

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN BAZI SIĞIR IRKLARINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT MARKER YÖNTEMİYLE
BELİRLENMESİ**

Eymen DEMİR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2018

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN BAZI SIĞIR IRKLARINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT MARKER YÖNTEMİYLE
BELİRLENMESİ**

Eymen DEMİR

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ZOOTEKNİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2018

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN BAZI SIĞIR IRKLARINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT MARKER YÖNTEMİYLE
BELİRLENMESİ**

**Eymen DEMİR
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FYL-2018-3163 nolu proje ile desteklenmiştir.**

TEMMUZ 2018

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN BAZI SIĞIR IRKLARINDA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT MARKER YÖNTEMİYLE
BELİRLENMESİ**

Eymen DEMİR
ZOOTEKNİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

Bu tez 03/07/2018 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU (Danışman)
Doç. Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU
Dr.Öğr. Ü. Taki KARSLI



ÖZET

TÜRKİYE’DE YETİŞTİRİLEN BAZI SIĞIR IRKLARINDA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN MİKROSATELLİT MARKER YÖNTEMİYLE BELİRLENMESİ

Eymen DEMİR

Yüksek Lisans, Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

Temmuz 2018, 79 sayfa

Bu çalışmada FAO tarafından tavsiye edilen 20 farklı mikrosatellit marker kullanılarak Türkiye yerli sığır ırklarından Boz Irk (BI), Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), Yerli Kara (YK) ve kültür ırkı olarak Siyah Alaca (SA) da genetik çeşitlilik incelenmiştir. Her ırktan 30 bireyin incelendiği çalışmada toplam 204 allel tespit edilmiştir. Locus başına ortalama allel sayısı 7.100 (SA) ile 8.500 (YK) aralığında değişmiştir. En fazla allel sayısı ETH185 (17) lokusunda, en az allel sayısı ise TGLA227 (5) lokusunda tespit edilmiştir. Locus başına düşen ortalama allel sayısı 10.2, ortalama etkili allel sayısı 5.163 olarak gözlemlenmiştir. Araştırmada belirlenen özgün allel sayısının (31) frekansları düşük olduğu ve ırk ayırt etmede kullanılamayacağı tespit edilmiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri tüm populasyonlar seviyesinde 0.628 ve 0.773 olarak hesaplanmıştır. Marker seviyesinde gözlenen heterozigotluk değeri 0.303 (DRBP1) ile 0.983 (ILSTS011) aralığında değişirken beklenen heterozigotluk değeri ise 0.564 (INRABERN172) ile 0.912 (SPS113) arasında değişmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA populasyonları için sırasıyla 0.216, 0.202, 0.128 ve 0.069 olarak bulunmuştur. Dört sığır ırkında ortalama F_{IT} ve F_{ST} değerinin sırasıyla 0.185 ve 0.055 olduğu tespit edilmiştir. En düşük F_{ST} değeri (0.030) BI ve YK populasyonu arasında, en yüksek F_{ST} değeri ise (0.070) ise BI ve SA populasyonu arasında belirlenmiştir. Araştırmada elde edilen tüm ikişerli F_{ST} değerlerinin istatistiki açıdan önemli ($P<0.05$) olduğu belirlenmiştir. Yapılan structure analizine göre çalışılan bütün populasyonların birbirinden ayrı kümeler oluşturduğu ancak DAK, YK ve SA populasyonlarında genetik bir karışımın olduğu belirlenmiştir. AMOVA analizi sonuçlarına göre toplam genetik varyasyonun büyük bir kısmının bireyler arasındaki farktan (%94.814), % 5.186’sının ise populasyonlar arasındaki farktan kaynaklandığı tespit edilmiştir.

Yerli sığır ırklarında görülen sayısal azalma genetik çeşitliliği olumsuz etkilediği gibi akrabalığın artmasına da neden olmuştur. Akrabalı yetiştirme katsayıları ve bottleneck test sonuçları göz önüne alındığında Türkiye yerli sığır ırklarında koruma

programlarının genişletilmesi ve özellikle sayısal varlığı en az olan BI üzerine daha fazla yoğunlaşılması gerektiği önerilmektedir.

ANAHTAR KELİMELER: Boz ırk, Doğu anadolu kırmızısı, Genetik çeşitlilik, Mikrosatellit, Siyah alaca, Yerli kara

JÜRİ: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

Doç. Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU

Dr.Öğr. Üyesi Taki KARSLI



ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY IN SOME CATTLE BREEDS RAISED IN TURKEY USING MICROSATELLITE MARKERS METHOD

Eymen DEMİR

MSc Thesis in Animal Science

Supervisor: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

July 2018, 79 pages

In this study, genetic diversity in Turkey native cattle breeds of Turkish Grey Steppe (TGS), Eastern Anatolian Red (EAR), Anatolian Black (AB) and also Holstein Friesian (HF) were examined using mikrosatellite marker method by 20 mikrosatellite markers recommended by Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). A total of 204 alleles were detected in 30 individuals from each breed. Average number of allele per locus ranged from 7.1 (HF) to 8.5 (AB). The highest number of alleles was found in ETH185 (17) and the least number of alleles in TGLA227 (5) locus. The average number of alleles per locus was 10.2 and the average number of effective alleles was 5.163. It was determined that private alleles (31) which were determined at low frequencies could not be used to sepearate breeds. The average observed and expected heterozygosity values at level of all populations were found as 0.628 and 0.773, respectively. Observed heterozygosity at the markers level ranged from 0.303 (DRBP1) to 0.983 (ILSTS011), while expected heterozygosity ranged from 0.564 (INRABERN172) to 0.912 (SPS113). Inbreeding coefficient values for TGS, EAR, AB and HF were found as 0.216, 0.202, 0.128 and 0.069, respectively. The average F_{IT} and F_{ST} values in four cattle breeds were detected as 0.185 and 0.055, respectively. The lowest pairwise F_{ST} value (0.030) was determined between TGS and AB breeds, while the highest value was determined between TGS and HF breeds. In this study, all obtained pairwise F_{ST} values were found to be significant ($P < 0.05$). Although studied populations constituted sepearate clusterS from each other according to structure analysis, it was determined that there was genetic admixture in EAR, AB and HF breeds. According to the result of AMOVA analysis, a large part of the genetic variation (%94.814) was due to difference between individuals and % 5.186 due to difference between populations.

Decreasing in number of domestic cattle breeds has affected genetic diversity negatively and also led to increase kinship. It is suggested that conservation programs should be expanded in Turkey native cattle breeds especially focusing on TGS breed which has the lowest number of individuals when inbreeding cofficients and results of bottleneck analysis take into consideration.

KEYWORDS: Anatolian black, Eastern anatolian red, Genetic diversity, Microsatellite, Holstein Friesian, Turkish grey steppe

COMMITTEE: Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU

Assoc. Prof. Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU

Assist. Prof. Dr. Taki KARSLI



ÖNSÖZ

Sığır yetiştiriciliği tüm dünyada olduğu gibi ülkemiz için de büyük bir öneme sahiptir. Toplumların sağlıklı ve dengeli beslenebilmesi bitkisel üretimin yanı sıra hayvansal üretime de bağlıdır. Farklı bölgelerde yetiştiriciliği yapılan yerli sığır ırkları söz konusu bölgelerin kültürel değerini oluşturmakla birlikte HGK (Hayvan Gen Kaynakları)'na önemli bir katkı sağlamaktadır. Yapılan arkeolojik kazılar ve genetik veriler Türkiye'nin sığır evcilleştirme merkezine yakın olduğunu belirtmektedir (Yalçın 1981; Bruford vd. 2003). Jeopolitik konumu nedeniyle Türkiye tarih boyunca önemli bir ticaret yolu olmuştur. Bundan dolayı ülkemizde yetiştirilen yerli sığır ırklarının ciddi bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu düşünülmektedir.

Bu tez çalışmasında 20 mikrosatellit marker kullanılarak ülkemizde yetiştiriciliği yapılan 4 farklı sığır ırkında genetik çeşitliliğin ortaya konması ve filogenetik ilişkilerin incelenmesi amaçlanmıştır.

Bu konuda bana çalışma şansı veren ve tezin her aşamasında desteğini gördüğüm danışman hocam, sayın Prof. Dr. Murat Soner BALCIOĞLU'na sonsuz teşekkür ederim.

Tez konusunun belirlenmesi, yürütülmesi ve sonuçların istatistiksel analizlerle değerlendirilmesinde hiçbir zaman yardımlarını esirgemeyen sayın Dr. Öğr. Üyesi Taki KARSLI'ya teşekkür ederim.

Laboratuvar bilincinin kazanılmasında ve laboratuvar çalışmalarının yürütülmesinde bana hep yardımcı olan Arş. Gör. Bahar ARGUN KARSLI ve Öğr. Gör. Emine ŞAHİN'e teşekkür ederim.

Laboratuvar alt yapımızın yetersiz kaldığı durumlarda laboratuvar olanaklarını kullanmama izin veren Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü öğretim üyesi sayın Prof. Dr. Bülent UZUN'a teşekkür ederim.

Yüksek Lisans döneminde her zaman manevi desteklerini gördüğüm, Antalya'da ikinci ailem olarak nitelendirdiğim arkadaşım Deniz ÖZPINAR'a ve sayın Levent ÇELİKBAŞ'a teşekkür ederim.

Bugünlere gelmemde en büyük katkısı olan ve hiçbir fedakarlıktan kaçınmayan başta babam Ridvan DEMİR olmak üzere annem Şemse DEMİR'e, ağabeyim Celal DEMİR'e ve kardeşlerim Enes DEMİR, Halime DEMİR ve Yüsrâ DEMİR'e yürekten teşekkür ederim.

Tezime maddi kaynak sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi (BAP)'ne teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	ix
SİMGELER VE KISATLMALAR.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	3
2.1. Sığır Taksonomisi.....	3
2.2. Sığırın Evcilleştirilmesi	3
2.3. Türkiye’de Sığır Yetiştiriciliği	4
2.4. Araştırmaya Konu Olan Sığır Irkları.....	5
2.4.1. Boz Irk (BI).....	5
2.4.2. Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK)	6
2.4.3. Yerli Kara (YK)	7
2.4.4. Siyah Alaca (SA)	7
2.5. Hayvan Gen Kaynakları ve Önemi.....	8
2.6. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları	9
2.7. Sığır Genetik Çeşitlilik Çalışmaları.....	10
3. MATERYAL VE METOT	19
3.1. Materyal.....	19
3.1.1. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi	19
3.1.2. Kullanılan cihaz ve aletler	20
3.2. Metot	21
3.2.1. Kandan DNA izolasyonu	21
3.2.2. DNA miktar ve kalitesinin kontrolü	23
3.2.3. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)	23
3.2.4. PCR ürünlerinin görüntülenmesi	24
3.2.5. Fragment analizi	24

3.2.6. İstatistiksel analiz.....	25
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	27
4.1. DNA İzolasyon Sonuçları.....	27
4.2. PCR İşleminde Elde Edilen Bulgular	27
4.3. Fragment Analizinden Elde Edilen Bulgular	28
4.4. Genetik Çeşitlilik Parametreleri	29
4.4.1. Tüm populasyonda genetik çeşitlilik parametreleri.....	29
4.4.2. Locus bazında genetik çeşitlilik parametreleri	31
4.4.2.1. BM6444 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri	31
4.4.2.2. CSRM60 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri	32
4.4.2.3. CSSM66 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	33
4.4.2.4. DRBP1 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri	35
4.4.2.5. ETH3 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	35
4.4.2.6. ETH185 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	36
4.4.2.7. HAUT24 lokusunda çeşitlilik parametreleri	38
4.4.2.8. HEL1 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	38
4.4.2.9. ILSTS005 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	39
4.4.2.10. ILSTS006 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	41
4.4.2.11. ILSTS011 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	43
4.4.2.12. ILSTS087 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	44
4.4.2.13. INRA032 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	44
4.4.2.14. INRA037 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	45
4.4.2.15. INRA063 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	47
4.4.2.16. INRABERN172 lousunda genetik çeşitlilik parametreleri	47
4.4.2.17. MM12 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri	50
4.4.2.18. SPS113 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	50
4.4.2.19. SPS115 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	51
4.4.2.20. TGLA227 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	53
4.4.3. Irk bazında genetik çeşitlilik parametreleri	54
4.4.3.1. Boz Irk populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	54

4.4.3.2. Doğu Anadolu Kırmızısı populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri	55
4.4.3.3. Yerli Kara populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri.....	57
4.4.3.4. Siyah Alaca populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri	58
4.4.4. Özgün (Private) allel.....	60
4.5. F Parametreleri	61
4.6. İkişerli F_{ST} Değerleri	63
4.6. Irklar Arası Genetik Uzaklıklar	63
4.6.1. Nei standart genetik uzaklık metodu (D_s) ve genetik benzerlik değerleri.....	63
4.6.2. Nei'nin yansız genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri	64
4.7. Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA).....	65
4.8. Genetik Yapı (STRUCTURE) Analizi.....	66
4.9. Moleküler Genetik Verilerin Analizi (AMOVA).....	68
4.10. Bottleneck Analizi	69
5. SONUÇLAR	71
6. KAYNAKLAR	73
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Türkiye’de Yetiştirilen Bazı Sığır Irklarında Genetik Çeşitliliğin Mikrosatellit Marker Yöntemiyle Belirlenmesi” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

03/07/2018

Eymen DEMİR



SİMGELER VE KISATLMALAR

Simgeler

A : Adenin Nükleotidi

Bç : Baz Çifti

C : Sitozin Nükleotidi

°C : Santigrat Derece

G : Guanin Nükleotidi

He : Beklenen Heterozigotluk

Ho : Gözlenen Heterozigotluk

kb : Kilobaz

M : Molar

MgCl₂ : Magnezyum Klorür

mM : Mili Mol

Na : Gözlenen Allel Sayısı

NaCl : Sodyum Klorür

Ne : Etkili Allel Sayısı

T : Timin Nükleotidi

V : Volt

µl : Mikro Litre

Kısaltmalar

AG : Allel Genişliği

AFLP : Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi

AMOVA: Moleküler Varyans Analizi

BI : Boz Irk

DAK : Doğu Anadolu Kırmızısı

DNA : Deoksiribo Nükleik Asit

EDTA : Ethylene Daimin Tetra Acetic Acid

F_{IS} : Alt Populasyonlardaki Ortalama Akrabalık Katsayısı

F_{IT} : Tüm Populasyonda Ortalama Akrabalık Katsayısı

F_{ST} : Alt Populasyonlar Arası Genetik Farklılık

mtDNA: Mitokondriyal DNA

PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

PIC : Polimorfizm Bilgi İçeriği

RAPD : Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA

SA : Siyah Alaca

SDS : Sodyum Dodesil Sülfat

SMM: Basamak Tarzı Mutasyon Modeli

SNP : Tek Nükleotid Polimorfizmi

SSR : Basit Dizi Tekrarları

STR : Kısa Ard Arda Tekrarlar

TAE : Tris-Acedate-EDTA

TE : Tris-EDTA

TPM : İki Safhalı Mutasyon Modeli

YK : Yerli Kara

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Çiftlik hayvanlarının evcilleştirilme merkezleri.....	4
Şekil 2.2. Erkek ve dişi Boz Irk sığırı.....	6
Şekil 2.3. Erkek ve dişi Doğu Anadolu Kırmızısı sığırı.....	6
Şekil 2.4. Erkek ve dişi Yerli Kara sığırı.....	7
Şekil 2.5. Dişi Siyah Alaca sığırı.....	8
Şekil 4.1. Boz Irk örneklerinden izole edilen DNA'ların agaroz jel görüntüsü	27
Şekil 4.2. Çoğaltılan mikrosatellit bölgelerine ait agaroz jel görüntüleri.....	28
Şekil 4.3. ILSTS006 lokusunda homozigot bireye ait fragment analiz görüntüsü	29
Şekil 4.4. ILSTS006 lokusunda heterozigot bireye ait fragment analiz görüntüsü	29
Şekil 4.5. Ds genetik uzaklığı kullanılarak oluşturulan dendogram (Ne's Standart Genetic Distance 1972).....	64
Şekil 4.6. Nei'nin yansız genetik uzaklığı kullanılarak oluşturulan dendogram (Ne's Unbiased Measure of Genetic Distance 1978).....	65
Şekil 4.7. Çalışılan populasyonlara ait bireyler arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi grafiği.....	65
Şekil 4.8. Çalışılan populasyonlar arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi grafiği	66
Şekil 4.9. Structure Harvester programından elde edilen K değeri grafiği.....	67
Şekil 4.10. Structure Harvester programından elde edilen K değeri tablosu.....	67
Şekil 4.11. Çalışılan populasyonlarda structure kümeleme analizi	68

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Yıllara göre Türkiye’de yetiştirilen sığır sayıları	4
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslara ait bilgiler	19
Çizelge 3.2. Çalışma kapsamında kullanılan araç ve gereçlerin listesi	20
Çizelge 3.3. DNA ekstraksiyonu için kullanılan tampon çözeltilerin molaritesi/ miktarı ve içerikleri	23
Çizelge 3.4. Mikrosatellit lokusların PCR reaksiyonu	23
Çizelge 3.5. Mikrosatellit lokusların çoğaltma koşulları	24
Çizelge 3.6. Fragment analizi için uygulanan multipleks gruplar	25
Çizelge 4.1. Bütün populasyonda çalışılan mikrosatellit lokuslar bakımından allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	30
Çizelge 4.2. Çalışılan ırklarda BM6444 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	34
Çizelge 4.3. Çalışılan ırklarda CSRM60 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	34
Çizelge 4.4. Çalışılan ırklarda CSSM66 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	34
Çizelge 4.5. Çalışılan ırklarda DRBP1 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	37
Çizelge 4.6. Çalışılan ırklarda ETH3 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})	37
Çizelge 4.7. Çalışılan ırklarda ETH185 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akralı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	37

Çizelge 4.8. Çalışılan ırklarda HAUT24 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	40
Çizelge 4.9. Çalışılan ırklarda HEL1 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	40
Çizelge 4.10. Çalışılan ırklarda ILSTS005 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	40
Çizelge 4.11. Çalışılan ırklarda ILSTS006 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	42
Çizelge 4.12. Çalışılan ırklarda ILSTS011 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	42
Çizelge 4.13. Çalışılan ırklarda ILSTS087 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	42
Çizelge 4.14. Çalışılan ırklarda INRA032 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	46
Çizelge 4.15. Çalışılan ırklarda INRA037 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	46
Çizelge 4.16. Çalışılan ırklarda INRA063 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F _{IS}).....	46
Çizelge 4.17. Çalışılan ırklarda INRABERN172 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne),	

Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	49
Çizelge 4.18. Çalışılan ırklarda MM12 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	49
Çizelge 4.19. Çalışılan ırklarda SPS113 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	49
Çizelge 4.20. Çalışılan ırklarda SPS115 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	52
Çizelge 4.21. Çalışılan ırklarda TGLA227 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS}).....	52
Çizelge 4.22. Boz Irk popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})	54
Çizelge 4.23. DAK popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})	56
Çizelge 4.24. YK popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})	57
Çizelge 4.25. SA popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (N_a), Etkili Allel Sayısı (N_e), Gözlenen Heterozigotluk (H_o), Beklenen Heterozigotluk (H_e), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})	59
Çizelge 4.26. Çalışılan ırklarda mikrosatellit lokuslar seviyesinde belirlenen özgün alleller ve frekansları	60
Çizelge 4.27. Çalışılan popülasyonlarda F Parametreleri	62
Çizelge 4.28. Çalışılan popülasyonlarda hesaplanan ikili F_{ST} değerleri	63

Çizelge 4.29. Çalışılan populasyonlarda Nei standart genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri.....	63
Çizelge 4.30. Çalışılan populasyonlarda Nei standart genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri.....	65
Çizelge 4.31. Çalışılan populasyonlarda AMOVA analizi.....	69
Çizelge 4.32. Çalışılan ırklarda bottleneck analizi	69



1. GİRİŞ

Dünyanın hemen hemen her yerinde yetiştiriciliği yapılabilen bir çiftlik hayvanı türü olan sığırlar, insanlar için et ve süt gibi kaliteli hayvansal proteinleri karşılamada önemli bir paya sahiptir. Sığırlar, insanların tüketmediği besinler ile beslenmeleri ve çok farklı iklim koşullarında yaşayabilmeleri bakımından diğer çiftlik hayvanlarıyla karşılaştırıldığında önemli avantajlara sahiptir.

Tüm dünyada olduğu gibi Türkiye’de de sığır yetiştiriciliğinin önemi büyüktür. Türkiye’de yetiştirilen yaklaşık 16 milyon baş sığırın % 48.9’ini kültür ırkı, % 41’ini kültür ırkı melezleri ve % 10.1’ini yerli sığır ırkları oluşturmaktadır (Anonim 1). Türkiye toplam süt üretiminin %90.8’i, toplam kırmızı et üretiminin ise %90’ı sığırlardan elde edilmektedir (Anonim 1).

Yapılan arkeolojik kazılarda sığır, koyun ve keçinin en az iki ayrı bölgede evcilleştirildiği ve bu bölgelerden bir tanesinin Türkiye’nin Doğu ve Güneydoğu bölgelerini kapsadığı bilinmektedir (Yalçın 1981; Bruford vd. 2003). Ayrıca üç kıta arasında bir geçit bölgesi olan ve tarih boyunca önemli göç yollarına sahip olan Türkiye’de genetik çeşitliliğin yüksek olduğu bildirilmiştir (Bruford vd. 2003). Ancak yerli sığır ırklarına yönelik ıslah çalışmaları yerli sığır ırklarının kültür ırkı sığırlarla yapılan melezleme kapsamında yürütülmüştür. Türkiye Cumhuriyeti Devletinin kurulduğu ilk yıllardan itibaren İsviçre Esmeri, 1958 yılında Siyah Alaca ve Jersey, 1970’li yıllarda ise Simmental kültür ırklarının dışalımıyla birlikte Türkiye’de kültür ve kültür melezi sığır sayısı önemli oranda artış göstermiştir (Koç 2016). Bir yandan Türkiye’de yetiştirilen kültür ve kültür melezi sığır sayısı artarken öte yandan yerli sığır ırklarında büyük oranda azalma söz konusu olmuştur. Türkiye’de 25.000 baş BI ve melezi, 135.000 baş DAK ve melezi, 650.000 baş YK ve melezi yetiştirilirken 12.000.000 baş SA ve melezinin yetiştirildiği tahmin edilmektedir. 1991 yılında Türkiye’de yetiştirilen yerli sığır ırkı sayısı 6.7 milyon baş iken 2017 yılında bu sayı azalarak 1.6 milyon başa kadar düşmüştür (Anonim 1). Irk seviyesinde incelendiğinde sayısal azalma en fazla BI popülasyonunda görülmüştür.

Geçtiğimiz 30 yılda tüm dünyada olduğu gibi Türkiye’de de yüksek verimli ırkların yerli ırklara tercih edilmesiyle, yerli sığır ırklarına ait sığır sayısında dramatik bir azalma görülmüştür. Özellikle sığır yetiştiriciliğinde yapay tohumlama veya melezleme yoluyla yüksek verimli ırklar yerli ırkların yerini almıştır. Bunun sonucu olarak, Türkiye’nin yerli çiftlik hayvanı ırklarından bir kısmı tamamen yok olurken, günümüzde kalanların büyük bir kısmı ise yok olma tehdidi altındadır (Ertuğrul vd. 2015). Yerli ırkların sahip olduğu kimi gen ya da gen kombinasyonlarının çok önemli ticari unsurlar olarak ileriki yıllarda karşımıza çıkma olasılığı yüksek olduğu ve farklı ırkların sahip oldukları genetik özellikler üzerinde yürütülen güncel bilimsel çalışmalardan elde edilen sonuçların bu alanda ciddi potansiyel olduğunu göstermektedir (Ertuğrul vd. 2015).

Günümüzde tüm dünyada olduğu gibi Türkiye’de de genetik çeşitlilikteki yaşanan hızlı düşüş, tehlike altındaki genotiplerin korunmasına yönelik çalışmaları gündeme getirmiştir. Tüm dünyada tür, ırk ve eğer varsa muhtelif ırk içerisindeki varyetelerde (alt tiplerde) genetik çeşitliliğin belirlenmesi, korunması ve sürdürülebilir kullanımı öncelikli konulardır. Gerek yapılacak ıslah çalışmalarında gerekse genetik kaynakların korunması programlarında ilk aşama popülasyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesidir. Koruma

çalışmalarına başlanmadan önce populasyonlardaki genetik varyasyonun saptanması koruma stratejilerinin belirlenmesinde oldukça önemlidir. Bir ırk içerisinde genetik çeşitlilik ırkı oluşturan tüm alt gruplardaki (varyeteler ya da alt tipler) varyasyonun toplamıdır. Irk içerisinde genetik varyasyonun nereden kaynaklandığının belirlenmesi önemlidir. Günümüzde DNA teknolojileri birçok alanda olduğu gibi çiftlik hayvanlarında da yoğun şekilde kullanılmaktadır. Genetik çeşitliliğin belirlenmesinde günümüze kadar RAPD (Gwakisa vd. 1994), AFLP (Ajmone-Marsan vd. 2011) gibi moleküler yöntemler kullanılmıştır. Ancak son zamanlarda en sık kullanılan yöntemin Mikrosatellit (Hussain vd. 2016) ve SNP'ler olduğu görülmektedir (Campos vd. 2017).

Bu çalışmada Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan SA ırkı ile yerli sığır ırkları olan Boz Irk, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara sığır ırklarında populasyon genotipik yapısı FAO'nun tavsiye ettiği 20 mikrosatellit marker kullanılarak değerlendirilmiştir. Çalışmadan elde edilen sonuçların özellikle BI, DAK ve YK gibi yerli sığır ırklarında koruma çalışmalarının planlanmasına katkı sağlayacağı düşünülmektedir. Ayrıca çalışılan dört sığır ırkı arasındaki filogenetik ilişkinin 20 mikrosatellit lokus kullanılarak belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Sığır Taksonomisi

Evcil sığır *Bos taurus* türünde olup *Bos taurus typicus* ve *Bos taurus indicus* olmak üzere iki alt türden meydana gelmektedir (Loftus vd. 1999). *Bos taurus typicus* ılıman iklim kuşağında yaşayan sığırları, *Bos taurus indicus* ise sıcak iklim kuşağında yaşayan sığırları temsil etmektedir.

Sığırların zoolojik sistemdeki yeri şu şekildedir;

Alem	Hayvanlar	(Animale)
Şube	Sırtı İplikliler	(Chordata)
Alt Şube	Omurgalılar	(Vertebrata)
Sınıf	Memeliler	(Mammalia)
Alt Sınıf	Plasentalılar	(Placentalia)
Takım	Tırnaklılar	(Ungulata)
Alt Takım	Çift Tırnaklılar	(Artiodactyles)
Grup	Ruminantlar	(Ruminantia)
Familiya	Bovidae	(Cavicornia)
Alt Familiya	Bovinae	
Genus (Cins)	Bos	(Yabani ve evciltirilmiş)
Alt Genus	Taurina	
Tür	Bos taurus	Gerçek Sığırlar

2.2. Sığırın Evcilleştirilmesi

Evcilleştirmenin başlangıcı ile ilgili birden çok görüş öne sürülmüştür. Yıldırım (2015) tarafından bildirildiğine göre Singer vd. (1958) ilk evcilleştirilen hayvanın köpek olduğunu daha sonra insanlarla birlikte göç edebilen koyun, keçi gibi hayvanların evcilleştirildiğini bildirmiştir. Yerleşik hayata geçiş ve tarımla birlikte sığırların evcilleştirilmeye başlandığı düşünülmektedir. Sürüler halinde yaşaması ve insanların tüketmediği besinlerle beslenmesi, sığırın evcilleştirilmesine ön ayak olmuştur. Yapılan arkeolojik kazılar ve genetik verilerin değerlendirilmesi sonucunda dünyada Bereketli Hilal, İndus Vadisi ve And Sıra Dağları olmak üzere üç farklı evcilleştirme merkezinin olduğu düşünülmektedir (Brufford vd. 2003). Sığır, koyun ve keçinin Türkiye'nin doğu ve güneydoğu bölgesini de kapsayan ve Bereketli Hilal olarak tanımlanan bölgede evcilleştirildiğini ve dünyaya buradan yayıldığı belirtmiştir (Zeder ve Hesse 2000; Brufford vd. 2003).



Şekil 2.1. Çiftlik hayvanlarının evcilleştirilme merkezleri (Brufford vd. 2003)

2.3. Türkiye’de Sığır Yetiştiriciliği

Sığır kutup bölgeleri hariç tutulursa dünyanın hemen her yerinde yaygın bir şekilde yetiştiriciliği yapılan bir hayvan türüdür. İnsanların sağlıklı ve dengeli beslenmesi için gerekli olan et ve sütün elde edilmesinin yanı sıra yem ve ilaç gibi hayvancılığa dayalı sanayinin gelişmesine de katkı sağlamaktadır. Sığır yetiştiriciliği, toplumların sosyal ve ekonomik gelişmesinde önemli bir rol oynamakta ve toplumlarda kültür düzeyi arttıkça sığırlardan elde edilen ürünlerde de bir artış meydana geldiği belirtilmektedir (Uygur 2015).

Çizelge 2.1’de gösterildiği gibi 2010 yılında Türkiye’de 12 386 337 baş sığır yetiştirilirken, günümüzde bu sayı % 28.72 oranında artarak 15 943 586 başa ulaşmıştır. Bu rakamlara göre, Türkiye’de kültür ve kültür melezi sığır ırklarının toplam sayısında günden güne bir artış görülürken, yerli sığır ırkı sayısında bir azalma görülmektedir. Son 6 yıl içerisinde kültür ırkı sığır sayısı 4.836 milyondan 7.804 milyon başa, kültür melezi sığır sayısı 5.120 milyondan 6.536 milyon başa yükselirken yerli sığır ırkı sayısı 2.429 milyondan 1.602 milyon başa kadar düşmüştür.

Çizelge 2.1. Yıllara göre Türkiye’de yetiştirilen sığır sayıları (Anonim 1)

Yıllar	Sığır-Kültür (baş)	Sığır-Kültür Melezi (baş)	Sığır-Yerli (baş)
2011	4 836 547	5 120 621	2 429 169
2012	5 679 484	5 776 028	2 459 400
2013	5 954 333	6 112 437	2 348 487
2014	6 178 757	6 060 937	1 983 415
2015	6 385 343	5 733 803	1 874 925
2016	6 588 527	5 758 336	1 733 292
2017	7 804 588	6 536 073	1 602 925

Son 6 yıl içerisinde sığır sayısında ki değişikliğe bağlı olarak Türkiye’de sağılan sığır sayısı 4.36 milyondan 5.43 milyon başa, üretilen süt miktarı ise 12.42 milyon tondan 16.78 milyon tona yükselmiştir. Dünya süt üretiminin %83’ü, Türkiye’nin ise süt üretiminin %90.8’i sığırlardan elde edilmektedir. 2016 yılında sığırlardan elde edilen toplam 16 786 263 ton sütün %5.11’i yerli ırklardan elde edilmiştir. Son 6 yıl içerisinde Türkiye’de kesilen sığır sayısı 2.6 milyondan 3.9 milyon başa, üretilen et miktarı ise 0.6 milyon tondan 1.17 milyon tona yükselmiştir. Dünya kırmızı et üretiminin % 21’i, Türkiye’de ise kırmızı etin % 90,3’ü sığırlardan elde edilmektedir (Anonim 1).

