

T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZAVOT SIĞIR IRKININ MİKROSATELLİTLER İLE
GENETİK KARAKTERİZASYONU

(DOKTORA TEZİ)

Araştırma Görevlisi Buket BOĞA KURU

DANIŞMAN

Prof. Dr. Turgut KIRMIZIBAYRAK

2. DANIŞMAN

Dr. Öğr. Üyesi Yusuf ÖZŞENSOY

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

2018-KARS

T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZAVOT SIĞIR IRKININ MİKROSATELLİTLER İLE
GENETİK KARAKTERİZASYONU

Araştırma Görevlisi Buket BOĞA KURU
Zootekni Anabilim Dalı

DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN
Prof. Dr. Turgut KIRMIZIBAYRAK

2. DANIŞMAN
Dr. Öğr. Üyesi Yusuf ÖZŞENSOY

2018-KARS

T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZAVOT SIĞIR IRKININ MİKROSATELLİTLER İLE
GENETİK KARAKTERİZASYONU

Araştırma Görevlisi Buket BOĞA KURU
Zootekni Anabilim Dalı

DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN

Prof. Dr. Turgut KIRMIZIBAYRAK

2. DANIŞMAN

Dr. Öğr. Üyesi Yusuf ÖZŞENSOY

2018-KARS

Bu çalışma KAÜ Araştırma Fonu (Proje No: 2016-TS-20) tarafından kısmen desteklenmiştir.

T.C.
KAFKAS ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Zootekni Anabilim Dalı Doktora Programı çerçevesinde Araş. Gör. Buket BOĞA KURU tarafından hazırlanmış olan “*Zavot Sığır Irkının Mikrosatellitler İle Genetik Karakterizasyonu*” adlı bu çalışma, yapılan tez savunması sonucunda jüri üyeleri tarafından Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği uyarınca değerlendirilerek oy ...*birliği*... ile ...*kabul*... edilmiştir.

Tez Savunma Tarihi: 20/07/2018

Adı-Soyadı

Başkan: Prof. Dr. Turgut KIRMIZIBAYRAK

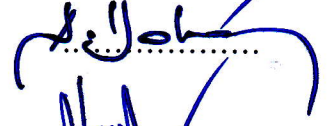
Üye: Prof. Dr. Ekrem LAÇIN

Üye: Doç. Dr. Akın YAKAN

Üye: Doç. Dr. Erol AYDIN

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Serpil ADIGÜZEL IŞIK

İmza



Bu tezin kabulü, Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun/...../..... gün ve sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Doç. Dr. Duygu KAYA
Enstitü Müdür V.

ÖNSÖZ

Moleküler genetik çalışmaları günümüzde önemli bir yere sahiptir. Özellikle polimeraz zincir reaksiyonu temelli DNA markörlerinin kullanılması ile genetik çeşitlilik ve genetik karakterizasyon amacıyla birçok çalışmalar yapılmaktadır. Kullanılan markörlerden en çok tercih edilen ve yaygın olarak kullanılan mikrosatellitlerdir. Mikrosatellit markörler kullanılarak populasyonlar içi ya da populasyonlar arasındaki genetik ilişki belirlenebilmektedir. Ayrıca ırklar hakkında tanımlayıcı bilgiler elde edilmesinde kullanılmaktadır.

Türkiye yerli gen kaynaklarından olan Kars ili ve çevresine adapte olmuş, zor iklim şartlarına ve hastalıklara karşı dayanıklı Zavot sığır ırkının mikrosatellitler ile genetik karakterizasyonu amacıyla Doğu Anadolu Kırmızısı, Simental, Esmer ve Holştayn sığır ırklarıyla yapılan bu çalışma ile 2014 yılında ırk tescili almış olan Zavot ırkının kendi içindeki ve diğer populasyonlar arasındaki genetik ilişkisi hakkında bilgi edinilmiştir. Bu çalışma bulgularının gelecekte yapılacak çalışmalara ışık tutacağı kanaatindeyiz.

TEŞEKKÜR

Doktora tez çalışmamda bana destek veren, her konuda yardımlarını esirgemeyen ve tezimin genetik alanında olması için yol gösteren, ayrıca doktora eğitimim boyunca her zaman yanımda olup yardımlarını esirgemeyen, danışman hocam Prof. Dr. Turgut KIRMIZIBAYRAK'a,

Tezimin şekillenmesinde yardımcı olan, tezimin uygulama aşamasında laboratuvarını bana açan ve sınırlı bütçe ile desteklenen projemde laboratuvar malzemelerini benden sakınmayan, tezimin her aşamasında yardımlarını esirgemeyen ikinci danışman hocam Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Veterinerlik Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı Öğretim Üyesi Dr. Öğr. Üyesi Yusuf ÖZŞENSOY'a,

Doktora tez çalışmam için yönlendirme ve desteklerini esirgemeyen sayın Doç. Dr. Ercan KURAR'a,

Doktora eğitimim boyunca yanımda olan, bilgilerinden yararlandığım başta rahmetli hocamız Prof. Dr. Ali Rıza AKSOY olmak üzere tüm Anabilim Dalımız Öğretim Üyelerine ve Zootekni ve Hayvan Besleme Bölümü Öğretim Üyelerine, ayrıca bu süreçte desteklerini esirgemeyen fakültemizdeki asistan arkadaşlarıma,

Yanımda olamasalar bile moral veren, motivasyonumu arttıran, her türlü sıkıntımı paylaştığım, desteklerini uzaktan da gösteren canım ailem başta biricik kardeşim Dilara BOĞA, bugünlere gelmemde büyük emeği olan, sevgilerini hiç eksik etmeyen canım annem Rahime BOĞA ve canım babam Kemal BOĞA'ya,

Ve tabiki doktoramda da her zamanki gibi büyük bir özveriyle, hiç bıkmadan, sıkılmadan, yorulmadan yanımda olup, bu zorlu süreçte büyük fedakarlıklarda bulunan, tezimin laboratuvar kısmını yapmak için Sivas'a olan yolculuğumda beni yalnız bırakmayan (üşenmeden beni götürüp tekrar geri almaya gelen ve hafta sonları yanımda duran) canım eşim Dr. Öğr. Üyesi Mushap KURU'ya,

Ayrıca bana emeği geçen herkese ve tüm sevdiklerime teşekkürü borç bilirim.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖNSÖZ	I
TEŞEKKÜR	II
İÇİNDEKİLER	III
SİMGELER, KISALTMALAR ve BİRİMLER	VI
TABLolar DİZİNİ	IX
ŞEKİLLER DİZİNİ	X
RESİMLER DİZİNİ	XI
ÖZET	XII
SUMMARY	XV
1. GİRİŞ	1
1.1. Sığırın Evciltilmesi ve Kökeni	1
1.2. Sığır Yetiştiriciliğinin Önemi	3
1.3. Türkiye Sığır Varlığı	4
1.4. Tez Kapsamında Çalışılan Sığır Irkları	5
1.4.1. Simental Irkı	5
1.4.2. Esmer Irk (İsviçre Esmeri).....	6
1.4.3. Holştayn (Siyah Alaca) Irkı	8
1.4.4. Doğu Anadolu Kırmızısı Irkı	9
1.4.5. Zavot Irkı	11
1.5. Gen Kaynaklarının ve Genetik Çeşitliliğin Korunması	12
1.6. Gen ve Genetik Polimorfizm.....	13
1.7. DNA Markör Sistemlerinin Kullanımı	15
1.8. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları	17
1.9. Sığırlarda Mikrosatellit Markörlerle Yapılan Bazı Genetik Karakterizasyon Çalışmaları.....	18
2. MATERYAL ve METOT	24
2.1. Materyal.....	24
2.1.1. Hayvan Materyalinin Temini	24
2.1.2. Kullanılan Ekipmanlar	27
2.2. Metot	28
2.2.1. Örneklerin Toplanması	28

2.2.2. Kandan Fenol/Kloroform Yöntemi ile DNA İzolasyonu	28
2.2.3. DNA Miktarları ve Kalitelerinin Kontrolleri.....	29
2.2.4. Sığır Mikrosatellit Markör Listesi ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu.....	30
2.2.5. Kapillar Elektrophorez	34
2.2.6. İstatistiksel Analizler	35
3. BULGULAR	36
3.1. DNA İzolasyonu ve DNA Kalitelerinin Ölçülmesi.....	36
3.2. Fragment Analiz Bulguları	37
3.3. İstatistik Analiz Bulguları	38
3.3.1. Populasyonlardaki Allel Sayıları	38
3.3.2. Markörlere Ait Allel Frekans Grafikleri.....	41
3.3.3. Populasyonlarda Gözlenen Özgün Allel Sayıları ve Frekansları.....	48
3.3.4. Populasyonlardaki Beklenen ve Gözlenen Heterozigotluk	50
3.3.5. Filogenetik Şema Ağaçları.....	52
3.3.6. Bireylerin Populasyonlara Atanma Testi	54
3.3.7. F İstatistikleri	56
3.3.8. Darboğaz (Bottleneck) Testi.....	62
3.3.9. Faktöriyel Benzerlik Analizi.....	65
3.3.10. Moleküler Varyans Analizi.....	67
3.3.11. Mantel Testi Analizi	68
3.3.12. Polimorfizm Bilgi İçeriği.....	69
3.3.13. Genetik Yapı Testi	70
4. TARTIŞMA	72
4.1. Genel Populasyon Parametreleri	72
4.2. F İstatistikleri.....	76
4.3. Filogenetik Analizler	78
4.4. Populasyonlara Atanma Testi.....	81
4.5. Darboğaz (Bottleneck) Testi.....	82
4.6. Faktöriyel Benzerlik Analizi	84
4.7. Moleküler Varyans Analizi	85
4.8. Mantel Testi.....	87
4.9. Polimorfizm Bilgi İçeriği	88
4.10. Genetik Yapı Testi.....	89

5. SONUÇ.....	91
6. KAYNAKLAR	94
ÖZGEÇMİŞ.....	105



SİMGELER, KISALTMALAR ve BİRİMLER

AMOVA	: Moleküler Varyans Analizi
Bç	: Baz çifti
D _A	: Nei'nin Genetik Uzaklık Metodu
DAK	: Doğu Anadolu Kırmızısı
DH/sd	: Heterozigotluğun negatif eksikliği
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	: Deoxyribonucleotide triphosphate
EDTA	: Etilendiamintetraasetik asit
ESM	: Esmer
FAO	: Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
FCA	: Faktöriyel Benzerlik Analizi
F _{IS}	: Alt populasyonlardaki homolog alleller arasındaki korelasyon
F _{IT}	: Toplam populasyonlardaki homolog alleller arasındaki korelasyon
F _{ST}	: Her bir alt populasyondan rastgele seçilen iki gamet arasındaki korelasyon
GAK	: Güney Anadolu Kırmızısı
HADYEK	: Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurul
He	: Beklenen Heterozigotluk
Heq	: Sürüklenmedeki beklenen heterozigotluk
Ho	: Gözlenen Heterozigotluk
HOLS	: Holştayn
H _T	: Toplam Heterozigotluk
HWE	: Hardy Weinberg Dengesi
ISAG	: Uluslararası Hayvan Genetiği Derneği
KAÜ	: Kafkas Üniversitesi
Kg	: Kilogram
KHCO ₃	: Potasyum Bikarbonat
kW	: Kilovat
K ₃ -EDTA	: Tripotasyum Etilendiamintetraasetik asit
M	: Molar
MCMC	: Markov Chain Monte Carlo

Mg	: Miligram
MgCl ₂	: Magnezyum klorür
MÖ	: Milattan önce
mL	: Mililitre
mM	: Milimolar
MoDAD	: Evcil Hayvan Çeşitliliği Ölçümü Programı
µL	: Mikrolitre
Na	: Allel sayısı
NaCl	: Sodyum Klorür
Ne	: Etkin allel sayısı
Ng	: Nano gram
NH ₄ Cl	: Amonyum Klorür
NJT	: Komşu birleştirme metodu
Ns	: İstatiksel olarak önemsiz
P	: Olasılık
PIC	: Polimorfizm Bilgi İçeriği
pM	: Pikomol
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
R	: Korelasyon katsayısı
RAPD	: Rastgele Arttırılmış Polimorfik DNA
RFLP	: Restriksiyon Parçacık Uzunluk Polimorfizmi
Rpm	: Dakikadaki devir sayısı
SD	: Serbestlik derecesi
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
SH	: Standart Hata
SİM	: Simental
SS	: Standart Sapma
SSR	: Basit Dizi Tekrarları
STR	: Kısa Ard Arda Tekrarlar
Tag	: Thermus aquaticus
TAGEM	: Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü
TPM	: İki safhalı model

Tris-HCl	: Tris-hidroklorür
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
USA	: Amerika Birleşik Devletleri
UV	: Ultra viole
Va	: Gruplar arası varyans
Vb	: Grup içi populasyonlar arası varyans
Vc	: Populasyonlar içi varyans
YGS	: Yerli Güney Sarısı
YK	: Yerli Kara
χ^2	: Ki-kare
ZAV	: Zavot
°C	: Santrigrat derece
%	: Yüzde

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa No

Tablo 1: Kars, Ardahan ve Iğdır illerinde bulunan sığır varlığı.....	4
Tablo 2: Örneklemenin yapıldığı bölgeler ve işletme sayıları	25
Tablo 3: Çalışmada kullanılan ekipmanlar.....	27
Tablo 4: Çalışmada kullanılan sığır mikrosatellit markör listesi	31
Tablo 5: Çalışmada kullanılan markör miktarları ve PZR multipleks havuz listesi	32
Tablo 6: Populasyonlardaki allel ve etkin allel sayıları ile toplam allel sayıları ve allel aralığı düzeyleri.....	40
Tablo 7: Populasyonlarda gözlenen özgün alleler ve frekansları.....	49
Tablo 8: Populasyonlarda beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri.....	51
Tablo 9: Populasyonlar arası genetik kimliklendirme matrisi	52
Tablo 10: Populasyonlar arası genetik uzaklık matrisi	52
Tablo 11: Bireylerin populasyonlara atanması testi sonuçları	55
Tablo 12: Tüm markörlere ait ortalama F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri.....	57
Tablo 13: Populasyonların arasında hesaplanan F_{ST} değerleri.....	58
Tablo 14: Markör bazında populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların F_{IS} değerleri.....	59
Tablo 15: Populasyonlarda HWE değerleri	61
Tablo 16: TPM modeline göre populasyonlara ait darboğaz analiz sonuçları.....	63
Tablo 17: Populasyonların dar boğaz testinde iki safhalı model sonuçları.....	64
Tablo 18: Populasyonların tek grup olarak değerlendirildiği AMOVA	67
Tablo 19: Populasyonların üç grup olarak değerlendirildiği AMOVA	68
Tablo 20: Mantel testi analiz sonuçları	68
Tablo 21: Populasyonların PIC değerleri	69

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 1: Homolog kromozomlarda polimorfizmin gösterilmesi.....	14
Şekil 2: Allel genlerin homolog kromozomlar üzerinde gösterimleri.....	14
Şekil 3: Miks 1'i oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü.....	37
Şekil 4: Miks 2'yi oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü.....	37
Şekil 5: Miks 3'ü oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü.....	38
Şekil 6: CSRM60 marköründeki allel frekansı.....	41
Şekil 7: CSSM66 marköründeki allel frekansı.....	42
Şekil 8: SPS115 marköründeki allel frekansı.....	42
Şekil 9: ILST006 marköründeki allel frekansı.....	42
Şekil 10: HEL9 marköründeki allel frekansı.....	43
Şekil 11: ETH03 marköründeki allel frekansı.....	43
Şekil 12: BM2113 marköründeki allel frekansı.....	43
Şekil 13: ETH10 marköründeki allel frekansı.....	44
Şekil 14: TGLA53 marköründeki allel frekansı.....	44
Şekil 15: ETH185 marköründeki allel frekansı.....	44
Şekil 16: ETH225 marköründeki allel frekansı.....	45
Şekil 17: BM1818 marköründeki allel frekansı.....	45
Şekil 18: TGLA227 marköründeki allel frekansı.....	45
Şekil 19: INRA005 marköründeki allel frekansı.....	46
Şekil 20: HEL13 marköründeki allel frekansı.....	46
Şekil 21: TGLA126 marköründeki allel frekansı.....	46
Şekil 22: TGLA122 marköründeki allel frekansı.....	47
Şekil 23: HAUT27 marköründeki allel frekansı.....	47
Şekil 24: BM1824 marköründeki allel frekansı.....	47
Şekil 25: Populasyonlar için genetik uzaklık kullanılarak çizilen radyal ağaç.....	53
Şekil 26: Populasyonlar için genetik uzaklık kullanılarak çizilen filogenetik ilişki.....	54
Şekil 27: Tüm populasyonlara ait allel frekans dağılım grafiği.....	63
Şekil 28: Populasyonlara ait bireyler arasındaki faktöriyel benzerlik analiz grafiği.....	65
Şekil 29: Populasyonlar arasındaki faktöriyel benzerlik analiz grafiği.....	66
Şekil 30: Yapı testi sonuç grafiği.....	71

RESİMLER DİZİNİ

	Sayfa No
Resim 1: Çalışmada kullanılan agaroz jel elektroforez cihazı	29
Resim 2: Çalışmada kullanılan nükleik asit ölçer 260/280 nm UV spektrofotometre cihazı	30
Resim 3: Çalışmada kullanılan BIO-RAD T100 thermal cyler cihazı	33
Resim 4: ABI 310 genetik analiz sistemi	34
Resim 5: %0,6 agaroz jel elektroforez DNA görüntüsü.....	36
Resim 6: %0,6 agaroz jel elektroforez markör görüntüsü.....	36



ÖZET**Zavot Sığır Irkının Mikrosatellitler İle Genetik Karakterizasyonu**

Bu tez çalışması kapsamında, Kars ili ve çevresinde lokal olarak yetiştiriciliği yapılan ve 29173 sayılı 12 Kasım 2014 tarihli Resmi gazetede yerli bir sığır ırkı olarak tescillenen Zavot sığır ırkının ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitliliğin ve filogenetik ilişkisinin ortaya konulması amaçlanmıştır.

Çalışmada, halk elinde yetiştiriciliği yapılan, klinik yönden herhangi bir sağlık sorunu olmayan, akraba olmayan, 49 baş Zavot (ZAV), 40 baş Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), 40 baş Simental (SİM), 40 baş İsviçre Esmeri (ESM) ve 40 baş Holştayn (HOLS) olmak üzere toplam 209 baş sığır kullanılmıştır. Bu sığırlardan toplanan kan örneklerinden, standart fenol-kloroform yöntemi kullanılarak DNA izolasyonları yapılmış ve elde edilen DNA örnekleri, sığır spesifik 19 mikrosatellit markör kullanılarak multipleks PZR ile yükseltgenmiştir. Yükseltgenen PZR ürünlerine kapiller elektroforez işlemi uygulanmıştır. PZR ürünleri ayrıştırılarak ve her mikrosatellit markörü için genotipler belirlenmiştir.

Bu çalışmada elde edilen genotipler farklı paket programları (GenAlEx6, FSTAT, Bottleneck 1.2.02, Genetix 4.05, Arlequin 3.1, Cervus 3.0.7, Structure 2.3.4, Population 1.2.32, TreeView) kullanılarak analiz edilmiş ve genetik parametreler (toplam allel sayıları, özgün alleller, allel frekansları, beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri, Hardy-Weinberg Dengesine (HWE) uygunluk değerleri, popülasyonlara atanma değerleri, popülasyonlar arası genetik kimliklendirme ve genetik uzaklık matrisi, ortalama F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri, popülasyonlar arası F_{ST} değerleri, popülasyonlar arası genetik farklılıkların F_{IS} değerleri, popülasyonların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediikleri, Faktoriyel Benzerlik Analizleri (FCA), AMOVA ve Mantel testi, PIC değerleri, genetik yapı testi, filogenetik ağaçlar hesaplanmıştır.

Çalışmada toplam 274 farklı allel tespit edilmiş olup, ortalama allel sayısı 10,29, ortalama etkin allel sayısı ise 5,38 olarak belirlenmiştir. En fazla allel sayısı DAK popülasyonunda (20 allel), en az allel sayısı ise ZAV ve HOLS popülasyonlarında (3'er allel) tespit edilmiştir. Ayrıca toplam 51 özgün allel tespit edilmiştir. Popülasyon bazında ortalama beklenen heterozigotluk (H_e) değeri 0,748-0,782 ve ortalama gözlenen heterozigotluk (H_o) değeri 0,556-0,638 olarak belirlenmiştir. Popülasyonlar arası genetik uzaklık matrisine göre en yüksek genetik uzaklık ZAV-HOL (0,358) ve en düşük genetik uzaklık ise DAK-SİM (0,081) popülasyonları arasında saptanmıştır.

Filogenetik ağaç sonucuna göre HOLS ve ESM ile ZAV ve DAK popülasyonlarının aynı kökte yer almasına rağmen zamanla birbirlerinden ayrıldıkları ve SİM popülasyonunun ise diğer popülasyonlardan tamamen ayrı bir kökte yer aldığı belirlenmiştir. Assignment test sonucuna göre çalışmadaki toplam 209 bireyden 65 birey farklı popülasyonlara atanmıştır. Tüm markörlere ait ortalama F_{IT} , F_{ST} , F_{IS} değerleri sırasıyla 0,275, 0,048 ve 0,248 olarak bulunmuştur. Popülasyonların ikili karşılaştırılmasında en yüksek F_{ST} değeri (0,072) ZAV-HOLS popülasyonları arasında, en düşük F_{ST} değeri (0,009) ise DAK-SİM popülasyonları arasında görülmüştür. Yapılan bottleneck analizi sonucunda çalışılan popülasyonların değerleri arasında önemli farklılık olmadığından (ZAV 0,445, DAK 0,414, SİM 0,767, HOLS 0,325, ESM 0,067) ve normal L dağılımı gösterdiğinden dolayı incelenen yerli ırkların yok olma tehlikesi geçirmediği belirlenmiştir.

Çalışılan popülasyonlardaki bireylere ait FCA grafiği incelendiğinde her popülasyonun ayrı bir yerde yerleşim gösterdiği fakat özellikle ZAV, DAK ve ESM popülasyonlarında bir karışım olduğu gözlenmiştir. Çalışmada ortalama PIC değerleri en düşük (0,44) BM2113 marköründe, en yüksek (0,92) ise TGLA53 marköründe olduğu belirlenmiştir. BM2113 markörü hariç diğer markörlerde ortalama PIC değerleri 0,50'den büyük olduğu için yüksek oranda bilgi verici oldukları görülmüştür. Structure analizi sonucunda popülasyonları en iyi ayıran K değerinin 3 olduğu tespit edilmiştir.

Sonuç olarak; Kars ve yöresinde lokal olarak yetiştiriciliği yapılan ZAV sığır ırkının köken aldığı iddia edilen ESM ve SİM ırklarından tamamen ayrıldığı belirlenmiştir. Bölgeye özgü olan yerli ırkların kültür ırklarıyla kontrolsüz melezlenerek genetik yapılarının bozulmasından dolayı bu ırkların korunması ve saf sürülerinin oluşturulması yönündeki çalışmaların artırılması Türkiye sığırıcılığının geleceği için yararlı olacaktır.

Anahtar Kelimeler: Genetik Karakterizasyon, Mikrosatellit, Sığır, Yerli Irk, Zavot



SUMMARY

Genetic Characterization of Zavot Cattle Breed with Microsatellites

Within the scope of this thesis, it was aimed to reveal the genetic diversity and phylogenetic relation between intra- and inter-breed of Zavot cattle breed which is raised locally in and around Kars province and registered as local bovine in 29173 numbered Official gazette dated November 12, 2014.

In this study, a total of 209 head of non-relative cattle were used without any clinical health problems, including 49 head of Zavot (ZAV), 40 head of Eastern Anatolian Red (EAR), 40 head of Simmental (SIM), 40 head of Brown Swiss (BS) and 40 head of Holstein (HOLS). From the blood samples collected from these cattle, using the standard phenol-chloroform method, DNA isolations were made, and the DNA samples obtained were amplified by multiplex PCR using bovine specific 19 microsatellite markers. Capillary electrophoresis process was applied to the oxidized PCR products. The PCR products were separated and genotypes were determined for each microsatellite locus.

The genotypes obtained were analysed using different packet programs (GenAlEx6, FSTAT, Bottleneck 1.2.02, Genetix 4.05, Arlequin 3.1, Cervus 3.0.7, Structure 2.3.4, Population 1.2.32, TreeView) and genetic parameters (total number of alleles, specific alleles, allele frequencies, expected and observed heterozygosity values, Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE), assignment to populations values, genetic identification between populations and genetic distance matrix, average F_{IT} , F_{ST} and F_{IS} values, F_{ST} values between populations, the F_{IS} values of the genetic differences between populations, whether populations are at risk of extinction, factorial correspondence analysis (FCA), AMOVA and Mantel test, PIC values, structure test, phylogenetic trees) were calculated.

A total of 274 different alleles were identified in this study, with an average number of alleles of 10.29 and an average number of effective alleles of 5.38. The highest number of alleles was found in the EAR population (20 alleles) and the least number of alleles in the ZAV and HOLS populations (3 alleles). In addition, a total of 51 private alleles were detected. Based on the population, the average expected heterozygosity (H_e) value was determined as 0.748-0.782, and the average observed heterozygosity (H_o) value as 0.556-0.638. According to the population genetic distance matrix, the highest genetic distance was found between ZAV-HOLS (0.358) populations and the lowest genetic distance was detected between EAR-SIM (0.081) populations.

According to the phylogenetic tree result, although HOLS-BS and ZAV-EAR populations were located at the same roots, they were separated from each other over time, and the SIM population was found completely different root from other populations. According to the assignment test result, 65 individuals in total 209 individuals were assigned to different populations. The average F_{IT} , F_{ST} and F_{IS} values of all markers were found to be 0.275, 0.048 and 0.248, respectively. In the binary comparison of populations, the highest F_{ST} value (0.072) was found among ZAV-HOLS populations and the lowest F_{ST} value (0.009) was found among EAR-SIM populations. It has been determined that the populations do not undergo the danger of extinction as a result of the bottleneck analysis, because there is no significant difference between the values of the populations that are studied (ZAV 0.445, EAR 0.414, SIM 0.767, HOLS 0.325, BS 0.067) and show normal L distribution.

When the FCA graph of the individuals in the populations was examined, it was observed that each population showed a settlement in a separate place, but it was a mixture especially in ZAV, EAR and BS populations. The average PIC values in the study were found to be lowest (0.44) in the BM2113 marker and the highest (0.92) in the TGLA53 marker. Markers other than the BM2113 were found to be highly informative because the average PIC values were greater than 0.50. As a

result of the structure analysis, it was determined that the K value which best separated the populations is 3.

In conclusion, it was determined that the ZAV cattle breed which was breeding in Kars and its region was completely separated from the BS and SIM breeds which were claimed that they contributed to the formation of the ZAV cattle. Because of the fact that the native breeds, which are the symbol of the region, are making uncontrolled crossbreeding with culture breeds, increasement of studies towards the protection of these breeds and the establishment of pure herds will be useful for the future of cattle in Turkey.

Key Words: Genetic Characterization, Microsatellite, Cattle, Native breed, Zavot

1. GİRİŞ

Hayvan yetiştiriciliği tarih boyunca insan hayatında önemli yer tutmuş olup, insanın sosyal ve ekonomik gelişmesinde ve medeniyetler kurmasında büyük etkisi olmuştur. Tarihin en eski dönemlerinde bile göçebe yaşayan insanların en önemli varlığı ve belki de en kıymetli serveti sahip oldukları hayvanları olmuştur (Akçapınar ve Özbeyaz 1999).

Dünya nüfusunun her geçen gün artması yoğun kentleşme ve toplumsal refah seviyesindeki artışla birlikte hayvansal ürünlere olan talebi ciddi bir şekilde arttırmaktadır. Hayvancılık ve hayvansal üretim tüm ülkeler için önemli bir alan olmakta ve ülke ekonomileri için de önemli bir sektör haline gelmektedir (Knips 2005).

Hayvancılık faaliyetleri içinde sığırcılığın oldukça önemli bir yeri vardır. Ülkelerin hayvansal üretim düzeyi, gelişmişlik durumlarının önemli göstergelerinden biridir. Hayvancılık sektörünün başta ulusal beslenmeye katkısının yanı sıra istihdam yaratması; sanayiye hammadde sağlanması ve ihracat yoluyla gelir elde edilmesi gibi önemli işlevleri vardır. Bununla birlikte, ailesel işletme tipinin yoğunlaştığı kırsal alanlarda gizli işsizliğin önlenmesinde de önemli iktisadi fonksiyonları vardır (Sakarya ve Aydın 2011).

1.1. Sığırın Evciltmesi ve Kökeni

Evciltme temel olarak, çeşitli verimlerinden ve hizmetlerinden yararlanmak üzere yabani hayvanların insanlara yakınlaştırılması, alıştırılması ve insan kontrolü altında üretilmesi anlamına gelmektedir (Evrin ve Güneş 1997).

İnsan ile hayvan ilişkisi yönünden sığırın diğer hayvanlar arasında önemli bir yeri vardır. İlk çağlarda insanlar; yabani sığırları avlayarak eti ile beslenmiş, deri, kemik ve boynuzlarını ise çeşitli amaçlarla kullanmışlardır. Uygarlığın ilerlemesi ve avcılığın yeterli olmadığıyla birlikte yabani hayvanların evciltmesi yoluna gidilmiştir. İnsanların göçebe hayatı bırakıp yerleşik hayata geçmeleri

sığırların daha pek çok özelliğinden yararlanma arayışlarına neden olmuştur. (Alpan ve Aksoy 2015).

Sığırların evcilleştirilmesi ile ilgili en eski kanıtlar, Konya ovasında bulunan Çatal Höyük'te ortaya çıkarılan sığır kalıntılarıdır. Sığırların 5800 yıl önce Anadolu'da evcilleştirildiği varsayılmaktadır (Perkins 1969, Akçapınar ve Özbeyaz 1999). Evcilleştirme Orta Asya'da başlamış daha sonra ise Asya'nın diğer bölgelerine ve Balkanlar üzerinden Avrupa'ya yayılım göstermiştir. Bugün bilinen evcil sığırların binlerce yıl önce yaşamış yabani sığırlardan köken aldığı ve günümüzdeki birçok sığır ırkının elde edilmesinde ise *Bos taurus primigenius*'un etkili olduğu düşünülmektedir. Yabani sığırların genel olarak 180-215 cm cidago yüksekliğine sahip iri cüsseli oldukları bildirilmektedir (Akçapınar ve Özbeyaz 1999, İnal ve ark. 2016).

Sığır türü zoolojik sınıflandırmada; Hayvanlar alemi içerisinde, Sırt iplikliler şubesi, Memeliler sınıfı, Çift tırnaklılar alt takımı, Boş boynuzlular familyası, Sığırlar cinsi ve Gerçek sığır (*Bos taurus*) türü içerisinde sınıflandırılmaktadır (Anonim 2018b).

Alem	: <i>Animalia</i>	[Hayvanlar]
Şube	: <i>Chordata</i>	[Sırt İplikliler]
Alt şube	: <i>Vertebrata</i>	[Omurgalılar]
Sınıf	: <i>Mammalia</i>	[Memeliler]
Alt sınıf	: <i>Placentalia</i>	[Plasentalılar]
Takım	: <i>Ungulata</i>	[Tırnaklılar]
Alt takım	: <i>Artiodactyla</i>	[Çift tırnaklılar]
Familya	: <i>Bovidae cavicornia</i>	[Boş boynuzlular]
Alt familya:	<i>Bovinae</i>	
Cins	: <i>Bos</i>	
Alt cins	: <i>Taurus</i>	
Tür	: <i>B. taurus</i>	[Gerçek sığır]

1.2. Sığır Yetiştiriciliğinin Önemi

Sığırlardan başlıca gıda kaynağı olarak faydalanmanın yanı sıra birçok özelliğinden yararlanılmıştır. Günümüzde sığırın iş gücü veriminden yararlanma düzeyi eski önemini kaybetmiştir. Modern dünyada hızla artan nüfusun etkisiyle birlikte et ve süt gibi hayvansal gıda üretiminin önemi gittikçe artmıştır. Sığırlar et ve süt ihtiyacını karşılama bakımından hayvan başına verimde diğer türlere göre üstünlük göstermektedir (Akman 1998, İlgü ve Güneş 2002).

Dünyada toplam kırmızı et üretiminin %58'inin domuz eti ve %32,4'ünün sığır eti kaynaklı olduğu görülmektedir. Domuz eti dahil edilmediğinde Dünya toplam kırmızı et üretiminin %77,4'ü, süt üretiminin ise %82,8'i sığırlardan elde edilmektedir (FAO 2016). Türkiye'deki toplam kırmızı et üretiminin %88,1'i, süt üretiminin ise %90,6'sı sığırlardan elde edilmektedir (TÜİK 2017).

Sığır eti içerdiği amino asitler, B grubu vitaminler ve demir, inek sütü ise yılın her döneminde üretilebilir olması, büyüme ve gelişme için gerekli protein (Bender 1998), vitamin ve mineral madde yönünden zengin olmasından dolayı insan sağlığı açısından gerekli değerli temel besin maddeleri olma niteliğini göstermektedir (Turan ve ark. 2017).

Günümüz ülkelerin gelişmişlik düzeyinin saptanmasında hayvansal ürün tüketim miktarları önemli bir gösterge olarak ele alınmaktadır. Özellikle et, süt ve yumurta gibi gıdalar insan beslenmesinde kritik öneme sahiptir. Gelişmiş ve gelişmekte olan ülkelerde sosyal ve ekonomik gelişmelerle birlikte hayvansal kökenli gıda çeşitliliği ve tüketilen gıdaların yapısı (fast-food gibi) değişim göstermektedir. Ayrıca bu tip ülkelerde kişi başına hayvansal gıdaların tüketim miktarı da artış göstermektedir (Kan ve Direk 2004, Cankurt ve ark. 2010).

1.3. Türkiye Sığır Varlığı

Türkiye’de yetiştirilen sığır sayısı (TÜİK 2017) 2017 yılı itibariyle 15.943.586 baş olarak belirlenmiştir. Türkiye sığır varlığının yaklaşık %49’unu kültür ırkları, %41’ini kültür melezleri ve %10’unu yerli ırklar oluşturmaktadır. Kars, Ardahan ve Iğdır illerinde yetiştirilen toplam sığır sayısının ise %19,1’ini kültür ırkları, %74,5’inin kültür melezi sığırlar ve %6,4’ünün ise yerli ırklardan oluştuğu gözlenmektedir. Türkiye yerli sığır genotipleri Boz, Yerli Kara (YK), Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), Güney Anadolu Kırmızısı (GAK), Yerli Güney Sarısı (YGS) ve Zavot (ZAV) sığır ırkları oluşturmaktadır. Türkiye yerli ırklarından ZAV ve DAK sığırların da doğal yetiştirme alanı olan Kars, Ardahan ve Iğdır illerinin 2017 yılı sığır sayıları Tablo 1’de verilmiştir.

Tablo 1: Kars, Ardahan ve Iğdır illerinde bulunan sığır varlığı (TÜİK 2017).

Genotip	İl	Sayı (baş)	Genel Toplam	%
Kültür ırkı	Kars	100.474	172.878	19,1
	Ardahan	17.247		
	Iğdır	55.157		
Kültür melezi	Kars	334.605	671.077	74,5
	Ardahan	256.317		
	Iğdır	80.155		
Yerli ırk	Kars	32.245	57.378	6,4
	Ardahan	16.229		
	Iğdır	8.904		

1.4. Tez Kapsamında Çalışılan Sığır Irkları

Tez kapsamında Kars, Ardahan ve Iğdır bölgesinde yetiştirilen ve tezde üzerinde çalışılan sığır ırklarının genel özellikleri aşağıda özetlenmiştir.

1.4.1. Simental Irkı

İsviçre’de geliştirilmiş olan Simental (SİM) ırkı sığırlar, et ve süt verim özellikleri düşük olan yerel ırklar üzerinde (Berner ırkı) yapılan ıslah ve seleksiyon çalışmaları sonrasında elde edilmiştir. En çok İsviçre’nin Simme ve Saane vadilerinde yetiştiriciliği yapılmaktadır (Batu 1962). Ayrıca Almanya’nın dağlık bölgeleri ve Avusturya’da da yaygın olarak yetiştiriciliği yapılmaktadır. Et verim özelliğinden yararlanmak için dünyanın çeşitli ülkelerine götürülmüş ve melezleme çalışmalarında ıslah edici hat olarak kullanılmıştır (Perišić ve ark. 2009, İnal ve ark. 2016).

SİM ırkı sığırlar ilk kez 1912 yılında Türkiye’ye getirilmiştir. Bu yıllarda Karacabey Harasında önceleri sistemli olmayan melezlemeler yapılmıştır. Cumhuriyetin ilanından sonra 1925 yılında Macaristan’dan Türkiye’ye 10 baş Simental ırkı inek ve 5 baş Simental ırk boğa getirilmiş fakat melezlemelerde istenilen başarı elde edilememiştir (Aral 1976, Deliömeroğlu 1993). Son yıllarda Türkiye genelinde olduğu gibi kuzeydoğu Anadolu bölgesi illerinde de yaygın olarak yetiştiriciliği yapılmaktadır.

SİM ırkında genel olarak sarı alaca ya da kırmızı alaca beden rengi gözlenir. Baş rengi ve ayakların uç kısımları çoğunlukla beyazdır. Bazen bu bölgelerde kırmızı veya sarılıklar bulunabilir. Boynuz ve tırnaklar beyaz veya krem rengindedir (İnal ve ark. 2016). Yetiştirmede özellikle beden rengi koyu renkliler tercih edilir. Sağlam kondisyonlu ve dağ şartlarına uyum gücü yüksektir. Bu nedenle tırnak yapılarının da iyi olduğu varsayılır. Sırt uzun ve kuvvetli, göğüs geniş ve derin, sağrı dengeli ve kaslar gelişmiş durumdadır. Fakat bu özelliklerine rağmen uyum yeteneği ve dayanıklılığının Esmer ırk kadar iyi olmadığı bildirilmektedir (Batu 1962, Evrim ve Güneş 1997).

