin ise Polish Red ve Hereford arasında 0.354, Holstein ve Hereford arasında 0.414 ve Polish Red ile Holstein arasında 0.416 olduğu bildirilmiştir.

Chikhi ve ark(2004)'nın yaptığı bir çalışmada, Jersey sığır ırkına ait farklı populasyonlardan alınan 223 bireyde 12 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış ve toplam 67 allel belirlenmiştir. Çalışmadaki örnekler İngiltere'deki Jersey adasında bulunan 13 farklı populasyondan (çiftlik ve bölgelere ait populasyonlar) alınmış olup, her bir lokus için ortalama allel sayısının 4 ve ortalama beklenen heterozigotluk değerlerinin 0.64 olduğu görülmüştür. Populasyonlar arasında (çiftlik ve bölge)



ortalama allel sayısının 3.42 allel / lokus(St Clement) ile 4.67 (St Saviour) allel / lokus arasında deęiřtięi grlmřtr. Beklenen heterozigotluk deęerlerinin ise 0.59 (St Brelade) ile 0.67 (St Clement) arasında deęiřtięi belirlenmiřtir. Allel sayıları ve heterozigotluk deęerleri dikkate alındıęında, Jersey adasında bulunan sıęır populusyonları arasındaki genetik varyasyonun nispeten dřk olduęu belirlenmiř olup, populusyonlar arasındaki genetik eřitlilięin belirlenebilmesi iin daha ok lokus ile alıřılması gerektięi bildirilmiřtir.

alıřmada ortalama  $F_{IS}$  deęerisinin negatif ve istatistiki olarak nemli olmadıęı belirlenmiřtir ( $F_{IS} = -0.023$ , nemsiz). Blgeler arasındaki  $F_{IS}$  deęerlerinin ise olduka dřk olduęu ve istatistiki olarak nemli olmadıęı belirlenmiřtir ( $F_{IS}=-0.003$ , nemsiz). Sadece bir blgedeki (St Martin)  $F_{IS}$  deęerinin olduka yksek ve nemli olduęu belirlenmiřtir ( $F_{IS}=0.086$ ;  $P<0.05$ ). alıřmada toplam 11  $F_{IS}$  deęerinin istatistiki olarak nemli olduęu bulunmuř olup bu deęerlerin hibir lokal (yresel) daęılım (trend) gstermedięi belirlenmiřtir.  $F_{IS}$  ve  $F_{IT}$  deęerlerine ait sonular incelendięinde, adadaki birok blge iinde rastgele iftleřtirmenin uygulanmadıęı ve tm bu veriler birlikte analiz edildięinde ok dřk seviyede bir akrabalıęın mevcut olduęu bildirilmiřtir.

Chikhi ve ark.(2004)'nın alıřmasında, grnrde iftlikler ve blgelerin populusyonları arasında veya ierisinde herhangi bir hareketlilik olmadıęından  $F_{ST}$  deęerleri arasında kkte olsa bir farklılıęın olduęu, bu farklılıkların bazı blge ve iftlikler iin istatistiki olarak nemli olduęu belirlenmiřtir. alıřmada iftlik nekleri ve blge nekleri arasındaki farklılıklar incelendięinde blgeler arasındaki ortalama  $F_{ST}$  deęerlerinin dřk fakat olduka nemli olduęu ( $F_{ST}=0.016$ ,  $P<0.001$ ),  $F_{IT}$  deęerleri iinde benzer bir durumun mevcut olduęu bildirilmiřtir. Populusyonlarda  $F_{ST}$  deęerlerinin (-0.009) ile (0.070) arasında deęiřtięi bildirilmiřtir. Aynı zamanda alıřmada iftliklerden toplanan nekler arasındaki farklılıkların blgelerden toplanan nekler arası farklılıklardan daha yksek olduęu bulunmasına raęmen, bu farklılıklarında istatistiki olarak olduka nemli olduęu ( $F_{ST}=0.035$ ,  $P<0.001$ ) bulunmuřtur. alıřmada srpriz olan sonu, aynı rıkın farklı populusyonları arasındaki  $F_{ST}$  deęeri farklılıklarının istatistiki olarak nemli olmasıdır. alıřmadaki mantel test

uygulanması sonucunda coğrafi uzaklık ile genetik uzaklıklar arasında önemli bir korelasyonun olmadığı ( $r=-0.036$ ) görülmüştür.

Hindistan'da yetiştiriciliği yapılan 3 yerli zebu sığır ırkında (Deoni, Sahiwal Hariona) 20 mikrosatelit bölgesinin çalışıldığı bir çalışmada, ırklar arası ve ırklar içerisindeki genetik çeşitlilik incelenmiştir (Mukesh ve ark., 2004). Çalışmada toplam 136 bireyde çalışılmış 167 farklı allel uzunluğunun olduğu görülmüştür. Populasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayısının sırası ile 5.2 (Sahiwal), 6.5 (Hariona) ve 5.9 (Deoni) allel / lokus olduğu bildirilmiştir. Populasyonlarda gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.42 ile 0.59 arasında değiştiği, beklenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.61 ile 0.70 arasında değiştiği belirlenmiştir. Irklar arasındaki  $F_{IS}$  değerlerinin 0.172 ile 0.326 arasında değiştiği belirlenmiş olup, farklılıkların istatistiki olarak önemli olduğu bulunmuştur ( $P<0.05$ ).  $F_{ST}$  değerlerinin ise 0.053 ile 0.084 arasında değiştiği belirlenmiştir. Irklar arasındaki genetik uzaklıklar 2 farklı metod ile hesaplanmış olup, Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna ( $D_S$ ) göre hesaplanan genetik uzaklıkların 0.233 (Deoini-Hariona) ile 0.389 (Sahiwal-Deoini) arasında değiştiği, Nei'nin  $D_A$  genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan ( $D_A$ ) değerlerinin ise 0.032 (Deoini ve Hariana) ile 0.064 (Sahiwal-Deoni) arasında değiştiği bildirilmiştir (Mukesh ve ark., 2004).

Mateus ve ark.(2004)'nin Portekiz yerli sığır ırkları arasındaki genetik çeşitliliği ve farklılıkları belirlemek için yaptıkları bir çalışmada 30 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmada 10 Portekiz yerli sığır ırkı ile Amerika ve Brezilya'ya ait olan 2 kültür sığır ırkı olmak üzere toplam 470 bireyde çalışılmış ve toplam 390 allel belirlenmiştir. İki yerli ırk hariç (Brava De Lide ve Alentejana) çalışılan diğer ırkların tüm lokuslar bazında Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir. Çalışmada populasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayıları 5.67 ile 8.13 arasında değişmekte olduğu bulunmuştur. Beklenen heterozigotluk değerlerinin populasyonlar arasında 0.6276 ile 0.7471 arasında değiştiği, gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise populasyonlar arasında 0.5533 ile 0.7430 arasında değiştiği belirlenmiştir. Populasyonların  $F_{IS}$  değerleri incelendiğinde; bu değerlerin  $-0.0432$  ile  $0.1482$  arasında olduğu belirlenmiştir. Irklar arasındaki  $D_A$

genetik uzaklık deęerlerinin 0.0989 ila 0.2956 arasında deęiřtięi;  $F_{ST}$  deęerlerinin ise 0.0326 ila 0.1898 arasında deęiřtięi belirlenmiřtir.

Mateus ve ark.(2004)'nın bu alıřmasında ırklar arasındaki moleküler bazda genetik eřitlilięi arařtırmak iin eřitli gruplamalar yapılarak, ırklar arasındaki ve ırklar ierisindeki genetik varyasyon (AMOVA) incelenmiřtir. Gruplamalarda coęrafik konum, morfolojik yapı ve komřu birleřtirme aęacındaki dallanmalar (genetik uzaklıklar) dikkate alınarak yapılmıřtır.

Tm gruplarda molekler varyans analizi sonuları incelendięinde, ırklar ierisindeki varyasyonun genelde (%90.73) yksek olduęu belirlenmiřtir. alıřılan ırkların tmnn birlikte deęerlendirildięi molekler varyans analizi sonular incelendięinde toplam genetik varyasyonun %91.04' alıřılan populasyonların iinde, %8.96'sının ise alıřılan populasyonlar arasında olduęu gzlenmiřtir. ırklar arası farklılıęın istatistiki olarak nemli olup olmadıęının test edilmesi sonucunda ırklar arası farklılıęın istatistiksel olarak nemli olduęu bulunmuřtur( $P<0.0001$ ). Bu sonuca gre en az bir Portekiz yerli sıęır ırkının dięerlerinden farklı olduęu sylenebilmektedir.

Coęrafik konumlara gre yapılan gruplandırma sonucunda molekler varyans analiz sonuları incelendięinde toplam genetik varyasyonun %90.73' alıřılan populasyonlar iinde, %8.30'unun grup ii ırklar arasında, %0.97'sinin ise gruplar arasında olduęu gzlenmiřtir. ırklar arası farklılıęın istatistiki olarak nemli olup olmadıęının test edilmesi sonucunda, gruplar arası farklılıęın ( $P=0.0496$ ) ve gruplar ii ırklar arasındaki farklılıkların ( $P<0.0001$ ) nemli olduęu belirlenmiřtir.

Morfolojik yapılarına gre yapılan gruplandırma sonucunda elde edilen molekler varyans analiz sonuları incelendięinde, toplam genetik varyasyonun %90.82'si alıřılan populasyonlar (ırklar) iinde, %7.70'i grup ii ırklar arasında ve %1.48'i ise gruplar arasında olduęu gzlenmiřtir. Morfolojik gruplandırma dikkate alınarak ırklar arası farklılıkların istatistiki olarak nemli olup olmadıęının test edilmesi sonucunda gruplar arası farklılıkların ( $P=0.0419$ ) ve gruplar ii ırklar arası farklılıkların nemli olduęunu ( $P<0.0001$ ) bulmuřlardır.

$D_A$  genetik uzaklığına göre çizilen ağaçtaki ırkların gruplaşmalarına göre yapılan gruplandırma sonucunda elde edilen moleküler varyans analizi sonuçları Portekiz ırklarında incelendiğinde, toplam genetik varyasyonun %90.77'si popülasyonlar içinde, %7.35'i grup içi ırklar arasında, %1.88'i ise gruplar arasında olduğu gözlenmiştir. Irklar arası farklılıkların istatistiki olarak önemli olup olmadığının test edilmesi sonucunda gruplar arası farklılığın ( $P=0.0072$ ) ve gruplar içi ırklar arası farklılıkların ( $P<0.0001$ ) önemli olduğu belirlenmiştir.

Moioli ve ark. (2004)'nin yaptığı bir çalışmada; İtalya'da yetiştirilen 3 yerli sığır ırkından (Piedmontese, Maremmana ve Podolica) alınan 120 bireyde 13 farklı kromozom üzerinde bulunan 21 farklı mikrosatellit lokusu kullanılarak popülasyonlar arası ve popülasyonlar içerisindeki genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Çalışmada en çok allel *TGLA122* (19 allel / lokus) mikrosatellit bölgesinde, en az allel sayısının ise *BMC1013* isimli (3 allel / lokus) mikrosatellit bölgesinde olduğu belirlenmiştir. Lokus başına düşen ortalama allel sayısının 9.8 allel / lokus olduğu, en yüksek ortalama allel sayısının Podolica ırkında olduğu ( 8.5 allel / lokus), en düşük ortalama allel sayısının ise Piedmontese ırkında (7.3 allel / lokus) olduğu bildirilmiştir.

Irklardaki gen çeşitliliği değerlerinin 0.206 ila 0.878 arasında değiştiği belirlenmiştir. İtalyan yerli ırklarından Podolica ırkında genetik varyasyonun oldukça yüksek olduğu belirlenmiş olup, aynı ırkın heterozigotluk değerlerinin (0.155) ve gen çeşitliliği değerlerinin (0.741) oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. En düşük yakın akrabalı yetiştirme oranının (inbreeding rate) Piedmontese ırkında olduğu (0.102) bulunmuştur. Genetik uzaklıklar incelendiğinde, Piedmontese ve Maremmana ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.069, Piedmontese ve Podolica ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.050 ve Maremmana ve Podolica ırkı arasındaki genetik uzaklığın ise 0.041 olduğu belirlenmiştir.

Genetik uzaklık değerleri arasındaki farklılıklar incelendiğinde, ırkların farklı orijinlerden geldikleri ifade edilmiştir. Maremmana ve Podolica ırkının Bozstep sığır ırkı grubundan köken aldığı, Piedmontese ırkının ise İtalya'nın kuzeyindeki alçak bölgelerde yetiştirilen sığır ırkı grubundan köken aldığı bildirilmiştir. Tüm ırklarda

gözlenen heterozigotluk değerlerinin beklenen heterozigotluk değerlerinden önemli derecede farklı olmadığı bulunmuştur. Tüm bu sonuçlar incelendiğinde İtalyan yerli sığır ırklarının genetik yapının incelenmesinde 21 farklı mikrosatellit ırklar arasındaki farklılıkları ayırt etmede yeterli olmadığı bildirilmiştir.

Sekiz İngiliz sığır ırkında (Jersey, Friesian, Dexter, Hereford, Highland, A.Angus, Ayrshire, Guernsey) genetik çeşitliliğin incelendiği bir çalışmada, FAO tarafından kabul edilen 30 mikrosatellit bölgesi ile 400 bireyde çalışılmıştır (Wiener ve ark., 2004). Çeşitli istatistik metotlar ile ırklar arasındaki ve ırklar içerisindeki genetik çeşitliliğin incelendiği çalışmada, ırklar arasındaki ilişkiler net olarak belirlenememiş ve ırkların gruplanması ile coğrafik dağılım arasında bir ilişkinin olmadığı belirlenmiştir.

Wiener ve ark.(2004)'nın bu çalışmasında ırklar arasında ortalama allel sayılarının benzer olduğu belirlenmiş olup, ortalama allel sayısının 4.33 (Highland) ile 6.37 (Friesian) allel / lokus arasında değiştiği bildirilmiştir. Beklenen heterozigotluk değerlerinin ( $H_e$ ) sırası ile 0.56 ile 0.68 arasında olduğu, gözlenen heterozigotluk değerinin ( $H_o$ ) ise 0.56 ile 0.67 arasında olduğu bulunmuştur. Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna göre veriler analiz edildiğinde, elde edilen genetik uzaklık değerlerinin 0.3846 (Ayrshire-Friesian) ile 0.6921 (Guernsey-Highland) arasında değiştiği görülmüştür.

Genetik uzaklık verilerinden yararlanılarak çizilen ağaçta, 3 farklı gruplamanın görüldüğü bildirilmiştir. Bu gruplamalarda Jersey ve Siyah Beyaz alaca ırkı birbirlerinden ayrı olarak gruplanmıştır. Bireyler arasındaki genetik farklılıklar incelendiğinde, ırklara ait bireylerin birbirinden tamamen net olarak ayrılmadığı; fakat Jersey, Highland ve Guernsey ırklarına ait bireylerin diğerlerine oranla diğer ırklardan ayrılıp ayrı olarak gruplandığı belirtilmiştir.

Irklar arasında ve ırklar içerisindeki genetik varyasyonun dağılımını belirlemek için yapılan moleküler varyans analizi (AMOVA)'nde elde edilen sonuçlar incelendiğinde toplam genetik varyasyonun %87'sinin ırkların içerisinde, %13'ünün ise ırklar arasında olduğu bulunmuştur.

Wiener ve ark. (2004)'nin çalışmasında mevcut genetik yapının incelenmesi ve ırklara ait bireylerin ırklara tayin edilme düzeylerini belirlemek için yapılan yapı testi (structure)'nde elde edilen sonuçlar incelendiğinde, K=8 değerinde en yüksek olasılığın elde edildiği yapılan Wilcoxon testi sonucunda bulunmuştur. Çalışmada K=8 değerinde çalışılan örneklerin en iyi gruplamayı verdiği bildirilmiştir. Sekiz farklı ırka ait bireylerin en iyi şekilde ayrılmasında K=8 değerinin uygun olduğu, analiz sonucunda %90' dan fazla bireyin her bir ırka tayin edilebildiği belirtilmiştir.

Çalışmada ırkları tanımlama değeri (breed integrity) hesaplanmış olup, bu değerin 0.726 (Ayshire) ile 0.924 (Jersey) arasında değiştiği görülmüştür. En yüksek ırkları tanımlama değeri Jersey ırkında en yüksek, Ayshire ırkında ise en düşüktür. Bu değer, ırklar içinde ortak paylaşılan allellerin ırklar arasından daha fazla olduğunu göstermekte olup, Jersey örneklerinde ırk içinde paylaşılan ortak allellerin Ayshire ırkından daha fazla olduğunu göstermektedir.

Tüm bu analiz sonuçları dikkate alındığında İngiliz sığır ırkları içerisinde görülen varyasyon çok fazla olmamasına rağmen, ırklar arasındaki farklılıkların önemli olduğu belirtilmiştir.

Altınalan (2005)'nin yaptığı bir çalışmada, 26 farklı mikrosatellit lokusu ile Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan 4 yerli sığır ırkı (Bozırk, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı ve Doğu Anadolu Kırmızısı ) ve bir kültür sığır ırkının (Siyah Alaca) genetik yapısı incelenmeye çalışılmıştır.

Çalışmada 26 mikrosatellit bölgesinde toplam 719 allel uzunluğu belirlenmiş olup, popülasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayıları sırası ile Yerli Kara ırkında 12.12, Bozırk'ta 13.27, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında 11.65,

Doğu Anadolu Kırmızı ırkında 12.77 ve Siyah Alaca ırkında ise 11.04 olduğu belirlenmiştir.

Tüm lokuslar ve populasyonlar için gözlenen ortalama heterozigotluk ile değeri ile genetik çeşitlilik değerinin sırası ile 0.45 ve 0.87 olduğu hesaplanmıştır. Türkiye'deki yerli sığır ırklarında gözlenen heterozigotluğun 0.433 (Bozırk) ile 0.449 (Doğu Anadolu Kırmızısı) arasında değiştiği; beklenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.874 (Yerli Kara) ile 0.883 (Bozırk) arasında değiştiği belirlenmiştir.

Çalışmada ortalama  $F_{IS}$  değerinin 0.497 olduğu belirlenmiş olup yapılan önemlilik testi sonucunda çalışılan populasyonların Hardy –Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir.  $F_{ST}$  değerlerinin ise 0.0575 ile 0.0981 arasında değiştiği belirlenmiştir. Hesaplanan  $F_{ST}$  değerlerinin önemlilik testinin yapılması sonucunda, populasyonlar arası  $F_{ST}$  değeri farklılıklarının  $P < 0.001$ 'e göre önemli olduğu belirlenmiştir.

Altınalan (2005)'nin bu çalışmasında, Nei'nin  $D_A$  ve Shriver ve ark.(1995)'nin  $D_{SW}$  genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak çizilen komşu birleştirme ağaçları ve faktöriyel birleştirme analizi sonuçları incelendiğinde, Türkiye'deki yerli ırkların birbirlerinden ayrıldıkları ve Siyah Alaca ırkının diğer tüm ırklardan oldukça farklı bir konumda yer aldığı belirlenmiştir.

$D_A$  genetik uzaklığı metoduna göre çizilen komşu birleştirme ağacında, Bozırk ve Siyah Alaca ırkı birlikte gruplanırken, Anadolu'nun yerli ırkı olarak nitelendirilen Yerli kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının Avrupa orijinli ırklardan belirgin bir şekilde ayrıldığı belirlenmiştir. Fakat çizilen ağacın güvenilirliğini test etmek için yapılan bootstrap testi sonucunda, elde edilen bootstrap değerlerinin düşük olduğu (%42'den düşük) belirlenmiştir.

Çalışmada ayrıca Shriver ve ark.(1995)'nin  $D_{SW}$  metoduna göre çizilen komşu birleştirme ağacında ise, Bozırk ve Siyah Alaca ırkının birlikte gruplandığı, Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkının birlikte gruplandığı fakat Doğu Anadolu Kırmızısı

ırkının ise hafif bir farklılaşma gösterdiği belirlenmiştir. Bunun nedeninin ise, Anadolu'nun yerli ırkı olduğu nitelendirilen Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının coğrafik olarak birbirlerine yakın olduklarından kaynaklanmış olabileceği belirtilmiştir. Doğu Anadolu Kırmızısı ırkının farklı olarak bulunmasının nedeninin ise, eski Sovyetler Birliği döneminde bu ırkın et verim yönlü ıslah edilmesi ve oradan da Anadolu'ya (sözlü ifade-literatür verilmemiş ) geçmesi nedeniyle olabileceği belirtilmiştir.



## **5. MATERYAL VE METOD**

### **5.1. ÇALIŞILAN POPULASYONLAR**

Çalışmada Türkiye'nin farklı coğrafi bölgelerinin çevre koşullarına uyum sağlamış farklı verim özellikleri açısından yetiştiriciliği yapılan 4 yerli (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara) ve 3 kültür sığır ırkının (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Beyaz Alaca) genetik çeşitliliğinin ve mevcut populasyonların genetik yapılarının incelenmesi için her populasyondan ortalama 45'er birey şansa bağlı olarak seçilmiştir. Her bir ırka ait bireylerden 10 ml kan örneği alınmış ve bu kan örneklerinden DNA izole edilmiştir.

### **5.2. ÖRNEKLERİN TOPLANDIĞI ALANLAR**

Çalışmada 4 yerli ve 3 kültür sığır ırkı ile çalışılmaktadır.

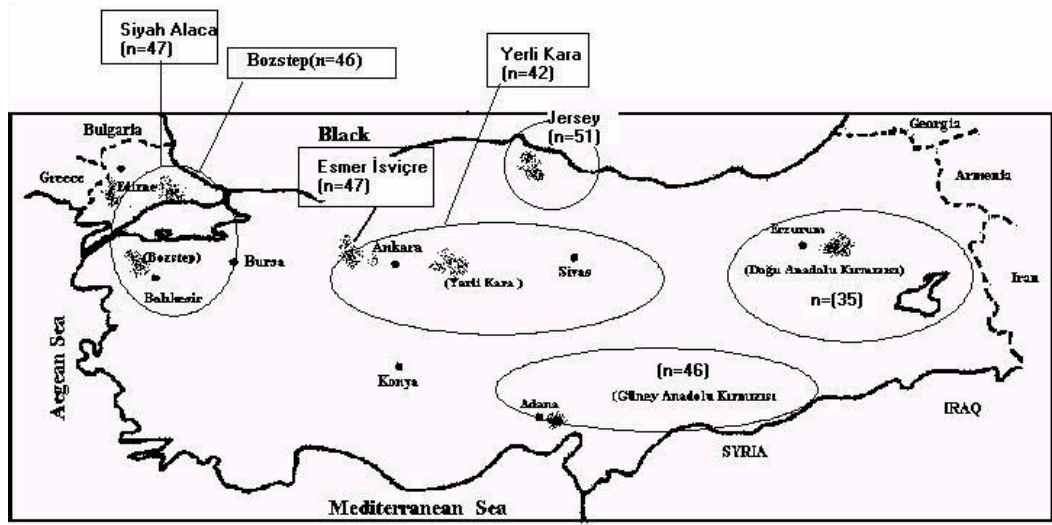
#### **YERLİ IRKLAR**

- 1) Yerli Kara
- 2) Doğu Anadolu Kırmızısı
- 3) Güney Anadolu Kırmızısı
- 4) Bozırk (Bozstep)

#### **KÜLTÜR IRKLARI**

- 1) Siyah Beyaz Alaca (Holstein Friesian)
- 2) Esmer İsviçre (Brown Swiss)
- 3) Jersey (Jersey)

Aşağıdaki şekilde örneklerin alındığı bölgeler Türkiye haritası üzerinde gösterilmiştir.



**Şekil 5.** Çalışılan Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Populasyonların Örneklerinin Toplandığı Yerler.

Aşağıdaki tabloda ise çalışılan populasyonlardan alınan örnek sayıları ve örneklerin toplanma yerleri ve ırkların asıl dağılım bölgeleri hakkında bilgiler verilmiştir.

**Tablo.1:** Çalışılan Populasyonların Örneklerinin Alındığı Yerler ve Bu Irkların Türkiye'deki Dağılım Bölgeleri

Populasyon	Örnek Sayısı	Örnek Alınan Yerler	Lokasyon
<b>Bozırk</b>	46	Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsü ve Enez civarındaki köylerden örnekler alınmıştır.	Trakya ve diğer Marmara bölgesi illerinde yetiştirilmektedir.
<b>Yerli Kara</b>	42	Çankırı – Kastamonu civarındaki köylerden örnekler alınmıştır.	Orta ve Kuzey Anadolu'da yetiştirilmektedir.
<b>Doğu Anadolu Kırmızısı</b>	35	Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsünden örnekler alınmıştır.	Kars ve Erzurum başta olmak üzere Anadolu'nun Doğu ve Kuzey doğusunda yetiştirilmektedir.
<b>Güney Anadolu Kırmızısı</b>	46	Çukurova Tarımsal Araştırma Enstitüsünden örnekler alınmıştır.	Torosların güneyinde kalan Akdeniz Bölgesi ile Güney Anadolu bölgelerinde yetiştirilmektedir.
<b>Jersey</b>	51	Karaköy Tarım İşletmesinden örnekler alınmıştır.	Yayımla alanı Karadeniz Bölgesi ile sınırlı kalmıştır.
<b>Siyah Beyaz Alaca</b>	47	Türkgeldi Tarım İşletmesinden örnekler alınmıştır.	Türkiye'nin tüm bölgelerinde başarı ile yetiştirilebilmektedir.
<b>Esmer İsviçre</b>	48	Anadolu Tarım İşletmesinden örnekler alınmıştır.	Batı Anadolu, İç Anadolu ve Doğu Anadolu bölgelerinde yetiştirilebilmektedir.

### **5.3. MİKROSATELLİT DNA İŞARETLERİNİN ÇALIŞILMASINA İLİŞKİN METOD**

#### **5.3.1. Örneklerin Hazırlanması**

Çalışma'da her populyasyondan ortalama 45'er bireyden alınan kan örnekleri -20 °C'de muhafaza edilmiştir. Tüm bireylerin DNA izolasyonları Fenol – Kloroform yöntemine göre izole edilmiştir (Sambrook ve ark., 1989). DNA izolasyonlarının tümü Orta Doğu Teknik Üniversitesi Biyoloji bölümü laboratuvarında yapılmıştır.

#### **5.3.2. Toplam DNA İzolasyonu: Fenol-Kloroform Tekniğine Göre Kandan DNA İzolasyonu**

K<sub>3</sub> EDTA'lı (0.5 ml 0.5M'lık - PH:8.0 EDTA (Ethylenediaminotetra acetic acid)'dan olarak hazırlanır) tüplere konan kan örnekleri (≈10 ml) kullanılıncaya kadar -20 °C'de saklanmıştır.

DNA kandan fenol kloroform isoamilalkol (25:24:1) ekstrasyon yöntemi ile izole edilmiştir. 10 ml'lik kanlar 50 ml'lik falkon tüplere konduktan sonra kırmızı kan hücrelerini lizize etmek için (2X) Lysis çözeltisi ile (10X Lysis çözeltisi: NH<sub>4</sub>Cl (Ammonium Chloride) 770 mM, KHCO<sub>3</sub> (Potassium Bicarbonate) 46 mM, EDTA 10mM) 50 ml'ye tamamlanır. Tüpler ters düz edilerek nazıkça 10 dakika karıştırılmakta ve daha sonra tüpler 3000 rpm'de +4 °C'de 10 dakika santrifuj edilmektedir. Bir sonraki aşamada süpernatant dökülmekte ve sonra pelet 3 ml Tuz / EDTA solusyonu (Tuz / EDTA çözeltisi: NaCl 75mM, EDTA 25mM) ile vorteks aletinde karıştırılır. Üzerine 0.3 ml %10'luk SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) ve 150 µl Proteinaz K (10 mg / ml) konarak 55 °C'de 3 saat inkübasyona bırakılır. İnkübasyondan alınan tüplere 3 ml fenol konarak 3000 rpm'de (devir / dakika) +4 °C'de 10 dakika santrifuj edilmektedir. Daha sonra bir başka tüpün içerisine üst faz alınır ve üzerine 3 ml fenol:kloroform isoamil alkol (25:24:1) konarak 3000 rpm'de + 4 °C'de 10 dakika santrifuj edilir. Üst faz ucu kesik pipet ucu ile alınarak yeni bir cam tüpün içerisine konur. Üzerine 1 ml 3M (molar)

Sodyum Asetat (Sodium Acetate) ve 2 katı kadar saf alkol (%96'lık) eklenir. Tüpler nazikçe sallanır.

Tüm bu işlemler ile elde edilen DNA, ucu çengel şeklinde olan pastör pipeti ile alınarak içerisinde 500µl Tris – EDTA (10mM Tris, 1mM EDTA PH:7.5 – TE) solusyonu olan 1.5ml'lik ependorf tüplere konulur ve -20 °C'de muhafaza edilebilir. DNA'nın izolasyonu aşamasından sonra DNA çözeltisinin kullanılacak olan miktarı +4 °C'de tutulurken geri kalan kısmı -20 °C'de saklanabilir.

### **5.3.3. DNA Bantlarının Gözlenmesi**

DNA bantları %0.6'lık agaroz jellerde gözlemlenmektedir. Ölçüsünün küçük olduğu agaroz tankının kullanıldığı laboratuvarlarda 0.18 gr agaroz 30 ml (0.5 X) TBE (Tris-Borik Asit-EDTA) tamponu içerisinde mikrodalga fırında eritilerek hazırlanabilmektedir. Daha sonra bu karışım içerisine 1 µl Etidyum–Bromür (EtBr) (10mg/ml) ilave edilebilmektedir.

Karışım tarak içeren jel tepsinine dökülerek oda sıcaklığında polimerize olması için beklenmektedir. Ardından tarak dikkatlice alınmaktadır. Daha sonra 1 µl DNA örneğine 5 µl Bromofenol mavisi solusyonu ile 5 µl dH<sub>2</sub>O (distile su ) ilave edilmektedir.

Karışımın tamamı jelin kuyucuklarına yüklenir ve jel 100 V voltajda ve 30 A akımda 30 dakika yürütülmektedir. Elektroforez içerisindeki tampon 0.5X TBE (Tris – Borik asit –EDTA) tamponudur. Jel UV ışığında gözlemlenebilmektedir. Bantların önlerinde ve arkalarında başka bantların olmamasına dikkat edilmelidir.

### **5.3.4. Mikrosatellit Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Yükseltgenmesi**

İlk kez 1985 yılında bilim dünyasına sunulduğundan itibaren Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) hem araştırmalarda hemde klinik laboratuvarlarda yeni bir çağır açmıştır. Polimeraz zincir reaksiyonu tekniği, ABD’de Cetus Corporation’da çalışan Henry A. Erlich, Kary Mullis ve Randall K. Saiki tarafından geliştirilmiştir (Mullis, K.B.; 1990) . Bu buluşundan dolayı K. Mullis 1993 yılı Nobel Kimya Ödülünü hak kazanmıştır.

PCR reaksiyonu DNA’nın iki zincirinin yüksek ısı ile birbirinden ayrılmasını (denatürasyon), daha sonra sentetik oligonükleotidlerin hedef DNA’ya bağlanmasını (hibridizasyonu), sonra zincirin uzamasını (polimerizasyonu) (çift iplikçi DNA’ların sentezi) ve bu döngülerin belirli sayıda tekrarlanmasına dayanır.

Denatürasyon, primerlerin bağlanması ve DNA’nın sentezi olarak nitelendirilen bu 3 adım PCR döngüsünü oluşturmaktadır. Her adım farklı ısılarda gerçekleştirilir. Birinci adım hedef DNA’nın denatürasyonu yani DNA’nın çift sarmalının çözülmesi aşaması olup DNA’lar 92-95 C<sup>0</sup> de tek iplikçikli hale gelir. Bu işlem 1-5 dakika sürmektedir. İkinci adım primerlerin bağlanmasıdır. PCR cihazı ısıyı otomatik olarak her primerin bağlanması için gerekli olan ve programlanma esnasında belirtilmiş sıcaklığa kadar düşürür. Primerler komplementeri olan tek iplikçikli DNA dizisine bağlanır. Bu işlem de 3-5 dakika sürer. Üçüncü aşamada polimerizasyon aşaması olup alet ısısını 70-72 <sup>0</sup>C’ye çıkartarak tüpler içerisinde bulunan ve ısıya dayanıklı olan Taq Polimeraz enziminin sentez yapmasını sağlar.

25-30 döngüden sonra DNA milyonlarca kez çoğaltılmış olacaktır. Bu teknik ile bir DNA hedefini 10<sup>6</sup> – 10<sup>12</sup> arasında çoğaltmak mümkün olmaktadır. Yöntemin temelini çoğaltmak istenen bölgenin iki ucuna özgü ve bu bölgedeki baz dizilerine uygun bir çift sentetik oligonükleotid primer (18-20 baz uzunluğunda) kullanılarak, bu iki primer ile sınırlandırılan bölgenin enzimatik olarak sentezlenmesine dayanır. Polimeraz zincir reaksiyonu tekniği çok az miktarda DNA ile çalışılmasına olanak

sağlamaktadır. PCR tekniđi laboratuvar alıřmalarına ok byk bir hız ve kesinlik kazandırmıřtır. PCR tekniđi iin kullanılan DNA rneđi genelde genomik DNA'dır. PCR tekniđi iin ođaltılacak olan blgeyi sađdan ve soldan evreleyen bir ift sentetik primer, dNTP'ler (A,T,G ve C) ; ısıya dayanıklı DNA polimeraz enzimi, uygun pH ve iyon kořullarını ( $Mg^{+2}$ ) sađlayan tampon karıřımı ve Taq polimeraz enzimi gereklidir.

Polimeraz Zincir reaksiyonu tekniđinde ilk birkaç dng spesifik DNA paralarının hedef DNA'da yapıřacakları yerleri tarama fazıdır. Amplifikasyon daha sonra bařlamaktadır. PCR tekniđinin tm dngleri bir nceki dngde sentezlenen rneklerin denatrasyonu ile bařlar. Polimeraz zincir reaksiyonu tekniđi ile ođaltılan DNA blgesi agaroz jel veya poliakrilamid jellerde yrtlr ve bantlar gzlemlenebilir. Mikrosatellit blgelerinin ođaltılmasında da yukarıda anlatılan PCR tekniđi kullanılmaktadır. Bu durumda mikrosatellit blgesine zg hazırlanmıř primerler denatre olarak tek kollu hale getirilmiř DNA kitlesi ierisinde kendisine zg komplementer blgeye bađlanmakta PCR sreci ile kontrol edebildiđi uzunluktaki tek kollu molekl ift kollu hale getirmektedir. Bu primer belirli uzunluktaki DNA kitlesi ierisinde kendine btnler daha dođrusu iřlev grebileceđi ne kadar komplementer blge varsa hepsinde ykseltgenme iřlevini srdrmektedir.

Buna gre eđer alıřılan birey biri anneden diđer babadan gelen kromozomlar bakımından her ikisinde de benzer belirli sayıdaki mikrosatellit blgelerine sahip ise yani homozigot ise PCR sreci ile bađlanılan ve ođaltılan mikrosatellit blgesinin grnts elektroforez sonucunda jel zerinde tek bant meydana getirecektir. Oysa bir birey heterozigot ise yani anne ve babadan gelen kromozomlarda farklı uzunlukta mikrosatellit blgeleri ieriyorsa PCR sonucunda elde edilen DNA'nın elektroforezi neticesinde 2 farklı uzunlukta DNA molekl nedeni ile ift bant gzlemlenecektir. Bylece tek bant ile gzlemlenen bireylerin mikrosatellit lokusları bakımından homozigot, ift bant ile gzlenen bireylerin genotiplerinin ise heterozigot olduđu anlařılmıř olacaktır.

### 5. 3.5. Çalışmada Kullanılan Mikrosatellit İşaretleyiciler

Çalışmada 7 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Mikrosatellit bölgelerinin seçiminde gözönüne alınan kriterler, farklı kromozom bölgeleri üzerinde olmalarına, polimorfizm düzeyinin yüksek olmasına, heterozigotluk düzeylerinin yüksekliğine allel sayılarına ve allel uzunluklarının birbirine olan uzaklıklarına, ebeveyn tayininde kullanılabilecek mikrosatellit bölgelerinin olmasına dikkat edilmiştir.

#### A) *TGLA122* İsimli Mikrosatellit Bölgesi

Ticari ismi *TGLA122* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.2.1.** *TGLA122* İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler.

<b>Kromozom :</b>	21. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC
<b>Primer (geri)</b>	AATCACATGGCAAATAAGTACATAC

Bölgenin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 mM primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	40pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	
Yukarıdaki içerikler dH <sub>2</sub> O ile 20 µl'ye tamamlanır.		

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.2.2. TGLA122 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık( <sup>0</sup> C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 <sup>0</sup> C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 <sup>0</sup> C'de	30 saniye	30 döngü
	55 <sup>0</sup> C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 <sup>0</sup> C'de	30 saniye 1 dakika	
3. Basamak	72 <sup>0</sup> C'de (uzama safhası )	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

### **B) ETH 225 İsimli Mikrosatellit Bölgesi**

Ticari ismi *ETH225* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.3.1. ETH225 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi ile İlgili Tanımlayıcı Bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	9. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	GATCACCTTGCCACTATTTCT
<b>Primer (geri)</b>	ACATGACAGCCAGCTGCTACT

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	10 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	
Yukarıdaki içerikler dH <sub>2</sub> O ile 20 µl'ye tamamlanır.		

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.



**Tablo.3.2. ETH225 İsimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık(°C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 °C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 °C'de	30 saniye	30 döngü
	55 °C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 °C'de	30 saniye 1 dakika	
3. Basamak	72 °C'de (uzama safhası)	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

### C) ETH 10 İsimli Mikrosatellit Bölgesi

Ticari ismi *ETH10* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.4.1. ETH10 İsimli Mikrosatellit DNA Bölgesi İle İlgili Tanımlayıcı Bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	5. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA
<b>Primer (geri)</b>	CCTCCAGCCCACTTCTCTCTC

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	10 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	

Yukarıdaki içerikler dH<sub>2</sub>O ile 20 µl'ye tamamlanır.

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.4.2. ETH10 isimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık( <sup>0</sup> C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 <sup>0</sup> C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 <sup>0</sup> C'de 55 <sup>0</sup> C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 <sup>0</sup> C'de	30 saniye 30 saniye 1 dakika	30 döngü
3. Basamak	72 <sup>0</sup> C'de (uzama safhası )	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

#### **D) TGLA227 İsimli Mikrosatellit Bölgesi**

Ticari ismi *TGLA227* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.5.1. TGLA227 isimli mikrosatellit DNA bölgesi ile ilgili tanımlayıcı bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	18. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT
<b>Primer (geri)</b>	ACAGACAGAAACTCAATGAAAGCA

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	50 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	

Yukarıdaki içerikler dH<sub>2</sub>O ile 20 µl'ye tamamlanır.

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.5.2. TGLA227 isimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık(°C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 °C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 °C'de	35 saniye	32 döngü
	55 °C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 °C'de	35 saniye 40 saniye	
3. Basamak	72 °C'de (uzama safhası)	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

### E) *HEL5* İsimli Mikrosatellit Bölgesi

Ticari ismi *HEL5* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.6.1. *HEL5* isimli mikrosatellit DNA bölgesi ile ilgili tanımlayıcı bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	21. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	GCAGGATCACTGTAGGGA
<b>Primer (geri)</b>	AGACGTTAGTGACATTAAC

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	20 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	

Yukarıdaki içerikler dH<sub>2</sub>O ile 20 µl'ye tamamlanır.

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.6.2. TGLA227 isimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık(°C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 °C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 °C'de	30 saniye	32 döngü
	55 °C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı)	30 saniye	
	72 °C'de	1 dakika	
3. Basamak	72 °C'de (uzama safhası)	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

#### F) *ILSTS005* İsimli Mikrosatellit Bölgesi

Ticari ismi *ILSTS005* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.7.1. *ILSTS005* isimli mikrosatellit DNA bölgesi ile ilgili tanımlayıcı bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	10. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC
<b>Primer (geri)</b>	TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	20 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	

Yukarıdaki içerikler dH<sub>2</sub>O ile 20 µl'ye tamamlanır.

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.7.2. ILSTS005 isimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları**

Basamaklar	Sıcaklık(°C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 °C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 °C'de 55 °C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 °C'de	30 saniye 30 saniye 1 dakika	32 döngü
3. Basamak	72 °C'de (uzama safhası)	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

### G) ILSTS006 İsimli Mikrosatellit Bölgesi

Ticari ismi *ILSTS006* olan mikrosatellit DNA bölgesinin primer dizilimleri ve kromozom sayısı aşağıda verilmiştir.

**Tablo.8.1. ILSTS006 isimli mikrosatellit DNA bölgesi ile ilgili tanımlayıcı bilgiler.**

<b>Kromozom :</b>	7. Kromozom
<b>Lokus Tipi :</b>	DNA ( Polimorfik)
<b>Primer (ileri)</b>	TGTCGTATTTCTGCTGTGG
<b>Primer (geri)</b>	ACACGGAAGCGATCTAAACG

Bu mikrosatellit bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu tekniği ile çoğaltılmasında kullanılan bileşenler aşağıda gösterilmiştir. Bu bileşenlerin tümü belirtilen miktarlarda 0.2 ml'lik PCR ependorf tüpüne konulmuştur.

Bileşenler	PCR Bileşimine konulan miktar	Stok Konsantrasyonu
<b>1X PCR Tamponu (TBE)</b>	2.0 µl	10 X PCR Tamponu
<b>2.0 mM MgCl<sub>2</sub></b>	1.6 µl	25mM
<b>200 mM her dNTP</b>	1.0 µl	10mM
<b>2.5 Mm primer F&amp;R (ileri ve geri)</b>	1.0 µl	20 pmol / µl
<b>Taq DNA Polimeraz Enzimi (1.5 unit)</b>	0.3 µl	5 u / µl
<b>DNA (100 ng)</b>	3.0 – 5.0 µl	

Yukarıdaki içerikler dH<sub>2</sub>O ile 20 µl'ye tamamlanır.

Bu bölgenin yükseltgenme koşullarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir.

**Tablo.8.2.** *ILSTS006 isimli Mikrosatellit Bölgesinin Yükseltgenme Koşulları*

Basamaklar	Sıcaklık(°C)	Zaman	Döngü sayısı
1. Basamak	94 °C'de (denatürasyon sıcaklığı)	5 dakika	1 döngü
2. Basamak	94 °C'de 55 °C'de (primerlerin DNA'ya bağlanma sıcaklığı) 72 °C'de	30 saniye 30 saniye 1 dakika	32 döngü
3. Basamak	72 °C'de (uzama safhası)	10 dakika	1 döngü

Her bir PCR reaksiyonunda birde negatif kontrol (örnek DNA ilavesi yapılmamış bir tüp) hazırlanarak polimeraz zincir reaksiyonu sırasında herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığına kontrol edilmiştir.

Mikrosatellit bölgelerinin yükseltgenmesinde Applied Biosystems Gene Amp ® PCR Systems 2700 isimli PCR cihazı kullanılmıştır (Şekil 6).



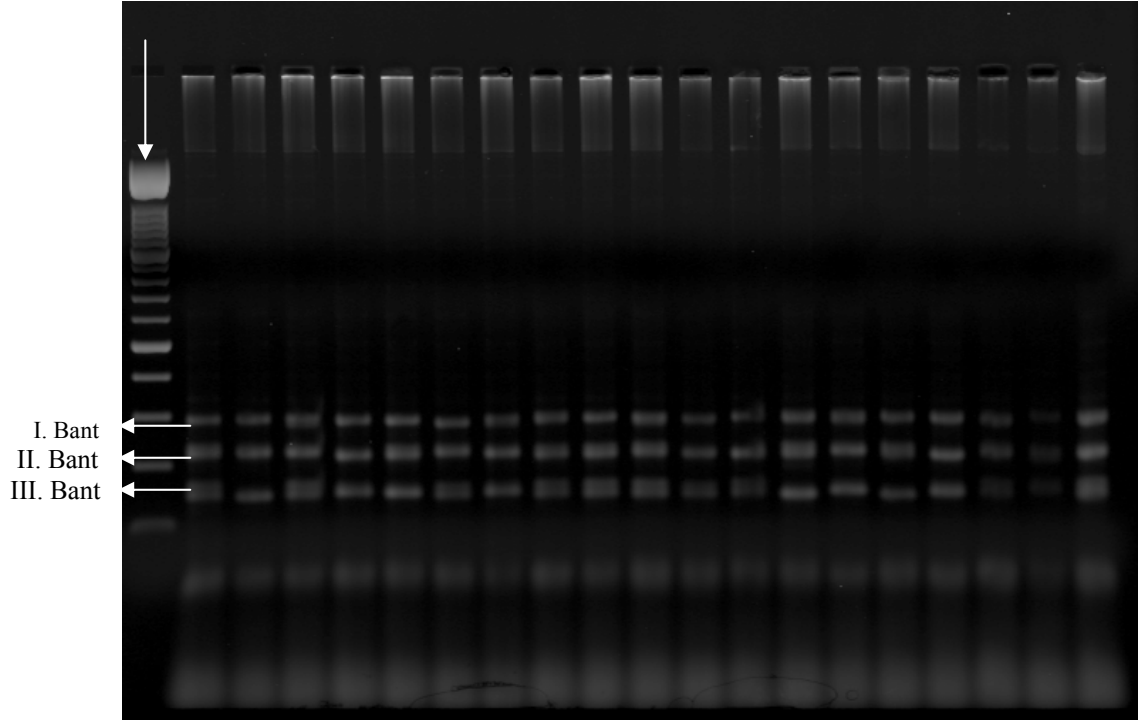
**Şekil.6.** *İtalya – ConsDABI Araştırma Merkezinde Kullanılan PCR Cihazından Bir Görünüm*

### **5.3.6. Polimeraz Zincir Reaksiyonu Sonucunda Elde Edilen DNA Bantlarının Gözlenmesi**

Polimeraz Zincir Reaksiyonu sonucunda yükseltgenen DNA bölgelerine ait bantların gözlenmesi için %2'lik agaroz jeller kullanılmıştır. %2'lik agaroz jelin hazırlanmasında 0.5XTBE solusyonu ve 6 µl Etidyum Bromür (Etidium Bromide-EtBr) kullanılmıştır. Hazırlanan 120 ml agaroz jel mikrodalga fırında kaynatıldıktan sonra elektroforez tankına konup 30 dakika polimerizasyon için bekletilmiştir.

Katılaştıran jele gömülü olan tarak çıkartıldıktan sonra jelin üst kısmı tamamen örtülünceye kadar 0.5X TBE solusyonu ile tamamlanmıştır (10XTBE solusyonu: 1 litre için 109 g Tris; 55.6 g Boric Asit; 5.8 g EDTA). PCR ürünleri kuyulara yüklenmeden önce yükleme çözeltisi (loading buffer) ile eşit hacimde karıştırılarak boyandı. Yükleme çözeltisi hazır olarak satın alınabildiği gibi laboratuarda da hazırlanabilmektedir. (6X Bromophenol Blue: %25 Bromophenol Blue; %40 Sucrose ve %35 dH<sub>2</sub>O) 7 µl PCR ürünü ile 7 µl Bromophenol mavisi karıştırılıp kuyulara yüklenmiştir. Jel 0.5X TBE solusyonunun bulunduğu tank içerisinde 100 V elektrik akımında bantlar jelin sonuna gelinceye kadar yürütüldü. Etidyum Bromid (Etidium Bromide) ile boyanmış olan DNA molekülleri ultra viyole (UV) ışık veren görüntüleme cihazında (UV transliminatör) görüntülendi. Jel fotoğrafları Typhoon adı verilen gel görüntüleme aletinde çekildi.

Aşağıdaki şekilde (Şekil 7) çoklu (multipleks) polimeraz zincir reaksiyonu sonucunda yükseltgenen DNA bölgelerine ait bantlar agaroz jelde görülmektedir.



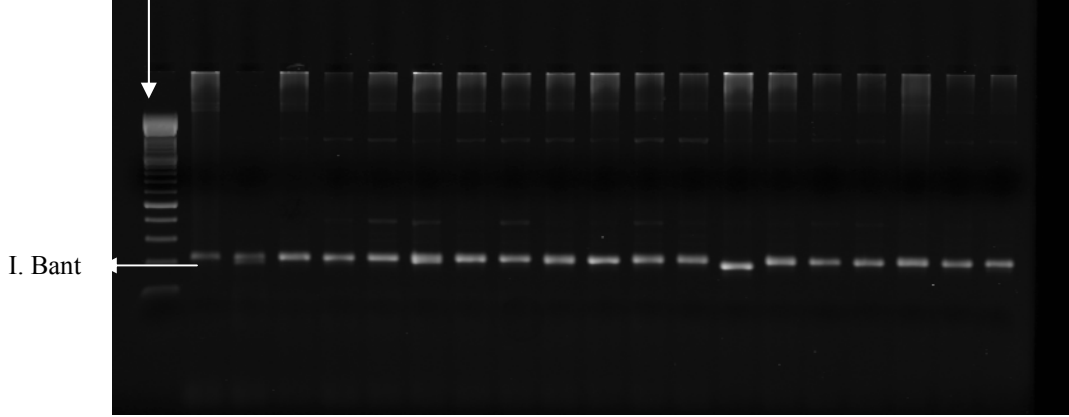
**Şekil.7.** Agaroz Jel (%2'lik) Üzerinde *ETH225*, *ETH10* ve *ILSTS006* İsimli Mikrosatellit genBölgelerinin Çoklu (Multipleks) Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Çoğaltılması Sonucunda Bantların Görünüşü.

Şekildeki ok ile gösterilen ilk Kuyucuk; 100 bp standart işaretleyici (marker); 2., 3., 4., 5.,.....20. kuyucuk; Örnek bireylerin üç mikrosatellit bölgesi ile yükseltgenmesi sonucunda görülen 3 farklı bantın görüntülenmesi.Yukarıdan aşağıya; I. bant *ILSTS006* mikrosatellit bölgesine ait olan bant, II. Bant *ETH10* mikrosatellit bölgesine ait olan bant, III. bant ise *ETH225* mikrosatellit bölgesine aittir (Şekil.7.).

Çoklu (multipleks) polimeraz zincir reaksiyonu; iki yada daha fazla DNA bölgesinin aynı reaksiyonda ve aynı zamanda yükseltgenmesini (çoğaltılmasını) sağlayan bir uygulamadır (Henegariu ve ark., 1997). Çalışmada çoklu (multipleks) polimeraz zincir reaksiyonu metodu ile yükseltgenen mikrosatellitler iki gruba ayrılmıştır. Birinci grup *ETH225*, *ETH10* ve *ILSTS006*; ikinci grup *TGLA122*, *ILSTS005* ve *HEL5*'tir. *TGLA227* mikrosatelliti tek başına yükseltgenmiştir (Şekil. 8).



Çoğaltma sonucunda bantlar gözlemlendikten sonra kapiller elektroforezi (Perkin Elmer ABI 310 Genetic Analyzer- Şekil.9.) aletinin kullanılması ile DNA bölgelerinin allel uzunlukları belirlenmiştir. ABI 310 Genetik Analiz aletinde (kapiller elektroforezi) kullanılan paket program GeneScan programıdır(GeneScan ® Analysis Software).



**Şekil.8.** *Agaroz Jel (%2'lik) Üzerinde TGLA227 İsimli Mikrosatellit Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu İle Çoğaltılması Sonucunda Bantların Görünüşü.*

Şekildeki ok ile gösterilen ilk kuyucuk; 100 bp standart marker; **2., 3., 4., .....20. kuyucuk;** TGLA227 mikrosatellit bölgesinin yükseltgenmesi sonucunda gözlemlenen tekli bantlar (Şekil.8.) de verilmiştir. .

Çalışmaya ait olan deneylerin bir bölümü Orta Doğu Teknik Üniversitesi Biyoloji Bölümü Laboratuvarında, diğer bir bölümü ise İtalya – Benevento'daki ConsDABI (Consortium of Experimentatio, Divulgation and Application of Innovative Biotechniques) Araştırma merkezinde yürütülmüştür.

Orta Doğu Teknik Üniversitesi Biyoloji Bölümünde çalışılan sığır ırklarına ait bireylerin DNA'larının izolasyonu ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile yükseltgeme tekniğine ait protokollerin yani yükseltgenme koşullarının oturtulması yapılmıştır. ConsDABI Araştırma Merkezinde ise, tüm popülasyonlara ait bireylerin Polimeraz zincir Reaksiyonu ile yükseltgenmesi ve ABI 310 kapiller elektroforezinin kullanılması

ile alel uzunluklarının belirlenmesi yapılmıştır. ConsDABI araştırma merkezinde kullanılan PCR aleti Applied Biosystems GeneAmp® PCR Systems2700 thermal cyclers'dır (Şekil 6).



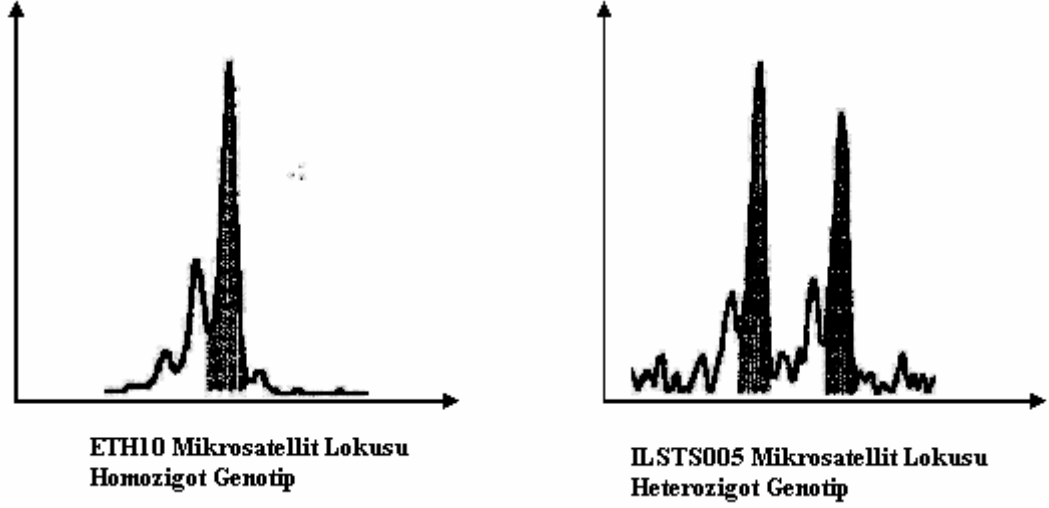
*Şekil. 9. İtalya-ConsDABI Araştırma Merkezinde Kullandığımız ABI 310 Kapiller Elektroforezinden Bir Görünüm.*

Polimeraz zincir reaksiyonu sonuçlarının kapiller elektroforezinin kullanılması ile, çalışılan mikrosatellit bölgelerine ait olan DNA bant uzunluklarını poliakrilamid jellerde yürütülmeye gerek kalmadan oldukça kolay bir şekilde belirleyebilmektedir.

### **5.3.7. Mikrosatellit Lokuslarından Elde Edilen Verilerin Bant Uzunluklarının Hesaplanması**

Polimeraz zincir reaksiyonu tekniğine göre çoğaltılmış bölgelerin uzunluklarının belirlenmesinde kapiller elektroforezi (ABI 310 Genetic Analyzer) kullanılmıştır. Her mikrosatellit bölgesi farklı renkte işaretlenmiş ve uzunluklarının belirlenmesinde TAMRA (Taqman®TAMRA™ Probe) isimli standart işaretleyici yardımı ile

belirlenmiştir. Bu standart işaretleyiciye göre belirlenen uzunluk değerleri bilgisayara kaydedilmiştir. Aşağıdaki şekilde ABI 310 kapiller elektroforezinde okuması yapılan bir bireyden alınan DNA bireylerine ait görüntüler verilmiştir (Şekil 10).



*Şekil.10. Bir Bireyin ABI 310 Kapiller Elektroforezinde DNA Bant Uzunluğunun Okunması Sırasında Elde Edilen Pik Değerlerine ait Görüntü.*

## **6. ELDE EDİLEN VERİLERİN ANALİZİNDE KULLANILAN İSTATİSTİK METODLARI**

DNA işaretlerine ait populasyonlar içi ve populasyonlar arası genetik varyasyonlar, Hardy-Weinberg dengesine uyum, heterozigotluk düzeyleri, Wright'ın F istatistik değerleri, genetik uzaklık hesaplamaları, moleküler varyasyon analizi, temel öğeler analizi (PCA: Principal Component Analysis) ve Faktöriyel Birleştirici Analiz (FCA : Factorial Correspondence Analysis), Bireylerin Irklara Tayini (Assignment Testi), Mantel Test, Genetik Yapı Testi (Structure Test) yapılarak proje kapsamındaki ırklar incelenmiştir.

Verilerin analizinde kullanılan istatistiki programlar; Genetix 4.04; GeneClass; Populations 1.0, Arlequin, Bottleneck, NTSYSpC Version 2.10q gibi istatistik programlarıdır. Konu ile ilgili istatistik programlar internetten indirilmiş olup, kaynaklar kısmında internet adresleri ayrıntılı olarak verilmiştir.

### **6.1. GENETİK VARYASYONLARI BELİRLEYEN ÖLÇÜTLER**

#### **A)Genetik Çeşitlilik Analizleri**

##### **A.1. Allelik Varyasyon**

Çalışılan populasyonlar içerisinde bir lokus içinde allelik farklılıkların olması yani farklı uzunluklarda allellerin görülmesi demek bu populasyonların içerisinde genetik çeşitliliğin olması demektir. Populasyonlardaki genetik varyasyonları ölçmenin yollarından biriside allel frekanslarının hesaplanmasıdır. Allel frekanslarının hesabı aşağıdaki eşitliğe göre gerçekleştirilir (Nei, 1987).

$$X_i = \frac{2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij}}{2n}$$

Formüldeki terimlerin anlamları;

$X_i$  =  $A_i$  allelindeki genin frekansı

$n$  = Populasyondaki toplam birey sayısını

$n_{ii}$  =  $A_i$  allelindeki toplam homozigot birey sayısını

$n_{ij}$  ise  $A_i$  allelindeki toplam heterozigot birey sayısını temsil etmektedir.

Genetik çeşitliliğin tanımlanmasında kullanılan bir diğer unsur ise; her bir lokus için allel sayılarının ortalamasının yani allelik zenginliğin ( $n_A$ ) belirlenmesidir. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı ( $n_A$ ) populasyon büyüklüğünden etkilenmektedir. Bu değer aşağıdaki şekilde hesaplanmaktadır (Nei, 1987).

$$n_A = \frac{\sum n_{Ai}}{r}$$

Formüldeki terimlerin anlamları;

$n_A$  = her bir lokus için ortalama allel sayısı

$r$  = çalışmada kullanılan toplam lokus sayısı

$\sum n_{Ai}$  =  $i$ .ci lokustaki toplam allel sayısıdır.

Türkiye'deki sığır ırklarına zebu alellerinin yaklaşık karışım oranının ve aynı zamanda kültür sığır ırklarından yerli sığır ırklarına bazı alellerin yaklaşık karışım oranının hesaplanmasında (Wright, 1969) aşağıdaki formül kullanılmıştır.

$$q_{ZSi} = (1 - m_1) q_{Z0} + m_1 q_Z$$

$q_{ZSi}$  =  $i$ . lokustaki zebu (yada başka ırktan karışım) sonrası allel frekansı (yerli sığır ırklarına ait frekans)

$m_1$  = zebu kaynaklı (yada başka ırk) karışım oranı

$q_{z0}$  = Zebu (yada başka ırktan karışım) öncesi populasyonların frekansı (Zebu karışımı öncesi allel frekansları bilinmiyor, bu nedenle çalışmada 0 olarak alındı.)

$q_z$  = i.ci lokustaki zebu (yada başka ırk) alel frekansı (Loftus ve ark. (1999)'nın çalışmasındaki zebu spesifik alel frekansları çalışmada dikkate alınmıştır).

## A. 2. Heterozigotluk

Yaygın olarak kullanılan bir başka genetik çeşitlilik ölçütü ise populasyonların heterozigotluk düzeylerinin belirlenmesidir. Heterozigotluk düzeyi incelenen lokuslar açısından, populasyonlar içerisinde tespit edilen heterozigot bireylerin ortalama yüzdesini ifade etmektedir.

Bir lokustaki heterozigotluğun ( $h$ ) sapmasız hesaplanmasında aşağıdaki formül kullanılmaktadır. Nei tarafından 1987'de formüle edilen bu matematiksel hesaplamada populasyonların büyüklüklerinden kaynaklanabilecek etkinin indirgendiği bildirilmektedir (Nei, 1987).

$$h = \frac{2n(1 - \sum X_i^2)}{2n - 1}$$

Formüldeki terimlerin anlamları;

$h$  = Bir lokus için heterozigotluk;

$n$  = Populasyonlardaki toplam birey sayısını,

$X_i$  ise  $A_i$  allelinin frekansını ifade etmektedir.