Genel olarak tüm dünyada olduğu gibi sığırıcılığın Türkiye’nin hayvan yetiştiriciliğinde önemi büyüktür. Ancak Türkiye’de üretim genellikle yüksek verim kapasitesine sahip olan kültür ve kültür melezi sığır ırklarıyla yapılmakta ve üretimde yerli ırkların çok büyük bir katkısı olmamaktadır (Anonim 1). Yerli ırkların ekonomik önemi olan verimler bakımından kültür ırkları ve melezleriyle rekabet edemeyiş bu durumun en önemli nedenidir.

2.4. Araştırmaya Konu Olan Sığır Irkları

2.4.1. Boz Irk (BI)

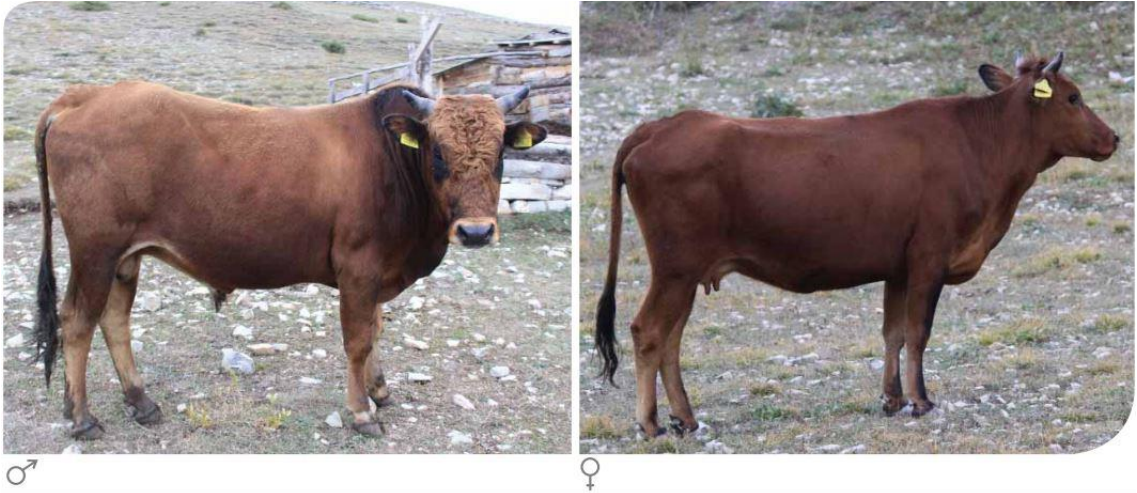
Uluslararası kaynaklarda Turkish Grey Steppe, Anatolian Grey yerel kaynaklarda ise step sığırları veya plevne sığırları olarak geçen Boz Irk, Türkiye’nin Ege ve Marmara bölgesinde yayılma gösteren yerli sığır ırkıdır. Kök vd. (2013)’nin bildirdiğine göre, Felius vd. (2011) bu ırkın *Bos taurus primigenus*’tan köken aldığını belirtmektedir. Kısa süre önce yapılan bir araştırmada İtalya’da yetiştirilen Padolian sığır ırklarının anasal kökenlerinden birisinin Boz Irk olduğu bildirilmiştir (Lorenzo vd. 2018). Türkiye dışında Yunanistan, Bulgaristan, Romanya, Ukrayna ve İtalya gibi ülkelerde de yayılma alanı bulan Boz Irk, step iklimine adapte olan, hastalık ve zararlılara karşı dirençli ve kaba yemleri değerlendirme yeteneği yüksek olan bir ırktır. Uygun beslenme koşullarında bir laktasyon süresince 3000 litreye kadar süt verebilen bu ırkın baş ve boyun kısmı diğer kısımlardan daha koyu renklidir. Ergin bir Boz Irk sığırlarında canlı ağırlık 300 kg, cidago yüksekliği 120 cm ve günlük canlı ağırlık artışı 600-1000 gr’dır (Anonim 2). Ortalama 220 günlük laktasyon döneminde 1000-1200 kg süt verebilen ırkın sütteki yağ oranı %4-5 aralığındadır (Anonim 2).



Şekil 2.2. Erkek ve dişi Boz Irk sığırları (Anonim 2)

2.4.2. Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK)

Uluslararası kaynaklarda Eastern Anatolian Red olarak geçen Doğu Anadolu Kırmızısı, özellikle Kars ve Erzurum başta olmak üzere Türkiye'nin doğusunda yayılma göstermektedir. Sert kış aylarında havalandırma ve ısıtılmanın yetersiz olduğu küçük işletmelerde yetiştirilip Mayıs ayından itibaren mera ve yaylalara çıkarılmaktadırlar. Yetiştirildiği bölgeye iyi uyum sağlamış olan ırkın deri rengi sarı kırmızıdan mor kırmızıya kadar değişebilmektedir. Boynuz ve tırnak rengi gri olup sedef renkli boynuzlara sahip olan sığırlara da rastlanmaktadır. Ergin canlı ağırlığı 250-350 kg olan Doğu Anadolu Kırmızısı ortalama 210 günlük laktasyon süresinde 900-100 litre süt verebilmektedir (Anonim 2). Irkın sütteki yağ oranı ortalama %4-5 olup yaşı hayvanlar şap başta olmak üzere salgın hastalıklara dayanıklıdır (Anonim 2).



Şekil 2.3. Erkek ve dişi Doğu Anadolu Kırmızısı sığırları (Anonim 2)

2.4.3. Yerli Kara (YK)

Uluslararası kaynaklarda Anatolian Black olarak geçen Yerli Kara Türkiye’de yetiştiriciliği en çok yapılan yerli sığır ırkıdır. Yerli sığır ırkları arasında en fazla yayılma alanına sahip olan Yerli Kara, Orta Anadolu’nun hemen hemen her yerinde yetiştirilmektedir. Yerli Karanın rengi siyah, ergin canlı ağırlığı 200-300 kg ve sütteki yağ oranı %4-5’tir (Anonim 2). Kombine verim yönlü olan Yerli Kara inekleri ortalama 240-260 günlük laktasyon süresinde 1000-1100 kg süt verebilmektedir (Anonim 2). Yetiştirildiği bölgenin koşullarına iyi uyum sağlamış bir ırktır.



Şekil 2.4. Erkek ve dişi Yerli Kara sığırı (Anonim 2)

2.4.4. Siyah Alaca (SA)

Anavatanı Hollanda’nın Frizya bölgesi olan Holstein Friesian (Siyah Alaca), dünyada yetiştiriciliği en çok yapılan sığır ırklarındandır. *Bos taurus typicus primigenius* yabani alt türünden geliştirilen ırkın ergin ineklerinde canlı ağırlık 750-800 kg’a boğalarda ise 1000 kg’a çıkabilmektedir. Bir laktasyon döneminde 7000-11000 kg süt verimine sahip olan ırkın sütteki yağ oranı ise ortalama %4-5 civarındadır.

Siyah Alaca sığırları 1958 yılında Türkiye’ye getirildikten sonra saf olarak yetiştirilmeye başlanmıştır. Özellikle 1970’li yıllardan bu yana Türkiye’nin yerli ırklarıyla yapılan melezleme çalışmalarında genetik materyal olarak kullanılmaktadır. Yapılan melezleme çalışmaları ile Türkiye’nin yerli sığır ırklarında süt verimi arttırılmış ancak saf yerli ırkların sayısında azalmalara neden olmuştur. Yüksek süt verimine sahip olan Siyah Alacaların Türkiye koşullarında bir laktasyon döneminde 3000-9000 kg süt verebildiği bildirilmiştir (Genç 2014).



Şekil 2.5. Dişi Siyah Alaca sığırı (Anonymous 1)

2.5. Hayvan Gen Kaynakları ve Önemi

Sürdürülebilir tarım için önemli bir güvence olan biyoçeşitlilik yaşamın devamına önemli katkı sağlamaktadır. Hayvansal üretimin çevreyle uyumlu bir şekilde gerçekleştirilebilmesi ve sürekliliğinin sağlanması için hayvan gen kaynakları ve bunlardaki genetik çeşitlilik vazgeçilmez unsurlardır. Genetik çeşitlilik belirli bir bölgede yaşayan türleri ve bunun içerisindeki ırkları ifade etmektedir. Özgün ve ayırıcı özelliklere sahip olan yerli ırklar genetik çeşitliliğe büyük katkı sağlamaktadır. Yerli ırkların verimleri düşük olsa da yetiştirildikleri bölgenin iklim koşullarına ve hastalıklarına dirençli oldukları bilinmektedir. Ancak özellikle ekonomik nedenler başta olmak üzere çeşitli nedenlerle HGK hızlı bir şekilde yok olmaktadır. Yerli ırkların yok olmasıyla sahip oldukları özgün özellikler de yok olmaktadır. Söz konusu özelliklerle birlikte henüz saptanmamış özelliklerin korunması ancak bunların varlıklarını sürdürebilmesiyle mümkün olmaktadır (Ertuğrul vd. 2009).

Günümüze kadar güncelliğini kaybetmeyen HGK'nın önemi ve korunması hakkındaki görüşlerin temeli 1900'lü yıllara dayanmaktadır. Botanikçi Vavilov'un 1928 yılında ilk bitki gen bankasını oluşturmasıyla gen kaynaklarının korunması hız kazanmıştır. 1959 yılında Chicago'da düzenlenen bir sempozyumda hayvan gen kaynaklarının korunmasının gerekliliği vurgulanmış ve izleyen yıllarda konuyla ilgili bildiriler sunulmaya başlanmıştır (Ertuğrul vd. 2009). Gerek yapılacak ıslah çalışmalarında gerekse genetik kaynakların korunması programlarında

populasyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi gereklidir. Bu bakımdan ırkları fenotip ve moleküler düzeyde karakterize etmek, ıslah ve koruma amaçlı programların ilk aşamasıdır (Devi vd. 2017). Bu nedenle;

TUBİTAK tarafından hazırlanan “VİZYON 2023 Ulusal Bilim ve Teknoloji Politikaları 2003-2023 Strateji Belgesi’nde” “Hayvan ıslahında moleküler biyoloji ve biyoteknolojik yöntemlerin kullanılması ile ekonomik değeri yüksek hayvanların geliştirilmesi, **yaban ve evcil hayvan gen kaynaklarımızın korunması ve genetik olarak tanımlanması**, bu alanda çalışan insan kaynaklarının geliştirilmesi ve desteklenmesi” (Anonim 3) öncelikli konular arasına alınmıştır.

FAO tarafından 2007 yılında yayınlanan “Gıda ve Tarım için Hayvan Genetik Kaynakları I. Dünya Durum Raporu” (Anonymous 2) ve “Hayvan Genetik Kaynakları Küresel Eylem Planı” (Anonymous 3) **hayvan genetik kaynaklarının ve bu hayvanlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi, önemi, korunması ve sürdürülebilir kullanımı** için yapılması gerekenleri ayrıntılı olarak vurgulanmıştır.

Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı tarafından 2015 yılında hazırlanan “Türkiye Hayvan Genetik Kaynakları Ulusal Strateji ve Eylem Planı (2015-2020)” raporunda sahip olduğumuz biyolojik çeşitlilik ve onun bir unsuru olan HGK’larındaki genetik çeşitliliğin; ekonomik ve genetik zenginliğin bir göstergesi olduğu, tıp, tarım, gıda güvencesi ve endüstride önemli yararlar sağladığı vurgulanmıştır (Anonim 4). Dolayısıyla, **biyolojik çeşitliliğimizi korumanın ve gerektiğinde kullanmanın bir zorunluluk değil, ekonomik, bilimsel, sosyal ve kültürel ihtiyaçlarımızın bir gereği olduğu** raporda belirtilmiştir. Raporda ayrıca yerli HGK ıslahında uygun türlerde üreme biyoteknolojisi ve moleküler tekniklerin kullanılması hedefler arasında gösterilmiştir.

2.6. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları

Son yıllarda yabani ve çiftlik hayvanlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesine yönelik çalışmalar yapılmaktadır. Özellikle çiftlik hayvanlarındaki yerel populasyonlarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde varyasyonu en iyi tanımlayabilecek güçlü moleküler markerlerden yararlanılmaktadır. PCR teknolojisinin gelişmesiyle SNP (Tek Nükleotid Polimorfizmi; Single Nucleotide Polymorphism), mitokondrial DNA (mtDNA), Y kromozomu, RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi; Restriction Fragment Length Polymorphism) ve mikrosatellit gibi farklı markerlerin kullanıldığı teknikler geliştirilmiştir.

Mikrosatellitler ökaryotik genom boyunca hem kodlanan hem de kodlanmayan bölgelere yaygın olarak dağılmış halde bulunan, 1-6 nükleotid uzunluğundaki kısa tekrarlardan oluşan DNA parçalarıdır (Arif ve Khan 2009, Teneva 2009, Sabir vd 2014). Mikrosatellitler basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeats, SSR) veya kısa ard arda tekrarlar (Short Tandem Repeats, STR) olarak da adlandırılmaktadır (Weber ve May 1989). Ökaryot canlılarda işlevleri tam olarak bilinmese de prokaryotlarda birçok biyolojik fonksiyona sahip oldukları bilinmektedir. Mikrosatellitler genellikle dimer veya trimer gibi basit dizileri içeren ve bu dizilerin tekrarından oluşan genetik yapılardır. Memelilerde en yaygın görülen şekli GT/AC sıra tekrarları olup ortalama her 30 kb’de bir görülmektedir (Devrim ve Kaya 2004). Mikrosatellitlerde tekrar bölgelerini kuşatan DNA dizileri bir türün bireylerinde aynı olmasına rağmen tekrar sayıları bireyler hatta aynı bireyin homolog kromozomları arasında dahi farklılık gösterebilmektedir.

Mikrosatellit lokuslarda genellikle tekrar sayısının 100'den daha az olduğu bildirilmiştir (Liu 1998). Polimorfik lokusun sentetik oligonükleotid primerler kullanılarak çoğaltılmasından elde edilen PCR ürünleri genel olarak 75-300 baz çifti uzunluğu arasındadır. Çoğaltılan DNA fragmentleri (DNA parçaları) çeşitli yöntemler kullanılarak görüntülenebilmektedir. Çoğaltılan DNA parçalarının birbirlerinden ayırmak ve bunların oluşturduğu bant profillerinin görüntülenmesinde uzun süre jel elektroforezi kullanılırken günümüzde otomatik dizi analiz cihazlarında fragment analizi yapılarak uzunluğu bilinen standart örnek yardımıyla bantlar görüntülenebilmektedir. Fragment analiz cihazlarında allel uzunlukları pikler şeklinde elde edilmekte ve homozigot bireylerde bir pik değeri belirlenirken heterozigot bireylerde iki pik değeri belirlenmektedir.

Mikrosatellit markerler genom boyunca çok sayıda olması, polimorfizm oranının yüksek olması, kodominant kalıtım göstermesi, tekrarlanabilirliğinin yüksek olması gibi nedenlerden dolayı popülasyonlardaki genetik çeşitliliğin gösterilmesinde tercih edilmektedir (Hillel vd 2003, Chatterjee vd 2010, Tadano vd 2011). Tüm genomu eşit bir şekilde dağılmış olmaları genom haritalama çalışmalarında kullanışlı olmalarını sağlamaktadır. Mikrosatellit markerlar bir türe ait popülasyonlar gibi evrimsel olarak birbirine yakın olan canlı gruplarının karşılaştırılması, belli bir karakteri kontrol eden gen ve kromozom bölgelerinin tayini, moleküler ıslah, filogenetik ilişkinin incelenmesi, akrabalı yetiştirmenin ölçülmesi, kodominant kalıtımın belirlenmesi ve ebeveyn tayininde kullanılabilmektedir (Devrim ve Kaya 2004, Özkan 2005, Özşensoy 2011, Agung vd. 2016). Genetik karakterizasyon çalışmalarında mikrosatellitler sığır (Özşensoy 2011), keçi (Ramamorthy vd. 2006; Korkmaz Ağaoğlu 2010), koyun (Abdelkader vd. 2018) ve diğer hayvan türlerinde kullanılmaktadır. Son yıllarda ise genetik çeşitlilik çalışmalarında SNP markerleri üzerinde çalışmalar artmış ve SNP çipleri oluşturulmaya başlanmıştır (Özşensoy ve Kurar 2012).

Doğal gen kaynaklarında genetik çeşitliliğin araştırıldığı çalışmalarda her ırktan akraba olmayan 25-50 bireyin 20-30 mikrosatellit lokus ile incelenmesinin yeterli olduğu görülmektedir (Peelman vd. 1998; Suh vd. 2014; Yıldırım 2015).

2.7. Sığır Genetik Çeşitlilik Çalışmaları

Günümüzde DNA teknolojileri birçok alanda olduğu gibi çiftlik hayvanlarında da yoğun şekilde kullanılmaktadır. Genetik varyasyonun belirlenmesinde günümüze kadar birçok moleküler yöntem (RAPD, AFLP, Mikrosatellit, SNP, vb.) kullanılmasına rağmen son zamanlarda en sık kullanılan yöntem mikrosatellitler ve SNP'lerdir. Mikrosatellit markerler ırklar içindeki genetik varyasyonun gösterilmesinin yanısıra ırklar arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesinde de oldukça kullanışlı araçlardır. Bu bölümde sığırlarda genetik çeşitliliğin incelendiği ulusal ve uluslararası çalışmalar özetlenmiştir.

MacHug vd. (1997) Afrika, Avrupa ve Asya kıtalarından 20 farklı sığır ırkıyla 20 farklı mikrosatellit lokus kullanarak yaptıkları çalışmada bu ırklar arasındaki filogenetik ilişki ve kökenlerini incelenmişlerdir. 728 baş sığırın kullanıldığı çalışmada toplam 168 allel ve lokus başına ortalama 8.4 allel belirlenmiştir. Araştırmada hörgüçlü zebu kökenli ırkların hörgüçsüz taurin kökenli ırklardan farklı oldukları ve Asya Zebu kökenli ırkların spesifik allelleri taşıyan 10 lokusa sahip oldukları belirtilmiştir. Söz konusu lokuslardaki

özgün alleller Afrika Zebu kökenli ırklarda orta düzeyde, taurin ırklarında ise çok az veya hiç tespit edilememiştir.

Moazami vd. (1997), 17 mikrosatellit ve 13 biyokimyasal marker kullanarak 10 Avrupa sığır ırkında genetik varyasyonu incelemişlerdir. Toplam 210 allelin belirlendiği çalışmada ortalama heterozigotluk en az 0.53 ile Jersey ırkında en çok ise 0.66 ile Parthenais ırkında tespit edilmiştir. Çalışmada 10 farklı sığır ırkından toplam 490 örnek kullanılmış ve tüm lokusların polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışmada allel sayısının en az 3 (INRA005) en çok 36 (INRA040) olduğu ırk bazında ortalama allel sayısının ise 6 (Jersey) ile 7.7 (Charolais) aralığında değiştiği belirlenmiştir. UPGMA analizi sonuçlarına göre Maine-Anjou ile Holstein ırkının, Montbéliard ile Vosgien ırklarının birbirine yakın kümelendikleri belirlenmiştir. Çizilen ağacın güvenilirliğini test etmek için yapılan bootstrap test değerlerinin düşük olduğu belirlenmiştir. Araştırmacılar, çalışmanın sonucunda 17 mikrosatellit lokus ile 13 biyokimyasal marker ile çalışmanın ırklar arasındaki akrabalığı belirlemede ve ırkları ayırmada yeterli olmadığını bildirmişlerdir.

Peelman vd. (1998) yaptıkları çalışmada Holstein Friesian (HF), Belgian Blue (BB), Belgian Red Pied (BRP) ve East Flemish (EF) sığır ırklarına ait toplam 200 baş hayvanda mikrosatellit polimorfizmini 23 mikrosatellit marker kullanarak araştırmışlardır. En az allel sayısı TGLA48 ve CSSM014 lokuslarında (3) en fazla allel sayısı ise TGLA122 (14) lokusunda tespit edilmiştir. Etkili allel sayısının 1.38 (Belgian Blue) ile 8.46 (Holstein) aralığında değiştiği bildirilmiştir. Ortalama heterozigotluk BRP’de 0.71, HF’de 0.69, EF’de 0.69 ve BB’de ise 0.65 olarak belirlenmiştir. Çalışmada BB sığır ırkının bazı mikrosatellit markerlar bakımından (CSSM06, MGTG7, TGLA57) daha yüksek değerlere sahip olmasına rağmen diğer ırklara göre daha az polimorfik olduğu ve diğer ırklardan belirgin bir şekilde farklı olduğu belirlenmiştir. Diğer üç sığır ırkının ise yetiştirme tekniklerinden dolayı bir populasyon olarak tanımlandığı belirtilmiştir. EF ırkının BB ırkına göre daha küçük bir populasyona ve daha az boğaya sahip olmasının yanı sıra polimorfizmin daha yüksek olması şaşırtıcı bulunmuştur. Bu durumun EF ırkının Kırmızı Alacalarla melezlenmesinden ve BB ırkının EF’lere kıyasla daha kapalı bir populasyon olmasından kaynaklandığı öne sürülmüştür.

Martin vd. (1999) İspanya’nın yerli ırkları olan Asturian Mountain (AM), Asturian Lowland (AL), Northwest Brown Group (NBG), Pyrenean (PYR), Menorquina (MEN) ve Fighting Bull (FB) sığır ırklarında 30 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği araştırmışlardır. En az genetik mesafenin (0.071) AM ile AL ırkları arasında; en yüksek genetik mesafenin (0.283) ise FB ile MEN ırkları arasında olduğu belirtilmiştir. Lokus başına ortalama allel sayısını 4.9 (FB) - 6.7 (AL) aralığında bulmuşlardır. Çalışmada en az allel sayısı (3) ILTS005 lokusunda, en fazla allel sayısı (14) TGLA53 ve TGLA122 lokuslarında olmak üzere lokus başına ortalama allel sayısı 8.6 olarak tespit edilmiştir. Çalışmada 24 lokusta genellikle frekansları 0.05’ten az olan özgün alleller tespit edilmiştir. En yüksek polimorfizm değerleri TGLA227 (H: 0.79-0.85) lokusunda, en düşük polimorfizm değerleri ise CSSM14 (H: 0.08-0.46) lokusunda belirlenmiştir. Çalışmada MEN populasyonunun tipik bir ada populasyonu olduğu ve kurucu etkiler ile genetik kayma etkilerine maruz kalarak varyasyon kaybına uğradığı ileri sürülmüştür. Çalışmada FB populasyonunda 30 lokustan 4 tanesinin Hardy-Weinberg dengesinden saptığı, geri kalan populasyonlarda bütün lokusların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirtilmiştir.

Kim vd. (2002) Kuzey Doğu Asya sığır ırkları (Kore, Çin, Japon Siyahı) ve Avrupa Holştaynı ırkında genetik çeşitliliği ve populasyonun yapısını ortaya koymak için 13 mikrosatellit lokus üzerinde çalışmışlardır. Toplamda 127 allelin tespit edildiği çalışmada bütün lokusların polimorfik olduğu ve allel sayısının 6 (INRA63, BM1824, HEL1) ile 17 (TGLA122, TGLA53) arasında değiştiği belirlenmiştir. Beklenen ortalama heterozigotluk değerlerine göre en düşük genetik çeşitlilik Japon Siyahı ırkında (H_E : 0.471) en yüksek genetik çeşitlilik ise Çin ırkında (H_E :0.744) tespit edilmiştir. Nei'nin DA genetik mesafesine dayanarak çizilen NJ ağacına göre Kore ve Çin ırklarının birbirine çok yakın olduğu Japon Siyah sığır ırkının ise bunlardan belirgin bir şekilde farklılık gösterdiği belirtilmiştir. Avrupa Holştaynı diğer bütün populasyonlardan belirgin bir şekilde ayrılmıştır. Kore ırkında birkaç özgün allel tespit edilmesine rağmen frekanslarının çok düşük olmasından dolayı ırk belirlemede kullanılmalarının mümkün olmadığı belirlenmiştir. Kuzey Doğu Asya ırklarında Hardy-Weinberg dengesinden sapma belirlenmemiştir. Toplam varyasyonun % 10.9'unun ırklar arası farklılıktan, %89.1'inin ise bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı bildirilmiştir. Mevcut çalışmanın bölgenin yerel populasyonlarında genetik çeşitlilik hakkında genel bilgiler sağladığı ve daha sonraki çalışmalar için daha fazla Asya ırkının kullanılıp ırkların kökeni ve yerel ırklarla olan ilişkilerini açıklamada yararlı olacağı belirtilmiştir.

Machado vd. (2003) Holştayn (HO), Gyr (GI), Nellore (NE) ve Guzerat (GU) sığır ırklarında 9 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Toplamda 64 allelin tespit edildiği çalışmada toplam allel sayısının % 53'ünün her bir ırkta ortak olduğu bildirilmiştir. 9 lokus için ortalama heterozigotluk 0.350 olduğu, bu düşük heterozigotluğun hayvanların yüksek akrabalı yetiştirme katsayısından kaynaklandığı belirtilmiştir. Çalışmada BSM3004 ile BL4 lokuslarının en az bilgi verici BMS1237, BMS1126 ve BMS518 lokuslarının ise en fazla bilgi verici lokuslar olduğu belirtilmiştir. Bu üç lokusun yüksek heterozigotluk, allel sayıları ve sıklıklarından dolayı ebeveyn testlerinde kullanılabilecek aday lokuslar olabileceği belirtilmiştir. Çalışmada NE populasyonunda dört, GU populasyonunda iki, GI populasyonunda üç ve HO populasyonunda beş lokusun Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlenmiştir. NE ve HO populasyonlarında görülen bu sapmaların süt ve et verimini artırmak için uygulanan yoğun seleksiyon programlarının akrabalığı arttırmasından kaynaklandığı belirtilmiştir. GU ve GI populasyonlarında akrabalığın diğer iki populasyondan daha fazla olduğu belirtilmiştir. Nei'nin genetik mesafe matrisine göre HO populasyonunun diğer üç populasyondan belirgin bir şekilde farklı olduğu bildirilmiştir. HO populasyonunun *Bos Taurus* diğer üç populasyonun ise *Bos Indicus*'tan köken aldığı göz önünde bulundurulduğunda bu durumun çok doğal olduğu belirtilmiştir. Birbirine en yakın populasyonların (0,25) ise Hindistan'ın birbirine yakın coğrafik bölgelerinden köken alan GU ve NE populasyonları olduğu bildirilmiştir.

Mukesh vd. (2004) Hindistan'ın hörgüçlü sığır ırkları olan Sahiwal (SC), Hariana (HC) ve Deoni (DC) populasyonlarında 20 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Toplam 167 allelin belirlendiği çalışmada ortalama allel sayısı 5,2 (SC) ile 6,5 (HC) aralığında, ortalama etkili allel sayısı ise 2,95 (SC) ile 3,64 (DC) aralığında değişmiştir. Gözlenen heterozigotluğun 0,42 (SC)-0,59 (DC), beklenen heterozigotluğun ise 0,61 (SC)-0,70 (DC) aralığında olduğu bildirilmiştir. SC populasyonunda tahmin edilen düşük genetik çeşitlilik değerlerinin söz konusu populasyonun diğer iki populasyona göre daha az bireyden oluşmasından kaynaklandığı belirtilmiştir. Ortalama PIC değeri SC populasyonu için 0,55, HC populasyonu için 0,62,

DC populasyonu için 0,65 olarak bildirilmiştir. Genel olarak DC populasyonunda çalışılan lokusların diğer populasyonlara oranla daha polimorfik olduğu ve Hindistan sığır ırklarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde polimorfik değeri yüksek olan lokuslardan yararlanılması gerektiği tavsiye edilmiştir. DC populasyonunda gözlenen yüksek genetik çeşitlilik değerlerinin bu populasyonun üç farklı ırktan oluşmasından kaynaklandığı belirtilmiştir.

Mateus vd. (2004) American Charolais (CHA), Brezilian Caracu (CAR) ve Portekiz'in 10 yerli sığır ırkında 30 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Çalışmada Portekiz'in yerli sığır ırkları Brown Concave, Red Convex ve Iberian Black Orthoide olmak üzere üç gruba ayrılmıştır. Brown Concave grubu Arouquesa (ARO), Mirandesa (MIR), Marinhova (MRH) ırklarından; Red Convex grubu Mertolenga (MRT), Alentejana (ALT), Garvonesa (GRV), Minhota (MNT) ırklarından; Iberian Black Orthoide grubu ise Brava de Lide (BRV), Maronesa (MRO), Barrosa (BAR) ırklarından oluşmuştur. Toplam 390 allelin tespit edildiği çalışmada Iberian Black Orthoide grubunda toplam allel sayısı 170-237 aralığında, lokus başına ortalama allel sayısı ise 5,67-8,07 aralığında olduğu bildirilmiştir. Gözlenen heterozigotluk CAR, MRO, GRV, ARO populasyonlarında yüksek, BRV ve MIR populasyonlarında düşük bulunmuştur. Çalışmada genetik varyasyonun % 9'unun ırk farklılığından kaynaklandığı belirtilmiştir. Genetik mesafe temelli NJ ağacına göre Brown Concave ve Red Convex gruplarının evrim bölgeleriyle uyumlu olduğu Iberian Black Orthoide grubunun ise Brown Concave gruplarına daha yakın olsa da ayrı bir grup oluşturduğu belirtilmiştir. CAR populasyonunun Portekiz'in yerli ırklarıyla ilişkili olmadığı ve ayrı bir grupta kümelendiği gösterilmiştir. Yapılan çalışmada Portekiz sığır ırklarından genetik çeşitliliği en yüksek ırkların MRT ve MNT, genetik çeşitliliğin en düşük olduğu ırkların ise MIR ve BRV ırkları olduğu belirtilmiştir.

Özkan (2005) Türkiye'de yetiştirilen yerli (Yerli Kara, Doğu Anadolu Kırmızısı, Güney Anadolu Kırmızısı, Boz Irk) ve kültür ırkı (Jersey, Esmer İsviçre, Siyah Alaca) sığırlarda genetik yapıyı ortaya koymak için 7 mikrosatellit marker kullanmıştır. Çalışmada genetik varyasyon ölçütlerinden biri olan ortalama allel sayısının 7,541 (Jersey) ile 11,286 (GAK) arasında değiştiği, diğer bir ölçüt olan gözlenen heterozigotluk değerlerinin ise 0,6653 (Doğu Anadolu Kırmızısı) ile 0,7613 (Jersey) arasında değiştiği belirlenmiştir. Yerli sığır ırklarında ortalama allel sayısının kültür ırklarında daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Yedi mikrosatellit bölgesinin incelendiği çalışmada toplam 11 özgün allel gözlenmiş ancak bu allellerin görülme frekansı olduğu için ırk belirleyici özelliklerinin olmadığı belirtilmiştir. Çalışmada elde edilen allel uzunluklarına ait frekanslar incelendiğinde, Türkiye'nin doğusundan batısına doğru gidildikçe bazı mikrosatellit bölgelerine (ETH225, ETH10, TGLA227, HEL5, ILSTS005) ait allel frekanslarında bir azalma olduğu bildirilmiştir. Çalışmada Türkiye yerli ırkları ile kültür ırklarında Zebu allelleri oranları hesaplanmış ve bu karışımın yerli ırklarda % 12,58 (DAK) ile % 8,11 (Boz Irk) arasında değiştiği, kültür sığır ırklarında ise bu oranların % 0,34 (Jersey) ile % 6,2 (Siyah Alaca) arasında değiştiği tespit edilmiştir. Çalışmada F_{IS} değerlerinin -0,0368 ile 0,1488 arasında değiştiği, yapılan analizler sonucunda populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlenmiştir. F_{ST} değerlerinin yerli ırklarda 0,104 ile 0,03442 arasında; kültür ırklarında ise 0,0445 ile 0,09816 arasında değiştiği belirlenmiştir. Yapılan çalışmada yerli sığır ırklarının birbirinden net olarak ayrılmadığı, çalışılan farklı ırklara ait bireylerin birbirleri ile öbeklendiği bildirilmiştir.