SİM ırkında ergin canlı ağırlık dişilerde 575-800 kg (Cziszter ve ark. 2016, İnal ve ark 2016), doğum ağırlığı 36-40 kg (Akbulut 1998, İnal ve ark 2016), kuruda kalma süresi 81 gün (Çilek ve Tekin 2005), ortalama ilk buzağılama yaşı 27-30 ay, buzağılama aralığı 377-379 gün (Çilek ve Tekin 2005, Özkan ve Güneş 2011), servis sayısı 1,76-1,94 adet, servis periyodu 94 gün (Çilek ve Tekin 2005), laktasyon süresi 291-305 gün (Akbulut 1998, Çilek ve Tekin 2005, Ulutaş ve Sezer 2009), bir laktasyondaki süt verimi 3070-7400 litre (Akbulut 1998, Çilek ve Tekin 2005, Logar ve ark. 2007, Ulutaş ve Sezer 2009, Nistor ve ark. 2014, Cziszter ve ark. 2016, Bolacali ve Öztürk 2018) ve sütteki yağ oranı % 3,9-4,1 (Cziszter ve ark. 2016) düzeyindedir.

1.4.2. Esmer Irk (İsviçre Esmeri)

Anavatanı İsviçre olan Esmer ırk (ESM) uzun yıllar yapılan seleksiyon ve ıslah çalışmaları ile verim özellikleri düşük olan yerli ırklardan elde edilmiş ve o yıllarda süt verim yönlü yetiştiriciliği ön plana çıkarılmıştır. Esmer sığır ırkı, İsviçre’de 1000 yıldır saf olarak yetiştirilmektedir. Ayrıca Avusturya’da İsviçre Esmer sığırının melezleme çalışmalarında kullanılmasıyla Avusturya Esmeri adı verilen sığırlar elde edilmiştir. Amerika Birleşik Devletleri’ndeki ESM ırk sığırların süt verim yönlü yetiştiriciliği yapılmakta ve bundan dolayı da sütçü tipe yaklaşan bir vücut yapısına sahiptir (Batu 1962, Evrim ve Güneş 1997, İnal ve ark. 2016).

ESM ırkı, Cumhuriyetin kuruluşundan hemen sonra 1925 yılında Türkiye’ye getirilerek hem saf olarak yetiştirilmeye devam edilmiş hem de melezleme çalışmalarında kullanılmıştır. Montofon olarak bilinen sığırlar, Avusturya’nın Montofon bölgesindeki yerli sığırların İsviçre Esmeri sığırlarla melezlenmesiyle elde edilmiş sığırlardır. İlk getirilen ESM sığırların Avusturya’nın Montofon ırkı sığırları olması nedeniyle Montofon ismi kullanılmış ve daha sonraki İsviçre’den ithal edilen İsviçre Esmeri sığırlara da Montofon denilmeye devam edilmiştir. Günümüzde ESM ırktan köken almış birçok sığır grupları vardır (İnal ve ark. 2016). ESM ırkın Ege, Marmara ve İç Batı Anadolu’da Boz ırk ile melezlenmesi sonrası elde edilen sığırlara *Karacabey Esmeri*, Orta Anadolu’da YK ile melezlenmesinden elde edilenlere *Orta*

Anadolu Esmeri, Doğu Anadolu’da DAK ile melezlenmesi sonrasında elde edilenlere *Doğu Anadolu Esmeri* adı verilmiştir. Adı geçen bu sığır tiplerinde hakim olan genotip ESM ırk olduğundan karışıklığı engellemek için tümüne *Türk Esmeri* denilmesi daha uygun olmuştur (Alpan ve Aksoy 2015).

ESM ırk sığırların değişik iklim ve coğrafi şartlar ile bakım ve besleme değişikliklerine uyum kabiliyeti yüksektir. Türkiye’de de Ege bölgesinden Doğu Anadolu bölgesinde Kars’a kadar geniş bir coğrafyanın çevre şartlarına uyum sağlamış ve yaygın olarak yetiştiriciliği yapılmaktadır (Alpan ve Aksoy 2015). Bu sığırlarda renk değişik tonda esmer olmakla birlikte gümüşü griden siyaha yakın renk tonları da gözlenebilmektedir. Genellikle sırtta açık renkte bir ester çizgisi bulunur. Kulak içindeki tüyler genelde uzun ve beyaz olmasına rağmen merme, kuyruk ucu, dil ve boynuz uçları siyahtır. Yüksek rakımlı bölgelere iyi uyum sağlamış bir ırk olmasının verdiği avantajla sağlam ayak ve tırnak yapısına sahiptir. Vücut sağlam, kuvvetli, iri ve harmonik bir yapıya sahiptir (Evrım ve Güneş 1997, Alpan ve Aksoy 2015, İnal ve ark. 2016). ESM ırk, kombine verim özelliği olan bir ırktır (Evrım ve Güneş 1997, İnal ve ark. 2016).

ESM ırkın canlı ağırlığı ortalama 600 kg (Alpan ve Aksoy 2015), buzağılama yaşı 54,2 ay (Hare ve ark. 2006), buzağılama aralığı 394-483 gün (Yanar ve ark. 1997, Hare ve ark. 2006, İnci ve ark. 2007, Estrada-Leon ve ark. 2008, Kopuzlu ve ark. 2008, El-Tarabany ve Nasr 2015), servis sayısı 1,74-3,18 adet (Estrada-Leon ve ark. 2008, Tiezzi ve ark. 2011, El-Tarabany ve Nasr 2015) servis periyodu 100-144 gün (Yanar ve ark. 1997, İnci ve ark. 2007, Kopuzlu ve ark. 2008, El-Tarabany ve Nasr 2015), laktasyon süresi 302-327 gün (İnci ve ark. 2007, Tiezzi ve ark. 2011, Dogru 2015), laktasyon süt verimi 3370-8500 litre (İnci ve ark. 2007, Tiezzi ve ark. 2011, Dogru 2015, El-Tarabany ve Nasr 2015), süt yağı oranı %3,9-4,3 (Yanar ve Aydın 2000, Tiezzi ve ark. 2011, Dogru 2015) ve gebelik süresi 283-290 gün (Yanar ve ark. 1997, Kopuzlu ve ark. 2008, Alaçam 2015) olduğu bildirilmektedir.

ESM ırkta buzađı dođum ađırlıđı ortalaması çođu ırka gre daha yksek dzeyde olduđundan, g dođum oranı daha fazla olabilmektedir. Bu nedenle yerel ırklardan kk yapılı inekler ile esmer bođaların iftleřtirilmesi sonrasında yksek oranda g dođumlarla karřılařılmaktadır (Alpan ve Aksoy 2015).

1.4.3. Holřtayn (Siyah Alaca) Irkı

Hollanda'nın Frizya blgesinde geliřtirilen Siyah Alaca Holřtayn'lar (HOLS) dnya zerinde en fazla yayılım gsteren ırk olma zelliđine sahiptir. Bu sıđırın M 350 yılından beri Frizya blgesinde yetiřtirildiđine dair bilgiler bulunmaktadır. Yre halkı tarafından blgeye yabancı sıđır ırklarının sokulmamasıyla bu ırk saflıđını yıllarca koruyabilmiřtir. Alak arazi sıđırlarından olup, genellikle kaliteli ayırklar ve ılıman iklimde bařarılı bir řekilde yetiřtirilmektedir (Alpan ve Aksoy 2015, İnal ve ark. 2016). Amerika Birleřik Devletleri'nde bu ırkın beden yapısı st zellik gsterirken, Almanya'daki tipleri eti tip zellik gstermektedir (İnal ve ark. 2016). Trkiye'ye 1958 yılında itibaren bu ırk ithal edilmeye bařlanmıřtır. İlk olarak Amerika Birleřik Devletleri'nden Bursa Karacabey Harasına daha sonra diđer devlet hayvancılık kurumlarına ve bazı zel iřletmelere siyah alaca inek ve bođalar ithal edilmiřtir. Trkiye'nin kuzeydođu Anadolu blgesi dahil tamamında yetiřtirilirken yem bitkileri retiminin ok daha yksek olduđu Ege, Marmara ve Akdeniz blgelerinde yaygın olarak yetiřtirilmektedir (Alpan ve Aksoy 2015).

HOLS ırkının en yaygın beden rengi siyah beyaz alacadır ve bu ırk tam bir st beden yapısına sahiptir. Vcut nden arkaya dođru geniřleme gsterir ve derinliđi artar. Kıl rts ise kısa ve parlaktır. Kemik yapısı olduka iri yapılıdır. Meme dokusu yksek st verimine uygun olarak olduka byk olmasının yanı sıra, řiřkin ve uzun-belirgin kan damarlarına sahiptir (Alpan ve Aksoy 2015, İnal ve ark. 2016).

HOLS ırkının kuruda kalma süresi 41-81 gün (Bakır ve Kaygısız 2013, Akkaş ve Şahin 2014, Van Eetvelde ve ark. 2017), ilk buzağılama yaşı 23-25 ay (Van Eetvelde ve ark. 2017), buzağılama aralığı 395-411 gün (Haile-Mariam ve ark. 2003, Özçakır ve Bakır 2003, Şahin ve Ulutaş 2010, Gürses ve Bayraktar 2012, Akkaş ve Şahin 2014), servis sayısı 1-2 adet (Şahin ve Ulutaş 2010, Van Eetvelde ve ark. 2017) servis periyodu 113-151 gün (Özçakır ve Bakır 2003, Şahin ve Ulutaş 2010, Gürses ve Bayraktar 2012, Zink ve ark. 2012, Akkaş ve Şahin 2014, Yamazaki ve ark. 2016), laktasyon süresi 295-395 gün (Haile-Mariam ve ark. 2003, Bakır ve Kaygısız 2013, Akkaş ve Şahin 2014, Van Eetvelde ve ark. 2017), laktasyon süt verimi 5560-10190 litre (Haile-Mariam ve ark. 2003, Gürses ve Bayraktar 2012, Zink ve ark. 2012, Bakır ve Kaygısız 2013, Akkaş ve Şahin 2014, Yamazaki ve ark. 2016, Van Eetvelde ve ark. 2017) ve gebelik süresi 277-279 gün (Özçakır ve Bakır 2003, Şahin ve Ulutaş 2010, Alaçam 2015) olduğu bildirilmiştir.

1.4.4. Doğu Anadolu Kırmızısı ırkı

DAK sığır ırkı Türkiye'nin Doğu Anadolu bölgesinde sayısal olarak en fazla yetiştirilen yerli bir ırktır (Alpan ve Aksoy 2015). DAK sığırların en iyi örnekleri yüzyıllardır Kars ve Ardahan ilinde yetiştirilmiş olup, öyle ki buradan komşu illerdeki sığırların geliştirilmesi için damızlık temini bile sağlanmıştır (Akıncı ve Batu 1942, Schmid 1956). Günümüzde ise DAK ırkı Kars, Ardahan, Erzurum ve Ağrı illerinde halen halk elinde saf olmasa da yetiştiriciliği yapılmaktadır. Doğu Anadolu bölgesindeki ailesel işletmelerdeki yaygın sığır yetiştirme şekli geleneksel düzeyde sürdürülmekte ve bu yetiştirme tarzında besleme mera ağırlıklı olmaktadır. DAK bölgenin zayıf mera koşullarını en iyi değerlendirebilecek bölgeye yüzyıllardır uyum sağlamış olan düşük kombine verimli yerli sığır ırklarındandır (Evrin ve Güneş 1997, Alpan ve Aksoy 2015). DAK ırkı, geç gelişen yerli ırklar içerisinde günlük canlı ağırlık artışı en yüksek olmasına karşın yemden yararlanma kabiliyeti pekiyi değildir (Arpacık 1995).

DAK ırkında beden rengi kırmızı olmakla birlikte açık kırmızıdan koyu kestane rengine kadar değişebilmektedir. Bazı hayvanlarda özellikle arka bacak arasında olmak üzere beyaza kadar değişen açık renklilik bulunabilmektedir (Akman 1998, İnal ve ark. 2016). Meme açık renktedir, burun üzerinde siyah lekeler bulunabilir ve göz etrafında kısmen siyah renkli halkalar şeklinde kuşak bulunabilmektedir (Batu 1962).

DAK ırkı, yetiştirildiği bölgenin karasal iklim koşullarına oldukça iyi uyum sağlamış hayvanlardır. Bununla birlikte bölgenin engebeli arazilerinin ve ilkel barınakların bulunduğu yetiştirici koşullarında başarılı bir şekilde yetiştirilebilmektedir. Kuzeydoğu Anadolu bölgesinde Mayıs ayından itibaren zengin vejetasyona sahip mera-yaylalara çıkarılır ve Ekim-Kasım aylarına dek ek bir yemleme yapılmaksızın burada otlatılır. Mera koşullarının kötüleştiği vejetasyonun samana dönüştüğü kalitesiz kaba yemlerle dahi hayatını sürdürebilmekte, düşük düzeyde de olsa verim verebilmekte ve hastalıklara karşı direncini yüksek düzeyde sürdürebilmektedir. Güçlü, küçük cüsseli ve sert mizaçlı bir yapısı vardır. Kemik yapısı sağlam, göğsü dar ve deri yapısı kalındır. Buna ek olarak sağrı dar, keskin, sivri ve cidagodan yüksektir (TAGEM 2009).

Geçmişte DAK ırkı sığırların verim düzeylerini geliştirmek amacıyla bölgeye getirilen ESM ve SİM ırkları ile kontrollü veya kontrolsüz melezlemeler yapılmış olduğundan, günümüzde morfolojik olarak DAK sığırı fenotipi gösteren sığırların aynı zamanda söz konusu ırkların fenotipik özelliklerini de taşıdıkları gözlenmektedir. Yapılan melezlemeler ile önemli yerli gen kaynaklarımızdan olan DAK ırkının saflığı önemli düzeyde bozulmaya başlamıştır. Melezlemeler ile belki de elde edilen tek avantaj et ve süt veriminin biraz daha yüksek düzeylere getirilmiş melezler elde edilmiş olmasıdır (Resmi Gazete 2004, Evrim ve Güneş 1997). Bu melezlemelerin olumsuzlarının yanında günümüzde DAK ırkının korunması amacıyla Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nde saf yetiştiriciliği yapılmaktadır.

DAK ırkında canlı ağırlık 165-453 kg (Yıldız ve ark. 2008b), doğum ağırlığı 12-20 kg (Özlütürk ve ark. 2007, Yıldız ve ark. 2008b), ilk buzağılama yaşı 640-1499 gün (Kaya ve Akbulut 2014), buzağılama aralığı 340-437 gün, servis periyodu 110 gün, servis sayısı 1,97 adet ve gebelik süresi 278-292 gün (Yıldız ve ark. 2008a), laktasyon süresi 111-190 gün, laktasyon süt verimi 248-1506 litre, sütteki yağ oranı %3,4-6,4 (Yıldız ve ark. 2008b), ve günlük canlı ağırlık artışı 0,3-0,9 kg (Akbulut ve Ulutaş 1994, Ulutaş ve ark. 1994, Özlütürk ve ark. 2007, Özlütürk ve ark. 2008) olduğu bildirilmiştir.

1.4.5. Zavot Irkı

Zavot (Zavod) sözcüğü, Rusça'da üretim yapılan yer imalathane ya da fabrika anlamına gelmektedir. Bölge süt ürünleri üreten mandıra, süt işletmesi veya sütçülük imalathanelerine de bu nedenle Zavot denilmiştir. Zavot terimi ürün imalathanelerinin yanı sıra bu işletmelere ham madde/süt sağlayan hayvancılık işletmelerini de kapsayacak şekilde de kullanılabilir (Batu 1962, Mason 1996). ZAV sığır ırkı, Kars'ın Rus işgali döneminde Çarlık Rusyası tarafından bölgeye yerleştirilen Ukrayna göçmenlerinin yanlarında getirdiği SİM, ESM ve Podolya sığırlarını ilk yıllarda kontrollü, daha sonraları ise kontrolsüz bir şekilde Kars yöresindeki yerli ırk (DAK) sığırlarla melezlemesiyle elde edilmiştir. Baskın olan ırkın SİM veya ESM ırk olmasına göre beden renginde farklılıklar olabilmektedir (Schmid 1956, Batu 1962, Evrim ve Güneş 1997, Aksoy ve ark. 2006, Yılmaz ve ark. 2012).

ZAV ırkı düşük kombine verim yönlü olarak değerlendirilmektedir. Karasal iklimin hakim olduğu bölgede, engebeli arazi ve mera koşullarında rahatlıkla sorunsuz bir şekilde yetiştirilebilmektedir (TAGEM 2009). Sütü ortalama %4 yağlı olup, bir laktasyondaki ortalama süt verimi 1500 kg civarında olup, bununla birlikte besi kabiliyeti DAK ırkından daha iyidir. Vücut örtüsü rengi açık beyazdan koyu boz renge kadar değişebilmektedir. Vücut yapısı sütçülük özelliği bakımından iyidir (Yılmaz ve ark. 2012, Alpan ve Aksoy 2015, İnal ve ark. 2016). ZAV ırkının vücudu orta irilikte, sağlam yapılı ve vücudun bölümleri birbiriyle uyumludur. Erkek ve dişi genellikle boynuzlu olup, sırtları düz yapıdadır. Dişilerde deri yumuşak ve

elastik, ayrıca meme yapısı diğer yerli ırklara göre gelişkindir. Ergin canlı ağırlık dişilerde 250-500 kg, buzağılama aralığı ortalama 13 ay, laktasyon süresi ortalama 275 gün, doğum ağırlığı erkeklerde 19-28 kg, dişilerde ise 17-24 kg ve besideki günlük canlı ağırlık artışı 900-1000 kg düzeyinde olduğu bildirilmektedir (Resmi Gazete 2014).

Zavot ırkının Türkiye'nin kuzeydoğu Anadolu bölgesinde Kars ve Ardahan illerinde olduğu gibi uzun ve sert kış koşullarına rahatlıkla uyum sağladığı, kalitesi düşük mera alanlarını değerlendirebildiği ve gelecekte hayvan sağlığı açısından oluşabilecek var olma tehlikelerine direnebilecek bir yapıya sahip olduğu değerlendirilmektedir. Bu özelliklerine rağmen yüzyıllardır saf yetiştirilmemesi nedeniyle günden güne sayısında azalmaların ve genotipinde bozulmaların olması oldukça kaygı vericidir. Bunu engellemek amacıyla genetik kaynakların korunması amacıyla sınırlı düzeyde de olsa “yerinde korunmasına yönelik projeler” yapılmış ve yetiştiricilere destekler sağlanmaya çalışılmıştır (TAGEM 2009, Yüksel 2011). Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığının 12 Kasım 2014 tarih ve 29173 sayılı Resmi Gazete’de yayınlanan “*Yerli Hayvan Irk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (Tebliğ No: 2004/39)’de Değişiklik Yapılmasına Dair Tebliğine (Tebliğ No: 2014/50)*” göre Zavot sığırı ırk olarak tescil edilmiştir (Resmi Gazete 2014). Son yıllarda destekleme programları içerisinde yer alan Zavot sığırı, Resmi Gazetenin 26.08.2017 tarih ve 30166 sayılı yayımlanan “*Hayvancılık Desteklemeleri Hakkında Uygulama Esasları Tebliğinde (Tebliğ No: 2017/32)*” koruma kapsamında olduğundan desteklemelere devam edileceği belirtilmektedir (Resmi Gazete 2017).

1.5. Gen Kaynaklarının ve Genetik Çeşitliliğin Korunması

Sığır yetiştiriciliğinde hayvan başına verimleri arttırmanın en kolay yolu sahip olunan çok sayıdaki yerel genetik kaynakları seleksiyon programlarıyla geliştirmektense, yüksek verimli kültür ırkları ile melezleme çalışmalarının yapılması olmuştur. Bu durum zaman içerisinde yerli ırkların yerini tamamen optimal bakım besleme koşulları gerektiren kültür ırklarının veya melezlerinin almasına neden olacaktır. Oysa yerli ırklar yüzlerce yıldan beri yetiştirildikleri bölgenin çevre, iklim, bakım-besleme, coğrafik olumsuz şartlarına dayanıklı özgün niteliklere sahip

kanaatkar hayvanlardır. Olumsuz çevre şartları ve yetersiz besleme koşullarına rağmen yerli ırkların üreme performanslarının kültür ırklarına göre yüksek olması onları değerli kılmaktadır (Ertuğrul ve ark. 2000, Çanta ve Oğuz 2004, Ertuğrul ve ark. 2005).

Günümüzde Türkiye’de yaygın kontrolsüz yapılan yetiştiricilikle birçok yerel ırkın saflığının kaybolması ve dolayısıyla taşıdıkları genlerinde yok olma anlamına gelmektedir. Yerli ırklarda çok daha düşük düzeyde gözlenen kontrol edilemeyen çeşitli hastalıklara karşı aşırı hassasiyet, olumsuz koşullara hassasiyet ve infertilite gibi sorunlar günümüz sığır varlığının geleceğini dolayısıyla da insanlığı tehdit etmektedir (Ertuğrul ve ark. 2005, Ertuğrul ve ark. 2010).

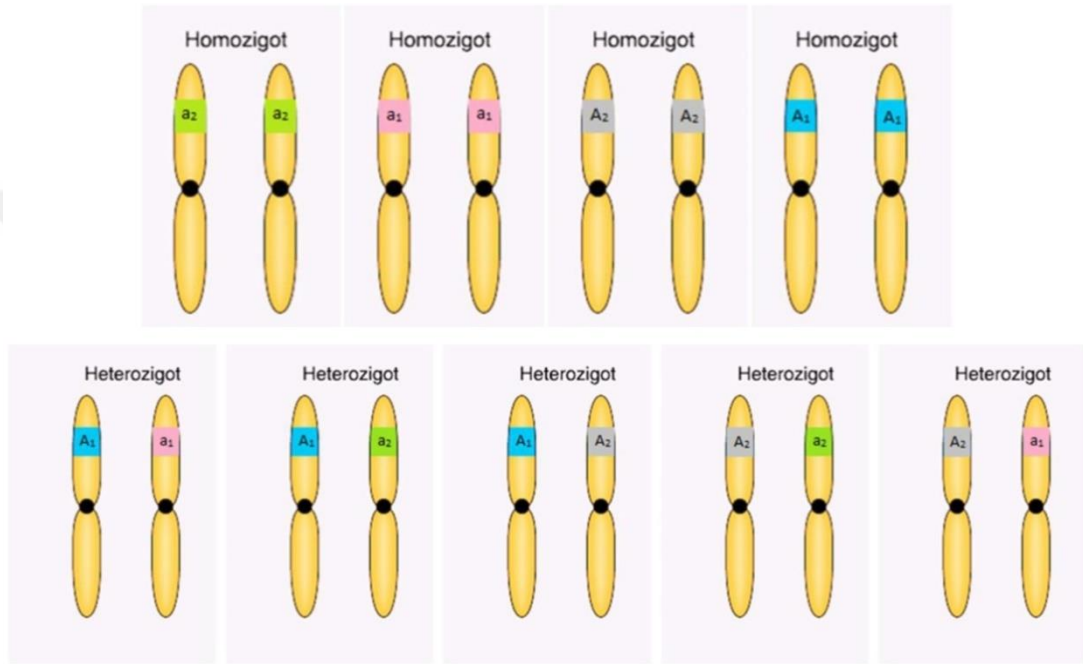
Türkiye’de son yıllarda bilinçsiz bir şekilde yerli ırkların yerini büyük maliyetlerle getirilen kültür ırkları almaktadır. Kültür ırkları coğrafi şartlar, bakım ve besleme olanaklarının kötü olduğu özellikle kırsal bölgelerde verim performanslarının düşük olması ve enfeksiyöz hastalıklara karşı daha hassas olması ciddi ekonomik kayıplara neden olmaktadır. Özellikle yaşanan buzağı kayıpları geçimini hayvancılıktan kazanan ailesel tipteki yetiştiricileri olumsuz etkilemektedir (Ertuğrul ve ark. 2005, Ertuğrul ve ark. 2015).

Lokal olarak yetiştiriciliği yapılan gen kaynaklarını korumak için bilgiye, örgütlenmeye, iş gücüne, belli bir coğrafi bölgeye ve dolayısıyla belli bir ekonomiye ihtiyaç duyulur. Çok sayıda neden sayabilmekle birlikte genetik kaynakların korunmasının nedenleri olarak başlıca ekonomik, bilimsel, kültürel ve ekolojik faktörler sıralanabilir (Turner 1987, Majjala 1987, Oldenbroek 1999, Ertuğrul ve ark. 2000).

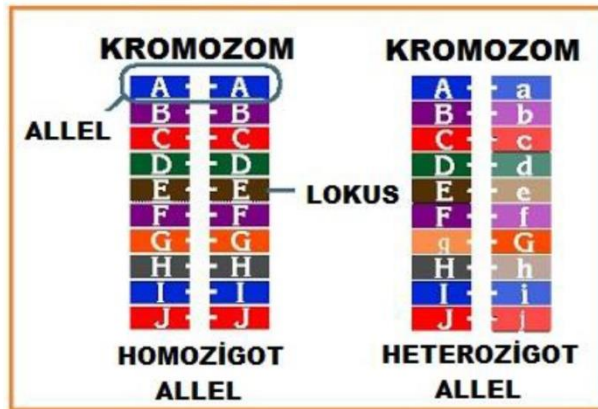
1.6. Gen ve Genetik Polimorfizm

DNA üzerindeki bir diziyi içeren bölge lokus ya da gen olarak isimlendirilebilir. Bunlar, ebeveynden yavruya aktarılan kalıtım birimleridir. Bir lokusa ait DNA dizisi bireyden bireye farklılık gösteriyorsa yani polimorfik ise bu lokusun birden fazla alleli vardır ve dolayısıyla bu lokusta polimorfizm

gözenmektedir. Bir bireyin ebeveynlerinden kalıtım yoluyla aldığı aynı lokusa ait iki DNA dizisi birbirlerinin aynısı ise bu birey bu lokus bakımından homozigottur. Eğer iki dizi birbirinden bir ya da daha fazla nükleotid yönünden mutasyon nedeniyle farklıysa, bu birey bu lokus için heterozigottur (Şekil 1-2). Bu farklılıklar allel kombinasyonu (farklı lokuslarda yer alan farklı aleller) oluşturmaktadır. Genotip ve çevresel faktörler ise fenotipi belirlemektedir (Koban ve ark. 2013).



Şekil 1: Homolog kromozomlarda polimorfizmin gösterilmesi (Dağdelen 2014'den modifiye edilmiştir).



Şekil 2: Allel genlerin homolog kromozomlar üzerinde gösterimleri (Gonzaga 2010).

Genetik polimorfizm, organizmaların tarihsel kökenlerine ait bilgiler de sağlamaktadır. Aile bağlarının geçmişi bilinen bir soyağacında genetik işaretler kullanarak genetik ağacı çıkartılabilir. Ortak ataya sahip olan populasyonlar ortak allel paylaşmaktadırlar. Elde edilen bulgular bize populasyonların geçmişleri ile ilgili bilgi vermektedir. Ayrıca bir tür içindeki alt populasyonların birbirleriyle ilişkileri hakkında araştırma yapılabilmektedir. Bunun yanında hastalığa yakalanma riski olan bireyler erken teşhis edilebilmektedir. Bu çeşitliliğin hesaplanması için ilk adım ilgili lokuslar bakımından bireylerin genotipini belirlemek ve mevcut allel tiplerini saptamaktır (Koban ve ark. 2013).

1.7. DNA Markör Sistemlerinin Kullanımı

Hayvan yetiştiriciliğinde populasyonlardaki genetik varyasyon, bireylerde DNA düzeyinde moleküler yöntemlerin kullanılmasıyla ortaya konabilmektedir. Son yıllarda hızla gelişen moleküler yöntemler, her birey için parmak izine benzetilebilecek farklı bir genetik profil ortaya koymaya olanak sağlamaktadır. Bireyler arasındaki genetik varyasyonun nükleotid bazındaki değişimi belirleyebilecek kapasitedeki hassas yöntemlerle kolay bir şekilde ölçülebilmesi, araştırmacıları DNA işaretleyicileri ile çalışmaya teşvik etmektedir (Özdemir ve Doğru 2007).

Populasyonların genetik yapısının belirlenmesi, ortaya çıkarılan genetik yapıdaki genlerin yerlerinin saptanması, fonksiyonlarının anlaşılması ve diğer genlerle ilişkilerinin belirlenmesi amacıyla son zamanlarda moleküler biyoloji ve genetik alanında yapılan çalışmaların sayısı gittikçe artmaktadır. Çiftlik hayvanlarında da populasyonların genetik yapısının DNA düzeyinde belirlenmesi ve ıslah çalışmalarında moleküler işaretleyicilere dayalı seleksiyon amacıyla moleküler teknikler kullanılmaktadır. Hayvancılıkta özellikle ekonomik öneme sahip, ölçülmesi pahalı ya da güç olan kantitatif karakterler bakımından seleksiyonda hayvanların fenotipine bakarak en iyi allelleri taşıyan genotiplerin belirlenmesi oldukça güçtür. Bu gibi durumlarda ilgili allelleri taşıyan bireyleri DNA işaretleyicileri ile belirlemek için son yıllarda özellikle süt verimi, hastalıklara direnç ve döl verimi gibi kantitatif

karakterler üzerinde yoğunlaşan çalışmalar yapılmaktadır. Dolayısıyla son yıllarda fenotipik verilere dayalı seleksiyonun yerini zamanla genotipik seleksiyon almaya başlamıştır (Schnabel ve ark. 2005).

Moleküler genetik teknolojilerinin kullanımıyla beraber daha erken yaşta ve daha doğru damızlık hayvan seçmek mümkün olmaktadır. Bugüne kadar çiftlik hayvanlarında yürütülen seleksiyon çalışmaları, sadece fenotip ya da tahmini damızlık değere bakılarak yapılmaktaydı. Moleküler genetik tekniklerle elde edilen bilgiler, fenotipik olarak elde edilen bilgiden daha çok yarar sağlanmaktadır (Naqvi 2007). Bunlar;

1. Genotipik yanlışlıklar yok denecek kadar az olur, moleküler genetik bilgi çevreden etkilenmez bu nedenle genetik olarak eşit aktarılabilir.
2. Moleküler genetik bilgi erken yaşta elde edilebilir, esas olarak embriyo aşamasında, dolayısıyla generasyon aralığının azalması ve erken seçime izin verir.
3. Moleküler genetik bilgi özellikle cinsiyet karakterleri için faydalı tüm bireylerin seleksiyonunda elde edilebilmektedir. Bu karakterler pahalı ya da kaydı zordur ya da karakterler hayvanların kesimini gerektirir (karkas özelliği gibi).

Irklar içi ve ırklar arasındaki genetik çeşitlilik, her tür içindeki farklılık olarak tanımlanmaktadır. Irkların kimliklendirilmesi ve karakterizasyonu, genetik kaynakların tanımlanmasında ve aynı zamanda koruma altına alınacak öncelikli ırkların belirlenmesinde önemli yer almaktadır. Genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde, populasyon içi ve populasyonlar arası ilişki önemli olduğu kadar, tüm populasyon yapısını analiz etmek için ebeveyn tayini, akrabalık katsayıları gibi bilgilerde gereklidir (Fatima 2004, Özşensoy ve Kurar 2012).

Populasyon yapısı; ırkların gelişimi ve korunmasında yapılacak uygulamalar için bize yardımcı olmaktadır. Populasyon yapısını, ırklar içi ve ırklar arasındaki genetik çeşitliliği incelemek için çeşitli işaretleyiciler kullanılmaktadır. Genetik mesafenin tahmini için bilgi kaynağı olarak enzim, kan grupları sistemleri, lökosit antijenleri gibi gen ürünlerindeki çeşitlilik yerini Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)'nin gelişmesi ile birlikte DNA düzeyindeki polimorfizm çalışmalarına

bırakmıştır. DNA polimorfizm çalışmalarında, Restriksiyon Parçacık Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), Rastgele Arttırılmış Polimorfik DNA (RAPD) ve mikrosatellitler en yaygın kullanılan yöntemlerdir (Fatima 2004, Özşensoy ve Kurar 2012).

1.8. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları

Mikrosatellitler ilk olarak 1980'li yıllarda keşfedilmiştir. Eş-baskın (kodominant) belirteçlerden olan mikrosatellit DNA lokusları; 2-6 nükleotid uzunlukta kısa, tekrarlanan DNA bölmelerini ifade etmektedir. Mikrosatellitler; basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeats, SSR) ya da kısa ard arda tekrarlar (Short Tandem Repeats, STR) olarak da adlandırılırlar. Polimorfik bir lokusta tekrarların sayısı 5'ten 100'e kadar değişebilmektedir. Mikrosatellit PZR ürünleri her bir lokusa göre değişen ve genel olarak 75 ile 300 baz çifti uzunluğu arasındadır. Mikrosatellit markörlerinin ISAG-FAO tarafından önerilmiş olması, yüksek polimorfik ve heterozigotluk göstermeleri, farklı kromozom bölgeleri üzerinde bulunmaları, dört ve üzerinde allel sayısı olması istenmektedir (Korkmaz Ağaoğlu ve Ertuğrul 2010, Özşensoy ve Kurar 2012).

Mikrosatellit markörler kodominant kalıtım özelliği göstermeleri, lokusa özgü olmaları, genom içerisinde düzgün ve geniş yayılımları; yüksek mutasyon oranı ve genom hakkında diğer pek çok moleküler işaretleyicilere göre daha fazla bilgi vermeleri yanında PZR'ye dayalı bir teknik olmasından dolayı çok tercih edilen ve birçok türde kullanılan bir moleküler işaretleyicidir (Kurar 2001, Özşensoy 2011, Özşensoy ve Kurar 2012).

Mikrosatellit markörler genetik haritalama, populasyon genetiği, ebeveyn tayinleri, kişisel DNA tanımlanması, moleküler epidemiyoloji ve patoloji, hayvanlar arası kantitatif varyasyonun incelenmesi ve karakterdeki varyasyonun boyutunu anlama gibi birçok alanda kullanım alanı bulmuştur (Vaiman ve ark. 1996, Canon ve ark. 2000, Li ve ark. 2002).

1.9. Sığırlarda Mikrosatellit Markörlerle Yapılan Bazı Genetik Karakterizasyon Çalışmaları

Sığırlarda mikrosatellit markörler kullanılarak çok sayıda genetik çalışma yürütülmüştür (Baumung ve ark. 2004, Metta ve ark. 2004, Zhou ve ark. 2005, Martin-Burriel ve ark. 2007, Sun ve ark. 2008, Özşensoy ve ark. 2010, Özşensoy 2011, Abdullah ve ark. 2012, Azam ve ark. 2012, Özşensoy ve ark. 2014, Özşensoy ve Kurar 2014, Zsolnai ve ark. 2014, Agung ve ark. 2016, Eusebi ve ark. 2017, Macneil ve ark. 2017, Gororo ve ark. 2018, Pienaar ve ark. 2018). Genetik karakterizasyon çalışmaları genel olarak ırklar içi ve ırklar arasında genetik varyasyonun belirlenmesi, ırkların kökenlerinin ve evciltme bölgelerinin belirlenmesi amacıyla yapılmaktadır (Bruford ve ark. 2003, Özşensoy ve Kurar 2012).

Türkiye’de sığırlar üzerine mikrosatellit markörler kullanılarak yapılan genetik karakterizasyon çalışmalarının genellikle yerli sığır ırklarının birbirleriyle veya yerli ırkların bazı kültür ırklarıyla ilişkileri konusunda bilgi edinmek amacıyla yapıldığı görülmektedir (Altınalan 2005, Özkan 2005, Özşensoy ve ark. 2010, Özşensoy 2011, Özşensoy ve ark. 2014, Özşensoy ve Kurar 2014).

Türkiye yerli sığır ırklarından olan ve genotipi kaybolma tehlikesi altında olduğu belirtilen ZAV ırkının diğer yerli sığır ırklarıyla mikrosatellit markörler kullanılarak genetik karakterizasyonu ile ilgili ilk çalışmalar Özşensoy ve ark. (2010) ve Özşensoy (2011) tarafından yapılmıştır. ZAV ırkının da içinde bulunduğu DAK, YK, GAK, Boz ve YGS genotipleri üzerinde mikrosatellit markörler ile genetik karakterizasyon çalışmasında en düşük allel sayısının ZAV (6 adet) ve DAK (7 adet) populasyonlarında olduğu bildirilmiştir. F_{IS} değeri ZAV populasyonunda negatif bulunurken, ZAV ve DAK populasyonlarında F_{ST} değerleri istatistiksel olarak önemsiz olduğu tespit edilmiştir. En yüksek genetik uzaklığın ZAV ve YGS populasyonları arasında olduğu, ZAV populasyonunun diğer populasyonlardan tamamen ayrı öbeklendiği bildirilmiştir (Özşensoy ve ark. 2010). Türkiye yerli sığır ırklarından (Zavot, DAK, YK, GAK, Boz ve YGS) toplamda 245 örnekleminin yapıldığı bir çalışmada (Özşensoy 2011) 20 mikrosatellit markör kullanılarak genetik karakterizasyon yapılmıştır. Çalışmada ZAV populasyonunda en düşük ortalama

allel sayısı ve en yüksek özgün allel frekansı tespit edilirken, DAK populasyonunda ise özgün allel sayısı en düşük olarak belirlenmiştir. F_{IS} değeri incelenen ırklar arasında ZAV populasyonunda en düşük ve istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur. En yüksek genetik uzaklık ZAV ve Boz ırk arasında belirlenirken, DAK populasyonunun diğer populasyonlarından genetik olarak farklı bir yerde olduğu saptanmıştır. Tüm populasyonların normal L dağılımı göstermesinden dolayı yakın zamanda yok olma tehlikesi geçirmediği ifade edilmiştir.