Çalışmada çok sayıda lokusla çalışılması dolayısıyla, tüm lokusların çalışılması sonucunda beklenen ve gözlenen heterozigotluklar için ortalama heterozigotluk hesaplanır. Her ırk/ırk örneği için önce lokuslar bazında, sonra tüm lokuslar için gözlenen alel sayıları, ortalama alel sayıları, gözlenen heterozigotluk ( $H_o$ ) ve beklenen heterozigotluk ( $H_e$ ) hesaplanarak alelik ve genetik varyasyonlar saptanmıştır.

**Gözlenen heterozigotluk:** Bir lokusta görülen heterozigot birey sayısı

Toplam Birey Sayısı

Örnek : 5 lokus	Her bir lokus için H <sub>o</sub> =
Lokus 1	25/100= 0.25
Lokus 2	0/100 = 0.00
Lokus 3	10/100 = 0.10
Lokus 4	5/100 = 0.05
Lokus 5	25/100 = 0.25
H <sub>o</sub> = (.25 + 0 + .10 + .05 + .25)/5 = 0.13	

Beklenen heterozigotluk değerleri (2pq), her bir lokus için ayrı ayrı hesaplandıktan sonra tüm lokusların ortalaması alınmıştır. Bu hesaplamaların yapılmasında GENETIX 4.02 (Belkhir ve ark., 2001) isimli istatistiksel paket programı kullanılmıştır (<http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix.htm>).

### A.3. F İstatistikleri

Wright'ın F istatistikleri popülasyonların yapısının tanımlanmasında çok geniş olarak kullanılan parametrelerdendir (Naghlaki, 1998). Çiftlik hayvanları içerisinde yapılan çiftleştirmeler popülasyonlardaki akrabalı yetiştirmeyi (inbreeding) arttırmaktadır. Popülasyonlar içerisinde akraba bireylerin çiftleştirilmesine akrabalı yetiştirme (inbreeding) ve üzerinde çalışılan lokuslar bakımından Hardy-Weinberg dengesinden olan sapmalara ise homozigotlaşma indeksi (F- fixation index) denilmektedir. Aynı ırkın farklı popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği incelemek ve popülasyonlar yada ırklar arası farkı tanımlayabilmek için fiksasyon indeksleri kullanılabilir. Bu indeksler Wright (1965) tarafından geliştirilmiş olup sembolleri F<sub>IT</sub>, F<sub>IS</sub> ve F<sub>ST</sub>'dir. Bu parametreler homozigotlaşma indeksleri (fixation indices) yada F istatistikleri olarak adlandırılmakta olup aralarındaki ilişki,

$$1 - F_{IS} = (1 - F_{ST})(1 - F_{IT}) \quad \text{veya} \quad F_{ST} = \frac{F_{IT} - F_{IS}}{1 - F_{IS}} \text{ olarak ifade edilmiştir.}$$

F<sub>IT</sub>= Bütün bireylerin bir arada düşünülmesi ile ortaya çıkan toplam popülasyonlardaki Hardy-Weinberg Dengesinden sapmanın ölçümüdür.

$F_{IS}$  = Alt populasyonlarda görülen ortalama akrabalık katsayısıdır.

$F_{ST}$  = Alt populasyonlar arası farktır.

F istatistikleri genetik varyasyonu; toplam populasyonlar, alt populasyonlar ve bireyler bazında inceler.  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  değerleri beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerine göre belirlenebilmektedir (Nei, 1987) .

$F_{IT}$ , toplam populasyon içerisinde birbirine yakın akraba bireyler içerisinde birbirinin yerini tutan allellerdeki korelasyonları tanımlar yani populasyon seviyesinde rastgele birleşen iki gametin müşterek atadan gelme ihtimalini belirleyen bir değerdir. Populasyonların akrabalı yetiştirme katsayısı olarak tanımlanabilir.  $F_{IT}$  tüm bireylerin bir arada düşünülmesi toplam populasyondaki kendileşme ölçütüdür. Alt populasyon içerisindeki akrabalığın etkileri ve alt populasyonlar arası farkların etkileri dikkate alınarak hesaplanır.  $F_{IT}$  toplam populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların ölçümüdür.

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_O}{H_T}$$

$F_{IS}$ , alt populasyonlarda birbirine akraba olan bireylerin içinde homolog alleller arasındaki korelasyonları tanımlar. Yani alt populasyonlarda rastgele birleşen iki gametin müşterek atadan gelme ihtimalidir. Alt populasyondaki akrabalı yetiştirme katsayısı olarak tanımlanır. Alt populasyonlar içerisinde Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların ölçülebilmesi için  $F_{IS}$  alt populasyonlar seviyesinde bireylerin akrabalığına değinmektedir.  $F_{IS}$  değeri negatif olarak bulunur ise heterozigot fazlalığı, sıfır değerine yakın bulunur ise Hardy-Weinberg dengesinin mevcut olduğu ve pozitif olarak bulunur ise homozigot fazlalığının mevcut olduğu görülmektedir.

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_O}{H_S}$$



$F_{IS}$  deęerleri teorik olarak “0 ila 1 arasında” deęiřir.  $F_{IS}$  deęerinin “1” olması demek tamamen saf yetiřtirmeyi ifade ederken, “1’den 0’a uzaklařması” hali saf yetiřtirmeden uzaklařıldığını ifade etmektedir.

$F_{ST}$ , alt populasyonlar arasında bulunan genetik farklılıkların ölçümü için belirlenen bir deęerdir. Bir lokus açısından topluları karşılařtırmada kullanılır. Alt populasyonlardan rastgele ele alınan iki gametin müřterek atadan gelme ihtimali olup alt populasyonlar arasındaki genetik farklılığın ölçüsüdür. 0 ila 1 arasında bir deęer alır. Belirlenen deęer 1’e ne kadar yakın ise alt populasyonlar müřterek atadan oldukça uzaktır denilebilir.

Eęer  $F_{ST}$  deęeri;

0 - 0.05 arasında bir deęer alıyor ise küçük bir genetik farklılařma;

0.05 - 0.15 arasında bir deęer alıyor ise orta düzeyde farklılařma;

0.15 – 0.25 arasında bir deęer alıyor ise büyük bir genetik farklılařma

0.25’ten büyük deęerler alıyorsa çok büyük bir genetik farklılařmanın

mevcut olduęu söylenebilir (Hartl , 1987; Hamrick and Godt, 1989; Wright, 1978;

Hamrick JL, Godt MJW 1989, Heinrichs ve ark., 1985).

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

$H_0$  = Alt populasyonlarda gözlenen heterozigotluk ortalaması,

$H_S$  = Alt populasyonlarda beklenen heterozigotluk ortalaması,

$H_T$  = Toplam populasyonlardaki heterozigotluk ortalaması ( Nei 1987)

$F_{ST}$  deęeri küçük olduęu zaman populasyonların arasındaki varyasyonun küçük olduęu söylenebilir. Yani iki populasyon birbirine genetik olarak benziyor demektir.

Kısaca özetleyecek olursak;  $F_{IS}$  değeri populasyonlarda akrabalı yetiştiricilikten yada yakın akrabalı yetiştiricilikten (inbreeding) kaynaklanan Hardy-Weinberg frekansından sapmaları tespit eder.

$F_{IT}$  hem yakın akrabalı yetiştiricilikten (inbreeding) hemde populasyonlar arası farktan kaynaklanan sapmayı tespit eder.  $F_{ST}$  ise populasyonlar arası farklılaşmayı belirlemede kullanılır.

Hesaplanan  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  ve  $F_{IT}$  değerlerinin istatistiksel olarak anlamlı olup olmadıklarını belirlemek için permütasyon testi yapılmıştır. Veriler 1000 defa permütasyona tabi tutulmuş ve her permütasyon sonucunda  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  değerleri hesaplanmıştır.  $F_{ST}$  değeri için hipotez; Populasyonlar birbirlerinden farklı değildir.  $F_{IS}$  ve  $F_{IT}$  için ise hipotez; populasyonlar Hardy – Weinberg dengesindedir.

Frekans dağılımı çizildikten sonra verilerden doğrudan hesaplanan gerçek değerlerin bu dağılımdaki yerleri ve olasılıkları belirlenmektedir. Wright (1969) tarafından sunulan F istatistikleri farklı sayıdaki örnek büyüklükleri arasındaki farklılıkları gözönüne almaz. Bu nedenle F istatistiklerinin hesaplanması metodunda ve değerlerin yorumlanmasında bazı anlaşmazlıklar olmuştur. Weir ve Cocherham (1984) F katsayılarında bazı düzeltmeler yaparak  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$  ve  $F_{IS}$  değerleri yerine sırası ile  $F$ ,  $\theta$  ve  $f$  parametrelerini kullanmışlardır. Bu parametrelerin hesaplanmasında örnek büyüklüğü, heterozigot frekansları yada populasyonların sayısı dikkate alınmadan hesaplamalar yapılmıştır. Ayrıca hesaplanan bu değerler küçük veri setleri için uygundur.  $F$ ,  $\theta$  ve  $f$  parametreleri sırası ile  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$  ve  $F_{IS}$  değerlerini belirtmektedir.

Çalışmada Weir ve Cockerham'ın (1984) yaklaşımlarına göre populasyonların durumlarını incelemek için hesaplamalar yapılmıştır. Genetix 4.02 programında Weir ve Cockerham'ın yaklaşımı kullanılmaktadır. Fakat bu yaklaşımlardaki  $F$ ,  $\theta$  ve  $f$  değerleri Wright'ın yaklaşımlarındaki  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  parametrelerinin anlamlarını taşımaktadır.

## B. Moleküler Genetik Verilerin Varyans Analizi (AMOVA ANALİZİ)

Son yıllarda hızla ilerleyen moleküler genetik teknikler ve yeni geliştirilen metodlar ile alel frekanslarından yararlanarak ırklar hakkında bilgi edinmek ve alleller arasındaki farklılıkları incelemek kolaylaşmaktadır. Moleküler genetik tekniklerinden elde edilen verileri kullanarak genetik varyasyonun ırk içi ve ırklar arası nasıl ayrışarak, varyans unsurlarına paylaşıldığını analiz etmek için Varyans Analizi (ANOVA) tablosu ve formülleri Excoffier ve ark., (1992) tarafından geliştirilmiş ve moleküler varyans analizi (AMOVA= Analysis of Molecular Variance) adını almıştır. Farklı moleküler verilerden elde edilen moleküler verilerin analizinde (RFLP, AFLP, DNA sekanslarına ait data) bu metod kullanılabilir. Moleküler varyans analizi, bir tür içerisindeki moleküler varyasyonu incelemek için kullanılmaktadır. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) Arlequin (<http://lgb.unige.ch/arlequin/>) isimli paket programında yapılabilmektedir.

Moleküler varyans analizi, toplam genetik varyasyonu aşağıdaki gibi parçalara ayırarak incelemektedir:

- Populasyonlardaki gruplar arası,
- Gruplar içerisindeki populasyonlar arası
- Bir populasyon içerisindeki bireyler arası

Moleküler varyans analizinde, moleküler tekniklerden elde edilen ham veriler Boolean vektöründeki ( $p_i$ ) gibi düzenlenmekte ve hesaplamalar verilerin 1 ve 0 şeklinde kodlanması sonucunda matris oluşturularak yapılmaktadır.

AMOVA analizi, 1 ve 0 değerlerinden oluşturulan matrislerden türetilen Euclidean uzaklıkları kullanılarak yapılmaktadır. Bu türetilen uzaklık değerleri normal dağılışa benzememektedir. Bu nedenle, normal dağılış göstermesi için veriler tekrar tekrar seçilerek permütasyona tabi tutulurlar (Excoffier, ve ark., 1992). Her bir permütasyonda, örnek sayısı sabit olmak koşulu ile populasyonun her bir bireyi rastgele seçilmektedir. Bu permütasyon işlemi birçok kez tekrarlanmakta ve en sonunda normal dağılış elde edilmektedir. Daha sonra hipotez testi yapılarak, tekrar örnekleme sonucunda elde edilen dağılış test edilmektedir.

AMOVA testi yapılırken bazı varsayımların mevcut olduğu kabul edilmektedir (Excoffier, ve ark., 1992):

- Bu test metodunda bireylerin haplotiplerinin rastgele seçildiği, bağımsız olduğu kabul edilmektedir.
- Populasyondan örneklenen bireyler arasında akrabalık olmadığı ve bu populasyonlarda serbest çiftleştirme uygulandığı kabul edilmektedir.

Bu nedenle, eğer bir populasyonda serbest çiftleştirme yoksa ve populasyonda akrabalı yetiştirme varsa; heterozigotluk azalacaktır. Eğer populasyonlarda serbest çiftleştirme oranı düşükse ve aynı zamanda akrabalık yüksekse, bu populasyonlar arasındaki farklılıkları incelemeye, bu metod hesaplaması sonucunda elde edilen hesaplamalar yanıltıcı olabilmektedir.

**AMOVA** : Moleküler varyans analizi tablosu ve formülleri şöyledir:

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi (SD)	Kareler Toplamı (KT)	Kareler Ortalaması (KO)	Kareler Ortalamasının Beklenen Değeri (EKO)
Irklar Arası	G-1	KT (AG)	KO (AG) / G-1	$\sigma_w^2 + n^n \sigma_b^2 + n^m \sigma_a^2$
Irklar içi populasyonlar arası	d-G	KT(AD)	KO(AD) / d-G	$\sigma_w^2 + n' \sigma_b^2$
Populasyonlar İçi	n-d	KT(WD)	KO(WD) / n-d	$\sigma_w^2$
Genel (Toplam)	n-1	KT(T)		

$$KT(T) = \frac{1}{2n} \sum_i^n \sum_j^n \delta_{ij}^2$$

$$KT (AG) = KT (T) - \sum_g^G \frac{1}{2n_g} \sum_k^d \sum_{k'}^d \times \sum_i^{n_{gk}} \sum_j^{n_{gk'}} \delta_{ij}^2$$

$$KT (AD) = \sum_g^G \frac{1}{2n_g} \sum_k^d \sum_{k'}^d \times \sum_i^{n_{gk}} \sum_j^{n_{gk'}} \delta_{ij}^2 - KT (WD)$$

$$KT (WD) = \sum_g^G \sum_k^{d_g} \frac{1}{2n_{gk}} \times \sum_i^{n_{gk}} \sum_j^{n_{gk}} \delta_{ij}^2$$

$d = \sum_g^G d_g$	$n_g = \sum_k^{d_g} n_{gk}$
$n' = \frac{1}{d} \sum_{g=1}^G \sum_{k=1}^{d_g} n_{gk} - \sum_{g=1}^G \frac{1}{n_g} \sum_{k=1}^{d_g} n_{gk}^2$	$n = \sum_g^G \sum_k^{d_g} n_{gk}$
$n'' = \frac{1}{G-1} \sum_{g=1}^G \sum_{k=1}^{d_g} n_{gk}^2 - \sum_{g=1}^G \sum_{k=1}^{d_g} n_{gk}^2$	$n''' = \frac{1}{G-1} n - \frac{1}{n} \sum_{g=1}^G \left( \sum_{k=1}^{d_g} n_{gk} \right)^2$

### C) Allellerin Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü

Bireyler arası genetik uzaklığı saptarken allel paylaşım uzunluklarının (allele sharing distance) mikrosatellit verilerinin analizinde uygun bir ölçüt olduğu belirtilmektedir ( Bowcock et al., 1994). Bu metod aynı türdeki populasyonların içerisinde bulunan tüm bireylerin içerisinde ortak olan allelleri temel olarak almaktadır. Bu türlerin daha önceki zamanlarda bazı alt populasyonlara bölünmüş olması olasılığı gözönüne alınır ve bu nedenle temel populasyonlarda allel frekansının bölünmüş olan populasyonlardaki allel frekanslarından daha yüksek olması gerektiği varsayımı kabul edilmektedir. Tüm allellerin populasyonlara bölünmesi sırasında tamamı ile paylaşılmadığı baz alınarak hesaplamalar yapılır. Sonuç olarak allellerin paylaşım oranlarındaki artışın populasyonlardaki genetik benzerliği arttırdığı düşünülmektedir (Chakrobarty ve ark., 1992, Bowcock va ark., 1994).

Bireyler arasındaki allel paylaşım uzunlukları (DSA<sub>i</sub>) aşağıdaki gibi hesaplanır.

$$DSA_i = 1 - P_s$$

$$P_s = \frac{\sum S}{2r}$$

S= Tüm lokuslardaki toplam paylaşılan alellerin allellerin sayısı

r = Toplam lokus sayıdır.

#### **D) Faktöriyel Birleştirici Analiz**

Faktöriyel birleştirici analiz (Factorial Correspondence Analysis), bireylerin birbirleriyle ilişkilerinin elde edilen veriler doğrultusunda çok boyutlu düzlemde incelenmesidir. Diğer bir deyişle bireyler arasındaki akrabalığı araştırma için yapılan bir analiz olup çoklu boyutta bireylerin birbirlerine yakınlığının görülmesini sağlayan bir analizdir. Bir bireyde bir lokusa ait belirli bir allelden ya hiç yoktur, yada bir veya en fazla 2 tane vardır. Bu veriler faktöriyel birleştirici analiz için “doğrusal dönüştürüm” (linear transformation) ile düzenlenir. Analiz sonucunda çoklu boyutta diagram çizilebilmek her bir birey için her bir lokustaki allel sayılarına göre linear bir biçimde transformasyon yapılmaktadır. Genellikle 3 eksenli çizilen şekil bireyler arası farkı görselleştirmektedir (Byrne ve ark.; 2001). Bu analiz için Genetix 4.02 (Belkhir ve ark., 2001) yazılım programı kullanılmıştır.

#### **E) Irkları Tanımlama Değeri(=Bütünlük Değeri)**

Irklar arası akrabalığı belirlemede “Bir popülasyonu yada bir ırkı genetik olarak en iyi şekilde nasıl tanımlayabiliriz” sorusu ile sık sık karşı karşıya kalınmaktadır. Bu soruya yanıt bulabilmek ve ırkları genetik olarak en iyi şekilde tanımlayabilmek için çeşitli analiz metodları geliştirilmeye çalışılmaktadır. Irkları tanımlamada (breed integrity value), Wiener ve ark. (2004)’nın bir çalışmasında “ırkları tanımlama değeri” (breed integrity) adı verilen bir hesaplama yöntemi geliştirilmiştir. Bu yöntemde, aynı ırk içerisinde rastgele seçilen bireylerin ortak paylaşılan alelleri (psa-Proportion of Shared Allele) ile farklı ırklar arasından seçilen bireylerin ortak paylaşılan alellerinin karşılaştırılması ile hesaplanır.

Ortak Paylaşılan Allel değeri (Proportion of Shared Alleles);

$$P_s = \frac{\sum S}{2r}$$

S= Tüm lokuslardaki toplam paylaşılan alel sayısı

r = Toplam lokus sayısıdır.

Bu hesaplama metodunda; “aynı ırk içinden rastgele seçilen bireylerden hesaplanan ırkları tanımlama değeri (breed integrity) ile farklı ırklardan rastgele bireyler seçilerek hesaplanan değere göre daha fazla benzer olma olasılığı ile orantılı olması varsayımına” dayanmaktadır. Wiener ve ark. (2004)’nın çalışmasında elde edilen mikrosatellit verilerinden yararlanarak her bir birey için, aynı ırk içindeki bireylerde ve farklı ırk içinden seçilen bireylerden ortak paylaşılan alel (proportion of shared allele) oranları 10.000 kez hesaplanmıştır. Bu 10.000 kez hesaplama da aynı ırka ait bireylerden hesaplanan ortak paylaşılan alel değerlerinin ne kadarının farklı ırklardan rastgele seçilen bireylerde hesaplanan ortak paylaşılan alel değerinden küçük olduğu dikkate alınarak hesaplama yapılmıştır. Bu varsayım dikkate alınarak bir olasılık belirlenmektedir. Bu olasılıktan yararlanarak ise ırkları tanımlama (breed integrity ) değeri hesaplanır.

**Toplam Olasılık (Overall Probability)** =  $psa - same\ breed < psa-random\ individual$

**psa – same breed** = Aynı ırka ait bireylerde ortak paylaşılan alel oranları

**psa-random individual** = Rastgele seçilen bireylerin ortak paylaşılan alel oranları

Bu olasılık değeri 1’den çıkartıldığında ırkları tanımlama değeri belirlenir.

Buna göre; Breed Integrity =  $1 - prob. (psa - same\ breed < psa\ random\ individual)$

Hesaplama rastgele seçilen bireyin temel olarak alınan bireyden farklı bir ırktan seçilmesi ve aynı ırk içerisinde seçilen bireyin ise temel olarak alınan bireyden farklı bir birey olması gerekir. Bu metod ile çalışılan örneklerin kimliklerinin (genetik yapısının) hangi ırka genetik olarak daha çok benzediği bilgisini yansıttığı belirtilmiştir (Wiener ve ark., 2004) .

Çalışmada bu değerin hesaplanmasında Wiener ve ark. (2004)'nın yöntemi temel olarak alınmıştır. Wiener tarafından yazılmış olan bir program aracılığı ile ırkları tanımlama değeri (breed integrity) hesaplanmıştır. Değerin hesaplanması Pam Wiener tarafından yapılmıştır (Pam.Wiener@bbsrc.ac.uk).

#### **F) Bireylerin Irklara Ayrılması Testi**

Populasyonlara ait bireylerin elde edilen veriler doğrultusunda hangi ırk veya ırklara sınıflandırılabilirliğini test etmek için GeneClass (Cornuet ve ark., 1999) programı kullanılarak bireylerin ayrılması testi (assignment test) yapılmıştır.

Bu testte populasyonlardaki bireylerin ayrılması için 2 farklı tipte metod kullanılmaktadır.

**1)Olasılık Metodu**(Likelihood based Methods): Bu metodta populasyonlar içerisinde en yüksek genotipin görülme olasılığı dikkate alınarak populasyonların bireyleri birbirinden ayrılır. Yani birey genetik yapı olarak en çok benzediği populasyon grubuna dahil edilir.

**2) Genetik Uzaklık Metodu** (Distance Based methods) : Bu metodta ise birbirine genetik uzaklık olarak en yakın olan populasyonlardaki bireyler birbirinden ayrılır. Bireyin genetik uzaklıkları hesaplandığında kendisine en yakın uzaklığı olan populasyon içerisine dahil edilir.



Her iki metod içinde "doğrudan olasılık" ve "similasyon seçenekleri vardır. Birincisinde bireylerin ayrılmasında doğrudan (likelihood) olasılık yada genetik uzaklık kriterlerinin seçilmesi ile ayırım yapılabilmektedir. Diğer metod ise similasyon ile bireylerin ayrımının yapılmasıdır. Similasyon ile bireyin her populusyona veya her ırka tayin edilmesinin (ayrılmasının) olasılığı hesaplanmaktadır. Bireylerin orjinleri dışındaki populusyonların hariç tutulması yani ayrılmasında kullanılabilir.

Bu çalışmada bireylerin hangi populusyona ait olma olasılığının araştırılmasında "Bayesian tipindeki" olasılık (likelihood) metodu kullanılmış olup her bir populusyondaki bireylerde kullanılmış olup her bir populusyondaki bireylerde 10000 kez similasyon yapılmıştır.

Irkların Ayırım Testi (Assignment Test), ırklara özgü karakterler saptamayı amaçlamaktadır. Böylece herhangi bir lokusa ilişkin veri yardımı ile bunun hangi ırka ait olabileceğini belirli bir olasılıkla söylemeyi sağlar.

### **G) Populusyonların Genetik Yapı Testi**

Populusyonlara ait bireylerin elde edilen moleküler genetik verileri doğrultusunda hangi ırk veya ırklara tayin edilebileceğini test etmek için kullanılan bir diğer analiz metodu Pritchard ve ark.(2000) tarafından geliştirilen "yapı testi (structure test)"dir. Bu test metodu ile birbirinden farklı genetik işaretleyicilerden (markerlardan) elde edilen genotip verileri analiz edilerek populusyonların mevcut genetik yapıları incelenebilmekte ve populusyonlara ait bireylerin gruplandırılması yapılmaktadır.

Yapı testi (structure test) analizi ile populusyonların mevcut genetik yapısı incelenebilmekte, populusyonlardaki bireylerin hangi ırka ait oldukları tespit edilebilmekte, genetik yapı bakımından karışmış olan melez bireyler ve göçmen bireyler ayrılabilir.

Kısaca bu test metodunda K sayısı kadar populusyon olduğu varsayılarak (ki bu K sayısı bilinmiyor olabilir) her bir populusyonun her bir lokusundaki alel frekansı

setleri dikkate alınarak populasyonlar birbirlerinden ayrılıp karakterize edilirler. Alel frekansları dikkate alınarak yapılan ayırimda örnek bireyler tek bir populasyona yüksek bir ihtimal ile tayin edilebildiği gibi eğer bireylerde bir genetik karışım söz konusu ise iki yada daha fazla populasyona da tayin edilebilmektedir.

Yapı testi metodunda (structure test) çalışılan lokuslar açısından populasyonların Hardy-Weinberg Dengesinde olduğu ve bağıntı eşitsizliği (linkage disequilibrium)'nin mevcut olduğu farz edilerek analiz yapılmaktadır. Ayrıca bu metot çoğunlukla Mikrosatellit DNA Polimorfizmi, Tek nükleotid polimorfizmi (SNPs-Single Nucleotide Polymorphism) ve Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniğini (RFLP) içeren genetik markerların verilerinin analizinde uygulanmakta ve populasyonlarda mutasyonun mevcut olmadığı varsayılmaktadır. Genetik yapı testi olarak nitelendirilen bu metotta alt populasyonlar içerisinde çalışılan işaretleyiciler (markerlar) açısından bağlantı eşitsizliğinin (linkage disequilibrium) olmadığı varsayılarak analiz yapılmaktadır.

Yapı testi analizi “Structure” isimli istatistik programı kullanılmaktadır. (<http://www.stats.ox.ac.uk/~pritch/home.html>).

Çalışmada 7 farklı populasyonun toplam 315 bireyinden 7 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen verilerden Pritchard ve ark.(2000)'nın geliştirdiği “Structure” analizi metodu kullanılarak populasyonlardaki bireylerin genetik yapısı ve hangi ırka ait olabilecekleri incelenmiştir. Populasyonlara ait bireylerin hangi ırk veya ırklara ait olduğunun tayininde kullanılan bu program, “Monte Carlo Markov Chain-MCMC” metodunu kullanmaktadır. Program alel frekansları arasındaki ilişkilerden yararlanarak çalışılan bireyleri ırklara tayin etmekte ve ırkların mevcut genetik yapısını belirlemektedir (Wiener ve ark., 2004, Rosenberg ve ark., 2001, Pritchard ve ark., 2000). Bu test metodunda populasyonlara ait bireyleri ilgili populasyonlara ayırmak ve doğru parametreleri belirleyebilmek için doğru/uygun olan Markov Zinciri sayısının ve uzunluğunun saptanmasına ihtiyaç vardır. Bu nedenle doğru uzunluğu ve sayıyı bulabilmek için çeşitli uzunluk değerleri (length of burning period) ve MCMC sayısı verilerek programı çalıştırmak (yürütmek) gerekmektedir.

Aynı zamanda populasyonları genetik olarak en iyi şekilde ayıracak uygun K değerinin belirlenmesine de ihtiyaç vardır. En uygun K değerine karar verebilmek için ise farklı K değerlerinde belirlenen olasılıkların karşılaştırılması gerekmektedir. En yüksek olasılığı veren 3 K değeri belirlenmekte ve sonrasında bu K değerleri arasından en uygun olan bir K değeri bağımlı iki örnek testi olarak bilinen “Wilcoxon” testi ile sonucunda belirlenmektedir.

Çalışmada referans olarak Wiener ve ark.(2004)’nın ve Rosenberg ve ark.(2001)’nin yaptığı çalışmalar dikkate alınmış olup bu çalışmalarda belirlenen “MCMC-Monte Carlo Markov Chain” sayısı ve uzunlukları (length of burning period) denmiştir. Bu denemelerden elde edilen sonuçlar incelenmiş ve irklardaki bireyleri ve populasyonları en iyi ayıran K değerlerinin 6, 7 ve 8 olduğu, MCMC sayısının 50.000 ve aynı zamanda en uygun uzunluk sayısının ise 30.000 (length of burning period) olduğu görülmüştür.

## **H) Irklar Arası Genetik Uzaklıklar (FİLOGENETİK İLİŞKİLERİN AÇIKLANMASI)**

Mikrosatellit verilerinin analizinde irklar arası genetik uzaklıkları belirlemede farklı metodlar kullanılabilen ve bu metodlara göre komşu birleştirme dendogramları çizilebilmektedir. Komşu Birleştirme Ağacı (Neighbour Joining Tree) genetik uzaklıkların görsel olarak belirtilmesi amacı ile çizilebilmektedir.

Komşu Birleştirme Ağacı (Neighbour Joining Tree) metoduna göre çizilen ağaç, 10 yıl öncesine kadar çok kullanılan UPGMA metoduna göre daha çok tercih edilen bir methodtur. Bunun nedeni, UPGMA metodunda populasyonların evrim zamanı her populasyon için aynı kabul edilip ağaç ona göre çizilmektedir. Ancak populasyonların birey sayıları farklı olduğundan aynı zaman aralığında farklı miktarlarda değişim olduğu düşünülmektedir. Bu nedenle komşu birleştirme metoduna göre (Neighbour Joining ) çizilen ağaçta bu fark gözönüne alınabilmektedir. Komşu Birleştirme Ağacı metoduna göre ağaç oluşturmanın diğer yöntemlere göre üstünlüklerinin olduğu belirtilmiştir (Saitou ve Nei, 1987; Li, 1997).

Çalışmada genetik uzaklıkların belirlenmesinde, Nei Standart Genetik Uzaklık Metodu ve Nei ve ark.'na ait olan  $D_A$  genetik uzaklık metodu (1983) kullanılmıştır. Mikrosatellit verilerinden yararlanarak ırklar arası genetik uzaklıkları belirlemede en uygun ölçütün  $D_A$  metodu olduğu belirtilmektedir (Takezaki ve Nei, 1996).

### **H.1. Nei'ye Göre Standart Genetik Uzaklık ( $D_S$ ) Metodu**

Nei'nin 1972 yılında geliştirdiği standart genetik uzaklık metoduna göre ırklar arası genetik uzaklıkları belirlemede beklenen değerin evrim süresi ile orantılı olduğu ve bu süre içerisinde mutasyon ve göç gibi faktörlerin etkilerinin hesaba katılması ile yapılabilmektedir. Bu metod aşağıdaki şekilde tanımlanır:

$$D = -\ln I \text{ yada } D = -\log_e I$$

$$I = \hat{J}_{XY} / \sqrt{\hat{J}_X \hat{J}_Y}$$

Sembollerin anlamları aşağıda verilmiştir.

$D$  = Standart Genetik Uzaklık

$I$  = Populasyonlar arasındaki genetik uzaklığı ölçebilmek için kullanılan bir değer olup basit genetik özdeşlik (basit genetik aynılık- simple genetic identity) olarak isimlendirilir.  $I$  değeri 0 ile 1 arasında değerler aldığı zaman genetik uzaklık ( $D$ ) 0 ve  $\infty$  arasında değer alır. ( $I$ ) değeri 1'e eşit ise iki populasyonda tüm lokuslardaki gen frekansları bakımından aynıdır denilir. Eğer ( $I$ ) değeri 0'a eşit ise populasyonlarda çalışılan mikrosatellit bölgelerinde hiç bir ortak allelin olmadığı söylenebilir.

$$\hat{J}_{XY} = X \text{ ve } Y \text{ populasyonlarındaki } A_i \text{ allelinin frekanslarının toplamı}$$

$$\hat{J}_X = X \text{ populasyonundaki } A_i \text{ allelinin frekansı}$$

$$\hat{J}_Y = Y \text{ populasyonundaki } A_i \text{ allelinin frekansı}$$

## H.2. Nei D<sub>A</sub> Genetik Uzaklığı Metodu

Mikrosatellit verilerinden yararlanarak ırklar arası genetik uzaklıkları belirlemede en uygun metodun D<sub>A</sub> genetik uzaklık metodu olduğu bildirilmiştir (Nei, 1983; Takezaki ve Nei, 1996). Bu metod aşağıdaki şekilde hesaplanmaktadır.

$$D_A = 1 - \frac{1}{r} \sum_j^r \sum_i^{m_j} \sqrt{x_{ij} y_{ij}}$$

$x_{ij}$  = X örneğinde çalışılan j'inci lokusun i'ci allelinin frekansı

$y_{ij}$  = Y örneğinde çalışılan j'inci lokusun i'ci allelinin frekansı

$m_j$  = j'inci lokustaki allel sayısı

$r$  = Çalışılan toplam lokus sayısı

### D) Temel Bileşenler Analizi

Verilerin birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli faktörler açısından 3 boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirilmesi için temel bileşenler analizi (PCA) yapılabilmektedir. Temel bileşenler analizi (Principal Component Analysis) matematiksel bir prosedür ile birbirleri ile muhtemel ilişki içerisinde olan değişkenleri (variable) daha az sayıda birbirleri ile ilişkisiz ve temel bileşenler (principal components) olarak adlandırılan değişkenlere dönüştürmektedir. Birinci temel bileşen verilerdeki mevcut varyasyonun mümkün olduğunca fazla bir bölümünü tanımlamaktadır. Diğer temel öğeler ise kalan varyasyonun sırasıyla mümkün olan en fazla bölümünü tanımlamaktadır. Diğer temel bileşenler ise kalan varyasyonun sırasıyla mümkün olan en fazla bölümünü tanımlar. Temel bileşenler analizi (PCA), anlamlı değişkenleri belirlemeyi ve verilerin boyutsallığını keşfetmeyi yada indirgemeyi amaçlar. Temel öğeler analizinde belirlenen ilk birkaç eksen, mevcut varyasyonun büyük bir çoğunluğunun bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı görülmüştür (Dytham, 2003).

Sonuç olarak, grupları görsel olarak az sayıda eksenle ayırmak ve mevcut varyasyonları önem sıralarına göre açıklayan değişken kombinasyonlarını gözlemlemek için temel öğeler analizi (PCA) vasıtası ile çalışılabilmektedir. Temel bileşenler analizi ile bireylerden elde edilen bilgiler ışığında populasyonlar tek bir nokta olarak doğrusal (linear) değişken kombinasyonları ile oluşturulmuş bağımsız eksenlerden 3'ü üzerinde gösterilmiştir. Bu analizde ırkların yakınlık derecesi ırk içi varyasyonlardan arındırılmış olarak gölenebilmektedir.

#### **J) Mantel Test Analizi**

Mantel testin prensibi iki farklı uzaklık matrisi arasındaki korelasyonu test etmektir (Mantel, 1967; Rousset ve Raymond, 1997). Diğer bir deyişle mantel test eşit boyutlu olan iki matrisin benzerliğinin karşılaştırıldığı bir analiz metodudur. Örneğin; genetik uzaklık ve coğrafi uzaklık matrisleri arasındaki uyumun karşılaştırılması, Irkların  $F_{ST}$  değerleri matrisi ile coğrafi uzaklık matrisleri arasındaki uyumun karşılaştırılması.

Çalışmada  $D_A$  genetik uzaklıklardan oluşan matris ve  $F_{ST}$  değerleri matrisleri genetik matris olarak kullanılıp coğrafi uzaklık matrisi ile her ikisinde karşılaştırılmıştır. Coğrafi uzaklık matrisi ırkların örneklendikleri alanların merkezleri coğrafi harita üzerinde belirlendikten sonra bu merkezler arasındaki mesafeler ölçülerek oluşturulmuştur. Mantel test analizinde iki matris elemanları arasındaki ilişkilerin belirlenebilmesi mümkün olabildiği gibi permütasyon testi kullanılarak sonuçların önemlilik testlerinin yapılabilmeside mümkündür. Genetik uzaklık ve coğrafi uzaklık arasındaki uyumu karşılaştırıp sonuçların önemlilik testlerini incelemede 1000 kez permütasyon yapılmıştır.

### ***K) Irkların Yok Olma Tehlikesi Geçirip Geçirmediğini***

#### ***Test Etme***

Bu istatistik programı populasyonların yakın geçmişte bir yok olma tehlikesi (dar boğazdan geçme olasılığı- bottleneck test) geçirip geçirmediğini belirlemek için kullanılan bir testtir. Eğer populasyonların etkili populasyon büyüklüğünde son yıllarda bir azalma görülmüş ise allelik çeşitlilikte beklenen heterozigotluğun ( $H_e$ ), gözlenen heterozigotluktan ( $H_o$ ) daha hızlı bir şekilde azalabileceği hipotezini temel olarak alıp hesaplamalar yapılmaktadır.

Bottleneck programı allel frekanslarını kullanır ve hesaplamada mutasyon ve göç (genetic drift) dengesinin olduğu varsayılarak örnek sayısından ( $n$ ), gözlenen allel sayısından ve beklenen heterozigotlukların dağılımından yola çıkılarak her bir lokus ve her bir populasyon örneği için hesaplamalar yapmaktadır. Bu dağılım 3 olası mutasyon modeli altında ( $n$ ) sayıdaki genlerin birleşmesi şeklinde baştan başa similasyon yapılarak bulunur. Bu 3 model sınırsız allel modeli (IAM – Infinite Allele Model), Basamak Tarzı Mutasyon modeli (Stepwise Mutation Model - SMM ), 2-safhalı Model (Two Phased Model - TPM ).

Çalışmada 2 safhalı model (TPM) kullanılmıştır. Bu model diğer 2 modelin her ikisini de kullanmakta olup bu modeller farklı oranlarda similasyonlarda kullanılır. Bu modelde Bayesian yaklaşımını kullanan Wilcoxon testi uygulanmaktadır. Bu testin mikrosatellit verileri için uygun bir test olduğu ifade edilmektedir. Bu test kapsamında verilerin 1000 kez permütasyonun yapılması sonucunda elde edilen verilerin önemliliklerinin test edilmesi için kullanılmıştır.

## 7. SONUÇLAR

### 7.1. MİKROSATELLİT BÖLGELERİNİN ALLELLERİNİN TESBİTİ

Çalışmada yerli ve kültür sığır ırkları içi ve arası genetik çeşitliliğin incelenmesi birincil amaçtır. Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan sığır ırk ve populasyonları arasında karşılaştırmalar yaparak özgün nitelikleri ile dikkati çeken yada farklılık gösteren özelliklere sahip grup yada bireylerin olup olmadığı incelenecektir.

Polimeraz zincir reaksiyonu metoduna göre çoğaltılmış 7 farklı mikrosatellit bölgesinin uzunluklarının belirlenmesinde kapiller elektroforezi (ABI 310 Genetic Analyzer) kullanılmıştır. Polimeraz zincir reaksiyonu sonucunda yükseltgenme olup olmadığı öncelikle %2’lik agaroz jellerde test edilmiş ve daha sonra sonuçlar kapiller elektroforezinde yürütülmüştür. Mikrosatellit bölgesi bant uzunluklarının belirlenmesinde GeneScan adlı program kullanılmıştır.

### 7.2. POPULASYONLAR İÇİ ALLELİK VARYASYONLAR VE HETEROZİGOTLUK ANALİZİ

Çalışmada 7 farklı populasyon, 315 birey ve 7 farklı mikrosatellit lokusu ile çalışılmış ve toplam 102 allel gözlemlenmiştir. Bu allellerin 25’i *TGLA122*, 13’ü *ETH225*, 10’u *ETH10*, 7’si *ILSTS005*, 17’si *TGLA227*, 11’i *ILSTS006* ve 19’u *HEL5* adlı mikrosatellit bölgelerinde gözlemlenmiştir. Çalışmada en çok allel *TGLA122* adlı mikrosatellit bölgesinde (25 allel) ve en az allel ise *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgesinde (7 allel) gözlemlenmiştir.

Populasyonlarda tespit edilen lokus başına düşen ortalama allel sayıları ve ırklar bazında allel sayıları *Tablo.9’da* verilmiştir. Her bir mikrosatellit bölgesi(loku) için gözlenen allel sayılarının ırklara göre dağılımı, her bir ırk için gözlenen lokus başına



düşen ortalama allel sayıları, çalışılan lokuslar açısından elde edilen ortalama allel sayıları ve çalışılan ırklar açısından elde edilen ortalama allel sayıları bu tabloda özetlenmiştir.

**Tablo.9.** Gözlenen Allel Sayılarının Irklar ve Lokuslar Bazında Dağılımı, Irk Başına Ve Lokus Başına Gözlenen Allel Sayıları Ve Ortalamaları

	Bozırk	DAK	YK	GAK	Jersey	Esm.Isv	S. Alaca	Toplam	Ort./lokus
<b>TGLA122</b>	16	16	13	17	10	9	11	92	<b>13.143</b>
<b>ETH225</b>	10	11	10	10	6	6	10	63	<b>9</b>
<b>ETH10</b>	9	8	7	9	6	6	8	53	<b>7.571</b>
<b>HEL5</b>	10	10	13	11	9	14	8	75	<b>10.714</b>
<b>ILSTS005</b>	6	4	5	6	2	3	2	28	<b>4</b>
<b>TGLA227</b>	13	14	14	15	12	10	9	87	<b>12428</b>
<b>ILSTS006</b>	8	8	10	11	8	9	7	61	<b>8.714</b>
<b>Toplam</b>	72	71	72	79	53	57	55	459	
<b>Ort. / ırk</b>	<b>10.286</b>	<b>10.143</b>	<b>10.286</b>	<b>11.286</b>	<b>7.571</b>	<b>8.143</b>	<b>7.857</b>		

*DAK; Doğu Anadolu Kırmızısı, YK; Yerli Kara, GAK; Güney Anadolu Kırmızısı, Esm.Isv.; Esmer İsviçre, S.B. Alaca; Siyah Alaca*

Populasyonlarda tespit edilen ortalama allel sayıları 10.286 allel / lokus Bozırk ve Yerli Kara ırkında, 10.143 allel / lokus Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında, 11.286 allel / lokus Güney Anadolu Kırmızısı ırkında, 7.571 allel / lokus Jersey ırkında, 8.143 allel / lokus Esmer İsviçre ırkında, 7.857 allel / lokus Siyah beyaz Alaca ırkında gözlemlenmiştir. Bu çalışmanın sonuçlarına göre, yerli ırklarda gözlenen allel sayıları genel olarak kültür ırklarında gözlenenenden daha yüksektir. Güney Anadolu Kırmızısı ırkında en yüksek ortalama allel sayısının olduğu görülmektedir.

Bozırk sığır ırkına ait örneklerin 2 farklı populasyondan alındığı daha önce materyal-metod kısmında belirtilmişti. Bozırk ırkına ait olan bu iki farklı populasyonun bireylerine ait sonuçlar ayrı birer populasyon olarak değerlendirildiğinde ortaya çıkan allel sayıları ve ortalamaları *Tablo.10'da* verilmiştir.

**Tablo.10.** Bozırk Populasyonlarının Ayır Birer Populasyon Olarak Değerlendirilmesi Sonucunda Gözlenen Allel Sayılarının Irklar Ve Lokuslar Bazında Dağılımı, Irk Başına Ve Lokus Başına Gözlenen Allel Sayıları Ve Ortalamaları

	Bozırk1 (n=12)	Bozırk2 (n=34)	DAK (n=35)	YK (n=42)	GAK (n=46)	Jersey (n=51)	Esm.Isv (n=48)	S. Alaca (n=47)	Toplam	Ort./lokus
<b>TGLA122</b>	11	14	16	13	17	10	9	11	101	<b>12.625</b>
<b>ETH225</b>	7	9	11	10	10	6	6	10	69	<b>8.625</b>
<b>ETH10</b>	6	9	8	7	9	6	6	8	59	<b>7.375</b>
<b>HEL5</b>	8	8	10	13	11	9	14	8	81	<b>10.125</b>
<b>ILSTS005</b>	6	4	4	5	6	2	3	2	32	<b>4.000</b>
<b>TGLA227</b>	8	13	14	14	15	12	10	9	95	<b>11.875</b>
<b>ILSTS006</b>	7	7	8	10	11	8	9	7	67	<b>8.375</b>
<b>Toplam</b>	53	64	71	72	79	53	57	55	504	
<b>Ort. / ırk</b>	<b>7.571</b>	<b>9.143</b>	<b>10.143</b>	<b>10.286</b>	<b>11.286</b>	<b>7.571</b>	<b>8.143</b>	<b>7.857</b>		

*DAK; Doğu Anadolu Kırmızısı, YK; Yerli Kara, GAK; Güney Anadolu Kırmızısı, Esm.Isv.; Esmer İsviçre, S.B. Alaca; Siyah Alaca*

Populasyonlarda tespit edilen ortalama allel sayıları 7.571 allel/lokus Bozırk1 ve Jersey ırkında, 9.143 allel / lokus Bozırk2 populasyonunda, 10.143 allel / lokus Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında, 11.286 allel / lokus Güney Anadolu Kırmızısı ırkında, 10.286 allel / lokus Yerli kara ırkında, 8.143 allel / lokus Esmer İsviçre ırkında, 7.857 allel / lokus Siyah beyaz Alaca ırkında gözlemlenmiştir (Tablo.10).

Tablo.9 ile Tablo.10 arasındaki tek fark, Bozırk'ın 1. ve 2. örneklemede birey sayıları farklı olduğu için ortalama allel sayısının değiştiği gözlemlenmektedir.

Irkların genetik çeşitliliğinin bir ölçütü olan heterozigotluk hesaplamalarında çalışılan mikrosatellit bölgeleri ve ırklara göre beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri Tablo.11 ve Tablo.12'de verilmiştir.

**Tablo.11.** Çalışmada Gözlenen Heterozigotluk ( $H_0$ ) Değerlerinin Her Bir Lokus İçin Populasyonlara Dağılımı, Lokuslar ve Irklar Bazında Hesaplanan Ortalama Gözlenen Heterozigotluk Düzeyleri.

Irklar	Lokuslar							Ort./ İrk
	TGLA122	ETH225	ETH10	HEL5	ILSTS005	TGLA227	ILSTS006	
<b>Bozırk</b>	0.8043	0.7174	0.7609	0.6522	0.4783	0.7111	0.6522	0.6823
<b>DAK</b>	0.7714	0.8571	0.6571	0.6571	0.4286	0.7143	0.5714	0.6653
<b>YK</b>	0.8333	0.7381	0.7381	0.8333	0.5714	0.7857	0.6429	0.7347
<b>GAK</b>	0.7174	0.7391	0.6739	0.7609	0.4783	0.6087	0.7609	0.6770
<b>Jersey</b>	0.8431	0.7451	0.7451	0.8431	0.5686	0.7800	0.8039	0.7613
<b>Esm.Isv</b>	0.6667	0.8125	0.8333	0.8125	0.4792	0.8750	0.6667	0.7351
<b>S. Alaca</b>	0.8936	0.7872	0.7234	0.7234	0.5106	0.8913	0.7447	0.7535
<b>Ort./ Lok.</b>	0.7899	0.7709	0.7331	0.7546	0.5021	0.7666	0.6918	0.7156

**DAK;** Doğu Anadolu Kırmızısı, **YK;** Yerli Kara, **GAK;** Güney Anadolu Kırmızısı, **Esm. Isv.;** Esmer İsviçre, **S.B. Alaca;** Siyah Alaca

**Tablo.12.** Çalışmada Beklenen Heterozigotluk ( $H_e$ ) Değerlerinin Her Bir Lokus İçin Populasyonlara Dağılımı, Lokuslar ve Irklar Bazında Hesaplanan Ortalama Gözlenen Heterozigotluk Düzeyleri

Irklar	Lokuslar							Ort./ İrk
	TGLA122	ETH225	ETH10	HEL5	ILSTS005	TGLA227	ILSTS006	
<b>Bozırk</b>	0.8896	0.8161	0.7702	0.7862	0.5461	0.8567	0.7587	0.7748
<b>DAK</b>	0.9085	0.8468	0.7193	0.7573	0.5586	0.8907	0.7785	0.7799
<b>YK</b>	0.8692	0.8666	0.8101	0.8302	0.6213	0.8835	0.7992	0.8114
<b>GAK</b>	0.8545	0.7953	0.7506	0.8433	0.4964	0.8978	0.8481	0.7837
<b>Jersey</b>	0.8136	0.6915	0.7507	0.7738	0.4669	0.8123	0.8327	0.7345
<b>Esm.Isv</b>	0.7107	0.7706	0.7669	0.8366	0.4866	0.8463	0.7820	0.7428
<b>S. Alaca</b>	0.8620	0.7605	0.7255	0.7227	0.4997	0.8497	0.7847	0.7435
<b>Ort./ Lok.</b>	0.8440	0.7925	0.7560	0.7929	0.5251	0.8624	0.7977	0.7672

**DAK;** Doğu Anadolu Kırmızısı, **YK;** Yerli Kara, **GAK;** Güney Anadolu Kırmızısı, **Esm. Isv.;** Esmer İsviçre, **S.B. Alaca;** Siyah Alaca

Populasyonlarda lokuslara ait heterozigotluk düzeylerine bakıldığında ortalama gözlenen ( $H_0$ ) ve beklenen heterozigotluk ( $H_e$ ) düzeyleri sırası ile 0.4286 ila 0.8936 ve 0.4669 ile 0.9085 değerleri arasında değiştiği belirlenmiştir. En yüksek gözlenen

ortalama heterozigotluk 0.7613 ile Jersey ırkında tespit edilmiştir. En düşük gözlenen ortalama heterozigotluk değeri 0.6653 ile Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında tespit edilmiştir. Çalışılan lokuslar bazında saptanan ortalama heterozigotluk değerleri ele alındığında en çok sayıda allel tespit edilen *TGLA122* lokusunda 0.7899 ile en yüksek heterozigotluk, en az sayıda allel tespit edilen *ILSTS005* lokusu ile en düşük heterozigotluk (0.5021) değerine sahip olduğu belirlenmiştir. Gerek lokuslar ve gerekse ırklar açısından ortalama değerler incelendiğinde tespit edilen heterozigotluk değerlerinin birbirlerine yakın olduğu görülmektedir.

İrklar açısından beklenen heterozigotluk değerleri incelendiğinde en yüksek beklenen heterozigotluk değeri ( $H_e$ ) 0.8114 ile Yerli Kara ırkında tespit edilmiştir. Jersey popülasyonu 0.7345 ile en düşük beklenen heterozigotluk değerine sahiptir. Beklenen heterozigotluk değerleri lokuslar bazında incelendiğinde 0.8624 ile en yüksek ortalamaya sahip olan *TGLA227* lokusunda olduğu tespit edilmiştir. En düşük heterozigotluk değerlerine sahip olan lokus *ILSTS005* lokusu (0.5251) olup ayrıca bu lokus en düşük toplam allel sayısına sahip olan lokustur. Beklenen heterozigotluk değerleri ortalaması gerek lokuslar gerekse ırklar bazında birbirine benzemektedir. Çalışmada gözlenen ve beklenen ortalama heterozigotluk değerleri *Tablo.13* özetlenerek verilmiştir.

**Tablo.13.** İrklarda Saptanan Ortalama Gözlenen ( $H_o$ ) ve Beklenen ( $H_e$ ) Heterozigotluk Değerleri

İrklar	$H_o$	$H_e$
<b>Bozırk</b>	0.6823	0.7748
<b>DAK</b>	0.6653	0.7799
<b>YK</b>	0.7347	0.8114
<b>GAK</b>	0.6770	0.7837
<b>Jersey</b>	0.7613	0.7345
<b>Esm. Isv.</b>	0.7351	0.7428
<b>S Alaca</b>	0.7535	0.7435

*DAK; Doğu Anadolu Kırmızısı, YK; Yerli Kara, GAK; Güney Anadolu Kırmızısı, Esm. Isv.; Esmer İsviçre, S Alaca; Siyah Alaca*

Bu çalışmada toplam 11 özgün allel (private allele) gözlemlenmiştir. *TGLA122*, *HEL5* ve *TGLA227* isimli mikrosatellit bölgesine ait lokuslarda 3'er özgün allelin gözlemlendiği, *ETH225* ve *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgelerinde 1 özgün allelin bulunduğu, *ETH10* ve *ILSTS006* mikrosatellit lokuslarında ise hiçbir özgün allelin bulunmadığı belirlenmiştir.

Çalışmada Bozırk ve Jersey ırkında en fazla özgün allel sayısının görüldüğü (3'er allel) belirlenmiştir. Gözlenen özgün allellerin frekanslarının ise 0.0098 ile 0.0729 arasında değişim gösterdiği belirlenmiş olup bu değerlerin oldukça düşük olduğu söylenebilir (*Tablo.14*). Bu allellerin görülme sıklığı (frekansı) düşük olduğu için ırk belirleyici (ayırtaç) özellikleri yoktur.

**Tablo.14.** Çalışmada Gözlenen Özgün Allellerin Lokuslar ile Irklar Açısından Dağılımı ve Gözlenen Özgün Allellerin Frekansları

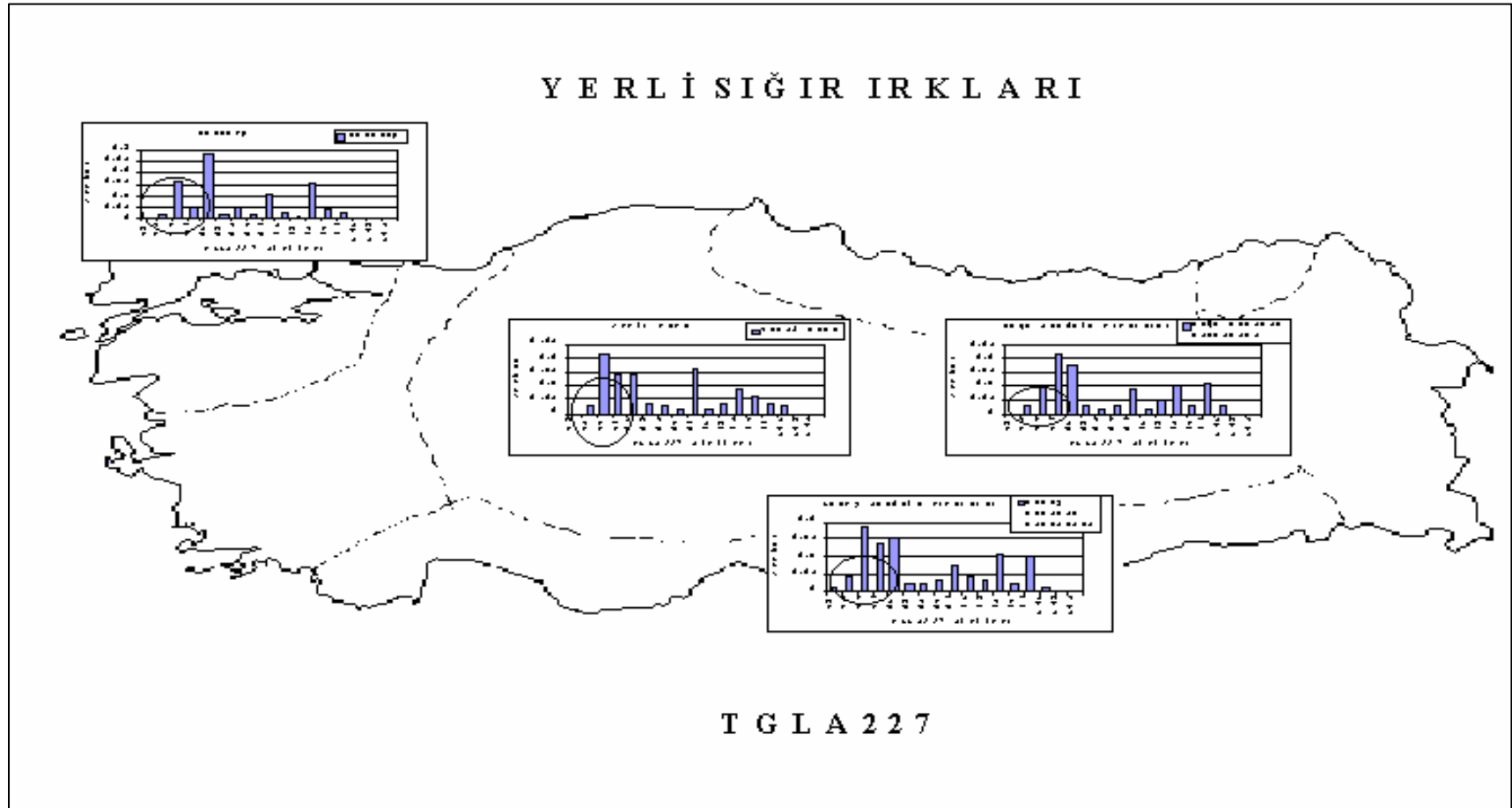
<i>Lokuslar</i>	<i>Allel Uzunluğu(bp)</i>	<i>Frekans</i>	<i>İrk İsmi</i>
<b><i>TGLA122</i></b>	156 bp	0.0729	Esmer İsviçre
	160 bp	0.0435	Bozırk
	168 bp	0.0294	Jersey
<b><i>ETH225</i></b>	166 bp	0.0109	Bozırk
<b><i>HEL5</i></b>	135 bp	0.0119	Yerli Kara
	137 bp	0.0119	Yerli Kara
	173 bp	0.0098	Jersey
<b><i>ILSTS005</i></b>	190 bp	0.0109	Bozırk
<b><i>TGLA227</i></b>	73 bp	0.0109	Güney Anadolu Kırmızısı
	103 bp	0.0119	Jersey
	105 bp	0.0217	Siyah Alaca

Çalışmada en yüksek sayıda özgün allelin görüldüğü mikrosatellit lokuslarından biri *TGLA122* isimli lokus olup bu lokus ayrıca en fazla sayıda allel uzunluğunun (25 farklı allel uzunluğu) ve ortalama allel sayısının (13.143) görüldüğü bir mikrosatellit bölgesidir. *ETH10* ve *ILSTS006* isimli mikrosatellit lokuslarında hiçbir özgün allel belirlenmemiştir. Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında da ırka özgü allel uzunluğu bulunmamaktadır.

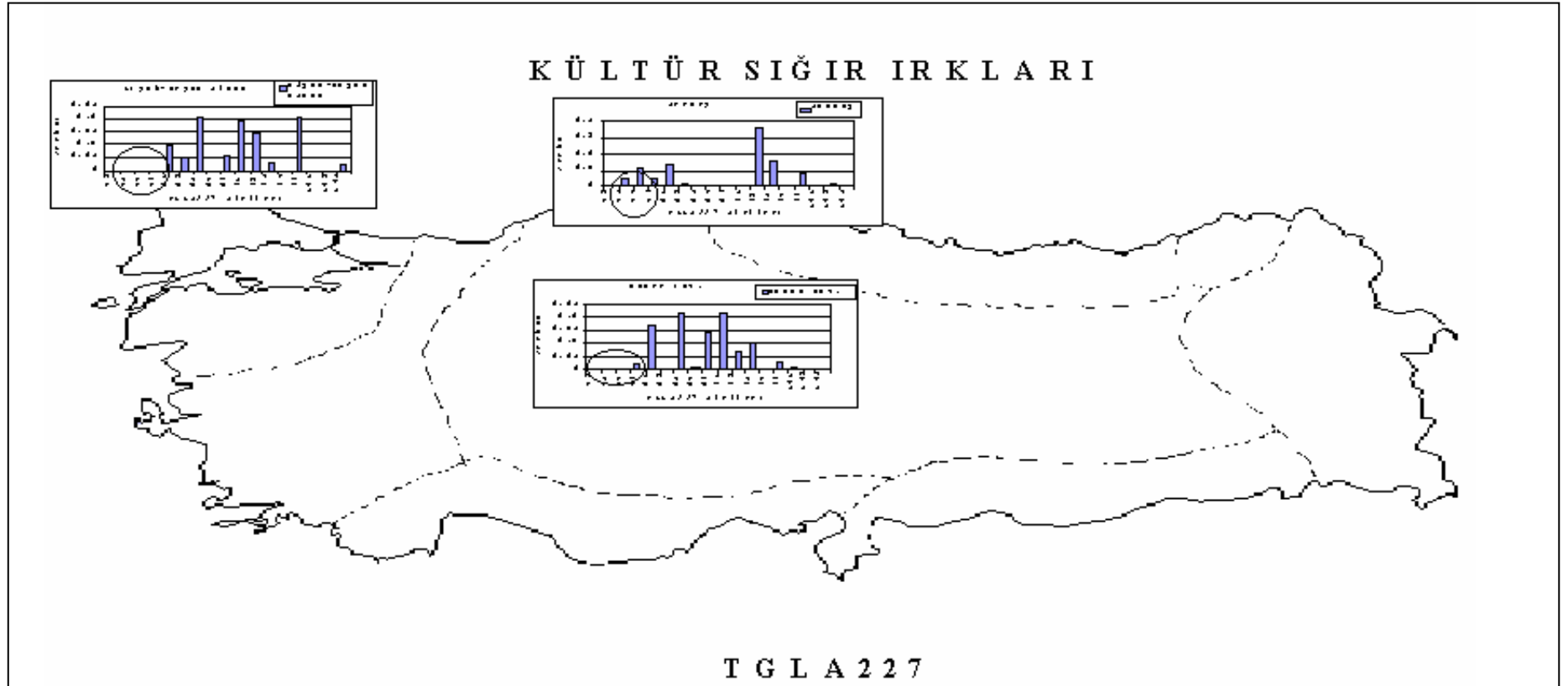
Her bir lokusta gözlenen allellerin sayısı ve görülme sıklığının görsel olarak karşılaştırılabilmesi için her bir ırka ait histogramlar çizilmiştir. Her bir mikrosatellit bölgesi için allel dağılımları; Doğu-Batı, Kuzey-Güney, Kuzeybatı – Güneydoğu, Kuzeydoğu- Güneybatı veya yetiştirildikleri bölgelerden toplanan ırk örneklerinin uygun görsel olarak saptanabilecek bir dağılım farkının olup olmadığını incelemek için histogramlar Türkiye haritası üzerine yerleştirilmiştir.