Irkların yok olma tehlikesi geçirip geçirmediğinin test edilmesi sonucunda yakın geçmişte hiçbir ırkın yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmadığı belirlenmiştir.

Altınalan (2005)'nin yaptığı çalışmada Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan 4 yerli sığır ırkı (Boz Irk, Yerli Kara, Güney Anadolu Kırmızısı, Doğu Anadolu Kırmızısı) ile bir kültür sığır ırkının (Siyah Alaca) genetik yapısının incelenmesi için 26 mikrosatellit lokusu incelenmiştir. Çalışmada toplam 719 allel belirlenmiş ve Yerli Kara, Boz Irk, Güney Anadolu Kırmızısı, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Holstein populasyonlarında lokus başına ortalama allel sayıları sırasıyla 12,12, 13,27, 11,65, 12,77 ve 11,04 olarak tespit edilmiştir. Türkiye yerli sığır ırklarında gözlenen heterozigotluğun 0,433 (Boz Irk) ile 0,449 (DAK) arasında; beklenen heterozigotluğun ise 0,874 (Yerli Kara) ile 0,883 (Boz Irk) arasında değiştiği bildirilmiştir. Çalışmada ortalama F_{IS} değerinin 0,497 olduğu, F_{ST} değerlerinin ise 0,057 ile 0,098 arasında değiştiği belirlenmiş ve yapılan önemlilik testi sonucunda, populasyonlar arası F_{ST} değeri farklılıklarının $P < 0,001$ 'e göre önemli olduğu belirlenmiştir. Çalışmada Nei'nin genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak çizilen NJ ve faktöriyel birleştirme analizi incelendiğinde, Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan yerli sığır ırkların birbirinden ayrı kümelenildiği ve Siyah Alaca ırkının diğer tüm ırklardan oldukça farklı bir kümede yer aldığı vurgulanmıştır. D_A genetik uzaklık temelinde çizilen NJ ağacında, Boz Irk ve Siyah Alaca ırkı birlikte gruplanırken, Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı ırklarının Avrupa orijinli ırklardan belirgin bir şekilde ayrıldığı belirlenmiştir.

Tapio vd. (2006) Kuzey Avrupa sığır ırklarında 20 mikrosatellit marker kullanarak yaptıkları çalışmada koruma önceliklerini değerlendirmişlerdir. Toplam 204 allelin tespit edildiği çalışmada bütün lokusların polimorfik olduğu belirlenmiştir. Lokus başına allel sayısı en az 5 (INRA005), en çok 18 (INRA037) olarak tespit edilmiştir. Çalışmada 26 özgün allel tespit edildiği ve bu allelerin en çok bölgenin yerli ırklarında bulunduğu belirtilmiştir. Heterozigotluk değerleri 0,434-0,762 aralığında değişirken, bütün lokuslar için ortalama heterozigotluk değeri ise 0,66 olarak tespit edilmiştir. En yakın komşu birleştirme ağacına göre Siyah-Beyaz tip, Baltık Kırmızısı ve Nordik grubu olmak üzere birbirinden belirgin bir şekilde ayrılan üç grubun olduğu ve Nordik grubunun yerli ırklardan oluştuğu belirtilmiştir. Çalışmada yerli ırkların önemli bir genetik varyasyon kaynağı olduğu bildirilmiştir.

Pandey vd. (2006) Hindistan'da yetiştirilen Kherigarh sığır ırkında 21 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. 131 adet allelin belirlendiği çalışmada allel sayısı 4 (ILSTS011, ILSTS033, BM1824) ile 10 (ILSTS034) aralığında değişirken ortalama allel sayısının 6.24 olduğu bildirilmiştir. Çalışmada gözlenen heterozigotluğun 0,261 ile 0,809 aralığında değiştiği, ortalama gözlenen heterozigotluğun ise 0,504 olduğu belirtilmiştir. INRA063 lokusu dışında bütün lokuslarda PIC değerinin 0,5'ten büyük olduğu ve oldukça bilgi verici oldukları belirtilmiştir. Çalışmada F_{IS} değerinin -0,032-0,604 arasında değiştiği, ortalama F_{IS} değerinin ise 0,188 olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar INRA063 ve ILSTS030 lokusları dışında kalan lokuslarda heterozigotluğun az olmasının Kherigarh ırkının dar bir bölgede yetiştirilmesinden ve az sayıda boğanın varlığından kaynaklanabileceğini önermişlerdir. Araştırmacılar yaptıkları analizler sonucunda söz konusu ırkın yakın geçmişte bir darboğazdan geçmediğini tespit etmişlerdir.

Cervini vd. (2006) tarafından, Brezilya'nın Nellore sığırlarında 10 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliğin araştırıldığı bir çalışmada, toplam allel sayısı 94, lokus başına ortalama allel sayısı ise 9.4 olarak bulunmuştur. Lokus başına en az allel sayısı 6 ile TGLA227 lokusunda, en fazla allel sayısı ise 16 ile TGLA122 lokusunda belirlenmiştir. Araştırmacılar 6 lokusun (TGLA53, ETH10, ETH3, ETH225, TGLA122 ve INRA023) Hardy-Weinberg dengesinden saptığını bildirmiştir. Ayrıca TGLA53, ETH10, ETH225, TGLA122 ve INRA023 lokuslarında heterozigot eksikliğini tespit etmişlerdir. Çalışmada PIC değerleri 0.390 (TGLA227) ile 0.835 (INRA023) aralığında değişirken lokus başına ortalama PIC değeri 0.640 olarak hesaplanmıştır. Araştırmacılar az sayıda ama yüksek oranda bilgi veren markerlerin kullanılmasının genetik karakterizasyon çalışmalarını kolaylaştıracağını belirtmiştir.

Çin'de yetiştiriciliği yapılan Qinchuan sığırlarında 12 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliğin değerlendirildiği bir çalışmada, en az allel sayısı 13 ile INRA005 lokusunda, en fazla allel sayısı 33 ile HEL13 lokusunda olmak üzere toplam 247 allel, lokus başına ortalama allel sayısının 21 olduğu belirtilmiştir (Sun 2007). Toplam etkili allel sayısı 142.622 iken, ortalama etkili allel sayısı 11.885 olarak tespit edilmiştir. Gözlenen heterozigotluk 0.784 (INRA005) – 0.977 (BM315) aralığında olup ortalama 0.911 olarak belirlenmiştir. Beklenen heterozigotluk 0.795 (BM315) – 0.944 (HEL13) aralığında olup ortalama 0.904 olarak hesaplanmıştır. PIC değeri 0.765 (INRA005) – 0.942 (HEL13) aralığında olup lokus başına ortalama PIC 0.896 olarak belirlenmiştir. Araştırmacılar ortalama F_{IS} değerini -0.007 olarak bulmuş ve 12 lokusta heterozigot eksikliğinin çok yüksek olmadığını, Hardy-Weinberg dengesinden sapmaların önemsiz olduğunu belirtmişlerdir. Çalışmada bütün lokusların yüksek oranda polimorfik ve kullanılan markerlerin yüksek oranda bilgi verici olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar yüksek düzeydeki varyasyonun Qinchuan ineklerinin Zebu sığırlarıyla melezlenmesinden kaynaklanabileceği belirtilmiştir.

Zhang vd. (2007) Çin'in yerli ırkları olan 27 yerli sarı sığır ırkı ile ithal edilmiş 3 sığır ırkında genetik çeşitliliği ve populasyonun yapısını değerlendirmek için 30 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Lokus başına ortalama allel sayısının ithal edilen ırklarda 6.885, yerli ırklarda 9.093 olduğu çalışmada toplam 480 allel tespit edilmiştir. Çin'in yerli ırklarında HEL1 lokusu dışında kalan bütün lokusların polimorfik olduğu belirlenmiştir. Çalışmada lokus başına allel sayısı 10 (BM1824) - 27 (TGLA122) aralığında belirlenmiştir. Araştırmacılar frekansları az olmasına rağmen yerli ırklarda 47 özgün allel tespit etmişlerdir. Çalışmada yerli ırklar için PIC değeri 0.636 (Fuzhou) – 0.769 (Jiaxian Red) aralığında; ortalama beklenen heterozigotluk 0.679 (Hainan) – 0.802 (Jiaxian Red) aralığında; ortalama gözlenen heterozigotluk ise 0.608 (Hainan) – 0.762 (Nanyang) aralığında bulunmuştur. Çin'in yerli ırklarında belirlenen toplam varyasyonun % 92'sinin ırk içi, % 8'inin ise ırklar arası farklılıktan kaynaklandığı; ithal edilen ırklarda belirlenen toplam varyasyonun % 93.4'ünün ırk içi, % 6.6'sının ise ırklar arası farklılıktan kaynaklandığı belirlenmiştir.

Dadi vd. (2008) Etopya'nın dokuz yerli sığır ırkı (Fogera, Adwa, Ogaden, Danakil, Raya-Azebo, Arsi, Horro, Ambo, Boran, Sheko) ile Holştayn ırkında genetik çeşitliliği değerlendirmek için 30 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Toplam 292 allelin belirlendiği çalışmada ortalama lokus başına en az allel sayısı 6.93 ile Sheko, en fazla allel sayısı ise 7.50 ile Adwa populasyonunda belirlenmiştir. Oniki mikrosatellit bölgesinde toplam 16 özgün allel gözlenmiş ancak bu allellerin görülme sıklığı

olduğu için ırk belirleyici özelliklerinin olmadığı belirtilmiştir. Gözlenen heterozigotluk 0.638 – 0.714 aralığında beklenen heterozigotluk ise 0.700 – 0.735 aralığında bulunmuştur. Araştırmacılar 38 populasyon-lokus kombinasyonunun Hardy-Weinberg dengesinden saptığını belirlemişlerdir. Etopya'nın yerli sığırlarında belirlenen toplam varyasyonun % 97.8'inin populasyon içi, % 1.3'ünün populasyonlar arası farklılıktan kaynaklandığı belirtilmiştir. Çalışmada F₁₅ değerlerinin düşük olmasına rağmen istatistiki açıdan önemli olmasının populasyonlar içindeki akrabalı yetiştirmeden kaynaklanabileceği öne sürülmüştür. En az genetik mesafe Arsi ve Ambo populasyonları arasında, en fazla genetik mesafe ise Sheko ve Sanga populasyonları arasında bulunmuştur. Yapılan kümeleme analizinde Etopya'nın yerli sığır ırkları arasında Sheko populasyonunun diğer populasyonlardan ayrıldığı, Holştayn populasyonunun ise diğer bütün populasyonlardan belirgin bir şekilde ayrıldığı raporlanmıştır. Araştırmacılar bütün populasyonlarda belirlenen yüksek varyasyonun *Bos taurus* ve *Bos indicus*'tan köken alan sığırların birlikte yetiştirilmesinden ve kontrolsüz çiftleşmelerden kaynaklandığı öne sürmüşlerdir.

Sun vd. (2008) Çin'de yetiştirilen Qinchuan (QC), Nanyang (NY), Jiashian (JX), Luxi (LX), Bohai (BH), Jinnan (JN), Chinese Holstein (CH) ve Yanbian (YB) sığır populasyonlarında 12 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Toplam 352 allelin belirlendiği çalışmada lokus başına allel sayısı 8.33 – 21.33 aralığında bulunmuştur. En az allel sayısı 21 ile INRA005 ve HEL1 lokuslarında, en fazla allel sayısı ise 40 ile HEL13 lokusunda belirlenmiştir. Çalışmada belirlenen toplam 61 özgün allelden 25 tanesinin QC populasyonuna özgü olduğu belirtilmiştir. Gözlenen heterozigotluk 0.78 – 0.95 aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.86 – 0.93 aralığında belirlenmiştir. Çalışmada belirlenen toplam varyasyonun % 4'ünün populasyonlardan, % 96'sının ise bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığı belirtilmiştir. Araştırmacılar PIC değerinin 0.82 – 0.89 aralığında olduğunu ve bütün lokusların yüksek oranda bilgi verici olduğunu bildirmişlerdir. Yapılan kümeleme analizinde 8 populasyonun 3 farklı gruba ayrıldığı belirlenmiştir. Birinci grup YB, CH ve BH populasyonlarından; ikinci grup QC, LX ve JN populasyonlarından; üçüncü grup ise JX ve NY populasyonlarından oluşmuştur. Araştırmacılar bu kümeleme analizinin sonucunun populasyonların coğrafik bölgeleriyle uyumlu olduğunu öne sürmüşlerdir.

Chaudhari vd. (2009) Hindistan'da yetiştirilen Kenkatha ve Gaolao sığır populasyonlarında 25 mikrosatellit marker kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Kenkatha populasyonunda toplam 197 allelden altısının, Gaolao populasyonunda ise toplam 239 allelden ondördünün özgün olduğu belirlenmiştir. Kenkatha populasyonunda gözlenen heterozigotluk 0.47, beklenen heterozigotluk 0.62; Gaolao populasyonunda gözlenen heterozigotluk 0.53, beklenen heterozigotluk 0.68 olarak belirlenmiştir. Nei'nin standart genetik mesafe değerine göre iki populasyon arasındaki genetik mesafenin 0.0852 olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar Gaolao populasyonunda % 21.21, Kenkatha populasyonunda ise % 22.48 oranında heterozigotluk kaybının olduğunu ve bu populasyonlar arasındaki genetik farklılığın çok düşük olduğunu bildirmişlerdir.

Rehman ve Khan (2009) Pakistan'da yetiştirilen Haryana ve Hissar sığır populasyonlarında mikrosatellit markerler kullanarak genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Çalışılan 30 mikrosatellitten 27 tanesinin polimorfik olduğu bildirilmiştir. Toplam 128 allelin belirlendiği çalışmada ortalama lokus başına allel

sayısının Haryana popülasyonunda 4.59, Hissar popülasyonunda ise 4.37 olduğu bildirilmiştir. Gözlenen allel sayısının Haryana popülasyonunda 2 – 7 aralığında, Hissar popülasyonunda ise 3 – 6 aralığında olduğu belirlenmiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk sırasıyla Haryana popülasyonunda 0.51-0.67 olarak, Hissar popülasyonunda ise 0.47-0.63 olarak bulunmuştur. F_{IS} değerinin Haryana ve Hissar popülasyonu için sırasıyla 0.252 - 0.259 olarak tespit edildiği çalışmada araştırmacılar Haryana popülasyonunun % 25.2, Hissar popülasyonunun ise % 25.9 oranında heterozigot eksikliği gösterdiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar heterozigot eksikliğinin çiftleştirme yöntemi, seleksiyon veya null alleller gibi birden fazla nedenden kaynaklanabileceğini öne sürmüşlerdir. Çalışmada Haryana ve Hissar popülasyonlarının ortak bir yetiştirme alanına sahip olmasına rağmen genetik olarak birbirinden farklı oldukları belirtilmiştir.

Özşensoy (2011) 20 farklı mikrosatellit marker ile Türkiye’de yetiştirilen Güney Anadolu Kırmızısı (GAK), Yerli Kara (YK), Boz Irk (BOZ), Yerli Güney Sarısı (YGS), Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) ve Zavot (ZAV) sığır ırklarında genetik karakterizasyon ve filogenetik ilişkileri incelemiştir. Çalışmada toplam 266 farklı allel gözlemlenmiş ve her marker için tespit edilen ortalama allel sayısının 6.90 ile 10.65 arasında değiştiği belirtilmiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk düzeyleri, popülasyon bazında sırasıyla 0.691-0.763 (BOZ-YGS) ile 0.740-0.804 (ZAV-YGS) değerleri arasında değiştiği belirlenmiştir. Hesaplanan genel F_{IS} değerlerinin 0.018-0.110 arasında değiştiği, F_{IS} değerlerinin ZAV popülasyonunda önemsiz ($P>0.05$), ancak diğer popülasyonlarda istatistiki bakımdan önemli olduğu bildirilmiştir. Çizilen NJT’ler ve FCA analizi değerlendirildiğinde tüm popülasyonların yetiştiriciliği yapılan bölgeler ile uyumlu olduğu belirlenmiştir. GAK, YGS ve YK popülasyonları arasında bir karışımın olduğu ve birbirlerine yakın kümelenedikleri; DAK, ZAV ve BOZ popülasyonlarının ise ayrı konumlarda kümelenedikleri bildirilmiştir. Özellikle BOZ ve ZAV popülasyonlarının diğer yerli popülasyonlardan tamamen farklı yapıda olduğu bildirilmiştir.

El-Sayed vd. (2016) Mısır’ın Farafra ve Siwa vahalarında yetiştirilen iki yerli ırk popülasyonunda genetik çeşitliliği sekiz mikrosatellit marker kullanarak değerlendirmişlerdir. Farafra ve Siwa popülasyonlarında F_{IS} değerlerinin çok yüksek (0.69 ve 0.83), genetik farklılaşmanın ise orta dereceli (0.13) olduğu belirtilmiştir. Çalışmada F_{IS} değerinin 0.40’ın üzerinde olduğu popülasyonlarda ırkların yok olma bakımından kritik konumda oldukları vurgulanmıştır. Siwa popülasyonunda tespit edilen 22 allelden 4 tanesinin, Farafra popülasyonunda ise tespit edilen 29 allelden 11 tanesinin özgün allel olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar tespit edilen özgün allellerin ırkları ayırt etmede kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Devi vd. (2017) Punganur sığır ırkında genetik çeşitliliği ve ırkların darboğazdan geçip geçmediğini araştırmak için 17 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Toplam 115 allelin belirlendiği çalışmada ortalama gözlenen allel sayısı ve ortalama etkili etkili allel sayısı sırasıyla 6.76 ve 3.83 olarak bulunmuştur. Araştırmacılar F_{IS} değerinin (0.51) yüksek olmasına rağmen yapılan analizlerin sonucuna göre popülasyonun darboğazdan geçmediğini raporlamışlardır.

Bin vd. (2016) Çin’in Qinling-Bashan dağlık bölgesinde yetiştirilen 4 sığır ırkında (Xizhen, Chiya, Yunba ve Xuanhan) genetik çeşitliliği araştırmak için 12 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Çalışmada yine Çin’de yetiştiriciliği yapılan Shuxuan ve Jiaxian Red popülasyonları kontrol grubu olarak kullanılmışlardır. Heterozigotluğun yüksek

bulunduğu çalışmada araştırmacılar, bütün lokusların polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. 11 özgül allelin belirlendiği çalışmada 41 allel bütün popülasyonlarda ortak bulunmuştur. Yapılan kümeleme analizinde ırkların üç gruba ayrıldığı belirtilmiştir. Birinci grubu Yunba, Xuanhan ve Xizhen; ikinci grubu Chiyave Jiaxian Red; üçüncü grubu ise Shuxuan ırkı tek başına oluşturmuştur. Araştırmacılar Qinling-Bashan dağlık bölgesinde genetik çeşitliliğin fazla olduğunu ve üzerinde çalışılan 4 farklı sığır ırkının aynı coğrafyada yetiştirilmesine rağmen birbirinden belirgin bir şekilde farklı olduklarını gözlemişlerdir. Ayrıca söz konusu bölgede genetik çeşitliliğin belirlenmesinde 12 mikrosatellit markerin kullanılmasının yeterli olduğu belirtilmiştir.

Suh vd. (2014) dört yerli Kore sığır ırkında (Hanwoo, Chikso, Heugu ve Jeju black) genetik çeşitliliği, akrabalığı ve popülasyonların yapısını ortaya koymak için 30 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Siyah Alaca ve Charolais ırkları kontrol grubu olarak çalışmada kullanılmıştır. Araştırmacılar Heugu ve Jeju black popülasyonlarında genetik çeşitliliğin düşük olduğunu bildirdikleri çalışmada yapılan faktöriyel uygunluk analizi ve kümeleme analizi sonuçlarına göre Kore'nin yerli ırkı olan dört sığır ırkının genetik olarak birbirinden farklı olduğunu ve Siyah Alaca ile Charolais popülasyonlarından belirgin bir şekilde ayrıldığı bildirilmiştir. Araştırmacılar buldukları sonuçların Kore'nin yerli sığır ırklarının hayvan genetik kaynağı olarak korunması ve denetlenmesinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Agung vd. (2016) 21 mikrosatellit marker kullanarak Simmental melezi sığırlarda genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Araştırmacılar bütün lokusların yüksek derecede polimorfik olduğunu ve elde edilen allellerin genetik mesafeye dayalı olarak popülasyonları gruplara ayırabildiğini raporlamışlardır. 12 lokus için P_{IC} değerinin 0.5'ten büyük ve heterozigotluğun 0.556-0.782 aralığında olduğu bildirilmiştir. P_{IC} değeri 0.893 olan TGLA53 lokusunun en polimorfik lokus olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar genetik mesafe değerlerine göre Simmental melezi-Agam ile Simmental melezi-Limapuluh alt popülasyonlarının genetik olarak saf Simmental popülasyonuna yakın olduğunu ve bu durumun söz konusu alt popülasyonların saf Simmental sığırlarıyla çiftleştirilerek ıslah yoluna gidildiğinden kaynaklanabileceğini bildirmişlerdir.

Nishimaki vd. (2013) sekiz Japanese Black alt popülasyonunda (Miyagi, Yamagata, Niigata, Gifu, Hyogo, Hirohima, Kagawa ve Oita) genetik çeşitliliği değerlendirmek için 52 mikrosatellit marker kullanmışlardır. Çalışmada diğer popülasyonlarla kıyaslandığında Hyogo popülasyonun önemli derecede düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar Hyogo alt popülasyonunda gözlenen düşük genetik çeşitliliğin bu popülasyonun tamamen kapalı yetiştirilmesinden ve az sayıda baba hattının kullanılmasından kaynaklanabileceğini bildirmişlerdir. Çalışmada Hyogo popülasyonunun diğer popülasyonlardan belirgin bir şekilde ayrıldığı halde Yamagata, Niigata, Hiroshima ve Kagawa popülasyonları arasında bir karışımın olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar bazı alt popülasyonların sayısında azalma olmasına rağmen genetik çeşitliliğin halen var olduğunu ve doğru çiftleştirme yöntemleriyle etkili popülasyon sayısının kontrol edilmesi gerektiğini bildirmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu çalışmada materyal olarak daha önce Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi (BAP) tarafından FBA-2017-2334 proje numarası ile desteklenen “Türkiye’de Yetiştirilen Bazı Sığır Irklarında Mastitis, Şap ve Tüberküloz Hastalıklarına Dirençle İlişkili Genlerdeki Polimorfizmlerin Belirlenmesi” isimli proje kapsamında toplanan kanlar kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan Boz Irk kan örnekleri Balıkesir ilinin Dursunbey ve Burhaniye ilçelerinde 3 farklı popülasyondan alınmıştır. Çalışmada kullanılan Yerli Kara ırkına ait kanlar Eskişehir ve Antalya ilinden, Doğu Anadolu Kırmızısı kanları ise Erzurum ilinden temin edilmiştir. Çalışmada kullanılan Siyah Alaca ırkına ait kan örnekleri Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Süt Sığırcılığı işletmesinde bulunan hayvanlardan alınmıştır. Kan örneklerinin alımında seçilen bireylerin birbiriyle akraba olmamalarına dikkat edilmiştir.

Kan örnekleri DNA izolasyonu yapılmaya kadar -20 °C’de muhafaza edilmiştir.

3.1.1. Mikrosatellit lokusların belirlenmesi

Çalışmada daha önce yapılan çalışmalarla polimorfik olduğu belirlenmiş ve FAO tarafından sığır genetik çeşitlilik çalışmaları için tavsiye edilen 20 mikrosatellit lokus kullanılmıştır. Ayrıca seçilen lokusların farklı kromozomlar üzerinde olmasına özen gösterilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslara ait bilgiler

İsim	Kromozom	Primer Sekansı (5’-3’)	Annealing Sıcaklığı (°C)	Genbank Erişim Numarası	Allel Genişliği (bp)
TGLA227	18	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	50	...	75-105
INRA032	11	AAACTGTATTCTCTAATAGCAC GCAAGACATATCTCCATTCTTT	50	X67823	160-204
ILSTS006	7	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	55	L23482	277-309
CSRM60	10	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGCATAG	55	...	79-115
INRA063	18	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG	50	X71507	167-189
HEL1	15	CAACAGCTATTTAACAAGGA AGGCTACAGTCCATGGGATT	54	X65202	99-119
CSSM66	14	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	58	...	171-209
ILSTS005	10	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAAGC	51	L23481	176-194
MM12	9	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT	52	Z30343	101-145
ETH3	19	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	65	Z22744	103-133
HAUT24	22	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA	50	X89250	104-158

Çizelge 3.1.’in devamı

INRA037	10	GATCCTGCTTATATTTAACCAC AAAATTCCATGGAGAGAGAAAC	50	X71551	112-148
ETH185	17	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCAG	65	Z14042	214-246
SPS115	15	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	55	FJ828564	131-159
SPS113	10	CCTCCACACAGGCTTCTGACTT CCTAACTTGCTTGAGTTATGCCC	58	...	134-158
INRABERN172	26	CCACTTCCCTGTATCCTCCT GGTGTCTCCATTGTGTAGAC	58	...	234-256
ILSTS087	6	AGCAGACATGATGACTCAGC CTGCCTCTTTCTTGAGAG	58	L37279	135-155
ILSTS011	14	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	58	L23485	250-300
BM6444	2	CTCTGGGTACAACACTGAGTCC TAGAGAGTTCCCTGTCCATCC	65	G18444	118-200
DRBP1	23	ATGGTGCAGCAGCAAGGTGAGCA GGGACTCAGTCTCTCTCTCTTTG	58	M55069	195-229

3.1.2. Kullanılan cihaz ve aletler

DNA izolasyonu ve PCR işlemi Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü Biyometri ve Genetik Ana Bilim Dalı Genetik Laboratuvarı’nda yürütülmüştür. Ancak mikrosatellit bölgeleri içeren PCR ürünlerinin büyüklüklerinin belirlenmesi Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü Genetik Laboratuvarı’nda bulunan otomatik kapiller fragment analiz cihazı (Fragment Analyzer – ADVANCED ANALYTICAL, USA) kullanılarak yapılmıştır.

Çalışma kapsamında kullanılan araç ve gereçlerin listesi Çizelge 3.2’de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışma kapsamında kullanılan araç ve gereçlerin listesi

Kullanılan Cihaz	Kullanım amacı
pH metre (Thermo ORION 3 STAR)	DNA izolasyonu ve elektroforez tamponlarının pH' larının ayarlanmasında (Zootekni Böl. Genetik Lab.)
Otoklav (Nüve OT 020V)	Kullanılan malzemelerin ve çözeltilerin sterilizasyonunda (Zootekni Böl. Genetik Lab.)
Sıcak Su Banyosu (Memmert)	DNA izolasyonunda (Zootekni Böl. Genetik Lab.)
Isıtıcı Manyetik Karıştırıcı (YellowLine MSH basic)	DNA izolasyonu için gerekli çözeltilerin hazırlanmasında (Zootekni Böl. Genetik Lab.)
Çalkalayıcı-Vortex (YellowLine, TTS2)	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonunda (Zootekni Böl. Genetik Lab.)

Çizelge 3.2.'nin devamı

Kullanılan Cihaz	Kullanım amacı
Santrifüj (Hettich MIKRO 200)	DNA izolasyonu (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Hassas Terazi (SHIMADZU BX320H)	DNA izolasyonu için tampon çözeltilerin hazırlamada ve jel için agaroz tartılmasında (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Gradient Thermal Cycler 96 örnek. (Thermo-Artk)	PCR ile istenilen lokusların çoğaltılması (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Yatay Agaroz Jel Elektroforez Takımları (BIO-RAD)	DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin tespit edilmesinde (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Güç Kaynakları (BIO-RAD PowerPac Basic)	Jel elektroforezi için voltaj ve zamanın ayarlanmasında (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Jel Görüntüleme ve Analiz Sistemi (Kodak Gel Logic 212)	DNA izolasyonu ve PCR sonuçlarının görüntülenmesinde (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Mikro Dalga Fırını (Arçelik MD 553)	Agaroz jellerin hazırlanması (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Buzdolabı (Beko BK8450T)	Örnekler ile bazı sarf malzemelerin saklanması (Zootečni Böl. Genetik Lab.)
Derin Dondurucu (Beko 797DF)	

3.2. Metot

3.2.1. Kandan DNA izolasyonu

Bu çalışmada genomik DNA molekülünün izolasyonunda Miller vd. (1988) tarafından bildirilen DNA izolasyon protokolü uygulanmıştır.

1. -20 °C'de muhafaza edilen kan örnekleri çözülene kadar oda sıcaklığında (24–25 °C) bekletilmiştir.
2. Her bir kan örneğinden 50 µl alınarak 1,5 ml'lik ependorf tüp içine konulmuştur.
3. Örneklerin üzerine 1.000 µl **Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.3) ilave edilmiş ve kısa bir süre vorteksle iyice karıştırılarak 10 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir.
4. Bekletme süresinin sonunda örnekler 3.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.
5. Ependorf tüplerin üst kısmında toplanan sıvı kısım (süpernatant) dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır.

6. Dipte kalan peletlerin (hücre kısmı) rengi gözlenerek peletlerin rengi beyaz olana kadar Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi ile tekrar (ortalama 2-3 defa) muamele edilmiştir.
7. Peletlerin üzerine 1.000 µl **Fizyolojik Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.3) eklenmiş ve kısa bir süre karıştırılmıştır.
8. Örnekler 3.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiş ve santrifüj sonunda sıvı kısım dikkatli bir şekilde tekrar uzaklaştırılmıştır.
9. Peletlerin üzerine 600 µl **Lisis TE Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.3) eklenmiş ve peletlerin iyice çözünmesi sağlanmıştır.
10. Çözülen peletlerin üzerine 100 µl SDS solusyonu ve 5 µl proteinaz K (20 mg/ml) eklenerek hafifçe karıştırılmış ve 65 °C’de 1,5 saat su banyosunda tutulmuştur. İnkübasyon süresince her 15 dakikada bir hafifçe karıştırılmıştır.
11. İnkübasyondan çıkarılan örneklerin üzerine 200 µl **6M NaCl Çözeltisi** (Çizelge 3.3) eklenmiş ve 15 dk vorteksle iyice karıştırılmıştır.
12. Örnekler 10.000 rpm de 10 dk santrifüj edilmiştir.
13. Santrifüj sonunda üstte kalan ve DNA moleküllerini içeren sıvı kısım yeni bir ependorf tüp içine konulmuştur.
14. Örnekler 10.000 rpm de 5 dk tekrar santrifüj edilmiş ve yine üstte kalan sıvı kısım yeni bir ependorf tüp içine alınmıştır.
15. Örnekler üzerine örnek hacminin iki katı hacimde (yaklaşık 1.000 µl) %99,9’luk saf etil alkolden (–20 °C’de saklanan) ilave edilmiştir.
16. Etil alkol ilave edildikten sonra ependorf tüpü DNA iplikçikleri kümeleşinceye kadar 10-15 kez hafifçe karıştırılmıştır.
17. Kümeleşen DNA iplikçiklerinin tüpün dibine çökmesi için tüp 10.000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.
18. Santrifüj sonunda etil alkol uzaklaştırılarak tüpün dibine çökmüş olan DNA peletinin üzerine 1.000 µl %70’lik etil alkol ilave edilerek 10.000 rpm de 5 dk santrifüj edilmiştir.
19. Santrifüj işleminden sonra tüpün üstünde yer alan alkol uzaklaştırılmıştır.
20. Tüp içindeki alkolün tamamen uzaklaşmasını sağlamak amacıyla örnekler çeker ocak içinde kurumaya bırakılmıştır.
21. Tamamen kuruyan örnekler üzerine 100 µl **TE Tampon Çözeltisi** (Çizelge 3.3) ilave edilmiş ve DNA peletinin çözülmesi için bir gece buzdolabında +4 °C’de bekletilmiştir.
22. Örneklerden izole edilen genomik DNA moleküllerinin tek parça olup olmadıklarının (kırılıp kırılmadığı) kontrolleri %1’lik agaroz jel kullanılarak yapılmıştır.