Türkiye yerli sığır ırklarının kimliklendirme çalışmalarında mikrosatellit markörlerin kullanılabilirliğinin irdelendiği bir çalışmada (Özşensoy ve ark. 2014) ZAV (n=19), DAK (n=45), YK (n=51), Boz (n=54), GAK (n=51) ve YGS (n=51) ırkı sığırlardan alınan kan örnekleri ve 20 mikrosatellit markörü kullanılmıştır. Toplamda 269 allel belirlenmiş ve ortalama allel sayısının 13,45 olduğu ifade edilmiştir. Ortalama H_o değerlerinin 0,619-0,852 ve ortalama H_e değerinin ise 0,669-0,877 olduğu belirlenmiştir. ZAV populasyonunda 17 lokusta ki-kare değerleri önemsiz bulunmuştur. Çalışma sonucunda, en bilgilendirici 7 lokus içeren bir test panelinin, Türkiye'deki yerel sığır ırklarının ebeveynlik testleri ve populasyon genetik çalışmaları için yararlılığını kanıtlayan yeterli gücü sağlayabileceği tespit edilmiştir.

Türkiye yerli sığır ırklarından DAK, YK, GAK ve Boz ırklar ile HOLS, ESM ve Jersey kültür sığır ırklarından elde edilen toplam 315 adet örnekte 7 farklı mikrosatellit markör kullanılarak genetik karakterizasyon çalışması yapılmış ve çalışmada DAK populasyonuna ait özgün allel tespit edilemediği bildirilmiştir. F_{IS} değerleri Holştayn ırkında negatif, DAK ırkında ise pozitif bulunmuştur. Faktöriyel benzerlik analiz grafiğinde yerli ırklar birlikte analiz edildiğinde, DAK populasyonuna ait bireylerin diğer ırk bireylerinden tam olarak ayrıldığı belirlenmiştir. Yerli ve kültür sığır ırklarının birlikte analiz edildiğinde ise ırklara ait farklı bir öbeklenmenin tam anlamıyla olmadığı görülmüştür. İncelenen ırklar içerisinde en yüksek genetik uzaklık HOLS ve Jersey ırkları arasında, en düşük genetik uzaklık değeri ise DAK ve GAK arasında olduğu belirlenmiştir (Özkan 2005). Türkiye yerli sığır ırklarından DAK, YK, GAK ve Boz ile kültür sığır

ırklarından HOLS ırkı üzerinde yapılan bir çalışmada, 26 mikrosatellit markör kullanılarak genetik varyasyonlar ve ilişkiler araştırılmıştır. Ortalama allel sayısı en az HOLS ırkında belirlenmiş ve HOLS ırkının DAK ve Boz ırk dışındaki diğer ırklardan oldukça farklılık gösterdiği belirtilmiştir. En yüksek F_{ST} değeri HOLS ve DAK populasyonları arasında bulunmuştur. D_A genetik uzaklığına göre filogenetik ilişki incelendiğinde HOLS ve Boz ırkın birlikte aynı grupta toplandığı, DAK populasyonunun ise incelenen diğer populasyonlardan ayrı konumda bulunduğu bildirilmiştir (Altınalan 2005).

Dünya sığır ırklarıyla ilgili yapılan bir çalışmada değişik ülkelerden toplam 134 farklı ırk olmak üzere Türkiye'den de ZAV, DAK, YK, GAK, YGS ve Boz ırk sığırlarına ait sınırlı sayıda örnek üzerinde çalışılmıştır. Anadolu sığır ırklarının Taurin populasyonlarını temsil etmedikleri belirlenmiş ve ZAV ırkının melez ırk olduğu ve HOLS ırkına benzer büyük bir soy yapısıyla farklı bir geçmişe sahip olduğu savunulmuştur. Çalışmada bugünkü Anadolu sığır ırklarının karışım gösterdiği ve DAK ırkının ise incelenen diğer ırklara göre ayrı bir konumda kümelendiği bildirilmiştir (Decker ve ark. 2014).

İtalya'da Podolya ırkı ile HOLS, SİM, ESM gibi bazı Avrupa ırkları arasındaki ilişkiyi belirlemek için 134 kan örneği ve 30 mikrosatellit markör kullanarak genetik çeşitlilik ve genetik yapının karakterizasyonu amacıyla yapılan çalışmada Podolya ırkının en yüksek, Simental ırkının ise en düşük gözlenen ve beklenen heterozigotluk gösterdiği belirlenmiştir (D'Andrea ve ark. 2011). Fransa'da Blonde d'Aquitaine, Limuzin ve Salers gibi etçi ırkların HOLS ile genetik çeşitliliğini değerlendirmek amacıyla 16 mikrosatellit markör ile yapılan çalışmada 116 kan örneği kullanılmıştır. Blonde d'Aquitaine'in yüksek düzeyde bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu, etçi sığır ırklarının HOLS populasyonundan ayrıldığı belirlenmiştir (Amigues ve ark. 2011). İspanya'daki Salers ırkı sığırlarda yapılan bir çalışmada, genetik çeşitliliğin karakterizasyonu için Blonde d'Aquitaine, Limuzin ve Fransız Şarole ırkları ile aynı zamanda HOLS gibi 16 farklı Avrupa ırklarıyla yapılan çalışmada Salers ırkının Blonde d'Aquitaine, Limuzin ve Şarole ile kıyaslandığında daha yüksek heterozigotluk gösterdiği belirlenmiştir. HOLS ırkının ortalama allel

sayısı çalışmada kullanılan diğer ırklardan yüksek bulunmuştur (Gamarra ve ark. 2017). Slovenya’da 14 mikrosatellit markör kullanılarak Cika sığırının 16 Orta Avrupa sığır ırkı ile karşılaştırılan çalışmada Cika sığırlarının genetik olarak SİM ırkından daha fazla genetik çeşitliliğe sahip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca SİM ve ESM ırklarının daha yüksek verim özelliklerinden dolayı Cika sığırlarının yerine geçecek ırklar olarak önerilmiştir (Simčić ve ark. 2013). İberya’da 51 sığır ırkında 19 mikrosatellit markör kullanarak İspanya ve Portekiz ırkları arasındaki genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Çalışma sonucunda; Afrika sığırlarının yanı sıra Ticari Avrupa ırklarının da İberya sığırlarının genetik kompozisyonuna katkıda bulunduğunu ifade etmişlerdir (Martin-Burriel ve ark. 2011).

Endonezya Batı Sumatradaki SİM melezi sığırların genetik çeşitliliğini belirlemek ve sığırları gruplandırmak amacıyla yapılan bir çalışmada SİM ırkı, SİM melezi ve Ongole Grade sığırlarına ait 176 kan örneği ve 12 mikrosatellit markör kullanılmıştır. Özellikle SİM melezi popülasyonda yüksek polimorfizm bulunmuştur (Agung ve ark. 2016). Benzer bölgede Aceh sığırının genetik karakterizasyonu için 4 farklı bölgeden 160 adet kan örneği ve 16 mikrosatellit markör kullanılarak yapılan çalışmada Aceh sığırlarında diğer incelenen ırklara (Bali, Madura, Java Ongole ve Pesisir) göre yüksek heterozigotluk gözlenmiştir (Abdullah ve ark. 2012).

Hindistan’da Vechur sığırı ile büyük fenotipik varyasyon sergileyen HOLS, Jersey ve ESM melezi olan Sunandini sığır popülasyonu arasındaki genetik çeşitliliği analiz etmek için 14 mikrosatellit markör ve 94 kan örneği kullanılmıştır. Yerli Vechur sığırları ile melez sığırların birbirlerinden tamamen farklı olduğu gözlemlenmiş ve iki ayrı kümede toplandığı belirlenmiştir (Radhika ve ark. 2018).

Brazilya’da yapılan bir çalışmada Taurin/Zebu karışımı 9 farklı sığır ırkından (Brahman, Nelore, Tabapuã, Senepol, Girolando, Gyr, Guzerat, HOLS ve Jersey) toplanan örnekler 11 mikrosatellit markör kullanılarak analiz edilmiştir. Nelore sığırlarının yüksek düzeyde karışım gösterdiği ve bazı ırklarda önemli derecede akrabalık gözlenmesine rağmen, tüm ırklar arasında genetik çeşitlilik belirlenmiştir. HOLS ırkında ortalama allel sayısı 8,36 ve ortalama etkin allel sayısı 3,95 olarak

belirlenmiş ve HOLS ırkının F_{IS} değerine bakıldığında heterozigot fazlalığı tespit edilmiştir (Brasil ve ark. 2013). Ekvador'da 28 mikrosatellit markör kullanılarak Macabea sığırları ile 16 farklı sığır ırkı ($n=685$) genetik olarak karşılaştırılmıştır. Macabea sığırının Creole sığır ırklarına yakınlık gösterdiği belirlenmiştir. HOLS ırkının SİM ve ESM ırklarından ayrı farklı bir noktadan kök aldığı filogenetik ağaçta görülmektedir. F_{IS} değerleri incelendiğinde SİM ırkında heterozigot azlığı, HOLS ve ESM ırklarında ise heterozigot fazlalığı tespit edilmiştir (Vargas ve ark. 2016).

Zimbabve'de Mashona, Tuli ve Nkone gibi yerel sığır ırklarının genetik çeşitliliği 16 mikrosatellit markör ve 50 kan örneği araştırılmıştır. Analizler sonucunda 3 ırkın birbirinden tamamen ayrıldığı ve genetik varyasyonun çoğunun (%92) ırk içinde olduğu gözlemlenmiştir (Gororo ve ark. 2018). Güney Afrika'nın yerli sığır ırkı olan Afrikaner sığırlarının genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla 1257 kan örneği ve 11 mikrosatellit markör kullanılarak yapılan çalışmada Afrikaner sığır ırkında düşük bir akrabalık seviyesi (%2,7) ve orta ile yüksek dereceli bir varyasyonun devam ettiği sonucuna varılmıştır (Pienaar ve ark. 2018).

Son yıllarda dünya üzerinde yaşamını sürdüren birçok hayvan türünün nesli yok olmuş veya yok olmaya devam etmektedir. Özellikle nesli kaybolacak türlerin muhafaza edilmesi ve dolayısıyla genetik çeşitlilik için korunması gerekliliği FAO tarafından ifade edilmiştir (Anonim 2018a). Türkiye Hayvan Genetik Kaynakları Ulusal Strateji ve Eylem Planı kapsamında yerli ırkların korunması, geliştirilmesi ve sürekliliğinin sağlanması üzerinde durulmakta ve bazı Türkiye yerli sığır ırklarının yok olma tehlikesiyle karşı karşıya olduklarından dolayı genetik kaynakların karakterizasyonunun yapılması kararlaştırılmıştır. Günümüzde genetik karakterizasyon çalışmaları ırklar arası, ırk içi genetik varyasyonun belirlenmesi amacıyla ve yerli ırkların tanımlanabilmesi için yapılmaktadır.

Bu tez çalışmasında, Türkiye’de lokal olarak Kars ili ve çevresinde yetiştirilen ve 2014 yılında ırk tescili yapılan Türkiye yerli genetik kaynaklarından olan ZAV ırkının mikrosatellit markörler kullanılarak bu ırkın oluşumunda katkısı olan DAK, SİM ve ESM ırkı sığırlar ile aynı yörede yetiştirilen aralarında ilişki olduğu iddia edilen HOLS ırkı ile genetik karakterizasyonunun yapılması, elde edilecek veriler ile ırk içi ve ırklar arası genetik varyasyonun ortaya konulması amaçlanmıştır. Bu çalışma Türkiye’de ZAV ırkının SİM, ESM ve HOLS kültür sığırların mikrosatellit kullanılarak birlikte değerlendirildiği ilk genetik karakterizasyon çalışmasıdır.



2. MATERYAL ve METOT

Bu tez çalışması, Kafkas Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurul (KAÜ-HADYEK) Başkanlığı'ndan alınan onay (KAÜ-HADYEK/2015-036) sonrasında yürütülmüştür.

2.1. Materyal

2.1.1. Hayvan Materyalinin Temini

Bu çalışmanın hayvan materyalini; halk elinde yetiştiriciliği yapılan, klinik yönden herhangi bir sağlık sorunu olmayan, 1-5 yaşlı, akraba olmayan ve bir işletmeden en fazla 2-3 baş olacak şekilde 49 baş (15 erkek ve 34 dişi) Zavot (ZAV), 40 baş (19 erkek ve 21 dişi) Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), 40 baş (20 erkek ve 20 dişi) Simental (SİM), 40 baş (20 erkek ve 20 dişi) Esmer (ESM) ve 40 baş (15 erkek ve 25 dişi) Holştayn (HOLS) ırkı olmak üzere toplam 209 baş hayvan oluşturmuştur.

ZAV sığır ırkının tescil edildiği Resmi Gazete'de (2014) yetiştirilme yeri olarak Kars ve Ardahan illeri olduğu belirtildiği için; tezde çalışılacak tüm populasyonların bu bölgelerden seçilmesine dikkat edilmiştir. Bu nedenle tez kapsamında, Kars ve Ardahan ili ve çevrelerinde ZAV ırkı ile birlikte DAK yerli ırkı ve diğer kültür sığır ırklarının yetiştirildiği işletmeler belirlenmiştir.

Sığır ırklarının temini; ZAV için 30 adet işletmeden, DAK için 23 adet işletmeden, SİM için 39 adet işletmeden, ESM için 38 adet işletmeden, HOLS için ise 26 adet işletmeden olacak şekilde toplam 156 farklı işletmeden örnekleme işlemleri gerçekleştirilmiştir (Tablo 2).

Tablo 2: Örneklemenin yapıldığı bölgeler ve işletme sayıları

İrk	İl	İlçe	Köy	İşletme sayısı	Hayvan sayısı		
ZAV	Kars	Merkez	Merkez	4	4		
			Ölçülü	1	2		
			Kocabahçe	1	1		
			Kümbetli	1	1		
		Selim	Merkez	1	1		
			Kotanlı	1	1		
			Büyük Oluklu	1	2		
			Laloğlu	2	4		
			Damlapınar	3	6		
			Bayburt	1	2		
	Ardahan	Merkez	Eski Geçit	2	2		
			Digor	1	2		
			Alagöz	11	21		
			Merkez	1	1		
DAK	Kars	Merkez	Başkaya	4	4		
			Kocabahçe	3	6		
		Kümbetli	1	2			
		Susuz	1	1			
	Ardahan	Hanak	Ortakent	10	21		
			Yamaçyolu	1	1		
İncedere			2	4			
SİM	Kars	Merkez	Merkez	8	8		
			Subatan	1	1		
			Kümbetli	3	3		
			Çığırhan	1	1		
			Boğazköy	1	1		
			Yağkesen	1	1		
			Halefoğlu	1	1		
			Karakaş	1	1		
			Tekneci	1	1		
			Haranlı	1	1		
			Esenyazı	1	1		
			Akbaba	1	1		
			Selim	Merkez	Merkez	1	1
					Yaylacık	1	1
	Eskigeçit	1			1		
	Akyar	1			1		
	Ölçülü	1			1		
	Susuz	1			1		
	Ardahan	Merkez	Merkez	2	2		
			Digor	1	1		
Akyaka			1	1			
Damal			1	1			
İğdir	Merkez	Çıldır	1	1			
		Merkez	1	1			
		Kazancı	2	3			
		Kasımcan	1	1			
		Bayraktutan	1	1			
		Karakoyunlu	1	1			

Tablo 2 (Devam): Örneklemenin yapıldığı bölgeler ve işletme sayıları

İrk	İl	İlçe	Köy	İşletme sayısı	Hayvan sayısı	
ESM	Kars	Merkez	Merkez	8	8	
			Subatan	1	1	
			Çağlayan	1	1	
			Boğazköy	1	1	
			Çakmak	1	1	
			Dikme	1	1	
			Maksutçuk	1	1	
		Susuz	Merkez	3	3	
		Digor	Şirinköy	1	1	
		Selim	Merkez	1	1	
			Gelinalan	1	1	
			Gürbüzler	1	1	
			Bölükbaşı	3	3	
			Mollamustafa	1	1	
	Akpınar		2	2		
	Sarıgün		1	1		
	Başköy		1	1		
	Yolgeçmez		1	1		
	Bozkuş		1	1		
	Tuygun	1	1			
	Ardahan	Çıldır	Merkez	1	1	
			Gölebakan	5	7	
	Kars	Merkez	Merkez	1	1	
			Büyükdere	1	1	
		Selim	Laloğlu	1	1	
	HOLS	Iğdır	Merkez	Merkez	15	21
				Kazancı	2	6
Kasımcan				1	1	
Bayraktutan				3	6	
Karakoyunlu		Merkez	Merkez	1	1	
	Gökçeli		1	2		

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

2.1.2.Kullanılan Ekipmanlar

Tez çalışmasının tüm aşamalarında kullanılan cihaz ve modelleri Tablo 3’de verilmiştir.

Tablo 3: Çalışmada kullanılan ekipmanlar

Cihaz Adı	Model Adı
Kapillar Elektroforez Cihazı	ABI PRISM 310 Genetic Analyzer, USA
PZR Isısal Döngü Cihazı	BIO-RAD T100 Thermal Cyclers, Singapore
Yatay Jel Elektroforez Sistemi	CBS Scientific Company, USA
Nükleik asit ölçer	mySPEC VWR, Almanya
Soğutmalı Santrifüj	GYROZEN 1730R, Kore
Vorteks	ISOLAB, Almanya
Mini Santrifüj	ISOLAB, Almanya
Çalkalayıcı Etüv	SI 600, GMI Company, USA
Buz Makinesi	BREMA Ice Flaker, Kanada
Otomatik Pipet Seti	A.B.T Pipet Serisi, EU
pH metre	VWR pH meter, Almanya
Çeker ocak	Fume Hood, Nükleon Lab., Ankara
Derin Dondurucu (-20°C)	Uğur, Türkiye
Buzdolabı (+4°C)	Arçelik, Türkiye

2.2. Metot

2.2.1. Örneklerin Toplanması

Tablo 3'te belirtilen işletmelerdeki her bir hayvandan 4 mL'lik K₃-EDTA'lı tüpe *vena jugularis*'ten kan örnekleri alınmıştır. Alınan kan örnekleri soğuk zincir altında laboratuvara getirilerek analizler yapılincaya kadar -20°C'de saklanmıştır.

2.2.2. Kandan Fenol/Kloroform Yöntemi ile DNA İzolasyonu

Toplanan kan örneklerinden standart fenol-kloroform yöntemini (Sambrook ve ark. 1989) kullanan Özşensoy (2011)'un kullandığı miktarın 1/25 oranında azaltılmış haliyle DNA izolasyonları yapılmıştır. DNA izolasyon protokolü aşağıdaki gibidir;

1. 400 µL kan 2 mL'lik ependorf tüpe konuldu.
2. Üzerine 20 µL 0,5 M EDTA (pH 8,0) konuldu.
3. Bunun üzerine 2 X Lysis Buffer* ile 2 mL'ye tamamlandı.
4. 10 dakika boyunca tüpler alt üst edilerek iyice karıştırıldı.
5. Daha sonra 30 dakika buzun içinde bekletildi.
6. Buzdan alındıktan sonra 3000 rpm de +4°C'de 10 dakika santrifüj edildi.
7. Santrifüj sonrası tüpün süpernatant fazı atıldı.
8. Tüpteki pellet üzerine 120 µL SALT / EDTA (75 mM NaCl, 25 mM EDTA) eklenerek iyice vortexlendi.
9. Daha sonra üzerine 6 µL %20'lik SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) solüsyonu, 3 µL proteinaz K (20 mg/ mL) eklenerek örnekler 55°C'de 3 saat etüvde bekletildi.
10. Bekleme süresi sonunda tüp üzerine 120 µL Fenol (pH 8,0) eklendi.
11. Tüpler 20 saniye oldukça sert bir şekilde çalkalandı ve sonra 5 dakika da yumuşak şekilde ters yüz edildi.
12. Daha sonra tüpler 3000 rpm de +4°C'de 10 dakika santrifüj edildi.
13. Santrifüj sonunda tüplerdeki süpernatant kısmı yeni steril tüplere alındı.
14. Bu tüpün üzerine 120 µL Fenol:Kloroform:İzoamil Alkol (25:24:1) eklendi.

15. Tüpler 20 saniye oldukça sert bir şekilde çalkalandı ve sonra 5 dakika da yumuşak şekilde ters yüz edildi.

16. Daha sonra tüpler 3000 rpm de +4°C’de 10 dakika santrifüj edildi.

17. Santrifüj sonunda tüplerdeki süpernatant kısmını yeni tüplere alındı.

18. Üzerine, alınan süpernatant kısmınının 2 katı kadar (+4°C veya oda ısısında bekletilmiş) %96’lik Etanol eklendi.

19. 10 dakika 10000 rpm de +4°C’de santrifüj edildi.

20. Alkol döküldü ve tüpler üzerine %70 lik Etanol eklendi, daha sonra 10 dakika 10000 rpm de +4°C’de santrifüj edildi.

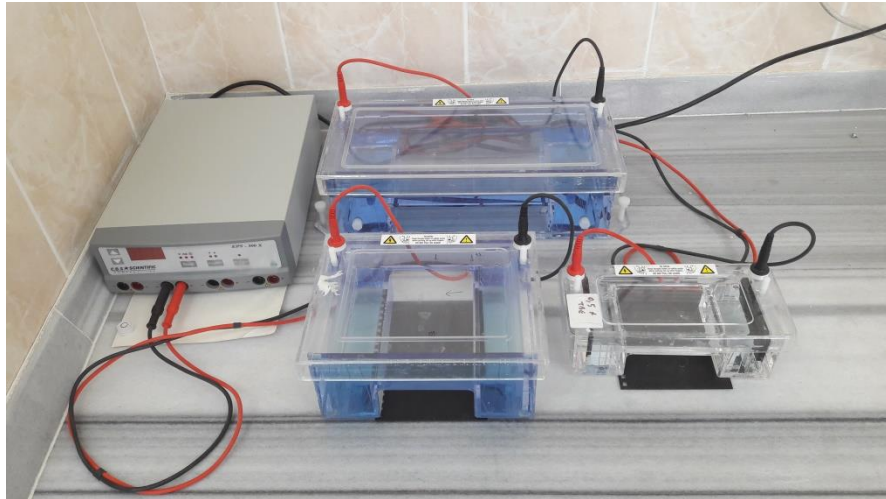
21. Alkol döküldü. Pellet kurutuldu ve alkol uzaklaştırıldı.

22. Pellet, 100 µL 10 mM Tris-HCl ile sulandırıldı.

*10X LYSIS BUFFER (770 mM NH₄Cl, 46 mM KHCO₃, 10 mM EDTA)

2.2.3. DNA Miktarları ve Kalitelerinin Kontrolleri

DNA kalite ve miktarları %0,6 agaroz jel elektroforez sistemine yüklenerek (Resim 1) ve 260/280 nm UV spektrofotometre’de (Nükleik asit ölçer, mySPEC, Resim 2) ölçüldü. Miktar ve kalite kontrolleri yapılan DNA örnekleri -20°C’de kullanılacağı zamana kadar saklanmıştır.



Resim 1: Çalışmada kullanılan agaroz jel elektroforez cihazı



Resim 2: Çalışmada kullanılan nükleik asit ölçer 260/280 nm UV spektrofotometre cihazı

2.2.4. Sığır Mikrosatellit Markör Listesi ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Elde edilen DNA örneklerinde, enformatik değeri yüksek, farklı kromozomları temsil eden ve multipleks çalışmalarına uygun olan, ISAG ve FAO MoDAD tarafından tavsiye edilen (Hoffmann ve ark. 2004) ve multipleks sisteme uygun olan 19 adet sığır spesifik mikrosatellit markörleri (Tablo 4) kullanılmıştır.

Tablo 4: Çalışmada kullanılan sığır mikrosatellit markör listesi

No	Markör	Kromozom	Primer	Allel Aralığı (bp)	Gen Bank Kod
1	BM1824	1	F: GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC R: CATTCTCCAAGTCTTCCTTG	170-218	G18394
2	BM2113	2	F: GCTGCCTTCTACCAAATACCC R: CTTAGACAACAGGGGTTTGG	116-146	M97162
3	ETH10	5	F: GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA R: CCTCCAGCCACTTTCTCTTCTC	198-234	Z22739
4	ILSTS006	7	F: TGICTGTATTTCTGCTGTGG R: ACACGGAAGCGATCTAAACG	277-309	L23482
5	HEL9	8	F: CCCATTCAGTCTTCAGAGGT R: CACATCCATGTTCTCACCAC	141-173	X65214
6	ETH225	9	F: GATCACCTTGCCACTATTTCCCT R: ACATGACAGCCAGCTGCTACT	135-165	Z14043
7	CSRM60	10	F: AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA R: AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG	79-115	-
8	HEL13	11	F: TAAGGACTTGAGATAAGGAG R: CCATCTACCTCCATCTTAAC	178-200	X65207
9	INRA005	12	F: CAATCTGCATGAAGTATAAATAT R: CTCAGGCATACCCTACACC	135-149	X63793
10	CSSM66	14	F: ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA R: AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	171-209	-
11	SPS115	15	F: AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG R: AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	235-265	FJ828564
12	TGLA53	16	F: GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA R: ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	143-191	-
13	ETH185	17	F: TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC R: GCACCCCAACGAAAGCTCCAG	214-246	Z14042
14	TGLA227	18	F: CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT R: ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	64-115	-
15	ETH03	19	F: GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG R: ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	90-135	Z22744
16	TGLA126	20	F: CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT R: TTGGTCTCTATTCTCTGAATATCC	104-131	-
17	TGLA122	21	F: CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC R: AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	134-193	-
18	BM1818	23	F: AGCTGGGAATATAACCAAAGG R: AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	248-278	G18391
19	HAUT27	26	F: TTTTATGTTTCAATTTTTGACTGG R: AACTGCTGAAATCTCCATCTTA	120-158	X89252

Daha öncesinde de Özşensoy (2011) tarafından oluşturulan Multipleks PZR yöntemi bu tezde de aynı şekilde çalışılmıştır. Referans çalışmalar dikkate alınarak 6, 6 ve 7 mikrosatellit markörden oluşacak şekilde 3 farklı multipleks PZR oluşturulmuştur (Tablo 5).

Tablo 5: Çalışmada kullanılan markör miktarları ve PZR multipleks havuz listesi

Havuz	Markör	Miktar (μ L)*	İşaretleme**
1	ILST006	0,20	FAM
	HEL9	0,20	HEX
	CSRM60	0,20	FAM
	CSSM66	0,20	FAM
	SPS115	0,20	FAM
	ETH03	0,20	TAMRA
2	BM2113	0,22	FAM
	ETH10	0,15	FAM
	ETH225	0,20	TAMRA
	TGLA53	0,20	HEX
	ETH185	0,20	HEX
	BM1818	0,20	TAMRA
3	BM1824	0,20	TAMRA
	HEL13	0,20	FAM
	INRA005	0,25	FAM
	TGLA227	0,15	FAM
	TGLA126	0,27	HEX
	TGLA122	0,20	HEX
	HAUT27	0,20	TAMRA

* Her bir Forward ve Reverse markörlerden 0,1 μ L de 5'er pM bulunmaktadır.

** TAMRA: Siyah, HEX: Yeşil, FAM: Mavi.

Özşensoy ve ark. (2010) tarafından kullanılarak denemesi yapılmış ve uygunluğu tespit edilmiş olan Thouchdown PZR yönteminin (Don ve ark. 1991) profili ve protokolü bu tezde de uygulanmıştır. PZR, her bir reaksiyonda 2 mM $MgCl_2$ içeren 1X PZR buffer (GeneDirex[®], USA), 200 μ M dNTP mix (GeneDirex[®], USA), 0,375 ünite Taq polimeraz (GeneDirex[®], USA), 7,5-13,5 pM arasında değişen her bir primer çifti ve yaklaşık 100 ng DNA template olacak şekilde toplam 15 μ L hacimde hazırlanmıştır. BIO-RAD T100 Thermal Cycler[®] (Resim 3) kullanılarak

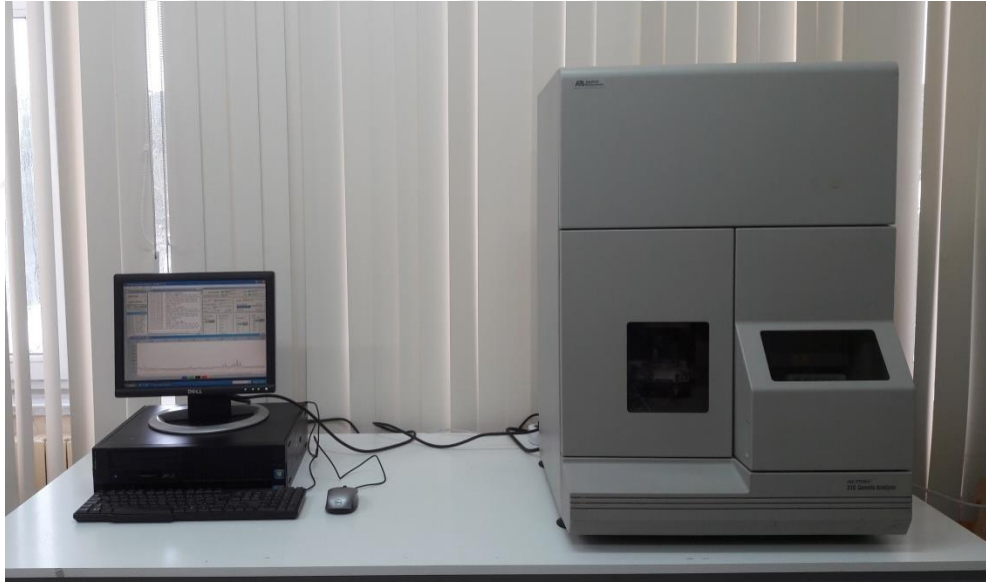
Touchdown PZR profili; 95°C'de 4 dakika ile tam bir denatürasyondan sonra, ilk aşama toplam 16 döngü olacak şekilde her bir döngüde; 94°C'de 30 saniye denatürasyon aşaması, daha sonra primerlerin ideal bağlanmasının gerçekleşmesi için her bir döngüde 0,5°C düşecek şekilde 60°C'den başlayarak 16 döngü sonunda 52°C'ye düşen ve 40 saniye süren bağlanma aşaması (annealing) ve 72°C'de 60 saniye süren uzama aşaması (elongasyon) sağlanmıştır. İkinci aşamada ise 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 52°C'de 40 saniye annealing ve 72°C'de 60 saniye elongasyon olacak şekilde toplam 24 döngü uygulanmış ve son olarak örnekler tam bir adenilizasyon için 72°C'de 5 dakika daha tutulmuştur.



Resim 3: Çalışmada kullanılan BIO-RAD T100 thermal cycler cihazı

2.2.5. Kapillar Elektroferez

Floresans işaretli primerler kullanılarak yükseltgenen PZR ürünleri havuzundan, 20 µL HiDi™ formamid® (Applied Biosystems) ve 0,5 µL Size standart (GeneScan™ 600 LIZ®) ile hazırlanmış mix içerisine 1 µL eklenmiştir. Daha sonra örnekler önce 3-5 dakika 95°C’de, sonra da 2 dakika buz içerisinde bekletilmiştir. Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Veteriner Fakültesi Veterinerlik Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı Laboratuvarında bulunan ABI 310 Genetik Analiz Sistemine (ABI PRISM 310 Genetic Analyzer, Resim 4) bu hazırlanan miks yüklenmiştir. Fragman protokolü (Injection saniyesi 5 saniye, Injection kilovat 15 kW, Run kilovat 15 kW, Run derece 60°C, Run süresi 30 dakika) kullanılarak kapiller elektroferez ile PZR ürünleri ayrıştırılmış ve genotipler Genemapper 5.0 (Rinehart 2004) fragman analiz programı kullanılarak her mikrosatellit markörü için belirlenmiştir.



Resim 4: ABI 310 genetik analiz sistemi

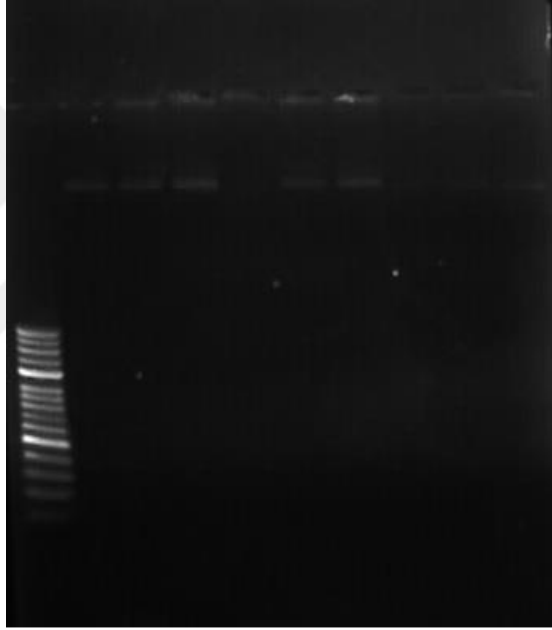
2.2.6. İstatistiksel Analizler

Çalışmada elde edilen genotiplerle ilgili yapılan istatistiksel analizlerde farklı genetik parametreler farklı paket programları kullanılarak hesaplanmıştır. Bu genetik parametrelerden toplam allel sayıları, allel frekansları, özgün alleller ve frekansları, beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri, Hardy-Weinberg Dengesine (HWE) uygunluk değerleri, her bir bireyin popülasyonlara atanma değerleri (Assignment test) ile Nei (1972)'ye göre popülasyonlar arası genetik kimliklendirme ve genetik uzaklık matris değerleri GenAlEx6 (Peakall ve Smouse 2006) paket programı kullanılarak hesaplanırken, F istatistik değerleri olan ortalama F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri, popülasyonlar arası F_{ST} değerleri, popülasyonlar arası genetik farklılıkların F_{IS} değerleri FSTAT (Goudet 1995) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır. Ayrıca popülasyonların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğinin belirlenmesi amacıyla Bottleneck 1.2.02 (Piry ve ark. 1999), Faktoriyel Benzerlik Analiz (FCA; Factorial Correspondence Analysis) grafiği Genetix 4.05 (Belkhir ve ark. 1996-2004), Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) ve Mantel test sonuçları Arlequin 3.1 (Excoffier ve Lischer 2010), PIC değerleri Cervus 3.0.7 (Marshall ve ark. 1998, Kalinovski ve ark. 2007) ve yapı testi sonuçları Structure 2.3.4 (Pritchard ve ark. 2010) genetik paket programları kullanılarak hesaplanmıştır. Ayrıca popülasyonların radyal ağaç ve filogenetik ilişki grafikleri ise Population 1.2.32 (Langella 2011) programı ile çizilirken, TreeView (Page 1996) programı ile görüntülenmiştir.

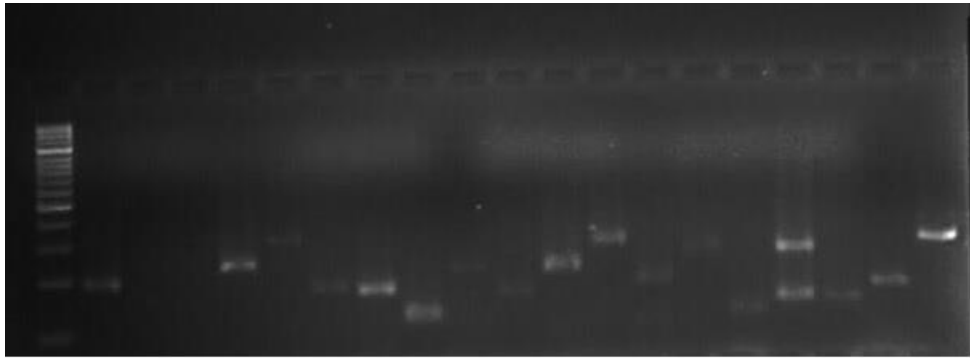
3. BULGULAR

3.1. DNA İzolasyonu ve DNA Kalitelerinin Ölçülmesi

Çalışmada 49 baş ZAV, 40 baş DAK, 40 baş SİM, 40 baş ESM ve 40 baş HOLS ırkı olmak üzere 5 ırktan toplam 209 kan örneğinden standart fenol/kloroform yöntemi kullanılarak DNA izolasyonu yapılmış ve DNA kaliteleri %0,6 agaroz jel elektroforez sistemi ve 260/280 nm UV spektrofotometre’de (Nükleik asit ölçer) ölçülerek yaklaşık 100 ng miktarda DNA örnekleri elde edilmiştir. DNA ve markör agaroz jel elektroforez görüntüsü Resim 5-6’da sunulmuştur.