Çalışmada sadece bir mikrosatellit lokusundan elde edilen histogramlar, Türkiye haritası üzerinde örnek olarak Şekil.11’de verilmiştir. Diğer mikrosatellit bölgesine ait frekans sonuçları EK’ler kısmında verilmiştir.

**Şekil.11.** Çalışılan 7 Farklı Mikrosatellit Bölgesinden Biri Olan TGLA227 Mikrosatellit Bölgesinin Allellerinin Görülme Sıklıklarının Yerli Sığır Irklarında Dağılımının Türkiye Haritası Üzerinde Görünümü .



**Şekil.12.** Çalışılan 7 Farklı Mikrosatellit Bölgesinden Biri Olan TGLA227 Mikrosatellit Bölgesinin Allellerinin Görülme Sıklıklarının Kültür Sığır Irklarında Dağılımının Türkiye Haritası Üzerinde Görünümü .





*TGLA227* isimli mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde, Bozırk'ta en sık görülen allellerin 77 bp ve 81 bp uzunluğunda olduğu, Yerli Kara ırkında en sık görülen allellerin 77 bp, ve 89 bp uzunluğunda olduğu, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında en sık görülen allellerin 79 bp ve 81 bp uzunluğunda olduğu, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında en sık görülen allellerin 77 bp ve 81 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar incelendiğinde; Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkında en yüksek frekansa sahip olan allel uzunluğu 77 bp iken, Bozırk ırkında bu allel 81 bp, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında ise 79 bp uzunluğundadır. Kültür sığır ırkları incelendiğinde, aynı lokusta Jersey sığır ırkında en sık görülen allelin 93 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre ırkında en sık görülen allellerin 85 bp ve 91 bp uzunluğunda olduğu, Siyah Alaca ırkında ise en sık görülen allellerin 85 bp ve 99 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Kültür sığır ırkları kendi içerisinde incelendiğinde, Jersey ırkında en yüksek frekansa sahip olan allel uzunluğu 93 bp, Esmer İsviçre ırkında bu allel 85 bp ve 91 bp, Siyah Beyaz Alaca ırkında ise bu allelin 85 bp ve 99 bp uzunluğunda olduğu görülmektedir. Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki allelik varyasyon incelendiğinde, yerli ırklardaki allel uzunluğu varyasyonunun kültür sığır ırklarından daha fazla olduğu görülmektedir.

*TGLA227* mikrosatellit bölgesinin sonuçları incelendiğinde, 77 ve 79 bp uzunluğundaki allellerin yerlilerde doğudan batıya doğru gidildikçe frekanslarda bir azalma olduğu görülmektedir(Şekil. 11). Bu iki allel uzunluğunun *zebu* spesifik allel olma ihtimali olduğu düşünülmektedir. Kültür sığır ırklarında bu allellerin çok düşük frekanslarda gözlemlendiği veya bazı ırklarında hiç gözlemlenmediği dikkati çekmektedir (Şekil. 12).

*TGLA122* mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde, Bozırk ve Yerli Kara sığır ırkında en sık görülen allelin 140 bp uzunluğunda olduğu, Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) ve Güney Anadolu Kırmızısı (GAK) ırklarında ise en sık görülen allelin 142 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Türkiye'nin batısında ve İç Anadolu bölgesinde yetiştirilen yerli ırklarda (Bozırk ve Yerli Kara) en sık görülen allel 140 bp uzunluğunda iken, Türkiye'nin doğu ve

güneydoğusunda yetiştirilen ırklarda 142 bp uzunluğunun en sık görüldüğü belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları içerisinde en sık görülen alleller incelendiğinde; Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Alaca sığır ırklarında en sık görülen allelin 142 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki allelik varyasyon incelendiğinde, yerli ırklarda allel uzunluğundaki varyasyonun daha fazla olduğu dikkati çekmektedir.

*TGLA122* mikrosatellit bölgesi sonuçları incelendiğinde, yerli ırklara özel herhangi bir allel uzunluğu olmadığı ve doğudan batıya doğru gidildikçe allel frekansları açısından dikkati çeken bir farklılığın olmadığı belirlenmiştir.

*ETH225* mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde, Bozırk ırkında en sık görülen allellerin 134bp ve 138bp uzunluğunda olduğu, Yerli Kara, Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) ve Güney Anadolu Kırmızısı (GAK) ırklarında en sık görülen allellerin 142bp ve 144 bp uzunluğunda olduğu görülmektedir. Türkiye'nin doğusunda ve güneydoğusunda yetiştirilen ırklarda (DAK ve GAK) en sık tekrarlanan allellerin aynı olduğu belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları incelendiğinde en sık görülen alleller Jersey ırkında 138 bp ve 144 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca ırkında ise en sık görülen allellerin 142 bp ve 144 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir.

Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki allelik varyasyon incelendiğinde, yerli ırklardaki allel uzunluğu varyasyonunun kültür ırklarından daha fazla olduğu görülmektedir. Yerli sığır ırklarında bazı allel uzunluklarının düşük frekanslarda da olsa gözlemlendiği (146bp, 148bp, 150 bp, 152 bp, 154bp, 156bp ve 166 bp ); kültür sığır ırklarında ise bu allellerin ya hiç görülmediği veya yerli ırklardan daha düşük frekanslarda görüldüğü ( 146 bp, 148 bp, 150 bp, 152 bp ve 156 bp) dikkati çekmektedir. Bu mikrosatellit bölgesinde Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe 152 bp ve 156 bp uzunluğunun frekanslarında bir azalma görüldüğü belirlenmiştir. Bu allel uzunluklarının zebu spesifik allel olabileceği düşünülmektedir.

*ETH10* mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde Bozırk, Yerli Kara, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarında en sık görülen allelin 215 bp uzunluğunda olduğu görülmüştür. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırklarında görülen alleller incelendiğinde, Jersey ırkında en sık görülen allellerin 213 bp ve 217 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre ırkında en sık görülen allellerin 215 bp, 217 bp ve 219 bp uzunluğunda olduğu, Siyah Alaca ırkında ise en sık görülen allelin 217 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Her 3 sığır ırkı birlikte değerlendirildiğinde, Jersey ırkında en yüksek frekansa sahip olan allelin 213 bp olduğu, Esmer İsviçre ırkında 219 bp ve Siyah Beyaz Alaca ırkında ise 217 bp uzunluğunun görüldüğü belirlenmiştir. Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki allelik varyasyon incelendiğinde, yerli ırklardaki allel uzunluğu varyasyonunun kültür ırklarındaki varyasyondan daha fazla olduğu belirlenmiştir. Çalışmada yerli sığır ırklarımızda düşük frekanslarda görülen allel uzunluklarından 205bp, 207bp, 209 bp, 211bp ve 213bp uzunluklarının kültür sığır ırklarında ya hiç görülmediği veya oldukça düşük frekanslarda görüldüğü dikkati çekmektedir.

*ETH10* mikrosatellit bölgesinin doğudan batıya doğru dağılımları incelendiğinde, Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe 207 bp, 209 bp ve 211 bp allel uzunluklarında azalma olduğu belirlenmiştir. Aynı allel uzunluklarının tekrarlanma frekansları oldukça düşük olup bu allellerin yerli ırklarından geçmiş olabileceği tahmin edilmektedir. Bu allel uzunluklarının zebu spesifik allel olma ihtimalinin yüksek olabileceği düşünülmektedir.

*HEL 5* isimli mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde, Bozırk, Yerli Kara ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırklarında en sık görülen allellerin 165 bp ve 167 bp uzunluğunda olduğu, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında ise en sık görülen allellerin 153 bp, 165 bp ve 167 bp uzunluğunda olduğu görülmektedir. Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarında frekansı en yüksek olan allelin 165 bp, Yerli Kara ırkında ise frekansı en yüksek olan allelin 167 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları içerisinde en sık görülen alleller incelendiğinde, Jersey sığır ırkında en sık görülen

allellerin 165 bp ve 167 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre ırkında en sık görülen allellerin 151 bp ve 167 bp uzunluğunda olduğu, Siyah Alaca ırkında ise en sık görülen allellerin 151 bp ve 163 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Jersey ve Esmer İsviçre ırkında en yüksek frekansa sahip olan allel uzunluğu 167 bp iken, Siyah Alaca ırkında bu allel uzunluğu 163 bp'dır. Yerli ve kültür sığır ırkları arasında allelik varyasyon incelendiğinde, yerli ırklardaki allel uzunluğu varyasyonunun Jersey ve Siyah Alaca ırklarından daha fazla olduğu, Esmer İsviçre ırkının allel uzunluğu varyasyonunun ise yerli ırklardan daha fazla olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada yerli sığır ırklarında görülen 153 bp uzunluğunun oldukça yüksek frekanslarda tekrarlandığı görülmüş olup, kültür sığır ırklarındaki frekansın düşük olduğu belirlenmiştir. Bu allel uzunluğunun frekansı Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe azalmakta olup, bu allel uzunluğunun zebu spesifik allel olma ihtimalinin yüksek olabileceği düşünülmektedir.

*ILSTS005* mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde; Bozırk, Yerli Kara, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarında en sık görülen allellerin 182 ve 184 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Ayrıca yerli sığır ırklarında düşük frekanslarda da olsa 180 bp, 186 bp, 188 bp ve 192 bp uzunluklarının görüldüğü belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırklarında en sık görülen alleller incelendiğinde Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca ırkında en sık görülen allellerin 182 ve 184 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Yerli ırklarda düşük frekanslarda da olsa gözlenen allel uzunluklarının Jersey ve Siyah Beyaz Alaca ırkında görülmediği, Esmer İsviçre ırkında ise çok düşük frekansta 180 bp uzunluğunun görüldüğü belirlenmiştir. 180 bp uzunluğu sadece Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkında görülmüş olup bu ırkların melezleme çalışmalarında Esmer İsviçre ırkı kullanılmıştır.

Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki allelik varyasyon incelendiğinde yerli ırklardaki allel uzunluğu varyasyonunun kültür ırklarındaki varyasyondan daha fazla olduğu belirlenmiştir. Yerli ırklarda görülen 186 bp, 188 bp ve 192 bp uzunluklarının

frekanslarının doğudan batıya doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir. Bu allel uzunluklarının zebu spesifik allel olabileceği tahmin edilmektedir.

*ILSTS006* mikrosatellit bölgesinin yerli sığır ırklarında en sık görülen allelleri incelendiğinde, Bozırk ırkında en sık görülen allellerin 293 bp ve 291 bp uzunluğunda olduğu, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında en sık görülen allellerin 293 bp ve 295 bp uzunluğunda olduğu, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında ise en sık görülen allellerin 293 bp ve 295 bp uzunluğunda olduğu görülmüştür. Bu bölgeden elde edilen sonuçlar incelendiğinde, 293 bp uzunluğunun tüm yerli ırklarda en yüksek frekanslarda tekrarlandığı görülmektedir. Türkiye'nin batısında yetiştirilen Bozırk ırkında ikinci olarak en sık tekrarlanan allelin 291 bp uzunluğunda olduğu, Türkiye'nin doğu ve güney doğusunda yetiştirilen Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarında ikinci olarak en sık tekrarlanan allelin 295 bp uzunluğunda olduğu görülmektedir. Türkiye'nin İç Anadolu bölgesinde yetiştirilen Yerli Kara ırkında ise en sık tekrarlanan allelin 293 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları içerisinde en sık görülen alleller incelendiğinde, Jersey sığır ırkında en sık görülen allellerin 293 bp ve 297 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre ırkında en sık görülen allelin 297 bp uzunluğunda olduğu, Siyah Alaca ırkında 293 bp ve 295 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Ayrıca yerli ırklarda düşük frekanslarda da olsa 283 bp, 285 bp, 299 bp, 301 bp ve 303 bp uzunluklarının mevcut olduğu görülmektedir. Oysaki Jersey ırkında 299 bp, 301 bp ve 303 bp uzunluğu hiç görülmezken, Esmer İsviçre ırkında 301 bp ve 303 bp çok düşük frekanslarda, Siyah Alaca ırkında ise 301 bp allelinin çok düşük frekansta olduğu görülmektedir.

*ILSTS006* mikrosatellit bölgesi sonuçları incelendiğinde, yerli ırklara özel herhangi bir allel uzunluğu olmadığı, doğudan batıya doğru gidildikçe allel frekansları açısından dikkati çeken bir farklılığın olmadığı görülmektedir.

Tüm mikrosatellit bölgelerinden elde edilen sonuçlar birlikte değerlendirildiğinde; Yerli sığır ırklarında *TGLA 122*, *ETH10*, *ETH225*, *TGLA227* ve

*ILSTS005* mikrosatellit bölgelerinde allel uzunluklarında görülen varyasyonun kültür sığır ırklarına göre daha fazla olduğu dikkati çekmektedir.

Daha önceki çalışmalarda (Loftus ve ark., 1999) zebu kökenli ırklarda görülen bazı allellerin (*zebu* spesifik allel), Türkiye'deki yerli sığır ırklarında da görüldüğü belirlenmiş olup, bu allel uzunluklarının doğudan batıya doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir. Çalışma da Türkiye'deki yerli sığır ırklarına zebu kökenli bireylerden karışım olduğu allel frekanslarının incelenmesi sonucunda gözlemlenmektedir.

Tüm mikrosatellit bölgelerine ait sonuçların geneline bakıldığında, Türkiye'de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarına *zebu* kökenli bireyler ile karışımın olduğu düşünüldüğü gibi, yerli ve kültür sığır ırkları arasında da bir karışımın olduğu dikkati çekmektedir. Yerli ve kültür sığır ırklarına ait *zebu* karışım oranları (Wright, 1969) *Tablo.15* verilmiştir. Bu oranlar Loftus ve ark.(1999)'nın çalışmasında incelenen *ETH10* ve *ETH225* mikrosatellit lokuslarına ait zebu spesifik alleller dikkate alınarak hesaplanmıştır. Bu oranların hesaplanmasında kullanılan frekanslar; (%73.5) zebu spesifik allel taşıdığı belirtilen (Loftus ve ark., 1999) Ongole ırkının allel frekansları yardımı ile hesaplanmıştır. Fakat Ongole ırkının frekansları (%100) zebu alleli taşıma ihtimaline göre düzenlenerek, %100 zebu alleli olması halindeki frekansları kullanılarak yaklaşık karışım oranlarının hesaplanmasında yapılmıştır.

Bu oranlar incelendiğinde Türkiye'deki yerli sığır ırklarında doğudan batıya doğru gidildikçe zebu ile karışım oranlarının düştüğü gözlemlenmiştir. Bu sonuç daha önceki çalışmalar ile uyum içerisindedir (Loftus ve ark., 1999). Çalışmada yerli ve kültür sığır ırklarındaki *ETH 10* ve *ETH225* mikrosatellit bölgelerinde görülen zebu allelleri dikkate alınarak hesaplanan zebu karışım oranları ise sırası ile Bozırk'ta % 8.11, Yerli Kara sığır ırkında %12, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında %12.58, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında %10.11, Jersey ırkında %0.34, Esmer İsviçre ırkında %0.46, Siyah Alaca ırkında ise % 6.2 olarak bulunmuştur.

*Tablo. 15. Türkiye’deki Yerli ve Kültür Sığır Irklarında Zebu Karışım Oranları.*

Allel uzunlukları	Bozırk	Yerli Kara	DAK	GAK	Jersey	Esmer Isvicre	S. B. Alaca
(ETH10)207	0.219	0.000	0.064	0.0244	0.000	0.000	0.0478
(ETH10)209	0.0136	0.164	0.0243	0.000	0.000	0.000	0.0132
(ETH10)211	0.159	0.263	0.419	0.399	0.000	0.000	0.204
(ETH225)153	0.000	0.000	0.0318	0.000	0.000	0.0232	0.0474
(ETH225)157	0.0137	0.180	0.090	0.0822	0.0168	0.000	0.000
	<b>0.0811</b> (%8.11)	<b>0.1213</b> (%12.13)	<b>0.1258</b> (%12.58)	<b>0.1011</b> (%10.11)	<b>0.0034</b> (%0.34)	<b>0.0046</b> (%0.46)	<b>0.062</b> (%6.2)

Zebu bireyleri ile karışım oranlarını incelediğimizde, Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan kültür sığır ırkları içerisinde en fazla karışımın görüldüğü kültür ırkının Siyah Alaca ırkı olduğu görülmektedir.

Çalışmada yerli ve kültür sığır ırkları arasında da bir karışımın olduğu tahmin edilmektedir. Kültür sığır ırklarından, yerli sığır ırklarına yaklaşık ne oranda karışımın olduğunun (Wright, 1969) hesaplanmasında, Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırklarına ait bireylerde yüksek frekanslarda görülen fakat yerli sığır ırklarında oldukça düşük frekanslarda görülen yada bazı ırklarda hiç görülmeyen allel uzunlukları dikkate alınarak hesaplamalar yapılmıştır. Kültür sığır ırklarının frekansları hesaplamalarda kullanılmıştır. Kültür sığır ırklarından yerli sığır ırklarına karışımının olduğu tahmin edilen alleller ve bu allellerin yaklaşık karışım oranlarını gösteren tablo aşağıda verilmiştir (Tablo.16).

*Tablo. 16. Türkiye’deki Jersey Irkından Yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin oranları.*

Allel uzunlukları	Bozırk	Yerli Kara	DAK	GAK
TGLA122(170 bp)	0.2771	0.1215	0.1517	0.2307
ETH225 (138 bp)	0.607	0.2775	0.3181	0.2904
ETH10 ( 213 bp)	0.0317	0.1664	0.4165	0.2218
<b>ORTALAMA</b>	<b>0.305</b> (%30.5)	<b>0.1884</b> (%18.84)	<b>0.2954</b> (%29.54)	<b>0.2476</b> (%24.76)

Türkiye’de yetiştirilen Jersey sığır ırkından yerli sığır ırklarına geçtiği tahmin edilen allellerin yaklaşık karışım oranlarını incelediğimizde, bu oranların batıdan doğuya doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir. Türkiye’nin batısında yetiştirilen

ırklarda Jersey ırkları ile karışımın daha yüksek olduğu, batıdan doğuya doğru gidildikçe bu oranın düştüğü belirlenmiştir.

**Tablo.17.** *Türkiye’deki Siyah Alaca Irkından Yerli Sığır Irklarına Karışımın Olduğu Düşünülen Allellerin Oranları.*

Allel uzunlukları	Bozırk	Yerli Kara	DAK	GAK
HEL5(151 bp)	0.0566	0.155	0.0746	0.0227
HEL5 (163 bp)	0.256	0.167	0.3495	0.1277
<b>ORTALAMA</b>	<b>0.1563</b> (%15.63)	<b>0.161</b> (%16.1)	<b>0.2121</b> (%21.21)	<b>0.0752</b> (%7.52)

Türkiye’de yetiştirilen Siyah Alaca sığır ırkından yerli sığır ırklarına geçtiği tahmin edilen allellerin yaklaşık karışım oranlarını incelediğimizde, Siyah Beyaz alaca ırkında durumun Jersey ırkından oldukça farklı olduğu görülmektedir. Bozırk, Yerli Kara ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında yaklaşık olarak hesaplanan karışımın %15.63’ten büyük olduğu belirlenmiş olup, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında bu allel bakımından en az karışım olduğu belirlenmiştir (% 7.52 ).

**Tablo. 18.** *Türkiye’deki Esmer İsviçre Irkından Yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin oranları.*

Allel uzunlukları	Bozırk	Yerli Kara	DAK	GAK
TGLA227(85 bp)	<b>0.2482</b> (%24.82)	<b>0.108</b> (%10.8)	<b>0.0654</b> (%6.54)	<b>0.0992</b> (%9.92)

Esmer İsviçre ırkında ise karışım oranının batıdan doğuya doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir. Bozırk ırkında yaklaşık karışım oranı, bu allel açısından %24.82 iken doğuda bu oran %6.54’lere düşmektedir.

Yerli sığır ırklarının kendi içerisindeki allel karışım oranları çalışmada hesaplanamamaktadır. Bunun en önemli nedeni, yerli ırkların birbirlerinden net olarak çalışılan lokuslar açısından ayrılamaması ve ırka özgü allel değişimlerinin Türkiye’nin doğusunda ve batısında yetiştirilen ırklar arasında belirgin farklılık göstermemesindedir.



### 7.3. F PARAMETRELERİ

Çalışmada 7 farklı mikrosatellit bölgesi çalışılmaktadır. Bu bölgelerin hepsi bir arada düşünüldüğünde ırkların Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı  $F_{IS}$  değerleri ile gözlemlenmek mümkündür. Çalışılan populasyonlar için hesaplanan genel  $F_{IS}$  değerlerinin -0.03683 ile 0.14883 arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu populasyonların  $F_{IS}$  değerlerine ait dağılım Tablo.19'da verilmiştir.

**Tablo.19.** Çalışılan Populasyonların  $F_{IS}$  Değerlerine Ait Dağılım.

Populasyonun Adı	$F_{IS}$ Değerleri	İstatistiksel Önemlilik
Bozırk	0.11930	Önemsiz
Doğu Anadolu Kırmızısı	0.14883	Önemsiz
Yerli Kara	0.09563	Önemsiz
Güney Anadolu Kırmızısı	0.13743	Önemsiz
Jersey	-0.03683	Önemsiz
Esmer İsviçre	0.01048	Önemsiz
Siyah Alaca	-0.01350	Önemsiz

Mikrosatellit bölgelerinin 7 farklı sığır ırkında çalışılması sonucunda elde edilen verilerden hesaplanan  $F_{IS}$  değerleri, iki populasyonda (Jersey ve Siyah-Beyaz Alaca) negatif olarak belirlenmiştir. Bu populasyonlarda önemsiz düzeyde heterozigot fazlalığının mevcut olduğu söylenebilir. Bu populasyonların her ikisi de kültür sığır ırkı olup bu populasyona ait örnekler Kamu Tarım işletmelerinden alınmıştır. Bu populasyonların kayıtları tutulmakta ve suni tohumlamalara dikkat edilmektedir. Her yıl suni tohumlamada kullanılan boğalara dikkat edilmekte, yeni boğalar seçilip damızlık olarak kullanılmaktadır.

Diğer 5 populasyonda (Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı, Bozırk, Esmer İsviçre) hesaplanan  $F_{IS}$  değerleri sıfıra yakın ve önemsiz düzeyde pozitif değerde olup Hardy-Weinberg dengesinin populasyonlarda mevcut olduğu söylenebilir.

Mevcut allel uzunlukları Genetix 4.02 paket programı kullanılarak her bir populasyon içinde 1000 kez permütasyonu yapılarak hesaplanan  $F_{IS}$  değerlerinin dağılım grafiğinin çizilmesi sonucunda gözlenen  $F_{IS}$  değerlerinin bu dağılım grafikleri ile karşılaştırılması sonucunda yapılan önemlilik testi sonucunda populasyon  $F_{IS}$

değerlerinin “önemli olmadığı-nonsignificant” görülmüştür. Bu sonuçlardan yola çıkılarak populasyonların Hardy-Weinberg dengesine sahip olduğu söylenebilir.

Çalışmanın materyal-metod kısmında da belirtildiği gibi, Bozırk populasyonunun örneklenmesi ayrı zamanlarda ayrı yerlerde yapılmış ve 2 farklı örnek grubu oluşturularak toplanmıştır. Bu örnekleme gruplarından ilki; 12 elemanlı olup Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsünden toplanmıştır. İkinci örnekleme grubu ise 34 elemanlı olup Keşan civarındaki köylerden örnekler toplanmıştır. Irk içi farklı populasyonların incelenen 7 farklı mikrosatellit lokusu açısından Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığını yine  $F_{IS}$  değerleri ile gözlemlemek mümkündür. Bunun için farklı zamanlarda ve farklı yerlerden toplanan örnekleri ayrı birer grup olarak hesaplanan  $F_{IS}$  değerleri ve istatistiksel anlamlılık testi sonuçları Tablo.20 ve Tablo.21’de verilmiştir.

**Tablo. 20.** *Bozırk Irkının Farklı Örnekleme Grupları Ayrı Tutulduğunda Hesaplanan  $F_{IS}$  değerleri ve İstatistiksel Önemlilik Analizi Sonuçları*

Populasyonun Adı	$F_{IS}$ Değerleri	İstatistiksel Önemlilik
Bozırk1(n=12)	0.19918	Önemsiz
Bozırk2(n=34)	0.07890	Önemsiz

**Tablo. 21.** *Bozırk Irkının Farklı Örnekleme Gruplarından Rastgele Seçilerek Alınan Aynı Sayıda Bireyin Karşılaştırılması ve Ayrı Grup Olarak Tutulması Sonucunda Hesaplanan  $F_{IS}$  Değerleri ve İstatistiksel Önemlilik Analizi Sonuçları*

Populasyonun Adı	$F_{IS}$ Değerleri	İstatistiksel Önemlilik
Bozırk1(n=12)	0.19918	Önemsiz
Bozırk2(n=12)	0.13243	Önemsiz

Her iki tabloda da görüldüğü gibi, Bozırk birinci populasyon örneği ile ikinci populasyon örneği pozitif bir değer almakta olup alınan örneklerin ait oldukları populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu söylenebilir. Diğer ırkların  $F_{IS}$  değerlerinin ve anlamlılık testi sonuçlarının değişmemesi nedeni ile bu tabloda diğer

populasyonlara ait aynı değerler tekrar verilmemiştir. Bu tablolardan ilkinde her iki Bozırk örneği grubunun eleman sayıları birbirinden farklıdır. Bunun nedeni köylerden alınan örnek sayısı Kamu Tarım işletmesinden alınan örneklerden daha fazladır. İkinci tabloda, köylerden toplanan örneklerden 12 tanesi rastgele seçilmiş ve eleman sayısı eşit olarak  $F_{IS}$  değerleri tekrar karşılaştırılmıştır.

Populasyonlar arası farkın önemli olup olmadığını görmek için  $F_{ST}$  değerleri hesaplanmış ve  $F_{IS}$  değerleri gibi bunlarında önemlilik testleri yapılmıştır. Bütün populasyonlar için hesaplanan genel  $F_{ST}$  değeri 0.05482 olarak belirlenmiş olup, bu değerin istatistiki olarak önemli olduğu belirlenmiştir ( $P < 0.001$ ). Bu analiz sonucunda en az bir populasyonun  $F_{ST}$  değerinin diğerlerinden anlamlı düzeyde farklı olduğu söylenebilir.

Populasyonların ikili karşılaştırılmalarıyla hesaplanan  $F_{ST}$  değerleri ve önemlilik düzeyleri aşağıdaki tabloda verilmiştir (Tablo.22). F istatistiklerinden biri olan  $F_{ST}$  değeri ile 7 mikrosatellit lokusuna dayalı ırk içi populasyonlar arası (Bozırk 1 ve Bozırk 2) ve ırklar arası farklılıkların anlamlılık düzeylerini sınamak mümkündür. Bunun için önce aynı ırkın farklı populasyonları (Bozırk1 ve Bozırk2) tek bir populasyon olarak ele alınıp (Bozırk) ırklar ikişerli olarak karşılaştırılır. Hesaplanan  $F_{ST}$  değerleri ve istatistiksel anlamlılık testi sonuçları Tablo.22’de verilmiştir.

**Tablo.22.** *Populasyonların İkili Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan  $F_{ST}$  değerleri ve önemlilik düzeyleri*

	<b>Bozırk</b>	<b>DAK</b>	<b>YK</b>	<b>GAK</b>	<b>Jersey</b>	<b>Esmer İsviçre</b>	<b>S-B. Alaca</b>
<b>Bozırk</b>	-	0.01776 <sup>***</sup>	0.01553 <sup>***</sup>	0.03442 <sup>***</sup>	0.05654 <sup>***</sup>	0.06545 <sup>***</sup>	0.09318 <sup>***</sup>
<b>DAK</b>		-	<b>0.01355<sup>**</sup></b>	<b>0.01040<sup>*</sup></b>	0.05715 <sup>***</sup>	0.06247 <sup>***</sup>	0.07894 <sup>***</sup>
<b>YK</b>			-	0.02860 <sup>***</sup>	0.05207 <sup>***</sup>	0.05582 <sup>***</sup>	0.07875 <sup>***</sup>
<b>GAK</b>				-	0.04450 <sup>***</sup>	0.04723 <sup>***</sup>	0.07356 <sup>***</sup>
<b>Jersey</b>					-	0.06939 <sup>***</sup>	<b>0.09816<sup>***</sup></b>
<b>EsmerIsv</b>						-	0.05670 <sup>***</sup>
<b>S-B.Alaca</b>							-

<sup>\*\*\*</sup>( $P < 0.001$ ); <sup>\*\*</sup>( $P < 0.01$ ); <sup>\*</sup>( $P < 0.05$ )

Hesaplanan  $F_{ST}$  deęerleri ve bunların önemlilik testi sonuçları incelendięinde; Doęu Anadolu Kırmızıısı ve Güney Anadolu Kırmızıısı ırkları arasındaki  $F_{ST}$  deęerinin  $P<0.05$ 'e göre önemli olduęu, Doęu Anadolu Kırmızıısı ve Yerli Kara ırkı arasındaki  $F_{ST}$  deęerinin ise  $P<0.01$ 'e göre önemli olduęu bulunmuştur. Dięer ırklar arasındaki  $F_{ST}$  deęerlerinin ise  $P<0.001$ 'e göre önemli olduęu belirlenmiştir. Daha sonra aynı ırkın farklı popülasyonları ayrı tutulmuş ve ırklar/popülasyonlar ikiye ayrılarak karşılaştırılarak hesaplanan  $F_{ST}$  deęerleri Tablo.23 ve Tablo.24'te verilmiştir. İlk tabloda Bozırk ırkından alınan örnek sayıları farklı olarak  $F_{ST}$  hesaplamaları yapılmıştır (Tablo.23). İkinci tabloda ise ikinci Bozırk örnek popülasyonundan rastgele 12 tanesi seçilip her iki örnek sayısı eşitlenerek  $F_{ST}$  hesaplaması yapıp popülasyon / ırklar karşılaştırılmıştır (Tablo.24).

**Tablo.23.** Aynı Irkın Farklı Populasyonlarının Ayır Grup Olarak Tutulup, Irklar / Populasyonların İkişerli Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan  $F_{ST}$  değerleri ve Önemlilik Düzeyleri

	Bozırk1 (n=12)	Bozırk2 (n=34)	DAK	YK	GAK	Jersey	Esmer İsviçre	S-B. Alaca
Bozırk1		0.02833(NS)	0.01170(NS)	0.01830(NS)	0.0006(NS)	0.04235***	0.05164***	0.07783***
Bozırk2			0.02695***	0.02160***	0.05286***	0.07076***	0.07854***	0.10670***
DAK				0.01355**	0.01040*	0.05715***	0.06247***	0.07894***
YK					0.02860***	0.05207***	0.05582***	0.07875***
GAK						0.04450***	0.04723***	0.07356***
Jersey							0.06939***	0.09816***
Esmerİsv								0.05670***
S- B.Alaca								

\*\*\*( $P<0.001$ ); \*\*( $P<0.01$ ); \* ( $P<0.05$ )

**Tablo.24.** Aynı Irkın Farklı Populasyonlarının Ayır Grup Olarak Tutulup, Irklar / Populasyonların İkişerli Karşılaştırılması Sonucunda Hesaplanan  $F_{ST}$  değerleri ve Önemlilik Düzeyleri

	Bozırk1 (n=12)	Bozırk2 (n=12)	DAK	YK	GAK	Jersey	Esmer İsviçre	S-B. Alaca
Bozırk1		0.02848(NS)	0.01170(NS)	0.01830(NS)	0.0006(NS)	0.04235***	0.05164***	0.07833***
Bozırk2			0.03397**	0.02474**	0.05865***	0.07202***	0.07829***	0.09800***
DAK				0.01355**	0.01040*	0.05715***	0.06247***	0.07894***
YK					0.02860***	0.05207***	0.05582***	0.07875***
GAK						0.04450***	0.04723***	0.07356***
Jersey							0.06939***	0.09816***
Esmerİsv								0.05670***
S.B.Alaca								

\*\*\*( $P<0.001$ ); \*\*( $P<0.01$ ); \* ( $P<0.05$ )

Bozırk ırkının farklı populasyonlarından alınan farklı sayıdaki örneklerden elde edilen  $F_{ST}$  değerleri ile diğer ırkların  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırıldığında (Tablo.6.1.3.e); Bozırk1 populasyonu ile Bozırk 2 populasyonu arasındaki farklılığın istatistiki olarak önemli olmadığı belirlenmiştir. Bozırk 1 populasyonuna ait olan  $F_{ST}$  değeri diğer yerli ırklar ile karşılaştırıldığında Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara populasyonuna ait olan  $F_{ST}$  değerleri arasındaki farklılığın istatistiki olarak önemli olmadığı Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca ırkına ait  $F_{ST}$  değerleri arasındaki farklılıkların ise ( $P<0.001$ )'e göre önemli olduğu belirlenmiştir. Bozırk 2 populasyonuna ait olan  $F_{ST}$  değerleri diğer ırklar ile karşılaştırıldığında Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı, Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca ırkına ait olan  $F_{ST}$  değerleri arasındaki farklılığın ( $P<0.001$ )'e göre önemli olduğu belirlenmiştir.

Bozırk ırkına ait olan her iki populasyonun örnek sayısı birbirinden farklıdır. Bu nedenle ikinci Bozırk populasyonuna ait örneklerden rastgele 12 tanesi seçilip her iki örnek sayısı eşitlenerek  $F_{ST}$  değerlerinin karşılaştırılması yapıldığında (Tablo.6.1.3.f). Bozırk1 populasyonundaki bireylere ait  $F_{ST}$  değerleri ile diğer yerli ırklara ait olan  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırıldığında farklılıkların istatistiki olarak önemli olmadığı görülmektedir. Bozırk 2 populasyonuna ait  $F_{ST}$  değerleri ile, diğer yerli ırklara ait olan  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırıldığında Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara arasındaki farklılıkların ( $P<0.01$ )'e göre önemli olduğu, Güney Anadolu Kırmızısı ırkı ile Bozırk2 populasyonuna ait  $F_{ST}$  değerleri arasındaki farklılığın ise ( $P<0.001$ )'e göre önemli olduğu görülmektedir. Bozırk1 ve Bozırk 2 populasyonuna ait olan  $F_{ST}$  değerleri ile Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır ırklarına ait  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırıldığında ise farklılıkların ( $P<0.001$ )'e göre önemli olduğu belirlenmiştir.

#### **7.4. MOLEKÜLER GENETİK VERİLERİNİN VARYANS ANALİZİ (AMOVA Analizi)**

Çalışmada genetik varyasyonun ırklar arasında ve ırklar içinde nasıl ayrışarak dağıldığını görmek için iki farklı grupta ile Moleküler Varyans Analizi (AMOVA

analizi) yapılmıştır. Bu 2 farklı moleküler varyans analizinde (AMOVA) farklı gruplar oluşturulmuştur.

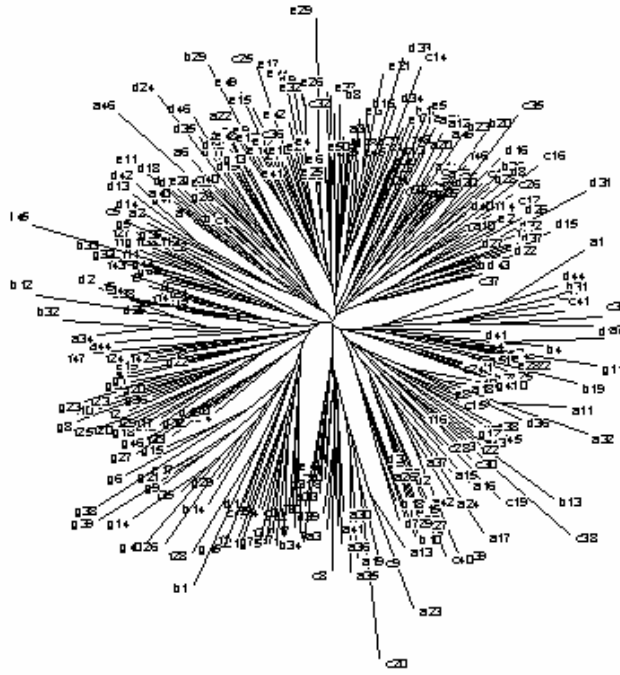
Birinci aşama moleküler varyans analizinde (AMOVA); yerli sığır ırkları bir grup (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı), kültür sığır ırkları ayrı bir grup (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Beyaz Alaca) olarak ele alınıp iki farklı grup oluşturulmuştur. Birinci aşama moleküler varyans analizinde (AMOVA), elde edilen sonuçlar incelendiğinde toplam genetik varyasyonun %93.742ü populasyonların (ırkların) içlerinde, %4.43'sinin grup içi ırklar arasında, %1.79'unun ise gruplar arasında olduğu gözlenmiştir. Irklar arası farklılıkların ve gruplar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli olup olmadığı permütasyon uygulanarak test edilmiştir. Irklar arası ve gruplar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir( $P<0.001$ ). Bu sonuca göre en az bir ırkın diğerlerinden farklı olduğu söylenebilir.

İkinci aşama moleküler varyans analizinde (AMOVA), yerli ırkların her biri bir tek grup (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı) olarak kabul edilmiştir. Kültür sığır ırkları bu aşamada analize alınmamıştır. İkinci aşama moleküler varyans analizinde elde edilen sonuçlar incelendiğinde toplam genetik varyasyonun %97.75'i populasyonlar içinde, geri kalan %2.25'inin ise populasyonlar arasında olduğu gözlenmiştir. Populasyonlar (ırklar ) arası farklılığın istatistiki olarak önemli olup olmadığının test edilmesi sonucunda; ırklar arası farklılığın istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir( $P<0.001$ ).Bu sonuca göre en az bir yerli sığır ırkı populasyonunun diğerlerinden farklı olduğunu söyleyebiliriz.

## 7.5. ALLELLERİN PAYLAŞIM UZUNLUKLARININ ÖLÇÜMÜ (Allele Sharing Distance)

Farklı sığır ırklarına ait bireylerin çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından genetik olarak birbirlerine ne derece benzediklerini, bazı ırklara ait bireylerin daha farklı ayrılıp ayrılmadığını araştırmak için allel paylaşım uzaklığı metodu ölçüt olarak alınmış ve komşu birleştirme ağacı ile bireylerin ilişkileri sergilenmiştir (Şekil.12). Çizilen şekilde popülasyon adlarının daha anlaşılır bir şekilde görüntülenmesi için ırkların/örneklerin her biri bir harf ile isimlendirilmiştir.

Harfler ve temsil ettikleri popülasyonların isimleri şöyledir; A: Bozırk, B: Doğu Anadolu Kırmızısı, C: Yerli Kara, D: Güney Anadolu Kırmızısı, E: Jersey, F: Esmer İsviçre, G: Siyah Alaca.

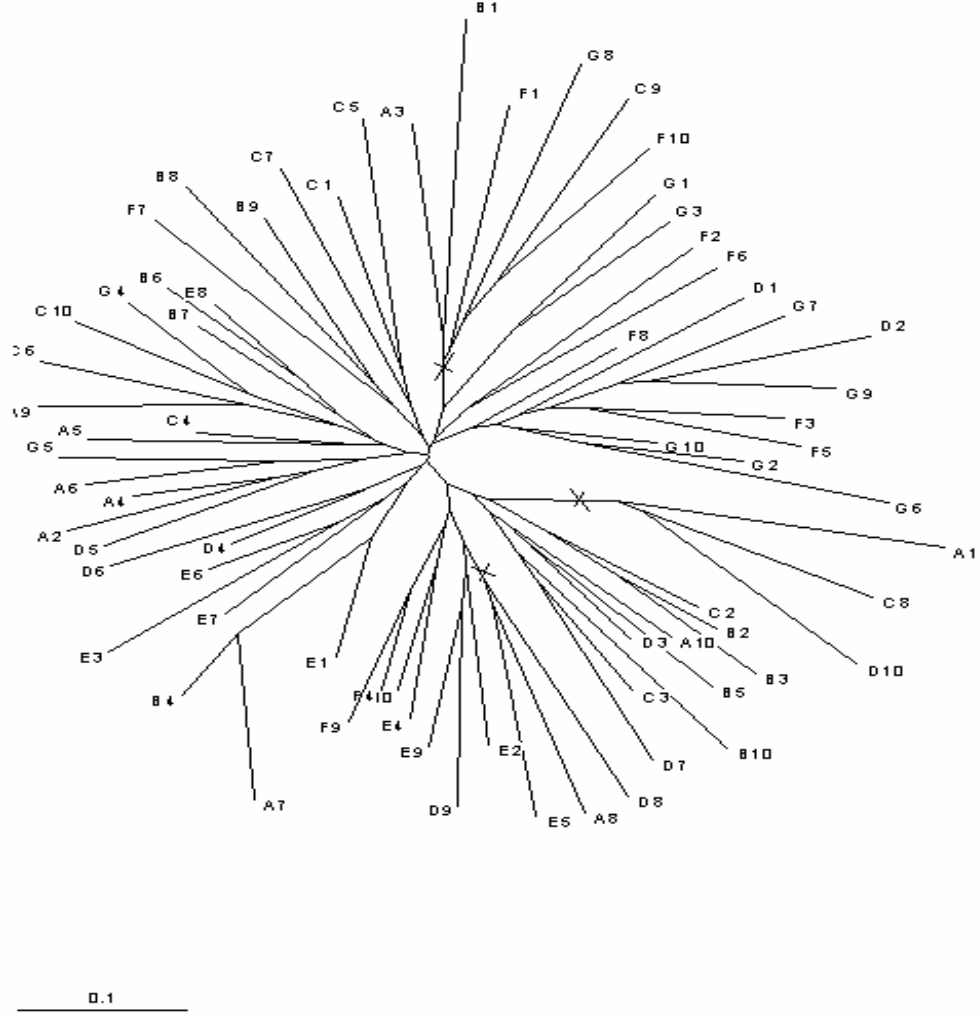


0.1

**Şekil.12.** Bireyler Arası Paylaşım Uzaklıkları (ASD) kullanılarak çizilen Komşu Birleştirme (NJT) Metodu Kullanılarak Çizilen Ağaç.



Tüm bireylerin birlikte değerlendirilmesi sonucunda çizilen ağaçta çözünürlük çok düşük olduğundan her ırktan rastgele seçilen 10'er bireyle ağaç tekrar çizilmiştir. Yeni çizilen ağaç Şekil.13'de verilmiştir.



**Şekil.13.** Her Irkı Temsilen Rastgele Seçilen 10'ar Birey Kullanılarak Çizilen Allel Paylaşım Uzaklıklarına Göre Çizilen Komşu Birleştirme Ağacı. A: Bozırk, B: Doğu Anadolu Kırmızısı, C: Yerli Kara, D: Güney Anadolu Kırmızısı, E: Jersey, F: Esmer İsviçre, G: Siyah Alaca.

Bireyler arası allel paylaşım uzaklıkları (ASD) metoduna göre çizilen komşu birleştirme ağacında aynı ırka ait bireylerin yer yer bir arada toplandığı (özellikle kültür sığır ırkları) fakat aralara başka ırklara ait bireylerin karıştığı görülmektedir. Kısacası şekilde de (X) işaretleri ile gösterilen gruplardan görüldüğü gibi farklı ırklara ait

bireyler, çoğu zaman kendi ırklarındaki bireylerden daha fazla genetik olarak birbirine yakın görülmektedir.

Her popülasyondan 10'ar bireyin rastgele seçilmesi sonucunda çizilen komşu birleştirme ağacında, Türkiye yerli sığır ırklarına ait bireylerin daha karışık şekilde gruplandığı, kültür sığır ırklarına ait bireylerin ise daha düzenli olarak gruplandığı ve ayrıldığı görülmüştür. Kültür ırklarına ait bireyler (E, F, G), yerli ırklara oranla daha çok kendi ırklarına ait bireyler ile gruplaşma göstermiştir.

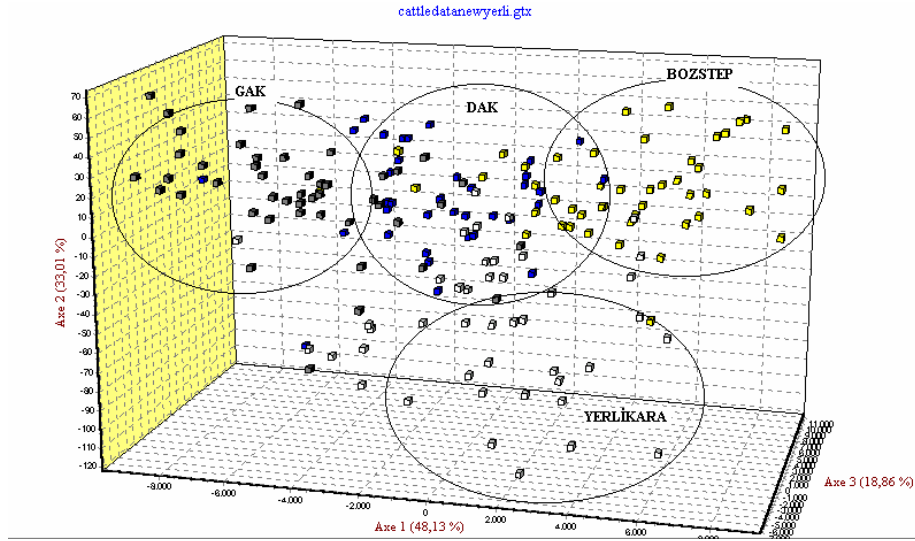
Yerli ve kültür sığır ırklarına ait bireylerde allel paylaşım uzaklıkları kullanılarak çizilen komşu-birleştirme ağaçlarının her ikisinin de dalları uzundur ve evcil türlerde görüldüğü gibi yıldız şeklinde bir görünüme sahiptir. Az sayıda bireyle başlayan evcilleştirme sürecinde birden fazla demografik genişlemenin olduğu görünümünü yansıtmaktadır.

## **7.6. FAKTÖRİYEL BENZERLİK ANALİZİ ( FACTORIAL CORRESPONDENCE ANALYSIS-FCA)**

Faktöriyel benzerlik analizi bireyler arasındaki akrabalığı araştırmak için yapılan bir analiz olup çoklu boyutta bireylerin birbirine yakınlığının görülebilmesi için yapılmaktadır. Bireylerin genetik varyasyonunun belirlenmesi, verilerin birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli bağımsız ve bileşik değişken eksenleri (faktörler) açısından üç boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirmek amacı ile çizilen faktöriyel benzerlik analizi grafikleri 3 farklı aşamada incelenmiştir. Üç boyutlu düzlemde faktöriyel benzerlik analizi grafiklerinin çiziminde Genetix paket programı kullanılmış olup, bu grafiklerin çiziminde her biri bir eksenden oluşan toplam 10 faktörün farklı üçlü kombinasyonları dikkate alınarak hesaplama yapılmaktadır.

Birinci aşamada Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan yerli sığır ırkları kendi içerisinde analiz edilmiş olup, çizilen faktöriyel benzerlik analizi grafiğinde yalnızca yerli ırklar kullanılmıştır (*Şekil.14*). Faktöriyel birleştirici analiz grafiğinde,

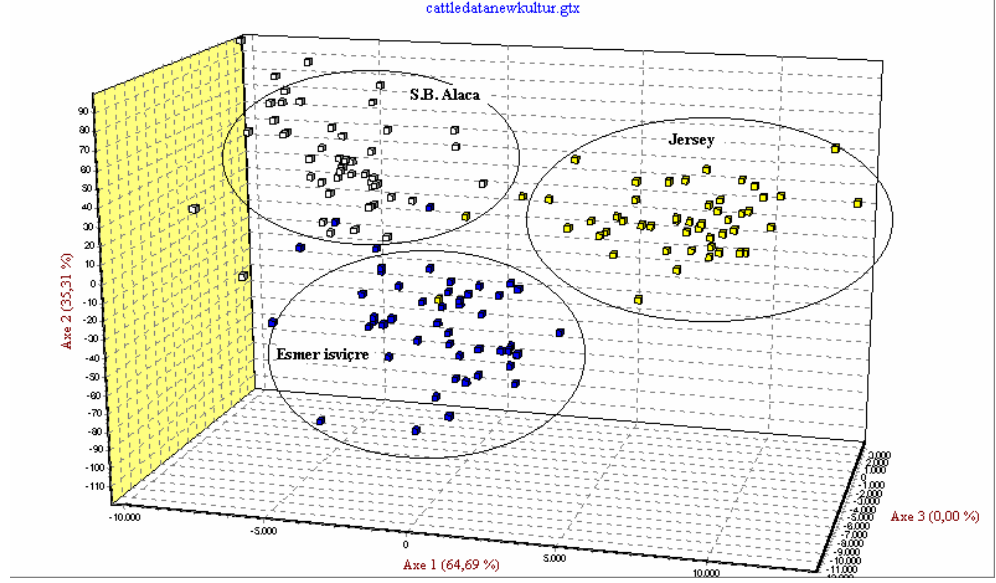
populasyonların bireylerini tanımlayan renkler sırası ile; Bozırk: Sarı; Doğu Anadolu Kırmızısı: Mavi; Yerli Kara: Beyaz; Güney Anadolu Kırmızısı: Siyah renktir.



**Şekil.14.** Çalışılan Tüm Yerli Irklara ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği

Yerli ırkların birlikte analiz edildiği bu aşama sonucunda elde edilen grafik incelendiğinde, Yerli Kara, Bozırk ve Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna ait bireyler genelde bu eksenlerde birbirlerinden ayrı ayrı olarak öbeklenmiştir. Fakat Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonuna ait bireylerin öbeklendiği kısımda, ırkların bireyleri birbirlerinden tam olarak ayrılmamaktadır. Diğer yerli ırklara ait bireylerden karışım söz konusudur. Diğer üç yerli ırka ait olan öbeklerde ağırlıklı olarak o ırka özgü bireylere ait örnekler görülmektedir.

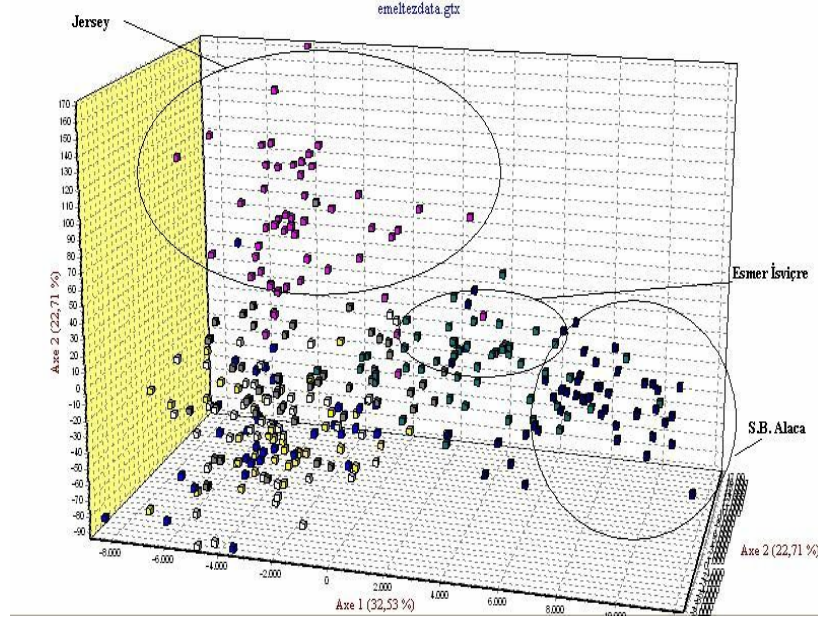
İkinci aşamada Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan kültür sığır ırkları kendi içerisinde analiz edilmiş olup, çizilen faktöriyel benzerlik analizi grafiğinde yalnızca kültür sığır ırkları kullanılmıştır (Şekil.15). Faktöriyel birleştirici analiz grafiğinde, populasyonların bireylerini tanımlayan renkler sırası ile; Jersey:Sarı; Siyah Alaca:Beyaz; Esmer İsviçre: Mavi renktir.



**Şekil.15.** Çalışılan Tüm Kültür Irklara ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği

Kültür ırklarının birlikte analiz edildiği bu aşama sonucunda elde edilen grafik incelendiğinde, Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca popülasyonuna ait bireyler genelde bu eksenlerde birbirlerinden ayrı olarak öbelenmiştir.

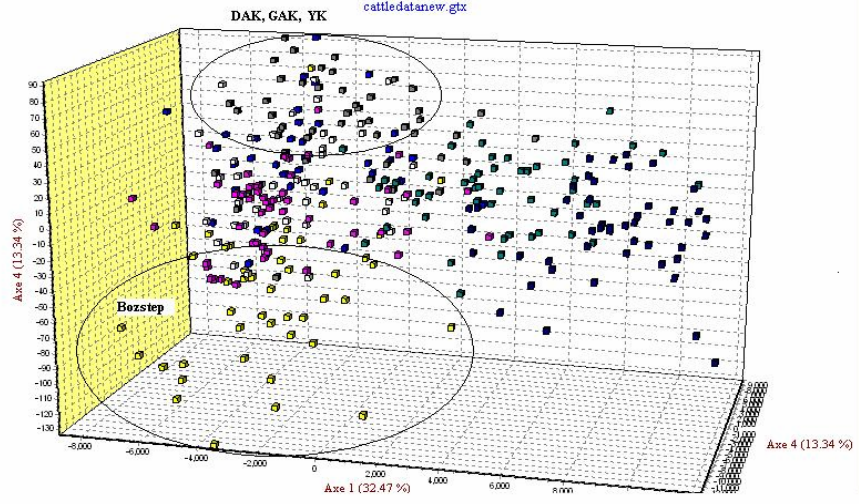
Üçüncü aşamada ise Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan yerli ve kültür sığır ırkları birlikte analiz edilmiş olup çizilen faktöriyel benzerlik analizi grafiğinde tüm çalışılan ırklar kullanılmıştır (Şekil.16; Şekil.17). Faktöriyel birleştirici analiz grafiğinde, popülasyonların bireylerini tanımlayan renkler sırası ile; Bozırk: Sarı; Doğu Anadolu Kırmızısı: Açık Mavi; Yerli Kara: Beyaz; Güney Anadolu Kırmızısı: Siyah; Jersey: Pembe; Esmer İsviçre:Yeşil; Siyah Alaca: Koyu Mavi(lacivert) ‘tir.



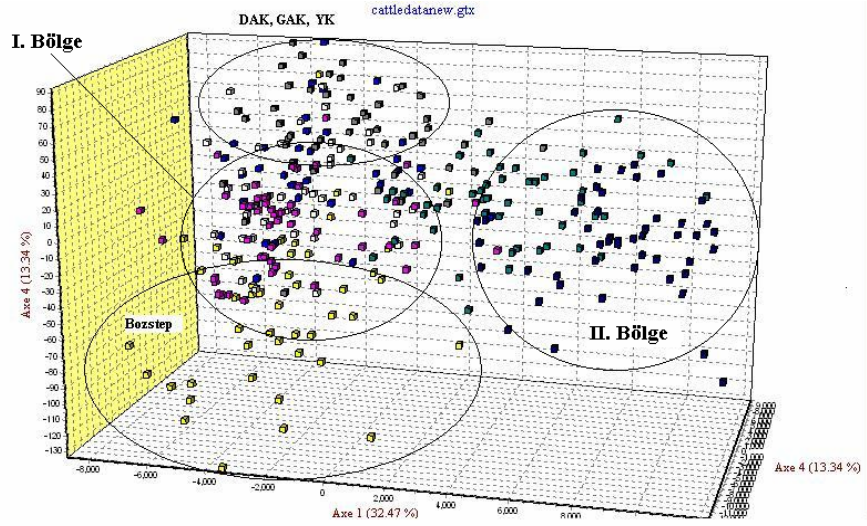
**Şekil.16.** Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği

Yerli ve kültür sığır ırklarının birlikte analiz edildiği bu aşama sonucunda elde edilen grafik incelendiğinde, 1., 2. ve 2. eksenler Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Alaca popülasyonuna ait bireylerin bazılarının birlikte öbeklendiği eksenlerdir. Fakat bu öbeklenme içerisinde diğer ırklara ait bireylerden de karışım olduğu görülmektedir.

Yerli ve kültür sığır ırklarının birlikte analiz edildiği bu aşama sonucunda elde edilen grafik incelendiğinde, 1., 4. ve 4. eksenlerinde Bozırk ırkına ait bireylerin genelinin diğer yerli ve kültür ırklarımıza ait popülasyonlardan ayrı olarak öbeklendiğinin görüldüğü eksenlerdir. Yerli ve kültür sığır ırklarının birlikte değerlendirildiği bu aşamada, Bozırk haricindeki diğer yerli ırklarımızın genelinin birlikte karışık bir şekilde öbeklendiği, kültür ırklarının ise ayrı olarak öbeklendiği görülmektedir. Jersey ırkına ait örneklerin ise yerli ırklara yakın olarak öbeklendiği görülmektedir. (Şekil 18) incelendiğinde, I. Bölge içerisinde Jersey popülasyonu ile yerli sığır ırklarımızın karışmış olduğu görülmektedir. II. bölgede ise kültür sığır ırklarımız birlikte karışmış haldedir.



*Şekil.17. Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği*



*Şekil.18. Çalışılan Tüm Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Bireylerin Arasındaki İlişkiyi Gösteren Faktöriyel Benzerlik Analiz Grafiği*

## 7.7. IRKLARI TANIMLAMA DEĞERİ (= BÜTÜNLÜK DEĞERİ) (BREED INTEGRITY VALEU)

Yedi farklı mikrosatellit bölgesinin yedi farklı sığır ırkında çalışılması sonucunda elde edilen veriler Wiener ve ark., (2004)'nın önerdiği metoda göre hesaplanan ırkları tanımlama değeri sonuçları *Tablo.6.1.11.1'de* verilmiştir. Bu değerlerin hesaplanmasında Pam Wiener (2004) tarafından yazılmış olan bir program kullanılmış olup, analiz P. Wiener tarafından yapılmıştır.

*Tablo. 25. Çalışılan Yerli ve Kültür Sığır Irklarına ait Ortalama Irkları Tanımlama Değeri (Breed Integrity Value).*

<b>İrkin Adı</b>	<b>İrkları Tanımlama Değeri</b>
<b>Bozırk</b>	0.571
<b>Doğu Anadolu Kırmızısı</b>	0.479
<b>Yerli Kara</b>	0.490
<b>Güney Anadolu Kırmızısı</b>	0.469
<b>Jersey</b>	0.607
<b>Esmer İsviçre</b>	0.650
<b>Siyah Alaca</b>	0.757

Elde edilen değerler incelendiğinde yerli sığır ırklarına ait değerlerin kültür sığır ırklarından daha küçük olduğu belirlenmiştir. Çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından en yüksek değere sahip olan ırk Siyah – Beyaz Alaca iken (0.757) , en düşük değere sahip olan ırk ise Güney Anadolu Kırmızısı ırkı (0.469) olmuştur. Bu sonuca göre Siyah Alaca ırkında, “ırk içerisinde ortak paylaşılan allel oranının ırklar arası ortak paylaşılan allel oranlarından daha fazla olması ihtimali daha yüksektir” diyebiliriz. Güney Anadolu Kırmızısı ırkında ise ortak paylaşın allel oranının ırk içerisinde düşük, ırklar arasında ortak paylaşılan allel oranlarının yüksek olduğunu söyleyebiliriz.

## 7.8. BİREYLERİN AYRILMASI TESTİ (Bireylerin Populasyonlara Tayini Testi - Assigment Test)

Farklı ırklara ait olan bireylerin çalışılan mikrosatellit bölgeleri açısından hangi populasyonun yapısına yakın olduğunu belirlemek için yapılan bireylerin populasyonlara ayrılması (populasyonlara tayini) testi GeneClass paket programında yapılmaktadır. Bireylerin 10.000 kez simulasyonuyla hangi populasyona ait olabileceği olasılığının araştırıldığı bu testte, faktöriyel benzerlik analizi ve allel paylaşım uzaklıkları ağacına paralel sonuçlar alınmıştır. Fenotipik olarak bir ırka ait olduğu düşünülen bu bireyler bu çalışmada kullanılan 7 mikrosatellit bölgesine ait genotipler açısından da aynı ırkta gruplanması mümkün olamamıştır. Bu testin sonucu EK2A kısmında ayrıntılı olarak verilmiştir.