Çizelge 3.3. DNA ekstraksiyonu için kullanılan tampon çözeltilerin molaritesi/miktarı ve içerikleri

Tampon Çözelti	Molarite/Miktar	İçerik
Eritrosit Lisis Tampon Çözeltisi	0,32 M	Sukroz
	10 mM	EDTA
	5 mM	MgCl ₂
Fizyolojik Tampon Çözeltisi	75 mM	NaCl
	25 mM	EDTA

Çizelge 3.3.'ün devamı

Lisis TE Tampon Çözeltisi	500 mM	Tris-HCl
	20 mM	EDTA
	10 Mm	NaCl
TE Tampon Çözeltisi	10 mM	Tris
	1mM	EDTA
6M NaCl Çözeltisi	3.57 gr	NaCl
	10 ml'ye tamamlanır	Deiyonize H ₂ O

3.2.2. DNA miktar ve kalitesinin kontrolü

DNA örneklerinin başarılı bir şekilde izole edildiğini belirlemek için %1'lik agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz jelin hazırlanmasında 1 gr agaroz, 100 ml 1X TAE (Tris-Acetate-EDTA) ve 4 µl Etidyum Bromür kullanılmıştır. Karışım homojen bir yapı kazanana kadar mikrodalga fırında kaynatılmış ve tarak eklendikten sonra, jel halini alana kadar oda sıcaklığında bekletilmiştir. Katılaştıran jelden tarak dikkatlice çıkarıldıktan sonra elektroforez tankına alınmış ve üzerini tamamen kapatacak miktarda 1X TAE solüsyonu eklenmiştir. 5 µL DNA örneği 2 µL 6X Loading Dye ile karıştırıldıktan sonra kuyulara yüklemiş ve 100 V/h elektroforez işlemine tabi tutulmuştur. İzole edilen DNA örnekleri kullanılıncaya kadar -20 °C' saklanmıştır.

3.2.3. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

PCR reaksiyonu ve programının optimize edilmesi için az sayıda örnek kullanılarak deneme PCR'lar kurulmuştur. Bu denemeler sonucunda bütün mikrosatellit lokuslarında kullanılan PCR reaksiyonu ve programı Çizelge 3.4 ve Çizelge 3.5'de gösterilmiştir. 50 ng/µl DNA, 3 µl 10X Buffer, 3 µl dNTPs (Adenin, Timin, Guanin, Sitozin), 1.9 µl HQ Buffer, 0.5 µl primer çifti, 0.3 µl Taq DNA Polimeraz ve 17.8 µl H₂O'dan oluşan PCR reaksiyonu 0.2 ml'lik tüplere alınmıştır. Mikrosatellit lokusların çoğaltılmasında Eppendorf Master Gradient Thermal Cycler cihazı kullanılmıştır.

Çizelge 3.4. Mikrosatellit lokusların PCR reaksiyonu

Bileşenler	Miktar	Marka
H ₂ O	17.8 µl	-
10X Buffer	3 µl	GeneAll
DNTPs	3 µl	Thermo
HQ Buffer	1.9 µl	GeneAll
Forward Primer	0.5 µl	Oligomer
Reverse Pimer	0.5 µl	Oligomer
Taq DNA Polimeraz	0.3 µl	GeneAll
DNA	3 µl	-

Çizelge 3.5. Mikrosatellit lokusların çoğaltma koşulları

Aşamalar	Sıcaklı	Süre	Döngü sayısı
1. Aşama	94 °C’de	10 dakika	1 döngü
2. Aşama	94 °C’de Çizelge 3.1 72 °C’de	40 saniye 40 saniye 40 saniye	30 döngü
3. Aşama	72 °C’de	10 dakika	1 döngü

3.2.4. PCR ürünlerinin görüntülenmesi

Polimeraz zincir reaksiyonu tekniğiyle çoğaltılan mikrosatellit lokusların belirlenmesinde %2’lik agaroz jeller kullanılmıştır. Agaroz jelin hazırlanmasında 2 gr agaroz, 100 ml 1X TAE (Tris-Acetate-EDTA) ve 4 µl Etidyum Bromür kullanılmıştır. Karışım homojen bir yapı kazanana kadar mikrodalga fırında kaynatılmış ve tarak eklendikten sonra jel halini alana kadar oda sıcaklığında bekletilmiştir. Katılaştan jelden tarak dikkatlice çıkarıldıktan sonra elektroforez tankına alınmış ve üzerini tamamen kapatacak miktarda 1X TAE solüsyonu eklenmiştir.

PCR ürünleri jele yüklenmeden önce yükleme boyasıyla (loading dye) boyanmıştır. Bu amaçla 10 µl PCR ürünü ile 2 µl yükleme boyası karıştırılmış ve örnekler kuyucuklara yüklenmiştir. Bantların büyüklüğünü belirlemek için ilk kuyucuğa 50 bp aralıklarla bantlar veren 3 µl standart marker yüklenmiş ve örnekler 80 V elektrik akımında yürütülmüştür.

Elektroforez işleminden sonra elde edilen bantlar görüntüleme cihazında UV ışık altında görünür hale getirilmiş ve bant büyüklükleri belirlenmiştir. Ekonomik kayıpların önüne geçmek için fragment analizine başlamadan önce tüm PCR ürünleri agaroz jelde görüntülenmiştir.

3.2.5. Fragment analizi

Çalışmada Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan 4 sığır ırkından toplam 120 örnek 20 mikrosatellit marker bakımından incelenmiştir. Fragment analiz aşaması otomatik kapiller fragment analiz cihazı kullanılarak yapılmıştır. Çalışmada 35-500 bp aralığında okuma yapabilen Advanced Analytical DNF-900 kiti kullanılmış ve belirlenen bant uzunlukları bilgisayara kaydedilmiştir. Çalışmada PCR işlemi her lokus için ayrı ayrı yapılmış ancak fragment analizi aşamasında lokuslar ikili gruplar halinde fragment analiz cihazına yüklenmiştir. Ayarlanan ikili lokusların allel genişlikleri göz önünde bulundurularak allel genişliği birbiriyle çakışmayan 10 grup oluşturulmuştur. Bu amaçla ayarlanan 10 grup Çizelge 3.6’de gösterilmiştir. Her bir kuyucukta iki farklı lokusa ait 6 µl (3 µl + 3 µl) PCR ürünü 50 µl dillution buffer ile karıştırılmış ve cihaza yüklenmiştir.

Çizelge 3.6. Fragment analizi için uygulanan multipleks gruplar

Grup Adı	Lokus	Bant Genişliği
Grup 1	TGLA227	75-105
	INRA032	160-204
Grup 2	CSRM60	79-115
	INRA063	167-189
Grup 3	HEL1	99-119
	CSSM66	171-209
Grup 4	ILSTS087	135-155
	DRBP1	195-229
Grup 5	BM6444	118-200
	INRABERN172	234-256
Grup 6	ILSTS011	250-300
	HAUT24	104-158
Grup 7	SPS115	234-258
	ETH3	103-133
Grup 8	MM12	101-145
	ILSTS006	277-309
Grup 9	SPS113	134-158
	ETH185	214-246
Grup 10	INRA037	112-148
	ILSTS005	176-194

3.2.6. İstatistiksel analiz

Populasyonlarda genetik varyasyon değişik parametreler ile ölçülebilir. Gen frekansları (allelık varyasyon) ve heterozigotluk değerleri populasyonlar içindeki ve arasındaki genetik varyasyonun belirlenmesinde kullanılan parametrelerdir. Mikrosatellit çalışmalarında genetik varyasyon tespiti için genellikle allel genişlikleri (AG), allel sayısı (Na) ve etkili allel sayısı (Ne), gözlenen heterozigotluk (Ho), beklenen heterozigotluk (He) en çok kullanılan parametrelerdir. Çalışmada bu parametrelerin yanı sıra lokusların genetik varyasyonu göstermedeki gücünün bir göstergesi olan polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri de hesaplanmıştır.

Populasyonlarda akrabalığın artması çalışılan lokus ya da lokuslar bakımından Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmaya yani homozigotluğun artmasına yol açmaktadır. Hardy-Weinberg genetik dengesinden sapmalar homozigotlaşma indeksi (F , *fixation index*) olarak ifade edilmektedir. Aynı tür ya da ırka ait farklı populasyonlar (alt populasyonlar - subpopulation) arasındaki genetik çeşitliliğin incelenmesinde fiksasyon indeksleri kullanılmaktadır. Wright (1965) tarafından geliştirilen fiksasyon indeksleri ya da F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) populasyonların genetik yapısının tanımlanmasında kullanılan en yaygın parametrelerdir. Wright (1965) tarafından geliştirilen bu metot daha sonraki yıllarda Nei (1977) tarafından genişletilmiştir. Günümüzde populasyonlar arası ve populasyon içi genetik farklılaşmanın değerlendirilmesinde bu parametreler halen yoğun şekilde kullanılmaktadır. Mevcut çalışma kapsamında populasyonlar içerisinde akrabalı yetiştirme katsayısı (F_{IS}) ve populasyonlar arasında F istatistikleri (F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST}) hesaplanmıştır.

Sığırlardan elde edilecek toplam genetik varyasyonun; ne kadarının ırklardan, ne kadarının bu ırklar içerisindeki populasyonlardan ne kadarının da populasyonlar içerisindeki bireylerden kaynaklandığını tespit etmek için Moleküler Varyans Analizi (Analysis of Molecular Variance, AMOVA) testi yapılmıştır.

Allel sayısı, özgün allel sayısı ve allel genişliklerinin hesaplanmasında CONVERT (Glaubitz 2004) paket programı kullanılmıştır. Ortalama allel sayısı, etkili allel sayısı, gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk ve F istatistiklerinin hesaplanmasında POPGENE (Yeh 1997), PIC değerlerinin hesaplanmasında Microsatellite Toolkit (Park 2001), akrabalı yetiştirme katsayılarının hesaplanmasında FSTAT v.1. 2 (Goudet 1995), AMOVA analizinde Arlequin (Excoffier vd 2006) paket programlarından yararlanılmıştır.

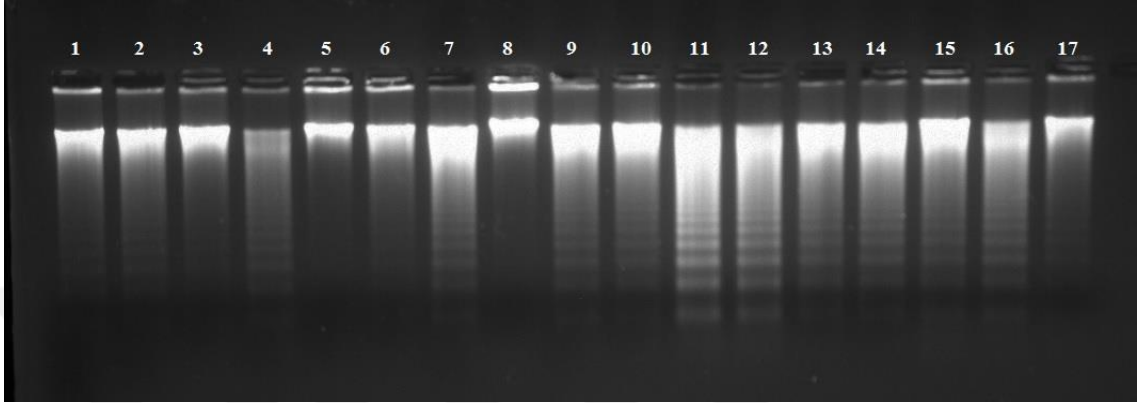
İrklar arasında ve ırklar içerisindeki populasyonlar arasında genetik benzerlik ya da farklılıklardan yararlanılarak yapılacak kümeleme analizlerinde UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean) dendogramı ve dendogramın güvenilirliğini belirten bootstrap testi, Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA, factorial correspondence analysis) yapılmıştır. Ayrıca mesafe temelli bu yöntemlerden farklı olarak bu yöntemlerin bazı eksikliklerini gideren Bayesian temelli genetik yapı analizi (Structure) yapılmıştır. Populasyonların yakın geçmişte yok olma riski geçirip geçirmediğini (darboğazdan geçme) belirlemek için Bottleneck analizi yapılmıştır.

Bu çalışmada UPGMA dendogramı POPGENE (Yeh vd 1997) paket programı ile oluşturulmuştur. FCA analizi için GENETIX v. 4.05 (Belkhir vd 2004), populasyonların genetik yapısı için Structure 2.2. (Pritchard vd 2000) programları kullanılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. DNA İzolasyon Sonuçları

Miller vd. (1988) tarafından bildirilen DNA izolasyon protokolünden elde edilen ve TE solüsyonu ile çözdürülen DNA örneklerinin görüntülenmesinde %1'lik agaroz jel kullanılmıştır.

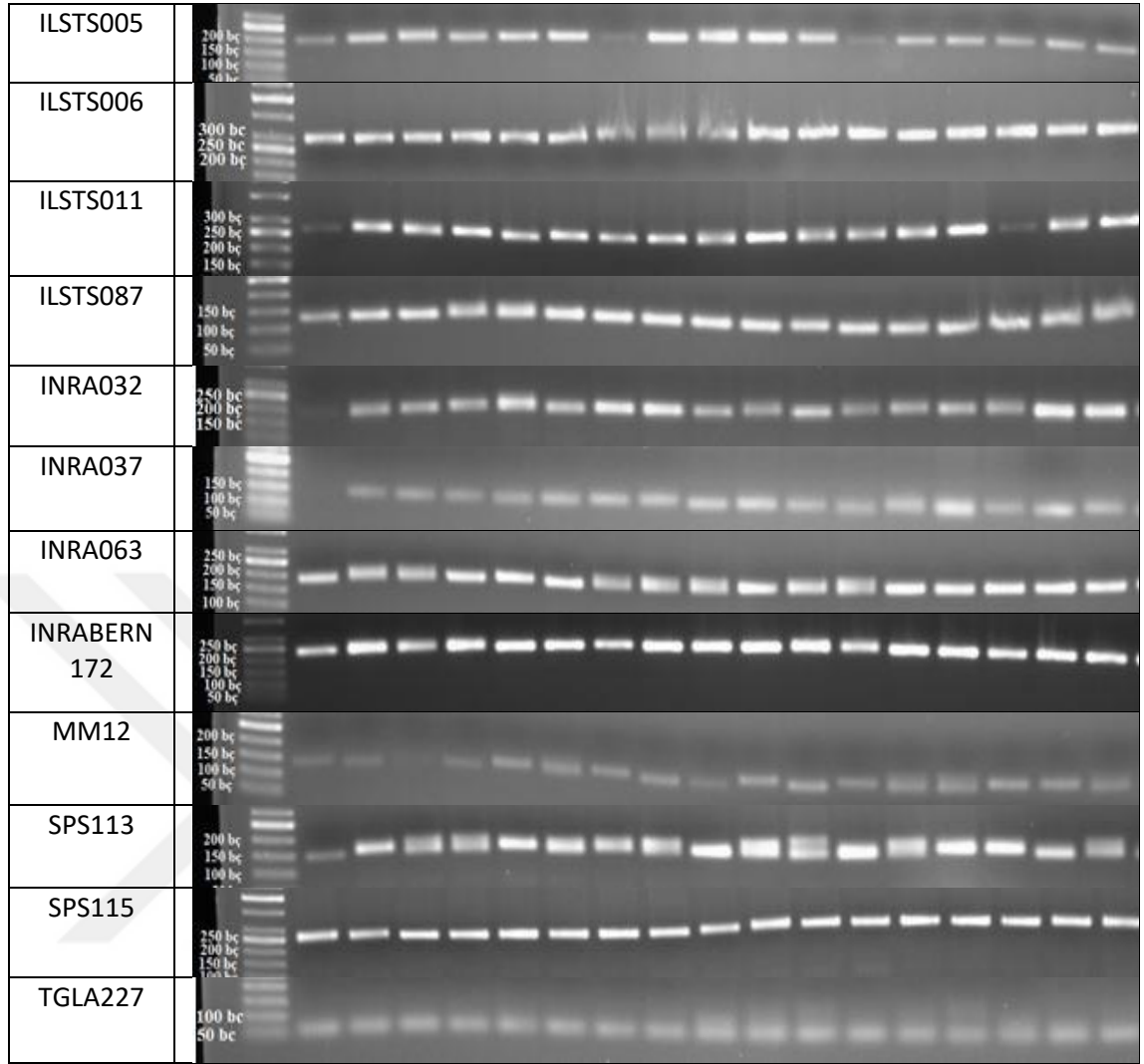


Şekil 4.1. Boz Irk örneklerinden izole edilen DNA'ların agaroz jel görüntüsü

4.2. PCR İşleminde Elde Edilen Bulgular

Çalışmada 20 mikrosatellit lokus ele alınmış ve bütün lokuslar %2'lik agaroz jelde görüntülenmiştir. Elde edilen bantların büyüklüklerinin belirlenmesinde 50 bp aralıklarla bant veren standart marker kullanılmıştır.

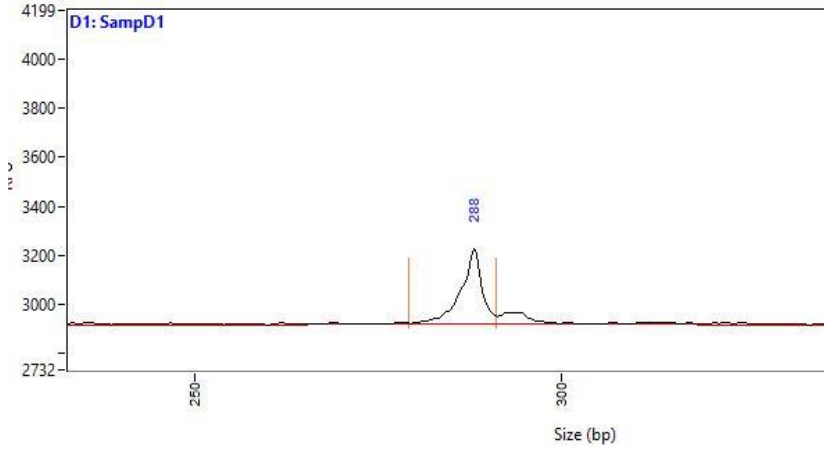
Lokus	Agaroz Jel görüntüsü
BM6444	
CSRM60	
CSSM66	
DRBP1	
ETH3	
ETH185	
HAUT24	
HEL1	



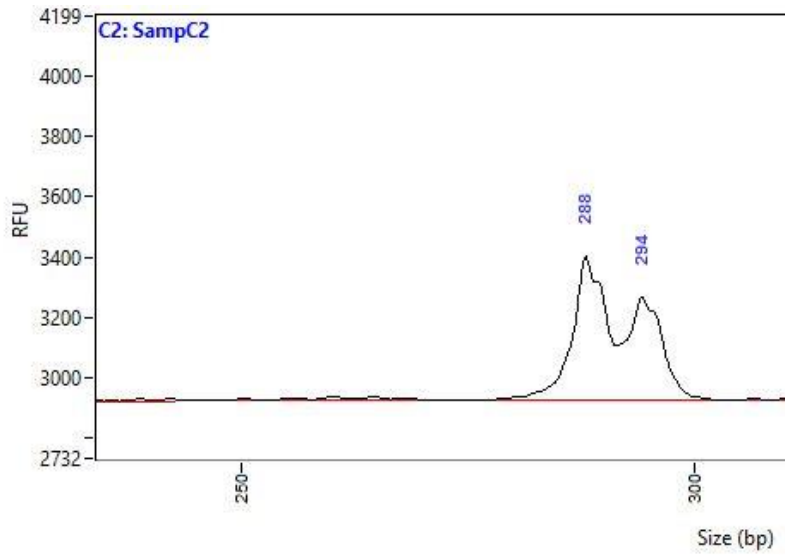
Şekil 4.2. Çoğaltılan mikrosatellit bölgelerine ait agaroz jel görüntüleri

4.3. Fragment Analizinden Elde Edilen Bulgular

Çalışmada 20 mikrosatellit bölgesine ait bant uzunluklarının belirlenmesinde otomatik kapiller fragment analiz cihazı kullanılmıştır. Kapiller fragment analiz cihazında bantlar pikler şeklinde elde edilmekte ve homozigot bireylerde bir pik değeri görülürken heterozigot bireylerde iki pik değeri görülmektedir. Bireyler elde edilen pik değerlerine göre genotiplendirilmiştir.



Şekil 4.3. ILSTS006 lokusunda homozigot bireye ait fragment analiz görüntüsü



Şekil 4.4. ILSTS006 lokusunda heterozigot bireye ait fragment analiz görüntüsü

4.4. Genetik Çeşitlilik Parametreleri

4.4.1. Tüm populasyonda genetik çeşitlilik parametreleri

Çalışmada 4 farklı sığır ırkında 20 mikrosatellit lokus ile çalışılmış ve toplam 204 allel gözlemlenmiştir. Bütün lokuslar ele alındığında BI populasyonunda toplam 159, DAK populasyonunda toplam 143, YK populasyonunda toplam 170, SA populasyonunda ise toplam 142 allel belirlenmiştir. Lokus başına ortalama allel sayısı BI populasyonunda 7.95, DAK populasyonunda 7.15, YK populasyonunda 8.5, SA populasyonunda ise 7.1 olarak hesaplanmıştır. En fazla allel sayısı ETH185 (17) lokusunda, en az allel sayısı ise TGLA227 (5) lokusunda tespit edilmiştir. Lokus başına düşen ortalama allel sayısı 10.2, ortalama etkili allel sayısı 5.163 olarak gözlemlenmiştir.

Çizelge 4.1. Bütün populasyonda çalışılan mikrosatellit lokuslar bakımından allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F_{IS}
BM644	120	144-164	11	4.672	0.967	0.789	0.765	-0.260
CSRM60	119	88-112	12	6.863	0.622	0.858	0.837	0.219
CSSM66	111	170-192	12	7.218	0.478	0.865	0.848	0.407
DRBP1	119	224-234	6	2.363	0.303	0.579	0.537	0.415
ETH3	98	104-126	9	3.751	0.388	0.737	0.706	0.408
ETH185	107	204-240	17	8.605	0.608	0.888	0.873	0.306
HAUT24	102	108-128	10	5.443	0.539	0.820	0.793	0.296
HEL1	109	108-122	8	6.121	0.844	0.841	0.816	-0.072
ILSTS005	113	176-192	9	3.112	0.354	0.682	0.644	0.421
ILSTS006	110	282-298	9	5.425	0.518	0.819	0.790	0.332
ILSTS011	120	264-282	10	7.419	0.983	0.869	0.850	-0.168
ILSTS087	120	119-137	9	3.151	0.942	0.686	0.629	-0.407
INRA032	116	160-204	14	6.266	0.922	0.844	0.822	-0.135
INRA037	87	116-140	9	4.954	0.356	0.803	0.769	0.527
INRA063	117	173-189	9	4.525	0.701	0.782	0.751	0.061
INRABERN172	119	236-250	8	2.280	0.311	0.564	0.532	0.384
MM12	87	114-134	11	3.768	0.333	0.739	0.701	0.510
SPS113	120	140-168	16	10.868	0.867	0.912	0.901	0.002
SPS115	118	240-258	10	3.410	0.542	0.710	0.688	0.205
TGLA227	120	44-68	5	3.058	0.975	0.676	0.614	-0.501
Ort.			10.200	5.163	0.628	0.773	0.743	0.138
St. Sapma			2.949	2.241	0.252	0.099		

Çalışmada ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.628 ve 0.773 olarak belirlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk değerleri 0.303 (DRBP1) ile 0.983 (ILSTS011) aralığında değişirken, beklenen heterozigotluk 0.564 (INRABERN172) ile 0.912 (SPS113) aralığında değişmiştir. En yüksek heterozigotluk değeri 0.983 ile ILSTS011 lokusunda, en az heterozigotluk değeri ise 0.303 ile DRBP1 lokusunda gözlemlenmiştir.

Çalışmada hesaplanan PIC değerleri 0.532-0.901 aralığında değişmiştir. En yüksek PIC değeri 0.901 ile SPS113 lokusunda, en düşük PIC değeri ise 0.532 ile INRABERN172 lokusunda tespit edilmiştir. PIC değerinin 0.5'in üzerinde olması kullanılan markerin yüksek oranda, 0.75'in üzerinde olması ise çok yüksek oranda bilgi verici olduğunu ve genetik çeşitlilikle genetik haritalama çalışmalarında kullanılabileceğini ifade etmektedir (Botstein vd. 1980). Bu çalışmada bütün ırklar bir arada değerlendirildiğinde kullanılan 20 mikrosatellit markerin polimorfik ve bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı olarak ifade edilen F_{IS} değeri -0.501 (TGLA227) ile 0.527 (INRA037) arasında değişmiştir. Ortalama F_{IS} değeri 0.138 olarak hesaplanmıştır.

Çalışmada elde edilen toplam allel sayısı (204) Tapio (2006) vd. yaptığı çalışma (204) ile benzer bulunmuştur. Özkan (2005)'in yaptığı çalışmada elde edilen allel sayısı (102), mevcut çalışmadan düşük bulunmuştur. Bu durumun Özkan (2005)'nin daha az mikrosatellit marker (7) ile çalışmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Özşensoy (2011) ise yaptığı çalışmadan toplam 266 allel belirlemiştir. Özşensoy (2011)'un mevcut çalışmadan daha fazla allel sayısı belirlemesinde çalıştığı ırk ve birey sayısının fazla olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Mevcut çalışmada bütün lokuslar değerlendirildiğinde ırk seviyesinde elde edilen ortalama allel sayısı yerli ırklarda SA ırkına göre yüksek bulunmuştur. Özkan (2005) da yaptığı çalışmada yerli ırklarda elde edilen ortalama allel sayısı kültür ırklarından yüksek bulunmuştur.

Çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk değeri (0.628) Nishimaki (2013) ve Suh (2014)'in yaptığı çalışmaya (0.675-0.667) yakın bulunurken; Pandey (2006)'in Kherigarh sığırlarında yaptığı genetik çeşitlilik çalışmasında bildirilen değerden (0.574) yüksek bulunmuştur. Mevcut çalışmada beklenen ortalama heterozigotluk değeri (0.773) Dadi (2008) ve Suh (2014)'in yaptığı çalışmada bildirilen değerlere (0.726-0.733) yakın, Sun (2008)'in bildirdiği değerden (0.90) küçük, Tapio (2006) ve Agung (2016)'nin yaptığı çalışmada bildirilen değerlerden (0.662-0.685) ise yüksek bulunmuştur. Özkan (2005) ve Özşensoy (2011)'un Türkiye'nin yerli ırklarını da kapsayan tez çalışmalarından elde edilen ortalama gözlenen heterozigotluk değerleri (0.715-0.702) mevcut çalışmadan yüksek bulunmuştur. Mevcut çalışmadan elde edilen ortalama beklenen heterozigotluk değeri ise Özkan'ın yaptığı çalışma ile benzer (0.767) bulunurken Özşensoy'un yaptığı çalışmadan (0.904) düşük bulunmuştur.

Çalışmada bütün lokus ve populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde elde edilen ortalama PIC değeri (0.743) Suh vd. (2014)'in Kore'nin yerli sığır ırklarında ve Pandey vd. (2006)'in Hindistan'ın Kherigarh sığır ırkında bildirdiği değerden (0.691-0.669) yüksek bulunurken; Sun vd. (2008)'nin Çin'in yerli ırklarında (0.870), Sun vd. (2007)'nin Qinchuan sığır ırkında bildirdiği değerden (0.896) düşük bulunmuştur. Özşensoy (2011)'un 20 mikrosatellit marker kullanarak Türkiye'de yetiştirilen yerli sığır ırklarında yaptığı çalışmada elde ettiği ortalama PIC değeri (0.75) ile mevcut çalışmadan elde edilen değer benzerdir.

Bütün ırklar ve mikrosatellit lokuslar birlikte değerlendirildiğinde elde edilen F_{IS} değeri (0.138), Kim vd. (2002) tarafından Çin'in yerli ırklarında yaptıkları çalışmadan elde ettikleri F_{IS} değerine (0.121) yakın bulunmuştur.

4.4.2. Lokus bazında genetik çeşitlilik parametreleri

4.4.2.1. BM6444 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

BM6444 mikrosatellit lokusunda 144-164 bç aralığında toplam 11 farklı allel tespit edilmiştir. BI ve SA populasyonlarında 8, DAK populasyonunda 10, YK populasyonunda ise 11 farklı allel bulunmuştur. 164 bç'lik allel sadece YK populasyonunda belirlenmiştir. BI populasyonunda 8 allel tespit edilmesine rağmen etkili allel sayısı 2.908 olarak tespit edilmiştir. 164 bç uzunluğundaki allel sadece YK populasyonunda gözlemlenmiştir. Beklenen heterozigotluk 0.067 (BI) ile 0.832 (SA), gözlenen heterozigotluk değeri 0.867 (BI) ile 1.000 (DAK, YK ve SA) aralığında değişmiştir. Bütün populasyonlarda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen

heterozigotluk değerinden yüksek bulunmuştur. BI populasyonunda homozigot bireyler tespit edilmesine rağmen DAK, YK ve SA populasyonuna ait bireylerin tamamının heterozigot genotipli olduğu tespit edilmiştir.

PIC değerinin 0.630 (BI) ile 0.797 (YK) aralığında değiştiği, BM6444 mikrosatellit markerinin bütün ırklarda polimorfizm gösterdiği ve bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı olarak tanımlanan F_{IS} değeri rastgele çiftleşen büyük populasyonlarda sıfır veya sıfıra yakın değerler almaktadır. F_{IS} değeri -1 ile +1 arasında değerler alabilmekte; negatif değerler heterozigot fazlalığını, pozitif değerler ise homozigot fazlalığını belirtmektedir. El-Sayed (2016)'nın bildirdiğine göre Simon ve Buchenauer (1993) F_{IS} değerinin 0.05'ten küçük olduğu durumlarda populasyonun tehlikede olmadığını, 0.05-0.15 aralığında olduğu durumlarda populasyonun tehlike potansiyeli taşıdığını, 0.15-0.25 aralığında olduğu durumlarda minimum seviyede yok olma tehlikesinde olduğunu ve 0.25-0.40 aralığında populasyonun yok olma tehlikesiyle karşı karşıya olduğunu belirtmektedir. Mevcut çalışmada F_{IS} değerleri BI, DAK, YK ve SA populasyonları için sırasıyla -0.306, -0.269, -0.207 ve -0.207 olarak tespit edilmiştir.

FAO, BM6444 mikrosatellit markerinin keçi ırklarında genetik çeşitliliğin belirlendiği çalışmalarda kullanılmasını tavsiye etmektedir. Ancak bu tez çalışmasında çalışılan bütün ırklarda BM6444 lokusunda yüksek heterozigotluk ve PIC değerleri tespit edilmiştir. Yerli ırklarımızda yapılacak genetik çeşitlilik analizlerinde BM6444 mikrosatellit markerinin kullanılabileceği belirlenmiştir.