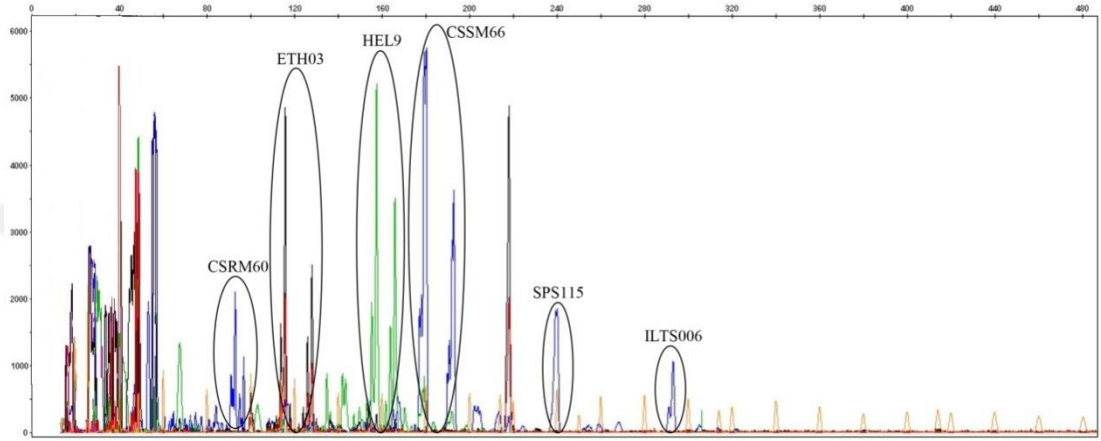
Resim 5: %0,6 agaroz jel elektroforez DNA görüntüsü



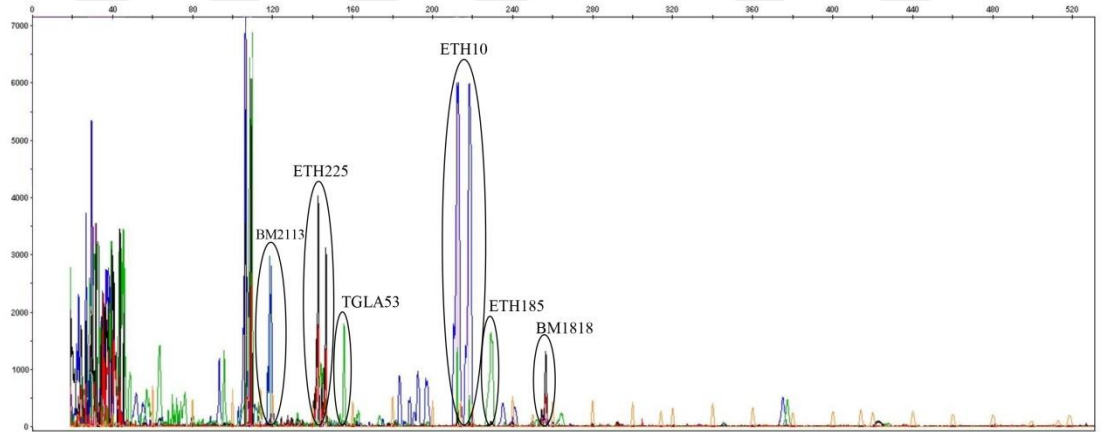
Resim 6: %0,6 agaroz jel elektroforez markör görüntüsü

3.2. Fragment Analiz Bulguları

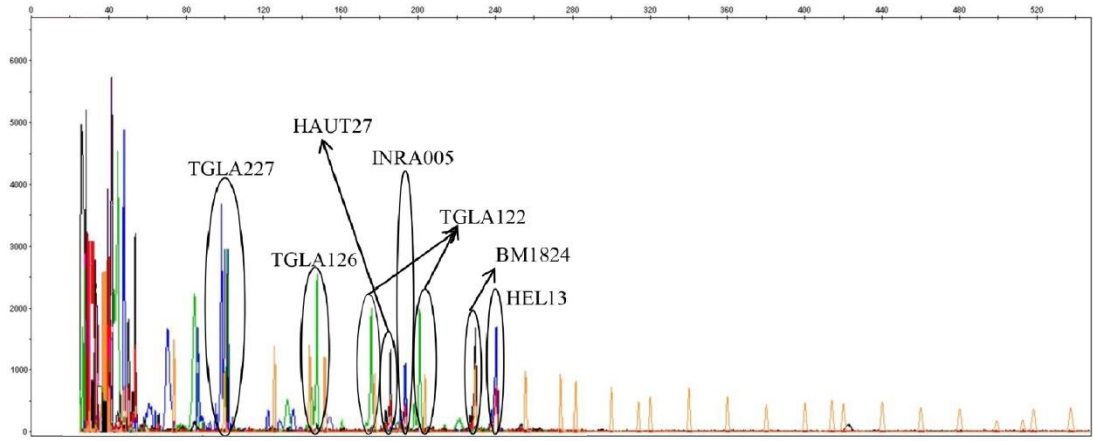
Çalışma kapsamında farklı renkte işaretlenmiş olan mikrosatellit markörler Multipleks PZR içerisinde çalışılmış ve çalışma sonucunda 6, 6 ve 7 mikrosatellit marköründen oluşacak şekilde 3 farklı multipleks PZR havuzu oluşturulmuştur. Bu oluşturulan 3 farklı miksin elektroferogram görüntüleri Şekil 3-5’de verilmiştir.



Şekil 3: Miks 1’i oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü



Şekil 4: Miks 2’yi oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü



Şekil 5: Miks 3'ü oluşturan markörlerin elektroferogram görüntüsü

3.3. İstatistik Analiz Bulguları

3.3.1. Populasyonlardaki Allel Sayıları

Populasyonlardaki allel sayıları ve allel aralığı değerleri Tablo 6'da sunulmuştur. Çalışmada 19 mikrosatellit markör kullanılarak 5 populasyonun tamamında toplam 274 farklı allel tespit edilmişken, ortalama allel sayısı ise 10,29 olarak belirlenmiştir. Genel olarak allel sayısı 3 ile 20 allel arasında değişmektedir. Populasyonlar incelendiğinde en fazla allel sayısı DAK populasyonunda TGLA53 marköründe 20 allel olarak belirlenirken, en az allel sayısı HOLS populasyonunda BM2113 marköründe ve ZAV populasyonunda ETH10 marköründe 3 allel olacak şekilde saptanmıştır. Ortalama allel sayısı en yüksek 11,16 değeriyle DAK populasyonunda, en düşük 9,37 değeriyle HOLS populasyonunda belirlenmiştir. Markörler genel olarak değerlendirildiğinde ise toplam allel sayıları bakımından TGLA126 markörünün en düşük allel sayısına (9 allel), TGLA122 markörünün ise en yüksek allel sayısına (24 allel) sahip olduğu saptanmıştır.

Ortalama etkin allel sayısı (N_e) en yüksek DAK populasyonunda 5,95, en düşük ise SİM populasyonunda 4,90 olarak belirlenmişken, genel ortalama N_e değerinin ise 5,38 olduğu belirlenmiştir. Etkin allel sayıları bakımından populasyonlar bazında değerlendirildiğinde ZAV populasyonunda en düşük etkin allel sayısı ETH10 marköründe 1,31, en yüksek etkin allel sayısı ise TGLA53

marköründe 9,15, DAK populasyonunda en düşük etkin allel sayısı BM2113 marköründe 1,30, en yüksek etkin allel sayısı ise TGLA53 marköründe 14,61, SİM populasyonunda en düşük etkin allel sayısı BM2113 marköründe 1,23, en yüksek etkin allel sayısı ise TGLA53 marköründe 11,03, HOLS populasyonunda en düşük etkin allel sayısı BM2113 marköründe 1,23, en yüksek etkin allel sayısı ise TGLA122 marköründe 8,94, ESM populasyonunda en düşük etkin allel sayısı BM2113 marköründe 1,17, en yüksek etkin allel sayısı ise TGLA53 marköründe 10,09 olarak saptanmıştır.

Kullanılan 19 markörün genel olarak allel aralıkları incelendiğinde 68-302 allel aralığında olduğu tespit edilmiştir. Allel aralıkları 2 markörde (INRA005, BM1824) 1 baz, 3 markörde (TGLA53, ETH225, TGLA122) 2 baz, 1 markörde (HEL9) 3 baz, 3 markörde (CSRM60, SPS115, ETH185) 4 baz, 1 markörde (HEL13) 5 baz aşağıda olduğu gözlemlenirken, 2 markörde (HEL9, HEL13) 1 baz, 1 markörde (TGLA53) 2 baz, 1 markörde 3 baz (BM1818), 1 markörde (INRA005) 5 baz ilerde olduğu saptanmıştır. 9 markörde (CSSM66, ILST006, ETH03, BM2113, ETH10, BM1818, TGLA227, TGLA126, HAUT27) ise normal aralıkta olduğu belirlenmiştir.

Tablo 6: Populasyonlardaki allel ve etkin allel sayıları ile toplam allel sayıları ve allel aralığı düzeyleri

Markör	ZAV		DAK		SİM		HOLS		ESM		Toplam allel	Allel aralığı
	Na	Ne	Na	Ne	Na	Ne	Na	Ne	Na	Ne		
CSRM60	11	3,73	12	4,73	11	4,80	7	4,19	12	5,35	16	75-107
CSSM66	13	6,18	14	6,07	14	5,10	12	5,47	13	7,22	15	174-202
SPS115	10	3,83	10	5,27	9	4,28	8	3,85	9	4,81	13	231-259
ILSTS006	9	6,23	9	5,83	10	6,39	9	5,05	10	5,95	11	280-302
HEL9	12	5,56	14	7,71	13	5,11	11	7,58	12	6,41	17	138-174
ETH03	8	3,50	10	3,01	7	2,85	5	3,52	7	3,61	12	100-128
BM2113	11	5,25	6	1,30	5	1,23	3	1,23	5	1,17	11	116-138
ETH10	3	1,31	9	3,97	6	2,88	8	3,20	8	3,44	10	203-221
TGLA53	13	9,15	20	14,61	15	11,03	14	8,02	17	10,09	22	141-193
ETH185	11	4,95	14	7,15	13	5,57	12	5,24	12	6,58	18	210-246
ETH225	12	5,63	12	4,57	10	3,57	10	4,93	11	6,54	13	133-157
BM1818	9	4,64	9	5,28	7	3,51	9	4,03	12	6,25	15	255-277
TGLA227	12	8,07	13	9,25	11	6,88	11	7,57	14	8,40	17	68-102
INRA005	9	6,13	8	6,43	8	6,87	8	5,49	11	6,49	12	134-154
HEL13	11	5,88	11	5,88	9	5,55	9	3,88	10	5,66	13	173-201
TGLA126	7	2,99	6	2,76	6	3,19	5	2,67	7	3,16	9	111-127
TGLA122	17	8,83	17	9,61	13	6,50	17	8,94	18	8,72	24	132-180
HAUT27	9	3,98	9	4,82	11	3,41	10	5,01	8	5,34	14	127-157
BM1824	9	4,99	9	4,77	8	4,36	10	4,13	9	4,48	12	169-195
Toplam	196	100,82	212	113,02	186	93,10	178	93,98	205	109,69	274	-
Ortalama	10,32	5,31	11,16	5,95	9,79	4,90	9,37	4,95	10,79	5,77	-	-

Na değerinin genel ortalaması: 10,29

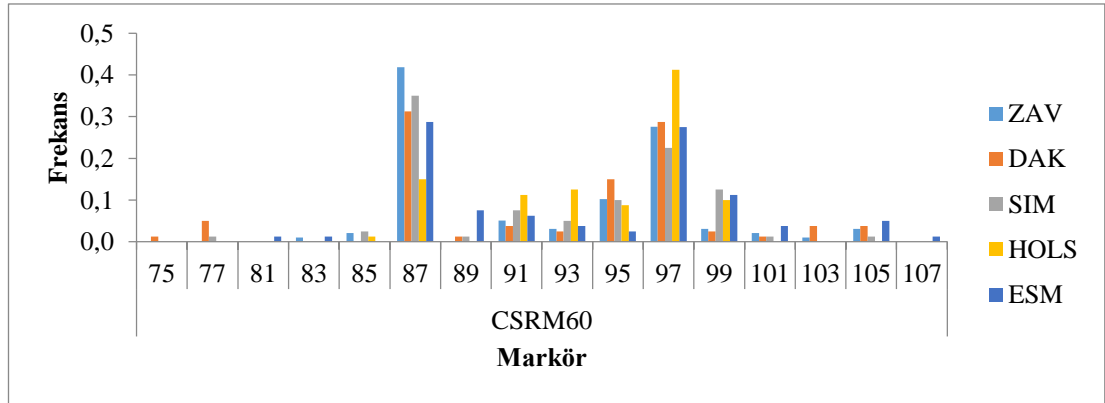
Ne değerinin genel ortalaması: 5,38

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer, Na: Allel sayısı, Ne: Etkin allel sayısı

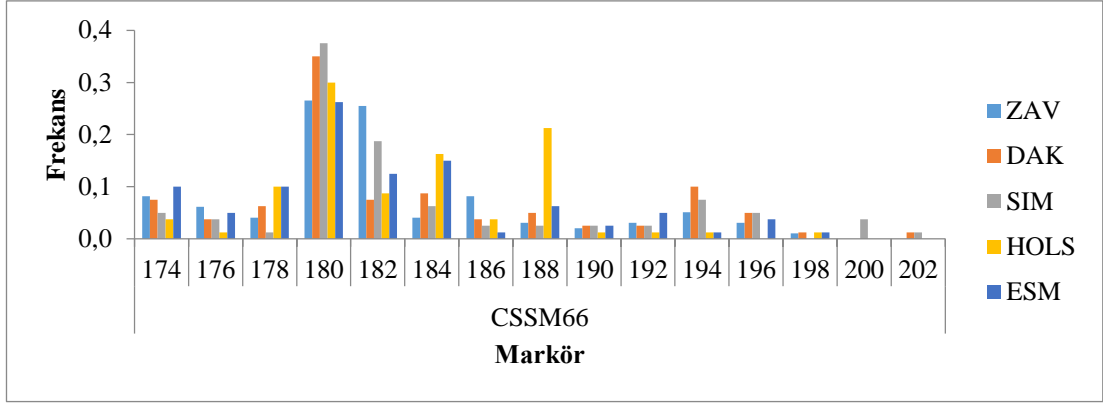
3.3.2. Markörlere Ait Allel Frekans Grafikleri

Populasyonlara ait allel frekans grafikleri hesaplanmış ve kullanılan her bir markör için allellerin görülme sıklığı ve sayılarına ait grafikler Şekil 6-24'te sunulmuştur.

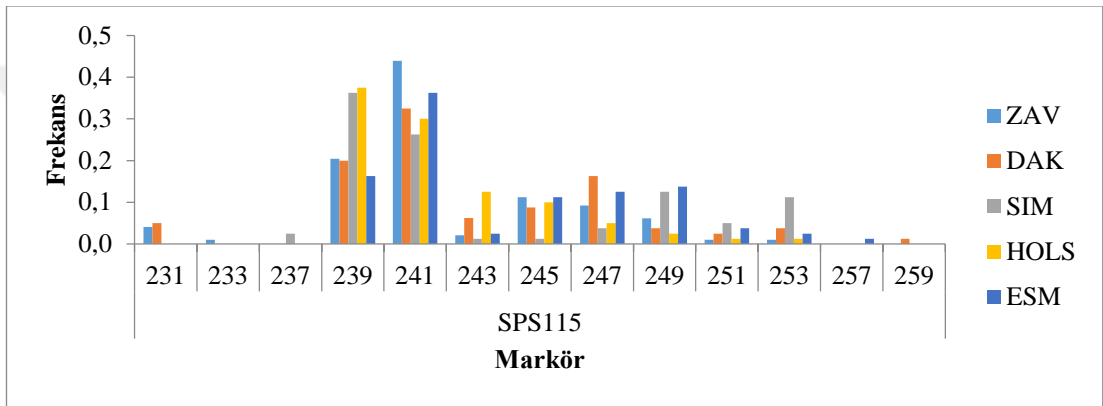
Çalışmada kullanılan markörlerden CSRM60 marköründe 87 ve 97 allelleri, CSSM66 marköründe 180 alleli, SPS115 marköründe 239 ve 241 allelleri, HEL9 marköründe 150, 158 ve 160 allelleri, ETH03 marköründe 116 alleli, TGLA126 marköründe 115 ve 117 allelleri, TGLA122 marköründe 138 alleli, HAUT27 marköründe 147 alleli ve ETH185 marköründe 230 alleli diğer allellere göre 5 populasyonda da en fazla tekrarlayan alleller olarak gözlenmiştir. BM2113 marköründe 120 alleli, ETH10 marköründe 211 alleli ve ETH225 marköründe 145 alleli 4 populasyonda, TGLA53 marköründe 155 alleli ve BM1818 marköründe 257 alleli 3 populasyonda aynı allel en fazla tekrarlanmaktadır. ILST006 marköründe ise 5 farklı allel (284, 288, 290, 292 ve 294) tüm populasyonlarda fazla tekrarlayan allel olarak gözlenmiştir.



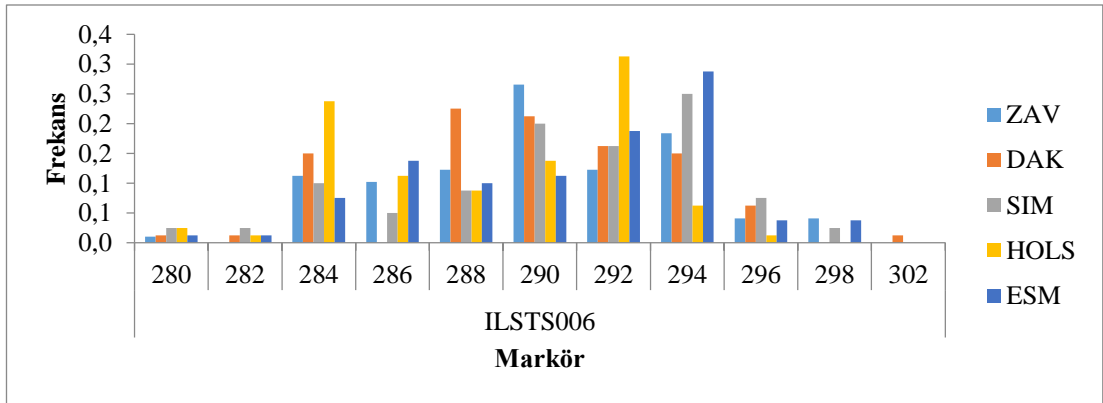
Şekil 6: CSRM60 marköründeki allel frekansı



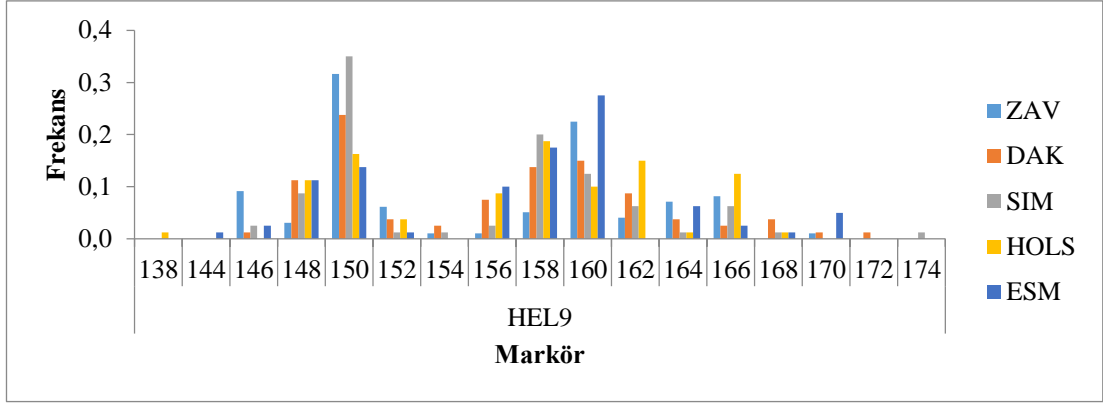
Şekil 7: CSSM66 marköründeki allel frekansı



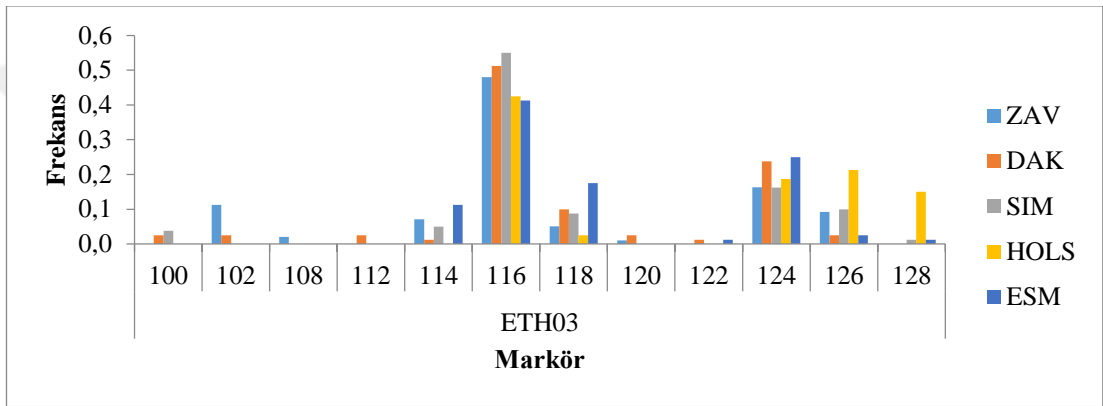
Şekil 8: SPS115 marköründeki allel frekansı



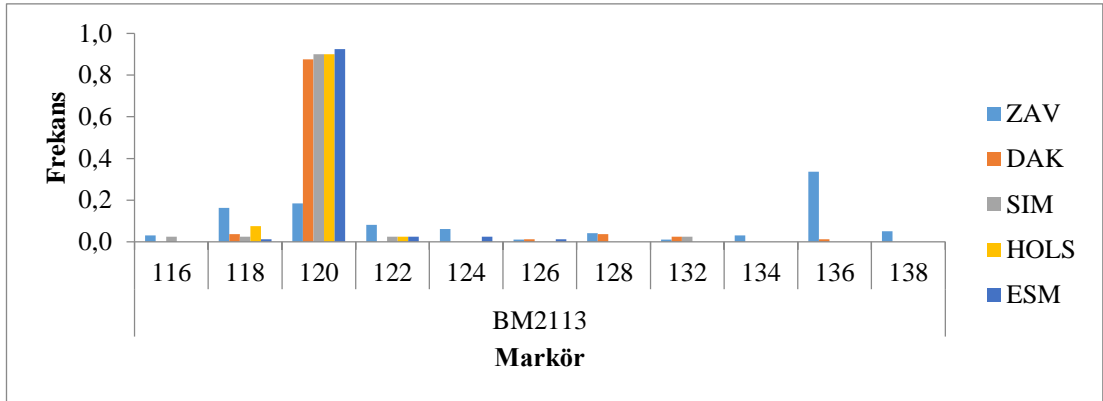
Şekil 9: ILST006 marköründeki allel frekansı



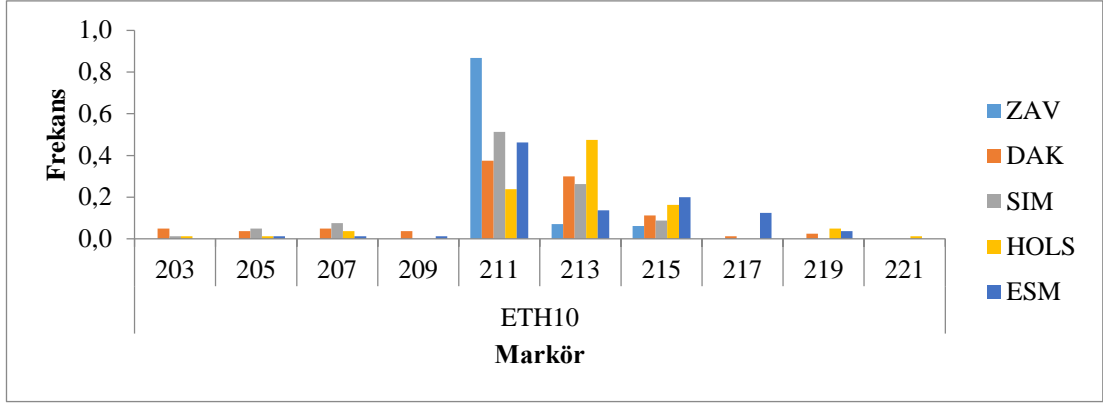
Şekil 10: HEL9 marköründeki allel frekansı



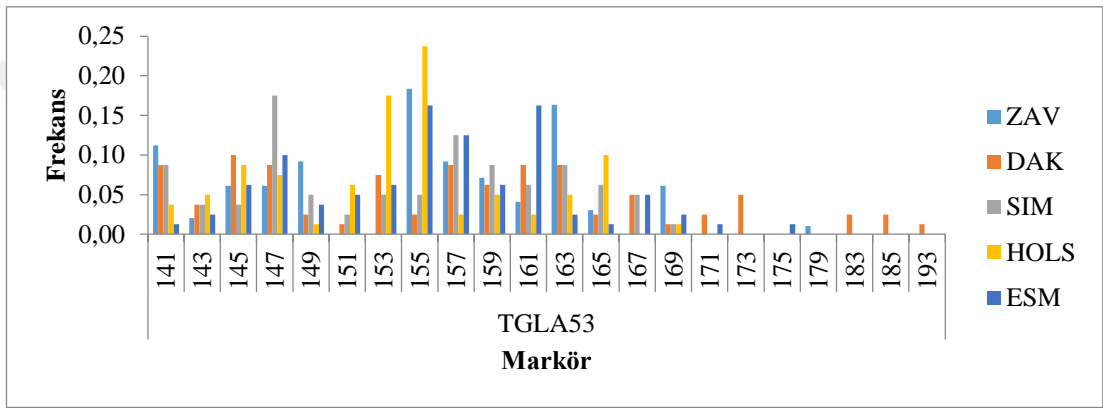
Şekil 11: ETH03 marköründeki allel frekansı



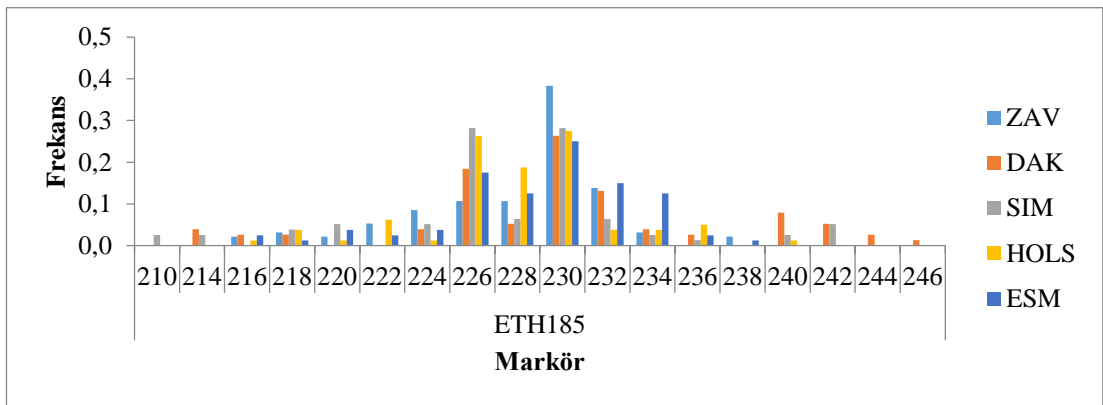
Şekil 12: BM2113 marköründeki allel frekansı



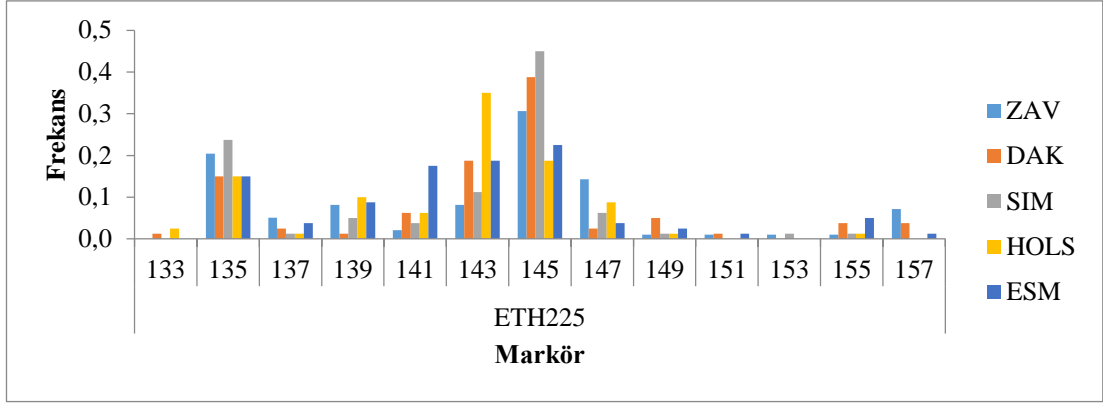
Şekil 13: ETH10 marköründeki allel frekansı



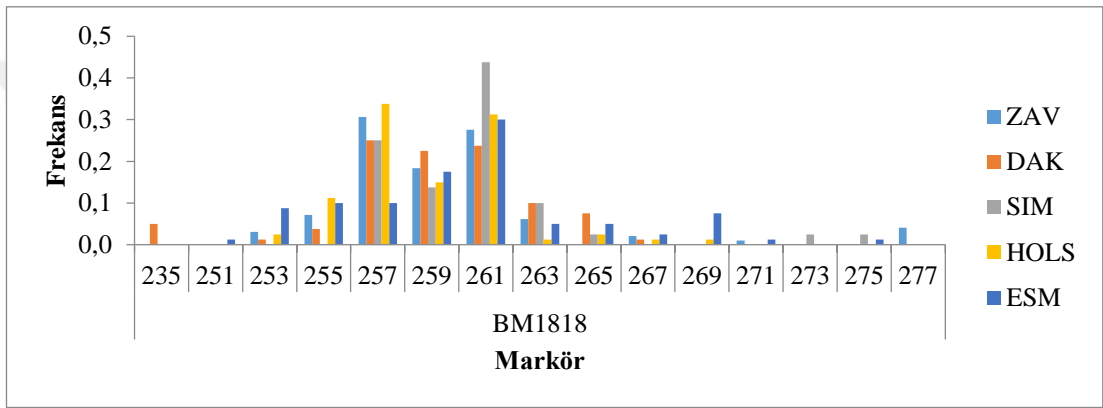
Şekil 14: TGLA53 marköründeki allel frekansı



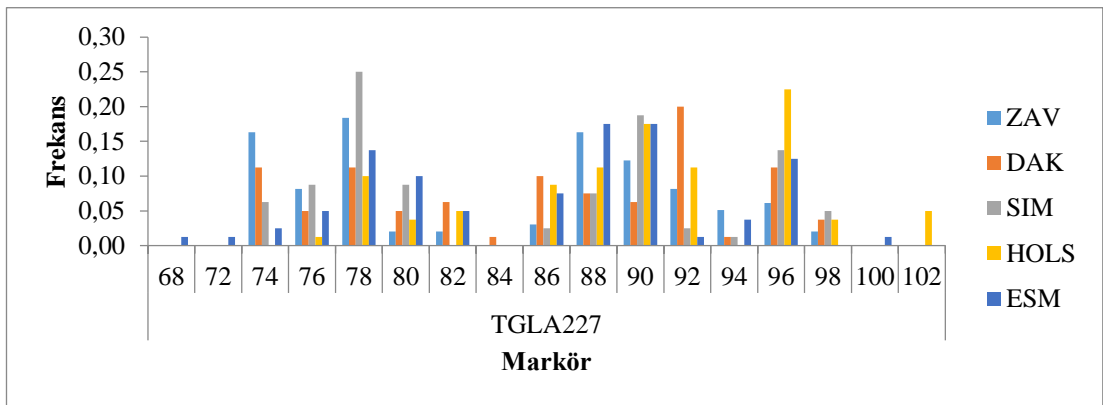
Şekil 15: ETH185 marköründeki allel frekansı



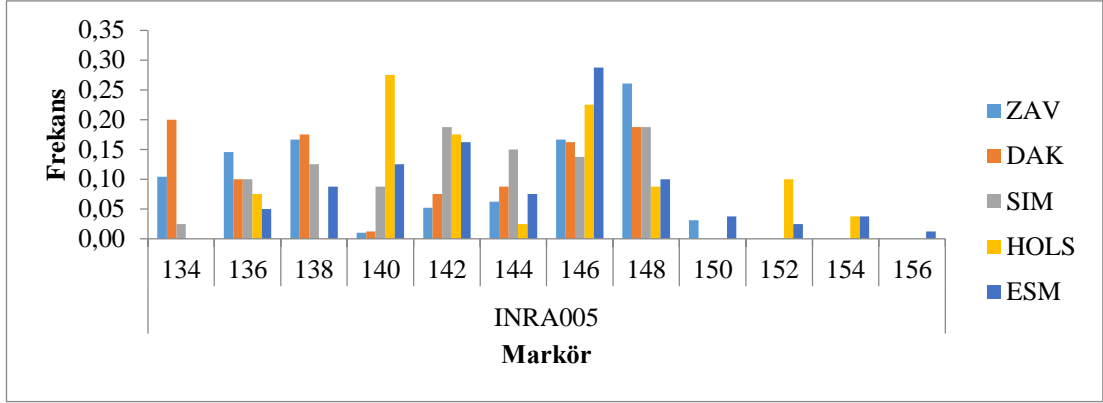
Şekil 16: ETH225 marköründeki allel frekansı



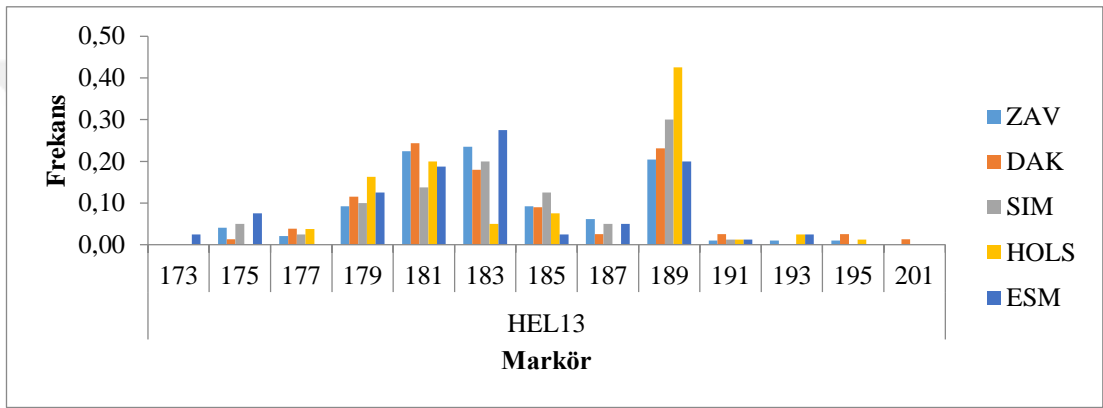
Şekil 17: BM1818 marköründeki allel frekansı



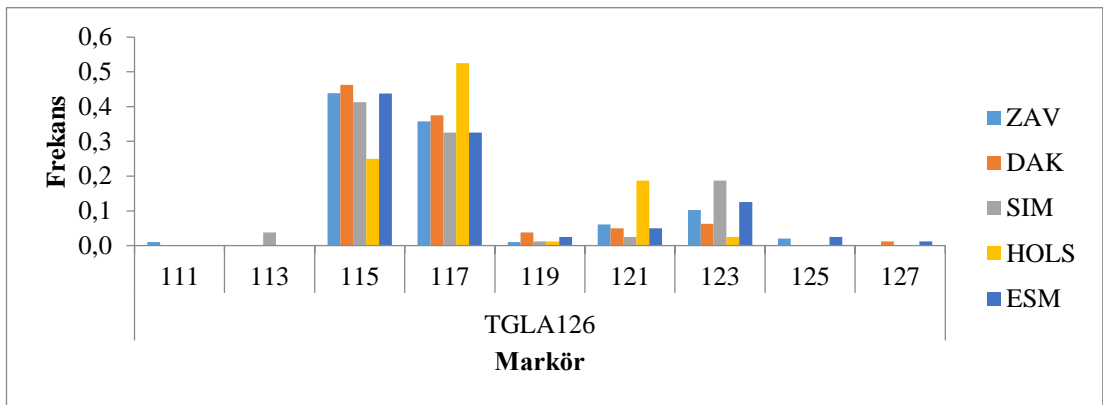
Şekil 18: TGLA227 marköründeki allel frekansı



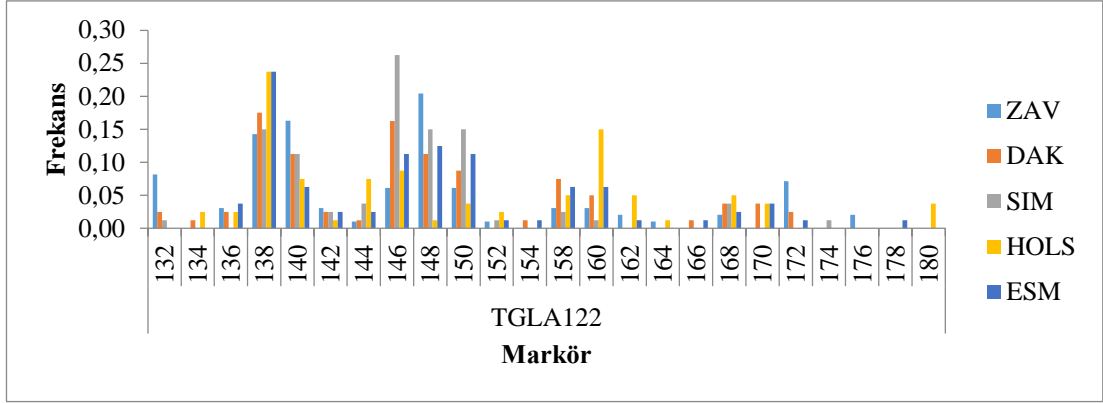
Şekil 19: INRA005 marköründeki allel frekansı



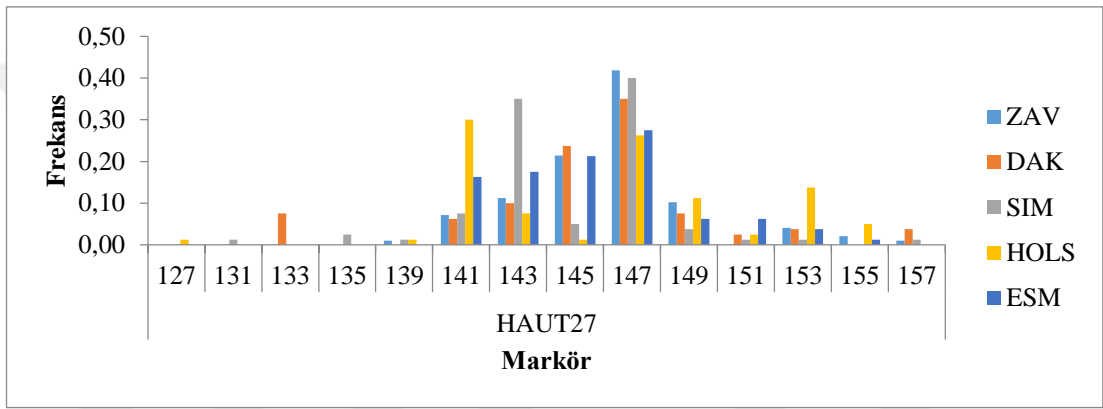
Şekil 20: HEL13 marköründeki allel frekansı



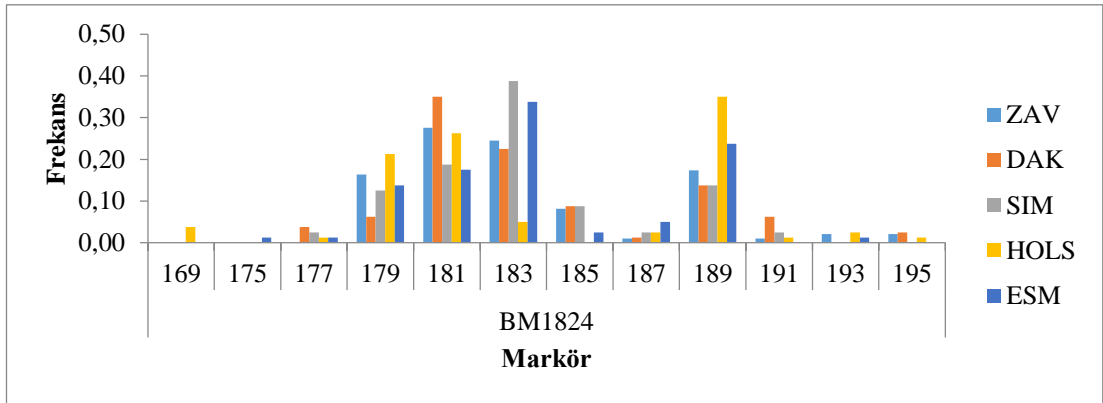
Şekil 21: TGLA126 marköründeki allel frekansı



Şekil 22: TGLA122 marköründeki allel frekansı



Şekil 23: HAUT27 marköründeki allel frekansı



Şekil 24: BM1824 marköründeki allel frekansı

3.3.3. Populasyonlarda Gözlenen Özgün Allel Sayıları ve Frekansları

Populasyonlarda özgün alleller ve frekansları Tablo 7'de sunulmuştur. Çalışmada toplam 51 adet özgün allel tespit edilmiştir. Populasyonlardaki en fazla özgün allel sayısının DAK ırkında (15 allel) olduğu ve en az özgün allel sayısının ise HOLS ırkında (6 allel) olduğu belirlenmiştir.