Bireylerin populasyonlara tayini testinde 3 farklı analiz yapılmıştır. Bu analizlerde, 3 farklı olasılık değerleri dikkate alınarak hesaplamalar yapılmıştır ( $\alpha=0.0100$ ;  $\alpha=0.0500$ ,  $\alpha=0.2000$ ). Üç farklı olasılık değerlerinde analiz sonuçları incelendiğinde; bireylerin bir ırka tayin edilmesinin kabul yada red edilmesini belirleyen  $\alpha$  kriteri değeri yani değeri yani olasılık (probability) değeri yükseldikçe tayin edildikleri ırk sayısı da düşmekte ve kendi ırkları dahil hiçbir ırka tayin edilemeyen birey sayısının artmakta olduğu belirlenmiştir.

$\alpha$  değerinin (0.2000) olduğu analiz aşamasında ırklar ayrı ayrı incelendiğinde;

Bozırk populasyonuna ait olan toplam 46 bireyden, 10 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği görülmüştür. Bozırk populasyonuna ait olan 22 bireyin birden fazla populasyona tayin edildiği, 3 bireyin yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin yalnızca Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonuna ve diğer bir bireyin ise yalnızca Yerli Kara populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir. Bozırk populasyonuna ait olan 9 bireyin yalnız Bozırk populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir. Daha önce faktöriyel benzerlik analizinde de diğer yerli ırkları temsil eden bireylerden ayrı olarak gruplandığı görülen Bozırk ırkı, yerli ırklar içerisinde aynı ırka tayin edilen birey sayısı açısından en yüksek değere (9 birey) sahiptir.



Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonunun toplam 35 bireyi incelendiğinde, 6 bireyin hiçbir populasyona tayin edilemediği, 17 bireyin birden fazla populasyona tayin edildiği, 5 bireyin yalnızca Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 2 tane bireyin yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 4 tanesinin ise yalnızca Yerli Kara populasyonuna ve 1 tanesinin ise yalnızca Bozırk populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir.

Yerli Kara populasyonunun toplam 42 bireyi incelendiğinde, 17 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği, 16 bireyin birden fazla populasyonuna tayin edildiği, 7 bireyin yalnızca Yerli Kara populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin ise yalnızca Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir.

Güney Anadolu Kırmızısı populasyonunun toplam 46 bireyi incelediğinde, 18 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği, 18 bireyin birden fazla populasyonuna tayin edildiği, 7 bireyin yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin yalnızca Jersey populasyonuna tayin edildiği, 2 bireyin ise yalnızca Yerli Kara populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir.

Jersey populasyonunun toplam 51 bireyi incelendiğinde, 8 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği, 31 bireyin birden fazla populasyonuna tayin edildiği, 8 bireyin yalnızca Jersey populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin yalnızca Esmer İsviçre populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin yalnızca Bozırk populasyonuna tayin edildiği, 2 bireyin ise yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir.

Esmer İsviçre populasyonunun toplam 48 bireyi incelendiğinde, 11 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği, 24 bireyin birden fazla populasyonuna tayin edildiği, 10 bireyin yalnızca Esmer İsviçre populasyonuna tayin edildiği, 2 bireyin yalnızca Güney Anadolu Kırmızısı populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin ise yalnızca Yerli Kara populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir.

Siyah-Beyaz Alaca populasyonunun toplam 47 bireyi incelendiğinde, 13 bireyin hiçbir populasyonuna tayin edilemediği, 13 bireyin birden fazla populasyonuna tayin edildiği, 20 bireyin yalnızca Siyah-Beyaz Alaca populasyonuna tayin edildiği, 1 bireyin ise yalnızca Yerli Kara populasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir. Daha önce faktöriyel benzerlik analizinde diğer kültür ırklarını temsil eden bireylerden ayrı olarak gruplandığı görülen Holstein ırkı, kültür ırkları içerisinde aynı ırka tayin edilen birey sayısı açısından en yüksek değere (20 birey) sahiptir.

## **7.9. IRKLARIN YAPISINI BELİRLEME TESTİ (STRUCTURE TEST)**

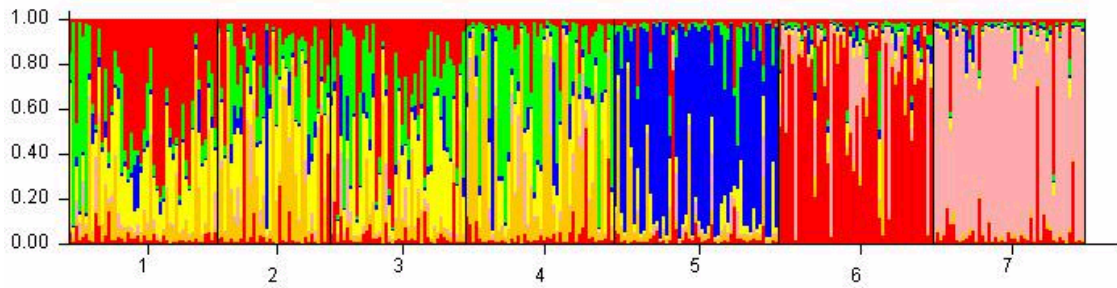
Yapı testi (structure test) populasyonlara ait bireylerin çalışılan mikrosatellit lokusları açısından hangi ırk veya ırklara tayin edilebileceğini test etmek için uygulanmaktadır. Bu metotta, birbirinden farklı genetik markerlardan (işaretleyicilerden) elde edilen genotip verileri analiz edilerek populasyonların mevcut genetik yapıları incelenmekte ve populasyon içerisindeki bireylerin gruplandırılması yapılabilmektedir. Yapı testi analizi ile populasyonların genetik yapısı incelenmekte, populasyondaki bireylerin hangi ırka ait olan grupta yer aldığı tespit edilmekte, genetik yapı bakımından karışmış olan bireyler ve göçmen bireyler ayrılabilir.

Çalışmada referans olarak Wiener ve ark.(2004) ve Rosenberg ve ark.(2001)'nin yaptığı çalışmalar dikkate alınmış olup bu çalışmalarda belirlenen "Monte Carlo Markov Chain – MCMC" sayısı ve uzunlukları, Türkiye'deki populasyonları ayırmada denenmiştir. 1'den 15'e kadar farklı K değerleri verilmiştir. Çünkü bu test metodunda K sayısı kadar populasyon olduğu varsayılarak (ki bu K sayısı bilinmiyor da olabilir) her bir populasyonun her bir lokusundaki allel frekansı setleri dikkate alınarak populasyonlar birbirlerinden ayrılıp karakterize edilirler. Allel frekansları dikkate alınarak yapılan ayırmada örnek bireyler tek bir populasyona yüksek bir ihtimal ile tayin edilebildiği gibi eğer bireylerde bir genetik karışım söz konusu ise iki yada daha fazla populasyona da tayin edilebilmektedir. Yapı testi metodunda (structure test) çalışılan

lokuslar açısından popülasyonları en iyi ayıran K değerine karar verebilmek için analiz açamasında farklı K değerleri verilmektedir. En uygun K değerine karar verebilmek için ise farklı K değerlerinde belirlenen olasılıkların karşılaştırılması gerekmektedir. En yüksek olasılığı veren 3 K değeri belirlenmekte ve sonrasında bu K değerleri arasında en uygun olan bir K değeri bağımlı iki örnek testi olarak bilinen “Wilcoxon” testi ile sonucunda belirlenmektedir. Bu K değerinin belirlenmesinin ardından popülasyonları en iyi ayıran gruplar üçgen şeklinde görüntülenmektedir.

Farklı K değerlerinde yapılan denemeler sonucunda ırklardaki bireyleri ve popülasyonları en iyi ayıran K değerinin 6, 7 ve 8 olduğu, MCMC (Monte Carlo Markow Chain) zinciri sayısının ise 30.000 olduğu belirlenmiştir. Bu 3 K değerinden ırkları en iyi şekilde ayıran K değerinin 7 olduğu belirlenmiştir.

K değerinin 7 olarak alındığı analiz sonucunda, popülasyonun ayrılma grafiği aşağıdaki şekilde görüntülenmiştir. (*Şekil 19.'da*) verilmiştir. Bu grafikte her bir K değeri ayrı bir renk olarak görülmektedir.



**Şekil 19.** *Türkiye’de Yetiştirilen Sığır Irklarının Yapı Testi Analizi Sonuç Grafiği (K=7 değerinde popülasyonların genetik yapısının görüntülenmesi)*

Popülasyonları ve ırkları ayırmak için en uygun k değerini belirledikten sonra üçgen bir şekil üzerinde ırkların dağılma durumu ve dağılma grupları (cluster) incelendiğinde kültür ırklarının farklı grup değerlerinde kolaylıkla yerli ırklardan ayrılabilirdiği, fakat yerli ırklarda tam bir ayrılmanın gözlemlenemediği belirlenmiştir.

Yapı testi sonucunda çizilen grafikler incelendiğinde, bulunan sonuçları kısaca özetleyecek olursak, Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırklarına ait bireyler genellikle farklı grup değerlerinde (cluster) ayrı popülasyonlar olarak daha net bir şekilde ayrılabilen, yerli sığır ırklarına ait bireylerde kültür ırklarına oranla daha az bir netlikte ayırım yapılabilmektedir. Yerli sığır ırklarına ait bireyler ayrı grup değerlerinde (cluster) tek olarak birbirlerinden ayrılmamakta Yerli Kara ve Bozırk ırkı birlikte aynı grup değerinde (cluster) Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkına ait bireylerde yapı testi de (structure test) aynı şekilde bir başka grup değerinde (clusterde ) birlikte görüntülenmekte tek olarak ayrılmamaktadır.

Yapı testi sonuçları diğer analiz metotlarında elde edilen sonuçlar ile benzer (Irklar Arası genetik uzaklıklar, Temel Öğeler Analizi, faktoriyel Benzerlik Analizi, Bireylerin Ayrılması Testi) olup kültür sığır ırklarına ait bireyler arasındaki ayırım net olarak yapılabilmekte fakat yerli sığır ırklarında bu şekilde ayırımın yapılması mümkün olmamaktadır.

## **7.10. IRKLAR ARASI GENETİK UZAKLIKLAR (Irklar Arası Genetik Akrabalık)**

Yedi farklı mikrosatellit bölgesinin yerli ve kültür sığır ırklarında çalışılması sonucunda elde edilen allelik verilerden, ırkların birbirine olan genetik uzaklıkları 2 farklı metoda göre hesaplanmıştır.

### **A) Nei Standart Genetik Uzaklık Metodu (D<sub>s</sub>)**

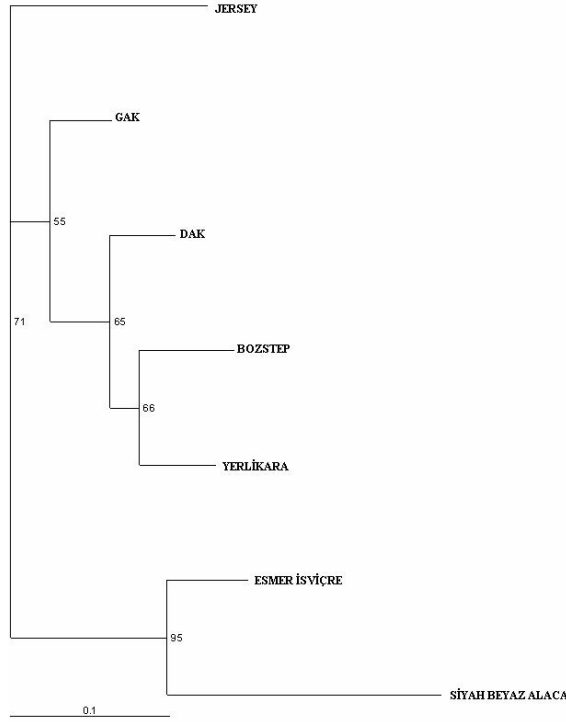
Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan genetik uzaklıklar incelendiğinde, çalışılan ırklar içerisinde en yüksek genetik uzaklık değerinin Bozırk ve Siyah-Beyaz Alaca ırkları arasında olduğu (0.425) belirlenmiştir. Irklar arasında en düşük genetik uzaklık değerinin ise çalışılan ırklar içerisinde coğrafi olarak birbirine yakın olan yerli ırklarımızdan Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı (0.089) arasında olduğu görülmektedir(*Tablo.26*).

**Tablo.26.** Yerli ve Kültür Sığır Irklarının Birbirlerine Olan  $D_S$  Genetik Uzaklıkları  
(*Nei's Standart Genetic Distance-1972*)

	Bozırk	DAK	Yerli Kara	GAK	Jersey	Esm. İsv.	S.B. Alaca
Bozırk		0.115	0.107	0.178	0.235	0.283	0.425
DAK			0.109	0.089	0.244	0.278	0.358
Yerli Kara				0.171	0.232	0.260	0.383
GAK					0.189	0.208	0.330
Jersey						0.265	0.395
Esm.İsv.							0.221
S.B. Alaca							

DAK:Doğu Anadolu Kırmızı, GAK:Güney Anadolu Kırmızı, Esm.İsv.: Esmer İsviçre, S.B. Alaca: Siyah-Beyaz Alaca

Bu yakınlıktan sonra gelen en küçük genetik uzaklık değerinin Bozırk ve Yerli Kara ırkları (0.107) arasında olduğu gözlenmiştir. Bu hesaplanan  $D_S$  genetik uzaklık değerleri kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağacı (NJT-Neighbor Joining Tree) çizilmiş ve Şekil.20'de sunulmuştur.



**Şekil.20.** Tüm ırklar ve örnekler için  $D_S$  genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki (*Nei's Standart Genetic Distance– 1972*)

Çizilen ağacın güvenilirliğini belirlemek için yapılan “bootstrap” testi sonucunda aynı gruplanmanın verildiği değerler ağacın üzerinde belirtilmiştir. Diğer bir deyişle ağacın çizim işlemi 1000 kez tekrar edildiğinde yüzde kaçının aynı gruplanmayı verdiği

ağacın üzerindeki dallanma noktalarında belirtilmiştir. Tekrar oranı genel olarak %50'nin üzerinde olduğu görülmektedir. Mevcut mikrosatellit verilerinden elde edilen  $D_S$  genetik uzaklığına göre çizilen ağaçta Esmer İsviçre ve Siyah-Beyaz Alaca ırkına ait örneklerde %95 sıklıkla aynı grup dallanmanın mevcut olduğu görülmüştür. Daha sonra aynı dallanmanın görüldüğü yüksek bir değer %71 ile Jersey ve Esmer İsviçre – Siyah Beyaz Alaca ırkları arasındadır. Bozırk ve Yerli Kara ırkı arasındaki dallanma sıklığının %66 olduğu görülmüştür. Diğer dallanma sıklıkları bu değerden düşük olarak belirlenmiştir.

Nei'nin standart genetik uzaklık ( $D_S$ ) metodunun kullanılması ile çizilen ağaçta, kültür ırkları incelendiğinde; Jersey ırkının diğer ırklardan ayrıldığı Siyah –Beyaz Alaca ırkı ile Esmer İsviçre ırkının birlikte gruplandığı görülmüştür. Aynı ağaçta yerli sığır ırkları (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı) kültür ırklarından ayrı bir öbek oluşturmuştur. Bu öbeklenmede yerli sığır ırklarından birbirine en yakın olan ırklar Bozırk ve Yerli Kara iken birbirine en uzak olan ırkların Bozırk ve Güney Anadolu Kırmızısı olduğunu göstermektedir. Bu sonuçlar faktöriyel benzerlik analizi sonuçlarına paraleldir.

Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki genetik uzaklıklar incelendiğinde; yerli ırklarımızdan Güney Anadolu Kırmızısı ırkının Jersey ırkı ile birbirine yakın olduğu (0.189) belirlenmiştir.

### **B) $D_A$ Genetik Uzaklık Metodu (Nei ve ark., 1983)**

Mevcut allelik verilerden, ırkların birbirlerine olan genetik uzaklıkları  $D_A$  metoduna göre hesaplanması sonucunda elde edilen sonuçlar *Tablo.6.1.10.2'de* verilmiştir. Nei ve ark.'nın (1983)  $D_A$  genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan genetik uzaklık değerleri incelendiğinde, çalışılan ırklar içerisinde en yüksek genetik uzaklık değerinin Jersey ve Siyah-Beyaz Alaca ırkları arasında olduğu (0.272) görülmektedir. İrklar arasında en düşük genetik uzaklık değerinin ise çalışılan ırklar içerisinde coğrafi olarak birbirine yakın olan yerli ırklarımızdan Doğu Anadolu

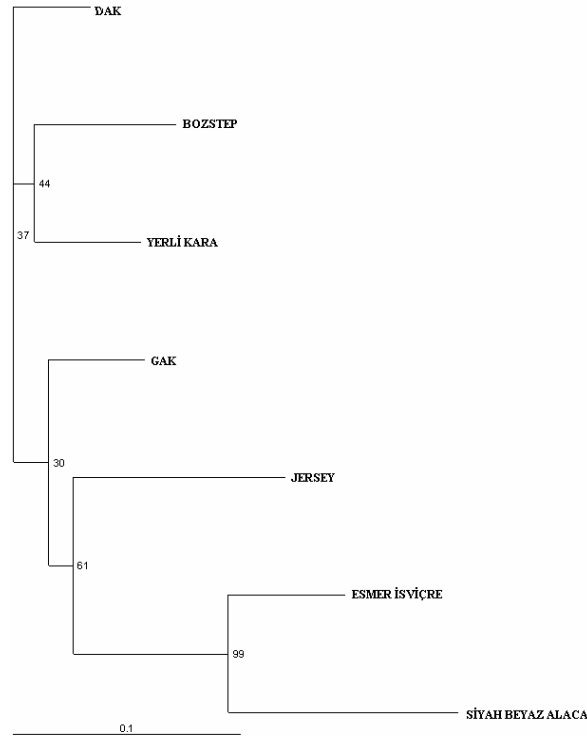
Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı (0.077) arasında olduğu görülmektedir (Tablo.27).

**Tablo.27.** Yerli ve Kültür Sığır Irklarının Birbirlerine Olan  $D_A$  Genetik Uzaklıkları (Nei ve ark.,-1983)

	Bozirk	DAK	Yerli Kara	GAK	Jersey	Esm. İsv.	S.B. Alaca
Bozirk		0.104	0.108	0.142	0.185	0.202	0.245
DAK			0.092	0.077	0.168	0.200	0.239
Yerli Kara				0.115	0.172	0.194	0.248
GAK					0.139	0.182	0.223
Jersey						0.201	0.272
Esm.İsv.							0.151
S.B. Alaca							

DAK:Doğu Anadolu Kırmızısı, GAK:Güney Anadolu Kırmızısı, Esm.İsv.: Esmer İsviçre, S.B. Alaca: Siyah-Beyaz Alaca

Bu yakınlıktan sonra gelen en küçük genetik uzaklık değerinin Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara ırkları (0.092) arasında olduğu gözlenmiştir.  $D_A$  genetik uzaklık değerleri kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağacı (NJT-Neighbor Joining Tree) çizilmiş ve Şekil.21’de sunulmuştur.



**Şekil.21.** Tüm ırklar ve örnekler için  $D_A$  genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki (Nei et al's 1983).

Çizilen ağacın güvenilirliğini belirlemek için yapılan “bootstrap” testi sonucunda aynı gruplanmanın verildiği değerler ağacın üzerinde belirtilmiştir. Diğer bir deyişle ağacın çizim işlemi 1000 kez tekrar edildiğinde yüzde kaçının aynı gruplanmayı verdiği ağacın üzerindeki dallanma noktalarında belirtilmiştir. Tekrar oranının genel olarak %50'nin altında olduğu görülmektedir. Mikrosatellit bölgelerine ait verilerin analizinden elde edilen  $D_A$  genetik uzaklığına göre çizilen ağaçta Esmer İsviçre ve Siyah-Beyaz Alaca ırkına ait örneklerde %99 sıklıkta aynı grup dallanmanın mevcut olduğu görülmüştür. Daha sonraki dallanmalar incelendiğinde en yüksek dallanma sıklığının %61 ile Jersey ve Esmer İsviçre – Siyah Beyaz Alaca ırkları arasında olduğu görülmüştür. Bozırk ve Yerli Kara ırkı arasındaki dallanma sıklığının %44 olduğu görülmektedir. Diğer dallanma sıklıklarının bu değerden düşük olduğu belirlenmiştir.

Nei ve ark.'nın (1983) ( $D_A$ ) genetik uzaklık metodunun kullanılması ile çizilen ağaçta, kültür ırkları incelendiğinde; Jersey ırkının diğer kültür ırklarından ayrıldığı, Siyah –Beyaz Alaca ırkı ile Esmer İsviçre ırkının birlikte gruplandığı görülmüştür. Aynı ağaçta yerli sığır ırkları incelendiğinde Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara sığır ırkının bireylerinin Güney Anadolu Kırmızısı, Jersey, Esmer İsviçre, Siyah beyaz Alaca ırklarından ayrı bir öbek oluşturmuştur. Bu öbeklenmede birbirine en yakın olan yerli ırklar Bozırk ve Yerli Kara iken birbirine en uzak olan ırkların Bozırk ve Doğu Anadolu Kırmızısı olduğunu göstermektedir. Bu ağaçta Güney Anadolu Kırmızısı ırkının yerli ırklardan ayrı olarak kültür sığır ırkları ile öbeklendiği görülmektedir.

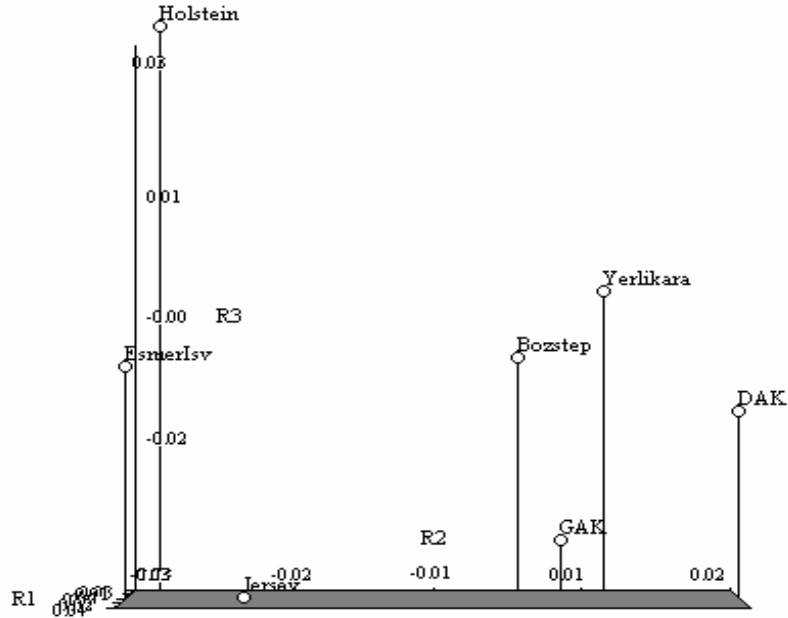
Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki genetik uzaklıklar incelendiğinde; yerli ırklarımızdan Güney Anadolu Kırmızısı ırkının Jersey ırkı ile birbirine yakın olduğu (0.139) belirlenmiştir.

## **7.11. TEMEL ÖĞELER ANALİZİ (PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS- PCA)**

Çalışmada incelenen 7 farklı sığır ırkında belirlenen genetik çeşitliliğin %85.376'sı temel öğeler analizinin (Principal Component Analysis) ilk 3 eksen



tarafından açıklanabilmektedir. Bu üç eksen tek te incelendiğinde, birinci temel eksenin varyasyonunun %31.63'ünü kapsadığını, ikinci ve üçüncü eksenin ise varyasyonu sırası ile %27.91 ve %25.84'ünü kapsadığı belirlenmiştir.



**Şekil. 22.** Çalşılan 7 Farklı Mikrosatellit Bölgesi Verilerinin Sonuçlarına Göre İki Boyutlu Düzlemde Yerli Ve Kültür Sığır Irklarının Konumu

Temel öğeler analizinde elde edilen sonuçlar incelendiğinde, bazı eksenlerde yerli ırklara ait popülasyonların kültür ırklarından ayrı olarak gruplandığı, fakat yerli ırkların popülasyonlarının kendi aralarında net olarak ayırlamadığı belirlenmiştir (Şekil.22).

R<sub>2</sub> eksenini incelendiğinde, soldan sağa doğru sırası ile Esmer İsviçre, Siyah Alaca ve Jersey ırklarının birbirlerine daha yakın olarak öbeklendiği görülmektedir. Fakat bu kültür ırklarından Siyah Alaca ve Esmer İsviçre ırkı birbirine yakın noktalarda yer almakta, Jersey bunlardan daha ayrı noktada yer almaktadır. Yerli ırkların bu eksenindeki sıralaması ise Bozırk, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı ve Doğu Anadolu Kırmızısı şeklindedir. Şekilde Bozırk ve Yerli Kara birbirine daha yakın olarak

görülmekte, Güney Anadolu Kırmızısı ile Doğu Anadolu Kırmızısı birbirine yakın noktalarda yer almaktadır.

Sunulan çalışmada sonuçlarda netlik açısından en iyi olan 2 eksenli görünüm verilmiştir. Diğer çalışmalarda ilk üç eksen toplam varyasyonun daha büyük bir kısmını açıklamaktadır. Bunun en önemli nedenleri ırklar arasındaki farkın daha büyük olmasından yada kullanılan mikrosatellit lokusu sayısının yüksek olmasından kaynaklanabileceği tahmin edilmektedir. Oysaki çalışmamızda 7 mikrosatellit lokusu ile ırkların genetik yapıları incelenmiş olup, özellikle yerli ırklar arasında farklılığın düşük olduğu belirlenmiştir.

## **7.12. MANTEL TEST ANALİZİ**

Bu analiz aşamasında Türkiye’de yetiştirilen yerli sığır ırkları arasında coğrafik uzaklık ile genetik uzaklık arasında ve  $F_{ST}$  değeri ile genetik uzaklık değeri arasında önemli bir korelasyonun olup olmadığı test edilmiştir. Öncelikle 4 yerli ( Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara) sığır ırkı için her ırkın yayılım alanı ve örnekleme yapılan yerler dikkate alınarak harita üzerinde belirlenen ırkları temsil eden merkezi noktalar belirlenerek aralarındaki uzaklıklar ölçülmüştür. Bu uzaklıklar matris olarak düzenlendikten sonra bu fiziki uzaklık matrisleri ile  $D_A$  genetik uzaklık matrisi ve  $F_{ST}$  değerleri matrisi arasında bir ilişki olup olmadığı mantel test ile analiz edilmiştir.

İki matris arasında gözlenen korelasyonun gözlenme olasılığı her iki analizde de 0.02’den küçük olarak bulunmuştur ( $r = 0.76$ ,  $P < 0.02$ ). İstatistiksel olarak anlamlı olabilmesi ve mevcut bir ilişkiyi işaret etmesi için bu olasılığın 0.05’ten küçük olması gerekmektedir. Yani bulunan sonuç istatistiksel olarak önemli olup fiziki mesafe ile  $D_A$  genetik uzaklıkları ve  $F_{ST}$  değerleri arasında bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir.

## **7.13. IRKLARIN YOK OLMA TEHLİKESİ GEÇİRİP GEÇİRMEDİĞİNİ TEST ETME (BOTTLENECK TEST)**

Çalışılan ırkların her birinin yakın bir zamanda yok olma tehlikesi (darboğazdan geçme) geçirip geçirmediği ihtimalinin hesaplandığı bu analiz sonucunda tüm

olasılıkların 0.41'den büyük olduđu belirlenmiştir. Her bir ırk için analizin başlangıç hipotezi olan “Populasyonlar göç ve rastlantısal genetik salınım dengesindedir” hipotezi kabul edilmektedir. Irkların hiçbirisi için yok olma tehlikesi geçirmiş olma ihtimalinin söz konusu olmadığı belirlenmiştir.

## 8. TARTIŞMA

Çalışmada son yıllarda uygulanmaya başlanan DNA polimorfizm tekniklerinden biri olan mikrosatellit yöntemi kullanılmış olup, bu teknik ile Türkiye’de yetiştirilen 4 yerli (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara) ve 3 kültür sığır ırkının (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Alaca) genetik benzerlik ve farklılıkların moleküler genetik teknikler ile belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada 7 farklı mikrosatellit lokusu (*TGLA122*, *TGLA227*, *ETH225*, *ETH10*, *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*) kullanılmış ve bu lokuslar açısından populasyonlar içi, ırk içi populasyonlar arası ve ırklar arası genetik çeşitlilik incelenmiştir. Bu bilgilere dayanarak ırklar için genetik çeşitlilik düzeyleri, Türkiye sığır ırklarının özgünlüğü, Türkiye’deki yerli ırkların çalışılan lokuslar açısından kültür ırklarından farkları saptanmış ve yorumlanmıştır.

### 8.1. POPULASYONLAR İÇİ VARYASYONLAR VE HETEREZİGOTLUK DEĞERLERİ SONUÇLARI

Çalışmada 7 farklı populasyon, 315 birey ve 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış ve toplam 102 farklı allel uzunluğunun olduğu gözlemlenmiştir. Locus başına düşen ortalama allel sayısının 14.57 allel / lokus olduğu; en çok allel sayısının *TGLA122* adlı mikrosatellit bölgesinde (25 allel/lokus) ve en az allel sayısının ise *ILSTS005* (7 allel/lokus) isimli mikrosatellit bölgesinde olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada 7 farklı mikrosatellit lokusuna ait allel sayısı sonuçları ile, diğer bazı (Avrupa, Asya, Afrika ve Hindistan) sığır ırklarında yapılan mikrosatellit çalışmalarının sonuçları karşılaştırıldığında, en yüksek ve en düşük polimorfizm gösteren lokusların *TGLA122* ve *ILSTS005* olduğu belirlenmiş olup bu bulgumuzun, diğer sığır ırkları üzerine yapılan çalışmaların sonuçları ile uyum içerisinde olduğu belirlenmiştir. (Martin-Burriel ve ark.1999; Schmid ve ark.1999; Maudet ve ark. 2002; Beja-Pereina ve ark. 2003; Grzybowski ve Prusak 2004; Radko ve ark.2004, Moioli ve ark.2004).

Ayrıca çalışmada lokus başına düşen ortalama allel sayısının (14.57 allel / lokus) diğer bazı sonuçlarda bulunan değerlerden (8.4 ila 12.35 arasında) yüksek olduğu belirlenmiştir (Moazami-Goudarzi ve ark., 1997; MagHugh ve ark., 1997; Loftus ve ark., 1999; Martin-Burriel ve ark., 1999; Schmid ve ark., 1999; Okomo ve ark., 2001; Maudet ve ark., 2002; Beja-Pereina ve ark., 2003; Grzybowski ve Prusak 2004; Mukesh ve ark., 2004; Mateus ve ark., 2004).

Çalışmada seçilen lokuslar yüksek sayıda allel içermektedir. Fakat bir çok çalışmada 20-30 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmasına rağmen, toplam allel uzunluğu sayısının bu çalışmada elde edilen sayıya (7 mikrosatellit, toplam 102 farklı allel) oranla daha az allel çeşitliliği içerdiği dikkati çekmektedir. Bu sonuca göre, Türkiye'deki sığır ırklarının çalışılan lokuslar açısından genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu söylenebilir. Bunun nedeninin seçilen 7 mikrosatellit lokuslarının farklılığından kaynaklanabileceği gibi, Türkiye yerli sığır ırklarında hiçbir zaman Avrupa kültür sığır ırkları düzeyinde seleksiyon olmamasının da buna etkisi olduğu düşünülmektedir.

Çalışmamızda yerli sığır ırklarında görülen bu ortalama allel sayısı yüksekliğin sebebinin, Türkiye'nin coğrafi konum olarak sığırın evcilleştirme merkezine yakın oluşundan kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir. Sığırlar üzerinde daha önceki yıllarda yapılan arkeolojik ve genetik çalışmalar, (protein polimorfizmi, mtDNA, mikrosatellit vs.) evcilleştirme merkezlerinden birinin Güney Anadolu civarında olduğunu işaret etmektedir (Loftus ve ark., 1994; Legge, 1996; Loftus ve ark., 1999; Troy ve ark., 2001; Bruford ve ark., 2003). Türkiye yerli sığır ırklarının ortalama allel sayısı değerleri, Avrupa, Asya, Afrika ve Hindistan'da yetiştirilen ırklar üzerinde yapılan diğer çalışmalar ile de karşılaştırıldığında, Türkiye yerli sığır ırklarında görülen allel çeşitliliğinin daha yüksek olduğu dikkat çekmektedir (MacHugh ve ark. 1997, Loftus ve ark., 1999, Martin Burriel ve ark. 1999, Schmid ve ark. 1999, Edwards ve ark. 2000, Okomo ve ark. 2002, Del-Bo ve ark. 2001, Hansen ve ark. 2002, Beja-Pereina ve ark., 2003, Maudet ve ark. 2002, Metta ve ark. 2004, Chikhi ve ark. 2004, Grzybowski ve Prusak 2004, Mukesh ve ark. 2004, Mateus ve ark. 2004, Moioli ve ark. 2004, Wiener ve ark. 2004).

Çalışmada, yerli ırklara ait populasyonlar da tespit edilen ortalama allel sayılarının 10.143 ila 11.286 allel/lokus arasında değiştiği belirlenmiş olup, bu allel sayılarının.kültür ırklarında gözlenen allel sayılarından daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Yerli ırklar arasında ortalama allel sayıları arasındaki dağılım incelendiğinde, en yüksek ortalama allel sayısına sahip olan ırkın Güney Anadolu Kırmızısı ırkı olduğu, en düşük allel sayısına sahip olan ırkın ise Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı olduğu bulunmuştur. Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırklarına ait ortalama allel sayısının ise 7.571 ila 8.143 allel/lokus arasında değiştiği en düşük ortalama allel sayısına sahip olan ırkın Jersey, en yüksek allel sayısına sahip olan ırkın ise Esmer İsviçre ırkı olduğu görülmüştür.

A. Altınalan(2005)’nin yaptığı çalışmada, 26 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda, Türkiye’deki yerli sığır ırklarının ortalama allel sayısının 11.7 (GAK) ila 13.3 (BI) arasında değiştiği belirtilmiştir. Bu değerler çalışmamızda görülen yerli ırk değerlerinden yüksek olup, bu yüksekliğin nedeninin daha fazla mikrosatellit bölgesi ile çalışılmasından kaynaklanmış olabileceği gibi, allel uzunluklarını belirlemedeki metod farklılığından da kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Çalışılan yerli ırklardan en yüksek allel sayısına sahip olan Güney Anadolu Kırmızısı ırkı, Türkiye’nin Güneydoğusunda yetiştirilmekte ve evcilleştirme merkezine en yakın olan ırk olduğu tahmin edilmektedir. Türkiye’nin doğusunda yetiştirilen Doğu Anadolu Kırmızısı ırkının ise ortalama allel sayısının en düşük olmasının nedeninin ise, geçmişte uygulanan melezleme ve ıslah çalışmalarından kaynaklanmış olabileceği tahmin edilmektedir.

Çalışmada Bozırk sığır ırkına ait örnekler 2 farklı populasyondan alınmıştır (Kamu Tarım İşletmesi ve Keşan civarındaki köylerden). Bozırk ırkına ait olan bu iki farklı populasyonun bireylerine ait veriler ayrı birer populasyonmuş gibi analiz edildiğinde, gözlenen ortalama allel sayısının (10.286’dan) değiştiği görülmektedir. Bozırk 1 populasyonun da 12 farklı bireyden örnek alınmış ve ortalama allel sayısının 7.571 allel/lokus olduğu, Bozırk 2 populasyonun da ise 34 farklı bireyden örnek alınmış olup ortalama allel sayısının 9.143 allel/lokus olduğu görülmektedir. Bozırk

populasyonlarında görülen ortalama allel sayısı farklılığının, populasyonlardan alınan örnek sayısının farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Altınalan'ın 26 mikrosatellit bölgesinden 5 tanesi, bu çalışmanın mikrosatellit bölgelerinden 5 tanesi ile aynıdır (*ETH225; ETH10; HEL5; ILSTS006, ILSTS005*). Çalışmamızdaki bu lokuslara ait veriler ile Altınalan'ın çalışmasındaki bu 5 mikrosatellit lokusu verilerini aynı ırkın farklı populasyonlarıymış gibi farzedip çeşitli istatistik metodlar ile (allelık varyasyon, heterozigotluk, F istatistikleri, AMOVA, Faktöriyel Birleştirici Analiz vs) analiz edilip karşılaştırılması düşünülmüştür.

Fakat Altınalan (2005)'nin çalışmasındaki allel uzunluklarının, çalışmamızdaki 5 mikrosatellit bölgesine ait allel uzunluk değerleri ile uygunluk göstermediği ve lokusların allel sayıları (allel range)'nin çalışmamızdaki allel sayılarına uymaması nedeni ile analiz yapılması olanağı bulunamamıştır. Ayrıca Altınalan'ın çalışmasında belirlediği allel uzunlukları ve allel sayısının (allele range) literatürler (Moilo ve ark., 2004; Martin-Burriel ve ark., 1999; Schmid ve ark., 1999; Maudet ve ark., 2002; Beja-Pereina ve ark., 2003; Grzybowski ve Prusak, 2004) ile uyum içerisinde olmadığı dikkati çekmektedir .

Örneğin çalışmada ve diğer bazı çalışmalarda ILSTS005 mikrosatellit bölgesinin allel sayısı 2 ila 7 farklı allel uzunluğu (174 – 194 bp) arasında değişirken (Martin-Burriel ve ark., 1999; Schmid ve ark., 1999; Maudet ve ark., 2002; Beja-Pereina ve ark., 2003; Grzybowski ve Prusak, 2004) Altınalan'ın çalışmasında bu mikrosatellit lokusunda 25 farklı allel uzunluğunun (189 – 225 bp) olduğu belirlenmiştir. Allel sayıları arasındaki bu farklılıkların allel uzunluklarının farklı metodlar ile okunmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Altınalan'ın çalışmasında allel uzunluklarının görüntülenmesinde poliakrilamid jeller kullanılmış olup allel uzunlukları jel üzerinden okunmuştur.

Çalışmada populasyonlar için allelik varyasyonlar, diğer bazı mikrosatellit çalışmalarının sonuçları karşılaştırıldığında benzer sonuçların elde edildiği dikkati çekmektedir. Loftus ve ark. (1999)'nin 20 mikrosatellit lokusu ile 14 farklı sığır ırkı

arasındaki farklılıkları inceledikleri bir çalışmada, Yakın Doğu sığır ırkları ile Avrupa, Afrika ve Hindistan'da yetiştirilen sığır ırkları karşılaştırılmıştır. Çalışmada Yakın Doğu sığır ırklarının allelik çeşitliliğinin Avrupa, Afrika ve Hindistan'da yetiştirilen ırklardan daha yüksek olduğu gözlenmiştir. Bu yükseklik ‘‘evcilleşme merkezine yakın olma’’ ile ilişkilendirilmiştir. Ayrıca, Yakın Doğu sığır ırkları ile Zebu sığırları arasında bir karışımın olduğu da *zebu*'ya özgü alleller ile fark edilmiştir. Yakın Doğu ülkelerinde yetiştirilen sığır popülasyonlarına Zebu sığırlarından farklı düzeylerde bireylerin katıldığı tahmin edilmektedir. Örneğin, Loftus ve ark. (1999)'nın çalışmasında Irak'ın yerli sığır ırklarından biri olan İraçli bireylerinde % 48.1 oranında bir karışım olduğu, Mısır'a ait olan Egyptian bireyelerine %38.4 oranında bir karışım olduğu, Suriye'nin Damascus ırkına ise %37 oranında bir karışım olduğu belirlenmiştir. Loftus ve ark.(1999)'nın çalışmasında; Türkiye yerli sığır ırkına ait örnekler de bulunmaktadır. Bu çalışmada Türkiye yerli sığır ırkları için Zebu karışım düzeyinin doğudan batıya doğru gidildikçe azalmakta olduğu belirlenmiş olup, her bir ırk için bu değerler Bozırk ırkında %20.7, Yerli Kara ırkında bu değer %30.6, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında 30.5 ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında ise %33.5 olarak bulunmuştur(Loftus ve ark. 1999). Ancak özetlenen çalışmada allel sayısı yüksekliğinin asıl nedeninin evrimleşme merkezine yakınlık olduğu gösterilmiştir (Loftus, ve ark., 1999).

Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının 7 mikrosatellit lokusu ile incelendiği bu çalışmada ise, yerli ve kültür sığır ırklarındaki ETH 10 ve ETH225 mikrosatellit bölgelerinde görülen zebu allel frekansları dikkate alınarak hesaplanan yaklaşık zebu karışım oranları, sırası ile Bozırk'ta % 8.11, Yerli Kara sığır ırkında %12.13, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında %12.58, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında %10.11, Jersey ırkında %0.34, Esmer İsviçre ırkında %0.46, Siyah Beyaz Alaca ırkında % 6.2 olarak bulunmuştur.

Türkiye'ye ilk ithal edilen sığır ırkı Esmer İsviçre ırkı olmasına rağmen, Türkiye'nin yerli sığır ırkları ile karışımının (zebu karışım oranının %0.46), Siyah Alaca ırkından (%6.2) daha düşük olduğu belirlenmiştir. Bunun nedeni, son 20 yıldır Siyah Alaca yetiştiriciliğinin hızla artması ve Türkiye'nin bir çok yerinde yerli ırklar ile



melezlemede kullanılmış olmasından kaynaklanabileceği düşünülmektedir. Oysaki son 20 yıldır, Esmer İsviçre ırkı yetiştiriciliği giderek azalmış ve bu ırk giderek önem kaybetmiştir. Jersey ırkının zebu karışım oranı ise (%0.34) diğer kültür ırklarından daha düşük olarak bulunmuştur. Bunun nedeni ise Jersey ırkının yetiştiriciliğinin yalnızca Karadeniz bölgesinde sınırlı kalıp, Türkiye'nin diğer bölgelerinde yetiştirilmemiş olmasından kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir. Fakat Jersey ırkından yerli sığır ırklarına karışımın olduğu düşünülen allellerin karışım oranlarının (%18.84 ila %30.5) diğer ırklardan daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Bunun nedeninin ise geçmişte Jersey ırkı ile yapılan melezleme çalışmalarından kaynaklanmış

Bu yaklaşık karışım oranları Loftus ve ark.,(1999)'nın çalışmasında bulunan değerlerden oldukça düşük olup, bu düşüklüğün nedeninin lokus sayısının ve allel sayısının daha az olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Loftus ve ark.'nın çalışmasında 20 mikrosatellit lokusundan 6 tanesinde (*ETH10*, *ETH225*, *HEL13*, *ILSTS005* ve *INRA005*) Asya zebu popülasyonlarına özgü yüksek frekanslarda tekrarlanan 13 farklı allel uzunluğundan yararlanılarak karışım oranları hesaplanmıştır. Oysaki bu çalışmada, bu lokuslardan sadece iki tanesinde gözlemlenen 5 allel uzunluğunun frekanslarından yararlanılarak yaklaşık karışım oranları hesaplanmıştır.

Gene aynı çalışmada (Loftus, ve ark., 1999) örneklerin 20 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda Türkiye yerli ırklarında belirlenen ortalama allel sayısının 8.10 ila 8.65 allel/lokus arasında değiştiği Avrupa, Hindistan ve Afrika sığır ırklarında ise ortalama allel sayısı değerlerinin 4.37 ila 5.65 arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışma bulgularımız, Loftus ve ark.(1999)'nın bulguları ile karşılaştırıldığında, 7 mikrosatellit lokusu ile çalışılmasına sonucunda, Türkiye'de yetiştirilen yerli ve kültür ırklarının ortalama allel sayısının daha yüksek olduğu görülmüştür. İki çalışmanın sonuçları arasındaki fark seçilen lokusların farklılığından kaynaklanmaktadır. Sunulan çalışmada kullanılan lokuslar daha fazla sayıda allel sergilemektedir.

Türkiye’de yetiştirilen kültür sığır ırklarının ortalama allel sayısı değerleri, Avrupa’da yetiştirilen (Jersey, Siyah Alaca, Esmer İsviçre) aynı sığır ırkları üzerinde yapılan diğer çalışmalar ile karşılaştırıldığında, Türkiye’de yetiştirilen kültür ırklarının ortalama allel sayılarının Avrupa’da yetiştirilen ırklarda daha yüksek olduğu dikkati çekmektedir (Loftus ve ark.1999, Moazami-Goudarzi ve ark. 1997). Bu yüksekliğin nedeninin ise, seçilen lokusların farklı olmasından kaynaklanabileceği gibi yerli sığır ırkları ile kültür sığır ırkları ile karışma ihtimalinin (yüksek) olmasından kaynaklanmış olabileceği tahmin edilmektedir. Türkiye’de son 20 – 25 yıldır yerli ve kültür sığır ırkları arasında kontrolsüz ve bilinçsiz bir şekilde melezleme çalışmaları yapılmakta olup, aslında saf kültür ırkı diye düşünülen bireylerde yerli ırklar ile karışımın olmuş olma olasılığının yüksek olduğu tahmin edilmektedir.

İrkların genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde bir diğer ölçüt olan heterozigotluk değeri incelendiğinde, populasyonlarda lokuslara ait gözlenen heterozigotluk değerinin 0.4286 ila 0.8936 arasında değişim gösterdiği, beklenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.4169 ila 0.9085 değerleri arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışmada 7 farklı mikrosatellit lokusuna ait verilerden elde edilen gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri ile diğer bazı (Avrupa, Asya, Afrika ve Hindistan) sığır ırklarında yapılan mikrosatellit çalışmalarının sonuçları karşılaştırıldığında, Türkiye’deki yerli ve kültür sığır ırklarının beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerinin bazı çalışmalardaki beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerlerinden daha yüksek olduğu belirlenmiştir (MacHugh ve ark., 1997; Loftus ve ark., 1999; Martin Burriel ve ark., 1999; Schmid ve ark., 1999; Edwards ve ark., 2000; Hanslik ve ark., 2000, Okomo ve ark., 2001; Hansen ve ark., 2001; Maudet ve ark.2002; Beja – Pereina ve ark., 2003; Grzybowski ve Prusak 2004; Mateus ve ark., 2004, Chikhi ve ark.2004; Wiener ve ark.2004). Oysaki Radko ve ark.(2004) yaptığı bir çalışmada ise, Polonya’nın yerli sığır ırkında ve Polonya’da yetiştirilen Hereford ve Siyah Alaca ırklarında, gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.541 ila 0.852 arasında değiştiği belirlenmiş olup, bu değerler çalışmada belirlenen değerlere yakındır.

Çalışmada en yüksek gözlenen ortalama heterozigotluk değerinin Jersey ırkında (0.7613), en düşük gözlenen ortalama heterozigotluk değerinin ise Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında (0.6653) olduğu tespit edilmiştir. Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında heterozigotluğun düşük olmasının nedeninin, geçmişte uygulanan melezleme çalışmalarından kaynaklanmış olabileceği tahmin edilmektedir. Çalışılan mikrosatellit lokusları bazında saptanan ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri ele alındığında, en çok sayıda allel uzunluğunun görüldüğü TGLA122 lokusunda en yüksek heterozigotluğun (0.7899) olduğu, en düşük heterozigotluk değerinin görüldüğü lokusun ise en az sayıda allel uzunluğunun olduğu belirlenen ILSTS005 (0.5021) isimli mikrosatellit bölgesinde olduğu görülmüştür.

Irklar açısından beklenen heterozigotluk değerleri incelendiğinde ise, en yüksek beklenen heterozigotluk değerinin Yerli Kara ırkında olduğu (0.8114), en düşük beklenen heterozigotluk değerinin ise Jersey ırkında olduğu bulunmuştur.

Türkiye'deki yerli sığır ırklarında 26 farklı mikrosatellit bölgesinin incelendiği bir çalışmada (A. Altınalan, 2005); Türkiyedeki yerli sığır ırklarına ait gözlenen heterozigotluk değerlerinin 0.433(Bozırk) ile 0.449 (DAK) arasında değiştiği, beklenen heterozigotluk değerlerinin ise 0.874 (Yerli Kara) ile 0.883 (Bozırk) arasında değiştiği belirlenmiştir. 7 mikrosatellit bölgesinin çalışılmasında elde edilen sonuçlar ile karşılaştırıldığında gözlenen heterozigotluk değerlerinin daha küçük olduğu belirlenmiştir. Bunun nedeninin Altınalan'ın çalışmasındaki örnek sayısının daha az olmasından kaynaklanmış olabileceği tahmin edilmektedir.

Çalışmamızdaki heterozigotluk değerleri ile diğer bazı çalışmalardan elde edilen mikrosatellit çalışmalarının sonuçları karşılaştırıldığında, benzer heterozigotluk değerlerinin elde edildiği dikkati çekmektedir. Gene allel çeşitliliği sonuçlarına paralel olarak Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır ırklarındaki heterozigotluk değerlerinin (Jersey, Holstein, Esmer İsviçre), bazı çalışmalardaki (Moazami – Goudarzi ve ark. 1997; MacHugh ve ark.1997; Schmid ve ark.1999; Okomo ve ark.2001; Kim ve ark.2002; Hansen ve ark.2002; Maudet ve ark.2002; Beja – Pereina ve ark., 2003;

Grzybowski ve Prusak 2004; Mateus ve ark., 2004, Chikhi ve ark.2004; Wiener ve ark.2004) heterozigotluk değerlerinden daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri birlikte değerlendirildiğinde gözlenen heterozigotluk değerinin yerli sığır ırklarında kültür ırklarından daha düşük olduğu; beklenen heterozigotluk değerlerinin ise yerli ırklarda kültür ırklarından daha yüksek olduğu dikkati çekmektedir. Bu gözlemin sebebi yerli ırklarda daha fazla allel olmasına karşın, akrabalı yetiştirilmenin (Inbreeding-kendileşme) daha fazla olduğu içindir. Bu durum bir sonraki bölümde (F parametreleri) bir kez daha gözlemlenmiş ve olası nedeni açıklanmıştır.

Çalışmada 7 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda toplam 11 özgün allel (private allele) gözlemlenmiş olup bu allellerin görülme sıklığı ( $< 0.0729$ ) düşük olduğu için ırk belirleyici (ayırtaç) özelliklerinin olmadığı söylenebilir. Çalışmada *TGLA122*, *HEL5* ve *TGLA227* isimli mikrosatellit bölgelerine ait lokuslarda üçer özgün allelin gözlemlendiği, *ETH225* ve *ILSTS005* isimli mikrosatellit bölgelerinde ise birer özgün allel bulunduğu gözlemlenmiştir. Irklar bazında özgün allel sonuçları değerlendirildiğinde, Bozırk ve Jersey ırkında üçer ırka özgü allel olduğu ve bu gözlemlenen allel uzunluklarının frekanslarının (0.0098 ila 0.0729) arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Yerli Kara sığır ırkında 2 özgün allel, Güney Anadolu Kırmızısı, Siyah Beyaz Alaca ve Esmer İsviçre ırkında ise 1 özgün allel olduğu gözlemlenmiştir. Martin Burriel ve ark.(1999)'nın çalışmasında da İspanya'nın yerli sığır ırklarında 30 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda ırklara özgü alleller gözlemlenmiş fakat bu allel frekanslarının sunulan çalışmada olduğu gibi %5'ten küçük olması nedeni ile ırk belirleyici özelliklerinin olmadığı belirtilmiştir.

Loftus ve ark.(1999)'nın yaptığı çalışmada 20 mikrosatellit bölgesinden 6'sında Asya Zebu popülasyonlarına özgü alleller bulunduğu ve bu allellerin görülme sıklığının da oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir. Altı farklı mikrosatellit bölgesinde 13 farklı allel uzunluğunun oldukça zebu kökenli sığırlarda yüksek frekanslarda tekrarlandığı gözlemlenmiş olup bu allellerin zebu spesifik allel olduğu belirlenmiştir. Bu allellere örnek oluşturması amacı ile çalışmada sadece 3 mikrosatellit bölgelerinin allelleri

verilmiş olup bu allellerin Afrika (N'Dama) ve Avrupa (Jersey, Charolais, Holstein, Simmental, Brown Swiss, Herens ve Evolénard) kökenli ırklarda görülmediği belirtilmiştir. Bu allel uzunlukları, ETH10 mikrosatellit lokusunda gözlemlenen zebu spesifik allel 207 bp, 209 bp ve 211 bp olduğu, ETH225 mikrosatellit lokusunda görülen zebu spesifik allel uzunluklarının 153 bp, 155 bp, 157 bp, ve 159 bp uzunluğunda olduğu, ETH152 mikrosatellit lokusunda ise görülen zebu spesifik allel uzunluğunun ise 191 bp uzunluğunda olduğu bildirilmiştir.

Loftus ve ark.(1999) 'nın çalışmasının sonuçları dikkate alındığında, çalışmada belirlenmiş olan zebu spesifik allellerin Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarındaki dağılımları incelendiğinde (*ETH10* ve *ETH225*); Türkiye'de yetiştirilen yerli sığır ırklarında (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara) zebu spesifik allellerin daha sık frekanslarda tekrarlandığı belirlenmiştir.

Yerli sığır ırklarımızda bu allellerin kültür ırklarına göre daha sık görülmesinin nedeninin bu ırklarda zebu ile karışım olması ihtimalinin bir göstergesi olduğu düşünülmektedir. Fakat bu zebu spesifik allellerin kültür sığır ırklarındaki frekanslarının incelenmesi sonucunda; bu allellerden bazılarının hiç görülmediği bazılarının ise çok düşük frekanslarda da olsa gözlemlendiği belirlenmiştir. Örneğin *ETH10* mikrosatellit lokusunda, Siyah – Beyaz Alaca Irkı'nda: 207 bp, 209 bp ve 211 bp uzunluğu, Esmer İsviçre Irkı'nda 211 bp uzunluğu düşük frekanslarda da olsa görülmüştür. Aynı şekilde *ETH225* mikrosatellit bölgesinde de Loftus ve ark. (1999)'nın çalışmasında kültür sığır ırklarında (Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca) görülmeyen alleller Türkiye'deki kültür sığır ırklarında düşük frekanslarda da olsa görülmektedir.

Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır ırklarında Zebu spesifik allellerin gözlemlenip, Avrupa'da yetiştirilen aynı ırklarda (Jersey, Holstein, Esmer İsviçre) bu allellerin gözlemlenmemesi ve kültür sığır ırkları arasında bir genetik karışımın olduğu ihtimalini akla getirmektedir. Türkiye'de özellikle 1958'li yıllardan sonra yaygınlaşan kültür sığır ırkları ile yerli sığır ırkları arasında kontrolsüz bir şekilde melezleme çalışmaları yapıldığından bu tip bir karışımın olması olasılığının yüksek olabileceği

düşünülmektedir. Türkiye’de 1958’li yıllardan bu yana bilinçsiz ıslah programları uygulanmakta ve yerli sığır ırklarının verimlerini arttırmayı amaçlayan bu programlarda yerli ve kültür sığır ırkları kontrolsüz bir şekilde melezlenmektedir. Bu nedenle böyle bir karışımın görülmesi olasılığının yüksek olabileceği düşünülmektedir.

Diğer çalışılan mikrosatellit lokusları açısından yerli ve kültür sığır ırklarının mevcut durumu incelendiğinde, *TGLA122* mikrosatellit lokusunda yerli sığır ırklarında görülen allelik varyasyonun (çeşitliliğin), kültür ırklarından daha fazla olduğu görülmektedir. Türkiye’nin batısında ve İç Anadolu Bölgesinde yetiştirilen yerli ırklarda (Bozırk ve Yerli Kara) 140 bp uzunluğunun en sık gözlemlenen allel uzunluğu olduğu, Türkiye’nin doğusunda ve güneydoğusunda yetiştirilen ırklarda (Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı) ise en sık gözlemlenen allelin 142 bp uzunluğunda olduğu görülmüştür. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları içerisinde en sık görülen allel uzunluğunun 142 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiş olup, allelik varyasyonun bu ırklarda daha düşük olduğu bulunmuştur. Bu mikrosatellit bölgesi açısından yerli ve kültür sığır ırkları birlikte incelendiğinde, yerli ırklara özel herhangi bir allel uzunluğu olmadığı ve doğudan batıya doğru gidildikçe allel frekansları açısından dikkati çeken bir farklılığın olmadığı görülmektedir.

*TGLA227* mikrosatellit lokusunda yerli ırklarda görülen allelik varyasyon incelendiğinde, bu mikrosatellit lokusunda da yerli ırklarda görülen allel uzunluklarının kültür ırklarındaki uzunluklardan daha fazla olduğu dikkati çekmektedir. Türkiye’nin Doğu, Güneydoğu ve İç Anadolu bölgesinde yetiştirilen yerli ırklarda en çok tekrarlanan allel uzunlukları 77 ve 79 bp uzunluğunda iken (GAK, DAK, ve Yerli Kara’ da); Türkiye’nin batısında yetiştirilen Bozırk yerli sığır ırkında en sık görülen allel uzunluğunun 81 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Aynı mikrosatellit bölgesinde kültür sığır ırkları arasındaki dağılım incelendiğinde, Siyah Alaca ırkında en çok görülen allel uzunluğunun 85 ve 99 bp uzunluğunda olduğu, Jersey sığır ırkında en sık tekrarlanan allel uzunluğunun 93 bp uzunluğunda olduğu, Esmer İsviçre sığır ırkında ise en sık görülen allelin ise 85 ve 91 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Bu mikrosatellit bölgesi açısından sonuçlar değerlendirildiğinde, yerli ve kültür sığır ırkları arasında en sık tekrarlanan allel uzunlukları arasında büyük farklılıkların olduğu dikkat

çekmektedir. Türkiye'nin doğusunda, güneydoğusunda ve iç Anadolu bölgesinde yetiştirilen ırklarda 77 ve 79 bp uzunluğundaki allellerin oldukça yüksek frekanslarda olduğu gözlemlenmekte bu allel frekanslarının batıya doğru gidildikçe azaldığı görülmektedir. Aynı şekilde kültür sığır ırklarında da 77 ve 79 bp uzunluğunun ya hiç görülmediği veya bazı ırklarda çok düşük frekanslarda tekrarlandığı belirlenmiştir. Bu iki allel uzunluğunun da zebu spesifik allel olma ihtimali yüksek olup, Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe görülme sıklığı azalmaktadır. Bu mikrosatellit lokusu Loftus ve ark.(1999)'nın çalışmasında kullandığı 20 mikrosatellit lokusundan farklı olup, Türkiye yerli sığır ırklarında bu mikrosatellit bölgesi ilk kez çalışılmıştır. Fakat Okomo ve ark.(2001)'nin yaptığı bir çalışmada bu mikrosatellit bölgesinde zebuya özgü allel uzunluğunun görüldüğü belirlenmiştir. Fakat çalışmada bu mikrosatellit bölgesinde hangi allel uzunluklarının zebu spesifik olduğu belirtilmemiştir.

*HEL5* isimli mikrosatellit bölgesine ait sonuçlar değerlendirildiğinde, yerli sığır ırklarında görülen allelik çeşitliliğin Jersey ve Siyah – Beyaz Alaca ırklarından daha yüksek olduğu görülmektedir. Fakat yerli sığır ırkları, Esmer İsviçre sığır ırkı ile karşılaştırıldığında Esmer İsviçre ırkında allelik çeşitliliğin bu lokus açısından daha fazla olduğu dikkati çekmektedir. Bu mikrosatellit bölgesinde yerli sığır ırklarında en sık görülen allellerin 165 ve 167 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Türkiye'nin doğu ve güneydoğusunda yetiştirilen ırklarda (DAK ve GAK) 153 bp uzunluğu yüksek frekanslarda tekrarlanmakta olup batıya doğru gidildikçe bu allel uzunluğunun görülme sıklığının azaldığı belirlenmiştir. Kültür sığır ırklarında da 153 bp uzunluğunun oldukça düşük frekanslarda tekrarlandığı görülmektedir. Bu allel uzunluğunun (153 bp) da Zebu spesifik allel olma ihtimali yüksek olup, Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe görülme sıklığında bir azalma dikkati çekmektedir. Bu mikrosatellit lokusu Loftus ve ark.(1999) tarafından çalışılmış olup, çalışmada Türkiye yerli sığır ırklarında bu gibi bir değişimin mevcut olduğundan bahsedilmemiştir.