4.4.2.2. CSRM60 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

CSRM60 lokusunda belirlenen toplam 12 farklı allelden 108 bç'lik allel sadece DAK populasyonunda, 110 ve 112 bç'lik alleller ise sadece YK populasyonunda gözlemlenmiştir. BI populasyonunda 8, YK populasyonunda 11, DAK ve SA populasyonlarında ise 7 allel belirlenmiştir. En az etkili allel sayısı (3.814) DAK populasyonunda, en fazla etkili allel sayısı ise (6.072) BI populasyonunda belirlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.367 (DAK) ile 0.867 (YK) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.750 (DAK) ile 0.850 (BI) aralığında hesaplanmıştır. BI, DAK ve SA populasyonunda beklenen heterozigotluk değeri gözlenen heterozigotluk değerinden yüksek bulunmuştur.

En düşük PIC değeri 0.706 ile DAK populasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.815 ile BI ve YK populasyonunda gözlemlenmiştir. CSRM60 mikrosatellit markerinin çalışılan bütün sığır ırklarında çok yüksek oranda bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

En düşük F_{IS} değeri -0.022 ile YK populasyonunda, en yüksek F_{IS} değeri ise 0.516 ile DAK populasyonunda belirlenmiştir. BI ve DAK populasyonunda heterozigot eksikliği tespit edilmiştir.

Chaudhari vd. (2009) Gaolao ve Kenkatha sığırlarında CSRM60 lokusunda allel genişliğini 86-118, Devi (2017) Punganur sığır ırkında allel genişliğini 76-114, Rehman

ve Khan (2009) ise Haryana ve Hisar sığırlarında allel genişliğini 79-115 aralığında bulmuşlardır. Bu çalışmada CSRM60 lokusunda gözlenen allel genişliği daha önce yapılan çalışmalar ile benzer bulunmuştur. Yerli sığır ırklarında elde edilen allel sayıları Rehman ve Khan (2009)'ın Haryana (4) ve Hisar (2) ırkında, Pandey vd. (2006)'nin Kherigarh (5) ırkında tespit ettiği allel sayılarından yüksek bulunmuştur. Özşensoy (2011)'un Türkiye'de yetiştirilen sığır ırklarında yaptığı çalışmada DAK populasyonunda elde edilen allel sayısı (7) mevcut çalışma ile aynı bulunmuş ancak BI (11) ve YK (13) ırkında elde edilen allel sayısı mevcut çalışmadan yüksek bulunmuştur.

Çalışmada CSRM60 mikrosatellit lokusunda elde edilen ortalama PIC değeri (0.83) Devi (2017)'nin Punganur sığırlarında genetik çeşitliliği incelediği çalışmada elde ettiği ortalama PIC değeri (0.84) ile benzer bulunurken, Özşensoy (0.72) ve Pandey vd. (2006)'nin bildirdiği değerden yüksek bulunmuştur. Çalışmada CSRM60 mikrosatellit markerinin yüksek oranda bilgi verici olduğu ve yerli sığır ırklarında yapılacak genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılabileceği belirlenmiştir.

4.4.2.3. CSSM66 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

CSSM66 mikrosatellit lokusunda 170-192 bç aralığında toplam 12 farklı allel belirlenmiştir. En az allel 7 ile DAK populasyonunda, en fazla allel ise 10 ile SA populasyonunda belirlenmiştir. 170 ve 172 bç'lik alleller sadece SA populasyonunda, 192 bç'lik allel ise sadece DAK populasyonunda gözlemlenmiştir. BI, DAK ve YK populasyonunda en sık görülen allel 174 bç'lik allel iken SA populasyonunda en sık görülen allel ise 182 bç'lik allel olmuştur.

En düşük gözlenen heterozigotluk 0.207 ile DAK populasyonunda, en yüksek gözlenen heterozigotluk ise 0.556 ile YK populasyonunda gözlemlenmiştir. Bütün populasyonlarda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen heterozigotluk değerinden düşük bulunmuştur.

Çalışılan bütün ırklarda yüksek polimorfizm gösteren CSSM66 markerinde PIC değeri 0.715 (DAK) ile 0.826 (SA) aralığında değişmiştir.

F_{IS} değeri BI, DAK, YK ve SA populasyonları için sırasıyla 0.438, 0.731, 0.186 ve 0.358 olarak hesaplanmıştır. Çalışılan bütün ırklarda heterozigot eksikliği belirlenmiştir.

Mevcut çalışmada CSSM66 lokusunda gözlenen allel genişliği (170-192), Rehman ve Khan (2009)'ın Haryana ve Hisar sığır ırkında (171-209), Agung vd. (2016) Simmental melezlerinde (171-209) ve Suh vd. (2014) Kore'nin yerli sığır ırklarında bildirilen aralıklar (177-201) arasında bulunmuştur. Çalışmada elde edilen allel sayısı (12) Suh vd. (2014) tarafından bildirilen değerle benzer (12) bulunurken, Rehman ve Khan (2009) tarafından bildirilen değerden (4) yüksek, Özşensoy (2011)'un Türkiye'nin yerli sığır ırklarında yaptığı çalışmada bildirilen değerden (14) ise düşük bulunmuştur. Yerli sığır ırklarında en fazla görülen allel 174 bç uzunluğuna sahipken Sun vd. (2007) Qinchuan sığır ırkında en sık görülen allelin 183 bç uzunluğuna sahip olduğunu bildirmişlerdir. CSSM66 mikrosatellit markerinde belirlenen ortalama PIC değeri (0.848) Suh vd. (2014) ve Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerlere benzer bulunmuştur (0.849-0.840). Yüksek PIC değerinin belirlendiği CSSM66 mikrosatellit markerinin Türkiye'de yetiştirilen sığır ırklarının genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılabileceği tespit edilmiştir.

Çizelge 4.2. Çalışılan ırklarda BM6444 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)											Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	144	146	148	150	152	154	156	158	160	162	164						
BI	.017	.133	.550	.067	.050	.117	.500	.017	0	0	0	8	2.908	0.867	0.667	0.630	-0.306
DAK	.033	.167	.383	.083	.050	.183	.033	.017	.033	.017	0	10	4.511	1.000	0.792	0.753	-0.269
YK	.033	.133	.317	.100	.083	.200	.067	.033	0	.017	.017	11	5.488	1.000	0.832	0.797	-0.207
SA	0	.050	.317	.150	0	.167	.033	.067	.117	.100	0	8	5.488	1.000	0.832	0.796	-0.207

Çizelge 4.3. Çalışılan ırklarda CSRM60 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)												Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	88	90	92	94	96	98	100	102	104	108	110	112						
BI	0	.017	.155	.052	.121	.138	.086	.259	.172	0	0	0	8	6.072	0.483	0.850	0.815	0.436
DAK	0	0	.183	.433	.150	0	.117	.050	.033	.033	0	0	7	3.814	0.367	0.750	0.706	0.516
YK	.017	.017	.283	.050	.150	.067	.150	.067	.167	0	.017	.017	11	6.040	0.867	0.849	0.815	-0.022
SA	.033	0	.183	0	.100	.033	.283	.317	.050	0	0	0	7	4.369	0.767	0.784	0.736	0.023

Çizelge 4.4. Çalışılan ırklarda CSSM66 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)												Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	170	172	174	176	178	180	182	184	186	188	190	192						
BI	0	0	.241	.111	.185	.148	.056	.185	.037	.019	.019	0	9	6.025	0.482	0.850	0.813	0.438
DAK	0	0	.414	.103	.035	.086	.017	0	0	0	.138	.207	7	3.958	0.207	0.750	0.715	0.731
YK	0	0	.321	.054	.071	.196	.107	.071	.036	.125	.018	0	9	5.444	0.679	0.831	0.795	0.186
SA	.037	.056	.074	.056	.222	.111	.259	.093	.074	.019	0	0	10	6.395	0.556	0.860	0.826	0.358

4.4.2.4. DRBP1 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

DRBP1 mikrosatellit lokusunda birbirinden farklı toplam 6 allel tespit edilmiştir. 224 bç'lik allel sadece DAK populasyonunda gözlemlenmiştir. BI, DAK ve YK populasyonunda 5, SA populasyonunda ise 4 allel tespit edilmiştir. Etkili allel sayısı 1.238 (SA) ile 3.696 (BI) aralığında değişmiştir. 230 bç'lik allelin bütün populasyonlarda yüksek frekansta görüldüğü belirlenmiştir.

Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri BI, DAK, YK ve SA populasyonları için sırasıyla 0.567-0.742, 0.200-0.573, 0.300-0.583 ve 0.138-0.195 olarak hesaplanmıştır. Yerli ırklarda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen heterozigotluktan düşük bulunmuştur.

Bütün ırklar bir arada değerlendirildiğinde polimorfizm gösteren DRBP1 markeri ($PIC=0,537$), çalışılan ırklar ayrı ayrı değerlendirildiğinde yerli ırklarda yüksek oranda ancak SA populasyonunda ise çok düşük oranda polimorfik olduğu tespit edilmiştir. Bu açıdan DRBP1 markeri yerli ırklarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanışlı olmasına rağmen SA ırkında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde yeterli değildir.

En yüksek F_{IS} değeri DAK populasyonunda (0.655), en düşük F_{IS} değeri SA populasyonunda (0.298) gözlemlenmiştir. Bütün populasyonlarda DRBP1 lokusu bakımından heterozigot eksikliği tespit edilmiştir.

Yapılan kaynak taramasında sığırlarda genetik karakterizasyon çalışmalarında DRBP1 lokusunun incelendiği bir çalışmaya ulaşılamamıştır. DRBP1 ve BoLA DRBP1 lokuslarının PCR yöntemiyle çoğaltılmasında kullanılan forward primerler ortak olmasına rağmen reverse primerlerde bir nükleotitlik farkın olduğu tespit edilmiştir. Mevcut çalışmada DRBP1 lokusunda 224-234 bç olarak belirlenen allel genişliği Qu vd. (2012) melez bir sığır ırkı olan BMY sığır ırkında 110-132 bç aralığında, Changadeya vd. (2012) Malawi zebu sığırlarında ise 118-142 bç aralığında belirlenmiştir. Qu vd. (2012) ve Changadeya vd. (2012) tarafından sırasıyla 11 ve 13 olarak bildirilen toplam allel sayısı mevcut çalışmada belirlenen değerden (6) yüksek bulunmuştur.

4.4.2.5. ETH3 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

ETH3 mikrosatellit lokusunda 104-126 bant aralığında 9 farklı allel belirlenmiştir. SA populasyonunda 4, BI populasyonunda 6, DAK ve YK populasyonunda ise 8 farklı allel tespit edilmiştir. 116 bç'lik allel bütün populasyonlarda yüksek frekanslarda hesaplanmıştır.

Gözlenen heterozigotluk 0.357 (YK ve SA) ile 0.435 (DAK) arasında, beklenen heterozigotluk ise 0.549 (BI) ile 0.812 (YK) aralığında değişmiştir.

En düşük PIC değerinin 0.506 ile BI populasyonunda, en yüksek PIC değerinin ise 0.771 ile YK populasyonunda belirlendiği bu çalışmada ETH3 markerinin çalışılan bütün ırklarda yüksek oranda polimorfik olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA populasyonu için sırasıyla 0.238, 0.379, 0.565 ve 0.456 olarak hesaplanmıştır. Bütün populasyonlarda heterozigot eksikliği belirlenmiştir.

ETH3 lokusunda gözlenen allel genişliği (104-126) Rehman ve Khan (2009), Sun vd. (2014), Mukesh vd. (2004)'nin yaptıkları çalışmalarla benzer bulunmuştur. Çalışmada ETH3 lokusunda elde edilen toplam allel sayısı (9) Qu vd. (2012)'nin BMY sığırlarında yaptığı çalışma (9) ile eşit, Rehman ve Khan (2009)'ın Haryana (4) ve Hisar (3) sığırları ile Suh vd. (2014)'nin Kore'nin yerli sığır ırklarıyla (7) yaptıkları çalışmadan yüksek, Devi vd. (2017)'nin Punganur sığırları (13) ve Özşensoy (2011)'un Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan sığırlarla (14) yaptığı çalışmadan ise düşük bulunmuştur.

Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri (0.388-0.737) Mukesh vd. (2004)'nin Sahiwal (0.04-0.04) ve Haryana (0.17-0.46) sığır ırkında bildirdikleri değerden yüksek, Özşensoy (2011)'un yerli sığır ırklarını kullanarak yaptığı tez çalışmasından (0.766-0.787) ise düşük bulunmuştur. Söz konusu çalışmada bütün ırklar bir arada değerlendirildiğinde ETH3 lokusu için belirlenen PIC değeri (0.706) Suh vd. (2014), Devi vd. (2017) ve Özşensoy (2011)'in yaptığı çalışmayla benzer bulunmuştur.

4.4.2.6. ETH185 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

Bu çalışmada ETH185 lokusu 17 farklı allel sayısı ile en fazla allelin belirlendiği lokus olmuştur. 204-240 bç aralığında allellerin gözlemlendiği lokusta 4 özgün allel belirlenmiştir. Bu özgün allellerden 240 bç uzunluğuna sahip olanı BI popülasyonunda, 218 ve 228 bç uzunluğuna sahip olanı YK popülasyonunda, 216 bç uzunluğuna sahip olanı ise SA popülasyonunda belirlenmiştir. DAK popülasyonunda ise özgün allel tespit edilmemiştir. 234 bç uzunluğunda olan allel bütün popülasyonlarda en sık görülen allel olmuştur. BI ve DAK popülasyonunda 11, YK popülasyonunda 14 ve SA popülasyonunda 12 farklı allel belirlenmiştir. Etkili allel sayısı 6.701 (BI) ile 9.324 (YK) aralığında değişmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.429 (BI) ile 0.897 (SA) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.866 (BI) ile 0.910 (YK) aralığında değişmiştir. Yerli ırklarda gözlenen heterozigotluk değerleri beklenen heterozigotluk değerlerinden düşük hesaplanmıştır.

PIC değerinin 0.834 (BI) ile 0.852 (DAK) aralığında değiştiği ve çalışılan bütün ırklarda ETH185 markerinin çok yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir.

F_{IS} değeri BI, DAK, YK ve SA popülasyonlarında sırasıyla 0.510, 0.393, 0.413 ve -0.028 olarak hesaplanmıştır. Yerli ırklarda heterozigot eksikliği belirlenmiştir.

ETH185 lokusunda belirlenen allel genişliği (204-240) Zhang vd. (2007) Çin'in yerli sığır ırklarında elde edilen allel genişliği (205-247) ile paralellik gösterdiği belirlenmiştir. Zhang vd. (2007) yaptığı çalışmada elde edilen toplam allel sayısı (19) mevcut çalışmada elde edilen toplam allel sayısından (17) yüksek bulunmuştur. Özşensoy (2011)'un yaptığı çalışmada ETH185 lokusunda toplam 16 allel belirlenmiş ancak en fazla allel sayısı 24 ile TGLA122 lokusunda belirlenmiştir. Çalışmada belirlenen PIC değeri (0.873) Özşensoy (2011)'un çalışmasından (0.770) yüksek bulunmuş ve ETH185 mikrosatellit markerinin genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılabileceği tespit edilmiştir.

Çizelge 4.5. Çalışılan ırklarda DRBP1 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akıbalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)						Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	224	226	228	230	232	234						
BI	0	.017	.300	.350	.133	.200	5	3.696	0.567	0.742	0.681	0.239
DAK	.017	0	.200	.617	.050	.117	5	2.290	0.200	0.573	0.519	0.655
YK	0	.033	.033	.583	.067	.283	5	2.341	0.300	0.583	0.513	0.489
SA	0	0	.035	.897	.017	.052	4	1.238	0.138	0.195	0.185	0.298

Çizelge 4.6. Çalışılan ırklarda ETH3 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akıbalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)								Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	104	108	114	116	118	120	124	126						
BI	.026	0	.026	.658	.053	.132	.105	0	6	2.149	0.421	0.549	0.506	0.238
DAK	.022	.087	.022	.348	0	.022	.435	.044	8	3.112	0.435	0.694	0.626	0.379
YK	0	.018	.179	.321	.196	.036	.143	.071	8	4.946	0.357	0.812	0.771	0.565
SA	0	0	0	.536	0	0	.125	.161	4	2.775	0.357	0.651	0.594	0.456

Çizelge 4.7. Çalışılan ırklarda ETH185 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akıbalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)																	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	204	206	208	212	216	218	220	222	224	226	228	230	232	234	236	238	240						
BI	0	.107	.036	.018	0	0	.036	0	.036	0	0	.179	.143	.250	.054	.125	.018	11	6.701	0.429	0.866	0.834	0.510
DAK	.042	.146	.063	0	0	0	.021	0	.063	.021	0	.146	.208	.146	.125	.021	0	11	7.481	0.542	0.885	0.852	0.393
YK	.019	.039	.058	.019	0	.019	.058	.039	.077	.096	.077	.115	.154	.192	.039	0	0	14	9.324	0.539	0.910	0.884	0.413
SA	.121	.155	.017	0	.017	0	.017	.017	.035	.052	0	.052	.138	.241	.138	0	0	12	7.008	0.897	0.872	0.842	-0.028

4.4.2.7. HAUT24 lokusunda çeşitlilik parametreleri

HAUT24 lokusunda 10 farklı allel tespit edilmiştir. BI, DAK, YK ve SA popülasyonunda toplam gözlenen allel sayısı ve etkili allel sayısı sırasıyla 8-5.597, 8-3.556, 8-4.663 ve 8-4.024 olarak hesaplanmıştır. 126 bç'lik allel sadece DAK popülasyonunda tespit edilmiştir.

Gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri BI, DAK, YK ve SA popülasyonunda sırasıyla 0.579-0.844, 0.482-0.732, 0.567-0.799 ve 0.539-0.766 olarak hesaplanmıştır. Bütün popülasyonlarda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen heterozigotluk değerinden düşük bulunmuştur.

Çalışılan bütün popülasyonlarda polimorfik olduğu belirlenen HAUT24 markerinde en düşük PIC değeri 0.694 ile DAK popülasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.801 ile BI popülasyonunda belirlenmiştir.

F_{IS} değeri 0.294 (YK) ile 0.347 (DAK) aralığında değişmiş ve bütün popülasyonlarda eksik heterozigotluğun varlığı belirlenmiştir.

Çalışmada 108-128 aralığında belirlenen allel genişliği Zhang vd. (2007) tarafından Çin'in yerli sığır ırklarında 102-130 aralığında, Suh vd. (2014) tarafından Kore'nin yerli sığır ırklarında 106-128 aralığında belirlenen allel genişliğine yakın bulunmuştur. Ancak Devi vd. (2017)'nin Punganur sığır ırkında yaptıkları çalışmada allel genişliğini 142-156 aralığında bulmuşlardır. Çalışmada belirlenen toplam allel sayısı Suh vd. (2014)'nin yaptığı çalışma (10) ile benzer, Devi vd. (2017)'nin yaptığı çalışmadan (7) yüksek bulunurken Zhang vd. (2007)'nin yaptığı çalışmadan (15) ise düşük bulunmuştur.

HAUT24 mikrosatellit lokusunda hesaplanan ortalama PIC değeri (0.793) yukarıda bahsedilen çalışmalardan yüksek bulunmuştur. Çalışılan bütün ırklarda yüksek oranda bilgi verici olan HAUT24 mikrosatellit markerinin Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan sığır ırklarında genetik çeşitliliğin ortaya konulmasında kullanılabileceği tespit edilmiştir.

4.4.2.8. HEL1 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

HEL1 mikrosatellit lokusunda 108-122 bç aralığında birbirinden farklı 8 allel tespit edilmiştir. BI popülasyonunda 8, diğer üç popülasyonda ise 7 allel belirlenmiştir. 122 bç uzunluğuna sahip olan allel sadece BI popülasyonunda gözlemlenmiştir. BI, DAK ve YK popülasyonunda en sık görülen allel 112 bç'lik allel iken SA popülasyonunda en sık görülen allel 116 bç'lik allel olmuştur. Etkili allel sayısı 4.327 (SA) ile 5.069 (BI) aralığında değişmiştir.

Çalışmada HEL1 mikrosatellit lokusu bakımından popülasyonlar seviyesinde elde edilen gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri birbirine yakın bulunmuştur. Gözlenen heterozigotluk 0.750 (DAK) ile 0.933 (YK) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.788 (SA) ile 0.822 (BI) aralığında değişmiştir.

Bütün popülasyonlarda polimorfik olduğu belirlenen HEL1 markerinde en düşük PIC değeri (0.739) SA popülasyonunda, en yüksek PIC değeri ise (0.778) BI popülasyonunda gözlemlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA populasyonlarında sırasıyla 0.016, 0.049, -0.168 ve -0.110 olarak hesaplanmıştır. YK ve SA populasyonlarında heterozigot fazlalığı gözlemlenmiştir.

HEL1 lokusunda belirlenen 108-122 bç allel genişliğinin Devi vd. (2017) (118-128) ile Sun vd. (2008)'nin bulduğu allel genişliği (101-145) ile uyumlu olduğu belirlenmiştir. Suh vd. (2014) allel genişliğini 102-122, Rehman ve Khan (2009) ise allel genişliğini 99-119 olarak hesaplamışlardır. HEL1 lokusunda belirlenen toplam allel sayısı Suh vd. (2014) tarafından 5, Rehman ve Khan (2009) tarafından 4, Pandey vd. (2006) tarafından 6, Devi vd. (2017) tarafından 4 olarak bildirilmiştir. Mevcut çalışmada belirlenen toplam allel sayısı (8) Suh vd. (2014), Rehman ve Khan (2009), Pandey vd. (2006) ve Devi vd. (2017) tarafından bildirilen değerlerden yüksek bulunmasına rağmen Sun vd. (2008)'nin Çin'in 8 farklı sığır ırkında belirlenen toplam allel sayısından (21) düşük bulunmuştur. Ayrıca Sun vd. (2007) toplam gözlenen allel sayısını Quinchuan sığır ırkında 15, Avrupa sığır ırklarında ise 9 olarak tespit etmişlerdir. Çalışmada 0.844 ve 0.841 olarak hesaplanan ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri Suh vd. (2014) tarafından 0.742-0.737, Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana populasyonunda 0.40-0.50 ile Hisar populasyonunda 0.40-0.56 olarak hesaplanmıştır. Sun vd. (2008)'nin Çinde yetiştirilen 8 sığır ırkında yaptıkları çalışmada HEL1 lokusunda ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri sırasıyla 0.94 ve 0.89 olarak hesaplanmıştır. Bütün ırklar bir arada değerlendirildiğinde HEL1 lokusunda 0.816 olarak belirlenen PIC değeri Suh vd. (2014) tarafından bildirilen PIC değerinden (0.690) yüksek, Sun vd. (2008) tarafından bildirilen PIC değerinden (0.85) ise düşük belirlenmiştir. Çalışılan bütün ırklarda polimorfizm gösteren HEL1 mikrosatellit markerinin Türkiye'de yetiştirilen sığır ırklarının genetik karakterizasyonu çalışmalarında kullanılabileceği tespit edilmiştir.

4.4.2.9. ILSTS005 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

ILSTS005 mikrosatellit lokusunda tespit edilen 9 allelden 182 bç uzunluğunda olanı bütün populasyonlarda en sık görülen allel olmuştur. BI ve DAK populasyonunda 7, YK populasyonunda 6 ve SA populasyonunda 5 allel belirlenmiştir. 186 ve 190 bç'lik alleller sadece DAK populasyonunda gözlemlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.207 (SA) ile 0.625 (BI) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.364 (SA) ile 0.807 (BI) aralığında olup gözlenen heterozigotluk değerleri beklenen heterozigotluk değerlerinden düşük bulunmuştur

ILSTS005 markerinde en düşük PIC değeri (0.340) SA populasyonunda, en yüksek PIC değeri ise (0.758) BI populasyonunda belirlenmiştir. Söz konusu markerin yerli ırklarda yüksek polimorfizm göstermesine rağmen SA ırkında orta derecede polimorfizm gösterdiği ve genetik çeşitliliği belirlemede yeterli olmadığı belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı 0.229 (BI) ile 0.569 (YK) aralığında belirlenmiş ve çalışılan ırklarda heterozigot eksikliğinin varlığı gözlemlenmiştir.

Çizelge 4.8. Çalışılan ırklarda HAUT24 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)										Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	108	110	112	114	118	120	122	124	126	128						
BI	0	.158	.079	.053	.079	.316	.053	.158	0	.105	8	5.597	0.579	0.844	0.801	0.320
DAK	0	.482	.056	0	.019	.093	.148	.093	.037	.074	8	3.556	0.482	0.732	0.694	0.347
YK	.033	.267	.017	0	.017	.267	.233	.117	0	.050	8	4.663	0.567	0.799	0.753	0.294
SA	.019	.192	0	0	.192	.077	.404	.058	.039	.019	8	4.024	0.539	0.766	0.719	0.301

Çizelge 4.9. Çalışılan ırklarda HEL1 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)								Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	108	110	112	114	116	118	120	122						
BI	.095	.024	.333	.119	.191	.143	.071	.024	8	5.069	0.810	0.822	0.778	0.016
DAK	.036	.054	.339	.036	.107	.250	.179	0	7	4.417	0.750	0.788	0.741	0.049
YK	.083	.067	.350	.183	.183	.033	.100	0	7	4.712	0.933	0.801	0.760	-0.168
SA	.017	.383	.033	.150	.167	.100	.150	0	7	4.327	0.867	0.782	0.739	-0.110

Çizelge 4.10. Çalışılan ırklarda ILSTS005 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)									Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	176	178	180	182	184	186	188	190	192						
BI	.021	.125	.250	.271	.229	0	.063	0	.042	7	4.760	0.625	0.807	0.758	0.229
DAK	0	0	.233	.433	.217	.017	.050	.033	.017	7	3.409	0.333	0.719	0.661	0.540
YK	0	.067	.117	.500	.217	0	.083	0	.017	6	3.103	0.300	0.689	0.639	0.569
SA	.035	.086	.069	.793	.017	0	0	0	0	5	1.556	0.207	0.364	0.340	0.435

Zhang vd. (2007) Çin'in yerli sığır ırklarında ILSTS005 lokusunda allel genişliğini 174-196 bç, Rehman ve Khan (2009) Haryana ve Hisar ırkında allel genişliğini 176-194 bç olarak belirlemişlerdir. Mevcut çalışmada ILSTS005 lokusunda allel genişliği bahsedilen çalışmalara benzer bulunmuştur. Çalışmada tespit edilen toplam allel sayısı (9) Suh vd. (2014) tarafından 5, Rehman ve Khan (2009) tarafından 5, Pandey vd. (2006) tarafından 5, Mukesh vd. (2004) tarafından Haryana ve Deoni ırkında 5 olarak bildirilen değerden yüksek, Chaudhari vd. (2009)'nin Gaolao ırkında bildirdiği değerden (7) düşük bulunmuştur. Özkan (2005) yaptığı tez çalışmasında ILSTS005 lokusunda BI popülasyonunda 6, DAK popülasyonunda 4 ve YK popülasyonunda 5 allel gözlemlemiştir. Mevcut çalışmada çalışılan BI, DAK ve YK popülasyonlarında daha fazla allel gözlemlenmiştir. Mevcut çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk değeri (0.354) Özkan (2005)'in çalışmasında elde ettiği değerden (0.502) düşük bulunurken, beklenen heterozigotluk değeri (0.682) ise Özkan (2005)'in çalışmasında elde ettiği değerden (0.525) yüksek bulunmuştur. Çalışmada elde edilen PIC değeri (0.664) Pandey vd. (2006)'nin elde ettiği değer (0.666) ile benzer bulunurken Suh vd. (2014)'nin elde ettiği değerden (0.375) yüksek bulunmuştur.

4.4.2.10. ILSTS006 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

ILSTS006 lokusunda 282-298 bç aralığında toplam 9 farklı allel tespit edilmiştir. En fazla allel (9) BI popülasyonunda, en az allel (5) ise DAK popülasyonunda belirlenmiştir. Etkili allel sayısı 3.995 (SA) ile 5.851 (BI) aralığında değişmiştir. BI ve YK popülasyonlarında 292 bç uzunluğundaki allel, DAK popülasyonunda 292 bç uzunluğundaki allel, SA popülasyonunda ise 286 bç uzunluğundaki allel en sık görülen allel olmuştur.

Gözlenen heterozigotluk BI, DAK, YK ve SA popülasyonları için sırasıyla 0.500. 0.379. 0.615 ve 0.593 olarak hesaplanmıştır. Beklenen heterozigotluk değerleri gözlenen değerlerden daha yüksek olup 0.764 (SA) ile 0.844 (BI) aralığında değişmiştir.

ILSTS006 markerinde PIC değeri 0.708 (SA) ile 0.809 (BI) aralığında değişmiş ve SA popülasyonunda yüksek oranda, yerli ırklarda ise çok yüksek oranda bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı 0.227 (SA) ile 0.513 (DAK) aralığında değişmekle birlikte çalışılan bütün ırklarda heterozigot eksikliği belirlenmiştir.

Çizelge 4.11. Çalışılan ırklarda ILSTS006 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)									Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	282	284	286	288	290	292	294	296	298						
BI	.018	.107	.161	.179	.286	.071	.054	.107	.018	9	5.851	0.500	0.844	0.809	0.412
DAK	0	.172	.155	.155	.138	.379	0	0	0	5	4.153	0.379	0.773	0.724	0.513
YK	.019	0	.154	.231	.308	.192	.058	.039	0	7	4.678	0.615	0.802	0.754	0.236
SA	0	.037	.333	.037	.259	.259	.019	.037	.019	8	3.995	0.593	0.764	0.708	0.227

Çizelge 4.12. Çalışılan ırklarda ILSTS011 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)										Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	264	266	268	270	272	274	276	278	280	282						
BI	0	.133	.033	.117	.217	.133	.083	.050	.167	.067	9	7.200	0.933	0.876	0.846	-0.067
DAK	.017	.117	.033	.017	.200	.250	.033	0	.200	.133	9	5.660	1.000	0.837	0.800	-0.198
YK	.017	.117	.050	.150	.117	.183	.050	.117	.133	.067	10	8.036	1.000	0.890	0.863	-0.125
SA	0	0	.017	.233	.200	.050	.017	.167	.250	.067	8	5.202	1.000	0.822	0.780	-0.222

Çizelge 4.13. Çalışılan ırklarda ILSTS087 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)									Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	119	121	123	125	127	129	133	135	137						
BI	.017	.083	.483	.250	.050	.050	.017	.050	0	8	3.214	0.800	0.701	0.651	-0.145
DAK	.017	.067	.383	.367	.167	0	0	0	0	5	3.186	0.967	0.698	0.628	-0.395
YK	.033	.083	.383	.367	.083	.033	0	0	.017	7	3.358	1.000	0.714	0.653	-0.410
SA	0	.017	.400	.483	.033	.067	0	0	0	5	2.504	1.000	0.611	0.521	-0.656

ILSTS006 lokusunda 282-298 bç aralığında belirlenen allel genişliği Mukesh vd. (2004) tarafından Shiwal, Haryana Ve Deoni sığır ırkında 276-296 bç aralığında, Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana ve Hisar sığır ırkında 277-309 bç aralığında, El-Sayed vd. (2016) tarafından Mısır'ın yerli sığır ırklarında 277-309 bç aralığında, Suh vd. (2014) tarafından Kore'nin yerli sığır ırklarında ise 277-303 aralığında belirlenmiştir. Türkiye'de yapılan çalışmalar değerlendirildiğinde Özkan (2005) ILSTS006 lokusunda allel genişliğini 283-303 bç aralığında, Özşensoy (2011) ise allel genişliğini 278-306 bç aralığında belirlemiştir. Mevcut çalışmanın daha önce yapılan çalışmalarla benzer olduğu belirlenmiştir. Çalışmada gözlenen toplam allel sayısı (9) Özkan (2005) ve Özşensoy (2011)'un yaptığı çalışmadan düşük bulunurken Pandey vd. (2006), Rehman ve Khan (2009), El-Sayed vd. (2016) ve Suh vd. (2014) tarafından bildirilen değerlerden yüksek bulunmuştur. Çalışmada 0.790 olarak belirlenen ortalama PIC değeri Özşensoy (2011) tarafından 0.71, Pandey vd. (2006) tarafından 0.692, Suh vd. (2014) tarafından 0.686 olarak bildirilmiştir. Çalışılan bütün ırklarda yüksek oranda bilgi verici olan ILSTS006 mikrosatellit markerinin ülkemizde yetiştirilen sığır ırklarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılabileceği tespit edilmiştir.