Markörler incelendiğinde en fazla özgün allel TGLA53 marköründe ZAV populasyonunda 1 adet, DAK populasyonunda 4 adet ve ESM populasyonunda 1 adet olmak üzere toplam 6 adet bulunurken, en az özgün allel ILST006 (DAK populasyonunda), CSSM66 (SİM populasyonunda), ETH10 (HOLS populasyonunda) ve INRA005 (ESM populasyonunda) markörlerinde 1'er adet tespit edilmiştir. ETH225 marköründe ise hiçbir ırkta özgün allel belirlenmemiştir. En yüksek frekansa (0,075) sahip allel 133 alleli ile HAUT27 markörü olarak gözlemlenirken, en düşük frekanslara (0,010) sahip alleller ise 233 alleli ile SPS115 markörü, 179 alleli ile TGLA53 markörü ve 111 alleli ile TGLA126 markörleri olarak saptanmıştır.

Tablo 7: Populasyonlarda gözlenen özgün alleler ve frekansları

Populasyon	Markör	Allel	Frekans
ZAV	SPS115	233	0,010
	ETH03	108	0,020
	BM2113	134	0,031
	BM2113	138	0,051
	TGLA53	179	0,010
	BM1818	277	0,041
	TGLA126	111	0,010
	TGLA122	176	0,020
DAK	CSRM60	75	0,013
	SPS115	259	0,013
	ILSTS006	302	0,013
	HEL9	172	0,013
	ETH03	112	0,025
	TGLA53	173	0,050
	TGLA53	183	0,025
	TGLA53	185	0,025
	TGLA53	193	0,013
	ETH185	244	0,026
	ETH185	246	0,013
	BM1818	235	0,050
	TGLA227	84	0,013
	HEL13	201	0,013
	HAUT27	133	0,075
SİM	CSSM66	200	0,038
	SPS115	237	0,025
	HEL9	174	0,013
	ETH185	210	0,026
	BM1818	273	0,025
	TGLA126	113	0,038
	TGLA122	174	0,013
	HAUT27	131	0,013
	HAUT27	135	0,025
HOLS	HEL9	138	0,013
	ETH10	221	0,013
	TGLA227	102	0,050
	TGLA122	180	0,038
	HAUT27	127	0,013
	BM1824	169	0,038
ESM	CSRM60	81	0,013
	CSRM60	107	0,013
	SPS115	257	0,013
	HEL9	144	0,013
	TGLA53	175	0,013
	BM1818	251	0,013
	TGLA227	68	0,013
	TGLA227	72	0,013
	TGLA227	100	0,013
	INRA005	156	0,013
	HEL13	173	0,025
	TGLA122	178	0,013
BM1824	175	0,013	

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

3.3.4. Populasyonlardaki Beklenen ve Gözlenen Heterozigotluk

Populasyonlarda beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri Tablo 8'de sunulmuştur. Çalışmada kullanılan markörler incelendiğinde ortalama toplam heterozigotluk (H_T) değerinin 0,417-0,925, ortalama beklenen heterozigotluk (H_e) değerinin 0,311-0,902 ve ortalama gözlenen heterozigotluk (H_o) değerinin ise 0,149-0,876 aralığında olduğu saptanmıştır. En yüksek H_T değerinin (0,925) ve en yüksek H_e değerinin (0,902) TGLA53 marköründe, en yüksek H_o değerinin (0,876) ise TGLA227 marköründe olduğu belirlenmiştir. En düşük H_T , H_e ve H_o değerleri BM2113 marköründe saptanmıştır.

Populasyonlar değerlendirildiğinde ise H_e değerinin ortalamasının 0,748-0,782, H_o değerinin ise ortalamasının 0,556-0,638 arasında değiştiği görülmektedir. En yüksek ortalama H_e değerinin (0,782) ESM populasyonunda, en düşük ortalama H_e değerinin (0,748) ise SİM populasyonunda olduğu, en yüksek ortalama H_o değerinin (0,638) ESM populasyonunda, en düşük ortalama H_o değerinin (0,556) ise ZAV populasyonunda olduğu saptanmıştır. Populasyonlar markör bazında değerlendirildiğinde H_e değeri ZAV populasyonunda 0,239-0,891, DAK populasyonunda 0,231-0,932, SİM populasyonunda 0,188-0,909, HOLS populasyonunda 0,184-0,888, ESM populasyonunda 0,143-0,901 arasında, H_o değerinin ise ZAV populasyonunda 0,143-0,878, DAK populasyonunda 0,100-0,925, SİM populasyonunda 0,050-0,875, ESM populasyonunda 0,025-0,925 ve HOLS populasyonunda 0,000-0,925 arasında değiştiği belirlenmiştir. HOLS populasyonunda BM2113 marköründe gözlenen heterozigotluk değerinin 0,000 olarak belirlenmesi, BM2113 marköründe belirlenen allellerin hepsinin bireylerde homozigot olarak gözlenmesinden kaynaklanmaktadır.

Tablo 8: Populasyonlarda beklenen ve gözlenen heterozigotluk değerleri

Markör	ZAV		DAK		SİM		HOLS		ESM		Ortalama		
	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	H _T
CSRM60	0,732	0,653	0,789	0,775	0,792	0,875	0,761	0,600	0,813	0,825	0,777	0,746	0,797
CSSM66	0,838	0,673	0,835	0,700	0,804	0,650	0,817	0,625	0,862	0,700	0,831	0,670	0,849
SPS115	0,739	0,449	0,810	0,475	0,767	0,500	0,740	0,475	0,792	0,550	0,770	0,490	0,791
ILSTS006	0,839	0,531	0,828	0,500	0,843	0,625	0,802	0,650	0,832	0,725	0,829	0,606	0,852
HEL9	0,820	0,735	0,870	0,775	0,804	0,775	0,868	0,925	0,844	0,775	0,841	0,797	0,864
ETH03	0,714	0,755	0,668	0,800	0,649	0,725	0,716	0,800	0,723	0,625	0,694	0,741	0,713
BM2113	0,809	0,571	0,231	0,100	0,188	0,050	0,184	0,000	0,143	0,025	0,311	0,149	0,417
ETH10	0,239	0,143	0,748	0,350	0,653	0,475	0,687	0,325	0,710	0,350	0,607	0,329	0,678
TGLA53	0,891	0,592	0,932	0,625	0,909	0,800	0,875	0,600	0,901	0,750	0,902	0,673	0,925
ETH185	0,798	0,255	0,860	0,184	0,821	0,436	0,809	0,450	0,848	0,500	0,827	0,365	0,843
ETH225	0,822	0,653	0,781	0,650	0,720	0,750	0,797	0,625	0,847	0,875	0,794	0,711	0,820
BM1818	0,785	0,531	0,811	0,625	0,715	0,625	0,752	0,600	0,840	0,700	0,780	0,616	0,799
TGLA227	0,876	0,878	0,892	0,925	0,855	0,875	0,868	0,775	0,881	0,925	0,874	0,876	0,896
INRA005	0,837	0,229	0,844	0,225	0,854	0,350	0,818	0,400	0,846	0,425	0,840	0,326	0,874
HEL13	0,830	0,592	0,830	0,564	0,820	0,550	0,743	0,600	0,823	0,675	0,809	0,596	0,827
TGLA126	0,665	0,449	0,638	0,425	0,687	0,600	0,626	0,500	0,683	0,525	0,660	0,500	0,678
TGLA122	0,887	0,673	0,896	0,800	0,846	0,625	0,888	0,625	0,885	0,750	0,880	0,695	0,900
HAUT27	0,749	0,510	0,793	0,525	0,707	0,675	0,800	0,850	0,813	0,675	0,772	0,647	0,808
BM1824	0,800	0,694	0,790	0,625	0,771	0,650	0,758	0,675	0,777	0,750	0,779	0,679	0,808
Ortalama	0,772	0,556	0,781	0,560	0,748	0,611	0,753	0,584	0,782	0,638	-	-	-

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer, He: Beklenen heterozigotluk, Ho: Gözlenen heterozigotluk, H_T: Toplam heterozigotluk

3.3.5. Filogenetik Şema Ağaçları

Populasyonlar arası genetik kimliklendirme ve genetik uzaklık matrisleri hesaplanarak Tablo 9-10'da sunulmuştur. Filogenetik ağaçlar, Nei'nin genetik uzaklık parametresi kullanılarak komşu birleştirme metodu (NJT) ile çizilmiştir. En yakın genetik yapı DAK ve SİM arasında 0,922 olarak belirlenirken, en uzak genetik yapı ise ZAV ve HOLS arasında 0,699 olarak belirlenmiştir. En yüksek genetik uzaklık ZAV ve HOLS arasında 0,358 olarak, en düşük genetik uzaklık ise DAK ve SİM populasyonları arasında 0,081 olarak saptanmıştır.

Tablo 9: Populasyonlar arası genetik kimliklendirme matrisi

Irklar	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM
ZAV	1,000				
DAK	0,833	1,000			
SİM	0,831	0,922	1,000		
HOLS	0,699	0,849	0,829	1,000	
ESM	0,806	0,907	0,907	0,846	1,000

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

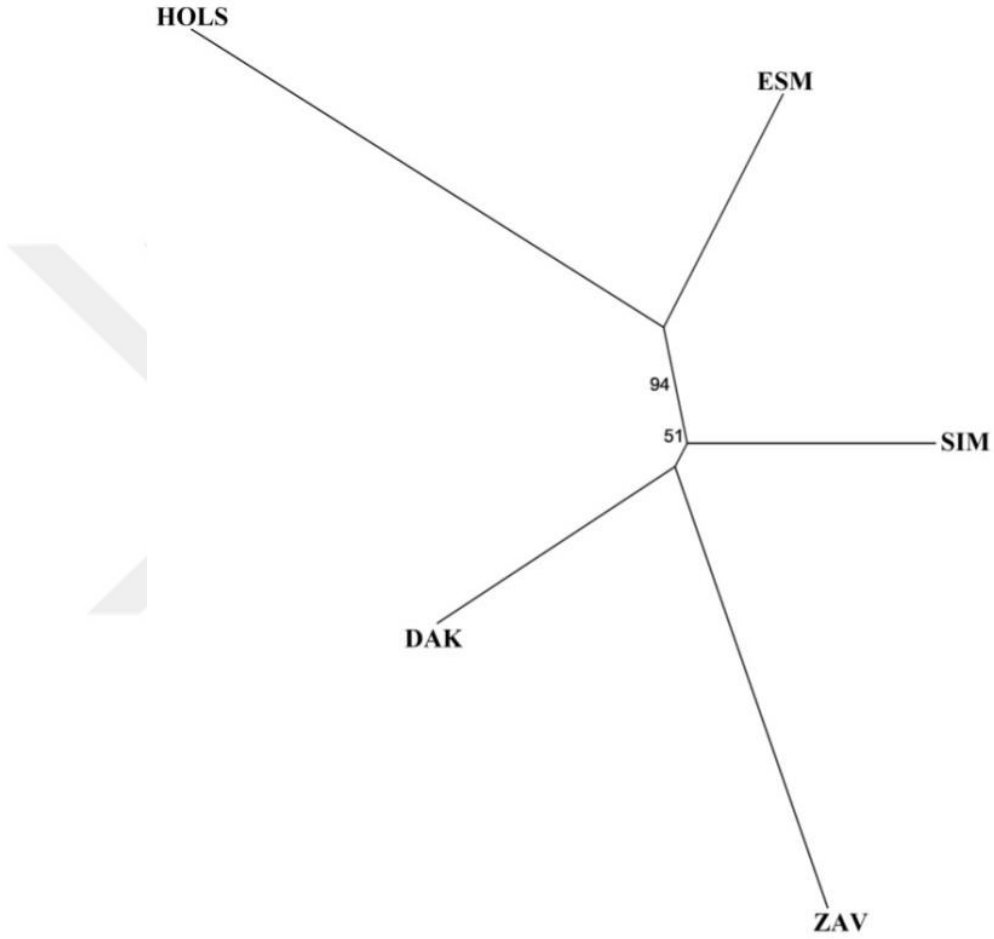
Tablo 10: Populasyonlar arası genetik uzaklık matrisi

Irklar	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM
ZAV	0,000				
DAK	0,183	0,000			
SİM	0,185	0,081	0,000		
HOLS	0,358	0,164	0,188	0,000	
ESM	0,216	0,097	0,098	0,167	0,000

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

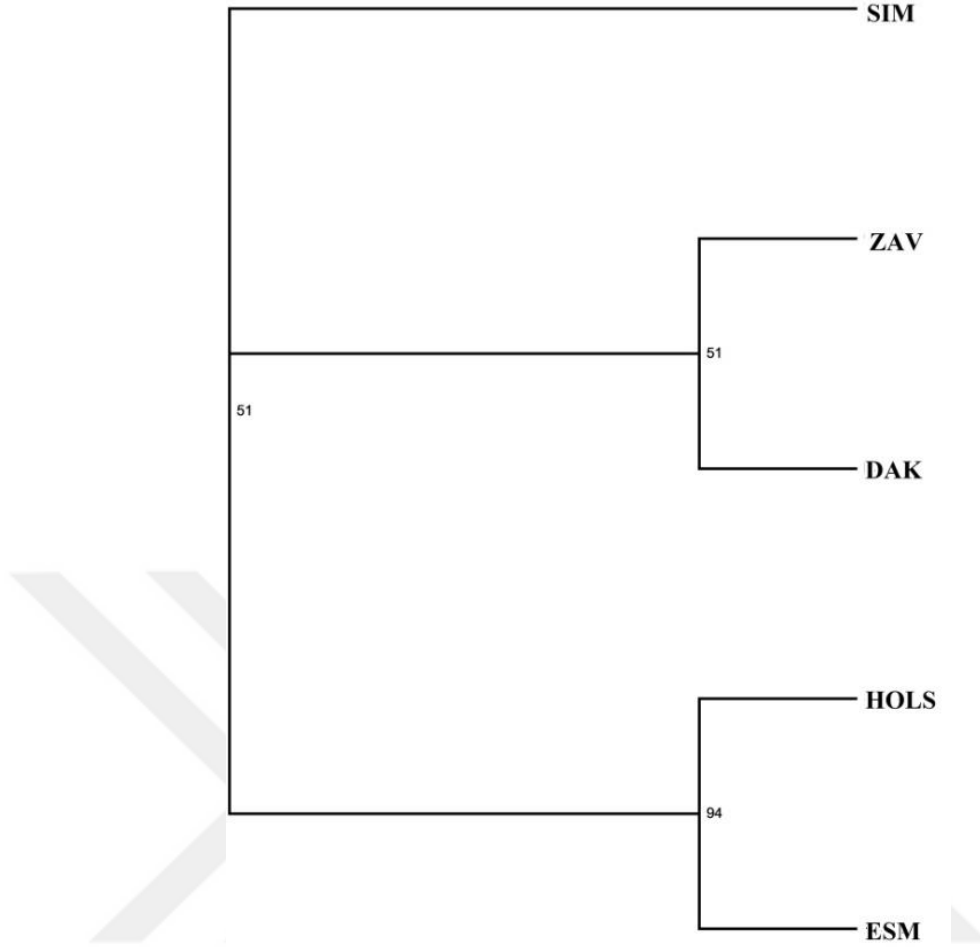
Populasyonlara ait radyal ağaç ve filogenetik ilişki grafikleri Şekil 25-26'da sunulmuştur. Populasyonların radyal ağacı değerlendirildiğinde, HOLS ve ESM populasyonlarının diğerlerinden tamamen ayrılarak aynı noktadan kök almakla birlikte birbirlerinden genetik olarak uzak olduğu gözlenirken, SİM populasyonun diğer populasyonlardan tamamen farklı bir yerden kök aldığı, ZAV ve DAK populasyonlarının ise aynı noktadan kök aldıkları fakat zamanla ayrıldıkları görülmektedir. Populasyonların kümelenmeleri incelendiğinde; %94 sıklıkla ESM ve

HOLS populasyonlarında aynı dallanmanın olduğu yani beraber kümelendikleri, ZAV ve DAK populasyonlarında da %51 sıklıkla aynı dallanmanın olduğu yani beraber kümelendikleri görülmektedir. SİM populasyonlarının ise diğer populasyonlardan tamamen ayrı bir konumda bulunmaktadır.



0.01

Şekil 25: Populasyonlar için genetik uzaklık kullanılarak çizilen radyal ağaç, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer



Şekil 26: Populasyonlar için genetik uzaklık kullanılarak çizilen filogenetik ilişki, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu KırmızıSı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

3.3.6. Bireylerin Populasyonlara Atanma Testi

Çalışmada toplam 209 bireyin genotipik olarak hangi populasyona ait olabileceği belirlenmiş ve Tablo 11’de sunulmuştur. İncelenen 209 bireyden 65 bireyin farklı populasyonlara atandığı tespit edilmiştir. Populasyonlardan ZAV toplam 49 bireyden 8 bireyi, DAK toplam 40 bireyden 22 bireyi, SİM toplam 40 bireyden 16 bireyi, HOLS toplam 40 bireyden 6 bireyi ve ESM toplam 40 bireyden 13 bireyi farklı populasyona atandığı tespit edilmiştir.

Tablo 11: Bireylerin popülasyonlara atanması testi sonuçları

Populasyon	Birey	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM	İrk
ZAV	8	26,155	28,690	24,815	29,244	25,486	SİM
	16	34,323	31,629	30,910	34,220	32,738	SİM
	21	32,397	31,966	30,315	35,440	34,721	SİM
	22	30,045	34,578	32,670	28,888	34,550	HOLS
	31	32,160	33,608	33,024	31,883	30,747	ESM
	34	30,424	31,643	29,340	33,292	28,001	ESM
	45	33,778	30,205	32,597	34,561	33,528	DAK
	47	34,594	34,477	34,283	37,036	34,029	ESM
DAK	51	28,416	27,406	31,159	33,670	26,948	ESM
	52	38,303	42,297	39,590	49,701	44,621	ZAV
	53	32,046	28,549	27,904	26,476	26,688	HOLS
	57	37,779	35,030	34,415	33,876	34,692	HOLS
	59	36,855	35,910	33,679	36,758	35,193	SİM
	60	28,775	30,965	25,335	31,770	28,058	SİM
	61	36,201	34,610	36,277	33,136	32,259	ESM
	64	29,615	31,196	28,689	33,237	33,219	SİM
	65	32,316	33,909	33,669	32,757	32,182	ESM
	66	31,539	31,343	33,992	29,716	29,343	ESM
	71	35,774	35,581	31,366	39,431	34,602	SİM
	73	28,493	29,653	28,909	32,513	26,320	ESM
	74	27,539	29,087	28,504	30,324	27,801	ZAV
	76	30,837	30,706	28,253	38,127	30,761	SİM
	78	31,830	30,755	32,014	26,814	32,661	HOLS
	79	32,540	32,941	33,299	35,723	34,902	ZAV
	80	38,704	37,673	36,654	38,019	35,675	ESM
	82	27,992	25,721	24,219	26,930	27,096	SİM
83	26,553	28,030	29,373	31,558	28,097	ZAV	
84	32,171	30,059	29,942	37,288	30,209	SİM	
85	31,949	30,758	29,748	35,729	32,199	SİM	
88	40,343	39,721	39,634	41,956	39,424	ESM	
SİM	91	26,523	27,839	27,036	34,262	28,142	ZAV
	96	29,800	26,048	26,508	29,018	30,789	DAK
	97	28,104	24,167	25,539	27,177	28,793	DAK
	100	27,221	28,848	28,715	33,579	28,785	ZAV
	101	36,881	32,393	27,899	25,143	30,339	HOLS
	103	31,172	33,169	32,532	32,705	30,988	ESM
	108	31,757	27,661	27,696	35,074	28,686	DAK
	109	27,424	27,873	28,051	30,168	26,131	ESM
	110	35,964	37,706	37,677	41,856	37,861	ZAV
	115	25,246	27,283	26,469	28,564	27,763	ZAV
	119	26,008	25,340	25,967	29,193	26,703	DAK
	120	29,313	29,746	32,136	35,398	34,146	ZAV
	122	28,589	29,879	24,555	30,126	24,318	ESM
	124	30,945	27,247	27,034	30,414	26,697	ESM
128	31,146	25,813	24,941	22,432	26,001	HOLS	
129	34,399	35,709	34,852	41,780	38,475	ZAV	

Tablo 11 (Devam): Bireylerin popülasyonlara atanması testi sonuçları

Populasyon	Birey	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM	İrk
HOLS	141	39,934	34,330	36,151	32,162	31,369	ESM
	142	27,678	26,751	25,885	23,922	23,020	ESM
	151	37,873	35,393	38,707	35,541	33,846	ESM
	153	34,670	30,259	27,712	28,350	30,128	SİM
	154	35,768	34,988	30,734	32,943	35,233	SİM
	155	40,354	38,821	37,838	37,551	35,477	ESM
ESM	170	30,306	29,372	28,478	31,251	34,576	SİM
	172	32,265	30,800	30,388	38,111	32,863	SİM
	177	38,199	40,310	38,145	44,066	41,027	SİM
	180	39,055	41,952	42,508	47,465	43,196	ZAV
	181	28,932	26,407	26,549	30,167	27,607	DAK
	189	31,259	27,743	31,152	34,170	28,258	DAK
	190	28,020	28,346	27,331	24,297	26,611	HOLS
	193	29,498	29,965	25,486	24,246	26,353	HOLS
	197	30,514	34,686	31,278	36,780	30,709	ZAV
	198	32,229	31,014	28,829	26,518	27,159	HOLS
	200	30,501	27,607	28,879	30,025	27,864	DAK
204	34,301	31,891	29,921	35,762	31,643	SİM	
206	28,375	26,609	25,258	29,803	27,352	SİM	

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

3.3.7. F İstatistikleri

Hardy-Weinberg dengesinin (HWE) belirlenmesi amacıyla F istatistiklerinden faydalanılmıştır.

Çalışmada tüm markörlere ait hesaplanan F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri Tablo 12'de verilmiştir. Tüm markörlerin ortalama F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri sırasıyla 0,275, 0,048 ve 0,248 olarak bulunmuştur.

Tablo 12: Tüm markörlere ait ortalama F_{IT} , F_{ST} ve F_{IS} değerleri

Markör	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}
CSRM60	0,073	0,018	0,056
CSSM66	0,216	0,013	0,206
SPS115	0,386	0,017	0,376
ILSTS006	0,297	0,017	0,286
HEL9	0,087	0,021	0,068
ETH03	-0,032	0,021	-0,054
BM2113	0,592	0,468	0,395
ETH10	0,535	0,124	0,469
TGLA53	0,281	0,017	0,269
ETH185	0,572	0,005	0,570
ETH225	0,146	0,027	0,123
BM1818	0,238	0,013	0,229
TGLA227	0,029	0,019	0,011
INRA005	0,636	0,030	0,625
HEL13	0,283	0,011	0,276
TGLA126	0,270	0,017	0,258
TGLA122	0,235	0,014	0,224
HAUT27	0,213	0,040	0,182
BM1824	0,166	0,029	0,141
Ortalama	0,275	0,048	0,248

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

Populasyonların ikili olarak karşılaştırmasında hesaplanan F_{ST} değerleri (Tablo 13) incelendiğinde tüm populasyonların birbirlerinden farklı olduğu tespit edilmiştir ($P < 0,05$; $P < 0,01$). En yüksek F_{ST} değeri (0,072) ZAV-HOLS populasyonları arasında, en düşük F_{ST} değeri (0,009) ise DAK-SİM populasyonları arasında görülmüştür.

Tablo 13: Populasyonların arasında hesaplanan F_{ST} değerleri

Populasyon	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM
ZAV	0,000	0,032**	0,037**	0,072**	0,039**
DAK		0,000	0,009*	0,029**	0,010**
SİM			0,000	0,039**	0,014**
HOLS				0,000	0,030**
ESM					0,000

* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

Çalışmada populasyonlara ait F_{IS} değerleri hesaplanmış ve Tablo 14'te sunulmuştur. ZAV populasyonunda 1 adet (ETH03), DAK populasyonunda 2 adet (ETH03, TGLA227), SİM populasyonunda 4 adet (CSRM60, ETH03, ETH225, TGLA227), HOLS populasyonunda 3 adet (HEL9, ETH03, HAUT27) ve ESM populasyonda 3 adet (CSRM60, ETH225, TGLA227) markörde negatif F_{IS} değeri belirlenmiştir. Populasyonların ortalama F_{IS} değerlerinin 0,210 (SİM) ile 0,301 (DAK) arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Jackknife tekniği ile analiz edildiğinde ortalama F_{IS} değerlerinin $0,244 \pm 0,042$ olduğu, %95 güven aralığında 0,167 ve %99 güven aralığında ise 0,145 olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 14: Markör bazında populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların F_{IS} değerleri

Markör	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM	Toplam	Toplam Jackknife Ortalama \pm SH
CSRM60	0,118	0,030	-0,092	0,224	-0,002	0,056	0,056 \pm 0,052
CSSM66	0,206	0,174	0,204	0,247	0,200	0,206	0,206 \pm 0,011
SPS115	0,401	0,424	0,359	0,369	0,317	0,375	0,376 \pm 0,019
ILSTS006	0,377	0,407	0,271	0,202	0,141	0,284	0,286 \pm 0,051
HEL9	0,114	0,122	0,049	-0,053	0,094	0,067	0,068 \pm 0,032
ETH03	-0,047	-0,186	-0,104	-0,105	0,148	-0,055	-0,054 \pm 0,054
BM2113	0,303	0,575	0,739	1,000	0,829	0,505	0,395 \pm 0,240
ETH10	0,411	0,541	0,284	0,536	0,516	0,467	0,469 \pm 0,054
TGLA53	0,345	0,340	0,133	0,326	0,180	0,268	0,269 \pm 0,045
ETH185	0,686	0,791	0,479	0,454	0,421	0,569	0,570 \pm 0,073
ETH225	0,216	0,180	-0,029	0,228	-0,020	0,121	0,123 \pm 0,057
BM1818	0,333	0,241	0,139	0,214	0,179	0,227	0,229 \pm 0,036
TGLA227	0,009	-0,024	-0,011	0,119	-0,037	0,011	0,011 \pm 0,027
INRA005	0,731	0,739	0,599	0,520	0,507	0,624	0,625 \pm 0,050
HEL13	0,296	0,332	0,340	0,204	0,192	0,275	0,276 \pm 0,030
TGLA126	0,334	0,345	0,139	0,213	0,244	0,257	0,258 \pm 0,039
TGLA122	0,250	0,120	0,273	0,308	0,165	0,224	0,224 \pm 0,034
HAUT27	0,328	0,349	0,057	-0,049	0,182	0,18	0,182 \pm 0,077
BM1824	0,142	0,221	0,169	0,122	0,047	0,141	0,141 \pm 0,027
Ortalama	0,292	0,301	0,210	0,267	0,226	0,253	0,244 \pm 0,042
P	***	***	***	***	***		
						%95	0,167 \pm 0,329
						%99	0,145 \pm 0,358

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer,

SH: Standart hata

Populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların ortalama F_{IS} değerleri 0,210 ile 0,301 arasında değiştiği gözlenmektedir. Genel F_{IS} değerinin ise 0,253 olduğu saptanmıştır. Tüm populasyonlardaki F_{IS} değerlerinin istatistiksel olarak önemli olduğu tespit edilmiştir ($P < 0,001$, Tablo 14).

Hardy-Weinberg dengesinin belirlenmesi amacıyla yapılan analizler sonucunda elde edilen Ki-Kare (χ^2) deęerleri hesaplanmış ve Tablo 15’da sunulmuştur. Toplam 6 markörde (SPS115, ILST006, BM2113, ETH10, ETH185, INRA005) populasyonların hepsinde önemlilik belirlenirken, 2 markörde ise (ETH03, TGLA227) tüm populasyonlar önemsiz bulunmuştur. CSRM60 marköründe SİM populasyonu önemsiz bulunurken, dięer tüm populasyonlarda önemlilik tespit edilmiştir. CSSM66 marköründe ZAV ve HOLS populasyonları önemsiz, DAK, ESM ve SİM populasyonları önemli bulunmuştur. HEL9 marköründe ZAV, HOLS ve ESM populasyonunda önemsiz, dięer populasyonlarda ise önemli bulunmuştur. TGLA53 marköründe SİM ve ESM populasyonları önemsiz bulunurken, dięer populasyonlarda önemlilik tespit edilmiştir. ETH225 marköründe ZAV ve SİM populasyonları önemsiz, dięer populasyonlar önemli bulunmuştur. BM1818 marköründe ESM populasyonunda önemlilik tespit edilmezken, dięer populasyonlarda önemlilik tespit edilmiştir. HEL13 marköründe HOLS populasyonunda önemlilik tespit edilmezken, dięer tüm populasyonlarda önemlilik tespit edilmiştir. TGLA126 marköründe SİM ve HOLS populasyonları önemsiz, dięer populasyonlar önemli bulunmuştur. TGLA122 marköründe SİM populasyonunda önemlilik tespit edilmezken, dięer populasyonlarda önemlilik tespit edilmiştir. HAUT27 marköründe SİM, HOLS ve ESM populasyonları önemsiz, dięer populasyonlar önemli bulunmuştur. BM1824 marköründe ESM populasyonunda önemlilik tespit edilirken, dięer populasyonlarda önemlilik tespit edilmemiştir.

Tablo 15: Populasyonlarda HWE deęerleri

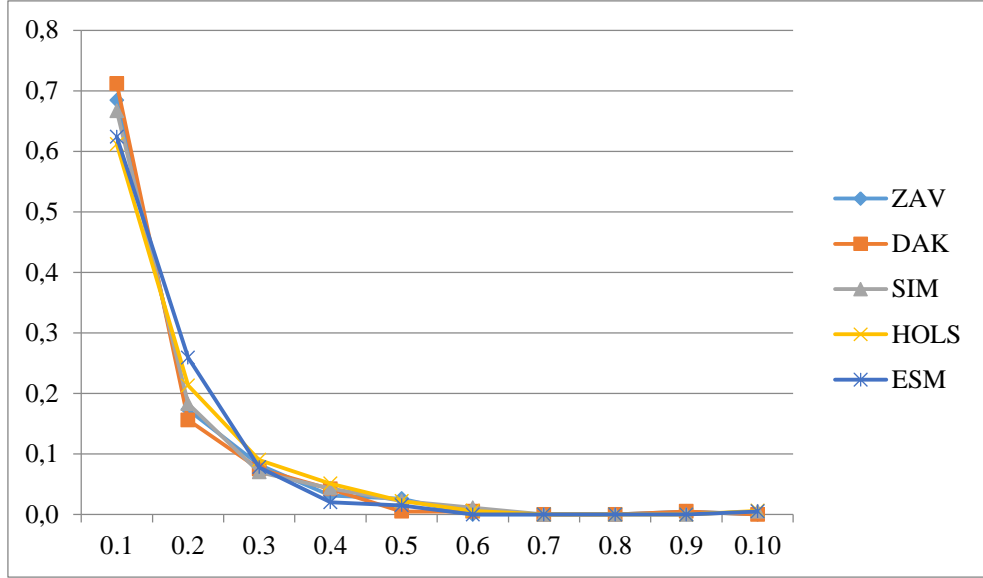
Markör	ZAV			DAK			SİM			HOLS			ESM		
	SD	χ^2	P	SD	χ^2	P	SD	χ^2	P	SD	χ^2	P	SD	χ^2	P
CSRM60	55	79,556	0,017	66	87,619	0,039	55	34,143	0,988	21	34,831	0,029	66	91,212	0,022
CSSM66	78	81,052	0,384	91	130,516	0,004	91	130,422	0,004	66	76,104	0,185	78	104,376	0,025
SPS115	45	104,984	0,000	45	115,178	0,000	36	73,155	0,000	28	47,028	0,014	36	94,855	0,000
ILSTS006	36	75,193	0,000	36	140,768	0,000	45	106,710	0,000	36	62,728	0,004	45	68,769	0,013
HEL9	66	62,012	0,616	91	119,846	0,023	78	193,721	0,000	55	39,049	0,949	66	54,699	0,838
ETH03	28	30,764	0,328	45	56,915	0,110	21	11,939	0,941	10	6,843	0,740	21	25,458	0,228
BM2113	55	128,539	0,000	15	114,064	0,000	10	120,031	0,000	3	80,000	0,000	10	160,000	0,000
ETH10	3	35,344	0,000	36	132,741	0,000	15	26,876	0,030	28	54,315	0,002	28	77,989	0,000
TGLA53	78	195,767	0,000	190	368,274	0,000	105	111,203	0,321	91	155,769	0,000	136	139,479	0,401
ETH185	55	243,660	0,000	91	377,818	0,000	78	285,695	0,000	66	123,255	0,000	66	134,814	0,000
ETH225	66	77,509	0,157	66	105,306	0,002	45	29,333	0,966	45	149,000	0,000	55	68,838	0,099
BM1818	36	62,869	0,004	36	86,509	0,000	21	87,374	0,000	36	142,710	0,000	66	63,886	0,551
TGLA227	66	60,338	0,673	78	76,869	0,515	55	63,553	0,201	55	56,599	0,415	91	100,959	0,223
INRA005	36	194,487	0,000	28	155,038	0,000	28	165,554	0,000	28	138,812	0,000	55	157,892	0,000
HEL13	55	161,313	0,000	55	140,749	0,000	36	87,942	0,000	36	42,649	0,207	45	160,439	0,000
TGLA126	21	72,057	0,000	15	33,360	0,004	15	22,348	0,099	10	9,907	0,449	21	93,721	0,000
TGLA122	136	229,528	0,000	136	202,955	0,000	78	88,600	0,193	136	238,110	0,000	153	222,333	0,000
HAUT27	36	90,723	0,000	36	96,857	0,000	55	58,406	0,351	45	30,338	0,954	28	34,043	0,199
BM1824	36	42,383	0,215	36	46,055	0,122	28	35,052	0,168	45	44,861	0,478	36	94,988	0,000

P: Olasılık, χ^2 : Ki-kare, SD: Serbestlik Derecesi, ZAV: Zavot, DAK: Doęu Anadolu Kırmızı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

3.3.8. Darboğaz (Bottleneck) Testi

Çalışmadaki popülasyonların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediikleri Darboğaz testi yapılarak belirlenmiştir. Heterozigot fazlalığını belirlemek için iki safhalı model (TMP) kullanılmış ve Wilcoxon testi ile önemlilikleri tespit edilmiştir (Tablo 16-17). Ayrıca allel frekans dağılımı grafiğinin normal L dağılımı gösterip göstermediği incelenmiştir. Elde edilen Wilcoxon sonuçlarına göre popülasyonların değerleri (ZAV 0,445, DAK 0,414, SİM 0,767, HOLS 0,325, ESM 0,067) $P > 0,05$ olduğundan ve normal L dağılımı gösterdiğinden dolayı popülasyonların yok olma tehlikesi geçirmediği belirlenmiştir (Şekil 27).

Popülasyonların dar boğaz testinde iki safhalı model sonuçlarına göre Heq değerleri ZAV popülasyonunda 0,390-0,938, DAK popülasyonunda 0,662-0,920, SİM popülasyonunda 0,604-0,880, HOLS popülasyonunda 0,404-0,900, ESM popülasyonunda ise 0,609-0,908 arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Önemlilik durumları incelendiğinde ZAV ve HOLS popülasyonları tüm markörler açısından önemsiz bulunurken, DAK popülasyonunda 4 markörde (ETH03, BM2113, TGLA53, INRA005), SİM popülasyonunda da 4 markörde (BM2113, TGLA53, INRA005, HAUT27) ve ESM popülasyonunda 1 markörde (BM2113) önemlilik bulunmuştur.