ILSTS005 mikrosatellit lokusu açısından yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki farklılıklar incelendiğinde, yerli ırklarda daha fazla allelik çeşitliliğin olduğu bu lokusta da dikkati çekmektedir. Bu mikrosatellit lokusunda yerli ve kültür sığır ırklarında en

ensik görülen allellerin 182 ve 184 bp uzunluğunda olduğu görülmüştür. Fakat yerli sığır ırklarında düşük frekanslarda da olsa 180 bp, 186 bp, 188 bp ve 192 bp uzunluklarının olduğu gözlemlenmiş olup bu allel uzunluklarının Jersey ve Siyah – Beyaz Alaca ırkında hiç görülmediği, Esmer İsviçre ırkında ise çok düşük frekansta da olsa 180 bp uzunluğunun gözlemlendiği bulunmuştur. 180 bp uzunluğu ise yerli sığır ırklarından sadece Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarında gözlemlenmiştir. Esmer İsviçre ırkı, Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının verimlerini arttırmak için yapılan ıslah çalışmalarında (melezlemelerde) kullanılmış olup, Esmer İsviçre ırkı ile Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkları geçmişte melezlenmiştir. Bu, ırklar arasında genetik bir karışımın (Esmer İsviçre'nin YK ve GAK'na karışmış) olabileceğini (ihtimalini) göstermektedir. Ayrıca yerli ırklarda görülen 186 bp, 188 bp ve 192 bp uzunluklarının frekanslarının doğudan batıya doğru azaldığı belirlenmiş olup, bu allel uzunluklarının “Zebu spesifik” allel olabileceği tahmin edilmektedir. Bu mikrosatellit lokusu Loftus ve ark.(1999) tarafından çalışılmış olup, Zebu spesifik allellerin görüldüğü 6 mikrosatellit lokusundan biridir. Fakat çalışmada allel sıklıkları ve doğudan batıya dağılımları grafik halinde gösterilmemiştir. Bu nedenle bu allellerin Zebu spesifik allel olabileceğini tahmin etmekteyiz.

ILSTS006 mikrosatellit lokusunda yerli sığır ırklarında görülen allelik varyasyonun, kültür ırklarından daha fazla olduğu görülmektedir. Çalışmada yerli ırklar içerisinde en sık tekrarlanan allel uzunluğunun 293 bp olduğu belirlenmiştir. Kültür sığır ırklarında ise en sık tekrarlanan alleller Siyah – Beyaz Alaca ırkında 293 bp ve 295 bp, Jersey ırkında 293 bp, Esmer İsviçre ırkında ise 297 bp uzunluğunda olduğu gözlemlenmiştir. Bu mikrosatellit bölgesi açısından yerli ve kültür sığır ırkları birlikte incelendiğinde yerli ırklara özel herhangi bir allel uzunluğu olmadığı ve doğudan batıya doğru gidildikçe allel frekansları açısından dikkati çeken bir farklılığın olmadığı görülmektedir. Bu mikrosatellit lokusu Loftus ve ark.(1999) tarafından Türkiye yerli sığır ırklarının genetik yapısının incelenmesinde kullanılmış olup, Zebu spesifik allellerin görüldüğü 6 mikrosatellit listesinde yer almadığı, bu mikrosatellit bölgesi için dikkat çeken herhangi bir önemli varyasyonun gözlemlendiği bildirilmiştir.



Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının 7 mikrosatellit lokusu ile incelenmesi sonucunda elde edilen sonuçlar ile, Türkiye’deki yerli sığıra ırklarının genetik yapılarının mikrosatellitlerle incelendiği bir başka çalışmanın (Loftus ve ark., 1999) sonuçları karşılaştırıldığında, her iki çalışmada da zebu spesifik allel olarak tanımlanabilecek mikrosatellit bölgelerinin *ETH10* (207, 209 ve 211 bp) ve *ETH225* (153 ve 157 bp) isimli mikrosatellit bölgeleri olduğu belirlenmiştir. Bu mikrosatellit bölgelerine ait frekansların Türkiye’nin doğusundan batısına doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir.

**Tablo.28.** *Türkiye’nin Doğusundan Batısına Doğru Gidildikçe Allel Frekanslarında Azalma Görülen Alleller*

<b>Mikrosatellit İsmi (allel uzunluğu)</b>	<b>Zebu Spesifik Olarak Tanımlanma Durumu</b>
<b>ETH10 (207, 209 ve 211 bp)</b>	Loftus ve ark. (1999)’nın çalışmasında bu mikrosatellit bölgesine ait alleller zebu spesifik allel olarak tanımlanmıştır.
<b>ETH225 (153 ve 157 bp)</b>	Loftus ve ark. (1999)’nın çalışmasında bu mikrosatellit bölgesine ait alleller zebu spesifik allel olarak tanımlanmıştır.
<b>TGLA227 (77 ve 79 bp)</b>	Bu mikrosatellit bölgesinde Okomo ve ark., (2001)’nin çalışmasında zebu ırkına özgü allel uzunluklarının gözlemlendiği belirtilmiştir. Fakat hangi allel uzunluklarının zebuya özgü olduğu açıkça makalede verilmemiştir.
<b>HEL 5 (153 bp)</b>	Daha önce hiçbir çalışmada bu mikrosatellit bölgesinde gözlemlenen allel uzunluklarının, zebu spesifik allel olduğu belirtilmemiştir.
<b>ILSTS005 (186, 188 ve 192 bp)</b>	Loftus ve ark. (1999)’nın çalışmasında bu mikrosatellit bölgesine ait alleller zebu spesifik allel olarak tanımlanmıştır. Fakat hangi allel uzunluklarının zebu spesifik olduğu makalede açıkça belirtilmemiştir.

Çalışmadaki diğer mikrosatellit bölgelerine ait sonuçlar incelendiğinde ise, Tablo.28.'deki allellerin Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe allel frekanslarının azaldığı belirlenmiştir. Bu allellerden HEL5 mikrosatellit bölgesine ait allelin zebu spesifik allel olma ihtimali olabileceği gibi evrimleşme merkezinden uzaklaşmanında bir izi olabileceği tahmin edilmektedir.

Çalışma sonucunda elde edilen allel çeşitliliği ve heterozigotluk değerleri birlikte değerlendirildiğinde; hem Türkiye'nin yerli sığır ırklarında hemde Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır ırklarında allel sayısının ve heterozigotluğun yüksek olduğu dikkati çekmektedir. Bunun nedenlerinin 4 farklı sebepten kaynaklanmış olabileceği tahmin edilmiştir:

- 1) Loftus ve ark (1999)'nın çalışmasında kullanılan mikrosatellit bölgelerinden farklı mikrosatellit bölgelerinin kullanılması,
- 2) Irkların evrimleşme bölgesine yakın oluşlarından kaynaklanmış olması,
- 3) Zebu kökenli ırklar ile karışım olmasından kaynaklanmış olabileceği,
- 4) Türkiye'nin yerli sığır ırklarında hiçbir zaman Avrupa'daki kültür ırkları düzeyinde seleksiyon uygulanmamış olmasının etkilerinin olduğu düşünülmektedir.

## **8.2. F PARAMETRELERİ**

Çalışmada 7 mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda, populasyonlar için hesaplanan genel  $F_{IS}$  değerinin (-0.03683) ila (0.14883) arasında değiştiği belirlenmiştir. Jersey ve Siyah Beyaz Alaca ırkında  $F_{IS}$  değerlerinin negatif olduğu belirlenmiş olup bu populasyonlarda önemsiz düzeyde heterozigot fazlalığının mevcut olduğu bulunmuştur. Bu populasyonların her ikisi de Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır

ırkı olup bu populasyonlara ait örnekler Kamu Tarım İşletmeleri'nden alınmıştır. Bu bireylerin kayıtları tutulmakta ve uygulanan suni tohumlamada kayıtlara bakılarak tohumlama yapılmaktadır. Her yıl suni tohumlamada kullanılan boğa adaylarına dikkat edilmekte, yeni boğalar seçilip damızlıkta kullanılmaktadır. Bu ırklarda önemsiz düzeyde de olsa heterozigotluk seviyesinin yüksek olmasının sebeplerinden birinin bu olabileceği düşünülmektedir.

Türkiye'de yetiştirilen yerli sığır ırklarına (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı) ve Esmer İsviçre sığır ırkına ait  $F_{IS}$  değerleri incelendiğinde, bu değerlerin sifıra yakın ve önemsiz düzeyde pozitif değer göstermiştir. Tüm populasyonların  $F_{IS}$  değerleri incelendiğinde populasyonlarda Hardy – Weinberg dengesinin olduğu söylenebilir.

$F_{ST}$  değerleri ve bunların önemlilik testi sonuçları incelendiğinde, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkları arasındaki  $F_{ST}$  değerleri farklılıklarının ( $P<0.05$ 'e) önemli olduğu, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara ırkı arasındaki  $F_{ST}$  değeri farklılıklarının ( $P<0.01$ )'e göre önemli olduğu belirlenmiştir. Türkiye'deki yerli sığır ırkları arasındaki  $F_{ST}$  değerleri farklılıkları incelendiğinde, Doğu Anadolu Kırmızısı, Bozırk, Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkları arasında az bir genetik farklılaşma olduğu söylenebilir. Çünkü populasyonlar arası  $F_{ST}$  değerleri 0 ila 0.05 arasında olduğunda bu populasyonlar arasında düşük bir genetik farklılaşma olduğu kabul edilmektedir (Hartl , 1987; Hamrick and Godt, 1989; Wright, 1978; Hamrick JL, Godt MJW 1989, Heinrichs ve ark., 1985). Çalışmada yerli ırklar arası  $F_{ST}$  değerlerinin 0.05'ten küçük olduğu dikkati çekmektedir. Yerli sığır ırkları ile kültür sığır ırkları arası  $F_{ST}$  değeri farklılıkları incelendiğinde,  $F_{ST}$  değerleri arasındaki farklılıkların  $P<0.001$ 'e göre önemli olduğu ve orta düzeyde bir genetik farklılaşmanın olduğu kabul edilir. Türkiye'nin doğusunda yetiştirilen yerli ırklar ile kültür ırkları arasında bu genetik farklılaşmanın daha büyük olduğu dikkati çekmektedir. Çalışmanın ilginç bir sonucu ise; Jersey ırkı ile Güney Anadolu Kırmızısı ırkı arasındaki  $F_{ST}$  değerinin 0.05'ten küçük olarak bulunmuş olmasıdır. Bu durum Jersey populasyonunun yerli sığır ırklarından daha fazla oranda etkilenmiş ve karışmış olabileceği ihtimalini akla getirmektedir. Jersey ırkı daha önceleri Yerli Kara sığır ırkının melezlenmesinde

kullanılmıştır. Daha önceki çalışmalarda, GAK ırkı ile melezleme yapıldığını ilişkin hiçbir kayıt bulunmamaktadır. Fakat benzer bir ilginç sonuca bir başka çalışmada daha rastlanmaktadır. Hansen ve ark.(2002)'nin yaptığı bir çalışmada da Kanada'nın yerli sığır ırklarından biri olan "Canadienne" ırkının Jersey sığır ırkına daha yakın olduğu ve görünüm olarak Jersey ırkına daha çok benzediği düşünülürken çalışılan 13 farklı mikrosatellit bölgesi açısından bu ırkın Holstein ırkı ile yakın olduğu bulunmuştur (Hansen ve ark. 2002).

Bozırk sığır ırkına ait örneklerin 2 farklı popülasyondan alındığı daha önce vurgulanmıştı. Bozırk ırkının 2 popülasyonu arasında genetik bir farklılığın olup olmadığını test etmek için her iki örnekleme grubu ayrı birer ırkmiş gibi alınıp analiz edildiğinde, belirlenen  $F_{ST}$  değeri farklılıklarının istatistiki olarak önemli olmadığı belirlenmiştir. Bozırk 1 ve Bozırk 2 popülasyonu (halk elinden alınan)'na ait  $F_{ST}$  değeri farklılığının istatistiki olarak önemli olmadığı belirlenmiştir. Ayrıca çalışmada, Bozırk ırkına ait bu iki popülasyonunun örnek sayısının farklılığı da dikkate alınıp 2. popülasyondan rastgele 1. popülasyonun birey sayısı kadar örnek seçilip ( $n=12$ ),  $F_{ST}$  değerleri tekrar hesaplanmış ve önemlilik testi yapılmıştır. Bu hesaplama sonucunda da Bozırk 1 ve Bozırk 2 popülasyonu  $F_{ST}$  değeri arasındaki farklılık önemsiz çıkmıştır. Bu ırk için, aynı ırkın farklı popülasyonları arasındaki genetik farklılığın istatistiki olarak önemli olmadığı görülmüştür. Oysa ki Türkiye'deki yerli koyun ırkları arasındaki genetik çeşitliliğin incelendiği bir çalışmada (Koban, 2004; Togan ve ark., 2004), aynı ırkın farklı popülasyonları arasındaki genetik farklılıkların ( $F_{ST}$  değerleri) istatistiki olarak önemli olduğu bulunmuştur. Kamu Tarım İşletmelerinden alınan grup ile halk elinden toplanan gruplar arasında büyük ( $P<0.001$ ) genetik farklılaşma olduğu bulunmuştur. Koyunda yapılan çalışmada, Akkaraman ırkından üç farklı popülasyondan örnek alınmış olup bu örneklerden Akkaraman 1 (Kamu Tarım İşletmesi – çiftlik örneği) grubu ile Akkaraman'ın diğer iki (Akkaraman2 ve Akkaraman 3) grubunun (halk elinden ayrı bireylerden iki kez toplanmış örnekler)  $F_{ST}$  değerleri farklılığının  $P<0.001$ 'e göre önemli olduğu, Akkaraman 2 ve Akkaraman 3 arasında ise istatistiki olarak önemli bir farklılığın olmadığı belirlenmiştir. Çalışmada Bozırk ırkına ait 2 farklı örnek grubu arasında böyle bir farklılığın olmadığı belirlenmiştir.

MacHugh ve ark.(1998)'nin yaptığı çalışmanın sonuçları ile bu çalışma sonucunda elde edilen veriler karşılaştırıldığında Türkiye yerli ve kültür sığır ırklarının ikili karşılaştırılması sonucunda elde edilen  $F_{ST}$  değerlerinin (0.0104 ila 0.09816), Avrupa'da yetiştirilen 7 farklı sığır ırkının (Jersey, Hereford, Holstein, Simmental, A. Angus, Kerry ve Cherolais)  $F_{ST}$  değerlerinden (0.050 ila 0.181) daha küçük olduğu belirlenmiştir. Avrupa ırkları arasında genetik farklılaşma orta ve yüksek düzeyde iken, Türkiye'de yetiştirilen yerli sığır ırkları arasındaki farklılaşma küçük, kültür ve yerli sığır ırkları arasındaki genetik farklılaşma ise orta düzeydedir.

Hanslik ve ark.(2000)'nin yaptığı çalışma sonuçları ile Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarının 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen sonuçlar karşılaştırıldığında, Hanslik ve ark.'nin çalışmasında aynı ırkın farklı popülasyonları arasındaki  $F_{ST}$  değeri farklılıklarının büyük ve önemli olduğu bulunmuştur. Oysaki bu çalışmada, Türkiye'deki yerli sığır ırkları farklı görünüme sahip olup farklı ırk olarak tanımlanıyor olmasına rağmen  $F_{ST}$  değerlerinin oldukça düşük olduğu belirlenmiştir. Diğer bir deyişle, Türkiye'deki yerli sığır ırklarına ait bireylerin genetik olarak birbirine yakın olduğu belirlenmiş olup, yerli ırklar arasında 7 mikrosatellit bölgesi açısından net bir ayırım yapılamamıştır.

Kim ve ark.(2002)'nin çalışma sonuçları ile çalışmadaki sonuçları ile, çalışmamızdaki sonuçlar karşılaştırıldığında  $F_{ST}$  değerleri açısından benzer sonuçların bulunduğu dikkati çekmektedir. Kuzey Doğu Asya sığır ırklarının 13 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen  $F_{ST}$  değerleri (0.039 ila 0.099) ile Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarının 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen  $F_{ST}$  değerleri (0.0104 ila 0.09816) benzerlik göstermektedir. Kuzey Doğu Asya sığır ırklarının da bazı ırkları arasında orta düzeyde genetik farklılaşma olduğu, bazı ırklar arasında ise küçük bir genetik farklılaşma olduğu belirlenmiştir.

Hansen ve ark.(2002)'nin yaptığı bir çalışmada 4 farklı sığır ırkı (Brown Swiss – Esmer İsviçre, Canadienne, Jersey, Holstein) arasındaki genetik farklılıkları incelediği çalışmada  $F_{ST}$  değerleri incelendiğinde değerlerin 0.079 (Holstein – Canadienne) ile

0.190 (Brown – Swiss, Jersey) arasında olduğu belirlenmiştir. Bu çalışmada Esmer İsviçre ile Jersey arasında büyük bir genetik farklılaşmanın olduğu, Holstein ile Canadienne ırkı arasında ise küçük bir genetik farklılaşma olduğu belirlenmiştir. Oysaki Türkiye’deki kültür sığır ırkları arasında orta düzeyde bir genetik farklılaşmanın olduğu belirlenmiş olup en büyük  $F_{ST}$  değerinin (0.09816) Jersey ile Siyah – Beyaz Alaca ırkı arasında olduğu bulunmuştur.

Chikki ve ark.(2004)’nın yaptığı bir çalışmada Jersey sığır ırkından alınan 13 farklı popülasyonda 12 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Bu çalışmada  $F_{ST}$  değerlerinin (-0.009) ile (0.07176) arasında değiştiği bildirilmiştir. Çiftlik örnekleri ile bölge örnekleri arasındaki  $F_{ST}$  değeri farklılıkları incelendiğinde, bölgeler arasındaki ortalama  $F_{ST}$  değerlerinin düşük olmasına rağmen istatistiki olarak önemli olduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda çiftliklerden toplanan örneklerin  $F_{ST}$  değeri farklılıkları, bölgeler arası farklılıklardan daha yüksek olduğu ve bu farklılığın da istatistiki olarak önemli olduğu belirlenmiştir. Türkiye’deki yerli ve kültür sığır ırklarının 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışıldığı bu çalışmada, aynı ırkın (Bozırk 1 ve Bozırk 2) popülasyonları arasında bu tip bir farklılık olmadığı tespit edilmiştir. Fakat çalışmada Türkiye’nin yerli sığır ırkları arasındaki  $F_{ST}$  değerlerinin 0.01040 ila 0.03442 arasında değiştiği belirlenmiş olup, bu değerler Jersey ırkının bir adada bulunan aynı ırkın farklı popülasyonları arasındaki farklılığa eşit veya daha da az olduğu bulunmuştur. Kültür ırkları arasındaki  $F_{ST}$  değerleri 0.04450 ila 0.09816 aralığında olduğu belirlenmiştir. Kültür ırklarındaki  $F_{ST}$  değerleri ile Jersey ırkının farklı popülasyonlarına ait  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırıldığında; Jersey popülasyonları arasında yapılan 78 farklı karşılaştırmada en yüksek  $F_{ST}$  değerinin 0.07176 olduğu belirlenmiş olup, çalışmamızda sadece 3  $F_{ST}$  değerinin bu değere yakın olduğu (0.07356- 0.07894), diğer iki değer ise daha yüksek olduğu belirlenmiştir.

Mateus ve ark.(2004)’nin Portekiz yerli sığır ırkları arasındaki genetik benzerlik ve farklılıkları incelemek için yaptıkları çalışmada 30 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış olup,  $F_{ST}$  değerlerinin 0.0326 ile 0.1898 arasında olduğu belirlenmiştir. Bu değerler incelendiğinde Portekiz yerli sığır ırkları arasında orta ve yüksek düzeyde genetik farklılaşmanın olduğu belirlenmiştir. Türkiye’nin yerli ırkları arasında ise küçük bir

genetik farklılaşmanın olduğu 7 mikrosatellit lokusu ile çalışılması sonucunda belirlenmiştir. Daha fazla mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda genetik farklılaşmanın daha ayrıntılı incelenebileceği düşünülmektedir.

Tüm bu çalışmaların sonuçlarını değerlendirdiğimizde, Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırkları arasında çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından küçük bir genetik farklılaşmanın mevcut olduğu belirlenmiştir. Daha fazla mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda ırklar arası genetik farklılıkların daha ayrıntılı bir şekilde incelenebileceği düşünülebilir ancak çok sayıda mikrosatellit lokusu ile yapılacak bir çalışmada bile yerli ırklarımızın yeteri kadar izole olmamaları nedeni ile farklı bulunmamaları muhtemeldir.

### **8. 3. MOLEKÜLER GENETİK VERİLERİN VARYANS ANALİZİ SONUÇLARI (AMOVA ANALİZİ)**

Çalışmada genetik varyasyonun ırklar arasında ve ırklar içerisinde nasıl dağıldığını gözlemek için 2 farklı grupta ile AMOVA analizi yapılmıştır.

AMOVA analizinin 1. aşamasında yerli ırklar bir grup, kültür sığır ırkları ise ayrı bir grup olarak alınmış olup bu analiz sonucunda; toplam genetik varyasyonun %93.74’ünün ırkların kendi içerisinde olduğu, %4.43’ünün aynı grup içerisindeki ırklar arasında, %1.79’unun ise gruplar arasında olduğu gözlemlenmiştir. Çalışmada ırklar arası ve gruplar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli olduğu ( $P<0.001$ ) bulunmuştur.

İkinci aşama AMOVA analizinde ise yerli ırkların her biri tek bir grup olarak kabul edilmiştir. Yerli sığır ırklarının kendi aralarında analiz edildiği bu aşamada, toplam genetik varyasyonun %97.75’inin popülasyonların kendi içinde, geri kalan %2.25’inin ise popülasyonlar arasında olduğu bulunmuştur. Yerli ırklar arasındaki farklılığın istatistiksel olarak önemli olup olmadığının test edilmesi sonucunda, ırklar arası farklılığın istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir ( $P<0.001$ ). Bu sonuca göre en

az bir yerli sığır ırkına ait populasyonunun değerlerinden farklı genetik yapıda olduğunu söyleyebiliriz.

Wiener ve ark.(2004)'nın çalışmasında 8 farklı İngiliz sığır ırkında (Jersey, Friesian Dexter, Hereford, Highland, A.Angus, Ayrshire, Guernsey) 30 mikrosatellit lokusu ile çalışılması sonucunda elde edilen verilerden yararlanılarak ırklar arasındaki ve ırklar içerisindeki genetik varyasyonun AMOVA testi yapılarak incelenmiştir. Analiz sonucunda toplam genetik varyasyonun %87'sinin ırklar içerisinde %13'ünün ise allelik varyasyon olduğu ve ırklar arasında olduğu belirlenmiştir.

Mateus ve ark.(2004)'nın Portekiz yerli sığır ırkları arasındaki genetik çeşitliliği ve farklılıkları belirlemek için yaptığı çalışmada 30 mikrosatellit lokusu ile çalışılmıştır. Çalışmada AMOVA analizi yapılmış olup, AMOVA analizindeki gruplarda coğrafik konum, morfolojik yapı ve komşu birleştirme ağacındaki dallanmalar (genetik uzaklıklar) dikkate alınarak yapılmıştır. Tüm gruplarda moleküler varyans analizi sonuçları incelendiğinde ırklar içerisindeki varyasyonun genelde %90.73'ten büyük olduğu belirlenmiştir. Çalışılan ırkların tümünün birlikte değerlendirildiği AMOVA analizi sonuçları incelendiğinde toplam genetik varyasyonun %91.04'ünün çalışılan populasyonlar içinde, %8.96'sının ise çalışılan populasyonlar arasında olduğu gözlemlenmiştir. Oysaki bu çalışmada, Türkiye'deki yerli sığır ırklarında toplam genetik varyasyonun %97.25'inin populasyonları içinde, %2.25'inin ise populasyonları arasında olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda, Türkiye'nin yerli ve kültür sığır ırklarında 7 mikrosatellit bölgesinin çalışılması ırklar arası varyasyonu incelemek için yeterli olmayıp, daha fazla mikrosatellit bölgesi ile çalışılarak sonuçların genel olup olmadığı sınılanmalıdır.

Bu çalışmaların sonuçları ile, Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarının 7 mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda elde edilen bulgular karşılaştırıldığında, Türkiye'deki sığır populasyonları içerisindeki varyasyonun yüksek olduğu, populasyonlar arası genetik varyasyon değerinin ise düşük olmasına rağmen istatistiki olarak bu farklılıkların önemli olduğu bulunmuştur. Bir kez daha yerli ırklar arası farkın diğer ülkelerde görülen ırklar arası farktan küçük olduğu ve yerli ırklarımız birbirlerine diğer çalışılmış ülkelerde olduğundan daha yakın olarak gözlenmiştir.



#### 8.4. ALLELLERİN PAYLAŞIM UZUNLUKLARININ ÖLÇÜMÜ SONUÇLARI

Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarına ait bireylerin çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından genetik olarak birbirlerine ne derece benzediklerini, bazı ırklara ait bireylerin daha farklı ayrılıp ayrılmadığını gözlemleyebilmek için allel paylaşım uzaklığı metodu kullanılmıştır.

Çalışmada Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarına ait popülasyonların tüm bireylerinin (315 birey) birlikte değerlendirilmesi sonucunda çizilen komşu birleştirme ağacında çözünürlük çok düşük olduğundan, her ırktan rastgele 10'ar örnek birey seçilerek analiz tekrarlanmıştır.

Bireyler arası allel paylaşım uzaklıkları metoduna göre çizilen bu komşu birleştirme ağacında aynı ırka ait bireylerin yer yer bir arada toplandığı fakat aralara başka ırklara ait bireylerinde karıştığı görülmektedir. Allel paylaşım uzaklıkları kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağaçlarının her ikisinin de, evcil türlerde görüldüğü gibi yıldız şeklinde olduğu görülmüş ve her ikisinin de dallarının uzun olduğu belirlenmiştir.

Edwards ve ark.(2000)'nin yaptığı bir çalışmada İtalya, Almanya, Avusturya ve Fransa'ya ait olan çeşitli ırklarda 20 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Elde edilen veriler allel paylaşım uzaklığı metoduna göre analiz edilmiş ve sonrasında komşu birleştirme ağacı çizilmiştir. Çizilen ağaçta aynı ırka ait bireylerin bir arada toplandığı (özellikle Simmental) fakat bazı popülasyonlara ait bireylerin başka popülasyonlar ile karışmış olduğu belirlenmiştir. Edwards ve ark.(2000)'nin bu çalışmasında 20 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmış olmasına rağmen çalışılan bireyler arasında net bir ayırım yapılamamıştır. Özellikle karışımın görüldüğü ırkların, Almanya'nın yok olma tehlikesi altında olan bir ırkı (Pustertaler) ile yine Almanya kökenli (Pinzgauer) bir başka ırk arasında olduğu belirlenmiştir.

Gryzbowski ve Prusak (2004)'in çalışmasında ise allel paylaşım uzaklığı metoduna göre çizilen ağaçta 9 farklı Avrupa sığır ırkına ait bireylerin birbirlerinden net olarak ayrıldığı gözlemlenmiştir. Fakat bu çalışmada 26 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır.

Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarında 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda net bir gruplama yapılamamıştır. Bunun nedeni kullanılan mikrosatellit lokusu sayısının az olması olabileceği gibi ırkların birbirlerine gerçekte de genetik olarak benzemeleri olabilir. Çünkü yetiştiriciliği ile daha izole kalmalarının sağlandığı kültür ırkları daha öbeklenmiş olarak 7 lokus için de olsa gözlenebilmektedir. Kültür sığır ırklarına ait olan bireylerin, daha iyi gruplandığı ve birbirlerinden ayrılabilirdiği, yerli sığır ırklarına ait bireylerin ise daha karışık olarak gruplandığı belirlenmiştir.

## **8.5. FAKTÖRİYEL BİRLEŞTİRİCİ ANALİZ SONUÇLARI**

Faktöriyel Birleştirici Analiz bireyler arasındaki genetik yakınlığı (akrabalığı) görüntülemek için yapılmaktadır. Çalışmada 3 ayrı aşamada bu analiz yapılmıştır.

Birinci aşamada Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan yerli sığır ırkları kendi içerisinde analiz edilmiştir. Yerli ırkların birlikte analiz edildiği bu aşamada elde edilen grafikte Yerli Kara, Bozırk ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklara ait bireylerin çoğunun birbirinden ayrı olarak öbeklendiği, Doğu Anadolu Kırmızısına ait bireylerin öbeklendiği kısımda ise diğer ırklara ait bazı bireylerin karıştığı gözlemlenmiştir. Diğer 3 ırka ait olan örneklemelerde ağırlıklı olarak o ırka özgü bireyler bulunurken Doğu Anadolu Kırmızısı ırkına ait öbeklenmeye diğer ırkların bireyleri de karışmıştır.

İkinci aşamada sadece kültür sığır ırkları analiz edilmiş olup çizilen grafikte tüm popülasyonlara (Jersey, Esmer İsviçre, Holstein) ait bireylerin genelde birbirinden ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir.

Üçüncü aşamada ise yerli ve kültür sığır ırkları birlikte değerlendirilmiş olup, bu aşamada bazı eksenlerde kültür sığır ırklarına ait bireylerin bazılarının birlikte

öbeklendiği, fakat bu öbeklenmelerin içerisinde diğer bazı ırklara ait bireylerden de karışımların olduğu belirlenmiştir. Aynı analiz aşamasının bazı eksenlerinde (4.1.4 ekseninde) ise Bozırk ırkına ait bireylerin genelinin diğer yerli ve kültür sığır ırklarından ayrı öbeklendiği görülmektedir. Ayrıca grafikte Bozırk haricindeki diğer yerli sığır ırklarının genelinin birlikte karışık bir şekilde öbeklendiği, kültür ırklarının ise ayrı olarak öbeklendiği görülmektedir. Jersey ırkına ait bireylerin ise yerli ırklara daha yakın (özellikle GAK ırkına) olarak öbeklendiği gözlemlenmiştir. Bu durum  $F_{ST}$  değerleri irdelenirken de ortaya çıkmıştır.

Altınalan (2005)'nin çalışmasında Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan 5 farklı (4 yerli ve 1 kültür ırkı) sığır ırkına ait popülasyonlarda 26 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen veriler faktöriyel benzerlik analizi ile değerlendirildiğinde, çalışılan ırkların her bir ırkın kendisine özgün birer yığın olarak gruplandığı belirlenmiştir (2.1.3 ekseninde). Çalışmada kullanılan mikrosatellitler bakımından Türkiye yerli sığır ırklarından Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkının birbirine daha yakın bir konumda olduğu, Avrupa orjinli ırklardan (özellikle Siyah Alaca) daha uzak bir konumda gruplandığı belirlenmiştir.

Altınalan'nın çalışmasındaki örneklerin hepsi Kamu Tarım İşletmelerinden alınmıştır. Oysaki çalışmamızda kullanılan örnek bireylerin büyük bir kısmı Kamu Tarım işletmesinden alınırken bir kısmı halk elindeki sürülerden alınmıştır.

Çalışmamızdaki analiz sonuçlarını kısaca özetlediğimizde, kültür sığır ırklarının bireylerinin genelde daha düzenli ve ayrı ayrı öbeklendiği, yerli sığır ırklarımızda ise bu öbeklenmenin daha karışık olduğu belirlenmiş olup genetik yapı olarak bu ırklar birbirine daha çok benzemektedir. Çalışılan mikrosatellit sayısının az olması nedeni ile, yerli ırkların herbiri kendisine özgün gruplara ayrılamamıştır. Birkez de daha fazla mikrosatellit lokusu kullanılarak elde edilen sonuçlarla sunulan çalışmadaki sonuçlar karşılaştırılmalıdır.

## 8.6. IRKLARI TANIMLAMA DEĞERİ

Yedi farklı mikrosatellit lokusunun, 7 farklı sığır ırkında çalışılması sonucunda elde edilen veriler Wiener ve ark.(2004)'nın önerdiği metoda göre ve P. Wiener tarafından hazırlanan programda bizzat kendisi tarafından analiz edilmiş ve ırkları tanımlama değeri hesaplanmıştır. Bu değer genetik açıdan ırk bireylerinin homojenliğini ve özgünlüğünü göstermekte olup, yerli sığır ırklarına ait değerlerin kültür sığır ırklarından daha küçük olduğu belirlenmiştir. Bu analiz sonuçları diğer analizler ile uyum göstermekte ve benzer sonuç vermektedir (Faktöriyel Birleştirici Analiz, Populasyonların Mevcut Yapı Testi, Temel Öğeler Analizi gibi).

Yerli ırklardaki “ırkları tanımlama” değerinin düşük olması demek bu ırklarda homojenliğin daha az olduğu yani bireyler arası genetik çeşitliliğin daha fazla olması ve ırkların özgün olmadığı anlamına gelmektedir. Diğer analiz (AMOVA, Faktöriyel Birleştirici Analiz, Allel paylaşım uzaklığı ağacı, Fst uzaklıklarının gösterildiği matrisler) sonuçlarında da yerli sığır ırklarının genetik dağınıklığının ve birbirleri ile karışımlarının kültür ırklarına göre daha yüksek olduğu belirlenmiştir.

Elde edilen ırkların tanımlama değeri incelendiğinde en yüksek değere sahip olan ırkın Siyah – Beyaz Alaca (0.757), en düşük değere sahip olan ırkın ise Güney Anadolu Kırmızısı ırkı olduğu (0.469) belirlenmiştir.

Çalışmada elde edilen ırk tanımlama değeri ile Wiener ve ark.(2004)'nın çalışmasındaki ırk tanımlama değerleri karşılaştırıldığında, Türkiye'deki yerli ve kültür ırklarında görülen ırk tanımlama değerlerinin daha düşük olduğu belirlenmiştir. Wiener ve ark.'nın çalışmasında en yüksek ırkları tanımlama değeri Jersey ırkında (0.924), en düşük değer ise Ayshire (0.726) ırkında olduğu belirtilmiştir. Siyah – Beyaz Alaca (Holstein) ırkında ise bu değer 0.751 olduğu bulunmuştur. Oysaki çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından Türkiye'de yetiştirilen Jersey ırkına ait değerin 0.607, Siyah – Beyaz Alaca ırkına ait ırk tanımlama değerinin ise 0.757 olduğu belirlenmiştir. Wiener ve ark.'nın çalışmasında Jersey populasyonuna ait bireylerin içinde ortak

paylaşılan allellerin diğer ırklardan daha fazla olduğu belirlenmiştir. Diğer bir anlatımla ırka ait seçilen bireylerin birbirlerine benzerliği fazladır denilebilir. Türkiye ırklarında ise Siyah – Beyaz Alaca popülasyonuna ait bireylerin içinde ortak paylaşılan allellerin diğer ırklardan daha fazla olduğu dikkati çekmektedir.

Çalışmanın sonuçları kısaca özetlendiğinde Türkiye’deki yerli sığır ırklarına ait bireyler arasında benzer genetik yapı(= genetik homojenlik ya da ortak paylaşılan alleller) kültür ırklarına oranla daha azdır.

İrkları tanımlama değerini kullanarak ırkların özgünlüğünü ve ırk bireyleri arası genetik benzerliği ölçülmesinin ülkemizde ilk kez sunulan çalışmada yapıldığını düşünmekteyiz ve bu ölçütün tek başına yada Faktöriyel Birleştirici Analiz veya daha sonra sunulacak Genetik Yapı testiyle beraber ırk içi ve ırklar arası benzerliği etkin bir biçimde yansıtmakta olduğu görülmektedir.

## **8.7. BİREYLERİN İRKLARA AYRILMASI TESTİ:**

Farklı ırklara ait olan bireylerin çalışılan mikrosatellit bölgeleri açısından hangi popülasyonun yapısına yakın olduğunu belirlemek için yapılan bireylerin popülasyonlara ayrılması testi sonuçları incelendiğinde, bireylerin bir ırka tayin edilmesinin kabul yada red bölgesini belirleyen  $\alpha$  kriteri değeri yani istenen kesinlikte tayin düzeyi arttıkça, bireylerin tayin edildikleri ırk sayısı düşmekte ve kendi ırkları dahil hiçbir ırka tayin edilemeyen birey sayısının artmakta olduğu gözlenmiştir.

Bir başka çalışmada, Maudet ve ark.(2002)’nin yaptıkları bir çalışmada ise 6 farklı sığır ırkında 23 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Elde edilen verilerden yararlanarak bireylerin popülasyona tayin testi uygulanmış olup bu testte farklı olasılık düzeylerinde analizler yapılmıştır. 3 farklı olasılık değerleri dikkate alınarak yapılan hesaplamalar sonucunda ( $\alpha=0.05$ ,  $\alpha=0.01$ ,  $\alpha=0.001$ ) elde edilen sonuçlar incelendiğinde, istenen kesinlik düzeyinin arttığı durumlarda bir bireyin tayin edilebildiği ırk sayısı da düşmektedir. Kendi ırkları da dahil hiçbir ırka tayin edilemeyen birey sayısının artmakta olduğu bulunmuştur. Böylece sunulan çalışmanın sonuçlarının

diğer bir arařtırmaların (Örn: Maudet ve ark., 2002) sonuçları ile uyum gösterdiği belirlenmiştir.

Ayrıca özellikle Siyah Beyaz Alaca'nın ve sonra da Esmer İsviçre'nin diğer ırklara göre daha özgün genotiplere sahip bireylerden olduğu bu analiz sonucunda gözlenmiştir. Irkları tanımlama değerleri açısından da bu iki ırk en yüksek değerler sahiptir.

## **8.8. POPULASYONLARIN MEVCUT YAPI TESTİ SONUÇLARI**

Yapı testi populasyonlara ait bireylerin çalışılan mikrosatellit lokusları açısından hangi ırk veya ırklara tayin edileceklerini belirlemek için yapılan bir testtir. Çalışmada Wiener ve ark.(2004) ve Rosenberg ve ark.'nın çalışması referans olarak alınmıştır.

Bu Genetik Yapı Testi ülkemizde ilk defa sunulan çalışmada uygulanmıştır. Her birey bir veya daha fazla renk ile temsil edilerek ait olduğu düşünülen ırk içinde gösterilmektedir. Yan yana bireylerle yaratılan renk öbekleri görsel olarak bir ırkda bireylerin genetik olarak ne kadar benzeřtiklerini ve iki ırkın genotip kompozisyonlarının ne kadar benzeřtiğini görsel olarak sergilemektedir ve böylece ilişkileri anlamayı kolaylařtırmaktadır.

Ayrıca, Hangi K değerinin seçileceğini de program belirlemektedir. Çoğu zaman gerçek ırk sayısı ile K sayısı örtüşmemektedir (Rosenberg et al., 2001, Wiener et al., 2004). Her ne kadar burada K değeri çalışılan ırk sayısı ile eşitse de her ırk, ayrı tek bir renkle temsil edilmemektedir. Siyah-Beyaz Alaca ırkı ile Esmer İsviçre bütün diğer önceki analizlerde belirtildiği gibi göreceli olarak homojen ve özgün olarak gözlenmiştir. Diğer ırklar özellikle yerli ırklar çok heterojen ve ırklar olarak birbirlerine benzer durumdadır.

Wiener ve ark. (2004)'nin çalışmasında 30 mikrosatellit lokusu ile 8 farklı sığır ırkında çalışılmıştır. Wiener'in bu çalışmasında mevcut genetik yapının incelenmesi ve ırklara ait bireylerin ırklara tayin edilme düzeylerini belirlemek için yapılan yapı testinden elde edilen sonuçlar incelendiğinde K=8 değerinde en yüksek olasılığın elde edildiği belirlenmiş olup bu değer en iyi gruplamayı verdiği belirlenmiştir. Sekiz farklı ırka ait bireylerin en iyi şekilde ayrılmasında K=8 değerinin uygun olduğu analiz sonucunda %90'dan fazla bireyin bir ırka tayin edildiği verilmiştir.

Türkiye'deki yerli ve kültür sığır ırklarında K değerinin 7 olarak alınması sonucunda elde edilen grafikler incelendiğinde, bu oranda bir ayırımın mümkün olmadığı belirlenmiştir. Kültür sığır ırklarının farklı gruplar olarak rahatlıkla ayrılabilirdiği gözlemlenirken, Bozırk ile Yerli Kara populasyonuna ait bireyler birlikte gruplanmakta ve Doğu Anadolu Kırmızısı ile Güney Anadolu Kırmızısı ırkına ait bireyler ise birlikte gruplanmaktadır. Bu analiz metodundan elde edilen sonuçlar diğer analiz metodlarından elde edilen sonuçlar ile benzer olup, yerli sığır ırklarına ait bireyler arası genetik farkların kültür sığır ırklarındaki bireylere oranla daha düşük olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar daha fazla mikrosatellit bölgesi ve daha geniş bir örnekleme ile yapılacak çalışmaların sonuçları ile karşılaştırılmalı ve sınımasının yapılması gerekmektedir. Bu şekilde, yerli ırkların genetik yapısının daha net olarak incelenebileceği ve mevcut durumun ortaya koyulacağı düşünülmektedir.

## **8.9. IRKLAR ARASI GENETİK UZAKLIKLAR**

Çalışmada ırklar arası genetik uzaklıklar 2 farklı metoda göre hesaplanmıştır. Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna göre ( $D_S$ ) hesaplanan genetik uzaklıklar incelendiğinde, çalışılan ırklar içerisinde en yüksek genetik uzaklık değerinin Bozırk ve Siyah Beyaz Alaca ırkında olduğu (0.425) belirlenmiştir. İrklar arasındaki en düşük genetik uzaklık değerlerinin ise Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkları arasında olduğu belirlenmiş olup (0.089), bu ırklar coğrafik olarak birbirlerine oldukça yakındır. Bu yakınlık değerlerinden sonra birbirine en yakın olan ırkların Bozırk ve Yerli Kara ırkları olduğu (0.107) belirlenmiştir. Çizilen ağacın güvenilirliğini

belirlemek için yapılan test sonucunda (bootstrap test) aynı gruplaşmanın görüldüğü değerlerin %50'den fazla olduğu gözlemlenmiştir. Ancak bu değer istenen %95'lik değer altındadır. Hem ırkların özgün olmamasından, hem de çalışılan lokus sayısının azlığından düşük bootstrap değerlerinin gözlemlendiği düşünülmektedir.

Nei'nin standart genetik uzaklık metoduna göre çizilen komşu birleştirme ağacında Esmer İsviçre ile Siyah Beyaz Alaca ırkının birlikte gruplandığı, Jersey ırkının ise bu iki ırktan ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir. Ağaçta yerli ırkların ayrı bir dallanma gösterdiği belirlenmiş olup, Yerli Kara ve Bozırk ırkının birlikte gruplandığı, bu iki ırka daha yakın olan ırkın Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı olduğu, fakat bu ırklardan Doğu Anadolu Kırmızısı ırkının ayrı olarak gruplandığı gözlemlenmiştir. Yerli sığır ırklarından birbirine en yakın olan ırklar Bozırk ve Yerli kara iken birbirine en uzak olan ırkların Bozırk ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkı olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar Faktöriyel benzerlik analizi ve yapı testi (structure test) analizi sonuçları ile benzerlik göstermektedir.

Nei ve ark.(1983)'nin  $D_A$  genetik uzaklık metoduna göre hesaplanan genetik uzaklıklar incelendiğinde, çalışılan ırklar içerisinde en yüksek genetik uzaklığın Jersey ve Siyah Alaca sığır ırkları arasında olduğu (0.272) görülmektedir. Irklar arasındaki en düşük genetik uzaklıkların ise birbirlerine coğrafik olarak en yakın olan Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkları arasında (0.077) olduğu belirlenmiştir. Bu yakınlıktan sonra gelen en küçük genetik uzaklık değerinin Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara ırkları arasında olduğu (0.092) gözlemlenmiştir.  $D_A$  genetik uzaklıkları kullanılarak çizilen ağaçta yerli ve kültür sığır ırklarının ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir. Kültür sığır ırkları kendi içerisinde değerlendirildiğinde, Jersey sığır ırkının diğer kültür ırklarından ayrıldığı, Siyah Beyaz Alaca ve Esmer İsviçre ırklarının ise birlikte gruplandığı belirlenmiştir. Aynı ağaçta yerli sığır ırkları kendi içerisinde incelendiğinde, Bozırk ve Yerli Kara ırkının birlikte gruplandığı, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının yerli sığır ırklarından ayrı olarak gruplandığı görülmüştür. Bu ağaçta Güney Anadolu Kırmızısı ırkının yerli ırklardan oldukça farklı bir şekilde gruplandığı belirlenmiştir.



Yerli ve kültür sığır ırkları arasındaki genetik uzaklıklar incelendiğinde yerli ırklarımızdan Güney Anadolu Kırmızısı ırkının Jersey ırkı ile birbirine yakın olduğu (0.139) belirlenmiştir. Bu sonuca benzer bir durum  $F_{ST}$  değerinde de gözlemlenmiştir. Bunun nedeninin daha öncede bahsedildiği gibi Jersey ırklarına ait bireylerin sadece Karadeniz bölgesinde yetiştiriciliğinin sınırlı kalması ve diğer kültür ırklarına oranla, yerli sığır ırkları ile daha çok karışmış olması ihtimalinden kaynaklanabileceği düşünülmektedir.

Ancak, iki uzaklık ölçütü için farklı ağaçlar çıkmış olsa bile Esmer İsviçre ve Siyah Beyaz Alaca'nın "İrkları Tanımlama Değeri" ve "Genetik Yapı Testi" sonuçlarında gözlediğimiz gibi özgün ve yinelenebilir bir şekilde diğer ırklardan ayrı oldukları görülmektedir. Ağacın diğer dallarının kullanılan uzaklık ölçütüne göre değişmesi ise diğer ırklar arası farklılığın özgünlüğün yeterli olmamasından kaynaklanmaktadır.

Asya, Avrupa, Afrika ve Hindistan'da yetiştirilen sığır ırkları üzerinde yapılan çalışmalar incelendiğinde, genetik uzaklık değerinin hesaplanmasında farklı farklı metodların kullanıldığı görülmüştür ( $D_A$ ,  $D_S$ ,  $D_C$ , vs.).

İspanya'nın 6 yerli sığır ırkının genetik yapısının 30 farklı mikrosatellit bölgesi ile incelendiği bir çalışmada ırklar arasındaki  $D_S$  genetik uzaklık değerinin 0.071 ile 0.283 arasında değiştiği belirlenmiştir (Martin – Burriel ve ark.1999). Türkiye'deki yerli sığır ırklarının 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda ise, ırklara arasındaki  $D_S$  genetik uzaklık değerlerinin 0.107 (Yerli Kara-Bozırk) ile 0.178 (Bozırk – Güney Anadolu Kırmızısı) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu iki çalışmanın sonuçları karşılaştırıldığında, Türkiye'deki yerli sığır ırklarının genetik uzaklık değerlerinin daha düşük olduğu belirlenmiş olup bunun nedeninin mikrosatellit bölgesi farklılığından ve sayısının azlığından veya genetik olarak fazla farklı olmamalarından kaynaklanmış olabileceği bir kez daha söylenebilir.

İtalya, Almanya, Avusturya ve Fransa'ya ait olan 4 farklı sığır ırkında 20 mikrosatellit bölgesi ile çalışılan bir araştırmada (Edwards ve ark., 2000),  $D_A$  genetik uzaklık değerinin 0.1202 ile 0.1974 arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu değerlerin Türkiye'deki yerli ırklar arasında hesaplanan  $D_A$  genetik uzaklık değerlerine yakın olduğu dikkati çekmektedir. Farklı ülkelerin popülasyonlarından alınan aynı ırkın örneklerindeki genetik uzaklık değerlerinin, Türkiye'deki yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklık değerlerine benzer olduğu görülmektedir.

Okomo ve ark.(2001)'nin yaptığı bir çalışmada, Afrika'nın doğusunda yetiştiriciliği yapılan 7 yerli sığır ırkı ve 3 farklı referans ırkta 18 farklı mikrosatellit bölgesi çalışılmıştır. Çalışmada genetik uzaklıklar  $D_s$ (Nei'nin) genetik uzaklık metoduna göre hesaplanmış olup, Afrika sığır ırkları ile referans olarak alınan ırklar arasındaki genetik uzaklık değerlerinin 0.023 ile 0.868 arasında değiştiği belirlenmiştir. Okomo ve ark. (2001)'nin çalışmasında referans olarak kullanılan N'Dama ırkı ile Sahiwal ırkı arasındaki genetik uzaklık değerinin oldukça yüksek olduğu (0.868), Doğu Afrika yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklık değerlerinin ise oldukça düşük olduğu ( $<0.173$ ) belirlenmiştir. Doğu Afrika'nın yerli sığır ırklarında görülen sonuca benzer bir durum, Türkiye'deki yerli sığır ırklarında 7 mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda elde edilen genetik uzaklık değerlerinde ( $<0.178$ ) görülmektedir.

Del – Bo ve ark.(2001)'nin yaptığı bir çalışmada İtalya'nın Alpine bölgesinde yetiştirilen 7 yerli sığır ırkı ile, Almanya'nın 2 yerli sığır ırkı (orijinal Alman Kahverengisi, Siyah Beyaz Alaca) ve İsviçre'nin 4 yerli sığır ırkı (Simmentel, Herens, Evolene ve Esmer İsviçre) 17 mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmada Siyah Beyaz Alaca ırkının diğer çalışılan ırklardan genetik uzaklık açısından oldukça farklı olduğu görülmüştür. Siyah Beyaz Alaca ırkı ile İtalya'nın yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklık değerinin 0.272 ile 0.391 arasında değiştiği, orijinal Alman Kahverengisi ırkı ile Esmer İsviçre ırkı arasındaki genetik uzaklığın ise 0.195 olduğu belirlenmiştir. Orijinal Alman Kahverengisi ırkı ile diğer ırklar arasındaki genetik uzaklığın 0.284 ile 0.366 arasında değiştiği belirlenmiştir. Alman Kahverengisi ırkı ile Esmer İsviçre ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.230 olduğu görülmüştür. Maudet ve

ark.(2002)'nin çalışmasında da benzer sonuçlar belirlenmiş olup genetik uzaklık açısından diğer ırklardan en fazla ayrılan ırkın Siyah Alaca ırkı olduğu belirlenmiştir.

Hansen ve ark.(2002)'nin 4 farklı sığır ırkı arasındaki genetik farklılıkları incelediği çalışmadaki Nei standart genetik uzaklık değerleri incelendiğinde, Siyah Alaca ve Esmer İsviçre ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.211, Jersey ile Esmer İsviçre arasındaki genetik uzaklığın 0.427, Jersey ile Siyah Alaca arasındaki genetik uzaklığın ise 0.320 olduğu belirlenmiştir. Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan kültür ırkları arasındaki genetik uzaklık değerleri incelendiğinde ise, Siyah Alaca ve Esmer İsviçre ırkı arasındaki genetik uzaklığın 0.221, Jersey ile Esmer İsviçre arasındaki genetik uzaklığın 0.265, Jersey ile Siyah Alaca arasındaki genetik uzaklığın ise 0.395 olduğu belirlenmiştir. Çalışmada kültür sığır ırkları arasındaki genetik uzaklık değerlerinin, Hansen ve ark. (2002)'nin çalışmasındaki genetik uzaklık değerleri ile benzerlik gösterdiği belirlenmiş olup, her iki çalışmada da Esmer İsviçre ırkı ile Siyah Alaca ırkına ait populasyonların birbirlerine sunulan çalışmada da gözlendiği gibi daha yakın olduğu, Jersey ırkının ise bu ırklardan daha farklı olduğu belirlenmiştir.

Sonuçları kısaca özetleyecek olursak, Türkiye'deki yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklıklar oldukça düşük, kültür sığır ırkları ile yerli sığır ırkları ile arasındaki uzaklıkların daha fazla olduğu belirlenmiştir. Siyah Beyaz Alaca ırkı ile Türkiye'nin yerli sığır ırkları arasındaki genetik uzaklık değerinin 0.330 ile 0.425 değiştiği ve en fazla genetik uzaklığın Bozırk ile Siyah Beyaz Alaca ırkı arasında olduğu gözlemlenmiştir. Siyah Beyaz Alaca ırkı ile Türkiye'de yetiştirilen kültür ırkı populasyonları karşılaştırıldığında, Jersey ile Siyah Beyaz Alaca ırkı arasındaki genetik uzaklığın (0.395) yüksek olduğu belirlenmiştir. Oysaki A. Altınalan (2005)'nin çalışmasında, Bozırk ile Siyah Beyaz Alaca ırkının birlikte gruplandığı ve  $D_A$  genetik uzaklığı açısından diğer yerli sığır ırklarına oranla birbirlerine daha yakın oldukları belirlenmiştir. Altınalan(2005)'nin çalışmasında  $D_A$  genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak çizilen komşu birleştirme ağacının sonuçları incelendiğinde, Türkiye'deki yerli ırklardan Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkının Bozırk ve Siyah Alacadan ayrı gruplandığı belirlenmiştir. Çalışmada Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkının birbirlerine yakın olduğu , Doğu Anadolu Kırmızısı

ırkının ise bu ırklardan hafif bir farklılaşma gösterdiği belirlenmiştir. Oysaki sunulan çalışmada yerli sığır ırkları arasındaki  $D_A$  genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak çizilen ağaç incelendiğinde; Yerli kara ve Bozırk'ın birlikte gruplandığı, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Güney Anadolu Kırmızısı ırkının ise bu ırklardan ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir. Avrupa kökenli kültür ırklarının ise yerli ırklardan ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir. Farklılıkların kullanılan teknik, populasyon ve mikrosatellit lokusları farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir.

## 8.10. TEMEL ÖĞELER ANALİZİ SONUÇLARI

Çalışmada incelenen 7 farklı sığır ırklarında belirlenen genetik çeşitliliğin %85.376'sının temel öğeler analizinin ilk üç eksen tarafından açıklandığı görülmüştür. Bu üç eksen tek tek incelendiğinde, birinci temel eksenin varyasyonun %31.63'ünü kapsadığı belirlenmiş olup bu eksenin Türkiye yerli sığır ırklarını kültür sığır ırklarından ayırdığı belirlenmiştir. İkinci temel eksenin varyasyonun %27.91'ini içerdiği belirlenmiş olup bu ekseninde Bozırk ve Yerli Kara ırklarının birbirlerine yakın olarak gruplandığı, Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı ile Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının ise birlikte gruplandığı belirlenmiştir. Üçüncü temel eksen ise varyasyonun %25.84'ünü kapsamakta olup bu ekseninde de yerli ve kültür sığır ırklarının ayrı olarak gruplandıkları belirlenmiştir. Yerli ırklardan Doğu Anadolu Kırmızısı ırkının Güney Anadolu Kırmızısı ırkı ile yakın olduğu, Bozırk ile Yerli Kara ırkının birbirine yakın olarak gruplandığı belirlenmiştir. Kültür sığır ırklarının ise yerli ırklardan kısmen ayrı olarak gruplandığı belirlenmiştir. Birbirlerinden en farklı olan ırkların Siyah Alaca ve Esmer isviçre ırkları olduğu belirlenmiştir. Fakat bu iki ırk birbirleriyle karşılaştırıldığında bu iki ırkın göreceli olarak birbirlerine yakın olduğu görülmektedir. Jersey ırkı diğer kültür ırklarından en farklı ırk olup, yerliler içerisinde GAK'na yakın olarak görülmektedir. Temel öğeler analizi sonuçlarının diğer analiz metodlarından elde edilen sonuçlar ile benzerlik göstermekte olduğu belirlenmiştir (Faktöriyel Birleştirici Analiz sonuçları, Yapı Testi sonuçları, Irklar Arası Genetik Uzaklıklar ).

Çalışmada elde edilen veriler diğer sığır ırklarında yapılan çalışmalar (Loftus ve ark., 1999; MacHugh ve ark., 1997; Schmid ve ark., 1999; MacHugh ve ark., 1998; Del

Bo ve ark., 2001; Maudet ve ark., 2002; Beja-Pereina ve ark., 2003) ile karşılaştırıldığında, ülkelere ait yerli ırklar ile kültür ırklarının ayrı ayrı gruplandığı belirlenmiş ve Holstein ırkının bu çalışmalarda da oldukça farklı olduğu dikkati çekmektedir.

Loftus ve ark.(1999)'nın yaptığı çalışmada 20 mikrosatellit lokusu ile çalışılmış olup, bu çalışmada Yakın Doğu ülkelerine ait 8 farklı sığır ırkı, Avrupa'nın 3 sığır ırkı, Afrika'da yetiştirilen bir ırk ve Hindistan'da yetiştirilen 2 zebu sığır ırkı olmak üzere toplam 14 sığır ırkının arasındaki benzerlik ve farklılıklar incelenmiştir. Çalışmadan elde edilen mikrosatellit verilerinden yararlanarak populasyonların birbirleri ile ilişkilerinin çeşitli faktörler açısından 3 boyutlu düzlemde görselleştirilmesi için yapılan temel ögeler analizinde, 14 farklı ırka ait populasyonların dağılımının *Bos taurus* ve *Bos indicus* kökenli olmalarına göre ırkların birbirlerinden tamamen ayrıldığı belirlenmiştir. Çalışmada il üç eksenle varyasyonun %86.3'ünün açıklandığı belirlenmiştir. Birinci temel eksenin varyasyonun %67.3'ünü kapsadığı ve bu eksenlerde *Bos taurus* kökenli populasyonlar ile Hindistan zebu kökenli populasyonun birbirlerinden tamamen ayrıldıkları belirlenmiştir. İkinci temel eksenin varyasyonun %14.7'sini kapsadığı ve bu eksenle de ırklara ait populasyonların birbirlerinden tamamen ayrıldıkları belirlenmiştir. Üçüncü temel eksenin ise varyasyonun %4.3'ünü kapsadığı ve bu eksenle Afrika kökenli olan N'Dama populasyonunun diğer ırklara ait populasyonlardan ayrıldığı görülmüştür.

MacHugh ve ar.(1997)'nin yaptığı çalışmada 20 mikrosatellit lokusu çalışılarak Avrupa, Asya ve Afrika'da yetiştirilen 20 farklı sığır ırkının genetik yapısı incelenmiştir. Çalışmadaki temel ögeler analizi sonuçları incelendiğinde, toplam varyasyonun %74'ünün ilk üç eksenle açıklandığı belirlenmiştir. Birinci temel eksenin bu varyasyonun %52.4'ünü açıkladığı belirlenmiş olup, bu eksenle Zebu ve Taurine ırklarının birbirlerinden tamamen ayrıldığı belirlenmiştir. İkinci temel eksen varyasyonun %14.4'ünü açıklamakta ve yine bu eksenle de Zebu ve Taurine kökenli ırkların birbirlerinden ayrıldığı gözlemlenmiştir. Üçüncü temel eksen ise genetik

varyasyonun %7.2'sini açıklamakta ve bu eksen de ise Avrupa ve Afrika kökenli Taurine ırklarının birbirlerinden ayrıldıkları görülmüştür.

Schmid ve ark. (1999)'nın yaptıkları çalışmada, İsviçre'de yetiştirilen 5 farklı sığır ırkında 30 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmadaki temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde, toplam varyasyonun %86'sının ilk üç eksen de açıklandığı belirlenmiştir. Birinci temel eksen varyasyonun %35'ini kapsamakta olup bu eksen de Holstein ırkının Hérens ve Evolénard ırklarından tamamen ayrıldığı, aynı zamanda, Holstein ırkının Esmer İsviçre (Brown Swiss) ve Simmental ırklarından da ayrıldığı gözlemlenmiştir. İkinci temel eksen varyasyonun %29'unu kapsamakta olup bu eksen de Orjinal Esmer İsviçre ırkının Simmental ırkından kısmen ayrılabilirdiği görülmektedir. Üçüncü temel eksen ise varyasyonun %22'sini kapsamakta ve bu eksen de Simmental ırkının diğer ırklardan ayrıldığı, özellikle Orjinal Esmer İsviçre sığır ırkından oldukça fazla ayrılmış olduğu gözlemlenmiştir.

MacHugh ve ark.(1998)'nin yaptıkları bir başka çalışmada 20 mikrosatellit lokusu ile 7 farklı sığır ırkının genetik benzerlik ve farklılıkları incelenmiştir. Bu çalışmadaki temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde, birinci temel eksenin varyasyonun %85'ini kapsadığı, ikinci temel eksenin ise varyasyonun %3.6'sını kapsadığı belirlenmiş olup her iki eksen de ırkların birbirlerinden ayrıldıkları belirlenmiştir. Avrupa'ya ait olan 3 sığır ırkının çalışılan diğer ırklardan ayrı bir grup olarak ayrıldığı belirlenmiştir.

Del-Bo ve ark. (2001)'nin yaptığı çalışmada İtalya'nın Alpine bölgesinde yetiştiriciliği yapılan 7 yerli sığır ırkı, Almanya'nın 2 yerli sığır ırkı ve İsviçre'de yetiştirilen 4 sığır ırkında 17 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılmıştır. Çalışmadaki temel öğeler analizi sonuçları incelendiğinde birinci temel eksenin popülasyonlar arasındaki varyasyonun %20'sini açıkladığı belirlenmiş olup bu eksen de Siyah-Beyaz Alaca ve Orjinal Alman Kahverengisi ırklarının diğer ırklardan tamamen ayrıldığı, Burlina ve Esmer İsviçre ırklarının ise ortada yer aldığı belirlenmiştir. İkinci temel eksen varyasyonun %12'sini kapsamakta olup bu eksen de Siyah Beyaz Alaca ve

Orjinal Alman Kahverengisi ırkının diđer ırlardan oldukça farklı gruplandıđı, alıřılan diđer ırların ise ortada yer aldıđı gözlemlenmiştir. Üüncü temel ekseninde genetik varyasyonun %11'ini kapsamakta olup bu ekseninde İtalya'nın yerli ırlarının aynı eksen üzerinde yer aldıđı belirlenmiştir. İtalya'nın yerli ırları arasında benzer bir genetik yakınlığın olduđu, Siyah Beyaz Alaca ve Orjinal Alman Kahverengisi ırlarının ise İtalyan ırlarından daha uzak olduđu alıřmanın sonuçlarında vurgulanmıştır.