4.4.2.11. ILSTS011 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

ILSTS011 mikrosatellit lokusunda 264-282 bç aralığında 10 farklı allel gözlemlenmiştir. BI ve DAK popülasyonunda 9, YK popülasyonunda 10, SA popülasyonunda ise 8 allel tespit edilmiştir. ILSTS011 lokusunda özgün allel gözlemlenmemiştir. Etkili allel sayısı 5.202 (SA) ile 8.036 (YK) aralığında değişmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.933 (BI) ile 1.000 (DAK, YK ve SA) aralığında gözlemlenmiştir. DAK, YK ve SA popülasyonunda homozigot bireylere rastlanmamıştır. Beklenen heterozigotluk değerleri gözlenen heterozigotluk değerlerinden yüksek bulunmuştur.

En düşük PIC değeri 0.780 ile SA popülasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.863 ile YK popülasyonunda belirlenmiş ve ILSTS011 markerinin çalışılan bütün ırklarda çok yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA popülasyonunda sırasıyla -0.067, -0.198, -0.125 ve -0.222 olarak hesaplanmıştır. DAK, YK ve SA popülasyonlarında heterozigot fazlalığı belirlenmiştir.

ILSTS011 mikrosatellit lokusunda gözlenen 264-282 bç'lik allel genişliği Zhang vd. (2007) tarafından Çin'in yerli sığır ırklarında yapılan çalışmada 252-286 bç olarak belirlenmiştir. Bu iki çalışmadan farklı olarak Mukesh vd. (2004) allel genişliğini Shiwal, Haryana ve Deoni popülasyonlarıyla yaptıkları çalışmada 250-270 bç aralığında, El-Sayed vd. (2016) Mısır'ın yerli sığır ırklarında 240-270 bç aralığında, Chaudhari vd. (2009) Gaolao ve Kenkatha popülasyonunda 260-272 bç aralığında bulmuşlardır. Çalışmada gözlenen toplam allel sayısı (10) Mukesh vd. (2004), Pandey vd. (2006), El-Sayed ve Chaudhari vd. (2009) tarafından bildirilen değerlerden yüksek ancak Hussain vd. (2016) tarafından Pakistan'ın yerli sığır ırklarında (21) ve Zhang vd. (2007) tarafından Çin'in yerli sığır ırklarında (14) bildirilen değerden düşük bulunmuştur. Çalışmada 0.850 olarak belirlenen ortalama PIC değeri Hussain vd. (2016) tarafından 0.86 olarak bildirilmiştir.

4.4.2.12. ILSTS087 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

ILSTS087 mikrosatellit lokusunda 119-137 bç aralığında toplam 9 allel tespit edilmiştir. DAK ve SA populasyonunda 5, YK populasyonunda 7, BI populasyonunda 8 allelin gözlemlendiği çalışmada etkili allel sayısı 2.504 (SA) ile 3.358 (YK) aralığında değişmiştir. 133 ve 135 bç uzunluğundaki allel sadece BI populasyonunda, 137 bç uzunluğundaki allel ise sadece YK populasyonunda tespit edilmiştir. 123 ve 125 bç uzunluğundaki alleller bütün ırklarda yüksek frekansta gözlemlenmiştir.

Beklenen heterozigotluk değerleri gözlenen heterozigotluk değerlerinden düşük bulunmuştur. Beklenen heterozigotluk değeri 0.611 (SA) ile 0.714 (YK) aralığında, gözlenen heterozigotluk değeri ise 0.800 (BI) ile 1.000 (YK ve SA) aralığında değişmiştir. YK ve SA populasyonunda çalışılan bütün bireylerin heterozigot genotipli olduğu tespit edilmiştir.

ILSTS087 markerinde en düşük PIC değeri (0.521) SA ırkında belirlenmiş ve çalışılan bütün ırklarda yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA populasyonu için sırasıyla -0.145, -0.395, -0.410 ve -0.656 olarak hesaplanmış ve bütün populasyonlarda heterozigot fazlalığının olduğu gözlemlenmiştir.

Yapılan kaynak taramasında sığırlarda ILSTS087 mikrosatellit markerinin kullanılarak genetik çeşitliliğin belirlendiği bir çalışmaya ulaşılamamıştır. Ramamorthy vd. (2006) Tellicherry keçilerinde ILSTS087 mikrosatellit lokusunda allel genişliğini 112-120 bç aralığında, gözlenen allel sayısını ise 5 olarak bildirmişlerdir. Bulut vd. (2016) ülkemizin 8 yerli keçi ırkında yaptıkları çalışmada ise ILSTS087 lokusunda allel genişliğini 135-155 bç aralığında, gözlenen allel sayısını ise 10 olarak bildirmişlerdir. Kaynak taramasında sığırlarda ILSTS087 mikrosatellit markerinin genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılmadığı halde mevcut çalışmada söz konusu markerin polimorfik olduğu ve ülkemizde yetiştirilen yerli sığır ırklarında genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılabileceği tespit edilmiştir.

4.4.2.13. INRA032 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

INRA032 mikrosatellit lokusunda 160-204 bç aralığında 14 farklı allel belirlenmiştir. 160, 170 ve 202 bç uzunluğunda olan alleller sadece BI populasyonunda, 190 bç uzunluğunda olan allel ise sadece DAK populasyonunda tespit edilmiştir. Yerli ırklarda en sık görülen allel 180 bç uzunluğunda iken SA populasyonunda en sık görülen allel 184 bç uzunluğunda olan allel olmuştur. En fazla allel BI populasyonunda (14), en az allel ise SA populasyonunda (6) gözlemlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk değerleri beklenen heterozigotluk değerlerinden yüksek olup 0.833 (SA) ile 1.000 (DAK) aralığında değişmiştir. DAK populasyonuna ait bütün bireylerin heterozigot genotipli olduğu belirlenmiştir.

INRA032 markerinde yerli ırklarda PIC değeri SA ırkından daha yüksek bulunmuştur. Irk bazında 0.746 (SA) ile 0.864 (BI) aralığında değişen PIC değerinin

belirlendiği markerin çalışılan bütün ırklarda çok yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı olarak ifade edilen F_{IS} değeri -0.238 (DAK) ile 0.053 (SA) aralığında değişmiştir.

Çalışmada INRA032 mikrosatellit lokusunda 160-204 bç aralığında gözlenen allel genişliği Rehman ve Khan (2009)'ın Haryana ve Hisar sığırlarında yaptığı çalışmadan elde ettiği değer (160-204) ile benzer bulunmuştur. Zugaj (2011) Polonya'nın 4 yerli sığır ırkında allel genişliğini 176-186 bç aralığında, Zhang vd. (2007) Çin'in yerli sığır ırklarında 150-202 bç aralığında, Devi vd. (2017) Punganur sığır ırkında 194-204 bç aralığında, Suh vd. (2014) Kore'nin 4 yerli sığır ırkında 175-187 bç aralığında bulmuşlardır. Çalışmada belirlenen toplam allel sayısı (14) Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana (3) ve Hisar (4) ırkında, Zugaj (2011) tarafından Polonya'nın yerli sığır ırklarında (6), Devi vd. (2017) tarafından Punganur sığır ırkında (5), Tapio vd. (2006) tarafından Avrupa sığır ırklarında (12), Suh vd. (2014) tarafından Kore sığır ırklarında (7) ve Hussain vd. (2016) Pakistan'nın yerli sığır ırklarında (10) bildirilen gözlenen toplam allel sayısından fazla bulunurken Zhang vd. (2007) tarafından Çin'in yerli sığır ırklarında (16) gözlenen toplam allel sayısından düşük bulunmuştur. Çalışmadan yerli sığır ırklarımızda frekansı en yüksek olan 180 bç'lik allel Zugaj (2011) tarafından Polonya'nın 4 yerli sığır ırkında da frekansı en yüksek allel olarak bildirilmiştir. Mevcut çalışmada yüksek oranda polimorfizm gösteren INRA032 mikrosatellit markerinde 0.82 olarak belirlenen ortalama PIC değeri Devi vd. (2017) tarafından 0.56, Suh vd. (2014) tarafından 0.658, Hussain vd. (2016) tarafından 0.59 olarak belirlenmiştir.

4.4.2.14. INRA037 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

INRA037 mikrosatellit lokusunda 116-140 bç aralığında 9 farklı allel tespit edilmiştir. Gözlenen allel sayısı ve etkili allel sayısı BI, DAK, YK ve SA popülasyonları için sırasıyla 4-2.562, 6-4.730, 8-5.189 ve 7-4.493 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada belirlenen iki özgün allelden 136 bç uzunluğunda olanı YK, 140 bç uzunluğunda olanı ise SA popülasyonunda tespit edilmiştir.

Gözlenen heterozigotluk değerleri beklenen heterozigotluk değerlerinden düşük olup 0.143 (BI) ile 0.611 (DAK) aralığında hesaplanmıştır.

INRA037 markerinde en düşük PIC değeri 0.566 ile BI popülasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.782 ile YK popülasyonunda gözlemlenmiş ve çalışılan bütün ırklarda yüksek oranda bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Bütün popülasyonlarda heterozigot eksikliğinin belirlendiği bu çalışmada akrabalı yetiştirme katsayısının 0.252 (DAK) ile 0.781 (BI) aralığında olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.14. Çalışılan ırklarda INRA032 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)														Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	160	170	172	174	176	178	180	182	184	186	188	190	202	204						
BI	.019	.019	.019	.093	.074	.130	.204	.130	.056	.167	.037	0	.037	.019	13	8.055	0.963	0.892	0.864	-0.081
DAK	0	0	.017	.069	.017	.138	.310	.086	.259	.086	0	.017	0	0	9	4.933	1.000	0.811	0.770	-0.238
YK	0	0	0	.050	.183	.117	.317	.050	.200	.050	.017	0	0	.017	9	5.114	0.900	0.818	0.779	-0.102
SA	0	0	0	0	.133	.217	.150	.150	.333	0	.017	0	0	0	6	4.523	0.833	0.792	0.746	-0.053

Çizelge 4.15. Çalışılan ırklarda INRA037 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)									Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	116	118	120	122	124	126	128	136	140						
BI	0	0	0	.107	.571	.179	.143	0	0	4	2.562	0.143	0.632	0.566	0.781
DAK	.111	.056	0	.083	.222	.250	.278	0	0	6	4.730	0.611	0.811	0.756	0.252
YK	.074	.130	.019	.204	.315	.130	.111	.019	0	8	5.189	0.370	0.823	0.782	0.554
SA	0	.036	.018	.321	.196	.214	.179	0	.036	7	4.493	0.286	0.792	0.743	0.643

Çizelge 4.16. Çalışılan ırklarda INRA063 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)									Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	173	175	177	179	181	183	185	187	189						
BI	0	.283	.267	.033	.050	.183	.150	.017	.017	8	4.724	0.667	0.802	0.757	0.171
DAK	0	.483	.083	.167	.067	.200	0	0	0	5	3.197	0.800	0.699	0.646	-0.148
YK	.050	.200	.217	.133	.100	.233	.017	.033	.017	9	5.769	0.733	0.841	0.804	0.130
SA	0	.519	.148	.037	.148	.111	.037	0	0	6	3.050	0.593	0.685	0.638	0.137

INRA037 mikrosatellit lokusunda gözlenen allel genişliği (116-140) Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana ve Hisar sığır ırkında (112-148), Devi vd. (2017) tarafından Punganur sığır ırkında (112-146) bildirilen allel genişliklerine yakın bulunmuştur. Ancak Zugaj (2011) Polonya'nın 4 yerli sığır ırkında allel genişliğinin 120-146 bç aralığında, Suh vd. (2014) Kore'nin 4 yerli sığır ırkında ise 120-150 bç aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada belirlenen toplam 9 allel Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana (4) ve Hisar (5) sığır ırkında bildirilen allel sayısından fazla, Tapio vd. (2006) tarafından Avrupa sığır ırklarında bildirilen allel sayısından (18) az, Devi vd. (2017) tarafından Punganur sığır ırkında bildirilen allel sayısı (9) ile benzer bulunmuştur. Bütün ırklar bir arada değerlendirildiğinde elde edilen ortalama PIC değeri (0.769) daha önce yapılan çalışmalara benzer bulunmuştur. Devi vd. (2017) Punganur sığırlarında INRA037 mikrosatellit markerinde ortalama PIC değerini 0.80 olarak bildirmişlerdir.

4.4.2.15. INRA063 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

INRA063 mikrosatellit lokusunda 173-189 bç aralığında 9 farklı allel belirlenmiştir. Gözlenen allel sayısı 5 (DAK) ile 9 (YK) aralığında, etkili allel sayısı ise 3.050 (SA) ile 5.769 (YK) aralığında değişmiştir. 173 bç uzunluğundaki allel sadece YK popülasyonunda tespit edilmiştir. BI, DAK ve SA popülasyonunda 175 bç uzunluğundaki allel, YK popülasyonunda ise 183 bç uzunluğundaki allel frekansı en yüksek allel olmuştur.

Gözlenen heterozigotluk 0.593 (SA) ile 0.800 (DAK) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.685 (SA) ile 0.841 (DAK) aralığında değişmiştir.

En düşük PIC değerinin (0.646) DAK ırkında, en yüksek PIC değerinin ise (0.804) YK popülasyonunda belirlendiği bu çalışmada kullanılan INRA063 markerinin çalışılan bütün ırklarda polimorfik olduğu ve yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı -0.148 (DAK) ile 0.171 (BI) aralığında değişmiş ve BI, YK ve SA popülasyonlarında homozigot fazlalığı DAK popülasyonunda ise heterozigot fazlalığı belirlenmiştir.

INRA063 mikrosatellit lokusunda gözlenen allel genişliği (173-189) Rehman ve Khan (2009) tarafından Hissar ve Haryana sığır ırkında (167-189) ve Zhang vd. (2007) tarafından Çin'in yerli sığır ırklarında bildirilen allel genişliği (168-208) ile uyumlu bulunmuştur. Devi vd. (2017) Punganur sığır ırkında allel genişliğini 170-184 bç, Zugaj (2011) Polonya'nın 4 yerli sığır ırkında allel genişliğini 177-187 bç, Suh vd. (2014) Kore'nin 4 yerli sığır ırkında allel genişliğini 174-184 bç aralığında olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmada gözlenen toplam allel sayısı (9) Rehman ve Khan (2009), Devi vd. (2017), Zugaj (2011) ve Suh vd. (2014) tarafından bildirilen allel sayılarından yüksek bulunurken Zhang vd. (2007) INRA063 lokusunda toplam 13, Tapio vd. (2006) ise toplam 18 allel tespit etmişlerdir. Çalışmada 0.751 olarak belirlenen ortalama PIC değeri Devi vd. (2017) ve Suh vd. (2014) tarafından bildirilen değerlerden (0.39-0.652) yüksek bulunurken Hussain vd. (2016) tarafından Pakistanın yerli ırklarında belirlenen değerden (0.79) düşük bulunmuştur.

4.4.2.16. INRABERN172 lousunda genetik çeşitlilik parametreleri

INRABERN172 mikrosatellit lokusunda 236-250 bç aralığında 8 farklı allel belirlenmiştir. En fazla allel YK popülasyonunda (7), en az allel ise SA popülasyonunda

(4) gözlemlenmiştir. Etkili allel sayısı 1.194 (SA) ile 3.468 (BI) aralığında değişmiştir. 246 bç uzunluğuna sahip allel sadece DAK popülasyonunda belirlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.103 (SA) ile 0.500 (BI) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.165 (SA) ile 0.724 (BI) aralığında değişmiştir. Çalışılan ırkların tamamında gözlenen heterozigotluk değeri beklenen heterozigotluk değerinden düşük bulunmuştur.

Bütün popülasyonlar bir arada değerlendirildiğinde INRABERN172 markeri 0.532 ile ortalama PIC değeri en düşük olan marker olarak belirlenmiştir. Popülasyon bazında PIC değeri ise BI, DAK, YK ve SA popülasyonu için sırasıyla 0.663, 0.642, 0.543 ve 0.158 olarak hesaplanmıştır. PIC değerleri baz alındığında INRABERN172 markerinin yerli ırklarda polimorfik ve bilgi verici olduğu halde SA ırkında kullanışlı olmadığı tespit edilmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı 0.282 (YK) ile 0.642 (DAK) aralığında değişmiştir.

Çalışılan bütün ırklarda INRABERN172 lokusu bakımından heterozigot eksikliği saptanmıştır.

FAO, INBRABERN172 mikrosatellit markerini keçilerde genetik çeşitliliğin belirlendiği çalışmalarda önermektedir. Ancak yapılan çalışmada INRABERN172 mikrosatellit markerinin Türkiye'nin yerli sığır ırklarında bilgi verici olduğu ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanılabileceği belirlenmiştir. Yapılan kaynak taramasında sığırlarda INRABERN172 mikrosatellit markerinin kullanıldığı bir çalışmaya ulaşılmıştır. Nagamine vd. (2008) Mishima Island sığırlarının çalışmadaki diğer sığır ırklarıyla karşılaştırıldığı çalışmada 226-230 bç aralığında 3 farklı allelin varlığı bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında belirlenen allel genişliği (236-250) ve gözlenen toplam allel sayısı (8) Nagamine vd. (2008)'nin yaptığı çalışmadan yüksek bulunmuştur.

Çizelge 4.17. Çalışılan ırklarda INRABERN172 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)								Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	236	238	240	242	244	246	248	250						
BI	.017	.300	.400	.167	.100	0	0	.017	6	3.468	0.500	0.724	0.663	0.313
DAK	0	.150	.650	.083	.050	.017	.050	0	6	2.187	0.200	0.552	0.513	0.642
YK	.017	.033	.583	.050	.250	0	.050	.017	7	2.442	0.433	0.601	0.543	0.282
SA	0	.035	.914	.017	.035	0	0	0	4	1.194	0.103	0.165	0.158	0.378

Çizelge 4.18. Çalışılan ırklarda MM12 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)											Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	114	116	118	120	122	124	126	128	130	132	134						
BI	0	.250	.143	.500	.071	0	0	0	.036	0	0	5	2.947	0.214	0.685	0.612	0.695
DAK	0	0	0	.225	.100	0	.050	.150	.400	.050	.025	7	4.020	0.250	0.771	0.718	0.681
YK	.020	.080	.120	.400	0	.020	0	.040	.280	.040	0	8	3.799	0.440	0.752	0.700	0.420
SA	0	.054	.018	.071	0	.036	.018	.036	.750	.018	0	8	1.742	0.357	0.434	0.413	0.179

Çizelge 4.19. Çalışılan ırklarda SPS113 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)											Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	140	142	144	146	148	150	152	154	156	158	160	162	164	166	168		
BI	.017	.117	.033	.050	0	.117	.183	.200	.100	.050	.033	.033	.050	.017	0	13	8.182
DAK	.150	.050	.117	.017	.050	.200	.267	0	.067	.050	0	.033	0	0	0	10	6.228
YK	.133	.167	.233	.117	.083	.067	.017	.117	.017	.017	0	0	.017	0	0	12	7.143
SA	.067	.017	0	0	.100	.100	.183	.083	.067	.067	.117	.117	.017	.050	.017	13	9.575

4.4.2.17. MM12 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

MM12 mikrosatellit lokusunda 114-134 bç aralığında 11 farklı allel tespit edilmiştir. BI populasyonunda 5, DAK populasyonunda 7, YK ve SA populasyonunda ise 8 allel belirlenmiştir. Etkili allel sayısı 1.742 (SA) ile 4.020 (DAK) aralığında değişmiştir. 114 bç uzunluğuna sahip allel sadece YK populasyonunda, 134 bç uzunluğuna sahip allel ise sadece DAK populasyonunda tespit edilmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.214 (BI) ile 0.440 (YK) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.434 (SA) ile 0.771 (DAK) aralığında değişmiştir. Bütün ırklarda gözlenen heterozigotluk beklenen heterozigotluktan düşük bulunmuştur.

MM12 mikrosatellit markerinde hesaplanan PIC değerinin yerli ırklarda SA ırkına nazaran daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. PIC değerinin 0.413 (SA) ile 0.718 (DAK) aralığında değiştiği bu tez çalışmasında MM12 markerinin yerli ırklarda genetik çeşitliliği belirleme çalışmalarında kullanılabileceği ancak SA ırkında genetik çeşitliliği belirlemede farklı mikrosatellit markerlerin tercih edilmesi gerektiği tespit edilmiştir.

F_{IS} değeri BI, DAK, YK ve SA populasyonu için sırasıyla 0.695, 0.681, 0.420 ve 0.179 olarak hesaplanmıştır. Çalışılan bütün ırklarda heterozigot eksikliğinin varlığı belirlenmiştir.

MM12 mikrosatellit lokusunda gözlenen allel genişliği (114-134) Devi vd. (2017) tarafından Punganur sığır ırkında (101-145), Rehman ve Khan (2009) Haryana ve Hissar ırkında belirlenen allel genişliği (102-142) ile uyumlu bulunmuştur. Suh vd. (2014) Kore'nin 4 yerli sığır ırkında allel genişliğinin 106-128 bç, Chaudhari vd. (2009) Gaolao ve Kenkatha sığır ırkında 94-120 bç aralığında olduğunu bildirilmiştir. MM12 lokusunda belirlenen toplam allel sayısı Devi vd. (2017) tarafından 8, Sun vd. (2014) tarafından 10, Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana ve Hissar ırkında sırasıyla 3 ve 4 olarak bildirilen allel sayısından fazla bulunurken, Chaudhari vd. (2009) tarafından Gaolao ırkında 12 olarak bildirilen allel sayısından az bulunmuştur. Çalışmada MM12 lokusunda 0.701 olarak belirlenen ortalama PIC değeri Sun vd. (2014) tarafından 0.606 olarak belirlenen değerden yüksek, Devi vd. (2017) tarafından 0.74 olarak belirlenen değerden ise düşük bulunmuştur.

4.4.2.18. SPS113 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

SPS113 mikrosatellit lokusunda 140-168 bç aralığında 16 farklı allel tespit edilmiştir. En fazla allel BI ve SA populasyonunda (13), en az allel ise DAK populasyonunda (10) gözlemlenmiştir. Etkili allel sayısı 6.228 (DAK) ile 9.575 (SA) aralığında değişmiştir. 141 bç uzunluğuna sahip allel sadece YK populasyonunda, 168 bç uzunluğundaki allel ise sadece SA populasyonunda belirlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.633 (BI) ile 1.000 (YK) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.854 (DAK) ile 0.911 (SA) aralığında değişmiştir. BI populasyonunda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen değerden daha düşük hesaplanmıştır.

SPS113 markerinde en düşük PIC değeri 0.821 ile DAK populasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.886 ile SA populasyonunda hesaplanmış ve çalışılan bütün ırklarda çok yüksek oranda bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı -0.146 (YK) ile 0.294 (BI) aralığında değişmiştir. YK populasyonunda heterozigot fazlalığının, BI populasyonunda ise heterozigot eksikliğinin varlığı gözlemlenmiştir.

FAO keçilerde SPS113 mikrosatellit markerinin polimorfizm gösterdiğini ve genetik çeşitliliğin belirlendiği çalışmalarda kullanılmasını önermektedir. Yapılan kaynak taramasında SPS113 mikrosatellit markerinin sığırlarda da kullanıldığı belirlenmiştir. Peelman vd. (1998) 4 farklı Belçika yerli sığır ırkında çalışılan 23 mikrosatellit markerden biri olan SPS113 markerinde allel genişliğinin 137-155 bp, gözlenen allel sayısının ise 10 olduğunu bildirmişlerdir. Aynı çalışmada ortalama PIC değeri 0.722 olarak bulunmuştur. Mateus vd. (2004) 30 mikrosatellit marker kullanarak Portekiz'in 10 yerli sığır ırkında genetik çeşitliliği incelediği çalışmada SPS113 lokusunda 133-157 bp aralığında toplam 13 farklı allel belirlemişlerdir.

Bu çalışmada ise allel genişliği (140-168), toplam gözlenen allel sayısı (16) ve ortalama PIC değeri (0.901) bahsedilen çalışmalardan yüksek bulunmuştur.

4.4.2.19. SPS115 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

SPS115 mikrosatellit lokusunda birbirinden farklı 10 allel tespit edilmiştir. En az allel 7 ile DAK populasyonunda, en fazla allel ise 10 ile BI populasyonunda belirlenmiştir. SA populasyonunda gözlenen allel sayısı 8, etkili allel sayısı ise 2.961 olarak hesaplanmıştır. 244 bp uzunluğundaki allel bütün ırklarda yüksek frekansta belirlenirken 240 bp uzunluğuna sahip allel sadece BI populasyonunda belirlenmiştir.

Gözlenen heterozigotluk 0.367 (DAK) ile 0.655 (BI) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.555 (DAK) ile 0.846 (BI) aralığında değişmiştir. Çalışılan bütün ırklarda gözlenen heterozigotluk değeri beklenen değerden düşük bulunmuştur.

SPS115 markerinde PIC değerinin 0.519 ((DAK) ile 0.815 (BI) aralığında değiştiği ve çalışılan bütün ırklarda bigi verici olduğu belirlenmiştir.

Akrabalı yetiştirme katsayısı 0.132 (SA) ile 0.344 (DAK) aralığında değişmiş ve bütün ırklarda heterozigot eksikliği saptanmıştır.

Çizelge 4.20. Çalışılan ırklarda SPS115 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)										Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	240	242	244	246	248	250	252	254	256	258						
BI	.017	.052	.328	.121	.103	.103	.086	.086	.017	.086	10	5.923	0.655	0.846	0.815	0.228
DAK	0	.117	.650	.033	.117	.017	0	.017	0	.050	7	2.203	0.367	0.555	0.519	0.344
YK	0	.067	.517	.050	.050	.117	.083	.067	.033	.017	9	3.303	0.567	0.709	0.677	0.204
SA	0	.035	.535	.017	.190	.086	.035	.035	.069	0	8	2.961	0.586	0.674	0.631	0.132

Çizelge 4.21. Çalışılan ırklarda TGLA227 mikrosatellit lokusunda Tespit Edilen Allel ve Frekansları, Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

İrk	Allel (bç)					Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
	44	48	50	66	68						
BI	0	.450	.050	.300	.200	4	2.985	1.000	0.676	0.603	-0.491
DAK	0	.467	.033	.267	.233	4	2.903	1.000	0.667	0.592	-0.513
YK	.017	.383	.117	.467	.017	5	2.639	1.000	0.632	0.547	-0.599
SA	.033	.367	.183	.417	0	4	2.917	0.900	0.668	0.589	-0.355

SPS115 mikrosatellit lokusunda 240-258 bç olarak hesaplanan allel genişliğinin Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana ve Hissar ırkında 234-258 bç aralığında bildirdiği değerlere benzerdir. Özşensoy (2011) Türkiye'nin yerli sığır ırklarında allel genişliğini 243-261 bç, Zugaj (2011) Polonya'nın yerli sığır ırklarında allel genişliğini 244-258 bç, Agung vd. (2016) simmental melezi sığırlarda allel genişliğini 242-264 bç aralığında bulmuşlardır. Çalışmada gözlenen toplam allel sayısı (10) Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerle (10) benzer bulunmuştur. Bu çalışmaya paralel olarak Zugaj (2011)'in Portekiz'in 4 yerli sığır ırkında genetik çeşitliliği belirlediği çalışmada SPS115 lokusunda en sık görülen allel 244 bç'lik allel olmuştur. Özşensoy (2011) SPS115 lokusunda ortalama PIC değerini 0.75, Agung vd. (2016) ortalama PIC değerini 0.627, Peelman vd. (1998) ortalama PIC değerini 0.522 olarak bildirmişlerdir.

4.4.2.20. TGLA227 lokusunda genetik çeşitlilik parametreleri

TGLA227 mikrosatellit lokusunda 44-68 bç aralığında 5 farklı allel tespit edilmiştir. YK populasyonunda 5 diğer populasyonlarda ise 4 allel belirlenmiştir. BI ve DAK populasyonunda en sık görülen allel 48 bç uzunluğunda iken YK ve SA populasyonunda en sık görülen allel 66 bç uzunluğunda olmuştur.

Çalışılan bütün ırklarda yüksek heterozigotluk belirlenmiştir. Yerli ırklarda TGLA227 lokusunda hiç homozigot bireye rastlanmamıştır.

TGLA227 markerinde en düşük PIC değeri 0.547 ile YK populasyonunda, en yüksek PIC değeri ise 0.603 ile BI populasyonunda gözlemlenmiş ve söz konusu markerin çalışılan bütün ırklarda bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

F_{IS} değeri BI, DAK, YK ve SA populasyonu için sırasıyla -0.491, -0.513, -0.599, -0.355 olarak hesaplanmış ve bütün ırklarda homozigot eksikliği belirlenmiştir.

Özkan (2005) Türkiye'de yetiştiriciliği yapılan yerli ve kültür sığır ırklarında TGLA227 lokusunda allel genişliğini 73-105 bç, Özşensoy (2011) ise yerli sığır ırklarında yaptığı çalışmada allel genişliğini 76-108 bç olarak bildirmiştir. Bu çalışmada allel genişliği (44-68) Özkan (2005) ve Özşensoy (2011)'un yaptığı çalışmalardan farklı bulunmasına rağmen Zhang vd. (2007)'nin Çin'in yerli sığır ırklarında yaptıkları çalışmadan elde edilen allel genişliğine (49-107) yakın bulunmuştur. Mevcut çalışmada 5 olarak gözlenen allel sayısı Özkan (2005) ve Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerden (16) düşük, Rehman ve Khan (2009) tarafından Haryana ve Hissar ırkında bildirilen değere (5) ise benzer bulunmuştur. Özşensoy (2011) TGLA227 lokusunda ortalama PIC değerini 0.84, Sun vd. (2008) 0.86, Agung vd. (2016) 0.842 olarak belirlemişlerdir. Bu tez çalışmasında TGLA227 lokusunda gözlenen ortalama PIC değeri (0.614) önceki çalışmalardan düşük bulunmuştur.

4.4.3. Irk bazında genetik çeşitlilik parametreleri

4.4.3.1. Boz Irk populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri

BI populasyonunda 20 mikrosatellit marker ile çalışılmış ve toplam 159 allel belirlenmiştir. En az allel sayısı 4 ile INRA037 ve TGLA227 lokusunda, en fazla allel ise 13 ile INRA032 ve SPS113 lokusunda gözlemlenmiştir. En düşük etkili allel sayısı 2.149 ile ETH3 lokusunda, en yüksek etkili allel sayısı 8.182 ile SPS113 lokusunda hesaplanmıştır. 20 mikrosatellit lokus bir arada değerlendirildiğinde ortalama allel ve etkili allel sayısı sırasıyla 7.950 ve 4.904 olarak hesaplanmıştır. En düşük gözlenen heterozigotluk 0.143 ile INRA037 lokusunda, en yüksek gözlenen heterozigotluk ise 1.000 ile TGLA227 lokusunda olmak üzere ortalama 0.613 bulunmuştur. En düşük beklenen heterozigotluk değeri 0.549 ile ETH3 lokusunda, en yüksek beklenen heterozigotluk ise 0.893 ile SPS113 lokusunda olmak üzere ortalama 0.733 bulunmuştur. BI populasyonunda çalışılan bütün mikrosatellit markerlerin yüksek oranda bilgi verici olduğu ve en düşük PIC değerinin 0.506 ile DRBP1 lokusunda, en yüksek PIC değerinin 0.866 ile SPS113 lokusunda olmak üzere ortalama 0.733 olduğu belirlenmiştir. Ortalama 0.216 olarak hesaplanan F_{IS} değeri -0.491 (TGLA227) ile 0.781 (INRA037) aralığında değişmiştir.