Şekil 27: Tüm populasyonlara ait allel frekans dağılım grafiği

Tablo 16: TPM modeline göre populasyonlara ait darboğaz analiz sonuçları

Populasyon	Wilcoxon Test P (one tail for H excess)
ZAV	0,445
DAK	0,414
SİM	0,767
HOLS	0,325
ESM	0,067

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

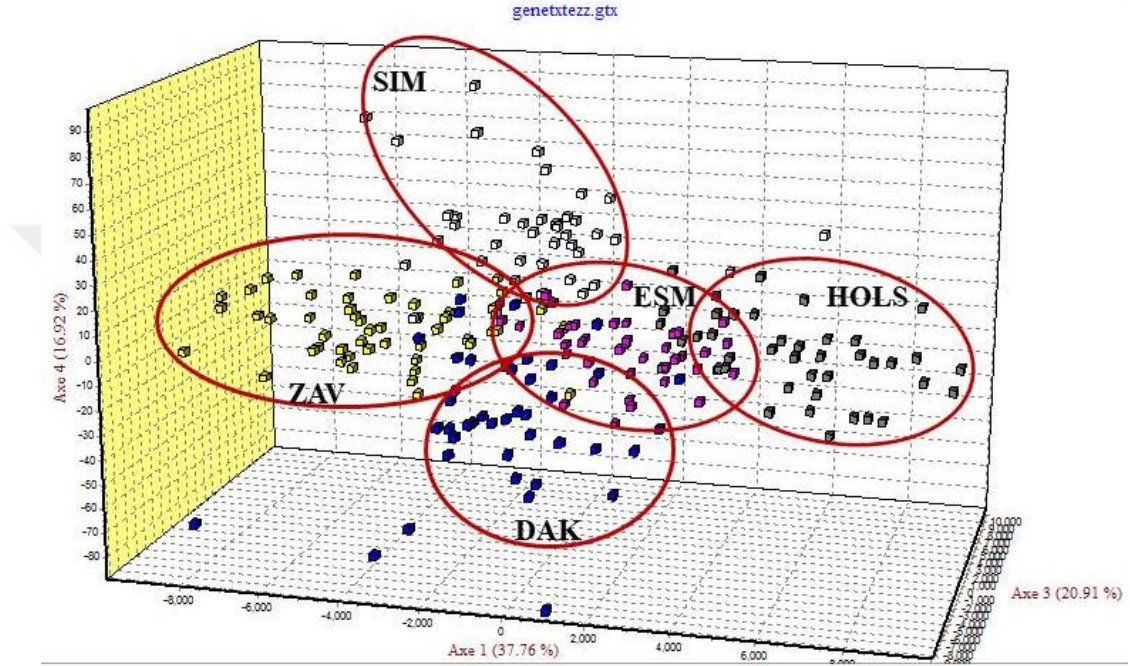
Tablo 17: Populasyonların dar boğaz testinde iki safhalı model sonuçları

Markör	ZAV				DAK				SİM				HOLS				ESM			
	Heq	SH	DH/sd	P	Heq	SH	DH/sd	Prob	Heq	SH	DH/sd	P	Heq	SH	DH/sd	P	Heq	SH	DH/sd	P
CSRM60	0,818	0,007	-1,571	0,077	0,842	0,007	-1,018	0,133	0,829	0,007	-0,573	0,232	0,717	0,013	0,664	0,281	0,843	0,006	-0,493	0,237
CSSM66	0,849	0,006	-0,049	0,364	0,871	0,005	-0,815	0,177	0,870	0,005	-1,646	0,060	0,845	0,006	-0,417	0,265	0,861	0,006	0,325	0,462
SPS115	0,798	0,008	-0,908	0,151	0,807	0,008	0,252	0,501	0,781	0,010	-0,077	0,382	0,750	0,012	-0,007	0,412	0,784	0,010	0,302	0,462
ILSTS006	0,775	0,009	1,119	0,064	0,779	0,010	0,978	0,160	0,806	0,009	0,886	0,159	0,783	0,010	0,449	0,381	0,808	0,009	0,642	0,291
HEL9	0,836	0,007	-0,168	0,340	0,872	0,005	-0,286	0,478	0,859	0,006	-1,267	0,109	0,830	0,007	1,107	0,085	0,844	0,006	0,255	0,482
ETH03	0,743	0,011	-0,274	0,300	0,810	0,008	-2,624	0,021	0,715	0,014	-0,653	0,216	0,603	0,019	1,024	0,127	0,710	0,014	0,255	0,483
BM2113	0,818	0,007	-0,005	0,404	0,668	0,015	-4,593	0,001	0,604	0,019	-3,431	0,009	0,404	0,025	-1,347	0,151	0,609	0,018	-3,984	0,001
ETH10	0,390	0,024	-0,897	0,220	0,783	0,010	-0,410	0,273	0,671	0,016	-0,107	0,366	0,750	0,012	-0,745	0,180	0,750	0,012	-0,404	0,232
TGLA53	0,851	0,005	1,277	0,039	0,920	0,003	1,265	0,042	0,880	0,005	1,389	0,025	0,873	0,005	0,423	0,420	0,900	0,004	0,518	0,369
ETH185	0,822	0,007	-0,310	0,286	0,873	0,005	-0,038	0,394	0,859	0,006	-0,740	0,189	0,845	0,006	-0,622	0,206	0,843	0,007	0,368	0,444
ETH225	0,837	0,006	-0,142	0,370	0,846	0,006	-1,398	0,079	0,808	0,008	-1,520	0,080	0,804	0,009	0,059	0,429	0,827	0,007	0,656	0,282
BM1818	0,774	0,009	0,301	0,469	0,785	0,009	0,617	0,304	0,710	0,014	0,169	0,493	0,782	0,010	-0,340	0,290	0,841	0,007	0,217	0,525
TGLA22	0,938	0,006	1,155	0,071	0,860	0,006	1,252	0,056	0,826	0,008	0,837	0,181	0,826	0,007	1,162	0,069	0,873	0,005	0,627	0,291
INRA005	0,772	0,009	1,143	0,073	0,753	0,011	1,491	0,012	0,756	0,011	1,510	0,002	0,747	0,012	1,076	0,097	0,827	0,008	0,629	0,303
HEL13	0,819	0,007	0,384	0,407	0,825	0,008	0,330	0,462	0,781	0,010	0,770	0,228	0,783	0,010	-0,496	0,233	0,805	0,009	0,523	0,350
TGLA126	0,703	0,013	-0,338	0,281	0,662	0,016	-0,159	0,351	0,668	0,015	0,283	0,471	0,605	0,019	0,249	0,494	0,718	0,013	-0,314	0,303
TGLA122	0,895	0,003	0,037	0,431	0,901	0,004	0,278	0,495	0,862	0,006	-0,138	0,355	0,900	0,004	-0,012	0,415	0,908	0,003	-0,565	0,234
HAUT27	0,772	0,010	-0,224	0,323	0,784	0,009	0,312	0,446	0,826	0,008	-2,285	0,034	0,809	0,008	0,031	0,419	0,752	0,012	0,984	0,119
BM1824	0,774	0,009	0,514	0,362	0,781	0,010	0,297	0,469	0,748	0,012	0,422	0,420	0,805	0,009	-0,678	0,211	0,781	0,010	0,092	0,447

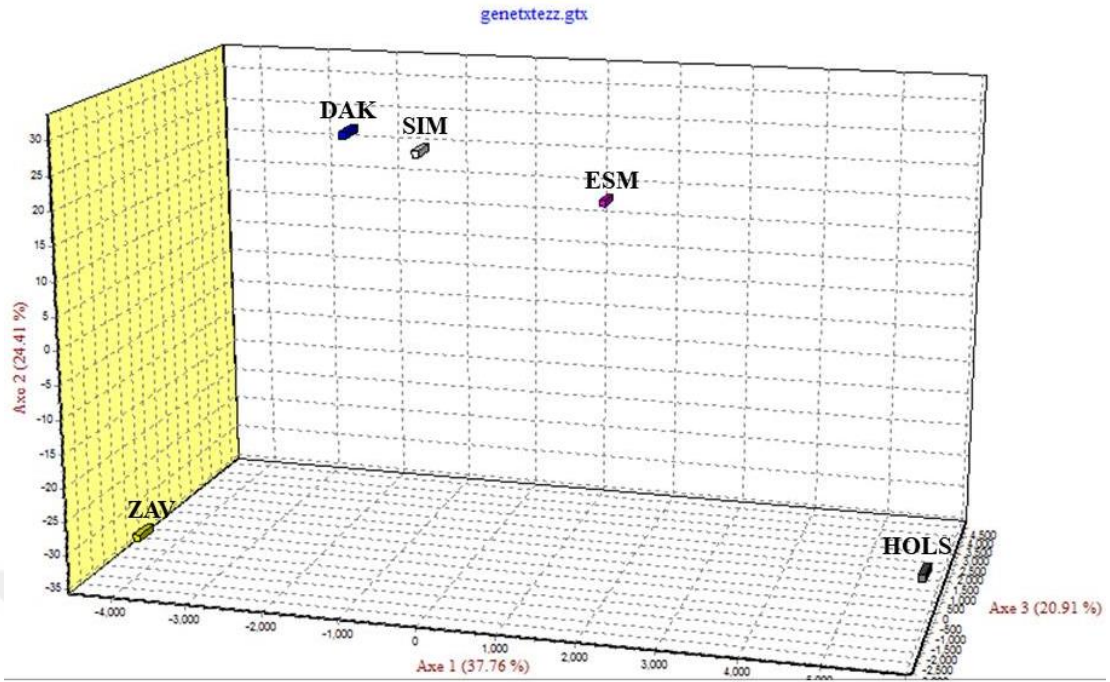
P: Olasılık, Heq: Sürüklenmedeki beklenen heterozigotluk, SH: Standart hata, DH/sd: Heterozigotluğun negatif eksikliği, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

3.3.9. Faktöriyel Benzerlik Analizi

Çalışmadaki ırklar üç boyutlu düzlemde yerleştirilmiştir. Burada populasyonlar arasındaki ve populasyonlara ait bireyler arasındaki genetik ilişki gösterilmiştir (Şekil 28-29).



Şekil 28: Populasyonlara ait bireyler arasındaki faktöriyel benzerlik analiz grafiği, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer



Şekil 29: Populasyonlar arasındaki faktöriyel benzerlik analiz grafiği, ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

Çalışılan populasyonlardaki bireylere ait faktöriyel benzerlik analiz (FCA) grafiği incelendiğinde ZAV, DAK ve SİM populasyonlarının kendi kümelerine ayrıldıkları, DAK populasyonun bazı bireylerinin ZAV ve ESM populasyonuna yakın olduğu ve DAK populasyonunun birkaç bireyinin de diğer tüm bireylerden uzak olup kendi populasyonunu temsil ettiği, HOLS ve ESM populasyonlarının ise yakın konumda kümelendikleri ve bazı bireylerinin karışım gösterdiği saptanmıştır (Şekil 28). Populasyon düzeyinde FCA grafiği incelendiğinde ise DAK, SİM ve ESM populasyonlarının birlikte bir düzlemde DAK ve SİM daha yakın bir konumda, HOLS ve ZAV populasyonlarının ise diğer populasyonlara göre farklı birer düzlemde buldukları tespit edilmiştir (Şekil 29).

3.3.10. Moleküler Varyans Analizi

Çalışmada genetik varyasyonun ırklar içi ve ırklar arasında dağılımı AMOVA analizi ile belirlenmiştir. Bu amaçla ilk olarak tüm populasyonlar tek bir grup olarak değerlendirilip AMOVA analizi gerçekleştirilmiş ve Tablo 18’de sunulmuştur. Bu analize göre toplam genetik varyasyonun %96,45’inin populasyonlar içinde, %3,55’inin ise populasyonlar arasında olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada tek grup olarak değerlendirilerek yapılan AMOVA analizi sonucu populasyonlar içi istatistiksel farklılık $P < 0,001$ düzeyinde önemli bulunmuştur.

Tablo 18: Populasyonların tek grup olarak değerlendirildiği AMOVA

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Varyans Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi	P
Populasyonlar arası	4	119,640	0,27034 Va	3,55	0,000
Populasyonlar içi	413	3036,281	7,35177 Vb	96,45	
Genel	417	3155,921	7,62211	-	

İkinci aşamada ise; populasyonlar çalışmanın FCA ve NJT parametreleri göz önünde bulundurularak ZAV ve DAK bir grup, SİM bir grup, HOLS ve ESM bir grup olacak şekilde 3 grup oluşturularak AMOVA analizi ile değerlendirilmiş ve Tablo 19’da sunulmuştur. Bu analiz sonuçlarına göre ise; toplam genetik varyasyonun %96,42 populasyonlar içinde, %3,42 gruplardaki populasyonlar arasında ve %0,16 gruplar arasında olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada üç grup olarak değerlendirilerek yapılan AMOVA analizi sonucu populasyonlar içi ve gruplar içindeki populasyonlar arasındaki istatistiksel farklılık önemli ($P < 0,001$) bulunmuştur.

Tablo 19: Populasyonların üç grup olarak değerlendirildiği AMOVA

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Varyans Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi	P
Gruplar arası	2	61,090	0,01192 Va	0,16	0,447
Gruplardaki populasyonlar arası	2	58,550	0,26085 Vb	3,42	0,000
Populasyonlar içi	413	3036,281	7,35177 Vc	96,42	0,000
Genel	417	3155,921	7,62454	-	

3.3.11. Mantel Testi Analizi

Mantel testi iki farklı uzaklık matrisi arasındaki ilişkiyi test etmek amacıyla yapılmıştır. Çalışmada populasyonlara ait F_{ST} değerleri ile coğrafi uzaklık arasındaki ilişki Mantel testi ile belirlenmiştir. Bu test populasyonlar tek grup olacak şekilde yapılmış ve Tablo 20’de sunulmuştur. Elde edilen sonuçlara göre korelasyonun pozitif kuvvetli ve istatistiksel olarak önemli ($P < 0,01$) olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 20: Mantel testi analiz sonuçları

F_{ST} değerleri ile coğrafi uzaklık	Korelasyon Katsayısı (r)	P
	0,999909	0,004

3.3.12. Polimorfizm Bilgi İçeriği

Çalışmada kullanılan mikrosatellit markörlerin Polimorfizm Bilgi İçeriği (Polymorphic Information Content, PIC) değerleri hesaplanarak Tablo 21’de belirtilmiştir.

Tablo 21: Populasyonların PIC değerleri

Markör	ZAV	DAK	SİM	HOLS	ESM	Ortalama
CSRM60	0,70	0,76	0,77	0,73	0,79	0,77
CSSM66	0,82	0,82	0,79	0,80	0,85	0,84
SPS115	0,71	0,79	0,73	0,70	0,77	0,76
ILSTS006	0,82	0,81	0,83	0,78	0,81	0,83
HEL9	0,80	0,86	0,78	0,85	0,83	0,85
ETH03	0,69	0,63	0,62	0,67	0,68	0,68
BM2113	0,79	0,23	0,18	0,17	0,14	0,44
ETH10	0,23	0,71	0,61	0,64	0,67	0,63
TGLA53	0,88	0,93	0,90	0,86	0,89	0,92
ETH185	0,78	0,85	0,80	0,78	0,83	0,83
ETH225	0,80	0,76	0,69	0,77	0,83	0,80
BM1818	0,75	0,79	0,68	0,71	0,82	0,77
TGLA227	0,86	0,88	0,84	0,85	0,87	0,89
INRA005	0,82	0,83	0,84	0,79	0,83	0,86
HEL13	0,81	0,81	0,80	0,71	0,80	0,81
TGLA126	0,61	0,57	0,63	0,57	0,63	0,62
TGLA122	0,88	0,89	0,83	0,88	0,88	0,89
HAUT27	0,72	0,77	0,66	0,77	0,79	0,78
BM1824	0,77	0,76	0,74	0,72	0,74	0,78
Ortalama	0,75	0,76	0,72	0,73	0,76	0,78
Genel ortalama	0,74					

ZAV: Zavot, DAK: Doğu Anadolu Kırmızısı, SİM: Simental, HOLS: Holştayn, ESM: Esmer

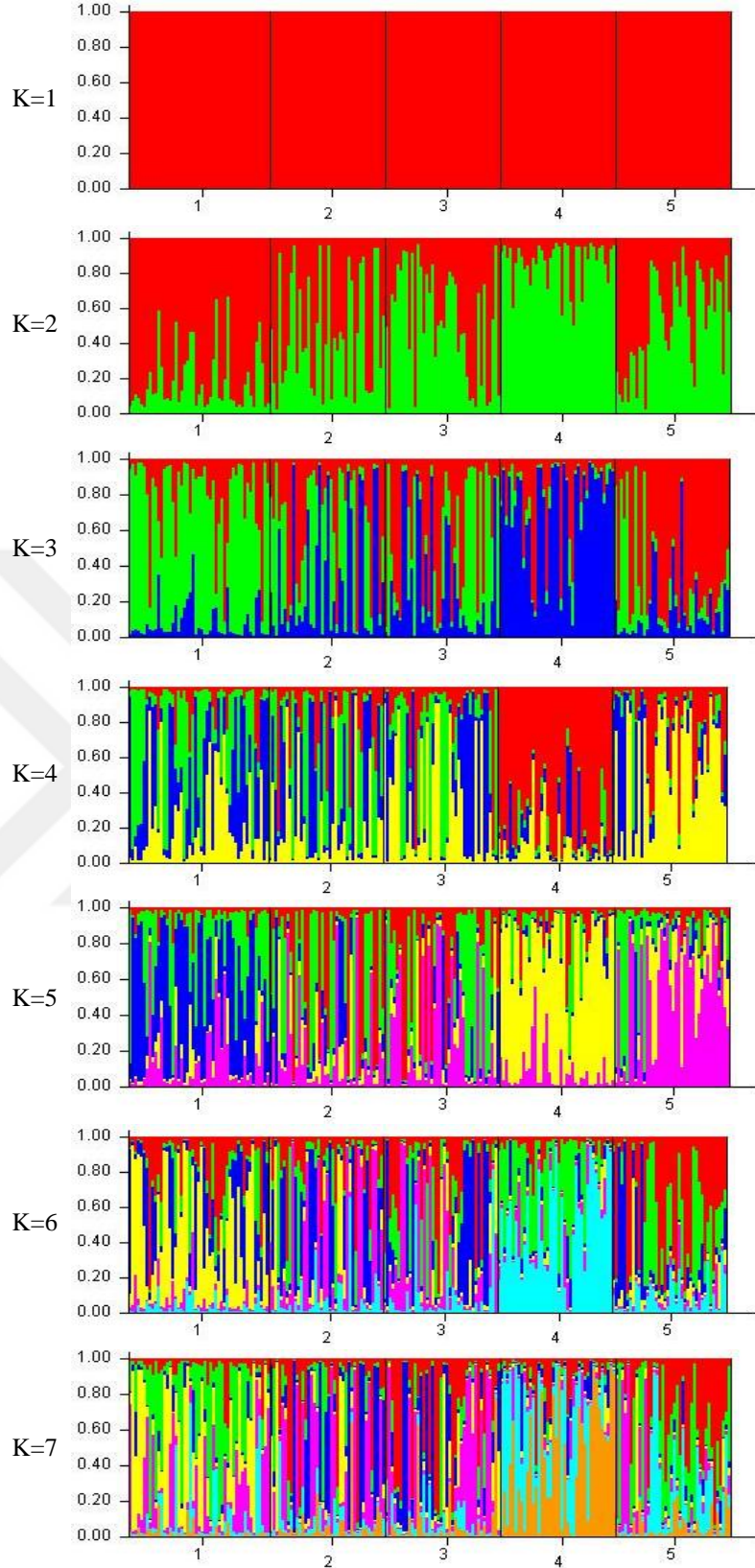
Populasyonlara ait genel ortalama PIC değeri 0,74 olarak belirlenmiştir. Ayrıca populasyonlar incelendiğinde ortalama PIC değerleri 0,72 (SİM) ile 0,76 (DAK ve ESM) arasında olduğu, markörler incelendiğinde ise ortalama PIC değerleri en düşük (0,44) BM2113 marköründe, en yüksek (0,92) ise TGLA53 marköründe olduğu belirlenmiştir. BM2113 markörü hariç diğer markörlerde ortalama PIC

değerleri 0,50'den büyük olduğu için yüksek oranda bilgi verici oldukları görülmüştür.

3.3.13. Genetik Yapı Testi

Çalışmada populasyonların genetik yapılarının belirlenmesinde periyot uzunlukları ve Markov Chain Monte Carlo (MCMC) değerleri 100000 olarak alınmış ve K değeri 20 kez tekrar edilmiştir. Çalışmada 1 ile 7 arasında farklı K değerlerinde yapılan denemeler sonucunda populasyonları en iyi ayıran K değerinin 3 olduğu tespit edilmiştir (Şekil 30).





Şekil 30: Yapı testi sonuç grafiği. 1: Zavot, 2: Doğu Anadolu Kırmızısı, 3: Simental, 4: Holştayn, 5: Esmer

4. TARTIŞMA

Bu çalışmada, Kars ili ve çevresine adapte olmuş, zor iklim şartlarına ve hastalıklarına karşı dayanıklı ZAV ve DAK yerli sığır ırkları ile aynı bölgede yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan kültür ırklarından ESM, SİM ve HOLS ırkları ile genetik çeşitliliği ortaya konulmaya çalışılmıştır.

4.1. Genel Populasyon Parametreleri

Özgün aleller, bir populasyonun veya ırkın genetik farklılığının belirlenmesi ve ölçülmesi için faydalıdır. Bu yüzden ırk tanımlanmasında kullanılan özgün aleller büyük öneme sahiptirler (Ngono-Ema ve ark. 2014, Sanarana ve ark. 2016). Bu çalışmada toplam 51 (%18,61) özgün allel belirlenmiştir. Kullanılan markörler içinde TGLA53 marköründe en fazla özgün allel (6 adet) sayısı tespit edilmiştir. Bunun yanında ILST006, CSSM66, ETH10 ve INRA005 markörlerinde ise en az özgün allel (1'er adet) olduğu saptanmıştır. ETH225 marköründe ise özgün allel belirlenmemiştir.

Türkiye yerli sığır ırklarında yapılan çalışmada 39 (%14,66) özgün allel belirlenmiş ve TGLA53 ve TGLA122 markörlerinde en fazla özgün allel (4 adet) tespit edildiği bildirilmiştir (Özşensoy 2011). Bildirilen literatürdeki en fazla özgün allel tespit edilen markör (TGLA53) bu çalışmayla benzerlik göstermektedir. Amigues ve ark. (2011) yaptıkları çalışmada 34 (%23,9) özgün allel tespit etmişlerdir. Kullandıkları markörler içinde TGLA122 marköründe en fazla özgün allel (3 adet) belirlemişlerdir. Gororo ve ark. (2018) çalışmalarında 34 (%28,57) özgün allel belirlemişlerdir ve en yüksek sayıda özgün allel TGLA122 (7 adet) marköründe saptamışlardır. Ngono-Ema ve ark. (2014) ise yaptıkları çalışmada 31 (%22,3) özgün allel saptadıklarını bildirmişlerdir. Sunulan çalışmada 3. en fazla özgün allel içeren markör olan TGLA122 markörü 4 özgün allel ile bu çalışmalarla uygun bulunmuştur.

Bu çalışmada popülasyonlardaki en fazla özgün allel sayısının (15 allel) DAK ırkında olduğu gözlenirken, en az özgün allel sayısının (6 allel) ise HOLS ırkında olduğu gözlemlenmiştir. DAK ırkının özgün allel frekanslarının 0,013 - 0,075 arasında değiştiği saptanmıştır. HOLS ırkında ise özgün allel frekanslarının 0,013 - 0,050 aralığında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmadaki bu değerlerin özellikle ırk tanımlama açısından yetersiz büyüklükte olduğu düşünülmektedir.

Bu çalışmada markörlerdeki allel sayıları karşılaştırıldığında en düşük sayıda allelin TGLA126 marköründe (9 adet) ve en yüksek sayıda allelin ise TGLA122 marköründe (24 adet) gözlemlendiği belirlenmiştir. Yapılan bazı çalışmalarda da en düşük sayıda allel TGLA126 marköründe (Amigues ve ark. 2011, Silva ve ark. 2014, Gamarra ve ark. 2017, Radhika ve ark. 2018) belirlenirken en yüksek sayıda allel TGLA122 marköründe (Moioli ve ark. 2004, Egito ve ark. 2007, Dalvit ve ark. 2008, Amigues ve ark. 2011, Özşensoy 2011, Brasil ve ark. 2013, Keros ve ark. 2013, Cosenza ve ark. 2015, Ilie ve ark. 2015, Keros ve ark. 2015, Vargas ve ark. 2016, Radhika ve ark. 2018, Swathi ve ark. 2018) belirlenmiştir. Sunulan bu çalışmada elde edilen bulguların yukarıda bahsedilen çalışmalarla benzer olduğu saptanmıştır.

Özşensoy (2011) Türkiye yerli sığır ırkları (ZAV, DAK, YGS, YK, Boz ve GAK) ile yaptığı çalışmada 20 mikrosatellit markör kullanarak toplam 266 farklı allel tespit etmiştir. Kullanılan markörler bazında bakıldığında zaman; ZAV sığır ırkının ilk kez kullanıldığı çalışmada ZAV popülasyonunda en düşük 4 adet allel ve en yüksek 13 adet allel (ortalama 6,90 adet allel), DAK ırkında ise en düşük 5 adet allel ve en yüksek 13 adet allel (ortalama 8,45 adet allel) belirlenmiştir. Altınalan (2005) yaptığı çalışmada DAK ırkında en düşük 5 adet allel ve en yüksek 18 adet allel (ortalama 12,8 adet allel) ve HOLS ırkında en düşük 5 adet allel ve en yüksek 17 adet allel (ortalama 11 adet allel) belirlenmiştir. Özkan (2005) Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür ırkları ile yaptığı çalışmada DAK ırkında en düşük 4 adet allel ve en yüksek 16 adet allel (ortalama 10,14 adet allel), ESM ırkında en düşük 6 adet allel ve en yüksek 14 adet allel (ortalama 8,14 adet allel), HOLS ırkında en düşük 2 adet allel ve en yüksek 11 adet allel (ortalama 7,86 adet allel) tespit etmiştir. Bu çalışmada kullanılan 19 mikrosatellit markör için ZAV ırkında en düşük 3 adet allel ve en

yüksek 17 adet allel (ortalama 10,32 adet allel), DAK ırkında en düşük 6 adet allel ve en yüksek 20 adet allel (ortalama 11,16 adet allel), ESM ırkında en düşük 5 adet allel ve en yüksek 18 adet allel (ortalama 10,79 adet allel), HOLS ırkında en düşük 3 adet allel ve en yüksek 17 adet allel (ortalama 9,37 adet allel) belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar yukarıda belirtilen çalışmalara göre yüksek bulunmuştur.

Ukrayna Kırmızı step sığır ırkında 11 mikrosatellit markör ile 71 allel (Kramarenko ve ark. 2018), Brezilya Curraleiro Pé-Duro sığır ırkında 11 mikrosatellit markör ile 71 allel (Silva ve ark. 2014), Doğu Avrupa sığır popülasyonlarında 11 mikrosatellit markör ile 124 allel (Ilie ve ark. 2015), Amerikan ticari sığırlarında 11 mikrosatellit markör ile 144 allel (Brasil ve ark. 2013), Fransa Salers sığır ırklarında 12 mikrosatellit markör ile 81 allel (Gamarra ve ark. 2017), Tayvan'daki Sarı sığırlarda 12 mikrosatellit markör ile 122 allel (Tu ve ark. 2014), Senegal yerli sığır ırklarında 12 mikrosatellit markör ile 115 allel (Ndiaye ve ark. 2015), Hindistan'daki çeşitli sığırlarda 13 mikrosatellit markör ile 154 allel (Radhika ve ark. 2018), Hindistan Deoni sığırlarında 15 mikrosatellit markör ile 109 allel (Swathi ve ark. 2018), Zimbabe Sanga sığırlarında 16 mikrosatellit markör ile 119 allel (Gororo ve ark. 2018), Fransız sığır ırklarında 16 mikrosatellit markör ile 142 allel (Amigues ve ark. 2011), Hindistan'da Belahi sığırlarında 16 mikrosatellit markör ile 149 allel (Vohra ve ark. 2017), Latin Amerika Creole sığırlarında 19 mikrosatellit markör ile 259 allel (Delgado ve ark. 2012), Güney Afrika Nguni sığırları 22 mikrosatellit markör ile 199 allel (Sanarana ve ark. 2016) belirlenmiştir. Yukarıdaki çalışmalarda 11-22 mikrosatellit markör kullanılarak 71 ile 259 arasında değişen allel tespit edilmiştir. Bu çalışmada ise 19 mikrosatellit markör kullanılarak toplam 274 farklı allel tespit edilmiştir. Elde edilen allel sayısının yukarıdaki literatürlerde bahsedilen allel sayılarından yüksek olduğu görülmüştür. Bu farklılığın kullanılan hayvan sayısı, melezleme ve mikrosatellit markör sayısından kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Batı Sumatra'daki Simental melezi sığırlarda 12 mikrosatellit markör ile 317 allel (Agung ve ark 2016), Hindistan sığırlarında 21 mikrosatellit markör ile 359 allel (Sharma ve ark. 2015), Hint sığır ırkında 22 mikrosatellit ile 326 allel (Shah ve ark. 2013), Hint sığır ırkında 25 mikrosatellit markör ile 321 allel (Mukesh ve ark. 2004), Amazon Macabea sığırında 28 mikrosatellit markör ile 316 allel (Vargas ve ark. 2016) ve Etiyopya sığırında 30 mikrosatellit markör ile 292 allel (Dadi ve ark. 2008) belirlendiği bildirilmiştir. Yapılan bu çalışmada, yukarıdaki literatürlerde bahsedilen allel sayısından daha düşük sayıda allel (274) tespit edilmiştir. Çalışmalarda daha yüksek sayıda allel elde edilmesinde kullanılan hayvan sayısı, kullanılan ırk sayısı, melezleme bölgelerindeki çeşitlilik gibi etmenlerin etkili olduğu düşünülebilir.

Heterozigotluk, populasyon içi genetik çeşitliliğinin belirlenmesinde yardımcı bir ölçüttür. Bu çalışmada kullanılan markörler incelendiğinde ortalama He değeri 0,311 (BM2113) - 0,902 (TGLA53) arasında ve ortalama Ho değerinin ise 0,149 (BM2113) - 0,876 (TGLA227) arasında değiştiği görülmüştür. Radhika ve ark. (2018) yaptıkları çalışmada He değerini 0,69 (BM1824) - 0,921 (TGLA227) arasında, Ho değerini 0,649 (ILST006) - 0,957 (TGLA53) arasında belirlemişlerdir. Yine Vohra ve ark. (2017) He değerinin 0,323 (TGLA227) - 0,875 (TGLA122) arasında, Ho değerinin 0,313 (TGLA227) - 0,875 (TGLA122) arasında saptamışlardır. Amigues ve ark. (2011) ise He değerinin 0,14 (ETH10) - 0,86 (BM2113) arasında belirlerken Ho değerinin 0,40 (INRA177) - 1,00 (TGLA227) arasında kaydetmişlerdir. Elde edilen farklılıklara neden olan temel etmenlerin ırklar veya markörlerin farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Türkiye yerli sığır ırklarında yapılan bir çalışmada He değeri 0,740 – 0,804 arasında, Ho değeri ise 0,691 – 0,763 arasında belirlenmiştir. En düşük He değeri ZAV ırkında ve en yüksek He değeri YGS ırkında belirlenirken, en düşük Ho değeri Boz ırkta ve en yüksek Ho değeri YGS ırkında belirlenmiştir (Özşensoy 2011). Yine Türkiye yerli sığır ırklarında yapılan bir çalışmada ortalama He değeri 0,669 – 0,877 arasında, ortalama Ho değerinin ise 0,619 – 0,852 arasında olduğu bildirilmiştir (Özşensoy ve ark. 2014). Bu çalışmada ise He değeri 0,748 – 0,782 arasında, Ho değeri ise 0,556 – 0,638 arasında belirlenmiştir. Ayrıca ortalama He değeri 0,311 -

0,902 arasında ve ortalama H_o değeri 0,149-0,876 olarak saptanmıştır. En düşük H_e değeri SİM ırkında ve en yüksek H_e değeri ESM ırkında belirlenirken, en düşük H_o değeri ZAV ve en yüksek H_o değeri ESM ırkında belirlenmiştir. Elde edilen bulguların Özşensoy (2011), Özşensoy ve ark. (2014) ile farklı olmasına neden olan temel etmenlerin ırk çeşitliliğinden kaynaklanabileceğini düşündürmektedir. Özellikle bu çalışmada ZAV ırkından elde edilen H_o değerinin düşük olması, bu ırkın Kars ve çevre illerinde saf bir şekilde yetiştiriciliğinin yapıldığının bir göstergesi olabileceği kanısına varılmıştır.

4.2. F İstatistikleri

F istatistikleri, fikzasyon indeksler veya homozigotlaşma indeksleri olarak bilinen bu parametreler genotipler arası genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla kullanılan yöntemlerdendir (Wright 1965, Nei 1977, Li ve ark. 2002). F_{IT} değeri akrabalı yetiştirme katsayısı ve Hardy-Weinberg dengesinden sapmayı belirlemede kullanılır. F_{IS} değeri pozitif ise heterozigot azlığı, negatif ise heterozigot fazlalığını ifade eder. F_{IS} değerinin 1 olması saf yetiştirmeyi ifade ederken, 1'den 0'a yaklaşması ise saf yetiştirmeden uzaklaşıldığı hakkında bilgi verir. F_{ST} değerinin 1'e ne kadar yakınsa alt populasyonlar ortak atadan oldukça uzaktır. Bu değer küçük olduğunda ise karşılaştırılan iki populasyon genetik anlamda benzediği söylenir (Wright 1978, Weir ve Cockerham 1984, Heinrichs ve ark. 1985).

Bu çalışmada populasyonlar arası genel ortalama F_{IS} değerinin 0,210-0,301 değiştiği belirlenmiştir. Özellikle F_{IS} değerlerinin ZAV (0,292) ve DAK (0,301) populasyonlarında en yüksek düzeyde olduğu tespit edilmiştir. Bu değerler ZAV ve DAK populasyonlarının diğer ırklara göre homozigot fazlalığını ve saf yetiştirmeye yakın olduğunu göstermektedir.

Özşensoy (2011) yaptığı çalışmada F_{IS} değerinin ZAV populasyonunda 0,018 ve DAK populasyonunda ise 0,053 olarak belirlemiştir. Özkan (2005) DAK populasyonunda F_{IS} değerini 0,149 belirlerken, Altınalan (2005) DAK populasyonundan F_{IS} değerini 0,494 olarak belirlemiştir. Türkiye kültür ırklarında yapılan çalışmalarda HOLS populasyonunda F_{IS} değeri 0,482 (Altınalan 2005) ve

-0,014 (Özkan 2005) olarak belirlenmiştir. ESM populasyonunda ise F_{IS} değeri 0,010 olarak belirlenmiştir (Özkan 2005). Bu çalışmada F_{IS} değerlerinin ZAV populasyonunda 0,292, DAK populasyonundan 0,301, SİM populasyonunda 0,210, HOLS populasyonunda 0,267 ve ESM populasyonunda 0,226 olarak belirlenmiştir. ZAV populasyonunda elde edilen değer Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerden yüksek olduğu belirlenmiştir. DAK populasyonunda yapılan çalışmalarda ise F_{IS} değerinin 0,053-0,494 arasında değişim gösterdiği (Altınalan 2005, Özkan 2005, Özşensoy 2011) ve yapılan bu çalışmadaki DAK populasyonunda elde edilen F_{IS} değerinin bildirilen aralıkta olduğu görülmektedir. HOLS populasyonundan elde edilen F_{IS} değerinin negatif bir değer bulan Özkan (2005)'in aksine Altınalan (2005) ile benzer şekilde pozitif bir değer bulunmuştur. ESM populasyonundan elde edilen F_{IS} değerinin Özkan (2005) tarafından bildirilen değerden büyük olmasından dolayı daha yüksek saf yetiştirmeden söz edilebilir.

Çeşitli ırklarda yapılan bazı çalışmalarda -0,028 (Gororo ve ark. 2018), 0,005 (Gamarra ve ark. 2017), 0,010 (Silva ve ark. 2014), 0,015 (Vargas ve ark. 2016), 0,034 (Vohra ve ark. 2017), 0,049 (Sharma ve ark. 2015), 0,073 (Ndiaye ve ark. 2015), 0,123 (Azam ve ark. 2012), 0,179 (Kramarenko ve ark. 2018) ve 0,186 (Tu ve ark. 2014) gibi F_{IS} değerleri bulunmuştur. Bu çalışmada ise ortalama F_{IS} değerinin 0,248 olduğu bulunmuştur. Elde edilen F_{IS} değerinin yukarıda açıklanan literatürlerdeki değerlerden yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu yüksek değer çalışmada kullanılan populasyonların saf yetiştiriciliğe yakın olarak yetiştirildiğini göstermektedir.

Bu çalışmada F_{ST} değerinin 0,011 (HEL13) ile 0,468 (BM2113) arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Ortalama F_{ST} değerinin ise 0,048 olduğu hesaplanmıştır. Yine en yüksek F_{ST} değeri (0,072) ZAV-HOLS ($P<0,01$) ve en düşük F_{ST} değeri (0,009) ise DAK-SİM populasyonları arasında görülmüştür ($P<0,05$). İncelenen populasyonlarda F_{ST} değeri bakımından ZAV ve HOLS genetik olarak benzerliğinin az olduğu fakat DAK ve SİM populasyonun ise genetik olarak benzerliğinin yüksek olduğu belirlenmiştir. Populasyonlar arası ikili karşılaştırmada F_{ST} değerlerinin farklılaşma gösterdiği tespit edilmiştir ($P<0,05$). Küçük farklılaşma

derecesinin tespitinden dolayı özellikle yerel gen kaynaklarımızın koruma altına alınmasının gerekliliği varsayımı ortaya çıkmaktadır.