Maudet ve ark. (2002)'nin yaptıđı bir alıřma da 6 Fransız sıđır ırkı ile Fransa'da yetiřtirilmekte olan bir kültür sıđır ırkı (Holstein Friesian) arasındaki iliřki 23 farklı mikrosatellit bölgesinin alıřılması ile incelenmiştir. alıřmadaki temel öđeler analizi sonuçları incelendiđinde 7 farklı sıđır popülasyonunda belirlenen genetik eřitliliđin % 62'sinin ilk üç eksen tarafından açıklandıđı belirlenmiştir. alıřmada 4 Fransız ırkının birlikte gruplandıđı diđer iki ırkın ise ayrı olarak birlikte gruplandıđı belirlenmiştir. Fransa'da yetiřtirilen Holstein ırkının ise diđer iki grupta ayrı olarak gruplandıđı belirlenmiştir.

15 farklı İberyalı sıđır ırkı (Portekiz ve İspanya orjinli) ve 3 farklı Fransız ırkının genetik yapısının incelendiđi alıřmadaki (Beja-Pereina ve ark., 2003) temel öđeler analizi sonuçlarını incelendiđinde, ilk ekseninde varyasyonun %16'sının açıklandıđı, ikinci temel ekseninde varyasyonun %12'sinin açıklandıđı belirlenmiş ve alıřmada İberyalı ırlar ile Fransız kökenli sıđır ırlarının birlikte gruplandıđı belirlenmiştir.

Türkiye'deki yerli ve kültür sıđır ırlarının 7 mikrosatellit bölgesi ile alıřılması sonucunda elde edilen temel öđeler analizi bulgularımızı incelediđimizde ise, belirlenen genetik eřitliliđin %85.376'sı temel öđeler analizinin (Principal Component Analysis) ilk 3 eksenini tarafından açıklanabilmektedir. Bu üç eksen tek tek incelendiđinde, birinci temel eksenin varyasyonun %31.63'ünü kapsadıđını, ikinci ve üçüncü eksenin ise varyasyonu sırası ile %27.91 ve %25.84'ünü kapsadıđı belirlenmiştir. Yerli sıđır ırlarımızın birbirlerine yakın oldukları, kültür ırlarının ise yerli ırlardan ayrı olarak gruplandıđı belirlenmiştir ( XY ve YZ eksenleri). Holstein ve Esmer İsvire ırkının (YZ

ekseninde ) birlikte gruplandığı belirlenmiştir. Diğer bir eksen incelendiğinde ise, Jersey ile Esmer İsviçre ırkının birbirlerine yakın oldukları görülmüştür (XZ eksenini).

### **8.11. MANTEL TESTİ:**

Bu analiz aşamasında Türkiye’de yetiştirilen yerli sığırlar arasında coğrafik uzaklık ile  $D_S$  genetik uzaklık değeri arasında önemli bir korelasyonun olup olmadığı test edilmiştir. Yapılan test sonucunda,  $D_S$  genetik uzaklık ile coğrafik uzaklık değerleri arası korelasyonun önemli olduğu ( $r = 0.76$ ,  $P < 0.02$ ) belirlenmiştir. Bu sonuç, daha önce başka araştırmacılar tarafından evrimleşme merkezinden (Güneydoğu Anadolu / Yakın Doğu’dan) Avrupa’ya yavaş bir göç ile sığırların götürülmesi tezine uygunluk gösterdiği belirlenmiş (Troy ve ark., 2001; Bruford ve ark., 2003) olup, Asya’dan Avrupa’ya Göç patterni ile uygunluk göstermektedir. Bu korelasyona zebu allellerinin (Hindistan zebu allellerinin karışımı) doğudan batıya azalan karışımının da katkısının olduğu bir gerçektir. Bu sonuç hem Güneydoğu Anadolu kaynaklı Avrupa yönündeki evcil sığırların göçü bilgisi ile hem de daha doğudan Hindistan kaynaklı zebu karışımı ile uyumludur.

Maudet ve ark.(2002)’nin yaptığı bir çalışmada 6 Fransız ırkı ve Fransa’da yetiştiriciliği yapılan bir kültür ırkı (Siyah beyaz alaca-Holstein) arasındaki farklılıkların incelenmesinde, 23 farklı mikrosatellit bölgesi kullanılmıştır. Bu çalışmanın mantel testi analiz sonuçları incelendiğinde, Fransız ırkları içerisinde genetik uzaklık ile coğrafi uzaklık arasında da önemli bir korelasyonun olduğu görülmüştür ( $r = 0.70$ ,  $P = 0.012$ ). Çalışmada, Siyah Beyaz Alaca (Holstein) sığırlarının genetik ve coğrafik uzaklıklarının farklı ve oldukça yüksek olduğu belirlenmiş olup, bu ırkın genetik ve coğrafik korelasyonun önemli çıkmasında önemli bir faktör olabileceği düşünülmüştür.

### **8.12. IRKLARIN YOK OLMA TEHLİKESİ GEÇİRİP GEÇİRMEDİĞİNİN TESTİ SONUÇLARI (BOOTLENECK TESTİ)**

Çalışılan ırkların hiç birinin yakın bir zamanda yok olma tehlikesi geçirmediği belirlenmiş olup, belirlenen olasılığın %41’den büyük olduğu bulunmuştur.



“Populasyonların göç ve rastlantısal genetik salınım dengesinde olduğu” hipotezi kabul edilmektedir. Yakın geçmişte hiçbir ırk yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmamıştır. Halbuki bir sonraki bölümde (8.13) bahsedildiği gibi yerli ırklar özellikle Bozırk sayısal olarak son 20 yıldır önemli ölçüde azalmıştır. Bu nedenle yok olma tehlikesi sinyali vermesi beklenebilirdi.

### **8.13.YERLİ GEN KAYNAKLARININ MEVCUT DURUMU, UYGUN KORUMA STRATEJİLERİNİN OLUŞTURULMASI İÇİN YENİ YAKLAŞIMLAR**

Günümüzde çiftlik hayvanları türlerinin içerisinde çok fazla sayıda ırkların olması ve bu ırklar içerisinde çok sayıda tiplerin bulunması nedeniyle tüm bu ırkların tamamının korunması imkansızdır. Bu nedenle ırklar arasında seçim yapma zorunluluğu ortaya çıkmaktadır. Korunmada öncelikli ırkların seçiminde genel olarak kabul edilen bazı kriterler mevcuttur (Maijala, 1986; Maijala, 1987; Maijala ve ark., 1994; Soysal ve ark., 2003; Reist – Marti ve ark., 2003). Bu kriterler doğru korunma stratejilerinin oluşturulması için oldukça önemlidir. Bu kriterleri kısaca özetleyecek olursak, ırkın genel durumu ve yok olma tehlikesi altında bulunma derecesi (extinction probability), ayrı bir ırk olarak tarihçesi, genetik özellikleri (genetik saflık derecesi), diğer ırklardan genetik farklılığı (özgünlüğü), populasyon büyüklüğü ve küçülme hızı, ırkın verim özellikleri örneğin en az bir verim özelliği bakımından diğer ırklardan üstün performans göstermesi, ırkın biyolojik değeri, yetiştirildiği bölge koşullarına uyum sağlamış olması (çevre koşullarına adaptasyonunun yüksek olması), hastalık etmenlerine dayanıklı olması, melezleme çalışmalarında başarı ile kullanılabilmesi gibi kriterlerdir. Bu kriterler içerisinde özellikle populasyon büyüklüğü, populasyonun azalma hızı ve ırkın biyolojik değeri büyük önem taşımaktadır.

Türkiye’de 1958’li yıllardan itibaren başlatılan melezleme çalışmaları ve 1970’li yıllarda uygulamaya konulan Hayvancılığı Geliştirme Projeleri’nin yanında gittikçe yaygınlaşan suni tohumlama çalışmalarının (özellikle 1980’li yıllardan sonra) saf yerli ırk tiplerimizin / bireylerinin sayısının hızla azalmasında etkili olduğu düşünülmektedir. Bu azalma son yirmi yıldır çok büyük boyutlara ulaşmış olup en büyük azalma

Türkiye'deki yerli sığır ırklarımızdan biri olan Boz step ırkında (azalma oranı % 54.5) (Tuna ve ark., 2004) olmuştur.

Günümüzde Türkiye'de yerli ırklar kontrolsüz bir şekilde melezlenmektedir. Doğal dengenin ve ırk özelliklerinin korunabilmesi için yerli ırkların ( sığır, koyun, keçi ve manda) üzerinde gen kaynağı koruma çalışmalarına hızla başlanmalıdır ve kalıcı stratejiler oluşturulmalıdır. Uygun koruma stratejilerinin ve ıslah programlarının hazırlanabilmesi için, her şeyden önce mevcut durumun bilinmesi ve hayvancılığın gelişme yönü ile hızının doğru olarak tahmin edilmesi gerekmektedir. Olaya bu açıdan bakıldığında bölge ve iller bazında hayvancılık envanterinin çıkarılması öncelikli aşama olmalıdır. Fakat envanter çalışması aşamasının yapılmasının yanında, oldukça önemli olan bir diğer aşama mevcut genetik yapının (ırklarına ve tiplerine ait özgün genotipleri) moleküler genetik tekniklerle belirlenmesidir. Bir koruma programı oluştururken öncelikle hangi ırklara öncelik vermemiz gerektiğini yukarıda belirtilen kriterlerle beraber ırkların genetik nitelikleri belirleyecektir. Son yıllarda bu konu üzerindeki çalışmalar giderek artmakta ve çeşitli çalışmalarda elde edilen birçok verinin değerlendirilmesi ve ekonomik analizinin yapılması sonucunda uygun koruma stratejilerinin oluşturulabilmesi için önerilerde bulunmaktadır (Simianer ve ark., 2001, 2003, Jutta ve ark., 2004).

Türkiye'deki sığırıcılıktaki mevcut durumu genel bir değerlendirme ile kısaca özetleyecek olursak,

Türkiye'de Cumhuriyetin ilk 20-30 yılında gerek devlet kurumları, gerekse yetiştiriciler hemen hemen tamamen yerli sığır ırkları ile çalışmışlardır. Zaman içerisinde tarımsal üretimdeki entansiflenmeye uyum sağlayabilmek için, yerli sığır ırkları kültür sığır ırkları ile düzensiz bir şekilde melezlenmeye başlanmıştır. Bu melezlemelerin sonucu olarak, yerli ırkların yerini kültür sığır ırkları ve bu kültür ırklarının melezleri almaya başlamıştır. Pek çok yerli sığır ırkı veya tipi yok olma tehlikesi altında kalmış veya yok olmuştur. Sadece ulaşımı zor, kapalı ekonomiye sahip dağ köylerinde bu yerli ırklara saf olarak rastlanabileceği düşünülmekte ve bu yerli ırk popülasyonlarında birey sayılarının oldukça düşük olduğu ve günümüzde yok olma

tehlikesi ile karşı karşıya oldukları belirtilmektedir (Ertuğrul ve ark.,2002, Düzgüneş 1987). Bu ırklar ve tipler aşağıdaki tabloda verilmiştir.

**Tablo 14.1. Türkiye’deki Yerli Sığır Irk ve Tipleri**

İrk	Yok olma tehdidi yok	Tehdit altında	Ağır tehdit altında	Yok olmuş
Yerli kara		X		
Bozirk		X		
Doğu Anadolu Kırmızısı		X		
Kilis Sığırı		X		
Kultak Sığırı		X		
Zavot		X		
Halep Sığırı				X
Çukurova Sığırı				X
Dört Yol Sığırı				X
Kırım (leh)Sığırı				X
Kıbrıs Sığırı				X
Seferihisar Sığırı				X
Kafkasya Sığırı				X
Malakan Sığırı				X
Diyarbakır Sığırı				X
Karacadağ Sığırı				X
Urga Sığırı				X
Siyah Sığır(Kalmuk)				X
Eleşkirt Sığırı				X
Karaisalı Sığırı				X

Türkiye’de yerli sığır ırk yada tiplerine ait genotiplerin korunması için günümüzde kabul edilen temel yaklaşım, bütün yerli ırkların yeterli sayıda uygun örneklerinin temin edilerek koruma altına alınması şeklinde olmuştur. 1995 yılında Tarım Bakanlığı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü tarafından Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma projesi hazırlanmış ve bu proje kapsamında yerli sığır ırkları bazı Kamu Tarım işletmelerinde koruma altına alınmıştır. Fakat bu hayvanların genetik saflık düzeyi bilinmemekte ve tamamıyla fenotipe göre (dış görünüm özelliklerine) seçim yapılmaktadır. Fakat fenotipe göre seçim yapıldığında, fenotipik olarak o popülasyona ait bireylerin genetik olarak diğer ırklardan tamamen ayrılıp o ırka özgü bir gen havuzu oluşturmadığı çalışmamızda görülmektedir. Sunulan çalışmada da hem kültür ırklarından yüksek düzeyde (%30.5 ila %7.52 arasında), hemde zebudan (%12.58 ila % 8.11) düzeyinde Türkiye yerli sığır ırklarına bir karışım olduğu gözlenmiştir.

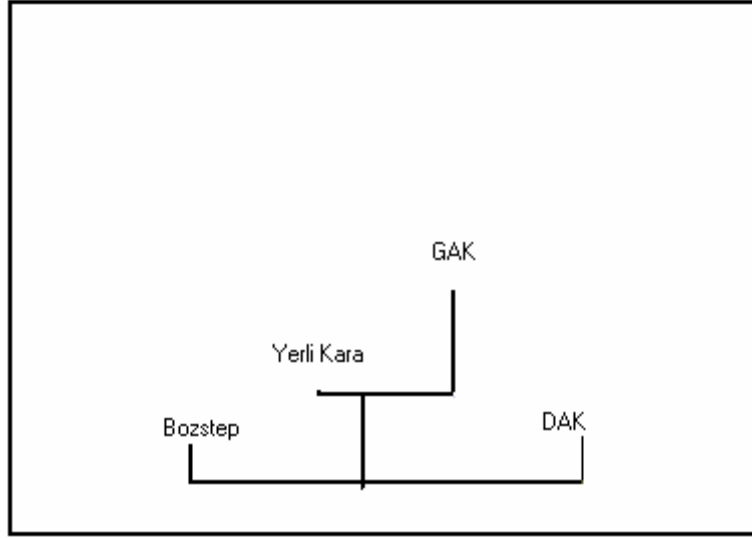
Sonuç olarak, yeterli sayıda mikrosatellit lokusu kullanılmamış olmasından olabileceği gibi ırkların evrimleşmesinin ilk yapıldığı zamandan beri yoğun bir seleksiyona maruz kalmamalarından ve karışmış olmalarından da kaynaklanabilir. Yerli ırklar için yukarıda belirtilen genetik sapmaların geçerli olduğu varsayılarak bu ırklar arasında korunmada hangisine öncelik verilmesi gerektiği konusunda karar verebilmek için Simianer ve ark. (2001) tarafından geliştirilen bir metod ve istatistik programı ile Weitzman yaklaşımını ( ırkların genetik çeşitliliğinin korunmasında ve koruma stratejilerinin oluşturulmasında bir yaklaşım) temel olarak alınıp bazı hesaplamalar yapılmış ve aşağıda sonuçları sunulmuştur.

Türkiye'deki yerli ırklar arasındaki genetik uzaklık değerlerinin hesaplanmasında PHYLIP (3.57c) programı kullanılmış ve Reynold ve ark. (1983) tarafından geliştirilen Reynold's Genetik Uzaklığı ( $d_{xy}$ ) hesaplanmış ve bu genetik uzaklıklardan yararlanarak ağaç (Maximum Likelihood Tree) çizilmiştir(Şekil.14.1). Reynold's genetik uzaklığı, ırk çeşitliliğinde meydana gelen kısa ayrılma zamanını dikkate alarak hesaplanmaktadır.

$$d_{xy} = 1/2 \frac{\sum_a (x_a - y_a)^2}{1 - \sum_a x_a y_a},$$

$x_a$  ve  $y_a = a$ 'c1 aleldeki frekansları

$x$  ve  $y$  ise popülasyonları ifade etmektedir.



**Şekil 14.1.** Reynold's Genetik Uzaklık Değerlerine göre çizilen ağaç (Maximum Likelihood Tree) DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, GAK: Güney Anadolu Kırmızısı

Bu ağaç köksüz (unrooted) bir ağaç olduğundan filogenetik bir yön belirlememektedir. Ancak yüksek ortalama allel içeriği, yüksek heterozigotluk ve yayıldığı alan olarak (Güney Doğu) önceden diğer araştırmacılar tarafından önerilen (Perkins, 1969; Legge, 1996; Loftus ve ark., 1994; Loftus ve ark., 1999; Troy ve ark.,2001) evcilleştirme merkezine yakınlığı nedeni ile sanki diğer tüm yerli ırklara atalık ettiği akla gelmektedir. Süt veriminin Güney Anadolu Kırmızısı ırkında diğer yerli ırklara oranla yüksek olması ve genetik uzaklık ağacında diğer ırklardan farklı görünmesi nedeni ile öncelikli korunması gereken ırlardan birinin Güney Anadolu Kırmızısı ırkının olması gerektiği önerilebilir. Bu ırk üstün süt verimi nedeni ile de korumada öncelik kriterlerinden birinde de daha yüksek değer kazanmaktadır.

Ayrıca yerli ırklar arasında genetik çeşitlilik, süt verimi ve şimdi de sayısal azlık nedeni ile yok olma olasılığı kriterleri dikkate alınarak bir koruma programının uygulanması düşünüldüğünde, Türkiye'nin batısında yetiştirilen ve sayısal olarak oldukça azalan Bozırk'a ve Türkiye'nin Güney Doğusunda yetiştirilen süt verimi

açısından diğerk ırklardan yüksek verimli olan ve genetik çeşitlilik açısından farklı gibi görünen Güney Anadolu Kırmızısı ırkına da öncelik verilmesi önerilebilmektedir.

Koruma altına alınmış bireylerin;

- 1) Kesin kayıtlarının tutularak mümkün olduğunca kendileşmeden ve karışmadan uzak tutulmalı
- 2) Genetik çeşitlilik düzeyinin azalmasını en az düzeyde tutacak bir strateji ile sürdürölmeleri gerekmektedir.

Bu iki etmen; Türkiye yerli ırklarının korunmaları ile ilgili acil olarak dikkate alınacak önlemler olarak ortaya çıkmaktadır.

## 9. SONUÇ ve ÖNERİLER

- 1) Sunulan çalışma ile Türkiye’de mikrosatellitlerle populasyon genetiği çalışma becerisine sahip yeni bir ekip oluşmuştur.
- 2) Çalışmada mikrosatellit ham verilerinin işlenmesi, analiz edilmesi için gerekli en güncel istatistiksel metodların uygulanma bilgileri edinilmiştir.
- 3) Çalışmada yerli sığır ırkları (Bozırk, Doğu Anadolu Kırmızısı, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı)’nda ortalama allel sayısının ve beklenen heterozigotluk düzeylerinin kültür sığır ırklarından (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Beyaz Alaca) daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu allel sayısı yüksekliğin nedeninin; Türkiye’nin coğrafi konum olarak sığırın evcilleştirme merkezine yakın oluşundan kaynaklanabileceği gibi ırkların birbirleri ile çok karışmış olmasından da kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir. Aynı zamanda yurt dışından getirilmiş olan kültür sığır ırklarına (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Beyaz Alaca) zebu ırkından az düzeyde bir karışım olmasının da katkısının bulunduğu bir gerçektir. Ayrıca, Türkiye yerli sığır ırklarında hiçbir zaman kültür sığır ırkı düzeyinde seleksiyona ve izolasyona tabi tutulmamış olmasının da etkisi olduğu unutulmamalıdır.
- 4) Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapıları 7 mikrosatellit bölgesi (*TGLA122*, *TGLA227*, *ETH10*, *ETH225*, *HEL5*, *ILSTS005*, *ILSTS006*) sonuçlarına dayanılarak yapılan AMOVA,  $F_{ST}$  Değerleri, Genetik Yapı Testi, Irkları Tanımlama Değeri, Faktöriyel Birleştirici Analiz, Allel Paylaşım Uzunluklarının Ölçümü gibi analiz metodlarının sonuçlarına göre yerli sığır ırklarının birbirlerinden net olarak ayrılmadığı, çalışılan ırklara ait bireylerin birbirleri ile öbeğlendiği görülmüştür. Yerli sığır ırkları arasında çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından ırklar arasında az bir genetik farklılaşmanın olduğu belirlenmiştir.

- 5) Çalışmada 7 mikrosatellit bölgesi incelenmiş olup yapılan istatistiki analizlerin sonucunda bazı lokusların allel frekans (zebu spesifik allel 207 bp, 209 bp, 211 bp - ETH10 mikrosatellit lokusu; 153 bp, 157 bp ETH225) dağılımlarında, Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe yerli ırklarda bazı allel frekanslarının (zebu spesifik allel) azaldığı belirlenmiştir. Bunun nedeninin, Türkiye'nin doğusundaki ırklarda zebu bireyleri ile karışımın yüksek olması olarak tahmin edilmektedir. Bu yaklaşık karışım oranları, Bozırk ırkında %8.11 , Yerli Kara ırkında %12.13 , Güney Anadolu Kırmızısı ırkında ise %10.11 ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında %12.58 olarak tespit edilmiştir.
- 6) Çalışmada ayrıca, allel çeşitliliğinin incelenmesi sonucunda, Türkiye'de yetiştirilen kültür sığır ırklarına, yerli sığır ırklarında görülen zebu allellerden karışım olduğu belirlenmiştir. Bu ırkların yaklaşık karışım oranları, Jersey ırkında %0.34, Esmer İsviçre ırkında %0.46, Siyah Beyaz Alaca ırkında % 6.2 olarak bulunmuştur. Çalışmada allel çeşitliliğinin incelenmesi sonucunda, Türkiye'de yetiştirilen yerli sığır ırklarına, kültür sığır ırklarından da bazı allellerin karışmış olduğu dikkati çekmektedir. Yaklaşık karışım oranlarının, doğudaki ırklarda daha düşük olduğu belirlenmiştir. Jersey ırkından yerli ırklara karışımın olduğu tahmin edilen allel uzunluklarından yararlanarak belirlenen yaklaşık karışım oranları incelendiğinde Bozırk'ta %30.5 , Yerli kara ırkında %29.54 , Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında %18.84, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında %24.76 olarak belirlenmiştir. Türkiye'de yetiştirilen Siyah Alaca sığır ırkından yerli sığır ırklarına geçtiği tahmin edilen allellerin yaklaşık karışım oranlarını incelediğimizde, Bozırk, Yerli Kara ve Doğu Anadolu Kırmızısı ırkında yaklaşık olarak hesaplanan karışımın %15.63'ten büyük olduğu belirlenmiş olup, Güney Anadolu Kırmızısı ırkında bu allel bakımından en az karışım olduğu belirlenmiştir (% 7.52 ). Esmer İsviçre ırkında ise karışım oranının batıdan doğuya doğru gidildikçe azaldığı belirlenmiştir. Bozırk ırkında yaklaşık karışım oranı, bu allel açısından %24.82 iken doğuda bu oran %6.54'lere düşmektedir.



- 7) Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırkları arasında çalışılan 7 mikrosatellit bölgesi açısından, küçük bir genetik farklılaşmanın mevcut olduğu belirlenmiştir. Daha fazla mikrosatellit bölgesinin çalışılması sonucunda ırklar arası genetik farklılıkların daha ayrıntılı bir şekilde incelenebileceği düşünülebilir. Ancak çok sayıda mikrosatellit lokusu ile yapılacak bir çalışmada bile yerli ırklarımızın yeteri kadar yoğun seleksiyon baskısı altında kalmamış olması ve izole olmamaları nedenleri ile farklı bulunmamaları muhtemeldir.
- 8) Yapılan Mantel test sonucunda, genetik uzaklık ile coğrafik uzaklık ve genetik uzaklık ile  $F_{ST}$  değerleri arası korelasyonun önemli olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç hem Güneydoğu Anadolu kaynaklı Avrupa yönündeki evcil sığır ırkları göçü bilgisi ile hem de Daha doğudan Hindistan kaynaklı Zebu karışımı ile uyumludur.
- 9) Irkların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğinin test (bootleneck testi) edilmesi sonucunda yakın geçmişte hiçbir ırkın yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmadığı belirlenmiştir.
- 10) Türkiye’de yetiştirilen yerli sığır ırklarının genetik yapılarının 7 mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen sonuçlar incelendiğinde, fenotipik olarak o ırka ait olan yerli ırklar, genetik olarak birbirlerinden ayrılamamıştır. Genetik olarak tüm yerli ırk bireylerinin tek bir gen havuzuna ait gibi davrandığı görülmektedir.
- 11) Türkiye’deki yerli sığır ırklarının genetik yapılarının 7 farklı mikrosatellit bölgesi ile çalışılması sonucunda elde edilen bu çalışma sonuçları doğrultusunda, yerli sığır ırklarının korunmada öncelikli ırklar sıralaması kolayca yapılamamaktadır. Ancak korunmada öncelik verilmesinde ırkların genetik çeşitlilik kriteri açısından öncelikle korunması gereken yerli ırkın Güney Anadolu Kırmızı ırkı olduğu, sayının giderek azalması kriteri dikkate alındığında ise Bozırk ırkının korunmasının uygun olacağı düşünülmektedir.

## KAYNAKLAR

- Alpan, O., Ertuğrul, O. (1990) Türkiye Sığır Irklarında Kan Grubu Polimorfizmi. (Türkiye Bilimsel ve Teknik Araştırma Grubu. Proje No. VHAG-788, Ankara. (804)(1990)*
- Alpan O., (1993) Sığır Yetiştiriciliği ve Besiciliği. (3. Basım) Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootečni Anabilim Dalı ISBN: 975 – 95445-0-4*
- Alpan O., Arpacık R.,(1998). Sığır Yetiştiriciliği.(2. Baskı). A.Ü. Veteriner Fakültesi Zootečni Anabilim Dalı. Ankara.*
- Altınalan A.(2005). Türkiye'deki Yerli Sığır Irklarının Mikrosatellit DNA Markerlarla Genetik Karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 2005*
- Ashley, M.V.; B.D. Dow(1994). The use of Microsatellite Analysis In population Biology:Background, Methods and Potential Applications. Molecular Ecology and Evolution P:185-201.*
- Barker, J.S.F., (1999), Conservation of Livestock Breed Diversity, Animal Genetic Resource Information. N.2.S:33-43*
- Beja-Preira, A., Alexandrino, P., Bessa I., Carretero Y., Dunner, S., Ferrand N., Jordana J., Laloe D., Moazami-Goudarzi, K., Sanchez A., and Cañon J. (2003). Genetic Characterization of Southwestern European Bovine Breeds : A historical and Biogeographical Reassessment With a Set of 16 Microsatellites. Journal of Heredity (2003). 94(3): 243 – 250.*
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Goudet J. and Bonhomme F. (1996-2000). GENETIX 4.00 Windows™ software for sample genetics. Laboratoire Génome, Populations, Intéractions, University of Montpellier, France (Université Montpellier II//www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm//December 2004).*
- Bodo, I., (1990). Special Problems of Conservation of Domestic Livestock. In Proceedings of the 4 th World Congress on genetics Applied to Livestock Production. Vol. XIV. Edinburgh, 1990.*

- Bowcock A. M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J. Minch E., Kidd J. R. and Cavalli-Sforza L. L. (1994). High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, 368: 455-457.
- Bradley, D.G., D.E MacHugh, R.T. Loftus, R.S. Sow, C.H. Hoste and E.P. Cunningham (1994). Zebu-aurine variation in Y chromosomal DNA: a sensitive assay for genetic introgression in West African trypanotolerant cattle populations. *Animal Genetics*, 25: 7-12.
- Bradley D.G., MacHugh D.E., Cunningham P. and Loftus R.T. (1996). Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 93: 5131-5135.
- Bradley, D.G., Loftus, R.T., Cunningham P. and MacHugh D.E., (1998). Genetics and Domestic Cattle Origins. *Evolutionary Anthropology*. 79-86
- Bradley, D.G., and Cunningham P. (1999) Genetic Aspects of Domestication (eds.R. Fries and A. Ruvinsky), the Genetics of Cattle, CAB International, 15-32.
- Bruford M.W., Bradley D.G. Ve Luikart G. (2003). DNA Markers Reveal The Complexity Of Livestock Domestication. *Nature Genetics* 4: 2-12.
- Bruford M. W. and Townsend S.J. (2004). Case studies in the genetics of animal domestication: sheep. In: Zeder M., Decker-Walters D., Bradley D., Smith B.D. (eds.): Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms, California University Press.
- Byrne K., Chikhi L., Townsend S.J., Cruickshank R.H., Alderson G.L.H. and Bruford M.W. Extreme genetic diversity within and among European sheep types and its implications for breed conservation. *Molecular Ecology*, (2001) in press.
- Cavalli-Sforza, L.L. (1998) The DNA revolution in Population Genetics. Reviews. TIG. February 1998 Vol:14 No:2 P:60-65
- Chakraborty R., Deka R., Jin L. and Ferrell R. E. (1992). Allele sharing at six VNTR loci and genetic distances among three ethnically defined human populations. *American Journal of Human Biology*, 4:387-397.
- Chikhi L., Goossens B., Treanor A. And Bruford MW., (2004). Population Genetic Structure Of And Inbreeding In An Insular Cattle Breed, the Jersey, and its Implications for Genetic Resource Management. *Heredity* (2004). 92, 396-401.

- Clutton-Brock J (1981). Domesticated Animals from Early Times. Heinemann/British Museum (Natural History), London.*
- Cornuet, J.M.; Piry, S.; Luikart, G.; Estoup, A.; and Solignac, M. (1999). New methods employing multilocus genotypes to select or exclude samples as origins of individuals. Genetics, 153(4): 1989-2000.*
- Del Bo, L., Polli, M., Longeri M., Ceriotti G., Looft C., Barre-Dirie A., Dolf G. And Zanotti, M. (2001) Genetic Diversity Among Some Cattle Breeds in the Alpine Area. J. Anim. Breed. Genet. 118 (2001), 317-325.*
- Düzgüneş, O. (1987). Hayvancılıkta genetik Kaynaklar ( Türkiye'nin Biyolojik Zenginlikleri). Türkiye Çevre Sorunları Vakfı Yayın No. 87.06.Y.0011.6.S.41-67.*
- Doğru, Ü. (1992) Doğu Anadolu Kırmızısı Sığırlarının Kan serum Hücre Karakteristikleri Bakımından Genetik Yapısı ve Bazı verim Özellikleri ile İlişkisi. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Büyükbaş Hayvancılık Araştırma Projesi. (1992). (780)*
- Doğru, Ü., Dayioğlu, H., Aksoy, A. (1996).Bazı Kültür Irkı Sığırlarda Çeşitli Kan Özellikleri ile Süt Verim Özellikleri Arasındaki İlişkiler. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 27, (1), 95-110 1996 (790)*
- Doğru, Ü., Dayioğlu, H., Aksoy, A. (1997a). Esmer, Siyah Alaca, Sarı Alaca Sığır Irklarının Süt Proteinleri Bakımından Genetik Yapısı. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 28(1), 12-20, 1997 (1).*
- Doğru, Ü., Dayioğlu, H., Aksoy, A. (1997b). Esmer, Siyah Alaca, Sarı Alaca Sığır Irklarının Süt Proteinleri Bakımından Genetik Yapısı, Atatürk Üniversitesi Ziraat fakültesi Dergisi, (28), (1), 12-20, 1997 (794)*
- Doğru, Ü., Tüzemen, N. (1996). Esmer, Siyah Alaca, sarı Alaca ve Doğu Anadolu Kırmızısı Sığır Irklarının Transferrin Polimorfizmi Bakımından Genetik Yapısı. Hayvancılık 96 Ulusal Kongresi, 18-20 Eylül 1996. İzmir, (789)*
- Doğan, M., Kaygısız, A., (1999). Türkiye'deki İsmir İsviçre Sığırlarda Süt Protein Polimorfizmi ile Süt Verim Özellikleri Arasındaki İlişkiler. Tr-Journal of Veterinary and Animal Science. 23:(1999) Ek Sayı: 1,47-49 (809)*

- Doğrul, F., (1973). Memleketimizde Yetiştirilen Yerli ve Yabancı Saf ve Melez Sığır ırkı Kanlarında Kalıtsal Beta Globulin ve Hemogloblin Varyasyonları. IV. Bilim Kongresi. 5-8 Kasım 1973, Ankara (799).*
- Dytham, C., (2003). Choosing and Using Statistics: A Biologist's Guide. Blackwell Publishing Company, (2<sup>nd</sup> Ed.)*
- Edwards C. J., Dolf G., Looft C., Loftus R. T and Bradley D. G. (2000). Relationship between the endangered Pustertaler-Sprinzen and three related European cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. Animal Genetics 31: 329-332.*
- Ellegren, H., S. Moore, N. Robinson, K. Byrne, W. Word, B.C. Sheldons (1997). Microsatellite Evolution A Reciprocal Study of Repeated Lengths at Homologous Loci In Cattle and Sheep. Mol. Biol. Evol. 14(8):854-860*
- Ertuğrul, O., ve Alpan, O., (1991). Türkiye Sığır Irklarında Kan Grubu Genetik Polimorfizmi. Doğa-Tr. J. of Veterinary and Animal Sciences, 15:328-337.*
- Ertuğrul M., Dellal G., Elmacı C., Akın O., Karaca O., Altın T., Cemal I. (2002). Hayvansal Gen Kaynaklarının Koruma ve Kullanımı. (www.google.com.tr)*
- Excoffier L., Smouse P., and Quattro J. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics, 131: 479-491.*
- Forbes, H.S.; J.T. Hogg, F.C. Buchanan, A.M. Crawford, F.W. Allendorf (1995).Microsatellite Evolution In Congeneric Mammals, Domestic and Bighorn Sheep. Mol. Biol. Evol. 12(6):1106-1113.*
- Goldstein D.B. and Schlötterer C. (2000). Microsatellites: evolution and applications. Oxford University Press, London.*
- Grzybowski, G., Prusak B., (2004). Genetic Variation in Nine European Cattle Breeds as Determined on the Basis of Microsatellite Markers.III. Genetic Integrity of the Polish Red Cattle Included in the Breeds Preservation Programme. Animal Science Papers and Reports, Vol. 22 (2004) no.1, 45-56.*
- Gürkan, M., M.İ.Soyсал, (1994). Edirne İli ve Yöresinde Yetiştirilen Bozırk, Siyah Alaca ve Siyah Alaca x Bozırk Melez Sığırların Kalıtsal Polimorfik Hb ve Tf Tipleri Bakımından Genetik Yapısı. Hayvancılık Araştırma Dergisi. Cilt:4, Sayı 1 S.34-38, Yıl 1994.*

- Hanslik S., Harr B., Brem G. and Schlötterer C. (2000).* Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian samples. *Animal Genetics* 31: 31-38.
- Hansen, C., Shrestha J.N.B., Parker R.J., Crow G.H., McAlpine P.J. and Derr J.N. (2002).* Genetic Diversity Among Canadian, Brown Swiss, Holstein and Jersey Cattle of Canada Based on 15 Bovine Microsatellite Markers. *Genome* 45:897-904(2002)
- Hedrick, P., Fredrickson, R., Ellegren, H., (2001).* Evaluation Of *D 2*, A Microsatellite Measure Of Inbreeding And Outbreeding, In Wolves With A Known Pedigree. *Evolution*, 55(6), 2001, pp. 1256–1260
- Henson, E.L., 1992.* In Situ Conservation Of Livestock and Poultry. FAO. Animal Production and Health Paper. No:99 pp.112, 1992.
- Hiendleder S, Mainz K, Plante Y and Lewalski H (1998)* Analysis of mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different maternal sources: no evidence for contributions from Urial and Argali sheep. *Journal of Heredity*, 89: 113-120.
- Hiendleder S, Phua S and Hecht W (1999).* A diagnostic assay discriminating between both major *Ovis aries* haplogroups. *Animal Genetics*, 30: 211-213.
- Hiendleder S, Kaupe B, Wassmuth R and Janke A (2002).* Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 269: 893-904.
- Hoelzel, A.R. (1998).* Molecular Genetic Analysis of Populations. A practical Approach (Second Edition) Oxford University Press.
- Hoelzel, A.R. (1995).* Genetic Analysis of Populations. “ Molecular Biology and Biotechnology” Ed. By Robert A Meyers, VCH Publishers, Inc, New York.
- Hughes AE. 1993.* Optimization of microsatellite analysis for genetic mapping. *Genomics* 15:433-434.
- Jutta, R.; Fadlaoui A., Bertaglia M., (2004)* Economic Evaluation and Biodiversity Conservation of Animal Genetic Resources . In press ( jroosen@food-econ.uni-kiel.de)

- Kim K.S., Yeo J.S. and Choi C.B. (2002). Genetic Diversity of North-east Asian Cattle Based on Microsatellite Data. *Animal Genetics*, 33:201-204.
- Kumlu, S. (2000) Damızlık ve Kasaplık Sığır Yetiştirme. Türkiye Damızlık Sığır Yetiştiricileri Merkez Birliği Yayınları. Yayın No: 3, P:20-30 Ankara.
- Koban, E. (2004) Genetic Diversity of Native and Crossbreed Sheep Breeds in Anatolia. PhD Thesis. Middle East Technical University, Department of Biology . December 2004.
- Legge T. (1996). The beginning of caprine domestication in South-west Asia. *In*: Harris David R. (ed.): The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia, UCL Press Ltd, London, page 238-262.
- Lewontin, R.C. (1989). DNA Sequence Polymorphism “Evolution and Animal Breeding Reviews on Molecular and Quantitative Approaches in Honour of Alan Robertson”, Ed by Hill WG and Mackay FC, CAB International, UK.
- Li, W-H. (1997). Molecular evolution. Sinauer Associates, Inc.
- Loftus R. T., MacHugh D. E., Bradley D. G., Sharp P. M. and Cunningham P. (1994). Evidence for two independent domestication of cattle. *Proceedings of the National Academy of Science, USA*, 91: 2757-2761.
- Loftus R. T., MacHugh D. E., Ngere L.O., Balain D.S., Badi A.M., Bradley D. G., and Cunningham E.P. (1994). Mitochondrial Genetic Variation in European, African and Indian Cattle Populations. *Anim. Genet.*, 25:265-271
- Loftus R. T., Ertuğrul O., Harba A. H., El-Barody M. A. A., MacHugh D. E., Park S. D. E. and Bradley D. G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin the Near East. *Molecular Ecology*, 8: 3-8.
- Luikart, G. and England P. R. (1999). Statistical analysis of microsatellite DNA data. *Trends in Ecology and Evolution*, 14(7): 253-256.
- Luikart, G., Biju-Duval, M-P., Ertuğrul, O., Zagdsuren, Y., Maudet, C. and Taberlet, P. (1999). Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics*, 30: 431-438.
- Luikart G, Gielly L, Excoffier L., Vigne J-D, Bouvet J and Taberlet P (2001). Multiple maternal origins and the weak phylogenetic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Science, USA*, 98: 5927-5932.

- MacHugh D.E., Shriver M. D., Loftus, R.T., Cunningham P. ve Bradley D.G. (1997).* Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146:1071-1086.
- MacHugh D.E., Loftus R.T., Cunningham P. and Bradley D.G. (1998) Genetic Structure of Seven European Cattle Breeds Assessed Using 20 Microsatellite Markers. Animal Genetics, 29(5) ; 333-340.*
- MacHugh, D. E. and Bradley, D. G. (2001).* Livestock genetic origins: Goats buck the trend. *Proceedings of National academy of Science* (98) 10: 5382-5384.
- Maijala, K., (1987).* Possible role of animal gene resource in production natural environment, conservation human pleasure and recreation. (Animal Genetic Resource, Strategies for improved use and conservation). FAO Animal Production and Health. Paper 66.pp: 191-197
- Maijala, K., (1986).*Motives Possibilities and Methods of Maintaining Numerically Small Cattle Breeds. *World Review of Anim. Prod.* 22:1, 43-50
- Maijala K., Cherekaev A.V., Devillard J.M., Reklewski Z., Rognoni G., Simon D.L., and Steane D.E., (1984) Conservation of Genetic Resources in Europe. Final Report on an E.A.A.P. Working Party. Livest. Prod. Sci., 11:3-32*
- Mantel N. (1967).* The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27: 209-220.
- Martín-Burriel, I., García-Muro, E. and Zaragosa, P. (1999).* Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, 30: 177-182.
- Maudet C., Bassano B., Breitenmoser-Würsten C., Gauthier D., Miller C., Giacometti M., Obexer-Ruff G., Ormèa, P., Toigo C., Taberlet P. Ve Luikar T.G. (2002).* Microsatellite DNA And Recent Statistical Methods In Wildlife Conservation Management: Applications In Alpine Ibex (*Capra Ibex [Ibex]*) *Molecular Ecology*, 11: 421-436.
- Maudet C., Luikart. G., and Taberlet P. (2002).* Genetic Diversity and Assigment Test among Seven French Cattle Breeds Based on Microsatellite DNA Analysis. *J. Anim. Sci.* 2002, 80:942 – 950.



- Mateus, J.C., Penedo, M.C.T., Alves, V.C., Ramos, M. And Rangel-Figueiredo, T. (2004). Genetic Diversity And Differentiation In Portuguese Cattle Breeds Using Microsatellites. International Society for Animal Genetics, Animal Genetics, 35, 106-113.*
- Meadow, R. H. (1993) Animal Domestication in The Middle East: a revised view from the Eastern Margin. In Harappan Civilization, 2<sup>nd</sup> edition, ed. G. Possehl. (New Dehli, Oxford and IBH) pp. 295–320.*
- Meghen, C., MacHugh, D.E., and Bradley, D.G., (1994). Genetic Characterization of West African Cattle. World Animal Review -FAO. A quarterly journal on Animal Health, production and products, 78:59-66.*
- Metta, M., Kanginakudru S., Gudiseva N., Nagaraju J., (2004). Characterization Of Indian Cattle Breeds, Ongole and Deoni (*Bos Indicus*) Using Microsatellite Markers. Genome Biology, March 2004, 5:P8.*
- Moazami-Goudarzi, K., Laloë, D., Furet J.P., Grosclaude, F. (1997). Analysis of Genetic Relationships Between 10 Cattle Breeds With 17 Microsatellites. Animal Genetics (1997). 28, 338-345*
- Moioli B., Napolitano F. And Catillo G., (2004). Genetic Diversity Between Piedmontese, Maremmana and Podolica Cattle Breeds. Journal of Heredity (2004), 95(3) : 250 – 256.*
- Mukesh M., Sodhi M., Bhatia S. and Mishra B.P.(2004). Genetic Diversity of Indian Native Cattle Breeds as Analysed with 20 Microsatellite Loci. J. Anim. Breed. Genet. 121(2004), 416-424.*
- Naghlaki, T. (1998) Fixation Indices In Subdivided Populations. Genetics Vol :148 1325/1332 (March 1998).*
- Nei, M.(1972) Genetic Distance Between Populations. American Naturalist, 106, 283-292.*
- Nei M. (1987). Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.*
- Nei, M., Tajima F., Tateno Y., (1983). Accuracy of Estimated Phylogenetic Trees from Molecular Data. II. Gene frequency data. J. Mol. Evol., 19:153-170.*
- Nei, M. and Kumar, S. (2000). Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press, London.*

- Okomo, M.A., Rege J.E.O., Teale A., Hanotte, O. (2001). Genetic Characterization of Indigenous East African Cattle Breeds Using Microsatellite DNA Markers. International Livestock Research Institute (ILRI), P.O. Box 30709, Nairobi, Kenya and ILRI, P.O., Box. 5689, Addis Ababa, Ethiopia.*
- Özbeyaz, C., (1991) Türkiye Yerli Sığır Irklarında Hemogloblin Polimorfizmi. A.Ü. Veteriner Fakültesi Dergisi, 38:53-59.*
- Perkins, D.Jr., (1969). Fauna of Çatal Höyük: Evidence for Early Cattle Domestication in Anatolia. Science, 164, 177-178.*
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P.(2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. Genetics 155:945-959.*
- Radko, A., Zyga A., Zabek T., Slota E. (2005). Genetic variability Among Polish Red, Hereford and Holstein – Friesian Cattle Raised in Poland Based on Analysis of Microsatellite DNA Sequences. J. Appl. Genet. 46(1), 2005 pp:89-91.*
- Reist – Marti, S.B., Simianer H., Gibson J., Hanotte O. and Rege J.E.O. (2003). Weitzman’s Approach and Conservation of Breed Diversity : an Application to African Cattle Breeds. Conservation Biology, Pages 1299-1311, Volume 17, October, 2003.*
- Reynolds J., Weir B.S. and Cockerham C.C., (1983). Estimation of the coancestry coefficient basis for a short term genetic distance. Genetics 105:767-779.*
- Rosenberg N.A., Burke T., Elo K., Feldman M.W., Freidlin P.J., Groenen MAM et al. (2001). Empirical Evaluation of Genetic Clustering Methods Using Multilocus Genotypes from 20 chickens breeds. Genetics 159:699-713.*
- Rousset F. and Raymond M. (1997). Statistical analysis of sample genetic data: old tools, new concepts. Trends in Ecology and Evolution, 12: 313-317.*
- Sambrook J., Fritsch E. F. ve Maniatis T. (1989). Molecular cloning:A laboratory manual (2<sup>nd</sup> ed.), 3 vol., Cold-Spring Harbor, New York.*
- Saitou, N. and Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution, 4: 406-425.*
- Schlötterer, C.(1998). Genome Evolution:Are Microsatellites really simple Sequences ? Current Biology (1998) 8:R132-R134.*

- Schmid M., Saitbekova N., Gaillard C. and Dolf G. (1999).* Genetic Diversity in Swiss Cattle Breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* 116, 1-8.
- Shriver M.D., Jin L., Boerwinkle, E., DeKa R., Ferrell R.E., Chakraborty R., (1995).* A Novel Measure of Genetic Distance for Highly Polymorphic Tandem Repeat Loci. *Mol. Biol. Evol.*, 12(5) : 914-920
- Simianer, H., Marti S.B., Gibson J., Hanotte O., Rege J.E.O., (2003)* An Approach to the optimal Allocation of Conservation Funds to Minimize loss of Genetic Diversity Between Livestock Breeds. *Ecological Economics*, 45 (2003) 377-392.
- Simianer, H., Marti S.B., Gibson J., Hanotte O., Rege J.E.O.,(2001).* Description of three programs to compute the Weitzman diversity (Weitzman 1992, 1993) and to allocate resources in order to maximize efficiency of conservation with the methodology described by Simianer et al. (2001)
- Soysal, M.İ., H.Haskırış, (1993).* Trakya Bölgesi Boz Step Sığır Irkında Karyotip Belirlenmesi Olanakları Üzerinde Araştırmalar. *T.Ü.Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, Cilt:2, Sayı:2, 215-221.
- Soysal, M.İ., M.Gürkan, (1993).* Edirne İli Yöresinde Yetiştirilen Boz Step, Holstein ve Boz Step X Holstein Melez Sığır Populasyonlarının Kalıtsal Polimorfik Transferrin Tipleri ve Diğer Kan Proteinleri (Albumin, Globulin ve Toplam Protein) bakımından Yapısı. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, Cilt:2, Sayı:2, 195-203.
- Soysal, M.İ., E.K.Gürcan.(2000).* Blood Potassium Polymorphizm. In Black and white Cattle Raised in Tekirdağ Province of Turkey. *Abstract Book.51 th. Annual meeting of European Association of Anim. I production.* The Hague, The Netherlands.
- Soysal, M.İ., Gürcan E.K., Özkan E. (2003)* Dünya’da ve Türkiye’de Çiftlik Hayvanları Genetik Çeşitliliğinin Korunması Sorunu GAP III. Tarım Kongresi, 2-3 Ekim 2003, Urfa, pp:615-623
- Soysal, M.I., Özkan E., E.K. Gürcan (2003).* The Status of Native Farm Animal Genetic Diversity in Türkiye and in The World. *Trakia Journal of Sciences*, Vol. 1, No:3, pp1-12, 2003
- Soysal M.I.; Özkan E.; Koban, E.; Özder M., Togan İ.(2005)* Genetic Diversity of Livestock Breeds in Turkey. (In Press)

- Takezaki N. and Nei M. (1996).* Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144: 389-399.
- Tanaka K. ve ark. (1996).* Phylogenetic relationship among all living species of the genus *Bubalus* based on DNA sequences of the cytochrome *b* gene. *Biochemical Genetics*, 34: 443-452.
- Togan, I., M.I. Soysal, V. Altunok, E. Özkan, E. Koban, (2003).* Populasyon Genetiği Çalışmalarında Kullanılan İstatistiksel Yöntemlerdeki Yeniliklere Örnekler. GAP III. Tarım Kongresi (02-03 Ekim 2003). Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Şanlıurfa.
- Togan, I., Soysal, M.I., Altunok, V.; Ergüven, A., Koban E., Özkan E. (2004).* Yerli Koyun Irklarında Bulunan Genetik Çeşitlilik (TBAG 2127) TÜBİTAK. Ekim 2004. Ankara
- Toth, G., Z. Gaspari, J. Jurka (2000)* Mikrosatellites In Different Eukaryotic Genomes Survey and Analysis. *Genome Research* ([www.genome.org](http://www.genome.org)) 10:967-981.
- Townsend SJ (2000)* Patterns of genetic diversity in European sheep breeds. PhD thesis, University of East Anglia, United Kingdom.
- Troy C. S., MacHugh D. E., Bailey J. F., Magee D. A., Loftus R. T., Cunningham P., Chamberlain A. T., Sykes B. C. and Bradley D. G. (2001).* Genetic evidence for near-eastern origins of domestic cattle. *Nature*, 410: 1088-1091.
- Tuna, Y.T., Soysal, M.İ., Gürçan, E.K., Özkan, E. (2004).* Importance of Preserving Indigenous Animal Genetic Sources in Trakya Region of Turkey. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 7(6): 952-955, 2004. ISSN 1028-8880
- Uerpmann H-P. (1996).* Animal domestication-accident or intention? *In: Harris David R. (ed.): The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*, UCL Press Ltd, London, page 227-237.
- Üstdal, M., (1980).* Türkiye'deki Bazı Yerli Sığır Irklarında Hemoglobin, Transferrin ve Süt Proteinlerinin Biyokimyasal Polimorfizmi Üzerinde Araştırmalar. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, Cilt 27, No. 1-2 (14)
- Weir B. S. and Cockerham C. C. (1984)* Estimating F statistics for the analysis of population Structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Wiener, G., (1994)* *Animal Breeding*. The Tropical Agriculturalist series, The Macmillan press Lid., pp. 208, (1994)

- Wiener, P., Burton, D. and Williams J.L. (2004). Breed Relationships and Definition in British Cattle: A Genetic Analysis. Heredity(2004). 93: 597-602*
- Wright S. (1965). The interpretation of sample structure by  $F$ -statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 95-420.*
- Wright, S.(1978). The Theory Of Gene frequencies. Evolution And The Genetics Of Populations. University Of Chicago Press. Vol. 4., 1978.*
- Wright, S., 1978. Evolution and the Genetics of Populations. Vol.IV. Variability Within and among Natural Populations. University of Chicago Press. Chicago.*
- Wright, S.(1969). Evolution and the Genetics of Populations. Vol. II. The theory of Gene Frequencies. University of Chicago Press, Chicago.*
- Yüksel, A.N., Soysal, M.İ., Kocaman İ., Soysal İ. (2000). Süt Sığırcılığı Temel kitabı. P: 88-96 (Ocak 2000). Hasad Yayıncılık.*
- Zane L., Bargelloni L. And Paternello T.(2002). Strategies for Microsatellite Isolation :a review, *Molecular Ecology*, 11, 1-16.*

## TEŞEKKÜR

Tez çalışmam boyunca olgun yaklaşımları, hoşgörüsü ve fikirleri ile beni yönlendiren, çalışmamın her aşamasında yardım ve desteğini esirgemeyen, bugünlere ulaşmamda emeği geçen Sayın Hocam Prof. Dr. M. İhsan SOYSAL'a, Moleküler Genetik Tekniklerini öğrenmemde, sonuçların değerlendirilmesi ve yorumlanmasında büyük destek ve yardımlarını gördüğüm Sayın Hocam Prof. Dr. İnci TOGAN'a, tezimin şekillenmesi ve zenginleştirilmesi için yaptıkları katkı, gösterdikleri eşsiz özveri ve verdikleri manevi destekten dolayı tez izleme komitesi ve tez jürisi Sayın Hocalarım Prof. Dr. Okan ERTUĞRUL'a; Prof. Dr. Mehmet DEMİRCİ'ye; Prof. Dr. Muhittin ÖZDER'e, Prof. Dr. Sabahattin ÖĞÜN'e yürekten teşekkür ederim.

Trakya Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünde bugünlere gelmemde emeği olan, beni yetiştiren ve beni yönlendiren, doktora tez çalışmam süresince desteklerini benden esirgemeyen bütün bölüm hocalarıma ve arkadaşlarıma gönülden teşekkür ederim.

Kan örneklerimin toplanması aşamasında sağladıkları kolaylık ve yardımlardan dolayı Marmara Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne, Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne, Çukurova Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne, Karaköy Tarım İşletmesi Müdürlüğü'ne, Türkgeldi Tarım İşletmesi Müdürlüğü çalışanlarına teşekkür ederim. Ayrıca yerel yetiştiricilerden kan örneği toplama aşamasında bana yardımcı olan sayın Hocalarım Prof. Dr. M. İhsan SOYSAL'a ve Yrd. Doç. Dr. Süleyman KÖK'e teşekkür ederim.

Örnek toplama, laboratuvar çalışmaları, sonuçların istatistikî metodlar ile analiz edilmesi ve tezimin yazım aşaması süresince bana yardımcı olan, destek ve hoşgörü gösteren arkadaşlarım, Dr. Evren KOBAN'a, Havva DİNÇ'e, S. Banu AKKAŞ'a, Y. Teoman ÜNAL'a, Dr. Zafer BULUT'a, Sinan Can AÇAN'a ve Zerrin MAYAKAN'a teşekkür ederim.

Çalışmalarım süresince laboratuvar ortamlarını benle paylaşan, beni destekleyen laboratuvar arkadaşlarım(Lab 147-ODTÜ) Dr. Evren KOBAN'a, Havva DİNÇ'e, Ceren Caner BERKMAN'a, Sinan Can AÇAN'a, Çiğdem GÖKÇEK'e ve Ceran ŞEKERYAPAN'a teşekkür ederim.

Deneyisel çalışma aşamasında İtalya – ConsDABI (Benevento) Araştırma Enstitüsünde beni misafir ederek tüm örneklerimi otomatik DNA sekans analizatöründe çalışma olanağı veren, bu süreç içerisinde laboratuvarın tüm imkanlarını kullanmama izin veren Sayın Hocam Prof. Dr. Donato MATASSINO'ya, örnekleri çalışma sırasında bana yardımcı olan arkadaşlarım Dr. Tiziana SARRACCO ve Dr. Maria OCCIDENDE'ye ve tüm ConsDABI çalışanlarına teşekkür ederim.

Bugünlere gelmemde en büyük emeğin sahibi olan ve hiçbir fedakarlıktan kaçınmayan annem Zarife ÖZKAN'a, babam Hüseyin ÖZKAN'a ve kardeşlerim Sibel KARATAŞ ve Temel ÖZKAN'a yürekten teşekkür ederim. Tez yazım aşamam esnasında bana sabır gösteren, beni destekleyen eniştem Yusuf KARATAŞ'a ve yeğenim Can Berk KARATAŞ'a teşekkür ederim. Ayrıca her şart altında sabır, iyi niyet ve hoşgörülerini benden esirgemeyen tüm arkadaşlarıma ve sevdiklerime sonsuz minnet ve teşekkürlerimi sunarım.

## ÖZGEÇMİŞ

1974 yılında Kırklareli'nin Vize ilçesinde doğdum. İlk, orta ve lise öğrenimimi aynı ilçede tamamladıktan sonra, 1992 yılında Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümüne kayıt oldum. 1996 yılında aynı fakülteden Ziraat Mühendisi olarak mezun oldum.

Eylül 1996'da Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootečni Anabilim dalında Yüksek Lisansa başladım. Aynı anabilimdalından 1999 yılında Yüksek Ziraat Mühendisi olarak mezun oldum. 2000 yılında Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootečni Anabilim dalında doktora eğitime başladım.

1996 yılından bu yana Trakya Üniversitesi Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Biyometri Genetik Anabilim Dalında Araştırma Görevlisi olarak görev yapmaktayım.