Çizelge 4.22. Boz Irk populasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F_{IS}
BM644	30	144-158	8	2.908	0.867	0.667	0.630	-0.355
CSRM60	29	90-104	8	6.072	0.483	0.850	0.815	0.436
CSSM66	27	174-190	9	6.025	0.482	0.850	0.813	0.438
DRBP1	30	226-334	5	3.696	0.567	0.742	0.681	0.239
ETH3	19	104-122	6	2.149	0.421	0.549	0.506	0.238
ETH185	28	206-240	11	6.701	0.429	0.866	0.834	0.510
HAUT24	19	110-128	8	5.597	0.579	0.844	0.801	0.320
HEL1	21	108-122	8	5.069	0.810	0.822	0.778	0.016
ILSTS005	24	176-192	7	4.760	0.625	0.807	0.758	0.229
ILSTS006	28	282-298	9	5.851	0.500	0.844	0.809	0.412
ILSTS011	30	266-282	9	7.200	0.933	0.876	0.846	-0.067
ILSTS087	30	119-135	8	3.214	0.800	0.701	0.651	-0.145
INRA032	27	160-204	13	8.055	0.963	0.892	0.864	-0.081
INRA037	14	122-128	4	2.562	0.143	0.632	0.566	0.781
INRA063	30	175-189	8	4.724	0.667	0.802	0.757	0.171
INRABERN172	30	236-250	6	3.468	0.500	0.724	0.663	0.313
MM12	14	116-130	5	2.947	0.214	0.685	0.612	0.695
SPS113	30	140-166	13	8.182	0.633	0.893	0.866	0.294
SPS115	29	240-258	10	5.923	0.655	0.846	0.815	0.228

Çizelge 4.22'nin devamı

TGLA227	30	48-68	4	2.985	1.000	0.676	0.603	-0.491
Ortalama			7.950	4.904	0.613	0.778	0.733	0.216
St. Sapma			2.564	1.853	0.233	0.099		

Özkan (2005) Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarında (BI, DAK, YK, GAK, Jersey, Esmer İsviçre ve Siyah Alaca) genetik çeşitliliği değerlendirdiği çalışmada kullandığı 7 mikrosatellit markerden 3 tanesi (ILSTS005, ILSTS006 ve TGLA227) mevcut çalışma ile ortaktır. Özşensoy (2011) Türkiye’nin yerli sığır ırklarında (GAK, YK, BI, YGS, DAK ve ZAV) genetik çeşitliliği değerlendirdiği çalışmada kullandığı 20 mikrosatellit markerden 7 tanesi (CSSM66, CSRM60, ILSTS006, SPS115, ETH3, ETH185 ve TGLA227) mevcut çalışma ile ortaktır. Mevcut çalışmada BI ırkında 7.950 olarak belirlenen ortalama gözlenen allel sayısı Özkan (2005) tarafından 10.286, Özşensoy (2011) tarafından ise 9.90 olarak belirlenmiştir. BI ırkında TGLA227 lokusunda 4 farklı allel gözlemlenirken Özkan (2005) ve Özşensoy (2011) BI ırkında aynı lokusta 13 farklı allel gözlemlemiştir. Özkan (2005)’ın çalışmasında BI ırkında en az allel 6 ile ILSTS005 lokusunda belirlenirken mevcut çalışmada aynı ırk ve lokusta 7 allel belirlenmiştir. Mevcut çalışmada ortalama gözlenen (0.613) ve beklenen heterozigotluk (0.778) değerleri daha önce yapılan çalışmalarla benzer bulunmuştur. Özkan (2005) ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerini sırasıyla 0.682-0.775, Özşensoy (2011) ise sırasıyla 0.691-0.767 olarak belirlemiştir. BI ırkında ortalama PIC değeri 0.733 bulunurken Özşensoy (2011) yaptığı çalışmada ortalama PIC değerinin 0.709 olduğunu bildirmiştir. Mevcut çalışmada bütün lokuslar bir arada değerlendirildiğinde BI popülasyonunda elde edilen ortalama F_{IS} daha önce yapılan çalışmalardan yüksek bulunmuştur. 0.216 olarak belirlenen F_{IS} değeri Özkan (2005) tarafından 0.119, Özşensoy (2011) tarafından 0.110 olarak bildirilmiştir. Elde edilen yüksek F_{IS} değerinin popülasyonun sayısal varlığında görülen azalmadan kaynaklandığı düşünülmektedir. Üç çalışma sonuçları ülkemizde yetiştiriciliği yapılan BI ırkında heterozigot eksikliğinin varlığını göstermektedir.

4.4.3.2. Doğu Anadolu Kırmızısı popülasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri

DAK popülasyonunda 20 mikrosatellit marker ile çalışılması sonucu toplam 143 farklı allel belirlenmiştir. Ortalama 7.150 olarak hesaplanan allel sayısı 4 (TGLA227) ile 11 (ETH185) aralığında değişmiştir. En düşük etkili allel sayısı 2.187 ile INRABERN172 lokusunda, en yüksek etkili allel sayısı 6.228 ile SPS113 lokusunda olmak üzere ortalama 3.997 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigotluk 0.200 (DRBP1 ve INRABERN172) ile 1.000 (BM6444, ILSTS011, INRA032 ve TGLA227) aralığında olmak üzere ortalama 0.590 olarak bulunmuştur. Beklenen ortalama heterozigotluk değeri (0.736) gözlenen ortalama heterozigotluk değerinden (0.590) fazla olmak üzere lokus seviyesinde 0.552 (INRABERN172) ile 0.811 (INRA032 ve INRA037) aralığında değişmiştir. Ortalama PIC değerinin 0.688 olduğu DAK popülasyonunda çalışılan bütün

mikrosatellit markerlerin polimorfik ve yüksek oranda bilgi verici olduğu tespit edilmiştir. En düşük PIC değeri 0.513 ile INRABERN172 lokusunda, en yüksek PIC değeri ise 0.852 ile ETH185 lokusunda belirlenmiştir. En düşük F_{IS} değeri -0.513 ile TGLA227 lokusunda, en yüksek F_{IS} değeri 0.731 ile CSSM66 lokusunda hesaplandığı çalışmada ortalama F_{IS} değeri 0.202 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.23. DAK popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F_{IS}
BM6444	30	144-162	10	4.511	1.000	0.792	0.753	-0.269
CSRM60	30	92-108	7	3.814	0.367	0.750	0.706	0.516
CSSM66	29	174-192	7	3.958	0.207	0.750	0.715	0.731
DRBP1	30	224-234	5	2.290	0.200	0.573	0.519	0.655
ETH3	23	104-126	8	3.112	0.435	0.694	0.626	0.379
ETH185	24	204-238	11	7.481	0.542	0.885	0.852	0.393
HAUT24	27	110-128	8	3.556	0.482	0.732	0.694	0.347
HEL1	28	108-120	7	4.417	0.750	0.788	0.741	0.049
ILSTS005	30	180-192	7	3.409	0.333	0.719	0.661	0.540
ILSTS006	29	284-292	5	4.153	0.379	0.773	0.724	0.513
ILSTS011	30	264-282	9	5.660	1.000	0.837	0.800	0.198
ILSTS087	30	119-127	5	3.186	0.967	0.698	0.628	-0.395
INRA032	29	172-190	9	4.933	1.000	0.811	0.770	-0.238
INRA037	18	116-128	6	4.730	0.611	0.811	0.756	0.252
INRA063	30	175-183	5	3.197	0.800	0.699	0.646	-0.148
INRABERN172	30	238-248	6	2.187	0.200	0.552	0.513	0.642
MM12	20	120-134	7	4.020	0.250	0.771	0.718	0.681
SPS113	30	140-162	10	6.228	0.900	0.854	0.821	-0.055
SPS115	30	242-258	7	2.203	0.367	0.555	0.519	0.344
TGLA227	30	48-68	4	2.903	1.000	0.667	0.592	-0.513
Ort.			7.150	3.997	0.590	0.736	0.688	0.202
St. Sapma			1.927	1.358	0.307	0.094		

Çalışmada DAK ırkında 7.150 olarak belirlenen ortalama gözlenen allel sayısı Özkan (2005) tarafından 10.143 olarak, Özşensoy (2011) tarafından ise 8.45 olarak belirlenmiştir. En az allel sayısının (4) belirlendiği TGLA227 lokusunda Özkan (2005) 14, Özşensoy (2011) ise 11 farklı allel belirlemiştir. DAK ırkında ortalama beklenen heterozigotluk değeri (0.736) daha önce yapılan çalışmalara benzer bulunmuşken ortalama gözlenen heterozigotluk daha önce yapılan çalışmalardan düşük bulunmuştur. Özkan (2005) DAK ırkında ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerinin sırasıyla 0.665-0.780, Özşensoy (2011) ise sırasıyla 0.756-0.784 olduğunu bildirmiştir. Söz konusu üç çalışmada ortalama gözlenen heterozigotluk değeri ortalama beklenen heterozigot değerinden düşük bulunmuştur. Bütün lokuslar bir arada değerlendirildiğinde DAK popülasyonunda belirlenen ortalama PIC değeri (0.688) Özşensoy (2011)

tarafından DAK populasyonunda bildirilen değerden (0.753) düşük bulunmuştur. DAK ırkında belirlenen akrabalı yetiştirme katsayısı (0.202) Özkan (2005) ve Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerlerden (0.149-0.053) yüksek bulunmuştur. Söz konusu iki çalışmayla kıyaslandığında DAK ırkında genetik çeşitliliğin (ortalama gözlenen allel sayısı ve ortalama gözlenen heterozigotluk) az da olsa azaldığı, akrabalığın ise arttığı görülmektedir. Bu durumun DAK ırkının sayısal varlığında görülen azalmadan kaynaklandığı düşünülmektedir.

4.4.3.3. Yerli Kara populasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri

YK populasyonunda 20 mikrosatellit marker ile çalışılması sonucu birbirinden farklı 170 allel tespit edilmiştir. Populasyon bazında en çok allelin belirlendiği YK populasyonunda ortalama allel sayısı 8.450 olarak hesaplanmıştır. En az allel 5 ile DRBP1 ve TGLA227 lokusunda en fazla allel ise 14 ile ETH185 lokusunda belirlenmiştir. Etkili allel sayısı 2.341 (DRBP1) ile 9.324 (ETH185) aralığında ortalama 4.876 olarak hesaplanmıştır. Gözlenen heterozigotluğun 0.300 (DRBP1 ve ILSTS005) ile 1.000 (BM6444, ILSTS011, ILSTS087, SPS113 ve TGLA227) aralığında değiştiği ve ortalama 0.680 olduğu hesaplanmıştır. Ortalama 0.778 olan beklenen heterozigotluk değerinin 0.583 (DRBP1) ile 0.910 (ETH185) aralığında değiştiği belirlenmiştir. PIC değerinin 0.513 (DRBP1) ile 0.884 (ETH185) arasında değiştiği ve ortalama 0.734 olduğu hesaplanmıştır. YK populasyonunda çalışılan 20 mikrosatellit markerin bilgi verici olduğu tespit edilmiştir. Akrabalı yetiştirme katsayısının -0.599 (TGLA227) ile 0.569 (ILSTS005) aralığında değiştiği ve ortalama 0.128 olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.24. YK populasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F _{IS}
BM644	30	144-162	10	5.488	1.000	0.832	0.797	-0.207
CSRM60	30	88-112	11	6.040	0.867	0.849	0.815	-0.022
CSSM66	28	174-190	9	5.444	0.679	0.831	0.795	0.186
DRBP1	30	226-234	5	2.341	0.300	0.583	0.513	0.489
ETH3	28	108-126	8	4.946	0.357	0.812	0.771	0.565
ETH185	26	204-236	14	9.324	0.539	0.910	0.884	0.413
HAUT24	30	108-128	8	4.663	0.567	0.799	0.753	0.294
HEL1	30	108-120	7	4.712	0.933	0.801	0.760	-0.168
ILSTS005	30	178-192	6	3.103	0.300	0.689	0.639	0.569
ILSTS006	24	282-296	7	4.678	0.615	0.802	0.754	0.236
ILSTS011	30	264-282	10	8.036	1.000	0.890	0.863	-0.125
ILSTS087	30	119-137	7	3.358	1.000	0.714	0.653	-0.410
INRA032	30	174-204	9	5.114	0.900	0.818	0.779	-0.102
INRAA037	27	116-136	8	5.189	0.370	0.823	0.782	0.554
INRA063	30	173-189	9	5.769	0.733	0.841	0.804	0.130
INRABERN172	30	236-250	7	2.442	0.433	0.601	0.543	0.282

Çizelge 4.24.'ün devamı

MM12	25	114-132	8	3.799	0.440	0.752	0.700	0.420
SPS113	30	140-164	12	7.143	1.000	0.875	0.845	-0.146
SPS115	30	242-258	9	3.303	0.567	0.709	0.677	0.204
TGLA227	30	44-68	5	2.639	1.000	0.632	0.547	-0.599
Ort.			8.450	4.876	0.680	0.778	0.734	0.128
St. Sapma			2.235	1.842	0.263	0.093		

YK ırkında belirlenen ortalama gözlenen allel sayısı (8.450) daha önce yapılan çalışmalardan düşük bulunmuştur. Özkan (2005) ve Özşensoy (2011) YK ırkında gözlenen ortalama allel sayısının sırasıyla 10.286-10.600 olduğunu bildirmişlerdir. TGLA227 lokusunda gözlenen allel sayısı (5) Özkan (2005) ve Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerlerden (14-12) düşük bulunmuştur. ETH185 lokusunda gözlenen allel sayısı (14), Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değerden (12) yüksek bulunmuştur. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri daha önce yapılan çalışmalardan düşük olduğu belirlenmiştir. Özkan (2005) YK ırkında ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerini sırasıyla 0.735-0.811 olarak, Özşensoy (2011) ise sırasıyla 0.761-0.803 olarak belirlemiştir. Bütün lokuslar birlikte değerlendirildiğinde YK ırkında belirlenen ortalama PIC değeri (0.734), Özşensoy (2011) tarafından bildirilen değer (0.755) ile benzer bulunmuştur. Çalışmada YK ırkında belirlenen ortalama F_{IS} değeri (0.128) daha önce yapılan çalışmalardan yüksek bulunmuştur. Özkan (2005) YK ırkında ortalama F_{IS} değerini 0.095 olarak, Özşensoy (2011) ise 0.063 olarak bildirmiştir. Çalışmada yerli ırklar ele alındığında YK popülasyonunun en düşük akrabalı yetiştirme katsayısına sahip olduğu belirlenmiştir. BI ve DAK ırkına göre daha fazla yayılma alanına sahip olan ve sayısal varlığı daha fazla olan YK ırkında akrabalı yetiştirme katsayısının diğer ırklardan düşük çıkması beklenen bir sonuçtur. Ancak daha önce yapılan çalışmalarla (Özkan 2005; Özşensoy 2011) kıyaslandığında YK popülasyonunda akrabalığın yüksek olduğu görülmektedir. YK popülasyonunun sayısal varlığında görülen azalmanın akrabalığın artmasına neden olduğu düşünülmektedir.

4.4.3.4. Siyah Alaca popülasyonunda genetik çeşitlilik parametreleri

20 mikrosatellit markerin kullanıldığı çalışmada en az allel sayısı 142 ile SA popülasyonunda belirlenmiştir. En az allel sayısı 4 ile DRBP1, ETH3, INRABERN172 ve TGLA227 lokusunda, en fazla allel ise 13 ile SPS113 lokusunda belirlenmiştir. SA popülasyonunda ortalama allel sayısı ve ortalama etkili allel sayısı sırasıyla 7.100 ve 3.967 olarak hesaplanmıştır. En düşük etkili allel sayısı 1.194 ile INRABERN172 lokusunda, en yüksek etkili allel sayısı ise 9.757 ile SPS113 lokusunda gözlemlenmiştir. Gözlenen heterozigotluk 0.138 (DRBP1) ile 1.000 (BM6444, ILSTS011 ve ILSTS087) aralığında, beklenen heterozigotluk ise 0.195 (DRBP1) ile 0.911 (SPS113) aralığında değişmiştir. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk sırasıyla 0.625 ve 0.671 olarak hesaplanmıştır. Ortalama 0.630 olarak hesaplanan PIC değeri 0.158

(INRABERN172) ile 0.886 (SPS113) aralığında değişmiştir. DRBP1, ILSTS005, INRABERN172 ve MM12 mikrosatellit markerlerinin SA popülasyonunda genetik çeşitliliği ortaya koymada yetersiz kaldığı ancak geri kalan 16 markerin oldukça kullanışlı olduğu tespit edilmiştir. -0.656 (ILSTS087) ile 0.643 (INRA037) aralığında değişen akrabalı yetiştirme katsayısının ortalama 0.069 olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.25. SA popülasyonunda çalışılan mikrosatellit lokuslarda allel genişliği (AG), Gözlenen Allel Sayısı (Na), Etkili Allel Sayısı (Ne), Gözlenen Heterozigotluk (Ho), Beklenen Heterozigotluk (He), Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) ve Akrabalı Yetiştirme Katsayısı (F_{IS})

Lokus	N	AG	Na	Ne	Ho	He	PIC	F_{IS}
BM6444	30	146-162	8	5.488	1.000	0.832	0.796	-0.207
CSRM60	30	88-104	7	4.369	0.767	0.784	0.736	0.023
CSSM66	27	170-188	10	6.395	0.556	0.860	0.826	0.358
DRBP1	29	228-234	4	1.238	0.138	0.195	0.185	0.298
ETH3	28	116-126	4	2.775	0.357	0.651	0.594	0.456
ETH185	29	204-236	12	7.008	0.897	0.872	0.842	-0.028
HAUT24	26	108-128	8	4.024	0.539	0.766	0.719	0.301
HEL1	30	108-120	7	4.327	0.867	0.782	0.739	-0.110
ILSTS005	29	176-184	5	1.556	0.207	0.364	0.340	0.435
ILSTS006	27	184-298	8	3.995	0.593	0.764	0.708	0.227
ILSTS011	30	268-282	8	5.202	1.000	0.822	0.780	-0.222
ILSTS087	30	121-129	8	2.504	1.000	0.611	0.521	-0.656
INRA032	30	176-188	6	4.523	0.833	0.792	0.746	-0.053
INRA037	28	118-140	7	4.493	0.286	0.792	0.743	0.643
INRA063	27	175-185	6	3.050	0.593	0.685	0.638	0.137
INRABERN172	29	238-244	4	1.194	0.103	0.165	0.158	0.378
MM12	28	116-132	8	1.742	0.357	0.434	0.413	0.179
SPS113	30	140-168	13	9.575	0.933	0.911	0.886	-0.025
SPS115	29	242-256	8	2.961	0.586	0.674	0.631	0.132
TGLA227	30	44-66	4	2.917	0.900	0.668	0.589	-0.355
Ort.			7.100	3.967	0.625	0.671	0.630	0.069
St. Sapma			2.532	2.099	0.303	0.217		

Yerli sığır ırklarıyla karşılaştırıldığında Türkiye’de yetiştiriciliği en çok yapılan kültür sığır ırkı olan SA ırkında akrabalığın düşük olduğu belirlenmiştir. Bu durumun SA ırkında görülen sayısal artışın yanı sıra yapay tohumlama tekniği sayesinde farklı boğa spermalarının kullanılmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Çalışmada SA ırkında gözlenen ortalama allel sayısı (7.100), Özkan (2005)’in bildirdiği değere (7.857) benzer bulunmuştur. ILSTS005 lokusunda gözlenen allel sayısı (5) Özkan (2005)’in bildirdiği değerden (2) yüksek bulunurken; TGLA227 lokusunda gözlenen allel sayısı (4), Özkan (2005)’in bildirdiği değerden (9) düşük bulunmuştur. Ortalama gözlenen ve beklenen heterozigotluk değeri (0.625-0.671), Özkan (2005)’in

bildirdiği değerlerden (0.753-0.743) düşük bulunmuştur. Bütün lokuslar birlikte değerlendirildiğinde elde edilen ortalama akrabalı yetiştirme katsayısı (0.069) Özkan (2005)'ın bildirdiği değerden (-0.013) yüksek bulunmuştur.

4.4.4. Özgün (Private) allel

Sadece bir populasyonda görülen allellere özgün alleler denilmektedir. Frekansı yüksek olan özgün alleller ırk ayırımında kullanılabilir. Çalışmada BI ırkında 9, DAK ırkında 8, YK ırkında 9 ve SA ırkında 5 olmak üzere toplam 31 özgün allel belirlenmiştir. Yerli sığır ırklarında özgün allel sayısının kültür ırkı olan SA ırkından daha fazla olduğu tespit edilmiştir. En fazla özgün allel 4 ile ETH185 ve INRA032 lokusunda belirlenirken en az allel sayısı ise 1 ile BM6444, DRBP1, HAUT24, HEL1, INRA063, INRABERN172, SPS113 ve SPS115 lokusunda belirlenmiştir. ETH3, ILSTS006, ILSTS011 ve TGLA227 mikrosatellit lokuslarında hiç özgün allel belirlenmemiştir. Frekansı en düşük özgün allel (0.004) BM6444 lokusunda 164 bp uzunluğunda olup YK populasyonunda, frekansı en yüksek özgün allel (0.207) CSSM66 lokusunda 192 bp uzunluğunda olup DAK populasyonunda tespit edilmiştir. Çalışmada belirlenen 31 özgün allelin düşük frekanslarda görüldüğü ve ırk ayırt etmede kullanılamayacağı tespit edilmiştir.

Çizelge 4.26. Çalışılan ırklarda mikrosatellit lokuslar seviyesinde belirlenen özgün alleller ve frekansları

Lokus Adı	Allel Uzunluğu (bp)	Frekans	Belirlendiği Irk
BM644	164	0.004	YK
CSRM60	108	0.008	DAK
	110	0.017	YK
	112	0.017	YK
	170	0.009	SA
CSSM66	172	0.013	SA
	192	0.207	DAK
	224	0.017	DAK
DRBP1	224	0.017	DAK
ETH3	-	-	-
ETH185	216	0.017	SA
	218	0.019	YK
	228	0.077	YK
	240	0.018	BI
HAUT24	114	0.053	BI
HEL1	122	0.024	BI
ILSTS005	186	0.017	DAK
	190	0.033	DAK
ILSTS006	-	-	-
ILSTS011	-	-	-

Çizelge 4.26'nın devamı

ILSTS087	133	0.017	BI
	135	0.050	BI
	137	0.017	YK
INRA032	160	0.018	BI
	170	0.018	BI
	202	0.017	DAK
	204	0.037	BI
INRA037	136	0.018	YK
	140	0.036	SA
INRA063	173	0.050	YK
INRABERN172	246	0.017	DAK
MM12	114	0.020	YK
	134	0.025	DAK
SPS113	168	0.017	SA
SPS115	240	0.017	BI
TGLA227	-	-	-

Özkan (2005)'in ILSTS005 mikrosatellit lokusunda 190 bç uzunluğundaki allelin BI popülasyonuna özgü olduğu bildirilirken mevcut çalışmada DAK popülasyonuna özgü bulunmuştur.

Çalışmada toplam gözlenen özgün allel sayısı (31) Özkan (2005) tarafından yerli ve kültür sığır ırklarının kullanıldığı çalışmada bildirilen değerden (11) yüksek bulunurken, Özşensoy (2011) tarafından yerli sığır ırklarında bildirilen değerden (39) düşük bulunmuştur.

4.5. F Parametreleri

F_{IS} değeri "İrk Bazında Genetik Çeşitlilik Parametreleri" bölümünde literatürle kıyaslanıp tartışılmıştır. Bütün popülasyonların tek bir popülasyon olarak değerlendirildiğinde elde edilen toplam akrabalı yetiştirme katsayısını ifade eden F_{IT} değeri (Wright 1951) ortalama 0.185 olarak bulunmuştur. F_{IT} değeri -0.449 (TGLA227) ile 0.583 (MM12) aralığında değişmiştir.

F_{ST} değeri alt popülasyonlardaki genetik farklılaşma katsayısını ifade etmektedir. Hartl ve Clark (2007)'nin bildirdiğine göre 0-0.05 aralığındaki değerler küçük bir genetik farklılaşmanın, 0.05-0.15 aralığındaki değerler orta dereceli bir genetik farklılaşmanın, 0.15-0.25 aralığındaki değerler büyük bir genetik farklılaşmanın göstergesidir. 0.25'ten daha büyük değerler çok yüksek bir genetik farklılaşmanın varlığını belirtmektedir. Bu çalışmada ortalama 0.055 olarak belirlenen F_{ST} değeri çalışılan popülasyonlar arasında orta dereceli bir genetik farklılaşmanın olduğunu belirtmektedir. Genetik varyasyonun sadece % 5.5'i çalışılan popülasyonların birbirinden farklı olmasından

kaynaklanmaktadır. En düşük F_{ST} değeri (0.019) ILSTS087 markerinde belirlenirken en yüksek F_{ST} değeri (0.148) MM12 markerinde belirlenmiştir

Çizelge 4.27. Çalışılan popülasyonlarda F Parametreleri

Lokus	N	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
BM6444	120	-0.260	-0.230	0.024
CSRM60	119	0.219	0.274	0.070
CSSM66	111	0.407	0.443	0.060
DRBP1	119	0.415	0.476	0.105
ETH3	98	0.408	0.458	0.085
ETH185	107	0.306	0.320	0.020
HAUT24	102	0.296	0.342	0.064
HEL1	109	-0.072	-0.005	0.063
ILSTS005	113	0.421	0.466	0.077
ILSTS006	110	0.332	0.360	0.042
ILSTS011	120	-0.168	-0.137	0.027
ILSTS087	120	-0.407	-0.379	0.019
INRA032	116	-0.135	-0.097	0.033
INRA037	87	0.527	0.552	0.053
INRA063	117	0.061	0.102	0.043
INRABERN172	119	0.384	0.447	0.102
MM12	87	0.510	0.583	0.148
SPS113	120	0.002	0.046	0.044
SPS115	118	0.205	0.232	0.033
TGLA227	120	-0.501	-0.449	0.035
Ortalama	112	0.138	0.185	0.055

Yapılan kaynak taramasında ortalama F_{IT} değerinin çok farklı değerler aldığı ancak çalışmada belirlenen ortalama F_{IT} değeri (0.185) ile Egito vd. (2007) tarafından Brezilya’da yetiştirilen Creole ve ticari sığır ırklarının kullanıldığı çalışmada bildirilen ortalama F_{IT} değerinin (0.176) birbirine yakın olduğu tespit edilmiştir. Ortalama F_{IT} değeri Dadi vd. (2008) tarafından Etiyopya’nın yerli sığırlarında (0.083) ve Mateus vd. (2004) tarafından Portekiz’in 10 yerli sığır ırkında (0.114) bildirilen değerden yüksek; Hussain vd. (2016) tarafından Pakistan’ın yerli sığır ırklarında (0.386) ve El-Sayed vd. (2016) tarafından Mısır’ın yerli sığır ırklarında (0.760) bildirilen değerden düşük bulunmuştur.

Çalışmada belirlenen ortalama F_{ST} değeri (0.055) Chaudhari vd. (2009) tarafından Gaolao ve Kenkatha sığırlarında (0.020) ve Dadi vd. (2008) Etiyopya’nın yerli sığırlarında (0.013) bildirilen değerlerden yüksek; Egito vd. (2007) ve Mateus vd. (2004) tarafından bildirilen değerlerden (0.098-0.090) ise düşük bulunmuştur.

4.6. İkişerli F_{ST} Değerleri

Populasyonlar arasındaki farkın önemli olup olmadığının belirlenmesi için ikişerli F_{ST} değerleri hesaplanmıştır.

Çizelge 4.28. Çalışılan populasyonlarda hesaplanan ikili F_{ST} değerleri

	BI	DAK	YK	SA
BI	0.000			
DAK	0.040***	0.000		
YK	0.030***	0.032***	0.000	
SA	0.070***	0.049***	0.040***	0.000

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

En düşük F_{ST} değerinin (0.030) BI ve YK populasyonu arasında, en yüksek F_{ST} değerinin (0.070) ise BI ve SA populasyonu arasında olduğu belirlenmiştir. Yapılan önemlilik testinde çalışılan bütün populasyonların birbirinden farklı olduğu belirlenmiştir.

Özkan (2005) yerli ve kültür sığır ırklarında yaptığı çalışmada çalışılan bütün ırkların birbirinden farklı olduğunu bildirirken, Özşensoy (2011) ise DAK ve YK populasyonu arasında belirlenen F_{ST} değeri için yapılan önemlilik testinde söz konusu iki ırk arasındaki farkın önemsiz olduğunu bildirmiştir.

4.6. Irklar Arası Genetik Uzaklıklar

4 farklı sığır ırkı ve 20 farklı mikrosatellit markerin kullanıldığı çalışmada elde edilen veriler ile ırklar arasındaki genetik uzaklıklar, genetik benzerlikler ve UPGMA dendogramları 2 farklı metoda göre hesaplanmıştır.

4.6.1. Nei standart genetik uzaklık metodu (D_s) ve genetik benzerlik değerleri

Çalışmada ırklar arasındaki genetik uzaklık ve benzerlikler POPGENE paket programı kullanılarak hesaplanmış ve elde edilen değerlerden dendogram çizilmiştir.

Nei'nin standart genetik uzaklık değerleri incelendiğinde en düşük uzaklık (0.163) DAK ve YK arasında, en yüksek uzaklık (0.360) BI ve SA arasında belirlenmiştir. En düşük genetik benzerlik (0.698) BI ve SA populasyonu arasında, en yüksek genetik benzerlik (0.849) ise DAK ve YK populasyonu arasında belirlenmiştir.

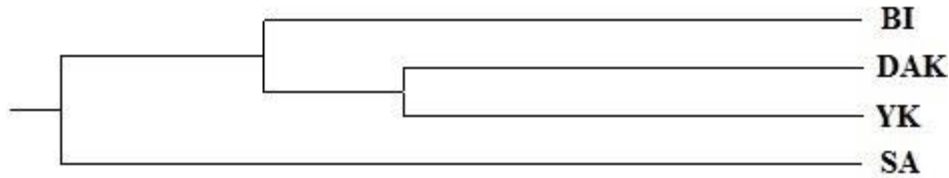
Çizelge 4.29. Çalışılan populasyonlarda Nei standart genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri

	BI	DAK	YK	SA
BI	****	0.783	0.842	0.698
DAK	0.244	****	0.849	0.799
YK	0.171	0.163	****	0.820
SA	0.360	0.225	0.198	****

Köşegen üstü: Genetik benzerlik; Köşegen altı: Genetik mesafe

Özkan (2005) da yaptığı çalışmada en yüksek genetik uzaklığı BI ve SA populasyonu arasında bulmuştur. Ancak en düşük genetik uzaklığın DAK ve GAK populasyonu arasında olduğunu bunu BI ve YK populasyonunun izlediğini bildirmiştir. Özşensoy (2011) ise yaptığı çalışmada en düşük genetik mesafenin GAK ve YGS populasyonu arasında, en yüksek genetik mesafenin ise BI ve ZAV populasyonu arasında olduğunu bildirmiştir.