Yapılan bazı çalışmalarda F_{ST} değerlerinin 0,0008 (INRA023) ile 0,058 (TGLA227) arasında (Azam ve ark. 2012), 0,007 (RM067) ile 0,250 (CSSM66) arasında (Gororo ve ark. 2018), 0,014 (BM1824) ile 0,132 (INRA0064) arasında (Tu ve ark. 2014), 0,020 (SPS115) ile 0,163 (ETH125) arasında (Keros ve ark. 2013), 0,032 (TGLA122) ile 0,299 (TGLA227) arasında (Sharma ve ark. 2015), 0,049 (MM8) ile 0,506 (HEL1) arasında (Vohra ve ark. 2017), 0,08 (BM1824) ile 0,27 (ETH10) arasında (Brasil ve ark. 2013) değişiklik gösterebileceği belirlenmiştir. Ayrıca ortalama F_{ST} değerinin ise sığırlarda yapılan birçok çalışmada 0,0230 - 0,156 arasında olabileceği bildirilmiştir (Azam ve ark. 2012, Keros ve ark. 2013, Tu ve ark. 2014, Sharma ve ark. 2015, Vargas ve ark. 2016, Vohra ve ark. 2017, Gororo ve ark. 2018). Bu çalışmada elde edilen ortalama F_{ST} değerinin literatürlerde bildirilen ortalama F_{ST} değerleri arasında olduğu görülmüştür.

Sığırlarda yapılan bazı çalışmalarda ortalama F_{IT} değerinin 0,059 - 0,319 (Özşensoy 2011, Azam ve ark. 2012, Keros ve ark. 2013, Tu ve ark. 2014, Sharma ve ark. 2015, Vargas ve ark. 2016, Vohra ve ark. 2017, Gororo ve ark. 2018) arasında belirlendiği bildirilmiştir. Bu çalışma ise ortalama F_{IT} değeri 0,275 olarak bulunmuştur. Elde edilen F_{IT} değerinin yukarıdaki literatür veri aralığında olduğu tespit edilmiştir.

4.3. Filogenetik Analizler

Mikrosatellit markörler kullanılarak populasyonlar arası genetik uzaklıkları tespitinde en uygun yöntemin D_A genetik uzaklık metodu olduğu bilinmektedir (Nei 1972, Tateno ve ark. 1982, Nei ve ark. 1983, Takezaki ve Nei 1996). Çizilen ağaçlarda ırklar arası yaklaşık olarak %40'lık bir varyasyonun elde edilmesi, populasyonların tam olarak ayrılabilmesi için yeterli kuvvete sahip olduklarını ifade etmektedir (Liron ve ark. 2006).

Özkan (2005) yaptığı çalışmada, D_A genetik uzaklık metoduna göre inceledikleri populasyonlar içinde en yüksek genetik uzaklık değerinin Jersey ve HOLS arasında olduğunu (0,272) belirtmişlerdir. Populasyonlar arasında en düşük genetik uzaklığın coğrafi konum veya yetiştirildikleri bölge itibarıyla DAK ve GAK (0,077) arasında olduğu bildirilmiştir. Ayrıca DAK ve GAK değerinden sonra en küçük genetik uzaklık değerinin DAK ve YK ırkları (0,092) arasında olduğunu tespit etmiştir. Aynı çalışmada tekrar oranının %50'nin altında bulunmuştur. D_A genetik uzaklığına göre, ESM ve HOLS populasyonlarında %99 sıklıkta aynı grup dallanmanın meydana geldiği görülmüştür. Diğer dallanmalarda ise en yüksek dallanma sıklığı %61 ile Jersey ve ESM-HOLS populasyonları arasında şekillendiği belirlenmiştir. Boz ve YK populasyonları arasındaki dallanma sıklığının %44 olarak kaydedilmiştir. Kültür ırkları incelendiğinde ise Jersey populasyonunun diğer kültür ırklarından ayrıldığı, HOLS ile ESM ırkının birlikte gruplandırıldığı belirlenmiştir. Yine, yerli sığır ırkları incelendiğinde Boz, DAK ve YK sığır populasyonlarının GAK, Jersey, ESM, HOLS ırklarından ayrı bir öbek oluşturduğu ve bu oluşan öbekte birbirleri ile en yakın yerli ırklar Boz ve YK iken birbirine en uzak olan ırkların Boz ve DAK olarak belirlenmiştir.

Altınalan (2005) yaptığı çalışmada, Boz ile HOLS populasyonlarının birlikte gruplandırıldığını ve D_A genetik uzaklığı bakımından diğer yerli sığır populasyonlarına göre birbirlerine daha yakın olduklarını ifade etmiştir. Komşu birleştirme ağacının sonuçlarına göre, DAK, YK ve GAK populasyonlarının Boz ve HOLS ırkından ayrı gruplandırıldığı saptamıştır. Bununla birlikte YK ve GAK populasyonlarının birbirlerine yakın olduğu, DAK populasyonunda ise YK ve GAK ırklarından hafif bir farklılaşmanın söz konusu olduğunu bildirmiştir.

Türkiye yerli ırklarında yapılan bir çalışmada genetik uzaklık değerlerine göre en yüksek genetik uzaklık (0,203) Boz ile ZAV, en düşük genetik uzaklık (0,074) ise GAK ve YGS ırkları arasında bulunmuştur. Genetik kimliklendirme matrisine göre, en yakın genetik yapı (%92,8) GAK ile YGS populasyonları arasında belirlenmiştir. Boz ile ZAV ırkları arasında ise en uzak (%81,6) genetik yapı belirlenmiştir. Populasyonların kümelenmelerine göre DAK ırkının diğer tüm

ırklardan tamamen ayrı bir konumda olduğu, ZAV ile Boz ırkının, YGS ile GAK ırklarının birlikte öbeğlendiği, YK ırkının ise YGS ve GAK ırkları öbeğine yakın konumda olduğu belirlenmiştir. Komşu birleştirme metodu Radyal ağaç bulgularına göre, ZAV ve Boz ırklarının diğer ırklardan tamamen ayrılma gösterdiği ve genetik anlamda da uzak olduğu belirlenmiştir. DAK ve YK diğer ırklardan ayrı bir noktadan köken aldığı, YGS ve GAK ırklarının ise aynı noktadan köken almış olmasına rağmen yine de birbirlerinden genetik anlamda uzaklaştıkları da kaydedilmiştir. DAK ırkının ise diğer ırklardan genetik olarak tamamen farklı bir noktada olduğu bulunmuştur (Özşensoy 2011).

Bu çalışmada populasyonlar arası genetik kimliklendirme ve genetik uzaklık matrisleri hesaplanmıştır. En yakın genetik yapı (0,922) ve en düşük genetik uzaklık (0,081) DAK ile SİM populasyonları arasında belirlenirken, en uzak genetik yapı (0,699) ve en yüksek genetik uzaklık (0,358) ZAV ile HOLS populasyonları arasında gözlenmiştir. Populasyonların radyal ağacı değerlendirildiğinde, HOLS ve ESM populasyonlarının diğerlerinden tamamen ayrıldığı ve genetik olarak uzak olduğu ve birbirlerinden uzaklaştıkları gözlenirken, SİM populasyonunun tamamen farklı bir yerden kök aldığı, ZAV ve DAK populasyonlarının ise aynı noktadan kök aldıkları fakat birbirlerinden genetik olarak uzaklaştıkları belirlenmiştir. Populasyonların kümelenmeleri incelendiğinde; %94 sıklıkla ESM ve HOLS populasyonlarında aynı dallanmanın olduğu yani beraber kümelenedikleri, ZAV ve DAK populasyonlarında da %51 sıklıkla aynı dallanmanın yani beraber kümelenedikleri görülmektedir. SİM populasyonlarının ise diğer populasyonlardan tamamen ayrı bir konumda olduğu görülmüştür.

Bu çalışmada genetik uzaklık kullanılarak çizilen radyal ağaç bulgularına göre DAK populasyonunun HOLS ve ESM populasyonundan genetik olarak uzak bulunması Özkan (2005) yaptığı çalışmada elde ettiği bulguyla uyumluluk göstermektedir. Altınalan (2005) yaptığı çalışmada da bu çalışmayla benzer şekilde DAK populasyonunun HOLS populasyonundan genetik olarak uzak bulmuştur. Özşensoy (2011) yaptığı çalışmada populasyonların kümelenmelerine göre DAK ırkının ZAV ve diğer populasyonlara göre ayrı konumda olduğunu ifade

etmiştir. Bu çalışmada ise Özşensoy (2011)'den farklı bir şekilde ZAV ve DAK populasyonlarının diğer populasyonlara göre aynı konumdan köken aldığı fakat genetik olarak uzaklaştığı bulunmuştur. Elde edilen bu sonucun, özellikle son yıllarda DAK ve ZAV ırklarının benzer bölgelerde sınırlı sayıda yetiştiriciliğinin yapılıyor olmasından kaynaklanmış olabileceği düşünüldü.

Decker ve ark. (2014) toplam 134 dünya sığır ırklarıyla ilgili yaptıkları çalışmada ZAV ırkının HOLS ırkına benzer büyük bir ata yapısıyla farklı bir tarihe sahip olduğunu savunmuştur. DAK ırkının ise incelediği diğer ırklara göre ayrı bir konumda kümelendiğini bildirmişlerdir. Türkiye yerli ırklarının birbirine yakın olarak bulunduğu fakat ZAV ırkının köken aldığı DAK, SİM ve ESM gibi diğer ırklara çok uzak genetik yapıda olması ilgi çekicidir. Yapılan bu çalışmada ise ZAV ile HOLS ırklarının en uzak genetik yapı ve en yüksek genetik uzaklık bulunmuştur. Elde edilen bulgunun Decker ve ark. (2014) tarafından yapılan çalışma ile oldukça uyumsuz olduğu görülmektedir. İlgili literatürde ZAV ve DAK ırklarında örnekleme sayısının oldukça az (sırasıyla n=5 ve n=8) ve sınırlı sayıda yapıldığı görülmektedir. Bu sebepler böyle bir sonucun çıkmasına sebebiyet vermiş olabilir. Özellikle bu çalışmada ZAV ve HOLS populasyonlarının aynı bölgede yetiştiriciliği yapılan yerlerden örnekleme yapılmasına rağmen Decker ve ark. (2014)'in çalışmasından tamamen farklı olarak ZAV ile HOLS populasyonlarının farklı köklere ayrıldığı tespit edilmiştir.

4.4. Populasyonlara Atanma Testi

Farklı ırklardaki bireylerin mikrosatellit bölgelerine göre hangi populasyona dahil veya benzer olduğunu belirlemek için bireylerin populasyonlara atanma testi yapılmıştır. Yapılan bu çalışmada 209 bireyden 65 bireyin farklı populasyonlara atandığı tespit edilmiştir. Populasyonlardan ZAV ırkında toplam 49 birey olup 8 bireyi farklı populasyona, DAK ırkında toplam 40 birey olup 22 bireyi farklı populasyona, SİM ırkında toplam 40 birey olup 16 bireyi farklı populasyona, HOLS ırkında toplam 40 birey olup 6 bireyi farklı populasyona ve ESM ırkında toplam 40 birey olup 13 bireyi farklı populasyona atandığı gözlenmiştir. Elde edilen verilerin FCA verileri ile uyumlu olduğu görüldü.

Özkan (2005) yaptığı çalışmada DAK ırkıdan 35 bireyi incelendiğinde, 6 bireyin hiçbir popülasyona tayin edilemediği, 17 bireyin birden fazla popülasyona tayin edildiği, 5 bireyin DAK popülasyonuna tayin edildiği, 2 tane bireyin yalnızca GAK popülasyonuna tayin edildiği, 4 tanesinin ise yalnızca YK popülasyonuna ve 1 tanesinin ise yalnızca Boz ırk popülasyonuna tayin edildiği belirlenmiştir. Ayrıca kültür ırkları içerisinde HOLS ırkının diğer popülasyonlara göre daha özgün genotiplere sahip olduğu da bildirilmiştir. Bu çalışmada da en fazla başka popülasyona tayin edilen bireylerin, DAK popülasyonunda olduğu ve kültür ırkları içerisinde HOLS ırkının SİM ve ESM ırklarına göre daha özgün genotiplere sahip olduğu belirlenmiştir.

Özşensoy (2011) Türkiye yerli sığır ırklarında yaptığı çalışmada 245 bireyden 213 bireyin (%87) kendi popülasyonuna atandığını belirlerken 32 bireyin (%13) ise farklı popülasyonlara atandığını saptamıştır. Özellikle ZAV ırkında farklı bir popülasyona tayin edilme belirleyemezken DAK ırkında ise diğer ırklardan daha az oranda farklı bir popülasyona tayin edilme belirlemiştir. En fazla farklı popülasyona atanmanın YGS ırkında belirlediğini ifade etmiştir. Sunulan bu çalışmada ise ZAV ırkının farklı popülasyona atanma oranının düşük olduğu belirlenirken DAK ırkının en fazla farklı popülasyona atanmış ırk olduğu görülmüştür. Elde edilen veriler ışığında yerli ırklardan olan ZAV'ın diğer ırklara göre daha özgün genotipe sahip olduğu söylenebilir. DAK ırkıdan elde edilen sonuçların Özşensoy (2011) yaptığı çalışmadan uyumsuz olmasının temel nedeninin son yıllarda özellikle Doğu Anadolu'da yapılan kontrolsüz melezlemelerden ve örneklemelerin yapıldığı yerlerin farklılığından kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

4.5. Darboğaz (Bottleneck) Testi

Bu çalışmada kullanılan popülasyonların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğini belirlemek amacıyla Darboğaz testi yapılarak Wilcoxon testi TPM modeli ile önemlilik düzeyleri belirlenmiştir. Bu testin sonuçları incelendiğinde ZAV, DAK, SİM, HOLS ve ESM ($P < 0,05$) popülasyonlarının normal L dağılımı gösterdiğinden yok olma tehlikesi geçirmediği sonucuna varılmıştır.

Yerli sığır ırklarında Özşensoy (2011) tarafından yapılan bir çalışmada YK, Boz, GAK, YGS populasyonlarında $P>0,05$ ve normal L dağılımı gösterdiğinden, ZAV ve DAK populasyonlarının ise $P<0,05$ olmasına rağmen normal L dağılımı gösterdiğinden dolayı yok olma tehlikesi geçirmediikleri gözlenmiştir. $P<0,05$ bulunmasına çalışmada kullanılan hayvan sayısının azlığını sebep olarak göstermiştir. Bu çalışmada ise kullanılan ZAV ve DAK populasyonlarının örnek sayısı yukarıda belirtilen literatürdeki örnek sayısından fazla olduğu için $P>0,05$ bulunmuştur.

Özkan (2005) yerli sığır ırkları (Boz, DAK, YK, GAK) ve kültür sığır ırklarında (Jersey, ESM, HOLS) yaptığı çalışmada tüm ırkların darboğazdan geçme ihtimalini hesaplamış ve tüm olasılıkları 0,41'den büyük olarak saptamıştır. Dolayısıyla incelediği ırkların yok olma tehlikesi geçirmiş olma ihtimalinin olmadığını ifade etmiştir. Bu çalışmada da Özkan (2005) ile benzer ırklar (DAK, ESM, HOLS) kullanılmış ve sonuçların uyumlu olduğu görülmüştür.

Radhika ve ark. (2017) yaptıkları bir çalışmada Hindistan sığırlarının yok olma tehlikesi geçirip geçirmediği Wilcoxon testi ve TPM modeli ile incelenmiştir. Elde edilen sonuçlarda $P>0,05$ düzeyinde tespit edilmiş, ayrıca allel dağılım frekans grafiğinin normal L dağılımı gösterdiği belirlenmiş ve populasyonların darboğaz etkisinde kalmadıkları saptanmıştır. Fransız yerli sığırlarında yapılan bir çalışmada darboğaz testi sonuçları değerlendirildiğinde Wilcoxon P değeri 0,517 olarak belirlenerek, bu değer $P>0,05$ olduğundan populasyonların yok olması riski olmadığını bildirilmiştir (Gamarra ve ark. 2017). Yine Krameranko ve ark. (2017) tarafından yapılan bir çalışmada darboğaz testi sonuçlarına bakıldığında P değeri 0,551 olarak tespit edilmiş ve populasyonların yok olma tehlikesi geçirmediikleri gözlemlenmiştir. Yukarıdaki literatürde elde edilen sonuçların bu çalışmayla benzerlik gösterdiği görülmüştür.

4.6. Faktöriyel Benzerlik Analizi

Üç boyutlu düzlemde populasyonlara ait bireyler arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek veya populasyon düzeyindeki akrabalıkları incelemek amacıyla yapılan bir analizdir (Lebart ve ark. 1984, Lebart ve Mirkin 1993).

Bu çalışmada filogenetik ilişki grafiği ve çizilen radyal ağaç bulgularına benzer şekilde FCA bulgularında da benzer sonuçlara rastlanmıştır. ZAV, DAK ve SİM populasyonlarının kendi kümelerine ayrıldıkları, DAK populasyonunun bazı bireylerinin ZAV ve ESM populasyonuna yakın olduğu ve DAK populasyonunun birkaç bireyinin de diğer tüm bireylerden uzak olup kendi populasyonunu temsil ettiği, HOLS ve ESM populasyonlarının ise yakın konumda kümelendikleri ve bazı bireylerinin karışım gösterdiği saptanmıştır.

Türkiye yerli sığır ırklarının incelendiği bir çalışmada FCA grafiğinde Boz ırkının diğer tüm ırklardan (DAK, YGS, YK, ZAV, GAK) tamamen ayrıldığı iki farklı grubun şekillendiği belirlenmiştir. GAK ve YGS ırklarının birbirlerine karıştıkları, YK ırkının GAK ve YGS ırklarına çok yakın konumda oldukları bildirilmiştir. ZAV ile DAK ırklarının ise diğer ırklardan ve birbirlerinden ayrıldıkları, ayrı bir konumda kümelendikleri görülmüştür (Özşensoy 2011). Yapılan bu çalışmada ZAV ve DAK ırklarının genel olarak ayrı öbeklendiği fakat bazı bireylerin ırk bazında tam olarak ayrılmadığı Özşensoy (2011)'in bildirdiğinden farklı olarak bulunmuştur. Elde edilen bu sonuca son yıllarda ZAV ve DAK ırkının yakın coğrafi konumda bulunmaları nedeniyle melezlemelerin olmasından ve aynı bölgeden örnekleme yapılmasından kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Özkan (2005) yaptığı çalışmada incelediği yerli ırkların birlikte analiz sonucunda YK, Boz ve GAK ırklarının birbirlerinden ayrı ayrı olarak öbeklendiğini, DAK ırkının ise diğer yerli ırklardan tam anlamıyla ayrılmadığını ifade etmiştir. Bu çalışmada da yerli ırklardan olan ZAV ve DAK ırklarının farklı öbeklenmiş olsa bile bir karışımı olduğu görülmektedir. Bu sonuçlarda DAK ırkının yerli ırklarla karışım halinde olduğunun bir göstergesidir. Aynı çalışmada (Özkan 2005) kültür ırkları ayrı değerlendirildiğinde incelenen ırkların ayrı öbeklendiği fakat HOLS ve ESM

populasyonlarında az da olsa karışımın olduğu görülmektedir. Bu çalışmada da kültür ırkları incelendiğinde SİM ırkının HOLS ve ESM ırklarından ayrıldığı HOLS ile ESM ırklarının karışım halinde olduğu görülmüştür.

Altınalan (2005) tarafından yapılan bir çalışmada YK ile GAK populasyonlarının birlikte kümelendiği, DAK ile Boz populasyonlarının da birlikte bir küme oluşturduğunu bildirilmiştir. İncelediği yerli ırkların HOLS populasyonu ile uzak konumda kümelendiğini belirtmiştir. Bu çalışmada da benzer şekilde HOLS populasyonunun yerli ırklardan (ZAV-DAK) ayrı kümelendiği belirlenmiştir.

4.7. Moleküler Varyans Analizi

Bu çalışmada genetik çeşitliliğin ırklar arası ve ırklar içindeki dağılımını hesaplamak için iki farklı şekilde grup oluşturuldu ve AMOVA analizi yapıldı. İlk olarak tüm ırklar bir grup olarak düşünülerek analize tabii tutulmuştur. Analiz sonucunda populasyonlar arası %3,55 ve populasyonlar içi %96,45 genetik varyasyon belirlenmiştir. Ayrıca elde edilen bu değerlerin istatistiksel olarak önemli olduğu saptanmıştır ($P < 0,001$). İkinci kez yapılan AMOVA testinde ise ZAV-DAK bir grup, ESM-HOLS bir grup, SİM bir grup olacak şekilde gruplama yapılmış ve analize tabii tutulmuştur. Analiz sonucunda gruplar arası %0,16; gruplardaki populasyonlar arası %3,42 ve populasyonlar içi %96,42 oranında genetik varyasyon belirlenmiştir. Elde edilen bulguların populasyonlar içi ve gruplardaki populasyonlar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli ($P < 0,001$), gruplar arası farklılıkların ise önemsiz olduğu bulunmuştur.

Özkan (2005) yaptığı çalışmada moleküler varyans analizinde; yerli sığır ırkları (Boz, DAK, YK, GAK) ve kültür sığır ırklarından (Jersey, ESM, HOLS) iki grup oluşturmuş ve toplam genetik varyasyonun %93,74'ü populasyonlar içinde, %4,43'sinin grup içi populasyonlar arasında, %1,79'unun ise gruplar arası olduğunu ifade etmiştir. Yine populasyonlar ve gruplar arası istatistiksel farklılıkların önemli olduğunu saptamıştır ($P < 0,001$). Elde ettiği bulgular ışığında en az bir populasyonun diğerlerinden farklı olduğunu belirtmiştir. Tüm populasyonları tek grup olarak incelediğinde ise populasyonlar içinde %97,75 ve populasyonlar arasında %2,25

genetik varyasyon oranlarını bildirmiştir. Ayrıca populasyonlar arası istatistiksel farklılığı $P < 0,001$ düzeyinde bulmuştur. Bu çalışmada elde edilen oranların yukarıdaki literatür bilgisiyle uyumlu olduğu görülmüştür.

Türkiye yerli sığır ırklarında (ZAV, DAK, Boz, YK, GAK, YGS) 20 mikrosatellit markör kullanılarak yapılan bir çalışmada AMOVA analiz sonuçlarına göre, populasyonda toplamda %98,04'lük bir genetik varyasyon bulunurken, populasyonlar arasında %1,96 varyasyon kaydedilmiştir. Bununla birlikte populasyonlardaki toplam genetik varyasyon istatistiksel olarak anlamlı ($P < 0,001$) bulunmuştur (Özşensoy ve Kurar 2014).

Sanarana ve ark. (2016) Güney Afrika Nguni sığır ekotiplerinin genetik çeşitliliğini ve populasyon yapısını belirlemek amacıyla 22 mikrosatellit markör kullanarak yaptıkları çalışmada AMOVA analizine göre, genetik varyasyonun %4,8'inin populasyonlar arasındaki farklılıklardan kaynaklandığını ve %95,2'sinin populasyonlar içindeki bireyler arasındaki farktan kaynaklandığını göstermişlerdir.

Brasil ve ark. (2013) tarafından yapılan bir çalışmada Brazilya'da yetiştiriciliği yapılan 9 farklı sığır ırkında (Brahman, Gyr, Girolando, Guzerad, Holştayn, Jersey, Nelore, Senapol, Tabapua) 11 mikrosatellit markör kullanılarak genetik varyasyonlar belirlenmeye çalışılmıştır. AMOVA testi sonuçlarına göre populasyonlar içi %85,28 ve populasyonlar arası %14,72 oranında genetik varyasyon olduğu belirlenmiştir.

Bu çalışmada elde edilen AMOVA testi sonuçlarına göre populasyonlar içi ve populasyonlar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli olduğu ve bildirilen literatürlerle (Özkan 2005, Brasil ve ark. 2013, Özşensoy ve Kurar 2014, Sanarana ve ark. 2016) benzerlik gösterdiği belirlenmiştir.

4.8. Mantel Testi

Bu test, F_{ST} değeri ile coğrafi uzaklık arasında önemli bir ilişki olup olmadığını (Smouse ve ark. 1986) belirlemek amacıyla yapılmıştır. Bu çalışmada populasyonların F_{ST} değerleri kullanılarak yapılan Mantel analizi sonucunda F_{ST} değeri ile coğrafi uzaklık arasında korelasyonun pozitif, kuvvetli (0,999909) ve bu ilişkinin istatistiksel olarak önemli ($P<0,01$) olduğu belirlenmiştir.

Maudet ve ark. (2002) tarafından yapılan bir çalışmada altı yerli Fransız sığır ırkı (Abondance, Tarentaise, Villard de Lans, Montbe'liarde, Limuzin ve Charolais) ve HOLS arasındaki genetik değişkenlik ve ilişkiler 23 mikrosatellit markör kullanılarak araştırılmıştır. Çalışmada kullanılan her bir ırkın coğrafi merkezini coğrafi lokalizasyon olarak kullanıldığında Fransız ırklarında genetik ve coğrafi uzaklık arasında anlamlı bir ilişki bulunmuştur ($r=0,70$, $P=0,012$). Bununla birlikte, HOLS ırkının genetik ve coğrafi olarak en uzak ırk olduğunu ve korelasyonun ana kaynağını oluşturduğu ifade edilmiştir. Bu bulguyu destekler nitelikte HOLS ırkı çıkarıldığında korelasyonun anlamlı olmadığı bulunmuştur ($r=0,47$, $P=0,067$). Bununla birlikte, İsviçre sığırları dahil olmak üzere, genetik ve coğrafi uzaklık arasında pozitif bir korelasyon bulunurken ($r=0,62$, $P=0,04$), HOLS ırkı çıkarıldığında hiçbir korelasyon bulunmadığı belirtilmiştir.

Chikhi ve ark. (2004) Jersey adası ırkının genetik çeşitliliğini ve yapısını inceledikleri çalışmada akrabalık ilişkilerini ve coğrafi farklılaşma ile bölgeler arasındaki coğrafi ayrılık arasındaki ilişkiyi değerlendirmişlerdir. Çalışmada 12 mikrosatellit markör kullanmışlardır. Mantel testinin sonucuna göre coğrafi ve genetik mesafeler arasında anlamlı bir korelasyonun olmadığını belirlenmiştir ($r=0,036$, $P>0,05$).

Özşensoy ve Kurar (2014) tarafından yapılan bir çalışmada yerli sığır populasyonları değerlendirildiğinde genetik mesafe ve coğrafi uzaklık arasındaki korelasyonu pozitif, zayıf (0,715911) ve istatistiksel olarak anlamlı ($P<0,01$), F_{ST} ile coğrafi mesafe arasındaki korelasyon değerini (0,990176), pozitif ve istatistiksel olarak anlamlı ($P<0,01$) belirlemiştir. Bildirilen çalışmadaki F_{ST} ile coğrafi

uzaklık arasında belirlenen korelasyon değeri ile yapılan bu çalışmada elde edilen korelasyon değerinin uyumlu olduğu görülmüştür.

4.9. Polimorfizm Bilgi İçeriği

Polimorfizm bilgi içeriği popülasyonlarda polimorfizm hakkında bilgi veren bir ölçüttür. Yapılan çalışmalarda PIC değerinin 0,5'ten büyük olduğunda yüksek düzeyde bilgi verici olduğu, 0,25-0,5 arasında olması ise iyi düzeyde bilgi verici olduğu ifade edilmiştir (Botstein ve ark. 1980, Özşensoy 2011). ZAV, DAK, GAK, YK, Boz ve YGS ırklarının kullanıldığı bir çalışmada ortalama PIC değerlerinin 0,60 (INRA023) ve 0,87 (TGLA53) arasında değişim gösterdiği saptanmıştır. ZAV ırkında PIC değerlerinin 0,19 (ETH10) ve 0,88 (TGLA53), DAK ırkında ise PIC değerleri 0,62 (INRA005) ve 0,86 (TGLA227) arasında olduğu belirlenmiştir (Özşensoy 2011). Bu çalışmada ise PIC değerleri ZAV ırkında 0,23 (ETH10) ve 0,88 (TGLA53, TGLA122), DAK ırkında ise 0,23 (BM2113) ve 0,93 (TGLA53) arasında olduğu saptanmıştır. Çalışmadaki ZAV ırkı ile ilgili elde edilen verilerin Özşensoy (2011) ile uyumlu olduğu fakat DAK ırkı en düşük PIC değeri bakımından farklı olduğu görülse de DAK ırkının PIC değeri genel ortalaması ilgili çalışmada 0,75 bulunmuştur. Bu değer sunulan bu çalışmada DAK için belirlenen 0,76 PIC değeri ile uyumluluk göstermektedir.

İtalya'nın değişik bölgelerinde belirlenen 13 farklı ırk ile 30 mikrosatellit kullanılarak yapılan bir çalışmada popülasyonlardaki polimorfizmin ölçülmesi için kullanılan PIC değeri en yüksek Podolya popülasyonunda belirlenmiştir. Podolya ırkında elde edilen PIC değerini ise sırasıyla ESM, HOLS ve SİM popülasyonları takip etmiştir (D'Andrea ve ark. 2011). Bu çalışmada ise Doğu Anadolu Bölgesinde yetiştiriciliği yapılan DAK ve ESM sığır ırklarında PIC değerleri (0,76) en yüksek bulunmuştur. Bu ırkların PIC değerlerini sırasıyla ZAV (0,75), HOLS (0,73) ve SİM (0,72) popülasyonları izlemiştir. Literatüre benzer şekilde (D'Andrea ve ark. 2011) kullanılan mikrosatellit markörler ile yapılan bu çalışmada da en düşük PIC değeri SİM popülasyonunda belirlenmiştir.

Bu çalışmadaki PIC değerleri ortalama 0,44 (BM2113) ve 0,92 (TGLA53) arasında değiştiği görülmektedir. Yapılan bazı çalışmalarda ise PIC değerleri ortalama 0,642 (BM1824) ve 0,911 (TGLA227) (Radhika ve ark. 2018), 0,654 (TGLA126) ve 0,877 (TGLA53) (Cosenza ve ark. 2015), 0,523 (SPS115) ve 0,863 (TGLA122) (Ilie ve ark. 2015), 0,410 (ETH185) ve 0,866 (CSSM66) (Vargas ve ark. 2016) arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Literatürde ifade edilen verilerin bu çalışmada elde edilen PIC değerleri arasında olduğu ve benzerlik gösterdiği görülmüştür.

4.10. Genetik Yapı Testi

Bayes'in kümeleme yöntemleri, bireylerin genetik benzerliklerine dayanarak gruplara atanmasını sağlar ve gözlemlenen genetik çeşitliliğin altında yatan atalara ait nüfusların sayısı hakkında bilgi sağlar (Delgado ve ark. 2012). Genetik yapı testi, MCMC yöntemini kullanır ve veri kümesinde önceden tanımlanmış sayıda küme (K değeri) göz önüne alındığında gözlemlenen genotipik dizinin olasılığının doğal logaritmasını tahmin eder (Pritchard ve ark. 2000). Evanno ve ark. (2005)'nin yöntemine göre yapılan bu çalışmada, MCMC sayısı ve periyot uzunluk değeri 100000 olarak alınmış, 1 ile 7 arasında farklı K değerlerinde (20 tekrarlı) yapılan denemeler sonucunda popülasyonları en iyi ayıran K değerinin 3 olduğu tespit edilmiştir.

Özkan (2005) çalışmasında Türkiye'deki bazı yerli sığır ırkları (Boz, DAK, YK, GAK) ve kültür sığır ırklarının (Jersey, ESM, HOLS) en iyi şekilde ayıran K değerinin 7 olduğu saptamıştır. Yine Türkiye'deki kültür sığır ırklarına ait bireyler genellikle ayrı popülasyonlar olarak daha net bir şekilde ayrıldığını, yerli sığır ırklarının ise kültür ırklarına göre daha az bir netlikte ayırım yapıldığını bildirmiştir. Yerli sığır ırklarında (YK, Boz, GAK, YGS, ZAV ve DAK) yapılan başka bir çalışmada ise (Özşensoy 2011) popülasyonlardaki bireyleri ve popülasyonları en iyi ayıran K değeri 7 olarak tespit edilmiştir.

Afrikaner sığırlarının genetik çeşitliliğini, Güney Afrika ve Namibya'nın farklı coğrafi bölgelerindeki 27 sürüden 11 mikrosatellit markör kullanarak 1257 hayvanı genotipleyerek incelendiği bir çalışmada, Bayes'in kümeleme algoritması kullanılarak gerçekleştirilen çoklu lokus atamaya, üç temel genotipik grupları belirlemiştir ve bu grupları temsil etme olasılığının en yüksek olduğu K değeri 3 olarak gösterilmiştir (Pienaar ve ark. 2018).

İyi bilinen bir Fransız etçi sığırı olan Blonde d'Aquitaine'in genetik çeşitliliğini değerlendirmek ve Blonde d'Aquitaine, Limousin ve Salers arasındaki ilişkileri anlamak için yapılan bir çalışmada STRUCTURE programını kullanarak bireyler, ırklara bakılmaksızın genetik kümelere ayrılmış ve populasyonlardaki bireyleri ve populasyonları en iyi ayıran K değeri 4 olarak bulunmuştur (Amigues ve ark. 2011). Wiener ve ark. (2004) yaptıkları çalışmada 30 mikrosatellit markör kullanarak 8 farklı sığır ırkında genetik yapının ve ırklara ait bireylerin tayin edilme düzeylerini incelenmiştir. Çalışma sonucunda en iyi gruplamayı veren K değerinin 8 olduğu ve %90'dan fazla bireyin bir ırka tayin edildiği de bildirilmiştir.

Simčić ve ark. (2013) yaptıkları çalışmada 16 Orta Avrupa sığır ırkından elde edilen verilerle, 150 Cika sığırın 14 mikrosatellit markör için genotipleri karşılaştırmışlardır. Çalışmada populasyonlardaki bireyleri ve populasyonları en iyi ayıran K değerinin 7 olduğu belirlenmiştir. Podolya sığırının da içinde bulunduğu 13 farklı İtalyan ve Avrupa sığırından yapılan bir çalışmada populasyonlardaki bireyleri ve populasyonları en iyi ayıran K değerinin 9 olduğu bildirilmiştir (D'Andrea ve ark. 2011). Latin Amerika'da bulunan 26 ırk kullanılarak yapılan bir çalışmada populasyonlardaki bireyleri ve populasyonları en iyi ayıran K değeri 21 olduğu ifade edilmiştir (Delgado ve ark. 2012).

Yukarıda belirtilen literatürlerde (Wiener ve ark. 2004, Özkan 2005, Amigues ve ark. 2011, Özşensoy 2011, Delgado ve ark. 2012, Simčić ve ark. 2013, Pienaar ve ark. 2018) populasyonları ayıran en iyi K değerlerinin 3-21 arasında değiştiği ifade edilmiştir. Bu çalışmada ise populasyonları ayıran en iyi K değeri 3 olarak bulunmuştur.

5. SONUÇ

Bu çalışmada Türkiye’de lokal olarak Kars ve Ardahan illerinde yetiştiriciliği yapılan ve bölgeye adapte olmuş fakat saf olarak yetiştiriciliğinin yapılmamasından dolayı gündün güne sayısının ciddi bir şekilde azalma gösterdiği ZAV ve DAK sığır ırklarının halen bölgede yetiştirilen ve geçmişte de ZAV ırkının oluşumuna DAK ile birlikte katkı sağladığı bildirilen kültür ırklarından olan SİM ve ESM sığırları ile mikrosatellit markörler kullanılarak genetik karakterizasyon çalışması ilk kez yapılmıştır. Ayrıca ZAV ırkının HOLS ırkı ile genetik olarak ilişkili olduğu yönündeki bilgilerde Türkiye’de ilk kez araştırılmıştır.

Çalışmada populasyonlar arası genetik çeşitliliğin belirlenmesi için 19 mikrosatellit markör kullanılmıştır. Genel olarak toplam 274 farklı allel belirlenirken, ortalama allel sayısı 10,29 olarak tespit edilmiştir. İncelenen populasyonlar içinde en fazla allel ve özgün allel sayısının DAK, en düşük allel ve özgün allel sayısının ise HOLS populasyonunda olduğu belirlenmiştir.

İncelenen populasyonlar içerisinde H_o değeri en düşük ZAV populasyonunda, en yüksek ise ESM populasyonunda belirlenmiştir. H_e değeri en düşük SİM populasyonunda en yüksek ise ESM populasyonunda saptanmıştır.

İncelenen populasyonlar arasında en uzak genetik yapı (0,699) ve en yüksek genetik uzaklık (0,358) ZAV ile HOLS arasında gözlenmiştir. ZAV ırkı ile HOLS ırkı arasında belirlenen genetik yakınlık düzeyinin, ZAV ırkının oluşumunda genetik kaynaklık teşkil eden DAK, ESM ve SİM ırkları arasında belirlenenden çok daha az bir genetik yakınlık olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca en yakın genetik yapı ve en düşük genetik uzaklık DAK ve SİM populasyonları arasında saptanmıştır.

Populasyonların FCA grafikleri incelendiğinde ZAV, DAK ve SİM populasyonlarının HOLS populasyonundan ayrı kümелendiği görülmüştür. HOLS ve ESM populasyonlarının ise yakın konumda kümелendikleri ve bazı bireylerinin karışım gösterdiği saptanmıştır. Populasyon için çizilen radyal ağaçlar incelendiğinde

ise ZAV ve DAK populasyonlarının aynı noktadan köken aldıkları fakat zamanla ayrıldıkları belirlenmiştir. Kars ve yöresinde yetiştiriciliği yapılan ZAV sığır ırkının oluşumunda katkı sağlayan ESM ve SİM ırklarından tamamen ayrıldığı belirlenmiştir.