EMEL ÖZKAN



## EK1-A

*Tablo.1. Yedi Mikrosatellit Bölgesinin Yedi Farklı Sığır Irkında Çalışılması Sonucunda Elde Edilen Genetik Veriler ( Allel Uzunlukları – bp)*

<i>Irkın Adı</i>	<i>Birey Sayısı</i>							
	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Bozstep</b>	<b>1</b>	142142	140156	207215	141167	186190	077077	287293
<b>Bozstep</b>	<b>2</b>	150164	134144	215215	153153	184188	079081	297301
<b>Bozstep</b>	<b>3</b>	140150	144144	217221	159167	182182	089097	293295
<b>Bozstep</b>	<b>4</b>	152164	144144	211215	153163	184184	079081	293297
<b>Bozstep</b>	<b>5</b>	160164	138144	215217	151151	180184	079097	293297
<b>Bozstep</b>	<b>6</b>	152164	134144	217217	153165	184184	081097	297297
<b>Bozstep</b>	<b>7</b>	144144	142142	217217	153167	182188	077079	295297
<b>Bozstep</b>	<b>8</b>	148170	138150	207215	167171	184184	077095	291291
<b>Bozstep</b>	<b>9</b>	150172	134144	207217	151167	184184	085085	293293
<b>Bozstep</b>	<b>10</b>	142142	134138	215217	153165	184184	077091	293299
<b>Bozstep</b>	<b>11</b>	134134	138138	215219	153167	184184	081081	293293
<b>Bozstep</b>	<b>12</b>	140150	138144	215217	165165	184184	081081	295295
<b>Bozstep</b>	<b>13</b>	134140	134134	215217	167167	182182	081095	295297
<b>Bozstep</b>	<b>14</b>	136150	142142	207219	165167	184184	081099	293295
<b>Bozstep</b>	<b>15</b>	150166	134134	215217	165165	182184	077081	293299
<b>Bozstep</b>	<b>16</b>	138150	134150	215221	151165	182182	077093	293299
<b>Bozstep</b>	<b>17</b>	140150	134134	217217	149165	184188	081081	293293
<b>Bozstep</b>	<b>18</b>	134140	138144	215219	153167	184184	081095	293293
<b>Bozstep</b>	<b>19</b>	160178	136140	215221	159167	182182	081095	287291
<b>Bozstep</b>	<b>20</b>	140140	134138	211215	149165	184184	089095	291295
<b>Bozstep</b>	<b>21</b>	140170	138138	215217	151167	184184	083089	291291
<b>Bozstep</b>	<b>22</b>	140140	138144	217221	151167	182184	095099	291291
<b>Bozstep</b>	<b>23</b>	134134	134138	215215	167167	182182	07795	289291
<b>Bozstep</b>	<b>24</b>	140158	134134	215215	153165	182184	091095	293293
<b>Bozstep</b>	<b>25</b>	152164	138150	215221	147165	184184	077095	293297
<b>Bozstep</b>	<b>26</b>	148170	134154	219223	153165	184184	077089	293297
<b>Bozstep</b>	<b>27</b>	140172	136142	217219	153165	184184	081085	289293

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Bozstep</b>	<b>28</b>	140172	134138	207219	153165	184184	081085	289293
<b>Bozstep</b>	<b>29</b>	140150	138166	219221	153167	182184	081095	291293
<b>Bozstep</b>	<b>30</b>	140150	134140	215215	153167	182184	089089	291293
<b>Bozstep</b>	<b>31</b>	140150	144154	219219	147167	184184	077099	293295
<b>Bozstep</b>	<b>32</b>	134170	138138	215221	147147	184184	081081	293293
<b>Bozstep</b>	<b>33</b>	136170	134138	207215	147163	182184	081095	291295
<b>Bozstep</b>	<b>34</b>	150178	134154	207215	165165	182182	083095	293295
<b>Bozstep</b>	<b>35</b>	178178	136138	215219	167167	182184	081081	289291
<b>Bozstep</b>	<b>36</b>	136140	134144	215223	165167	182184	087087	291291
<b>Bozstep</b>	<b>37</b>	140172	134134	215217	153165	182184	077079	291293
<b>Bozstep</b>	<b>38</b>	140172	138142	207219	153165	184184	081085	293293
<b>Bozstep</b>	<b>39</b>	140140	134134	215219	153165	184186	077077	291299
<b>Bozstep</b>	<b>40</b>	150160	134144	215219	165165	182184	075075	293297
<b>Bozstep</b>	<b>41</b>	166170	138142	215215	167167	182184	077095	293293
<b>Bozstep</b>	<b>42</b>	138140	138140	209215	165165	182184	089097	293293
<b>Bozstep</b>	<b>43</b>	140150	134144	207219	165165	184186	089091	291293
<b>Bozstep</b>	<b>44</b>	150158	138142	215215	165165	182184	089089	295297
<b>Bozstep</b>	<b>45</b>	150158	140150	213217	165165	184186	081095	291295
<b>Bozstep</b>	<b>46</b>	148160	136142	219219	151151	182184	081081	291291
<b>DAK</b>	<b>1</b>	166178	144148	215219	169169	182182	075075	293295
<b>DAK</b>	<b>2</b>	134150	142154	215217	165165	182184	081085	293293
<b>DAK</b>	<b>3</b>	134150	152156	215215	165167	182184	081081	293293
<b>DAK</b>	<b>4</b>	144144	142154	217217	153165	182184	079089	293295
<b>DAK</b>	<b>5</b>	142152	142148	215217	153165	184184	087093	283283
<b>DAK</b>	<b>6</b>	138176	138144	215215	153167	182184	087099	293295
<b>DAK</b>	<b>7</b>	134150	144150	215217	151153	182184	083099	291293
<b>DAK</b>	<b>8</b>	144176	144156	207221	167167	184192	095099	295297
<b>DAK</b>	<b>9</b>	142142	134142	217221	163167	184184	089095	295297
<b>DAK</b>	<b>10</b>	150150	138154	217219	165165	184184	077077	293301
<b>DAK</b>	<b>11</b>	144152	144144	211215	151165	182182	095099	291293

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>DAK</b>	<b>12</b>	142182	142142	215219	165165	182182	081081	295295
<b>DAK</b>	<b>13</b>	140170	144148	219219	165165	182182	079101	293293
<b>DAK</b>	<b>14</b>	142152	136142	211219	153167	182192	095095	293295
<b>DAK</b>	<b>15</b>	134152	134138	215215	165165	184192	091095	293295
<b>DAK</b>	<b>16</b>	150170	142144	213213	165165	184184	081095	291295
<b>DAK</b>	<b>17</b>	150150	138150	215219	153167	184184	077081	287287
<b>DAK</b>	<b>18</b>	144144	134144	215219	153165	184184	089099	293293
<b>DAK</b>	<b>19</b>	134140	154156	215215	153153	182184	079079	293293
<b>DAK</b>	<b>20</b>	142142	142156	215215	151165	184192	079081	287287
<b>DAK</b>	<b>21</b>	142172	142144	215219	153165	184184	077079	293293
<b>DAK</b>	<b>22</b>	134178	144144	215217	149171	182184	079079	293295
<b>DAK</b>	<b>23</b>	144152	142142	215215	165165	184184	081093	291297
<b>DAK</b>	<b>24</b>	142178	138148	215217	153171	184184	079099	293297
<b>DAK</b>	<b>25</b>	140140	144154	215219	153165	182184	079079	293295
<b>DAK</b>	<b>26</b>	140150	144154	215215	149165	184184	097099	289289
<b>DAK</b>	<b>27</b>	148178	142148	215215	153165	184184	077079	293295
<b>DAK</b>	<b>28</b>	134142	142150	215215	149165	182184	089099	289289
<b>DAK</b>	<b>29</b>	138140	138144	213217	159165	182182	079079	291291
<b>DAK</b>	<b>30</b>	134174	138142	211217	153167	184184	081101	293297
<b>DAK</b>	<b>31</b>	152162	142142	213217	149165	188192	077093	289293
<b>DAK</b>	<b>32</b>	178178	142146	207215	165165	182182	079089	293295
<b>DAK</b>	<b>33</b>	140142	142146	211217	167167	184192	081081	297297
<b>DAK</b>	<b>34</b>	134144	138156	209215	147163	184184	077097	295295
<b>DAK</b>	<b>35</b>	142172	142148	215217	151165	184184	083089	287297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK1</b>	152184	142144	213219	151165	184184	077081	287299
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK2</b>	140150	142154	215215	151155	182184	077081	293297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK3</b>	140152	138148	219221	165167	182184	077089	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK4</b>	148152	138144	217219	151167	182184	089093	293297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK5</b>	150152	140144	211219	163165	188192	079081	299301
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK6</b>	152170	144144	213215	151153	184184	085085	293295

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK7</b>	162162	144148	211219	143165	182184	079083	295297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK8</b>	162162	138140	215215	149167	182192	077097	289293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK9</b>	140150	134148	209219	167167	182182	077095	291295
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK10</b>	140152	140156	215217	137153	184184	089097	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK11</b>	138142	140156	213215	149167	182184	093097	289289
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK12</b>	142142	138156	215215	163165	184188	077089	283297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK13</b>	134150	134140	213215	167167	184184	079081	295297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK14</b>	142142	142156	213213	165167	180184	077081	299299
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK15</b>	150172	134138	219221	153167	182184	081089	289293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK16</b>	134140	140146	209209	151167	184184	079095	289289
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK17</b>	134134	138144	215215	165165	182184	077099	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK18</b>	134140	134142	217219	135151	182184	077093	289289
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK19</b>	140140	138156	217217	167167	182184	081095	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK20</b>	140172	148148	209209	167167	182182	081089	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK21</b>	140170	144154	215215	153167	182182	083097	297301
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK22</b>	134136	142146	215219	165165	184184	081099	293297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK23</b>	140150	142144	209215	149165	184184	095099	291293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK24</b>	140152	142156	215217	163167	184184	079091	293295
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK25</b>	140140	142142	217221	153165	184184	077079	291291
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK26</b>	134148	134144	209219	167167	184184	075075	289293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK27</b>	134150	142142	213215	153167	184192	081081	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK28</b>	140150	142156	217219	165167	180182	089095	293297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK29</b>	148150	138138	215219	147151	184188	077077	293295
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK30</b>	140152	146148	219221	151167	182184	089089	293297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK31</b>	148150	144144	209215	163167	182184	079079	295297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK32</b>	140150	144156	213215	153167	184184	097101	303303
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK33</b>	140148	156156	215219	149165	182182	077077	289293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK34</b>	146148	142142	213215	149167	182192	077087	287293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK35</b>	134140	138142	219219	149151	184184	079079	287287
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK36</b>	140142	138142	209213	141143	182184	077079	291297

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK37</b>	148150	134142	211215	153167	184188	077095	289293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK38</b>	140148	136136	213219	151165	188188	089089	293295
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK39</b>	140172	134142	215219	157165	184184	077101	289297
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK40</b>	134150	156156	209209	163165	182184	083089	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK41</b>	148172	142142	215219	149165	180182	079089	293293
<b>Yerli Kara</b>	<b>YK42</b>	152170	134144	213217	147153	184188	081095	295297
<b>GAK</b>	<b>1</b>	154162	144144	213215	153163	182184	091091	293295
<b>GAK</b>	<b>2</b>	142142	142142	215215	163165	182184	077095	295295
<b>GAK</b>	<b>3</b>	142144	144148	215219	161165	184184	077095	283293
<b>GAK</b>	<b>4</b>	142150	144154	217219	163165	182184	095099	283297
<b>G AK</b>	<b>5</b>	176182	140144	215217	149153	184184	081081	283297
<b>GAK</b>	<b>6</b>	150170	138154	217219	153161	182184	075075	283297
<b>GAK</b>	<b>7</b>	144144	134138	215219	165169	180184	077089	293293
<b>GAK</b>	<b>8</b>	174176	138138	215215	163165	184184	081099	289303
<b>GAK</b>	<b>9</b>	150170	138138	213221	163165	182182	081093	293297
<b>GAK</b>	<b>10</b>	142148	138142	215219	149149	180182	077077	293293
<b>GAK</b>	<b>11</b>	176182	140144	215217	149153	184184	079079	289293
<b>GAK</b>	<b>12</b>	150150	144144	215217	149153	184184	081101	289295
<b>G AK</b>	<b>13</b>	148150	136144	211217	153153	184188	079079	291297
<b>GAK</b>	<b>14</b>	148150	136144	215215	153153	184188	077095	285295
<b>GAK</b>	<b>15</b>	142142	144146	217217	161167	184184	079079	293299
<b>GAK</b>	<b>16</b>	134134	142154	215217	149165	184184	079079	287289
<b>GAK</b>	<b>17</b>	142150	142144	217223	159167	182182	079079	293295
<b>GAK</b>	<b>18</b>	134144	134144	215217	153153	180184	075075	293295
<b>GAK</b>	<b>19</b>	150162	144144	211217	149165	184184	081091	289293
<b>GAK</b>	<b>20</b>	148162	144156	213215	155167	182184	077089	295295
<b>G AK</b>	<b>21</b>	144150	134146	215215	147167	182192	095099	293295
<b>GAK</b>	<b>22</b>	142164	134144	215217	149153	184184	095097	283283
<b>GAK</b>	<b>23</b>	150162	134138	215219	153167	184184	087089	283295
<b>GAK</b>	<b>24</b>	150162	144144	217217	165167	184188	087087	287287

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>GAK</b>	<b>25</b>	142142	142148	215215	149165	182184	079095	293295
<b>GAK</b>	<b>26</b>	142142	142144	215215	161165	184184	077077	295297
<b>GAK</b>	<b>27</b>	142142	142144	215217	149161	184184	077099	289293
<b>GAK</b>	<b>28</b>	142150	144144	217221	149167	184184	095099	283293
<b>G AK</b>	<b>29</b>	150176	144156	215219	153153	182184	083093	283299
<b>GAK</b>	<b>30</b>	134172	142156	215217	149165	184184	083085	287289
<b>GAK</b>	<b>33</b>	142142	144144	205215	165165	184184	099099	295295
<b>GAK</b>	<b>34</b>	142142	138144	205215	165165	184184	077095	283295
<b>GAK</b>	<b>35</b>	158166	134144	213213	153169	184186	085093	283283
<b>GAK</b>	<b>36</b>	144174	134144	213213	151169	184184	077091	297299
<b>GAK</b>	<b>37</b>	134144	144144	217217	165165	182184	077089	283297
<b>GAK</b>	<b>38</b>	144150	142144	219219	153163	182184	081081	293293
<b>G AK</b>	<b>39</b>	142142	142146	217217	163165	184184	077081	293301
<b>GAK</b>	<b>40</b>	142142	144144	211215	151165	184184	081097	291297
<b>GAK</b>	<b>41</b>	142170	134142	215215	149167	182192	073095	293295
<b>GAK</b>	<b>42</b>	134142	138156	215215	153165	184184	081099	289297
<b>GAK</b>	<b>43</b>	162170	142154	205215	153167	182184	077089	293295
<b>GAK</b>	<b>44</b>	150152	134148	211217	153163	184188	079079	297297
<b>GAK</b>	<b>45</b>	134142	138144	205217	149153	184184	081099	297303
<b>GAK</b>	<b>46</b>	138142	140156	207215	167167	184188	077077	289293
<b>GAK</b>	<b>47</b>	144144	142142	205215	151151	184184	081081	297297
<b>GAK</b>	<b>48</b>	162170	144156	211217	165165	184188	089089	283289
<b>JERSEY</b>	<b>1</b>	142176	134142	217217	153165	182184	093095	293297
<b>JERSEY</b>	<b>2</b>	142142	138138	205215	165167	182184	077081	295297
<b>JERSEY</b>	<b>3</b>	150170	142144	213213	165167	184184	079079	293297
<b>JERSEY</b>	<b>4</b>	142170	138144	213215	165167	184184	093093	289297
<b>JERSEY</b>	<b>5</b>	142170	138138	205215	165173	184184	075075	291293
<b>JERSEY</b>	<b>6</b>	142150	138144	213217	153167	182184	075079	293293
<b>JERSEY</b>	<b>8</b>	142150	142144	213217	153167	182184	077077	291297
<b>JERSEY</b>	<b>9</b>	150170	138144	215219	153167	182184	081099	293293

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>JERSEY</b>	<b>10</b>	150170	138138	217217	165167	182184	077081	291297
<b>JERSEY</b>	<b>11</b>	150150	138144	213215	165167	182184	093099	283297
<b>JERSEY</b>	<b>12</b>	148176	144144	215217	165165	182184	075075	285291
<b>JERSEY</b>	<b>13</b>	140140	138144	213217	153167	182184	077093	287295
<b>JERSEY</b>	<b>14</b>	142150	138144	217217	151167	182184	093093	291297
<b>JERSEY</b>	<b>15</b>	142150	142144	215221	167167	182184	093103	287291
<b>JERSEY</b>	<b>16</b>	142176	138144	213217	167167	184184	093103	291291
<b>JERSEY</b>	<b>17</b>	142176	142142	213217	143165	184184	077093	293297
<b>JERSEY</b>	<b>18</b>	170176	138138	213213	153165	182184	093099	293293
<b>JERSEY</b>	<b>19</b>	148170	134144	215219	153167	184184	081095	293293
<b>JERSEY</b>	<b>20</b>	140142	140140	217219	151155	182184	091093	293295
<b>JERSEY</b>	<b>21</b>	152170	138144	217219	151151	182184	095099	285297
<b>JERSEY</b>	<b>22</b>	150170	142144	213213	165167	184184	093093	291291
<b>JERSEY</b>	<b>23</b>	170176	142142	213217	151165	182184	093095	293293
<b>JERSEY</b>	<b>24</b>	168170	138142	219221	153167	184184	081093	287289
<b>JERSEY</b>	<b>25</b>	142144	142144	215217	165165	182184	093095	285293
<b>JERSEY</b>	<b>27</b>	142176	138144	213217	155167	182184	081093	293297
<b>JERSEY</b>	<b>28</b>	142142	138144	213217	151155	182182	077081	295297
<b>JERSEY</b>	<b>29</b>	148170	138144	217221	163165	184184	093095	289297
<b>JERSEY</b>	<b>30</b>	170170	138142	215217	165167	182184	093093	293295
<b>JERSEY</b>	<b>31</b>	162170	138144	213213	155155	182184	093093	297297
<b>JERSEY</b>	<b>32</b>	142150	138138	213219	153167	184184	081093	293297
<b>JERSEY</b>	<b>-33</b>	148150	142144	217219	167167	184184	095099	289295
<b>JERSEY</b>	<b>34</b>	150170	138138	213221	165167	182182	081093	293297
<b>JERSEY</b>	<b>35</b>	148176	142144	213213	153167	182184	093095	293297
<b>JERSEY</b>	<b>36</b>	142148	138144	213217	149167	182184	077093	285289
<b>JERSEY</b>	<b>37</b>	142148	138144	213217	149167	182184	079081	283289
<b>JERSEY</b>	<b>38</b>	142170	138144	213215	153167	182184	083093	289293
<b>JERSEY</b>	<b>39</b>	142142	138144	213217	163167	182182	093099	289297
<b>JERSEY</b>	<b>40</b>	150170	138140	221221	153167	182184	085095	293297

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>JERSEY</b>	<b>41</b>	162170	144156	213217	151163	184184	083095	295297
<b>JERSEY</b>	<b>42</b>	148150	134144	213221	149167	184184	077095	285287
<b>JERSEY</b>	<b>43</b>	142176	138144	215217	165167	184184	077093	287291
<b>JERSEY</b>	<b>44</b>	150170	138144	213215	153153	182184	081099	297297
<b>JERSEY</b>	<b>45</b>	142142	138144	213213	165167	184184	095103	287293
<b>JERSEY</b>	<b>-46</b>	168170	138138	213219	151153	182182	081095	293297
<b>JERSEY</b>	<b>47</b>	142170	144144	213215	165167	184184	093095	291295
<b>JERSEY</b>	<b>48</b>	142170	138142	217217	153167	184184	095097	283291
<b>JERSEY</b>	<b>49</b>	142150	134138	215215	163167	182184	081099	293295
<b>JERSEY</b>	<b>50</b>	150150	138144	213217	165167	182184	093095	291291
<b>JERSEY</b>	<b>51</b>	142176	138138	217217	153165	182184	093093	283291
<b>JERSEY</b>	<b>52</b>	148150	134144	213221	149167	184184	077095	285287
<b>JERSEY</b>	<b>53</b>	168170	138142	215217	165167	182184	093093	293295
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>1</b>	146152	134144	215215	159165	182182	085089	287297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>2</b>	142142	140144	211217	151169	182184	085085	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>3</b>	142152	134144	215217	163167	182182	091091	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>4</b>	142156	134144	215217	165167	184184	091095	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>5</b>	142142	134144	215219	163163	180184	081091	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>6</b>	150162	142144	211217	151161	184184	089091	289289
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>7</b>	142150	134144	219219	169169	184184	081095	295297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>8</b>	142154	140144	217219	157167	182184	081091	293297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>9</b>	142156	134140	215215	165167	182184	081093	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>10</b>	142142	134144	217221	167167	182182	085095	291297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>11</b>	142150	134142	217219	167167	184184	081101	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>12</b>	150150	134142	211219	163165	182184	085095	283293
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>13</b>	142150	142142	215221	151169	182184	085091	293297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>14</b>	140156	140144	215217	155167	184184	089091	289289
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>15</b>	138142	142144	215219	165167	184184	085095	287287
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>16</b>	140154	138142	215219	151167	182184	089095	293297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>17</b>	142162	134142	217219	151161	182184	085091	289289



	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>18</b>	150156	142142	217219	151167	184184	081085	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>19</b>	142142	142144	215217	165169	182184	091095	293297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>20</b>	142142	134140	219221	141151	184184	091093	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>21</b>	142156	134140	215219	165171	182184	081091	293297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>22</b>	140154	134140	219219	165167	182184	085095	293303
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>23</b>	142150	142144	217219	167171	182182	085085	289291
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>24</b>	142152	134138	219221	151171	182184	091093	295295
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>25</b>	142150	134134	217221	151151	184184	093093	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>26</b>	142142	142142	211219	151153	182182	085089	295303
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>27</b>	140140	142144	217217	151163	184184	085089	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>28</b>	142154	134152	217219	169169	182182	087089	289295
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>29</b>	142156	134144	219219	151151	182184	081093	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>30</b>	142156	140142	215219	155167	184184	081091	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>31</b>	142150	140142	215221	165167	184184	081091	287297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>32</b>	140154	138144	215217	149165	182184	079081	287297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>33</b>	142150	144144	217219	161165	182184	089099	295295
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>34</b>	142142	134144	211215	151163	184184	081085	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>35</b>	142150	140142	217219	151151	182182	085093	293295
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>36</b>	142142	142144	215219	165167	182184	085099	287287
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>37</b>	142142	134144	213215	151165	182184	089091	295297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>38</b>	140146	142144	215217	151151	184184	085091	289297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>39</b>	142150	144144	215215	163167	182184	085089	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>40</b>	142162	144144	215217	151169	184184	089095	287293
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>41</b>	142142	142144	215219	163167	182184	081091	287297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>42</b>	140152	134138	217221	157167	182184	085091	287291
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>43</b>	142142	134134	215217	165167	182184	079089	297297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>44</b>	142142	140142	217217	165167	184184	089099	291297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>45</b>	140150	140140	211221	165167	182184	081095	287297
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>46</b>	142142	142144	217219	151167	184184	085089	287287
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>47</b>	152152	138144	219221	145151	182184	091091	293301

	<b>A GRUBU</b>	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>HEL 5</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>
<b>Esmer İsviçre</b>	<b>48</b>	142150	134142	219221	167169	184184	081081	283291
<b>Holstein</b>	<b>1</b>	150164	134142	211217	161161	182184	085093	291295
<b>Holstein</b>	<b>2</b>	142148	134142	217217	151163	182184	091093	287293
<b>Holstein</b>	<b>3</b>	138184	134142	215215	151161	182184	085093	295301
<b>Holstein</b>	<b>4</b>	152184	140142	215217	151161	184184	091093	293293
<b>Holstein</b>	<b>5</b>	138162	142144	217217	151161	184184	085093	297297
<b>Holstein</b>	<b>6</b>	140172	136146	217219	163163	182182	081091	287293
<b>Holstein</b>	<b>7</b>	142142	142144	215215	161163	182182	091099	293297
<b>Holstein</b>	<b>8</b>	150174	134138	217223	145151	182182	085085	287291
<b>Holstein</b>	<b>9</b>	142164	142144	211215	151163	182182	091099	295295
<b>Holstein</b>	<b>10</b>	142184	138144	217219	161163	182184	089091	293295
<b>Holstein</b>	<b>11</b>	142150	136142	217217	163167	182182	093093	293293
<b>Holstein</b>	<b>12</b>	150164	134142	211219	163167	184184	089099	293293
<b>Holstein</b>	<b>13</b>	148162	144144	217221	151167	184184	085093	293295
<b>Holstein</b>	<b>14</b>	142142	136142	217217	151151	182182	085099	293295
<b>Holstein</b>	<b>15</b>	140140	134142	217219	163163	182184	081091	293295
<b>Holstein</b>	<b>16</b>	140148	142144	217217	151151	182184	085091	289293
<b>Holstein</b>	<b>17</b>	164184	142142	215217	151163	182184	099099	293295
<b>Holstein</b>	<b>18</b>	142142	140144	217219	161163	182184	083091	289289
<b>Holstein</b>	<b>19</b>	142164	134144	211217	151163	182184	093099	291293
<b>Holstein</b>	<b>20</b>	142148	134144	211217	151151	182184	081085	289301
<b>Holstein</b>	<b>21</b>	164184	142142	215217	151163	182182	089099	293295
<b>Holstein</b>	<b>22</b>	142174	134142	215217	149151	182184	085099	289293
<b>Holstein</b>	<b>23</b>	142148	134146	211217	151151	182182	099105	289295
<b>Holstein</b>	<b>24</b>	150164	142144	215217	161163	182182	091099	287297
<b>Holstein</b>	<b>25</b>	142174	144146	215217	151167	182182	091099	289289
<b>Holstein</b>	<b>26</b>	148174	142144	211219	149151	184184	081093	291293
<b>Holstein</b>	<b>27</b>	150164	144144	217217	163163	182184	083099	289293
<b>Holstein</b>	<b>28</b>	142164	134142	207215	163167	182184	085099	291295
<b>Holstein</b>	<b>29</b>	142152	142142	217223	151163	182184	085095	289295

<b>Holstein</b>	<b>30</b>	142148	134134	211217	149151	182184	091105	289295
<b>Holstein</b>	<b>31</b>	142174	134144	215217	163167	182184	081085	295295
<b>Holstein</b>	<b>32</b>	142164	134144	217217	161163	182184	093099	293295
<b>Holstein</b>	<b>33</b>	142172	142142	215221	163163	184184	089091	295297
<b>Holstein</b>	<b>34</b>	162164	142146	217221	151163	184184	091099	293295
<b>Holstein</b>	<b>35</b>	162164	142144	217217	159163	182184	085091	287297
<b>Holstein</b>	<b>36</b>	142150	136150	217219	151165	182184	085085	289295
<b>Holstein</b>	<b>37</b>	142174	144144	211219	151163	182182	081095	289293
<b>Holstein</b>	<b>38</b>	152172	142152	207221	163163	182182	083095	293293
<b>Holstein</b>	<b>39</b>	164164	142150	219223	145151	182182	081099	295295
<b>Holstein</b>	<b>40</b>	142148	148152	217217	151163	182182	085085	289295
<b>Holstein</b>	<b>41</b>	142150	142144	211217	161163	182184	089099	289295
<b>Holstein</b>	<b>42</b>	162174	134142	217223	161163	182184	085099	293293
<b>Holstein</b>	<b>43</b>	148152	142144	209215	151151	182184	081091	291295
<b>Holstein</b>	<b>44</b>	142150	142142	217219	151159	184184	091099	289297
<b>Holstein</b>	<b>45</b>	150162	144144	211211	151163	182184	091093	295295
<b>Holstein</b>	<b>46</b>	150164	134142	217217	163163	182184	081091	289295
<b>Holstein</b>	<b>47</b>	164184	142144	215219	163163	184184	083093	293301

**Tablo. 1.** Çalışılan 7 Mikrosatellit Lokusu Ve Gözlenen Allel Uzunlukları

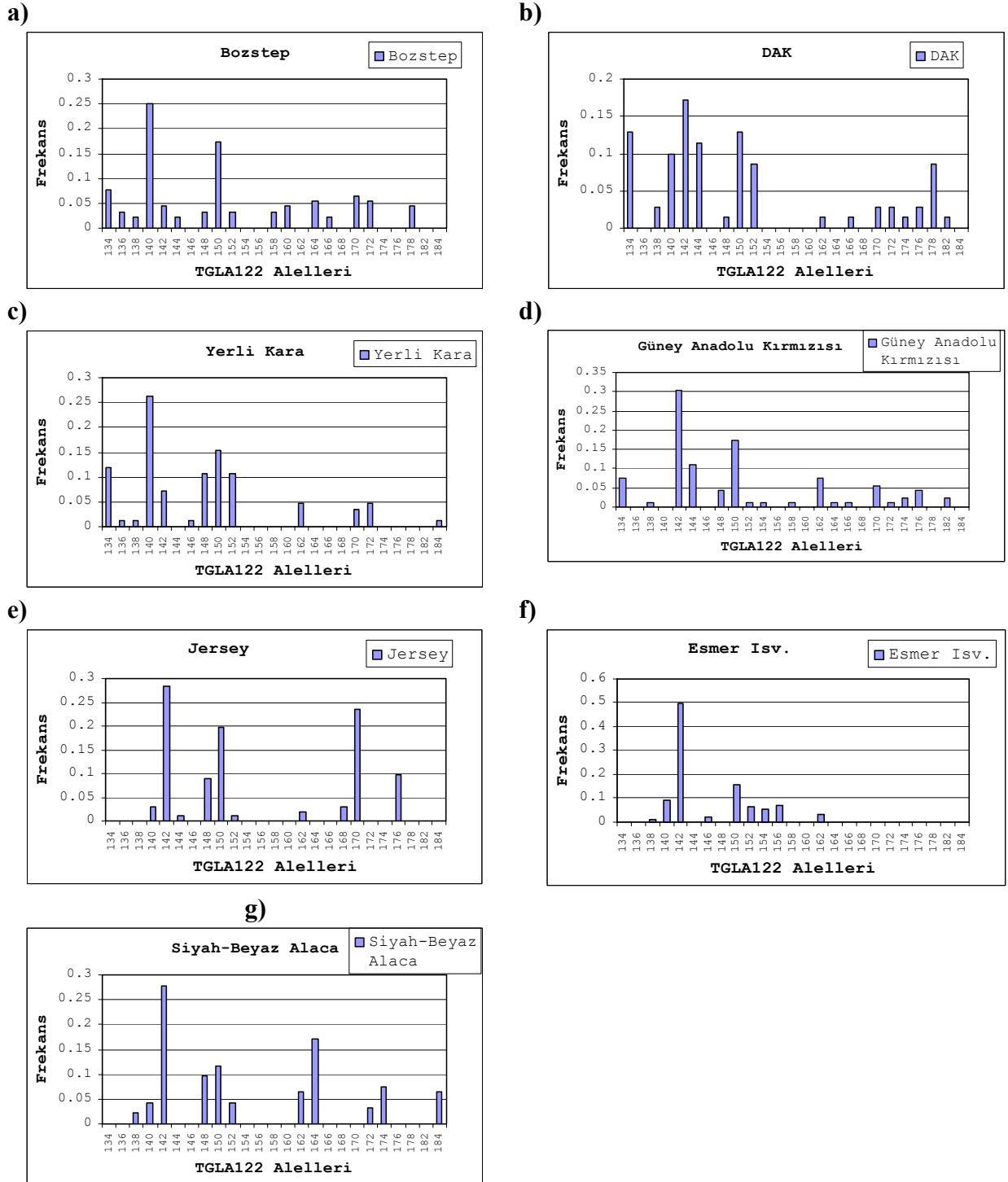
	<b>TGLA122</b>	<b>ETH225</b>	<b>ETH10</b>	<b>ILSTS005</b>	<b>TGLA227</b>	<b>ILSTS006</b>	<b>HEL5</b>
<b>1</b>	134	134	205	180	73	283	135
<b>2</b>	136	136	207	182	75	285	137
<b>3</b>	138	138	209	184	77	287	141
<b>4</b>	140	140	211	186	79	289	143
<b>5</b>	142	142	213	188	81	291	145
<b>6</b>	144	144	215	190	83	293	147
<b>7</b>	146	146	217	192	85	295	149
<b>8</b>	148	148	219		87	297	151
<b>9</b>	150	150	221		89	299	153
<b>10</b>	152	152	223		91	301	155
<b>11</b>	154	154			93	303	157
<b>12</b>	156	156			95		159
<b>13</b>	158	166			97		161
<b>14</b>	160				99		163
<b>15</b>	162				101		165
<b>16</b>	164				103		167
<b>17</b>	166				105		169
<b>18</b>	168						171
<b>19</b>	170						173
<b>20</b>	172						
<b>21</b>	174						
<b>22</b>	176						
<b>23</b>	178						
<b>24</b>	182						
<b>25</b>	184						
<b>TOPLAM</b>	<b>25</b>	<b>13</b>	<b>10</b>	<b>7</b>	<b>17</b>	<b>11</b>	<b>19</b>

Aşağıdaki tabloda çalışılan ırklarda ve çalışılan lokuslarda gözlenen allel sayıları, gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri ve popülasyona özgü allel sayıları (**Tablo.2**) tek bir tablo halinde özetlenerek verilmiştir.

**Tablo.2.**Çalışılan Populasyonlarda Mikrosatellit Lokuslarında Gözlenen Allel Sayıları, Gözlenen ve Beklenen Heterozigotluk Düzeyleri, Populasyonlara Özgü Allel Sayıları.

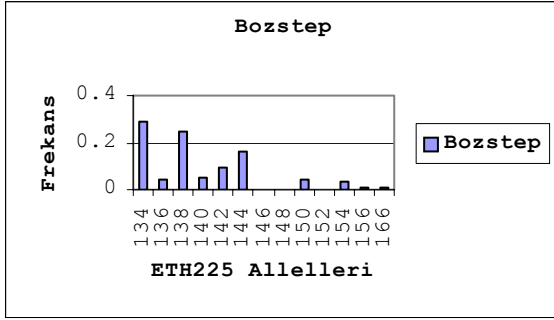
Mikrosatellit ismi		Bozstep (Bozırk)	Doğu Anadolu Kırmızısı	Yerli Kara	Güney Anadolu Kırmızısı	Jersey	Esmer İsviçre	Siyah-Beyaz Alaca
<b>TGLA122</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	16	16	13	17	11	9	11
	$H_e$	0.8896	0.9085	0.8692	0.8545	0.8136	0.7107	0.8620
	$H_o$	0.8043	0.7714	0.8333	0.7174	0.8431	0.6667	0.8936
<b>ETH225</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	10	11	10	10	6	6	10
	$H_e$	0.8161	0.8468	0.8666	0.7953	0.6915	0.7706	0.7605
	$H_o$	0.7174	0.8571	0.7381	0.7391	0.7451	0.8125	0.7872
<b>ETH10</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	9	8	7	9	6	6	8
	$H_e$	0.7702	0.7193	0.8101	0.7506	0.7507	0.7669	0.7255
	$H_o$	0.7609	0.6571	0.7381	0.6739	0.7451	0.8333	0.7234
<b>HEL5</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	10	10	13	11	9	14	8
	$H_e$	0.7862	0.7573	0.8302	0.8433	0.7738	0.8366	0.7227
	$H_o$	0.6522	0.6571	0.8333	0.7609	0.8431	0.8125	0.7234
<b>ILSTS005</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	6	4	5	6	2	3	2
	$H_e$	0.5461	0.5586	0.6213	0.4964	0.4669	0.4866	0.4997
	$H_o$	0.4783	0.4286	0.5714	0.4783	0.5686	0.4792	0.5106
<b>TGLA227</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	13	14	14	15	12	10	9
	$H_e$	0.8567	0.8907	0.8835	0.8978	0.8123	0.8463	0.8497
	$H_o$	0.7111	0.7143	0.7857	0.6087	0.7800	0.8750	0.8913
<b>ILSTS006</b>	Örnek Sayısı	46	35	42	46	51	48	47
	$n_A$ (Allel Sayısı)	8	8	10	11	8	9	7
	$H_e$	0.7587	0.7785	0.7992	0.8481	0.8327	0.7820	0.7847
	$H_o$	0.6522	0.5714	0.6429	0.7609	0.8039	0.6667	0.7447
<b>Populasyona Özgü Allel</b>		3	-	2	1	3	1	1

**Şekil.6.1.2.a. Çalışılan Irklarda Her Mikrosatellit Bölgesinde Gözlenen Allellerin Sayı ve Görülme Sıklığı**

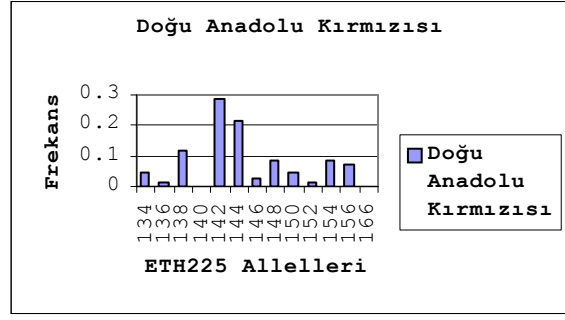


**A) TGLA122 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı**

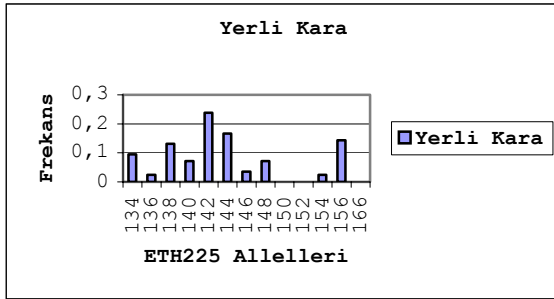
a)



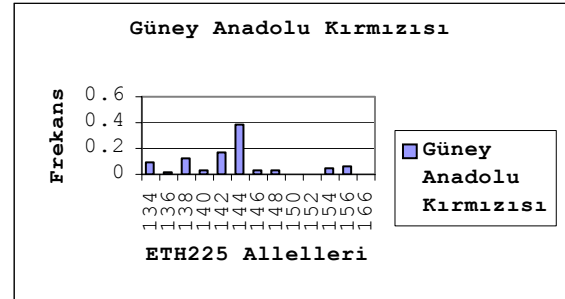
b)



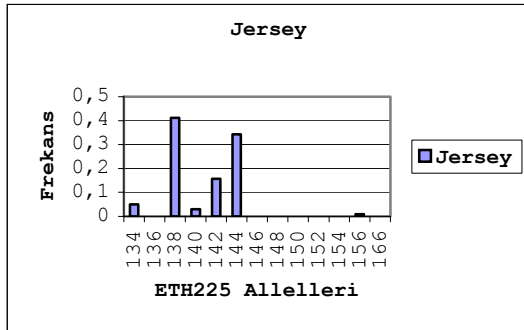
c)



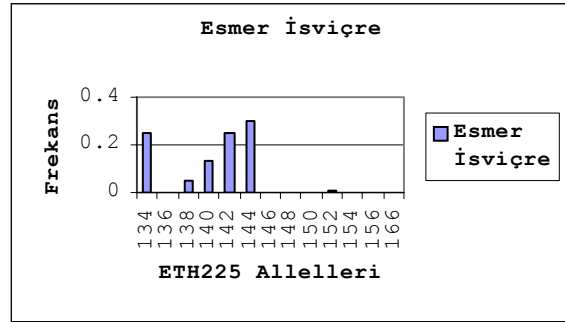
d)



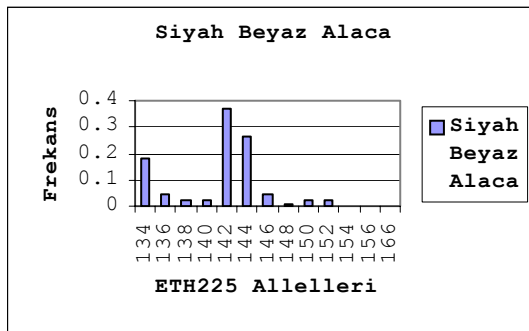
e)



f)

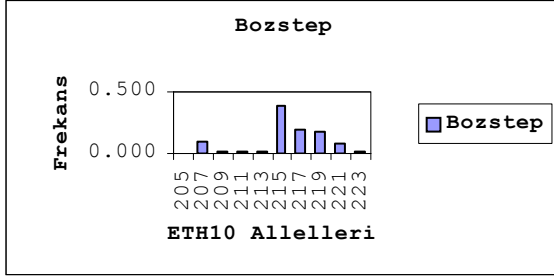


g)

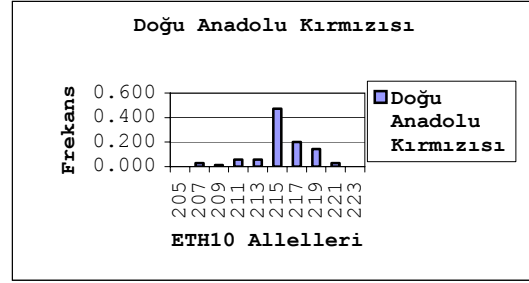


## B) ETH225 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı

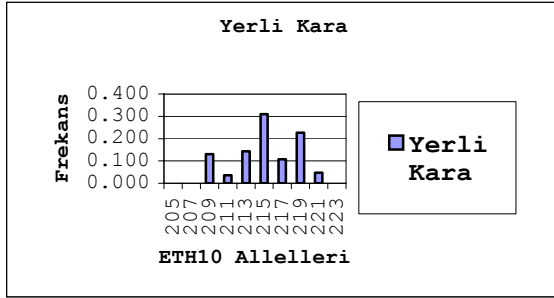
a)



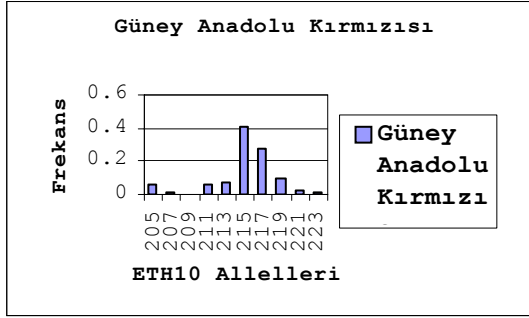
b)



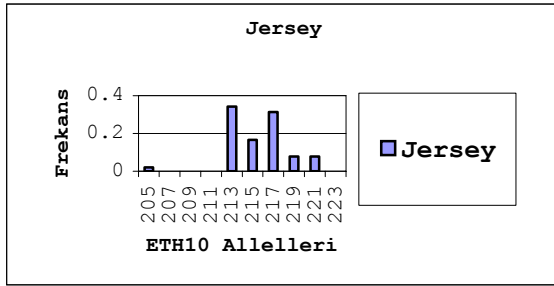
c)



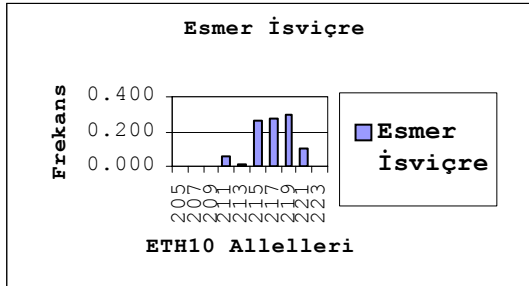
d)



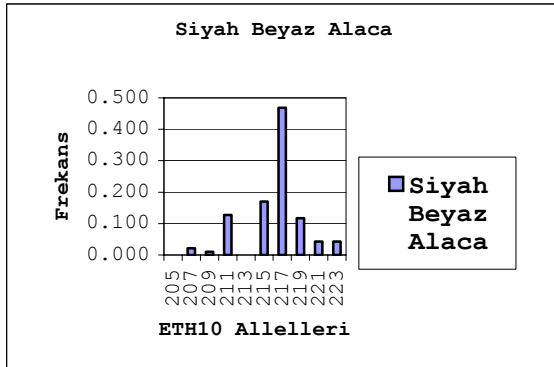
e)



f)



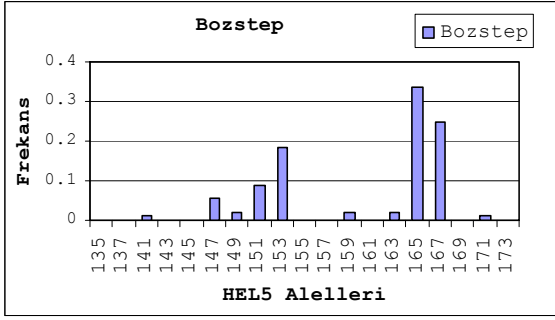
g)



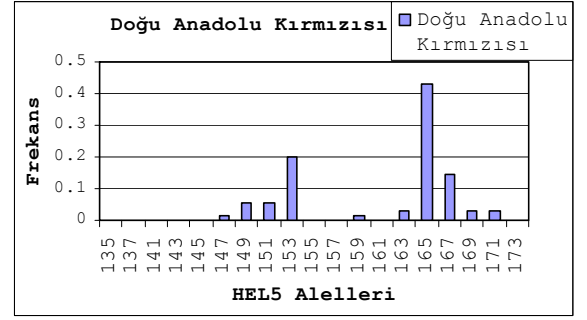
**C) ETH10 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı**



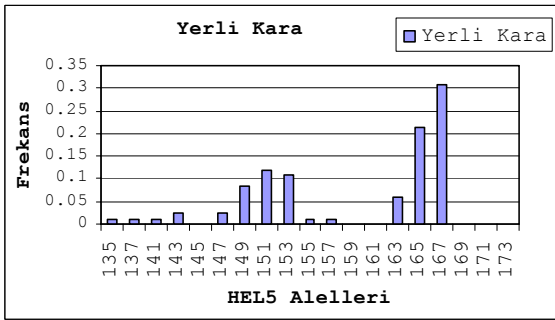
a)



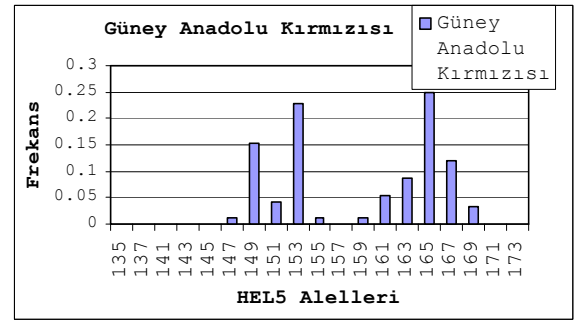
b)



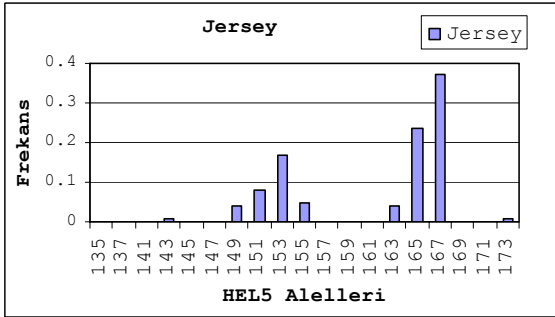
c)



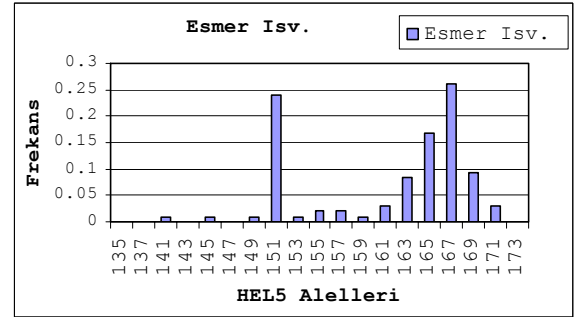
d)



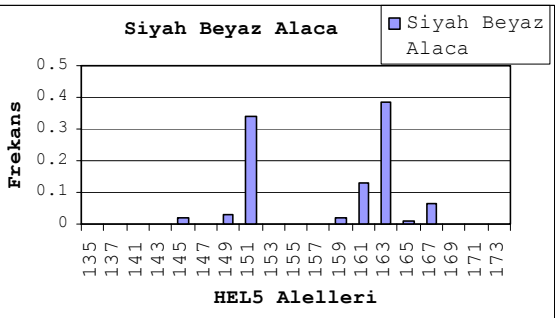
e)



f)

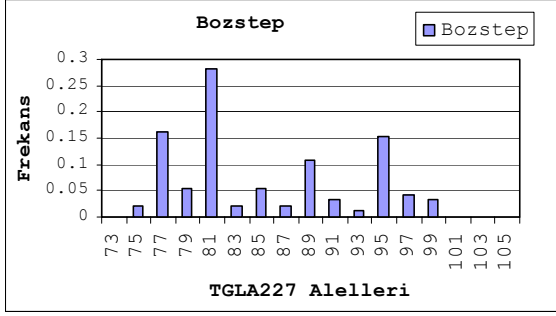


g)

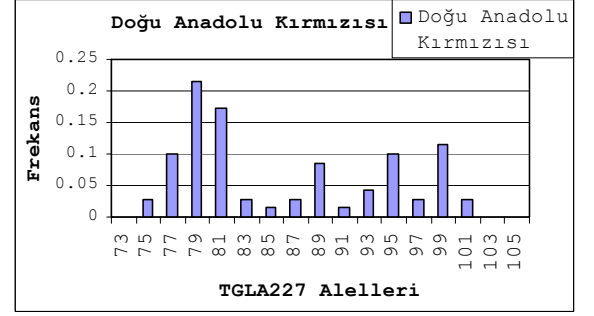


#### D) HEL5 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı

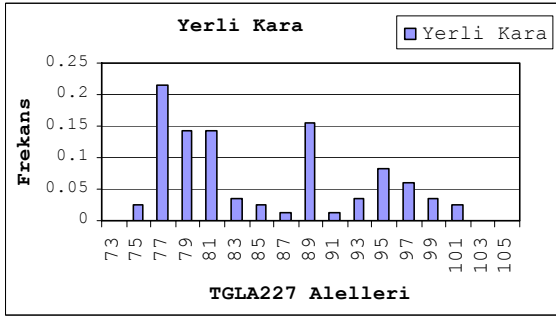
a)



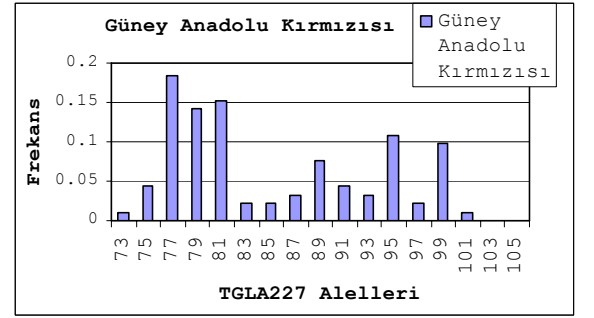
b)



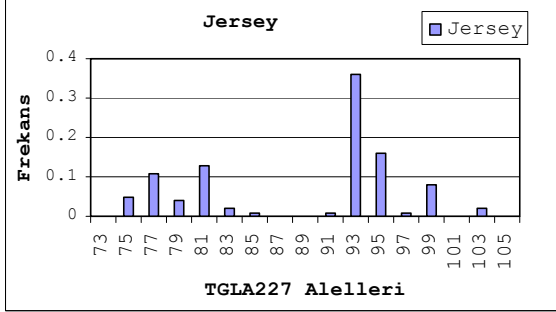
c)



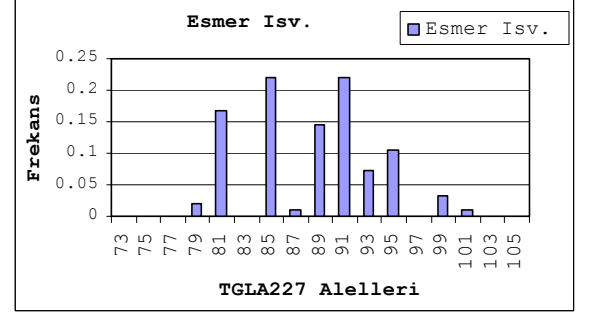
d)



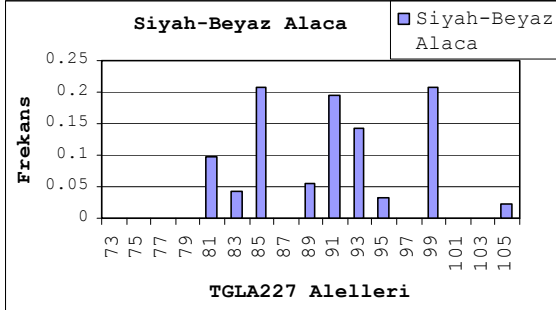
e)



f)

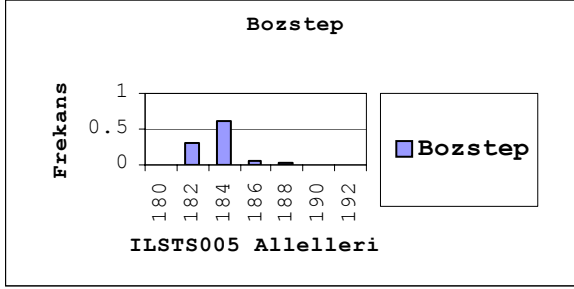


g)

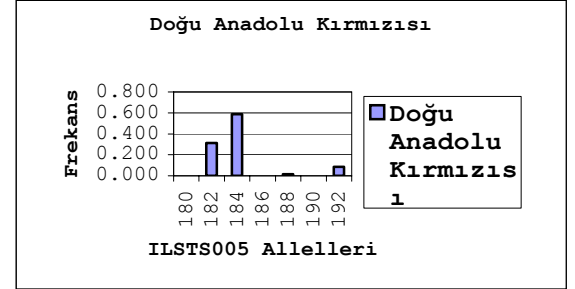


**E) TGLA227 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı**

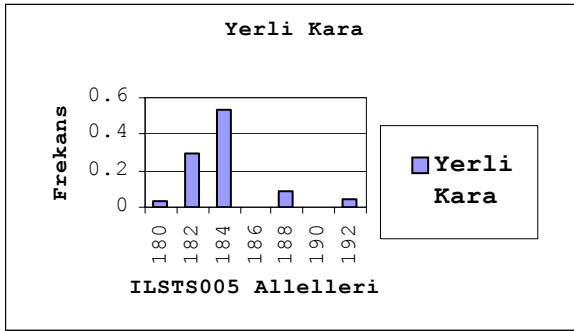
a)



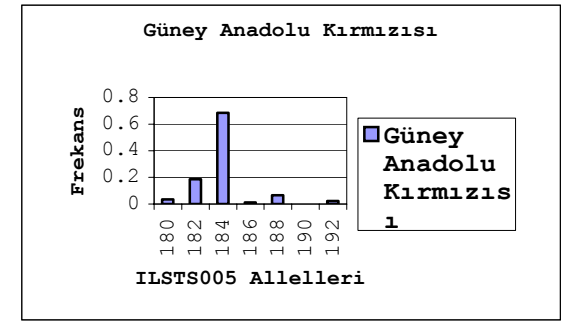
b)



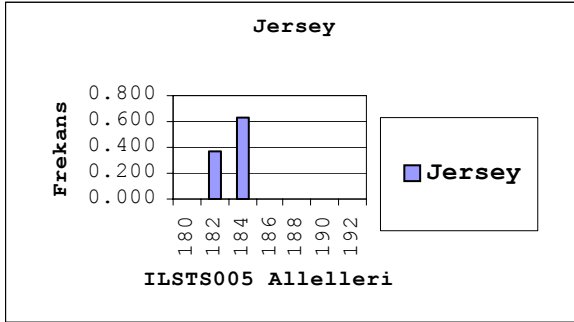
c)



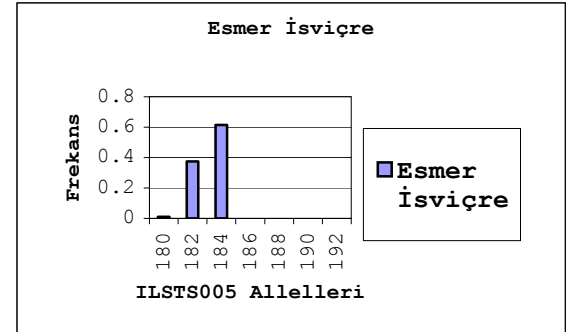
d)



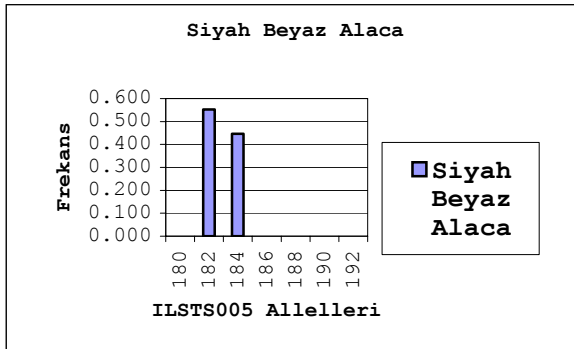
e)



f)

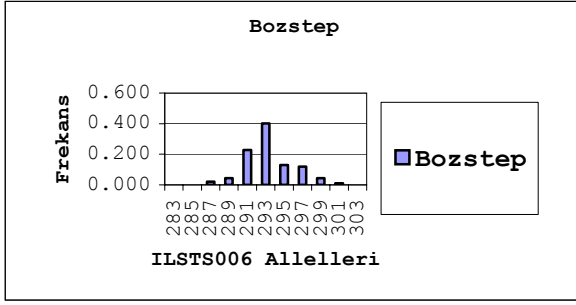


g)

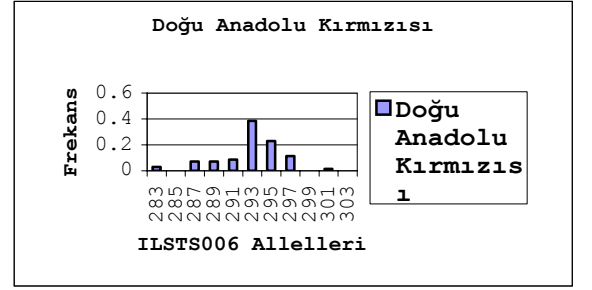


## F) ILSTS005 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı

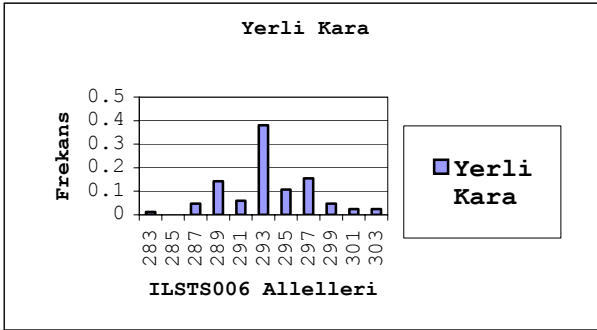
a)



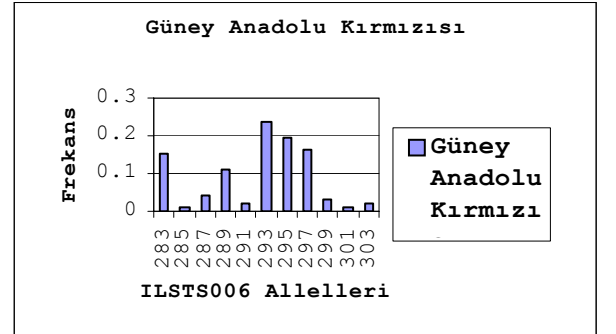
b)



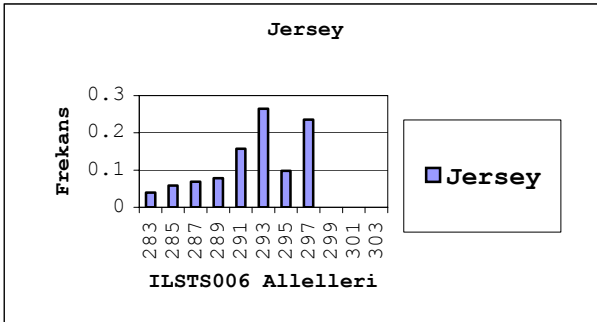
c)



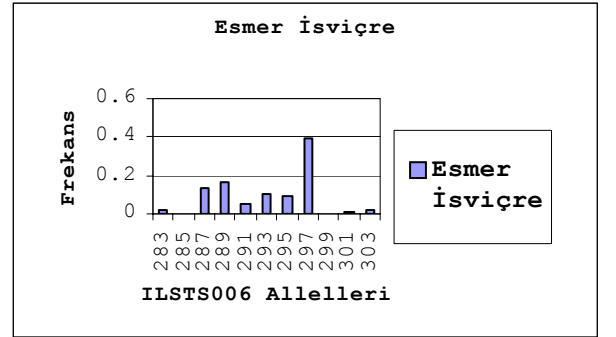
d)



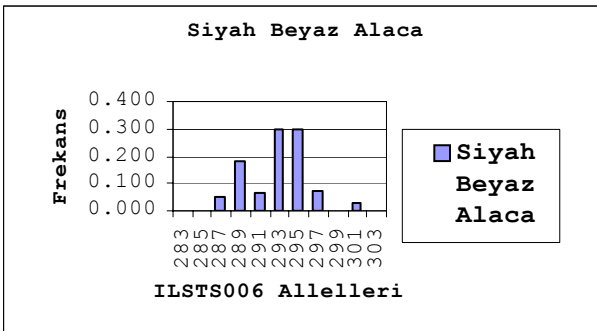
e)



f)



g)



### G) ILSTS006 Mikrosatellit Bölgesinin Irklarda Görülme Sıklığı



### EK.3. BİREYLERİN AYRILMASI TESTİ SONUÇLARI

(ASSIGNMENT TEST RESULT)

GeneClass 1.0.02 (16.II.99)

COMPUTATION STARTED. Date: 02.03.2005 Time: 01:22:11.

REFERENCE FILE: C:\Belgelerim\emelraporfile\Emel\_ANALIZ\geneClass\emelcattleresult.pop

TITLE: Vous pouvez éditer cette ligne !

SELECTED LOCI: ETH10 ETH225 HEL 5 ILSTS005 ILSTS006 TGLA122 TGLA227

SELF CLASSIFICATION

"Bayesian" Method.

10000 simulated individuals, threshold=0.2000, Bayesian estimation of frequencies.

"Leave One Out" procedure.

num.	name	group	loc.	Bozstep	DAK	YKara	GAK	Jersey	EsmIsv	HlStn	classified in
1	Bozstep	[	Bozstep]	7  19.64 0.0000	18.90 0.0000	17.23 0.0000	16.87 0.0000	19.99 0.0000	21.92 0.0000	23.85 0.0000	
2	Bozstep	[	Bozstep]	7  12.10 0.0349	12.98 0.0148	12.85 0.0259	10.46 0.3229	16.54 0.0000	16.50 0.0000	18.29 0.0000	GAK
3	Bozstep	[	Bozstep]	7  10.92 0.1347	11.33 0.1047	11.95 0.0793	14.11 0.0043	14.72 0.0001	12.42 0.0048	12.57 0.0046	
4	Bozstep	[	Bozstep]	7  11.92 0.0433	11.26 0.1133	11.98 0.0750	10.03 0.4394	14.74 0.0001	13.25 0.0014	13.72 0.0009	GAK
5	Bozstep	[	Bozstep]	7  13.11 0.0085	16.28 0.0002	14.86 0.0013	14.03 0.0049	17.01 0.0000	17.61 0.0000	17.88 0.0000	
6	Bozstep	[	Bozstep]	7  10.33 0.2465	12.25 0.0361	12.68 0.0311	10.88 0.2304	12.94 0.0015	13.64 0.0011	15.27 0.0000	Bozstep, GAK
7	Bozstep	[	Bozstep]	7  15.34 0.0003	10.25 0.2958	13.59 0.0111	9.97 0.4546	13.64 0.0008	18.64 0.0000	21.26 0.0000	DAK, GAK
8	Bozstep	[	Bozstep]	7  12.27 0.0264	13.00 0.0136	16.70 0.0000	16.82 0.0000	14.97 0.0001	22.45 0.0000	20.82 0.0000	
9	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.90 0.3350	12.28 0.0354	12.54 0.0357	12.44 0.0450	15.00 0.0001	12.57 0.0038	9.33 0.2103	Bozstep, HlStn
10	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.96 0.3260	11.07 0.1398	10.65 0.2934	8.24 0.9031	10.99 0.0239	13.23 0.0014	16.51 0.0000	Bozstep, YKara, GAK
11	Bozstep	[	Bozstep]	7  8.08 0.8582	8.54 0.7814	8.66 0.8792	9.57 0.5786	12.00 0.0060	14.83 0.0003	17.79 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
12	Bozstep	[	Bozstep]	7  7.52 0.9429	7.65 0.9503	9.10 0.7689	10.09 0.4198	8.89 0.2349	9.44 0.1764	12.12 0.0082	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
13	Bozstep	[	Bozstep]	7  8.49 0.7552	10.38 0.2647	9.59 0.6177	12.80 0.0272	12.63 0.0023	10.80 0.0397	13.13 0.0023	Bozstep, DAK, YKara
14	Bozstep	[	Bozstep]	7  10.01 0.3105	10.60 0.2184	11.48 0.1335	12.17 0.0626	13.40 0.0009	13.52 0.0013	12.88 0.0028	Bozstep, DAK
15	Bozstep	[	Bozstep]	7  8.47 0.7574	11.46 0.0921	11.54 0.1255	9.94 0.4617	13.86 0.0006	15.26 0.0002	17.40 0.0000	Bozstep, GAK
16	Bozstep	[	Bozstep]	7  13.12 0.0095	13.55 0.0061	13.35 0.0151	14.81 0.0011	16.34 0.0000	16.90 0.0000	15.91 0.0000	
17	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.33 0.5022	10.99 0.1506	10.02 0.4755	11.97 0.0772	12.90 0.0015	12.54 0.0042	13.20 0.0022	Bozstep, YKara
18	Bozstep	[	Bozstep]	7  6.97 0.9871	7.84 0.9259	7.66 0.9900	10.67 0.2744	10.63 0.0383	12.54 0.0042	15.90 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
19	Bozstep	[	Bozstep]	7  13.22 0.0074	16.85 0.0002	18.70 0.0000	19.24 0.0000	19.83 0.0000	17.85 0.0000	18.47 0.0000	
20	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.55 0.4371	10.23 0.2996	9.92 0.5049	13.64 0.0090	15.22 0.0001	11.52 0.0172	13.86 0.0008	Bozstep, DAK, YKara
21	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.53 0.4359	11.48 0.0900	10.69 0.2859	14.76 0.0011	11.50 0.0104	15.06 0.0002	15.14 0.0000	Bozstep, YKara
22	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.41 0.4862	11.19 0.1227	10.77 0.2666	15.69 0.0001	9.58 0.1167	10.72 0.0442	11.88 0.0113	Bozstep, YKara
23	Bozstep	[	Bozstep]	7  9.69 0.3946	10.71 0.1984	9.74 0.5665	11.61 0.1145	13.15 0.0011	15.79 0.0000	17.84 0.0000	Bozstep, YKara
24	Bozstep	[	Bozstep]	7  8.33 0.7884	11.82 0.0613	12.02 0.0730	12.62 0.0351	13.81 0.0007	12.55 0.0039	15.62 0.0000	Bozstep
25	Bozstep	[	Bozstep]	7  10.19 0.2711	12.76 0.0200	14.11 0.0045	14.18 0.0036	16.31 0.0000	18.83 0.0000	18.07 0.0000	Bozstep
26	Bozstep	[	Bozstep]	7  10.86 0.1461	12.71 0.0210	11.77 0.0974	11.01 0.2067	15.69 0.0000	20.84 0.0000	20.78 0.0000	GAK

27	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.68	0.4020	10.40	0.2621	9.92	0.5076	13.21	0.0161	15.08	0.0001	13.83	0.0009	13.04	0.0024	Bozstep, DAK, YKara
28	Bozstep	[	Bozstep]	7	8.64	0.7058	11.16	0.1257	11.54	0.1240	14.06	0.0045	15.35	0.0001	14.43	0.0004	14.97	0.0000	Bozstep
29	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.55	0.4412	11.67	0.0735	11.09	0.1964	15.25	0.0004	10.81	0.0311	12.89	0.0025	16.56	0.0000	Bozstep
30	Bozstep	[	Bozstep]	7	7.90	0.8898	11.27	0.1123	8.64	0.8836	12.86	0.0258	13.61	0.0008	10.11	0.0948	13.99	0.0006	Bozstep, YKara
31	Bozstep	[	Bozstep]	7	10.15	0.2763	9.98	0.3594	9.78	0.5530	12.68	0.0312	14.30	0.0003	16.06	0.0000	16.42	0.0000	Bozstep, DAK, YKara
32	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.93	0.3399	11.73	0.0684	11.47	0.1351	12.45	0.0449	14.70	0.0001	19.37	0.0000	20.40	0.0000	Bozstep
33	Bozstep	[	Bozstep]	7	10.47	0.2141	14.49	0.0010	14.41	0.0029	14.88	0.0007	16.29	0.0000	19.22	0.0000	18.02	0.0000	Bozstep
34	Bozstep	[	Bozstep]	7	10.61	0.1842	10.12	0.3232	15.03	0.0012	13.95	0.0058	17.06	0.0000	18.59	0.0000	17.14	0.0000	DAK
35	Bozstep	[	Bozstep]	7	10.51	0.2022	10.97	0.1532	13.28	0.0166	15.07	0.0006	14.80	0.0001	15.09	0.0002	15.75	0.0000	Bozstep
36	Bozstep	[	Bozstep]	7	12.79	0.0120	14.94	0.0005	14.15	0.0041	17.41	0.0000	17.56	0.0000	15.77	0.0000	17.96	0.0000	
37	Bozstep	[	Bozstep]	7	7.65	0.9278	9.40	0.5270	9.23	0.7327	12.50	0.0420	12.80	0.0018	15.53	0.0000	17.61	0.0000	Bozstep, DAK, YKara
38	Bozstep	[	Bozstep]	7	8.40	0.7790	9.91	0.3778	11.01	0.2117	13.78	0.0076	14.61	0.0001	14.89	0.0003	14.72	0.0002	Bozstep, DAK, YKara
39	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.07	0.5871	14.49	0.0010	11.70	0.1044	15.43	0.0002	16.41	0.0000	18.44	0.0000	22.39	0.0000	Bozstep
40	Bozstep	[	Bozstep]	7	11.55	0.0693	11.64	0.0770	12.06	0.0699	11.62	0.1130	11.94	0.0061	13.72	0.0011	16.90	0.0000	
41	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.01	0.5989	9.58	0.4686	10.53	0.3259	10.19	0.3939	9.99	0.0781	16.57	0.0000	17.85	0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
42	Bozstep	[	Bozstep]	7	11.45	0.0756	12.04	0.0472	9.45	0.6637	15.72	0.0001	17.43	0.0000	15.41	0.0002	17.33	0.0000	YKara
43	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.17	0.5450	12.59	0.0248	13.75	0.0085	14.74	0.0011	17.28	0.0000	13.07	0.0017	14.94	0.0000	Bozstep
44	Bozstep	[	Bozstep]	7	9.43	0.4623	10.26	0.2925	11.00	0.2151	9.82	0.4990	14.44	0.0002	11.33	0.0212	15.09	0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
45	Bozstep	[	Bozstep]	7	12.79	0.0131	15.80	0.0002	16.87	0.0000	14.61	0.0016	15.77	0.0000	17.56	0.0000	20.18	0.0000	
46	Bozstep	[	Bozstep]	7	11.89	0.0520	14.95	0.0005	13.59	0.0111	16.54	0.0000	15.84	0.0000	16.56	0.0000	12.99	0.0026	
47	DAK	[	DAK]	7	17.56	0.0001	18.20	0.0000	19.18	0.0000	15.69	0.0001	21.41	0.0000	20.40	0.0000	21.73	0.0000	
48	DAK	[	DAK]	7	8.32	0.7854	9.39	0.5501	9.42	0.6752	9.33	0.6518	13.78	0.0007	13.13	0.0015	14.44	0.0006	Bozstep, DAK, YKara, GAK
49	DAK	[	DAK]	7	10.25	0.2539	10.07	0.3411	9.96	0.4954	11.04	0.2000	14.20	0.0004	14.71	0.0003	16.19	0.0000	Bozstep, DAK, YKara
50	DAK	[	DAK]	7	11.04	0.1209	8.51	0.8085	13.41	0.0143	9.15	0.6973	15.45	0.0000	16.62	0.0000	19.39	0.0000	DAK, GAK
51	DAK	[	DAK]	7	16.77	0.0002	12.82	0.0182	12.94	0.0233	10.39	0.3398	14.50	0.0002	14.33	0.0004	18.86	0.0000	GAK
52	DAK	[	DAK]	7	11.98	0.0417	10.48	0.2436	13.18	0.0185	9.96	0.4560	12.83	0.0018	15.21	0.0002	17.04	0.0000	DAK, GAK
53	DAK	[	DAK]	7	9.81	0.3615	10.25	0.2917	12.21	0.0570	12.12	0.0667	13.65	0.0008	17.11	0.0000	13.69	0.0009	Bozstep, DAK
54	DAK	[	DAK]	7	16.44	0.0003	13.44	0.0061	17.66	0.0000	12.82	0.0267	15.23	0.0001	20.71	0.0000	21.00	0.0000	
55	DAK	[	DAK]	7	10.82	0.1518	11.79	0.0589	10.65	0.2935	9.47	0.6065	11.23	0.0169	7.24	0.8030	9.23	0.2326	YKara, GAK, EsmIsv, Hltn
56	DAK	[	DAK]	7	9.44	0.4656	11.53	0.0824	10.06	0.4636	10.02	0.4412	12.83	0.0018	16.28	0.0000	18.45	0.0000	Bozstep, YKara, GAK
57	DAK	[	DAK]	7	11.22	0.1011	10.14	0.3155	13.13	0.0195	11.58	0.1183	13.12	0.0011	12.94	0.0023	12.91	0.0027	DAK
58	DAK	[	DAK]	7	12.13	0.0334	10.62	0.2190	12.22	0.0562	10.22	0.3861	12.72	0.0022	11.37	0.0204	13.08	0.0024	DAK, GAK
59	DAK	[	DAK]	7	13.54	0.0066	10.84	0.1730	10.03	0.4741	14.29	0.0029	14.95	0.0001	16.17	0.0000	19.80	0.0000	YKara
60	DAK	[	DAK]	7	13.44	0.0075	12.43	0.0272	11.50	0.1305	12.58	0.0378	16.46	0.0000	14.93	0.0002	15.22	0.0000	
61	DAK	[	DAK]	7	10.65	0.1785	11.14	0.1294	10.64	0.2974	10.98	0.2112	15.82	0.0000	14.40	0.0004	17.24	0.0000	YKara, GAK
62	DAK	[	DAK]	7	10.43	0.2179	10.60	0.2215	10.14	0.4392	9.90	0.4728	7.50	0.6548	13.79	0.0010	17.60	0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
63	DAK	[	DAK]	7	9.71	0.3904	11.00	0.1474	11.60	0.1159	11.82	0.0913	11.36	0.0136	14.61	0.0004	17.51	0.0000	Bozstep
64	DAK	[	DAK]	7	9.35	0.4914	8.88	0.7167	12.31	0.0500	8.49	0.8575	13.48	0.0008	13.87	0.0008	16.09	0.0000	Bozstep, DAK, GAK
65	DAK	[	DAK]	7	10.52	0.2007	8.68	0.7706	9.31	0.7092	12.02	0.0726	16.75	0.0000	20.28	0.0000	23.59	0.0000	Bozstep, DAK, YKara

66	DAK [	DAK]	7	14.73 0.0012	10.09 0.3404	10.97 0.2206	10.68 0.2735	13.60 0.0008	12.91 0.0025	17.25 0.0000	DAK, YKara, GAK
67	DAK [	DAK]	7	8.61 0.7091	7.81 0.9438	8.11 0.9615	8.01 0.9371	10.97 0.0247	14.45 0.0004	16.65 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
68	DAK [	DAK]	7	11.78 0.0540	9.49 0.5044	13.95 0.0061	12.77 0.0284	17.20 0.0000	16.78 0.0000	19.09 0.0000	DAK
69	DAK [	DAK]	7	10.49 0.2059	8.78 0.7463	11.86 0.0883	10.65 0.2786	10.67 0.0363	11.63 0.0149	14.75 0.0002	Bozstep, DAK, GAK
70	DAK [	DAK]	7	12.94 0.0125	9.46 0.5251	14.47 0.0025	12.99 0.0218	15.17 0.0001	15.91 0.0000	19.63 0.0000	DAK
71	DAK [	DAK]	7	8.87 0.6347	8.11 0.9000	8.74 0.8620	12.19 0.0615	13.30 0.0010	13.87 0.0008	18.57 0.0000	Bozstep, DAK, YKara
72	DAK [	DAK]	7	11.30 0.0926	10.92 0.1664	10.26 0.4038	11.82 0.0906	13.88 0.0006	14.87 0.0003	15.82 0.0000	YKara
73	DAK [	DAK]	7	11.26 0.0966	9.69 0.4624	10.71 0.2796	10.82 0.2425	14.23 0.0004	20.23 0.0000	20.18 0.0000	DAK, YKara, GAK
74	DAK [	DAK]	7	12.14 0.0330	10.21 0.3002	11.76 0.0981	11.18 0.1774	17.14 0.0000	14.34 0.0004	13.55 0.0013	DAK
75	DAK [	DAK]	7	12.03 0.0385	13.78 0.0045	13.76 0.0082	15.96 0.0001	14.69 0.0001	15.40 0.0002	19.01 0.0000	
76	DAK [	DAK]	7	13.53 0.0066	12.13 0.0419	12.13 0.0649	10.63 0.2826	16.72 0.0000	15.76 0.0000	17.07 0.0000	GAK
77	DAK [	DAK]	7	18.60 0.0000	15.59 0.0000	11.10 0.1933	12.59 0.0372	15.35 0.0001	19.17 0.0000	19.38 0.0000	
78	DAK [	DAK]	7	12.48 0.0226	10.43 0.2554	15.00 0.0012	14.69 0.0014	20.31 0.0000	18.37 0.0000	18.05 0.0000	DAK
79	DAK [	DAK]	7	14.37 0.0021	11.98 0.0501	10.89 0.2376	13.60 0.0098	15.27 0.0001	12.18 0.0075	13.46 0.0014	YKara
80	DAK [	DAK]	7	13.43 0.0075	15.49 0.0000	13.09 0.0201	13.22 0.0157	20.11 0.0000	26.47 0.0000	24.55 0.0000	
81	DAK [	DAK]	7	13.23 0.0097	10.98 0.1571	10.48 0.3384	11.15 0.1808	16.27 0.0000	13.94 0.0007	11.91 0.0107	YKara
82	YKara [	YKara]	7	13.89 0.0041	13.75 0.0044	12.17 0.0548	13.56 0.0103	14.69 0.0001	16.15 0.0000	17.34 0.0000	
83	YKara [	YKara]	7	10.63 0.1817	10.65 0.2081	11.04 0.2042	12.47 0.0438	12.07 0.0057	13.26 0.0014	15.78 0.0000	DAK, YKara
84	YKara [	YKara]	7	10.26 0.2521	9.56 0.4774	8.47 0.9185	14.12 0.0042	14.54 0.0001	14.36 0.0004	16.14 0.0000	Bozstep, DAK, YKara
85	YKara [	YKara]	7	10.42 0.2199	10.64 0.2108	9.35 0.6975	11.36 0.1477	10.53 0.0438	10.65 0.0490	9.88 0.1255	Bozstep, DAK, YKara
86	YKara [	YKara]	7	16.16 0.0003	16.54 0.0002	13.67 0.0067	14.37 0.0027	22.90 0.0000	18.03 0.0000	21.04 0.0000	
87	YKara [	YKara]	7	11.36 0.0873	11.18 0.1243	13.50 0.0094	11.18 0.1765	11.18 0.0177	13.31 0.0014	15.30 0.0000	
88	YKara [	YKara]	7	19.03 0.0000	13.48 0.0067	13.27 0.0119	13.34 0.0135	17.18 0.0000	17.49 0.0000	16.94 0.0000	
89	YKara [	YKara]	7	16.04 0.0003	14.24 0.0019	11.68 0.1089	12.00 0.0743	14.99 0.0001	18.73 0.0000	19.13 0.0000	
90	YKara [	YKara]	7	11.59 0.0666	11.89 0.0562	10.12 0.4455	16.44 0.0000	14.61 0.0001	16.11 0.0000	15.63 0.0000	YKara
91	YKara [	YKara]	7	12.47 0.0229	13.48 0.0067	11.54 0.1242	15.70 0.0001	17.68 0.0000	17.52 0.0000	19.84 0.0000	
92	YKara [	YKara]	7	15.72 0.0003	14.18 0.0020	13.42 0.0102	12.55 0.0389	14.02 0.0004	16.09 0.0000	17.78 0.0000	
93	YKara [	YKara]	7	14.02 0.0034	11.27 0.1114	12.63 0.0302	8.93 0.7516	14.85 0.0001	15.70 0.0000	20.06 0.0000	GAK
94	YKara [	YKara]	7	9.80 0.3660	11.38 0.1003	9.22 0.7404	9.73 0.5273	11.91 0.0062	12.20 0.0073	17.88 0.0000	Bozstep, YKara, GAK
95	YKara [	YKara]	7	15.15 0.0008	15.06 0.0004	12.32 0.0452	11.57 0.1192	14.64 0.0001	19.23 0.0000	23.87 0.0000	
96	YKara [	YKara]	7	8.35 0.7790	10.75 0.1896	9.64 0.6116	11.23 0.1683	13.63 0.0008	12.10 0.0082	13.67 0.0009	Bozstep, YKara
97	YKara [	YKara]	7	15.28 0.0007	15.02 0.0005	10.92 0.2310	17.49 0.0000	19.68 0.0000	17.97 0.0000	18.70 0.0000	YKara
98	YKara [	YKara]	7	8.27 0.7976	7.40 0.9739	9.26 0.7408	8.51 0.8531	12.03 0.0058	16.27 0.0000	17.38 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK
99	YKara [	YKara]	7	13.39 0.0077	13.29 0.0085	12.22 0.0458	15.71 0.0001	15.51 0.0000	15.38 0.0002	15.28 0.0000	
100	YKara [	YKara]	7	8.37 0.7732	9.55 0.4804	8.96 0.8261	13.41 0.0128	9.75 0.0994	12.14 0.0079	13.66 0.0009	Bozstep, DAK, YKara
101	YKara [	YKara]	7	14.45 0.0020	12.70 0.0212	10.59 0.3037	18.91 0.0000	21.47 0.0000	19.38 0.0000	15.65 0.0000	YKara
102	YKara [	YKara]	7	11.67 0.0607	11.85 0.0581	12.74 0.0240	14.76 0.0011	15.28 0.0001	19.91 0.0000	20.60 0.0000	
103	YKara [	YKara]	7	11.13 0.1104	10.22 0.3026	11.94 0.0786	11.46 0.1333	16.01 0.0000	15.76 0.0000	16.45 0.0000	DAK
104	YKara [	YKara]	7	9.64 0.4083	9.01 0.6488	9.40 0.6843	12.93 0.0234	11.23 0.0169	12.68 0.0032	12.29 0.0060	Bozstep, DAK, YKara



105	YKara [	YKara]	7	11.11 0.1123	9.45 0.5112	10.74 0.2710	12.35 0.0499	13.03 0.0011	11.76 0.0121	12.88 0.0028	DAK, YKara
106	YKara [	YKara]	7	9.09 0.5683	9.68 0.4412	10.64 0.2978	14.51 0.0019	11.02 0.0222	14.43 0.0004	18.95 0.0000	Bozstep, DAK, YKara
107	YKara [	YKara]	7	11.97 0.0426	12.85 0.0180	12.22 0.0513	13.07 0.0195	14.65 0.0001	18.77 0.0000	16.86 0.0000	
108	YKara [	YKara]	7	11.28 0.0952	8.45 0.8062	9.22 0.7443	10.00 0.4475	12.96 0.0014	15.81 0.0000	18.39 0.0000	DAK, YKara, GAK
109	YKara [	YKara]	7	10.35 0.2336	10.94 0.1570	9.12 0.7704	12.84 0.0262	14.16 0.0004	11.52 0.0172	15.66 0.0000	Bozstep, YKara
110	YKara [	YKara]	7	10.00 0.3170	12.40 0.0312	10.54 0.3222	11.31 0.1555	13.89 0.0005	20.46 0.0000	18.44 0.0000	Bozstep, YKara
111	YKara [	YKara]	7	14.00 0.0035	11.56 0.0841	10.01 0.4786	15.94 0.0001	18.83 0.0000	13.08 0.0017	12.97 0.0026	YKara
112	YKara [	YKara]	7	11.94 0.0435	10.76 0.1886	9.74 0.5821	10.89 0.2273	11.84 0.0067	14.25 0.0004	13.36 0.0017	YKara, GAK
113	YKara [	YKara]	7	16.23 0.0003	13.62 0.0056	13.17 0.0146	14.39 0.0027	16.33 0.0000	17.84 0.0000	24.76 0.0000	
114	YKara [	YKara]	7	12.18 0.0314	11.19 0.1223	9.03 0.8011	13.18 0.0171	13.47 0.0008	19.96 0.0000	18.34 0.0000	YKara
115	YKara [	YKara]	7	17.50 0.0001	13.73 0.0045	14.56 0.0017	14.34 0.0028	16.62 0.0000	19.86 0.0000	21.19 0.0000	
116	YKara [	YKara]	7	12.70 0.0167	10.66 0.2061	11.07 0.2008	14.11 0.0043	15.30 0.0001	14.38 0.0004	18.06 0.0000	DAK, YKara
117	YKara [	YKara]	7	14.93 0.0010	14.94 0.0005	12.70 0.0290	19.04 0.0000	14.41 0.0002	18.53 0.0000	22.71 0.0000	
118	YKara [	YKara]	7	10.18 0.2718	11.30 0.1080	9.67 0.5932	9.72 0.5317	13.30 0.0010	16.68 0.0000	16.31 0.0000	Bozstep, YKara, GAK
119	YKara [	YKara]	7	13.77 0.0055	15.18 0.0004	14.04 0.0038	16.59 0.0000	21.46 0.0000	20.61 0.0000	18.45 0.0000	
120	YKara [	YKara]	7	13.24 0.0096	12.47 0.0293	11.89 0.0774	15.37 0.0002	17.42 0.0000	14.22 0.0005	18.15 0.0000	
121	YKara [	YKara]	7	14.17 0.0028	12.26 0.0356	10.42 0.3635	14.49 0.0022	20.37 0.0000	21.50 0.0000	18.42 0.0000	YKara
122	YKara [	YKara]	7	12.02 0.0386	11.55 0.0846	9.99 0.4881	11.64 0.1116	17.59 0.0000	17.15 0.0000	15.64 0.0000	YKara
123	YKara [	YKara]	7	11.44 0.0790	12.45 0.0299	12.48 0.0385	11.48 0.1310	13.75 0.0008	17.63 0.0000	21.15 0.0000	
124	GAK [	GAK]	7	16.43 0.0003	13.92 0.0038	13.99 0.0059	12.64 0.0325	13.91 0.0005	11.88 0.0102	14.74 0.0002	
125	GAK [	GAK]	7	10.78 0.1574	8.30 0.8451	9.96 0.4958	8.55 0.8552	9.74 0.1004	10.80 0.0397	11.32 0.0218	DAK, YKara, GAK
126	GAK [	GAK]	7	15.47 0.0005	10.79 0.1830	14.28 0.0035	8.80 0.7944	14.29 0.0003	16.22 0.0000	18.17 0.0000	GAK
127	GAK [	GAK]	7	12.92 0.0129	9.97 0.3628	11.83 0.0911	9.10 0.7129	10.99 0.0239	10.83 0.0384	13.66 0.0009	DAK, GAK
128	GAK [	GAK]	7	16.28 0.0003	12.97 0.0148	15.55 0.0005	10.19 0.3782	12.60 0.0025	15.81 0.0000	20.19 0.0000	GAK
129	GAK [	GAK]	7	15.54 0.0005	14.19 0.0020	15.35 0.0009	12.11 0.0624	13.98 0.0004	19.27 0.0000	22.61 0.0000	
130	GAK [	GAK]	7	12.38 0.0254	11.60 0.0800	14.75 0.0014	11.32 0.1469	18.14 0.0000	16.83 0.0000	21.87 0.0000	
131	GAK [	GAK]	7	16.53 0.0002	12.83 0.0182	15.41 0.0008	11.90 0.0801	14.14 0.0004	16.25 0.0000	16.54 0.0000	
132	GAK [	GAK]	7	11.72 0.0575	11.98 0.0502	11.15 0.1834	12.90 0.0228	7.68 0.5902	14.15 0.0005	16.74 0.0000	Jersey
133	GAK [	GAK]	7	12.39 0.0253	12.48 0.0288	9.85 0.5297	10.98 0.2104	12.57 0.0026	18.63 0.0000	16.34 0.0000	YKara, GAK
134	GAK [	GAK]	7	15.47 0.0005	11.88 0.0566	14.12 0.0045	10.25 0.3722	13.20 0.0011	17.14 0.0000	20.48 0.0000	GAK
135	GAK [	GAK]	7	11.82 0.0505	9.44 0.5136	10.32 0.3846	9.84 0.4943	11.27 0.0160	11.51 0.0172	13.83 0.0008	DAK, YKara, GAK
136	GAK [	GAK]	7	12.44 0.0240	12.44 0.0301	12.07 0.0696	12.32 0.0490	16.15 0.0000	19.66 0.0000	19.51 0.0000	
137	GAK [	GAK]	7	12.38 0.0255	13.36 0.0076	12.67 0.0319	12.17 0.0626	14.00 0.0004	22.44 0.0000	20.56 0.0000	
138	GAK [	GAK]	7	15.52 0.0005	13.30 0.0085	13.14 0.0191	10.14 0.4109	15.27 0.0001	14.18 0.0005	14.32 0.0006	GAK
139	GAK [	GAK]	7	12.64 0.0186	8.92 0.6757	10.49 0.3377	10.58 0.2824	16.86 0.0000	17.04 0.0000	20.10 0.0000	DAK, YKara, GAK
140	GAK [	GAK]	7	11.86 0.0480	11.03 0.1453	13.62 0.0105	13.48 0.0080	13.48 0.0008	12.91 0.0025	12.31 0.0057	
141	GAK [	GAK]	7	11.76 0.0549	11.72 0.0689	14.13 0.0045	10.76 0.2472	15.71 0.0000	20.55 0.0000	22.29 0.0000	GAK
142	GAK [	GAK]	7	12.92 0.0129	10.76 0.1884	10.92 0.2319	9.00 0.7363	12.38 0.0035	10.02 0.1031	10.17 0.0894	YKara, GAK
143	GAK [	GAK]	7	16.24 0.0003	13.35 0.0076	10.12 0.4468	12.64 0.0276	13.25 0.0010	18.24 0.0000	18.44 0.0000	YKara

144	GAK	[	GAK]	7	13.88	0.0041	10.88	0.1667	13.73	0.0087	13.78	0.0063	17.40	0.0000	18.89	0.0000	16.93	0.0000
145	GAK	[	GAK]	7	13.55	0.0066	13.47	0.0068	14.69	0.0015	11.35	0.1428	13.60	0.0008	16.22	0.0000	17.38	0.0000
146	GAK	[	GAK]	7	12.96	0.0123	11.25	0.1145	11.04	0.2050	9.99	0.4444	14.72	0.0001	12.02	0.0088	17.63	0.0000 YKara, GAK
147	GAK	[	GAK]	7	15.25	0.0007	12.93	0.0160	13.29	0.0165	12.78	0.0274	15.08	0.0001	13.36	0.0014	16.99	0.0000
148	GAK	[	GAK]	7	12.32	0.0284	7.41	0.9726	9.42	0.6735	8.48	0.8660	11.53	0.0100	12.05	0.0087	13.33	0.0017 DAK, YKara, GAK
149	GAK	[	GAK]	7	11.89	0.0461	10.02	0.3500	11.31	0.1571	7.62	0.9756	10.88	0.0288	11.33	0.0210	13.11	0.0023 DAK, GAK
150	GAK	[	GAK]	7	13.44	0.0075	10.65	0.2088	11.87	0.0878	7.78	0.9654	11.02	0.0226	11.78	0.0119	10.00	0.1097 DAK, GAK
151	GAK	[	GAK]	7	12.44	0.0240	10.21	0.3050	11.29	0.1602	8.84	0.7795	8.42	0.3546	10.33	0.0742	11.97	0.0093 DAK, GAK, Jersey
152	GAK	[	GAK]	7	16.42	0.0003	13.12	0.0113	13.96	0.0061	11.92	0.0826	13.07	0.0011	20.50	0.0000	21.99	0.0000
153	GAK	[	GAK]	7	13.17	0.0103	11.13	0.1296	10.96	0.2242	13.94	0.0042	17.50	0.0000	18.56	0.0000	15.93	0.0000 YKara
154	GAK	[	GAK]	7	13.24	0.0096	10.05	0.3422	13.46	0.0127	8.62	0.8385	9.98	0.0787	11.79	0.0118	12.44	0.0049 DAK, GAK
155	GAK	[	GAK]	7	13.11	0.0105	10.52	0.2340	12.65	0.0325	7.93	0.9514	9.03	0.2068	13.66	0.0011	18.47	0.0000 DAK, GAK, Jersey
156	GAK	[	GAK]	7	20.27	0.0000	19.30	0.0000	22.44	0.0000	19.70	0.0000	20.32	0.0000	21.04	0.0000	27.70	0.0000
157	GAK	[	GAK]	7	17.75	0.0001	15.65	0.0003	18.03	0.0000	13.50	0.0109	18.06	0.0000	19.42	0.0000	21.75	0.0000
158	GAK	[	GAK]	7	11.94	0.0435	9.39	0.5294	12.83	0.0265	8.77	0.8040	14.29	0.0003	16.06	0.0000	20.22	0.0000 DAK, GAK
159	GAK	[	GAK]	7	9.57	0.4297	8.87	0.6909	11.15	0.1841	9.69	0.5429	10.70	0.0345	12.36	0.0053	13.29	0.0018 Bozstep, DAK, GAK
160	GAK	[	GAK]	7	13.18	0.0102	10.18	0.3115	11.02	0.2102	10.82	0.2308	12.77	0.0019	13.47	0.0013	11.69	0.0138 DAK, YKara, GAK
161	GAK	[	GAK]	7	10.52	0.2015	9.63	0.4560	10.79	0.2612	10.42	0.3249	11.08	0.0209	9.76	0.1303	12.39	0.0051 Bozstep, DAK, YKara, GAK
162	GAK	[	GAK]	7	14.05	0.0030	11.92	0.0543	12.55	0.0354	12.79	0.0266	13.81	0.0007	16.31	0.0000	16.37	0.0000
163	GAK	[	GAK]	7	10.32	0.2390	8.29	0.8476	9.49	0.6519	8.57	0.8497	11.93	0.0061	14.39	0.0004	18.21	0.0000 Bozstep, DAK, YKara, GAK
164	GAK	[	GAK]	7	13.49	0.0070	11.54	0.0854	11.55	0.1232	10.31	0.3518	14.32	0.0003	19.36	0.0000	20.36	0.0000 GAK
165	GAK	[	GAK]	7	15.09	0.0008	12.30	0.0348	11.70	0.1044	13.91	0.0062	18.38	0.0000	16.09	0.0000	18.94	0.0000
166	GAK	[	GAK]	7	14.58	0.0015	13.03	0.0127	13.18	0.0185	9.69	0.5359	13.50	0.0008	15.98	0.0000	19.00	0.0000 GAK
167	GAK	[	GAK]	7	12.36	0.0266	14.02	0.0030	11.98	0.0752	15.21	0.0008	17.28	0.0000	19.49	0.0000	19.85	0.0000
168	GAK	[	GAK]	7	13.63	0.0059	12.04	0.0472	15.26	0.0010	12.02	0.0722	13.05	0.0011	13.84	0.0009	15.47	0.0000
169	GAK	[	GAK]	7	17.05	0.0002	13.18	0.0104	12.34	0.0466	11.59	0.1135	18.87	0.0000	17.49	0.0000	21.01	0.0000
170	Jersey	[	Jersey]	7	11.95	0.0431	9.38	0.5324	12.46	0.0405	9.05	0.7243	7.66	0.6178	11.15	0.0264	13.82	0.0008 DAK, GAK, Jersey
171	Jersey	[	Jersey]	7	10.72	0.1665	10.39	0.2635	11.23	0.1692	8.52	0.8520	8.54	0.3245	12.63	0.0036	16.16	0.0000 DAK, GAK, Jersey
172	Jersey	[	Jersey]	7	11.44	0.0788	9.25	0.5731	8.78	0.8518	9.18	0.6876	8.36	0.3776	14.11	0.0005	19.71	0.0000 DAK, YKara, GAK, Jersey
173	Jersey	[	Jersey]	7	12.20	0.0307	10.42	0.2567	10.30	0.3889	9.62	0.5637	6.06	0.9832	11.75	0.0123	15.84	0.0000 DAK, YKara, GAK, Jersey
174	Jersey	[	Jersey]	7	14.29	0.0023	14.53	0.0010	15.73	0.0003	13.17	0.0172	12.23	0.0040	20.49	0.0000	22.44	0.0000
175	Jersey	[	Jersey]	7	10.19	0.2693	8.79	0.7130	9.26	0.7234	8.45	0.8675	7.34	0.7260	13.67	0.0011	17.78	0.0000 Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
176	Jersey	[	Jersey]	7	10.01	0.3135	9.32	0.5519	9.06	0.7802	8.76	0.7946	7.18	0.7744	13.04	0.0017	16.57	0.0000 Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
177	Jersey	[	Jersey]	7	7.66	0.9204	8.30	0.8441	8.73	0.8642	8.53	0.8472	7.55	0.6462	12.75	0.0030	14.29	0.0006 Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
178	Jersey	[	Jersey]	7	7.82	0.8954	9.93	0.3707	9.97	0.4933	9.92	0.4689	6.83	0.8726	14.03	0.0007	16.94	0.0000 Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
179	Jersey	[	Jersey]	7	12.66	0.0183	9.92	0.3757	10.43	0.3528	9.12	0.7058	7.32	0.7310	10.88	0.0363	15.50	0.0000 DAK, YKara, GAK, Jersey
180	Jersey	[	Jersey]	7	14.84	0.0011	12.90	0.0166	15.53	0.0006	11.63	0.1121	10.22	0.0623	19.45	0.0000	19.06	0.0000
181	Jersey	[	Jersey]	7	10.82	0.1518	10.20	0.3070	9.56	0.6251	13.33	0.0138	9.36	0.1501	14.01	0.0007	17.34	0.0000 DAK, YKara
182	Jersey	[	Jersey]	7	11.04	0.1223	10.65	0.2086	11.10	0.1940	10.74	0.2606	6.34	0.9611	8.33	0.4532	9.19	0.2395 DAK, GAK, Jersey, EsmIsv, Hlstn

183	Jersey [ Jersey]	7	13.06 0.0112	12.04 0.0469	12.39 0.0449	13.16 0.0175	8.48 0.3413	10.35 0.0733	12.32 0.0057	Jersey
184	Jersey [ Jersey]	7	15.63 0.0004	13.34 0.0078	15.31 0.0009	13.68 0.0088	7.39 0.7009	15.26 0.0002	17.71 0.0000	Jersey
185	Jersey [ Jersey]	7	16.08 0.0003	11.56 0.0835	12.24 0.0548	11.46 0.1326	9.81 0.1006	16.14 0.0000	18.24 0.0000	
186	Jersey [ Jersey]	7	14.33 0.0021	11.09 0.1355	13.17 0.0188	11.32 0.1538	7.16 0.7809	19.64 0.0000	22.05 0.0000	Jersey
187	Jersey [ Jersey]	7	7.63 0.9255	9.74 0.4222	8.70 0.8703	8.90 0.7592	8.63 0.3027	14.21 0.0005	14.64 0.0002	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
188	Jersey [ Jersey]	7	13.89 0.0041	15.72 0.0002	12.19 0.0586	14.92 0.0006	14.32 0.0006	9.13 0.2345	11.54 0.0165	EsmIsv
189	Jersey [ Jersey]	7	12.83 0.0152	12.93 0.0160	12.86 0.0258	12.58 0.0372	11.71 0.0102	13.52 0.0013	14.34 0.0006	
190	Jersey [ Jersey]	7	12.83 0.0152	11.54 0.0853	11.32 0.1551	12.37 0.0488	6.84 0.8714	14.55 0.0004	17.20 0.0000	Jersey
191	Jersey [ Jersey]	7	13.54 0.0066	10.19 0.3100	12.11 0.0658	10.94 0.2176	7.77 0.5634	15.10 0.0002	15.86 0.0000	DAK, GAK, Jersey
192	Jersey [ Jersey]	7	13.55 0.0066	13.34 0.0078	12.96 0.0228	13.75 0.0083	9.47 0.1408	14.95 0.0002	18.40 0.0000	
193	Jersey [ Jersey]	7	12.04 0.0376	9.36 0.5378	13.64 0.0102	8.98 0.7400	9.88 0.0830	12.51 0.0042	14.40 0.0006	DAK, GAK
194	Jersey [ Jersey]	7	15.11 0.0008	12.02 0.0479	12.64 0.0328	10.32 0.3589	6.46 0.9413	12.15 0.0079	16.00 0.0000	GAK, Jersey
195	Jersey [ Jersey]	7	13.71 0.0057	12.33 0.0338	11.42 0.1406	10.38 0.3425	8.57 0.3094	12.02 0.0088	15.29 0.0000	GAK, Jersey
196	Jersey [ Jersey]	7	11.73 0.0568	12.29 0.0353	11.22 0.1700	10.61 0.2873	8.11 0.4453	13.94 0.0007	13.84 0.0008	GAK, Jersey
197	Jersey [ Jersey]	7	10.29 0.2453	9.61 0.4613	10.44 0.3496	10.27 0.3702	6.64 0.9127	13.17 0.0015	13.56 0.0012	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
198	Jersey [ Jersey]	7	20.01 0.0000	16.66 0.0002	13.91 0.0065	13.93 0.0059	9.37 0.1487	16.27 0.0000	20.55 0.0000	
199	Jersey [ Jersey]	7	10.13 0.2844	9.64 0.4532	9.27 0.7195	9.37 0.6403	6.47 0.9438	10.89 0.0361	15.75 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
200	Jersey [ Jersey]	7	10.22 0.2618	9.89 0.3826	9.24 0.7307	9.23 0.6770	8.75 0.2636	10.83 0.0385	9.23 0.2327	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey, Hlstn
201	Jersey [ Jersey]	7	10.67 0.1745	11.29 0.1085	10.44 0.3499	11.82 0.0907	6.90 0.8534	13.66 0.0011	17.51 0.0000	YKara, Jersey
202	Jersey [ Jersey]	7	14.64 0.0014	11.24 0.1153	11.65 0.1102	10.66 0.2763	6.99 0.8281	16.44 0.0000	17.61 0.0000	GAK, Jersey
203	Jersey [ Jersey]	7	14.92 0.0010	13.34 0.0078	11.87 0.0881	10.59 0.2905	7.94 0.5078	17.29 0.0000	16.18 0.0000	GAK, Jersey
204	Jersey [ Jersey]	7	14.01 0.0035	11.05 0.1417	10.37 0.3706	8.93 0.7510	9.13 0.1872	14.03 0.0007	16.33 0.0000	YKara, GAK
205	Jersey [ Jersey]	7	11.66 0.0613	10.20 0.3070	10.00 0.4841	9.76 0.5188	7.31 0.7279	15.27 0.0002	16.40 0.0000	DAK, YKara, GAK, Jersey
206	Jersey [ Jersey]	7	14.21 0.0027	11.38 0.0999	11.57 0.1202	10.26 0.3753	7.77 0.5701	9.79 0.1275	10.73 0.0463	GAK, Jersey
207	Jersey [ Jersey]	7	9.73 0.3862	13.96 0.0035	11.28 0.1612	12.29 0.0535	11.18 0.0182	12.73 0.0031	17.39 0.0000	Bozstep
208	Jersey [ Jersey]	7	15.58 0.0005	12.75 0.0205	11.45 0.1376	10.77 0.2534	12.97 0.0015	17.02 0.0000	15.87 0.0000	GAK
209	Jersey [ Jersey]	7	13.81 0.0050	14.37 0.0013	12.16 0.0610	11.60 0.1150	10.21 0.0606	17.55 0.0000	18.21 0.0000	
210	Jersey [ Jersey]	7	12.01 0.0393	9.46 0.5077	12.24 0.0548	9.50 0.6002	6.98 0.8311	13.17 0.0015	15.87 0.0000	DAK, GAK, Jersey
211	Jersey [ Jersey]	7	10.26 0.2530	9.83 0.3997	10.40 0.3603	8.96 0.7439	7.67 0.6068	14.42 0.0004	18.55 0.0000	Bozstep, DAK, YKara, GAK, Jersey
212	Jersey [ Jersey]	7	14.01 0.0035	11.68 0.0724	12.09 0.0676	11.37 0.1458	7.55 0.6534	12.69 0.0031	17.42 0.0000	Jersey
213	Jersey [ Jersey]	7	12.51 0.0219	13.33 0.0080	12.64 0.0328	13.75 0.0086	9.09 0.2014	16.85 0.0000	20.73 0.0000	Jersey
214	Jersey [ Jersey]	7	10.77 0.1579	9.50 0.4943	10.46 0.3439	9.31 0.6564	6.56 0.9283	12.00 0.0091	15.26 0.0000	DAK, YKara, GAK, Jersey
215	Jersey [ Jersey]	7	11.70 0.0587	10.87 0.1686	11.98 0.0753	10.14 0.4084	9.99 0.0775	15.35 0.0002	19.26 0.0000	GAK
216	Jersey [ Jersey]	7	8.64 0.7022	8.77 0.7171	9.34 0.7012	8.29 0.8925	9.22 0.1707	8.99 0.2648	8.63 0.3874	Bozstep, DAK, YKara, GAK, EsmIsv, Hlstn
217	Jersey [ Jersey]	7	9.93 0.3326	10.24 0.2966	10.49 0.3366	11.06 0.1967	6.50 0.9369	11.05 0.0289	14.33 0.0006	Bozstep, DAK, YKara, Jersey
218	Jersey [ Jersey]	7	15.37 0.0006	11.39 0.0992	15.26 0.0010	11.11 0.1884	7.62 0.6196	14.68 0.0003	18.28 0.0000	Jersey
219	Jersey [ Jersey]	7	13.81 0.0050	14.37 0.0013	12.16 0.0610	11.60 0.1150	10.21 0.0624	17.55 0.0000	18.21 0.0000	
220	Jersey [ Jersey]	7	12.24 0.0301	11.19 0.1221	12.15 0.0626	12.15 0.0647	7.37 0.7062	14.28 0.0004	14.67 0.0002	Jersey
221	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.50 0.0068	13.72 0.0045	13.71 0.0089	14.97 0.0006	19.06 0.0000	11.89 0.0116	14.60 0.0003	

222	EsmIsv [ EsmIsv]	7	15.36 0.0006	14.60 0.0009	14.75 0.0014	11.91 0.0827	15.58 0.0000	7.35 0.7746	10.67 0.0492	EsmIsv
223	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.26 0.0295	12.28 0.0355	11.90 0.0848	11.20 0.1730	12.27 0.0044	7.61 0.6896	8.29 0.4890	EsmIsv, Hlstn
224	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.33 0.0898	11.98 0.0503	12.60 0.0340	10.54 0.3044	11.01 0.0227	6.70 0.9314	13.13 0.0023	GAK, EsmIsv
225	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.24 0.0096	13.78 0.0043	12.22 0.0567	10.03 0.4372	13.66 0.0008	9.47 0.1746	10.26 0.0802	GAK
226	EsmIsv [ EsmIsv]	7	16.62 0.0002	14.37 0.0013	13.54 0.0117	10.77 0.2539	17.91 0.0000	9.92 0.1166	8.40 0.4550	GAK, Hlstn
227	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.58 0.0197	10.92 0.1593	13.24 0.0173	9.97 0.4545	13.01 0.0012	8.15 0.5170	13.53 0.0013	GAK, EsmIsv
228	EsmIsv [ EsmIsv]	7	14.14 0.0028	15.82 0.0002	13.16 0.0188	12.54 0.0398	13.95 0.0005	8.25 0.4782	13.81 0.0008	EsmIsv
229	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.01 0.0396	13.47 0.0068	12.06 0.0699	11.98 0.0761	11.15 0.0186	7.61 0.6910	14.21 0.0006	EsmIsv
230	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.51 0.2023	12.10 0.0439	11.94 0.0806	11.81 0.0927	9.23 0.1699	7.75 0.6475	10.29 0.0778	Bozstep, EsmIsv
231	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.16 0.1073	10.23 0.2994	9.67 0.5903	9.95 0.4595	10.44 0.0489	8.80 0.3216	12.20 0.0065	DAK, YKara, GAK, EsmIsv
232	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.06 0.0365	11.41 0.0965	11.27 0.1622	10.43 0.3300	13.28 0.0010	10.19 0.0852	11.77 0.0124	GAK
233	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.99 0.0118	11.38 0.1003	12.95 0.0231	11.28 0.1593	13.18 0.0011	7.35 0.7794	10.11 0.0967	EsmIsv
234	EsmIsv [ EsmIsv]	7	15.03 0.0009	17.01 0.0001	13.19 0.0180	15.69 0.0001	16.27 0.0000	9.55 0.1639	15.21 0.0000	
235	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.25 0.0983	9.98 0.3612	11.12 0.1893	10.71 0.2668	12.13 0.0049	9.85 0.1115	11.95 0.0094	DAK, GAK
236	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.22 0.2620	11.13 0.1304	9.89 0.5161	13.05 0.0196	13.36 0.0010	8.68 0.3435	13.15 0.0023	Bozstep, YKara, EsmIsv
237	EsmIsv [ EsmIsv]	7	16.40 0.0003	15.28 0.0004	14.09 0.0049	11.68 0.1072	15.38 0.0001	8.47 0.4116	7.28 0.8111	EsmIsv, Hlstn
238	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.13 0.0331	12.60 0.0248	11.86 0.0884	12.73 0.0295	12.20 0.0048	7.19 0.8274	11.52 0.0169	EsmIsv
239	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.88 0.0462	8.84 0.6968	12.26 0.0537	8.15 0.9150	10.41 0.0504	6.80 0.9126	11.13 0.0289	DAK, GAK, EsmIsv
240	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.81 0.0050	16.91 0.0002	13.51 0.0119	14.33 0.0028	13.43 0.0009	9.55 0.1606	12.82 0.0031	
241	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.16 0.0319	14.08 0.0027	14.41 0.0029	14.06 0.0045	15.26 0.0001	8.09 0.5243	15.18 0.0000	EsmIsv
242	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.82 0.0153	16.58 0.0002	12.30 0.0501	15.34 0.0002	16.26 0.0000	9.98 0.0982	16.69 0.0000	
243	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.98 0.0412	11.93 0.0538	13.41 0.0142	13.96 0.0056	12.87 0.0017	8.61 0.3586	10.56 0.0571	EsmIsv
244	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.02 0.0112	12.74 0.0205	14.41 0.0029	15.04 0.0006	14.13 0.0004	10.36 0.0665	11.81 0.0121	
245	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.52 0.0217	13.19 0.0101	12.15 0.0612	12.16 0.0646	9.72 0.1019	8.51 0.3988	8.96 0.2966	EsmIsv, Hlstn
246	EsmIsv [ EsmIsv]	7	14.82 0.0011	12.88 0.0173	12.33 0.0480	12.26 0.0560	17.67 0.0000	11.82 0.0123	12.36 0.0055	
247	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.88 0.1421	11.61 0.0787	10.07 0.4611	13.75 0.0084	13.91 0.0005	8.29 0.4583	8.56 0.4095	YKara, EsmIsv, Hlstn
248	EsmIsv [ EsmIsv]	7	19.46 0.0000	15.58 0.0003	19.38 0.0000	15.24 0.0004	23.29 0.0000	14.05 0.0011	17.60 0.0000	
249	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.68 0.0058	13.60 0.0058	12.65 0.0325	13.40 0.0129	12.31 0.0044	7.41 0.7593	10.90 0.0381	EsmIsv
250	EsmIsv [ EsmIsv]	7	15.00 0.0009	16.07 0.0002	13.01 0.0223	12.93 0.0235	13.15 0.0011	8.05 0.5420	14.70 0.0002	EsmIsv
251	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.27 0.2496	11.65 0.0761	10.40 0.3608	10.01 0.4422	9.83 0.0912	7.10 0.8435	11.92 0.0104	Bozstep, YKara, GAK, EsmIsv
252	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.69 0.0589	10.73 0.1945	11.38 0.1481	11.70 0.1054	11.78 0.0073	12.20 0.0071	16.68 0.0000	
253	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.34 0.0271	10.59 0.2189	12.48 0.0390	8.50 0.8540	13.21 0.0011	9.69 0.1338	8.89 0.3148	DAK, GAK, Hlstn
254	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.62 0.0649	11.63 0.0776	11.57 0.1210	9.72 0.5338	12.51 0.0029	6.96 0.8861	8.41 0.4532	GAK, EsmIsv, Hlstn
255	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.02 0.0387	12.91 0.0165	11.19 0.1759	12.20 0.0603	10.80 0.0313	8.42 0.4366	7.42 0.7650	EsmIsv, Hlstn
256	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.84 0.0492	9.39 0.5298	10.92 0.2331	9.88 0.4797	9.84 0.0911	7.64 0.6768	9.95 0.1156	DAK, YKara, GAK, EsmIsv
257	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.07 0.1185	10.19 0.3079	10.53 0.3259	9.04 0.7257	11.58 0.0097	8.66 0.3488	11.08 0.0302	DAK, YKara, GAK, EsmIsv
258	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.95 0.0124	13.64 0.0053	11.45 0.1363	15.15 0.0006	14.29 0.0003	8.16 0.5081	10.29 0.0777	EsmIsv
259	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.37 0.2289	10.33 0.2759	9.90 0.5122	8.93 0.7533	11.50 0.0104	6.98 0.8748	9.36 0.2047	Bozstep, DAK, YKara, GAK, EsmIsv, Hlstn
260	EsmIsv [ EsmIsv]	7	14.50 0.0019	10.37 0.2668	12.33 0.0481	9.19 0.6866	13.54 0.0008	8.69 0.3458	11.50 0.0174	DAK, GAK, EsmIsv

261	EsmIsv [ EsmIsv]	7	11.45 0.0783	9.96 0.3653	10.45 0.3464	9.08 0.7152	9.62 0.1123	6.28 0.9785	8.40 0.4563	DAK, YKara, GAK, EsmIsv, Hlstn
262	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.63 0.0187	15.13 0.0004	12.97 0.0228	18.49 0.0000	15.07 0.0001	10.66 0.0521	13.70 0.0009	
263	EsmIsv [ EsmIsv]	7	9.51 0.4457	9.53 0.4870	9.78 0.5518	8.76 0.7949	11.33 0.0143	7.55 0.7145	12.93 0.0026	Bozstep, DAK, YKara, GAK, EsmIsv
264	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.66 0.1767	10.94 0.1558	10.75 0.2723	9.68 0.5460	10.48 0.0467	8.26 0.4718	10.81 0.0418	YKara, GAK, EsmIsv
265	EsmIsv [ EsmIsv]	7	10.59 0.1885	13.51 0.0063	10.66 0.2926	14.47 0.0022	12.69 0.0023	9.41 0.1848	14.60 0.0003	YKara
266	EsmIsv [ EsmIsv]	7	12.19 0.0310	10.78 0.1859	11.04 0.2056	10.64 0.2805	12.22 0.0047	6.74 0.9275	8.99 0.2889	YKara, GAK, EsmIsv, Hlstn
267	EsmIsv [ EsmIsv]	7	14.89 0.0011	15.32 0.0003	14.55 0.0018	16.82 0.0000	17.65 0.0000	14.58 0.0002	11.88 0.0113	
268	EsmIsv [ EsmIsv]	7	13.10 0.0106	11.45 0.0942	13.14 0.0191	11.09 0.1936	12.19 0.0048	9.49 0.1811	14.84 0.0002	
269	Hlstn [ Hlstn]	7	14.85 0.0011	16.84 0.0002	17.60 0.0000	13.42 0.0128	18.16 0.0000	13.04 0.0017	8.32 0.4733	Hlstn
270	Hlstn [ Hlstn]	7	12.97 0.0121	12.41 0.0306	11.94 0.0798	11.18 0.1766	10.28 0.0583	10.25 0.0813	6.75 0.9296	Hlstn
271	Hlstn [ Hlstn]	7	16.70 0.0002	16.36 0.0002	15.29 0.0010	15.44 0.0002	20.24 0.0000	13.50 0.0013	10.03 0.1080	
272	Hlstn [ Hlstn]	7	15.73 0.0003	16.25 0.0002	13.53 0.0118	14.11 0.0043	15.93 0.0000	12.02 0.0088	9.59 0.1607	
273	Hlstn [ Hlstn]	7	16.81 0.0002	14.68 0.0008	14.70 0.0015	11.87 0.0873	14.69 0.0001	9.70 0.1360	9.89 0.1209	
274	Hlstn [ Hlstn]	7	14.59 0.0014	14.04 0.0027	13.02 0.0220	16.23 0.0000	19.55 0.0000	16.50 0.0000	10.99 0.0353	
275	Hlstn [ Hlstn]	7	14.31 0.0022	12.01 0.0488	13.54 0.0117	9.40 0.6298	12.60 0.0025	8.70 0.3416	7.64 0.7061	GAK, EsmIsv, Hlstn
276	Hlstn [ Hlstn]	7	16.26 0.0003	18.07 0.0000	19.26 0.0000	17.57 0.0000	18.79 0.0000	15.05 0.0002	12.19 0.0096	
277	Hlstn [ Hlstn]	7	13.49 0.0070	13.16 0.0106	14.80 0.0013	11.50 0.1276	16.01 0.0000	11.86 0.0107	6.57 0.9568	Hlstn
278	Hlstn [ Hlstn]	7	14.91 0.0011	14.49 0.0010	13.62 0.0104	11.77 0.0964	16.51 0.0000	11.27 0.0228	8.69 0.3609	Hlstn
279	Hlstn [ Hlstn]	7	12.72 0.0162	11.36 0.1019	11.61 0.1154	11.48 0.1307	10.08 0.0727	11.73 0.0126	8.36 0.4684	Hlstn
280	Hlstn [ Hlstn]	7	10.44 0.2151	12.37 0.0330	11.78 0.0964	10.99 0.2100	16.60 0.0000	12.03 0.0088	8.92 0.3072	Bozstep, GAK, Hlstn
281	Hlstn [ Hlstn]	7	13.35 0.0081	12.57 0.0253	11.08 0.1979	11.12 0.1852	9.78 0.0959	11.45 0.0182	8.97 0.2921	Hlstn
282	Hlstn [ Hlstn]	7	12.69 0.0174	11.61 0.0790	12.80 0.0272	11.79 0.0948	12.86 0.0017	10.81 0.0394	6.85 0.9183	Hlstn
283	Hlstn [ Hlstn]	7	9.95 0.3269	11.26 0.1133	10.27 0.3971	13.72 0.0086	13.02 0.0012	9.07 0.2479	8.49 0.4238	Bozstep, YKara, EsmIsv, Hlstn
284	Hlstn [ Hlstn]	7	11.15 0.1081	12.32 0.0340	10.80 0.2595	13.71 0.0086	11.85 0.0067	10.16 0.0895	7.09 0.8608	YKara, Hlstn
285	Hlstn [ Hlstn]	7	13.86 0.0045	13.57 0.0060	13.60 0.0109	13.00 0.0212	15.12 0.0001	14.88 0.0003	6.61 0.9533	Hlstn
286	Hlstn [ Hlstn]	7	16.09 0.0003	16.22 0.0002	14.55 0.0018	11.16 0.1805	14.40 0.0003	10.27 0.0799	9.22 0.2230	Hlstn
287	Hlstn [ Hlstn]	7	12.18 0.0314	13.25 0.0089	14.11 0.0045	11.74 0.0996	13.28 0.0010	11.76 0.0121	6.78 0.9229	Hlstn
288	Hlstn [ Hlstn]	7	12.69 0.0172	13.51 0.0065	12.10 0.0667	12.26 0.0560	14.97 0.0001	10.86 0.0372	8.21 0.5221	Hlstn
289	Hlstn [ Hlstn]	7	13.76 0.0055	14.00 0.0033	13.33 0.0158	13.70 0.0086	17.54 0.0000	14.55 0.0004	7.15 0.8484	Hlstn
290	Hlstn [ Hlstn]	7	13.30 0.0088	11.05 0.1419	12.68 0.0314	10.21 0.3877	13.22 0.0011	11.14 0.0265	7.45 0.7642	GAK, Hlstn
291	Hlstn [ Hlstn]	7	17.40 0.0001	15.18 0.0004	14.80 0.0013	14.69 0.0014	17.58 0.0000	16.30 0.0000	9.09 0.2542	Hlstn
292	Hlstn [ Hlstn]	7	14.67 0.0012	15.16 0.0004	16.22 0.0001	11.40 0.1421	15.36 0.0001	11.57 0.0156	7.98 0.6031	Hlstn
293	Hlstn [ Hlstn]	6	13.89 0.0041	9.97 0.3618	11.15 0.1845	9.48 0.6047	12.24 0.0046	10.89 0.0362	7.59 0.7142	DAK, GAK, Hlstn
294	Hlstn [ Hlstn]	7	13.98 0.0036	11.78 0.0645	12.51 0.0376	11.81 0.0927	13.72 0.0008	15.06 0.0002	9.97 0.1099	
295	Hlstn [ Hlstn]	7	12.60 0.0193	13.37 0.0075	13.74 0.0087	10.71 0.2674	12.72 0.0022	14.41 0.0004	7.40 0.7891	GAK, Hlstn
296	Hlstn [ Hlstn]	7	10.81 0.1523	13.34 0.0078	15.29 0.0010	12.44 0.0452	15.18 0.0001	13.18 0.0015	8.71 0.3647	Hlstn
297	Hlstn [ Hlstn]	7	13.21 0.0098	12.85 0.0180	12.95 0.0230	12.37 0.0488	13.91 0.0005	10.29 0.0786	8.14 0.5437	Hlstn
298	Hlstn [ Hlstn]	7	14.88 0.0011	15.31 0.0003	14.45 0.0027	13.23 0.0156	16.38 0.0000	13.80 0.0010	9.37 0.1950	
299	Hlstn [ Hlstn]	7	11.97 0.0421	10.90 0.1630	12.89 0.0249	9.56 0.5827	12.59 0.0025	9.97 0.1078	7.60 0.7045	GAK, Hlstn

300	Hlstn [	Hlstn]	7	13.95 0.0038	14.45 0.0011	15.92 0.0003	10.30 0.3636	13.45 0.0009	12.04 0.0087	6.23 0.9835	GAK, Hlstn
301	Hlstn [	Hlstn]	7	12.79 0.0154	11.94 0.0530	11.78 0.0960	11.28 0.1596	16.23 0.0000	10.75 0.0424	9.59 0.1609	
302	Hlstn [	Hlstn]	7	16.18 0.0003	14.71 0.0007	14.67 0.0016	12.24 0.0571	16.47 0.0000	14.67 0.0003	8.13 0.5354	Hlstn
303	Hlstn [	Hlstn]	7	15.44 0.0006	15.77 0.0002	17.07 0.0000	12.69 0.0310	16.72 0.0000	11.66 0.0143	8.94 0.2998	Hlstn
304	Hlstn [	Hlstn]	7	11.53 0.0725	12.15 0.0410	13.75 0.0085	13.50 0.0111	15.53 0.0000	11.81 0.0114	11.54 0.0187	
305	Hlstn [	Hlstn]	7	14.12 0.0028	11.66 0.0750	13.02 0.0220	11.03 0.2015	14.27 0.0003	11.07 0.0285	8.79 0.3414	GAK, Hlstn
306	Hlstn [	Hlstn]	7	15.26 0.0007	14.14 0.0024	15.82 0.0003	17.55 0.0000	19.50 0.0000	19.03 0.0000	13.34 0.0013	
307	Hlstn [	Hlstn]	7	15.20 0.0007	17.88 0.0000	20.68 0.0000	18.53 0.0000	21.54 0.0000	19.14 0.0000	11.05 0.0329	
308	Hlstn [	Hlstn]	7	17.71 0.0001	14.63 0.0009	15.11 0.0011	15.08 0.0006	16.87 0.0000	14.36 0.0004	10.31 0.0771	
309	Hlstn [	Hlstn]	7	14.56 0.0015	11.98 0.0502	13.02 0.0219	9.28 0.6641	15.78 0.0000	9.31 0.1986	7.06 0.8724	GAK, Hlstn
310	Hlstn [	Hlstn]	7	18.05 0.0001	16.37 0.0002	17.56 0.0000	12.43 0.0459	18.55 0.0000	15.20 0.0002	8.14 0.5404	Hlstn
311	Hlstn [	Hlstn]	7	11.73 0.0568	11.95 0.0528	10.54 0.3204	14.18 0.0037	13.85 0.0006	13.14 0.0015	10.71 0.0502	YKara
312	Hlstn [	Hlstn]	7	12.50 0.0223	11.22 0.1181	13.03 0.0218	10.70 0.2679	12.60 0.0025	8.30 0.4615	8.76 0.3421	GAK, EsmIsv, Hlstn
313	Hlstn [	Hlstn]	7	16.27 0.0003	13.25 0.0089	13.46 0.0128	11.53 0.1241	14.72 0.0001	10.67 0.0470	8.35 0.4784	Hlstn
314	Hlstn [	Hlstn]	7	11.67 0.0605	14.00 0.0033	13.96 0.0061	11.00 0.2092	14.11 0.0004	11.06 0.0285	6.71 0.9403	GAK, Hlstn
315	Hlstn [	Hlstn]	7	15.63 0.0004	15.94 0.0002	14.17 0.0041	14.55 0.0016	17.40 0.0000	17.37 0.0000	9.48 0.1802	

COMPUTATION TERMINATED. Date: 02.03.2005 Time: 01:23:45.