İncelenen yerli ırklardan ZAV ile kültür ırklarından HOLS populasyonlarında en düşük oranda farklı populasyonlara atanma gözlenirken, DAK populasyonunda ise en yüksek oranda diğer populasyonlara atanma gözlenmiştir. Elde edilen bu sonuçlara göre ZAV populasyonunun DAK populasyonuna göre daha özgün genotipe sahip olduğu düşünülmektedir. DAK populasyonlarının en yüksek oranda diğer populasyonlara atanmasının, düşük verim özelliklerine sahip olmasından dolayı yetiştiriciler tarafından verim arttırmak amacıyla kültür ırklarıyla kontrolsüz bir şekilde melezlenmelerinden kaynaklanabileceği düşünülmektedir.

Bu çalışmada F_{IS} değeri ZAV ve DAK populasyonlarında en yüksek düzeyde tespit edilirken, populasyonlara göre F_{IS} değerleri ortalamalarının 0,210-0,301 arasında değiştiği belirlenmiştir. Ayrıca F_{ST} değeri bakımından ZAV ve HOLS populasyonlarında genetik olarak benzerliğin daha az, DAK ve SİM populasyonlarında ise genetik benzerliğin daha yüksek düzeyde olduğu belirlenmiştir.

Populasyonların yok olma tehlikesi bakımından yapılan darboğaz testi sonucuna göre incelenen tüm populasyonlar için $P > 0,05$ olduğundan ve populasyonların normal L dağılımı göstermesinden dolayı yakın geçmişte yok olma tehlikesi geçirmediği sonucuna varılmıştır. Oysaki Türkiye yerli sığır ırklarından olan ZAV ve DAK populasyonlarının sayısı gün geçtikçe önemli düzeyde azalmıştır. Bölgeye özgü olan bu yerli ırkların yerini kültür ırkları veya kontrolsüz bir şekilde yapılan melezlemelerle oluşturulmuş melezleri almaktadır. Bu nedenle ZAV ve DAK ırklarının bölgedeki varlıklarının koruma altına alınması ve saf sürülerin oluşturulmasına ihtiyaç olduğu düşünülmektedir.

Sonuç olarak; Türkiye’de kuzeydoğu Anadolu bölgesinde lokal olarak yetiştiriciliği yapılan yerli ırklardan ZAV ve DAK ırklarının, özellikle de bölge yetiştiricileri için süt ürünleri üretiminde ayrı bir öneme sahip olan ZAV ırkının gerek bu çalışmada bir arada ele alınan kültür ırklarına ve gerekse de diğer kültür ırklarına olan olası kimi genetik üstünlüklerinin korunması amacıyla bölgede kayıtlı saf yetiştiriciliğinin desteklenmesi yönünde önlemler alınmalıdır. Aksi halde bu çalışmayla kültür ırklarına göre yerli ırklarda daha yüksek düzeyde belirlenen genetik çeşitliliğin zamanla kaybolması kaçınılmaz olacaktır.



6. KAYNAKLAR

Abdullah MA, Martojo H, Noor RR, Solihin DD: Genetic characterization of the Aceh cattle using phenotypic, mitochondrial DNA of D-loop region and microsatellite DNA analyses. *Reprod Domest Anim*, 47(Suppl 1): 15-17, 2012.

Agung PP, Saputra F, Septian WA, Lusiana, Zein MS, Sulandari S, Anwar S, Wulandari AS, Said S, Tappa B: Study of genetic diversity among Simmental cross cattle in West Sumatra based on microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci*, 29(2): 176-183, 2016.

Akbulut Ö, Ulutaş Z: Doğu Anadolu Kırmızısı sığırlarında büyüme ve gelişme özellikleri. *Hayvancılık Araştırma Derg*, 4(2): 107-109, 1994.

Akbulut Ö: Simental sığırların Türkiye'de verim performansı üzerine bir değerlendirme. *Atatürk Üniv Ziraat Fak Derg*, 29(1): 43-49, 1998.

Akçapınar H, Özbeyaz C: *Hayvan Yetiştiriciliği Temel Bilgileri*. Kariyer Matbaacılık, Ankara, 1999.

Akıncı İA, Batu S: *Sığır Yetiştirme Bilgisi*. Orhan Alkaya Matbaası, İstanbul, 1942.

Akkaş Ö, Şahin EH: Holştayn ırkı sığırlarda bazı verim özellikleri. *Kocatepe Veteriner Dergisi*, 1(1): 25-32, 2014.

Akman N: *Pratik Sığır Yetiştiriciliği*. Türk Ziraat Yüksek Mühendisleri Birliği Vakfı Yayını, Ankara, 1998.

Aksoy AR, Kırmızıbayrak T, Saatci M: The effect of age on slaughter and carcass characteristics in male Zavot cattle. *Turk J Vet Anim Sci*, 30(6): 527-532, 2006.

Alaçam E: *Evcil Hayvanlarda Doğum ve İnfertilite*. Medisan Yayınevi, Ankara, 2015.

Alpan O, Aksoy A: *Sığır Yetiştiriciliği ve Besiciliği*. VII. baskı, Favori Basım Yayın ve Reklamcılık, İstanbul, 2015.

Altınalan A: Türkiye'deki yerli sığır ırklarının mikrosatellit DNA markırlarla genetik karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Adana, 2005.

Amigues Y, Boitard S, Bertrand C, Sancristobal M, Rocha D: Genetic characterization of the Blonde d'Aquitaine cattle breed using microsatellite markers and relationship with three other French cattle populations. *J Anim Breed Genet*, 128(3): 201-208, 2011.

Anonim: <http://www.fao.org/home/en/>. Erişim: 26.02.2018a.

Anonim: Bos taurus. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?lvl=0&id=9913>. Erişim: 26.06.2018b.

Aral NM: *Türkiye'de Yetiştirilen Hayvan Türleri Yetiştiricilik Tarihi ve Teknolojisi (1923-1931)*. Türkiye Jokey Kulübü Yayınları, Ankara, 1976.

Arpacık R: *Entansif Sığır Besiciliği*, Şahin Matbaası, Ankara, 1995.

Azam A, Babar ME, Firyal S, Anjum AA, Akhtar N, Asif M, Hussain T: DNA typing of Pakistani cattle breeds Tharparkar and Red Sindhi by microsatellite markers. *Mol Biol Rep*, 39(2): 845-849, 2012.

Bakir G, Kaygisiz A: Milk yield characteristics of Holstein cows and the effect of calving month on milk yield. *KSÜ Doğa Bil Derg*, 16(1): 1-7, 2013.

Batu S: Türkiye Sığır Irkları ve Sığır Yetiştirme Bilgisi. III. baskı, Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Yayınları, Ankara Üniversitesi Basımevi, Ankara, 1962.

Baumung R, Simianer H, Hoffmann I: Genetic diversity studies in farm animals – a survey. *J Anım Breed Genet*, 121(6): 361-373, 2004.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F: GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France, 1996-2004. <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm>.

Bender A: Meat and meat products in human nutrition in developing countries. Food and Nutrition Paper 53, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Roma, 1998. <http://www.fao.org/docrep/T0562E/T0562E00.HTM>. Erişim: 10.02.2018.

Bolacali M, Öztürk Y: Effect of non-genetic factors on milk yields traits in Simmental cows raised subtropical climate condition. *Arq Bras Med Vet Zootec*, 70(1): 297-305, 2018.

Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW: Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet*, 32(3): 314-331, 1980.

Brasil BS, Coelho EG, Drummond MG, Oliveira DA: Genetic diversity and differentiation of exotic and American commercial cattle breeds raised in Brazil. *Genet Mol Res*, 12(4): 5516-5526, 2013.

Bruford MW, Bradley DG, Luikart G: DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nat Rev Genet*, 4(11): 900-910, 2003.

Cankurt M, Bülent M, Ahmet Ş: Sığır eti tercihlerini etkileyen faktörlerin belirlenmesi üzerine bir araştırma: İzmir ili örneği. *Hayvansal Üretim*, 51(2): 16-22, 2010.

Canon J, Checa ML, Carleos C, Vega-Pla JL, Vallejo M, Dunner S: The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data. *Anim Genet*, 31(1): 39-48, 2000.

Chikhi L, Goossens B, Treanor A, Bruford MW: Population genetic structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the Jersey, and its implications for genetic resource management. *Heredity (Edinb)*, 92(5): 396-401, 2004.

Cosenza M, Reale S, Lupo T, Vitale F, Caracappa S: Allele frequencies of microsatellite loci for genetic characterization of a Sicilian bovine population. *Genet Mol Res*, 14(1): 691-699, 2015.

Cziszter LT, Gavojdian D, Neamt R, Neciu F, Kusza S, Ilie DE: Effects of temperament on production and reproductive performances in Simmental dual-purpose cows. *J Vet Behav*, 15: 50-55, 2016.

Çanta F, Oğuz İ: Çiftlik hayvanı genetik kaynaklarının korunması ve kullanımı için yapılan küresel çabalar. *Hayvansal Üretim*, 45(1): 1-6, 2004.

Çilek S, Tekin ME: Environmental factors affecting milk yield and fertility traits of Simmental cows raised at the Kazova State Farm and phenotypic correlations between these traits. *Turk J Vet Anim Sci*, 29(4): 987-993, 2005.

D'Andrea M, Pariset L, Matassino D, Valentini A, Lenstra JA, Maiorano G, Pilla F: Genetic characterization and structure of the Italian Podolian cattle breed and its relationship with some major European breeds. *Ital J Anim Sci*, 10(4): 237-243, 2011.

Dadi H, Tibbo M, Takahashi Y, Namura K, Hanada H, Amano T: Microsatellite analysis reveals high genetic diversity but low genetic structure in Ethiopian indigenous cattle populations. *Anim Genet*, 39(4): 425-431, 2008.

Dağdelen A: Kalıtsal kavramlar. <http://www.biyolojihocasi.com/genetik-kavramlar-kalitima-giris/>. Erişim: 24.11.2014.

Dalvit C, De Marchi M, Dal Zotto R, Zanetti E, Meuwissen T, Cassandro M: Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellites markers. *J Anim Breed Genet*, 125(2): 137-144, 2008.

Decker JE, McKay SD, Rolf MM, Kim J, Molina Alcalá A, Sonstegard TS, Hanotte O, Götherström A, Seabury CM, Praharani L, Babar ME, Correia de Almeida Regitano L, Yildiz MA, Heaton MP, Liu WS, Lei CZ, Reecy JM, Saif-Ur-Rehman M, Schnabel RD, Taylor JF: Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle. *PLoS Genet*, 10(3): e1004254, 2014.

Delgado JV, Martínez AM, Acosta A, Alvarez LA, Armstrong E, Camacho E, CañónJ, Cortés O, Dunner S, Landi V, Marques JR, Martín-Burriel I, Martínez OR, Martínez RD, Melucci L, Muñoz JE, Penedo MC, Postiglioni A, Quiróz J, Rodellar C, Sponenberg P, Uffo O, Ulloa-Arvizu R, Vega-Pla JL, Villalobos A, Zambrano D, Zaragoza P, Gama LT, Ginja C. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Anim Genet*, 43(1): 2-10, 2012.

Deliömeroğlu Y: İthal Simental sığırların Kazova Tarım İşletmesi şartlarında adaptasyon ve verim performansı. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara, 1993.

Dogru U: β -Lactoglobulin genetic variants in Brown Swiss dairy cattle and their association with milk yield and quality traits. *J Anim Plant Sci*, 25(2), 595-598, 2015.

Don RH, Cox PT, Wainwright BJ, Baker K, Mattick JS: 'Touchdown' PCR to circumvent spurious priming during gene amplification. *Nucleic Acids Res*, 19(14): 4008, 1991.

Egito AA, Paiva SR, Albuquerque Mdo SM, Mariante AS, Almeida LD, Castro SR, Grattapaglia D: Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics*, 8: 83, 2007.

El-Tarabany MS, Nasr MA: Reproductive performance of Brown Swiss, Holstein and their crosses under subtropical environmental conditions. *Theriogenology*, 84(4): 559-565, 2015.

Ertuğrul M, Akman N, Dellal G, Goncagül T: Hayvan gen kaynaklarının korunması ve Türkiye hayvan gen kaynakları. Türkiye Ziraat Mühendisliği V. Teknik Kongresi, Ankara, 285-300, 17-21 Ocak, 2000.

Ertuğrul M, Dellal G, Elmacı C, Akın O, Karaca O, Altın T, Cemal İ: Hayvansal gen kaynaklarının koruma ve kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisliği VI. Teknik Kongresi, 275-290, 3-7 Ocak, 2005.

Ertuğrul M, Dellal G, Elmacı C, Akın AO, Pehlivan E, Soysal Mİ, Arat S: Çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası VII. Teknik Kongresi, 179-198, 11-15 Ocak, 2010.

Ertuğrul M, Akın O, Yıldırım M, Dellal G, Togan İ, Pabuccuoğlu S, Koyuncu M, Öner Y, Yılmaz O, Koncagül S, Pehlivan E, Kiraz S, Elmacı C, Dağ B, Özder M: Türkiye çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisleri Odası VIII. Teknik Kongresi, 212-236, 12-16 Ocak, 2015.

Estrada-Leon RJ, Magana JG, Segura-Correa JC: Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the tropics of Mexico. *J Anim Vet Adv*, 7(2): 124-129, 2008.

Eusebi PG, Cortes O, Dunner S, Canon J: Genetic diversity of the Mexican Lidia bovine breed and its divergence from the Spanish population. *J Anim Breed Genet*, 134: 332-339, 2017.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J: Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Mol Ecol*, 14(8): 2611-2620, 2005.

Evrin M, Güneş H: Sığır Yetiştiriciliği (Özel Zootečni) Ders Notları. İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Yayını, Ders Notu No: 69, İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Masaüstü Yayıncılık Ünitesi, İstanbul, 1997.

Excoffier L, Lischer HEL: Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*, 10: 564-567, 2010.

Fatima S: Study of genetic variability among Gohilwadi, Surti and Zalawadi goats using microsatellite analysis. Anand Agricultural University, Master of Veterinary Science in Animal Genetics and Breeding, Anand, 2004.

Food and Agriculture Organization (FAO 2016): Production quantity. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QL>. Erişim: 13.06.2018.

Gamarra D, Lopez-Oceja A, de Pancorbo MM: Genetic characterization and founder effect analysis of recently introduced Salers cattle breed population. *Animal*, 11(1): 24-32, 2017.

Gonzaga I: Alela. 2010. <https://biologigonz.blogspot.com/2010/09/alela.html>. Erişim: 06.12.2014.

Gororo E, Makuza SM, Chatiza FP, Chidzondo F, Sanyika TW: Genetic diversity in Zimbabwean Sanga cattle breeds using microsatellite markers. *S Afr J Anim Sci*, 48(1): 128-141, 2018.

Goudet J: FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-Statistics. *J Hered*, 86(6): 485-486, 1995.

Gürses M, Bayraktar M: Türkiye’de farklı bölgelerde yetiştirilen Holştayn sığırlarda bazı süt ve döl verimi özellikleri. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 18(2): 273-280, 2012.

Haile-Mariam M, Bowman PJ, Goddard ME: Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livest Prod Sci*, 80(3): 189-200, 2003.

Hare E, Norman HD, Wright JR: Trends in calving ages and calving intervals for dairy cattle breeds in the United States. *J Dairy Sci*, 89(1): 365-370, 2006.

Heinrichs EA, Medrano FG, Rapusas HR: Genetic evaluation for insect resistance in rice. International Rice Research Institute, Manila, Philippines, 1985.

Hoffmann I, Marsan PA, Barker JSF, Cothran EG, Hanotte O, Lenstra JA, Milan D, Weigend S, Simianer H: New MoDAD marker sets to be used in diversity studies for the major farm animal species: Recommendations of a joint ISAG/FAO working group. 29th ISAG (International Society of Animal Genetics) Congress, Tokyo, 11–16 September, 2004.

Ilie DE, Cean A, Cziszter LT, Gavojdian D, Ivan A, Kusza S: Microsatellite and mitochondrial DNA study of native Eastern European cattle populations: The case of the Romanian grey. PLoS One, 10(9): e0138736, 2015.

İlgü E, Güneş H: Siyah-alaca ırkından erkek sığırların özel işletme koşullarındaki besi performansları üzerinde arařtırmalar. İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 28(2): 313-335, 2002.

İnal Ş, Akmaz A, Garip M: Zootekni I. Atlas Akademi, Konya, 2016.

İnci S, Kaygısız A, Efe E, Baş S: Altınova Tarım İşletmesinde yetiştirilen Esmer sığırların süt ve döl verim özellikleri. Ankara Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 13(3): 203-212, 2007.

Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC: Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. Mol Ecol, 16(5): 1099-1106, 2007.

Kan A, Direk M: Course of red meat prices in the Konya province. Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 18(34): 35-40, 2004.

Kaya E, Akbulut Ö: Erzurum şartlarında yetiştirilen Esmer, Siyah Alaca ve Doğu Anadolu Kırmızısı ineklerin buzağılama oranı ve ömür uzunluğu üzerine bir arařtırma. Atatürk Üniv Ziraat Fak Derg, 45(1): 9-14, 2014.

Keros T, Jemersic L, Prpic J, Benic M, Roic B, Brnic D: Genetic variability of microsatellites in autochthonous Podolian cattle breeds in Croatia. Acta Vet Brno, 82: 135-140, 2013.

Keros T, Jemersic L, Prpic J, Brnic D: Molecular characterization of autochthonous Slavonian Strymian Podolian cattle. Acta Vet Beograd, 65: 89-98, 2015.

Knips V: Developing Countries and The Global Dairy Sector: Part I Global View, PPLPI Working Paper No:30, Pro-poor Livestock Policy Initiative, FAO, Rome, Italy, 2005.

Koban E, Aksu S, Denizci M: Populasyon genomü: Temel kavramlar, veri bankaları ve istatistiksel analizler uygulamalı eğitimi. TÜBİTAK Gebze Yerleşkesi Gen Mühendisliği ve Biyoteknoloji Enstitüsü, Gebze-Kocaeli, 2013.

Kopuzlu S, Emsen H, Özlütürk A, Küçüközdemir A: Esmer ve siyah alaca ırkı sığırların Doğu Anadolu Tarımsal Arařtırma Enstitüsü şartlarında döl verim özellikleri. Lalahan Hay Arast Enst Derg, 48(1): 13-24, 2008.

Korkmaz Ağaođlu Ö, Ertuđrul O: Mikrosatellitlerin önemi ve kullanım alanları. Vet Hekim Der Derg, 81(1): 39-43, 2010.

Kramarenko AS, Gladyr EA, Kramarenko SS, Pidpala TV, Strikha LA, Zinovieva NA: Genetic diversity and bottleneck analysis of the Red Steppe cattle based on microsatellite markers. *Ukr J Ecol*, 8(2): 12-17, 2018.

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

Langella O: Populations 1.2.32 A population genetic software. CNRS UPR9034, 2011. http://www.bioinformatics.org/project/?group_id=84. Erişim tarihi: 10.04.2017.

Lebart L, Morineau A, Warwick K: Multivariate Descriptive Statistical Analysis. Wiley, Wiley, Chichester, New York, 1984.

Lebart L, Mirkin BG: Correspondence analysis and classification. Eds: Cuadras CM, Rao CR, In: *Multivariate Analysis: Future Directions 2*. p. 341-357, Elsevier Science Publishers, Amsterdam, The Netherlands, 1993.

Li MH, Zhao SH, Bian C, Wang HS, Wei H, Liu B, Yu M, Fan B, Chen SL, Zhu MJ, Li SJ, Xiong TA, Li K: Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet Sel Evol*, 34: 729-744, 2002.

Lirón JP, Peral-Garcia P, Giovambattista G. Genetic characterization of Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites. *J Hered*, 97(4): 331-339, 2006.

Logar B, Malovrh S, Kovač M: Multiple trait analysis of genotype by environment interaction for milk yield traits in Slovenian cattle. *Agriculture*, 13: 83-88, 2007.

Macneil MD, Alexander LJ, Kantanen J, Ammosov IA, Ivanova ZI, Popov RG, Ozerov M, Millbrooke A, Cronin MA: Potential emigration of Siberian cattle germplasm on Chirikof Island, Alaska. *J Genet*, 96(1): 47-51, 2017.

Maijala K: 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. 191-197, 1987.

Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM: Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol Ecol*, 7(5): 639-655, 1998.

Martin-Burriel I, Rodellar C, Lenstra JA, Sanz A, Cons C, Osta R, Reta M, De Argüello S, Sanz A, Zaragoza P: Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J Hered*, 98(7): 687-691, 2007.

Martin-Burriel I, Rodellar C, Cañón J, Cortés O, Dunner S, Landi V, Martínez-Martínez A, Gama LT, Ginja C, Penedo MC, Sanz A, Zaragoza P, Delgado JV: Genetic diversity, structure, and breed relationships in Iberian cattle. *J Anim Sci*, 89(4): 893-906, 2011.

Mason IL: A world dictionary of livestock breeds, types and varieties, 4th edition, CAB International, Wallingford, UK, 1996.

Maudet C, Luikart G, Taberlet P: Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J Anim Sci*, 80(4): 942-950, 2002.

Metta M, Kanginakudru S, Gudiseva N, Nagaraju J: Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite markers – a preliminary study. BMC Genet, 5: 16, 2004.

Moioli B, Napolitano F, Catillo G: Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica cattle breeds. J Hered, 95: 250-256, 2004.

Mukesh M, Sodhi M, Bhatia S, Mishra BP: Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analyzed with 20 microsatellite loci. J Anim Breed Genet, 121: 416-424, 2004.

Naqvi AV: Application of molecular genetic technologies in livestock production: potentials for developing countries. Advan Biol Res, 1(3-4): 72-84, 2007.

Ndiaye NP, Sow A, Dayo GK, Ndiaye S, Sawadogo GJ, Sembène M: Genetic diversity and phylogenetic relationships in local cattle breeds of Senegal based on autosomal microsatellite markers. Vet World, 8(8): 994-1005, 2015.

Nei M: Genetic distance between populations. The American Naturalist, 106(949): 283-292, 1972.

Nei M: F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. Ann Hum Genet, 41: 225-233, 1977.

Nei M, Tajima F, Tateno Y: Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. J Mol Evol, 19(2): 153-170, 1983.

Ngono-Ema P, Manjeli Y, Meutchieyié F, Keambou C, Wanjala B, Desta A, Ommeh S, Skilton R, Djikeng A: Genetic diversity of four Cameroonian indigenous cattle breeds using microsatellite markers. J Livest Sci, 5: 9-17, 2014.

Nistor E, Bampidis VA, Pentea M: Production traits of Romanian Simmental cows at first lactation. Slovak J Anim Sci, 47(3), 132-141, 2014.

Oldenbroek JK: Introduction. Genebanks and the Conservation of FarmAnimal Genetic Resources. DLO Institute for Animal Science andHealth, The Netherlands, 1-9, 1999.

Özçakır A, Bakır G: Tahirova Tarım İşletmesinde yetiştirilen Siyah Alaca sığırların döl ve süt verim özellikleri. 1. Süt verim özellikleri. Atatürk Üniv Ziraat Fak Derg, 34(2): 145-149, 2003.

Özdemir M, Doğru Ü: Genetik karakterizasyonda mitokondriyal DNA kullanımı. Atatürk Üniv Ziraat Fak Derg, 38(1): 105-111, 2007.

Özkan E: Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının mikrosatelitler ile incelenmesi. Trakya Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Tekirdağ, 2005.

Özkan M, Güneş H: Kayseri’deki özel işletmelerde yetiştirilen Simmental sığırların döl verimi özellikleri üzerinde bazı faktörlerin etkileri. İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 37(1): 35-42, 2011.

Özlütürk A, Güler O, Yanar M, Akbulut Ö, Tüzemen N, Kopuzlu S, Küçüközdemir A, Yüksel S: Doğu Anadolu Kırmızısı sığırlarında büyüme ve gelişme özellikleri üzerine etkili bazı çevre faktörleri. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 4(1): 17-26, 2007.

Özlütürk A, Esenbuğa N, Yanar M, Ünlü N, Macit M, Kopuzlu S: The effect of duration of finishing period on the performance, slaughter, carcass, and beef quality characteristics of Eastern Anatolian Red bulls. *Turk J Vet Anim Sci*, 32(6): 441-448, 2008.

Özşensoy Y, Kurar E, Doğan M, Bulut Z, Altunok V, Işık A, Çamlıdağ A, Nizamlıoğlu M: Türkiye’de bulunan bazı yerli sığır ırklarının STR markörler ile genetik karakterizasyonu. *BİBAD*, 3(1): 163-171, 2010.

Özşensoy Y: Türkiye’de bulunan bazı yerli sığır ırklarının genetik yapılarının karakterizasyonu. Selçuk Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Konya, 2011.

Özşensoy Y, Kurar E: Markör sistemleri ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanımları. *J Cell Mol Biol*, 10(2): 11-19, 2012.

Özşensoy Y, Kurar E, Doğan M, Bulut Z, Nizamlıoğlu M, Işık A, Çamlıdağ A, Altunok V: Genetic characterization of Turkish cattle breeds by microsatellite markers: Usefulness for parentage testing. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 20(4): 521-526, 2014.

Özşensoy Y, Kurar E: Genetic diversity of native Turkish cattle breeds: Mantel, AMOVA and bottleneck analysis. *J Adv Vet Anim Res*, 1(3): 86-93, 2014.

Page RDM: TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Comput Appl Biosci*, 12(4): 357-358, 1996.

Peakall R, Smouse PE: GENALEX 6: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Molecular Ecology Notes*, 6: 288-295, 2006.

Perišić P, Skalicki Z, Petrović MM, Bogdanović V, Ružić-Muslić D: Simmental cattle breed in different production systems. *Biotechnol Anim Husband*, 25(5-6): 315-326, 2009.

Perkins D Jr: Fauna of Catal Hüyük: Evidence for early cattle domestication in Anatolia. *Science*, 164(3876): 177-179, 1969.

Pienaar L, Grobler JP, Scholtz MM, Swart H, Ehlers K, Marx M, MacNeil MD, Naser FWC: Genetic diversity of Afrikaner cattle in southern Africa. *Trop Anim Health Prod*, 50(2): 399-404, 2018.

Piry S, Luikart G, Cornuet JM. BOTTLENECK: A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *J Hered*, 90(4): 502-503, 1999.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P: Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2): 945-959, 2000.

Pritchard JK, Wen X, Falush D: Documentation for structure software: Version 2.3, 2010. http://burfordreiskind.com/wp-content/uploads/Structure_Manual_doc.pdf. Erişim: 07.06.2018.

Radhika G, Aravindakshan TV, Jinty S, Ramya K: Evaluation of genetic diversity, population structure, and relationship between legendary Vechur cattle and crossbred cattle of Kerala State, India. *Anim Biotechnol*, 29(1): 50-58, 2018.

Resmi Gazete: Tarım ve Köyişleri Bakanlığından: 12.12.2004 tarih ve 25668 sayılı “Yerli Hayvan İrk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliği (Tebliğ No: 2004/39)”. <http://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2004/12/20041212.htm#4>, Erişim: 06.01.2018.

Resmi Gazete: Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığında: 29173 sayılı, 12.11.2014 tarihli “Yerli Hayvan Irk ve Hatlarının Tescili Hakkında Tebliğ (Tebliğ No: 2004/39)’de Değişiklik Yapılmasına Dair Tebliğ (Tebliğ No: 2014/50)”, <http://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2014/11/20141112-6.htm>, Erişim: 11.05.2016.

Resmi Gazete: Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığında: 26.08.2017 tarih ve 30166 sayılı “Hayvancılık Desteklemeleri Hakkında Uygulama Esasları Tebliği (Tebliğ No: 2017/32)”. <http://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2017/08/20170826-3.htm>, Erişim: 06.01.2018.

Rinehart TA: AFLP analysis using GeneMapper software and an Excel macro that aligns and converts output to binary. *Biotechniques*, 37(2): 186-188, 2004.

Sakarya E, Aydın E: Dünya sığır eti üretim, tüketim ve ticareti ile Türkiye’nin canlı hayvan ve sığır eti ithalatı. Ankara Ticaret Borsası, Ankara, 2011. https://www.ankaratb.org.tr/lib_upload/97_Canl%C4%B1%20Hayvan%20ve%20Et%20%C4%B0thalat%C4%B1%2017_02_2011.pdf. Erişim: 08.05.2017.

Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T: *Molecular cloning: A laboratory manual*, 2nd edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1989.

Sanarana Y, Visser C, Bosman L, Nephawe K, Maiwashe A, van Marle-Köster E: Genetic diversity in South African Nguni cattle ecotypes based on microsatellite markers. *Trop Anim Health Prod*, 48(2): 379-385, 2016.

Schmid A: Dünya sığır ırkları. Çeviren: Batu S. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Yayınları: 78, Yeni Desen Matbaası, Ankara, 1956.

Schnabel RD, Sonstegard TS, Taylor JF, Ashwell MS: Wholegenome scan to detect QTL for milk production, conformation, fertility and functional traits in two US Holstein families. *Anim Genet*, 36(5): 408-416, 2005.

Shah TM, Patel JS, Bhong CD, Doiphode A, Umrikar UD, Parmar SS, Rank DN, Solanki JV, Joshi CG: Evaluation of genetic diversity and population structure of West-Central Indian cattle breeds. *Anim Genet*, 44(4): 442-445, 2013.

Sharma R, Kishore A, Mukesh M, Ahlawat S, Maitra A, Pandey AK, Tantia MS: Genetic diversity and relationship of Indian cattle inferred from microsatellite and mitochondrial DNA markers. *BMC Genet*, 16: 73, 2015.

Silva EF, Silva MH, Campelo JE, Derosia MR, Pinheiro LM, Almeida MJ: Genetic characterization of Curraleiro Pé-Duro bovine breed from a conservation herd of Brazilian semiarid. *Genet Mol Res*, 13(1): 2149-2154, 2014.

Simčič M, Lenstra JA, Baumung R, Dovč P, Čepon M, Kompan D: On the origin of the Slovenian Cika cattle. *J Anim Breed Genet*, 130: 487-495, 2013.

Smouse P, Long L, Sokal R: Multiple regression and correlation extensions of the Mantel test of matrix correspondence. *Systematic Zoology*, 35(4): 627-632, 1986.

Sun W, Chen H, Lei C, Lei X, Zhang Y: Genetic variation in eight Chinese cattle breeds based on the analysis of microsatellite markers. *Genetics Selection Evolution*, 40: 681-692, 2008.

Swathi K, Reddy SS, Gupta BR: Genetic diversity analysis of Deoni cattle using microsatellite markers. *J Pharmacogn Phytochem*, 7(2): 1940-1942, 2018.

Şahin A, Ulutaş Z: Polatlı Tarım İşletmesinde yetiştirilen siyah alaca ineklerde süt ve döl verim özellikleri. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 25(3): 202-212, 2012.

TAGEM: Türkiye Evcil Hayvan Genetik Kaynakları. Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü, Ankara, 2009. <https://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/Katalog%20T%C3%BCrk%C3%A7e.pdf>. Erişim: 01.03.2017.

Takezaki N, Nei M: Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144(1): 389-399, 1996.

Tateno Y, Nei M, Tajima F: Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. I. Distantly related species. *J Mol Evol*, 18(6): 387-404, 1982.

Tiezzi F, Maltecca C, Penasa M, Cecchinato A, Chang YM, Bittante G: Genetic analysis of fertility in the Italian Brown Swiss population using different models and trait definitions. *J Dairy Sci*, 94(12): 6162-6172, 2011.

Tu PA, Lin DY, Li GF, Huang JC, Wang DC, Wang PH: Characterization of the genetic diversity and population structure for the yellow cattle in Taiwan based on microsatellite markers. *Anim Biotechnol*, 25(4): 234-249, 2014.

Turan Z, Şanver D, Öztürk K: Türkiye’de hayvancılık sektöründen süt inekçiliğinin önemi ve yurt içi hasılaya katkısı ve de dış ülkelerle karşılaştırılması. *Ömer Halisdemir Üniversitesi İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi Dergisi*, 10(3): 60-74, 2017.

Turner HN: Principles for Preservation of Endangered Species and Breed in the Tropics. (Animal Genetic Resource, Strategies for Improved Use and Conservation). FAO Animal Production and Health Paper 66. 165-173, 1987.

Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK 2017): 2017 yılı hayvancılık ve kırmızı et üretim istatistikleri. http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1002. Erişim: 10.06.2018.

Ulutaş Z, Akbulut Ö, Tüzemen N, Özlütürk A, Yalçın C: Saf ve melez Doğu Anadolu kırmızısı erkek tosunlarının besi performansını üzerine bir araştırma. *Lalahan Hay Arast Enst Derg*, 34(1-2): 90-102, 1994.

Ulutaş Z, Sezer M: Genetic study of milk production and reproduction traits of local born Simmental cattle in Turkey. *GOÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 26(1): 53-59, 2009.

Vaiman D, Schibler L, Bourgeois F, Oustry F, Amigues Y, Crihiu EP: A genetic linkage map of the male goat genome. *Genetics*, 144(1): 279-305, 1996.

Van Eetvelde M, Kamal MM, Vandaele L, Opsomer G: Season of birth is associated with first-lactation milk yield in Holstein Friesian cattle. *Animal*, 11(12): 2252-2259, 2017.

Vargas J, Landi V, Martínez A, Gómez M, Camacho ME, Álvarez LÁ, Aguirre L, Delgado JV: Molecular study of the Amazonian Macabea Cattle history. *PLoS One*, 11(10): e0165398, 2016.

Vohra V, Sodhi M, Niranjan SK, Mishra AK, Chopra A, Kumar M, Joshi BK: Characterization of rare migratory cattle and evaluation of its phylogeny using short tandem-repeat-based markers. *J Appl Anim Res*, 45(1): 355-363, 2017.

Weir BS, Cockerham CC: Estimating f-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38(6): 1358-1370, 1984.

Wiener P, Burton D, Williams JL: Breed relationships and definition in British cattle: A genetic analysis. *Heredity* (Edinb), 93(6): 597-602, 2004.

Wright S: The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19(3): 395-420, 1965.

Wright S: The Theory of Gene Frequencies. *Evolution and the Genetics of Populations*. University of Chicago Press, Vol. 4, USA, 1978.

Yamazaki T, Hagiya K, Takeda H, Osawa T, Yamaguchi S, Nagamine Y: Effects of stage of pregnancy on variance components, daily milk yields and 305-day milk yield in Holstein cows, as estimated by using a test-day model. *Animal*, 10(8): 1263-1270, 2016.

Yanar M, Tüzemen N, Akbulut Ö, Aydın R, Uğur F: The reproductive performance of brown swiss cattle raised in The Eastern Turkey. *Indian J Dairy Science*, 50(4): 307-313, 1997.

Yanar M, Aydın R: The Effects of weaning age on the growth, milk and milk fat characteristics of Brown Swiss cattle. *Turk J Vet Anim Sci*, 24(1): 443-446, 2000.

Yıldız N, Aygen S, Özçelik M: Elazığ koşullarında yetiştirilen Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) ineklerde süt, döl verimi ve beden ölçüleri. I. Döl verim özellikleri (buzağılama aralığı, servis periyodu, gebelik oranı, gebelik süresi, buzağılama oranı, bir gebelik için tohumlama sayısı, kızgınlık (östrus) süresi, kısırılık oranı ve yavru atma oranı). *FÜ Sağ Bil Derg*, 22(3): 169-174, 2008a.

Yıldız N, Aygen S, Özçelik M: Elazığ koşullarında yetiştirilen Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) ineklerde süt, döl verimi ve beden ölçüleri II. Süt verim özellikleri, beden ölçüleri, beden ağırlığı, buzağı doğum ağırlığı ve yaşama gücü. *FÜ Sağ Bil Derg*, 22(5): 261-266, 2008b.

Yılmaz O, Akin O, Yener S, Ertugrul M, Wilson R: The domestic livestock resources of Turkey: Cattle local breeds and types and their conservation status. *Anim Genet Resour*, 50: 65-73, 2012.

Yüksel S: Evcil Hayvan Genetik Kaynaklarını Yerinde Korunma Projesi: Zavot Sığırı. Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü. Proje No: TAGEM/HAYSÜD/2005/8503 Sayılı Bakanlar Kurulu Kararı, Tebliğ No: 2005/13, Resmi Gazete: 29.06.2005 Tarih, 25860 Sayı, Erzurum, 2011.

Zhou GL, Jin HG, Zhu Q, Guo SL, Wu YH: Genetic diversity analysis of five cattle breeds native to China using microsatellites. *J Genet*, 84(1): 77-80, 2005.

Zink V, Lassen J, Štípková M: Genetic parameters for female fertility and milk production traits in first-parity Czech Holstein cows. *Czech J Anim Sci*, 57(3): 108-114, 2012.

Zsolnai A, Kovacs A, Anton I, Ratky J, Brussow KP, Jozsa C, Ban B, Gyurman A: Comparison of different Hungarian Greyherds as based on microsatellite analysis. *Anim Sci Pap Rep*, 32(2): 121-130, 2014.

ÖZGEÇMİŞ**Bireysel Bilgiler**

Adı : Buket

Soyadı : BOĞA KURU

Uyruk : TC

Doğum Tarihi : 24/06/1985

Doğum Yeri : Balıkesir

E-Posta : buketboga@gmail.comAdres : Kafkas Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootečni Anabilim Dalı

Eğitim

2012-	Doktora	Kafkas Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootečni Anabilim Dalı, Merkez/KARS
2009-2012	Y. Lisans	Adnan Menderes Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Parazitoloji Anabilim Dalı, Merkez/AYDIN
2004-2009	Lisans	Adnan Menderes Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Merkez/AYDIN
2002-2003	Lise	Siirt Lisesi (YDA), Merkez/SİİRT
1999-2002	Lise	Keşan Yusuf Çapraz Lisesi (YDA), Keşan/EDİRNE