Genetik mesafe değerleri temel alınarak oluşturulan UPGMA dendogramı iki farklı kümeden oluşmaktadır. Dendogramın bir kümesini kültür sığır ırkı olan SA populasyonu oluştururken diğer kümesini yerli sığır ırkları oluşturmuştur. Yerli ırklar arasında da BI populasyonunun DAK ve YK populasyonundan ayrılarak ayrı bir küme oluşturduğu belirlenmiştir. Genetik mesafenin en az olduğu DAK ve YK populasyonları birlikte kümelenmiştir. Yerli sığır ırklarında BI populasyonunun DAK populasyonu ile olan benzerliği YK populasyonuna göre daha fazla bulunmuştur.



Şekil 4.5. D_s genetik uzaklığı kullanılarak oluşturulan dendogram (Ne's Standart Genetic Distance 1972)

Özkan (2005) yaptığı çalışmada yerli ırkların kültür ırklarından farklı kümelendiğini bildirmiştir. Ancak BI ve YK populasyonunun birlikte kümelendiğini ve DAK populasyonunun bunlardan farklı olduğunu tespit etmiştir. Özşensoy (2011) da yerli sığır ırklarını kullanarak yaptığı çalışmada DAK populasyonunun diğer populasyonlardan ayrı kümelendiğini, BI ve ZAV populasyonun ise birlikte kümelendiğini bildirmiştir. Aynı çalışmada DAK ve YGS populasyonlarının birlikte öbeklendiği ve YK populasyonunun bunlardan farklı kümelendiğini belirlemişlerdir.

4.6.2. Nei'nin yansız genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri

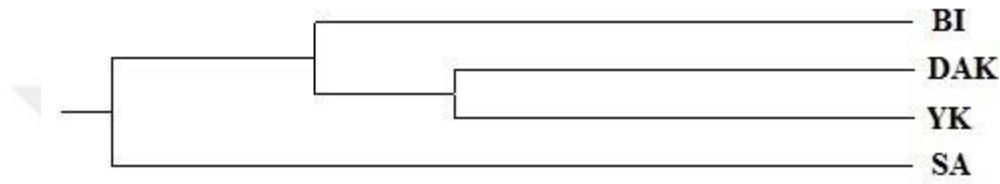
Nei'nin yansız genetik mesafe ve benzerlik değerleri, Nei standart genetik mesafe ve benzerlik değerlerine yakın bulunmuştur. En düşük genetik mesafe (0.136) DAK ve YK populasyonu arasında, en yüksek genetik mesafe değeri ise (0.335) BI ve SA populasyonu arasında belirlenmiştir. En düşük genetik benzerlik (0.715) BI ve SA populasyonu arasında, en yüksek genetik benzerlik (0.872) DAK ve YK populasyonu arasında belirlenmiştir.

Çizelge 4.30. Çalışılan populasyonlarda Nei standart genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri

	BI	DAK	YK	SA
BI	****	0.806	0.870	0.715
DAK	0.215	****	0.872	0.816
YK	0.140	0.136	****	0.839
SA	0.335	0.204	0.175	****

Köşegen üstü: Genetik benzerlik; Köşegen altı: Genetik mesafe

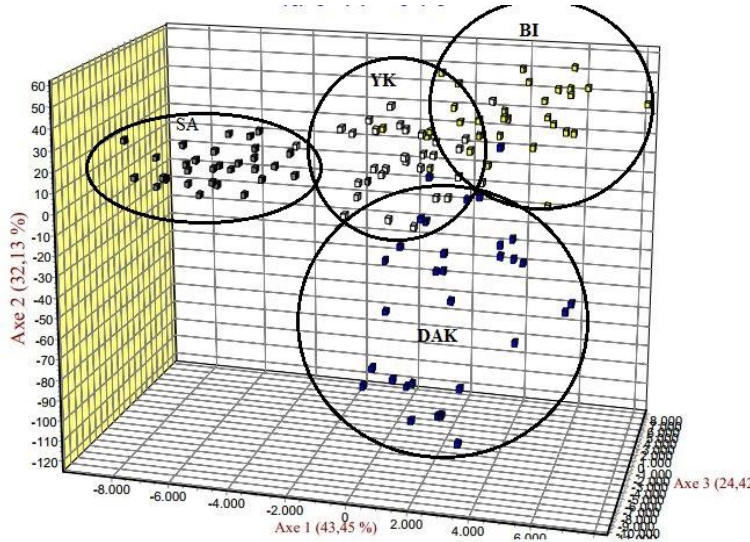
Genetik uzaklık değerlerinin baz alınarak oluşturulduğu dendrogram bir önceki analiz ile benzer bulunmuştur.



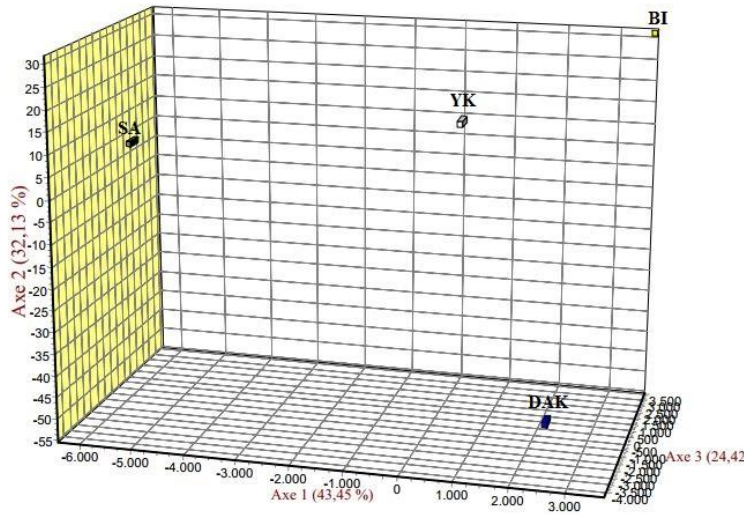
Şekil 4.6. Nei'nin yansız genetik uzaklığı kullanılarak oluşturulan dendrogram (Ne's Unbiased Measure of Genetic Distance 1978)

4.7. Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA)

Bu çalışmada GENETIX 4.05 paket programı kullanılarak populasyonlar ve populasyonlara ait bireyler seviyesinde FCA analizi yapılmıştır.



Şekil 4.7. Çalışılan populasyonlara ait bireyler arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi grafiği



Şekil 4.8. Çalışılan populasyonlar arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi grafiği

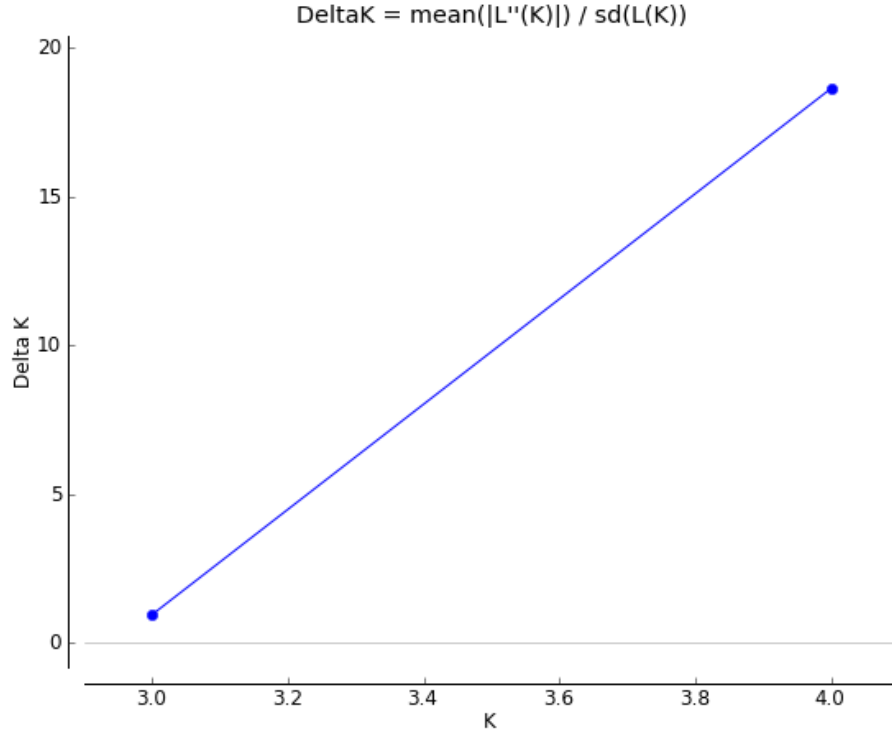
Faktöriyel benzerlik analizi değerlendirildiğinde SA populasyonun yerli sığır ırklarından belirgin bir şekilde farklı yerde konumlandığı, yerli sığır ırkları ise karışık olarak birlikte kümelendiği tespit edilmiştir. SA populasyonun kümelendiği bölgede sadece YK populasyonuna ait bir bireyin varlığı tespit edilmiştir. Yerli sığır ırkları arasında ise bireyler bazındaki karışımın daha fazla olduğu belirlenmiştir. Özellikle BI ve YK populasyonuna ait örneklerin birlikte karışık öbeklendiği belirlenmiştir. DAK populasyonu YK ve BI populasyonlarından farklı konumlanmasına rağmen nadir de olsa bir karışımın var olduğu görülmektedir.

Özkan (2005) yaptığı çalışmada Boz Irkın diğer yerli sığır ırklarından farklı öbeklendiğini, diğer yerli ırkların ise karışık olarak birlikte öbeklendiğini bildirilmiştir. Ayrıca kültür sığır ırklarıyla yerli sığır ırkların birbirinden farklı konumda öbeklendiği belirtilmiştir. Özşensoy (2011) ise Boz Irk ve Zavot populasyonlarının diğer yerli sığır ırklarıyla farklı bir konumda öbeklendiğini ancak DAK, GAK, YGS ve YK populasyonlarının ise karışık bir şekilde birlikte öbeklendiğini bildirmiştir.

4.8. Genetik Yapı (STRUCTURE) Analizi

Çalışmada populasyonların genetik yapısını ve populasyondaki bireylerin hangi ırka ait kümede (cluster) yer aldığını tespit etmek amacıyla STRUCTURE analizi yapılmıştır. Daha önce Türkiye yerli sığır ırklarında yapılan çalışmalar değerlendirilmiş MCMC (Monte Carlo Markow Chain) zinciri sayısı 500.000, periyot uzunluk değeri 200.000 alınmış ve her K değeri için 100 tekrar olacak şekilde program çalıştırılmıştır. Özkan (2005) yaptığı çalışmada MCMC zincir sayısını 30.000 olarak, Özşensoy (2011) ise MCMC zincir sayısını 100.000, periyot uzunluk değerini 50.000 ve her K değerini 10 tekrar olacak şekilde değerlendirmiştir. K değeri 2-5 olarak programa girilmiş ancak en

yüksek K değeri online bir program olan STRUCTURE HARVESTER (kullanılarak elde edilmiştir. Çalışılan 4 popülasyonda en yüksek K değeri 4 olarak belirlenmiştir.

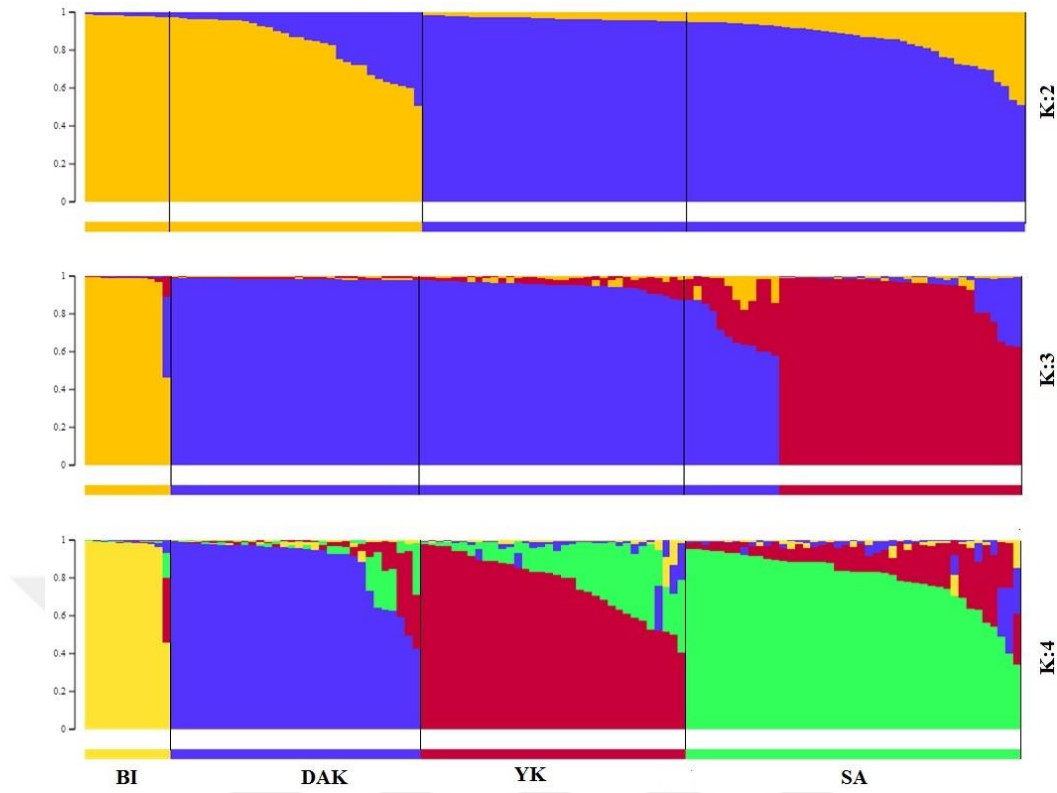


Şekil 4.9. Structure Harvester programından elde edilen K değeri grafiği

K	Reps	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
2	100	-7791.916000	1.977434	—	—	—
3	100	-7782.074000	274.897162	9.842000	261.711000	0.952032
4	100	-7510.521000	11.207819	271.553000	208.791000	18.629048
5	100	-7447.759000	10.182993	62.762000	—	—

Şekil 4.10. Structure Harvester programından elde edilen K değeri tablosu

En son aşamada kümeleme analizi görüntüsü elde etmek için online bir program olan STRUCTURE PLOT programı kullanılmıştır.



Şekil 4.11. Çalışılan populasyonlarda structure kümeleme analizi

K değeri 2 olduğu zaman BI ve DAK populasyonu birinci kümede, YK ve SA populasyonu ise ikinci kümede yer almaktadır. K değeri 3 olduğu zaman BI populasyonu birinci kümede, DAK ve YK populasyonu ikinci kümede, SA populasyonu ise üçüncü kümede yer almaktadır. K değeri 4 olduğu zaman çalışılan 4 populasyonun birbirinden farklı renklendirilmiş 4 küme oluşturduğu belirlenmiştir. Kümeleme analizine göre çalışılan 4 populasyonun birbirinden belirgin bir şekilde ayrıldığı ancak DAK, YK ve SA populasyonlarında genetik bir karışımın olduğu gözlenmiştir.

Structure analizinden elde edilen sonuçlar Özşensoy (2011)'un yaptığı çalışma ile benzer bulunmuştur. Söz konusu çalışmada (2011) yerli ırkların birbirinden belirgin bir şekilde farklı kümeler oluşturdukları bildirilmiştir. Ancak aynı çalışmada BI populasyonunda yüksek oranda karışımın olduğu belirtilmiştir. Özkan (2005) yaptığı çalışmada ise kültür sığır ırklarının kolaylıkla yerli ırklardan ayrılabilmediğini ancak yerli ırklarda tam bir ayrılmanın gözlemlenmediğini bildirmiştir.

4.9. Moleküler Genetik Verilerin Analizi (AMOVA)

Çalışmada toplam genetik varyasyonun ırklar arasında ve içinde nasıl dağıldığını belirlemek için AMOVA testi yapılmıştır.

Çizelge 4.31. Çalışılan populasyonlarda AMOVA analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Varyans (%)
Populasyonlar Arası	91.844	0.406	5.186
Populasyonlar İçi Bireyler Arası	909.245	1.156	14.746
Bireyler İçi	714.000	6.276	80.068
Toplam	1715.089	7.838	

Çalışmada belirlenen toplam genetik varyasyonun % 5.186'sı populasyonlar arasındaki, % 17.746'sı populasyonlar içindeki bireyler arasındaki, % 80.068'i ise bireyler arasındaki farktan kaynaklanmıştır.

Özkan (2005) yaptığı AMOVA analizinde toplam genetik varyasyonun % 1.79'unun populasyonlar arasındaki, % 4.43'ünün grup içi ırklar arasındaki, % 93.742'inin ise bireyler arasındaki farklılıktan kaynaklandığını bildirmiştir. Özşensoy (2011) ise yerli sığır ırklarında yaptığı çalışmada toplam genetik varyasyonun % 2'sinin populasyonlar arasındaki, % 98'inin ise populasyonlar içindeki farklılıktan kaynaklandığını bildirmiştir.

4.10. Bottleneck Analizi

Populasyonların yakın geçmişte yok olma tehlikesiyle karşılaşp karşılaşmadığını belirlemek için bottleneck analizi yapılmıştır. 20 ve daha fazla mikrosatellit lokus ile çalışıldığında standardize fark testinin, 20'den az lokus ile çalışıldığında ise wilcoxon testinin kullanılması gerektiği bildirilmiştir (Piry vd. 1999). Ayrıca mikrosatellit markerler ile çalışıldığında basamak tarzı mutasyon modeli (SSM; Stepwise Mutation Model) yerine iki safhalı mutasyon modelinin (TPM; Two Phase Model of Mutation) kullanılmasının daha uygun olduğu bildirilmiştir (Cornuet ve Luikart 1996; Luikart ve Cornuet 1998).

Daha önce yapılan çalışmalar göz önüne alınarak (Piry vd. 1999; Cornuet ve Luikart 1996; Luikart ve Cornuet 1998) iki safhalı mutasyon modeli ve standardize fark testi seçilip program çalıştırılmıştır.

Çizelge 4.32. Çalışılan ırklarda bottleneck analizi

İrk	Model	P Değeri	İstatistiksel Önemlilik
BI	TPM	0.041	Önemli
DAK	TPM	0.350	Önemsiz
YK	TPM	0.152	Önemsiz
SA	TPM	0.128	Önemsiz

Bottleneck analizi sonucunda BI ırkının yakın bir gemiřte yok olma tehlikesiyle karřılatıėı, diėer ırkların ise herhangi bir yok olma tehlikesiyle karřılařmadıėı tespit edilmiřtir.



5. SONUÇLAR

Populasyonlarda genetik çeşitlilik çalışmalarında mikrosatellit markerler yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Mevcut çalışmada sığırlarda polimorfik olduğu daha önceki çalışmalarda belirlenmiş ve FAO tarafından tavsiye edilen 20 mikrosatellit marker kullanılarak Türkiye’de yetiştiriciliği yapılan 4 farklı sığır ırkında genetik çeşitlilik ve filogenetik ilişkiler incelenmiştir. Çalışmada elde edilen verilerden elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

1) Çalışmada en fazla allel sayısı YK (170) populasyonunda belirlenmiş ve yerli ırkların SA populasyonuna göre daha fazla allele sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu durumun Türkiye’nin evcilleştirme bölgesine yakın olması ve göç yolları üzerinde olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

2) Tüm populasyonlar bir arada düşünüldüğünde en düşük allel genişliği (44-68 bç) TGLA227 lokusunda, en yüksek allel genişliği ise (282-298 bç) ILSTS006 lokusunda olduğu belirlenmiştir.

3) Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde en az gözlenen allel sayısının (5) TGLA227 lokusunda, en çok gözlenen allel sayısının ise (17) ETH185 lokusunda olduğu tespit edilmiştir. Populasyonlar seviyesinde gözlenen ortalama allel sayısının yerli ırklarda SA populasyonuna göre yüksek olduğu belirlenmiştir. En yüksek gözlenen ortalama allel sayısı (8.450), en fazla allel sayısına sahip olan YK populasyonunda belirlenmiştir.

4) BM6444, DRBP1, ILSTS087, INRABERN172 ve SPS113 mikrosatellit markerleri daha önceki kısımlarda bahsedildiği üzere FAO tarafından keçilerde yapılacak genetik çeşitlilik çalışmalarında tavsiye edilmektedir. Ancak bu çalışmada söz konusu 5 mikrosatellit markerlerin yerli sığır ırklarımızda yüksek oranda bilgi verici ($PIC > 0.5$) olduğu ve bundan sonra yapılacak çalışmalarda kullanılabileceği belirlenmiştir. Söz konusu markerlerden BM6444, ILSTS087 ve SPS113 markeri kültür ırkı olan SA populasyonunda da yüksek oranda bilgi verici ($PIC > 0.5$) olduğu saptanmıştır.

5) Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde PIC değerinin 0.532 (INRABERN172) ile 0.901 (SPS113) aralığında değiştiği ve çalışılan bütün mikrosatellit markerlerin yüksek oranda bilgi verici olduğu görülmüştür. Populasyon seviyesinde yerli sığır ırklarında çalışılan 20 mikrosatellit markerde PIC değerlerinin 0.500’den yüksek olduğu belirlenmesine rağmen kültür sığır ırkı olan SA populasyonunda DRBP1 ($PIC: 0.185$) ve INRABERN172 ($PIC: 0.158$) mikrosatellit markerinin genetik çeşitliliği belirlemede yetersiz kaldığı belirlenmiştir. Ayrıca bundan sonra SA populasyonunda yapılacak genetik karakterizasyon çalışmalarında DRBP1 ve INRABERN172 mikrosatellit markerlerinin yerine başka markerlerin tercih edilmesi gerektiği belirlenmiştir.

6) 20 mikrosatellit markerin kullanıldığı bu çalışmada frekansları 0.004-0.207 aralığında değişen toplam 31 özgün allel belirlenmiştir. Söz konusu allellerin frekansları düşük olduğu için ırk ayırımında kullanılamayacağı anlaşılmaktadır.

7) Çalışmada en düşük F_{ST} değeri (0.030) BI ve YK populasyonu arasında, en yüksek F_{ST} değeri (0.070) ise BI ve SA populasyonu arasında belirlenmiştir. Yapılan önemlilik testinde çalışılan bütün populasyonların birbirinden farklı olduğu belirlenmiştir.

8) Faktöriyel benzerlik analizi sonuçları ikişerli F_{ST} değerleriyle uyumlu bulunmuştur. FCA analizinde SA ve BI populasyonlarının birbirine en uzak yerlerde konumlandığı ve SA populasyonunun yerli sığır ırklarımızdan belirgin bir şekilde farklı kümelendiği belirlenmiştir.

9) Nei'nin standart genetik uzaklık değerlerine göre en düşük uzaklık (0.163) DAK ve YK arasında, en yüksek uzaklık (0.360) BI ve SA arasında belirlenmiştir.

10) Yapılan structure analizinde en uygun K değeri çalışılan populasyon sayısı ile eşit bulunmuştur. Çalışılan 4 populasyonun birbirinden ayrı küme oluşturduğu çalışmada DAK, YK ve SA populasyonunda genetik bir karışımın olduğu, BI populasyonunda ise genetik karışımın çok düşük seviyede olduğu belirlenmiştir.

11) Yapılan AMOVA analizinde toplam genetik varyasyonun % 5.186'sının populasyonlar arasındaki, % 17.746'sının populasyonlar içindeki bireyler arasındaki ve % 80.068'inin ise bireyler arasındaki farktan kaynaklandığı belirlenmiştir.

12) Akrabalı yetiştirme katsayısı BI, DAK, YK ve SA populasyonu için sırasıyla 0.216, 0.202, 0.128 ve 0.069 olarak hesaplanmıştır.

13) Bottleneck analizi sonucunda BI ırkının yakın bir geçmişte yok olma tehlikesiyle karşılatığı, diğer ırkların ise herhangi bir yok olma tehlikesiyle karşılaşmadığı tespit edilmiştir.

14) Ekonomik önemi olan özellikler bakımından yerli sığır ırklarının kültür sığır ırklarıyla rekabet edemeyecek durumda olmaları sayılarının azalmasına neden olmuştur. Türkiye'nin yerli sığır ırklarında görülen sayısal azalmanın akrabalığın artmasına neden olduğu düşünülmektedir. Yerli sığır ırklarında belirlenen akrabalı yetiştirme katsayısı kültür ırkı olan SA populasyonundan yüksek bulunmuştur. Söz konusu özelliklerin iyileştirilmesi için yapılan melezleme çalışmaları ise yerli sığır ırklarının saflığının azalmasına neden olmuştur. Bu çalışma kapsamında incelenen yerli ırklar üzerinde yapılan koruma çalışmaları devam etmektedir. Çalışmadan elde edilen akrabalı yetiştirme katsayıları, genetik varyasyon parametreleri ile bu ırkların günümüzdeki populasyon büyüklükleri bir arada düşünüldüğünde koruma çalışmalarının genişletilmesi ve özellikle BI üzerine daha fazla yoğunlaşılması gerektiği öngörülmektedir.

6. KAYNAKLAR

- Abdelkader, A.A., Ata N., Benyocuef, M.T., Djaout, A., Azzi, N., Yilmaz, O., Cemal, İ. and Gaouar, S.B.S. 2018. New genetic identification and characterisation of 12 algerian sheep breeds by microsatellite markers. *Italian Journal of Animal Science*, 17 (1): 38-48.
- Agung, P.P. et al. 2016. Study of genetic diversity among simmental cross cattle in west sumatra based on microsatellite markers. *Asian Australas J. Anim. Sci.*, 29 (2): 176-183.
- Ajmone-Marsan, P., Negrini, R., Crepaldi, P., Milanesi, E., Gorni, C. and Cicogna, M. 2008. Assessing genetic diversity in italian goat populations using AFLP markers. *Animal Genetics*, 32 (5): 281-288.
- Altınalan, A. 2005. Türkiye’deki yerli sığır ırklarının mikrosatellit DNA markerlarla genetik karakterizasyonu. Doktora Tezi, Çukurova Üniversitesi, Adana. 175 s.
- Anonim 1: <https://biruni.tuik.gov.tr/hayvancilikapp/hayvancilik.zul> [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonim 2: <https://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/Katalog%20Türkçe.pdf> [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonim 3: <https://www.tubitak.gov.tr/tr/kurumsal/politikalar/icerik-vizyon-2023> [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonim 4: https://www.tarim.gov.tr/TAGEM/Haber/213/Hayvan-Genetik-Kaynaklari-Ulusal-Strateji-Ve-Eylem-Plani-_2015-2020_-Yayimlandi [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonymous 1: <https://www.britannica.com/animal/Holstein-Friesian> [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonymous 2: www.fao.org/3/a-a1250e.pdf [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Anonymous 3: www.fao.org/3/a-a1404e.pdf [Son erişim tarihi: 04.07.2018].
- Arif, I.A. and Khan, H.A. 2009. Molecular markers for biodiversity analysis of wildwife animals: a brief review. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32 (1): 9-17.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N. and Bonhomme, F. 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows pour la gé’ne’tique des populations. Université’ de Montpellier II, Montpellier, France.
- Bin, W., Lin-Sen, Z., Heng-Wei, Y., Hong, L., Lin, Y. and Da-Qing, L. 2016. Genetic diversity of microsatellite DNA among the cattle (*Bos taurus*) population in the qinling-bashan mountain area. *J. Agri. Biot.*, 24 (2): 233-244.
- Botstein D., White L. R., Skolnick, M. and Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am. J. Hum.*

- Genet.*, 32: 314-331.
- Bruford, M.W., Bradly, D.G. and Luikart, G. 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Genetics*, 4: 2-12.
- Campos, B. M. et al. 2017. Genetic diversity, population structure, and correlations between locally adapted zebu and taurine breeds in Brazil using SNP markers. *Trop. Anim. Health Prod.*, 49: 1677-1684.
- Cervini, M., Henrique-Silva, F., Mortari, N. and Jr, E. M. 2006. Genetic variability of 10 microsatellite markers in the characterization of Brazilian Nelore Cattle (*Bos Indicus*). *Genetic and Molecular Biology*, 29 (3): 486-490.
- Changadeya, W., Ambali, A. J. D., Nyirenda, J. C., Chagunda, M. G. G. and Kaunda, E. 2012. Genetic diversity and population structure of Malawi Zebu Cattle. *International Journal of Physical and Social Sciences*, 2 (9): 2249-5894.
- Chatterjee, R.N., Bhattacharya, T.K., Dange, M. and Rajkumar, U. 2010. Assessment of genetic relatedness of crossbred chicken populations using microsatellite markers. *Biochemical Genetics*, 48 (9): 727-736.
- Chaudhari, M. V., Parmar, S. N. S., Joshi, C. G., Bhong, C. D., Fatima, S., Thakur, M. S. and Thakur, S. S. 2009. Molecular characterization of Kenkatha and Gaolao (*Bos indicus*) cattle breeds using microsatellite markers. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32 (2): 71-76.
- Cornuet, J. M. and Luikart, G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144 (4): 2001-2014.
- Dadi, H., Tibbo, M., Takahashi, Y., Nomura, K., Hanada, H. and Amano, T. 2008. Microsatellite analysis reveals high genetic diversity but low genetic structure in Ethiopian indigenous cattle populations. *Animal Genetics*, 39 (4): 425-431.
- Devi, K. S., Gupta, B. R. and Vani, S. 2017. Genetic diversity and bottleneck studies in Punganur cattle through microsatellite markers. *International Journal of Science*, 6 (2): 303-307.
- Devrim, A. K. ve Kaya, N. 2004. Genetik polimorfizm ve mikrosatellitler. *Kafkas Üniv. Vet. Fak. Derg.*, 10 (2): 215-220.
- Egito, A. A., Paiva, S. R., Albuquerque, M. D. S. M., Mariante, A. S., Almeida, L. D., Castro, S. R. and Grattapaglia, D. 2007. Microsatellite based genetic diversity and relationship among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics*, 8:83.
- El-Sayed, M. A., Al-Sudy, A. and Teleb, F. 2016. Assessment of genetic diversity among two Egyptian cattle populations (*Bos taurus*) based on autosomal microsatellite markers. *Egyptian J. Anim. Prod.*, 53 (2): 65-73.

- Ertuğrul, M., Dellal, G., Soysal, İ., Elmacı, C., Akın, O., Arat, S., Barıtcı, İ., Pehlivan, E. ve Yılmaz, O. 2009. Türkiye’de yerli koyun ırklarının korunması. *U. Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23 (2): 97-119.
- Ertuğrul, M., Akın, A.O., Yıldırım, M., Dellal, G., Togan, İ., Pabuçcuoğlu, S., Koyuncu, M., Öner, Y., Yılmaz, O., Koncağül, S., Pehlivan, E., Elmacı, C., Dağ, B. ve Özder, M. 2015. Türkiye çiftlik hayvanları genetik kaynaklarının korunması ve sürdürülebilir kullanımı. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Türkiye Ziraat Mühendisliği VIII. Teknik Kongresi, Bildiriler Kitabı-1, 212-236, Ankara.
- Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14 (8): 2611-2620.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. 2006. ARLEQUIN version 3.01: an integrated software package for population genetics data analysis. University of Bern, Institute of Zoology, Switzerland.
- Felius, M., Koolmes, P. A., Theunissen, B., E. C. G. D. C. and Lenstra, J. A. 2011. On the breeds of cattle-historic and current classifications. *Diversity*, 3 (4): 660-692.
- Genç, S. 2014. Türkiye’de Siyah Alaca sığır populasyonlarında genetik parametreler ve genetik yönelim tahminleri. Doktora Tezi, Namık Kemal Üniversitesi, Tekirdağ, 88 s.
- Glaubitz, J. C. 2004. A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. *Molecular Ecology Resources*, 4 (2): 309-310.
- Goudet, J. 1995. FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-Statistics. *J.Heredity*, 86: 485-486.
- Gwakisa, P. S., Kemp, S. J. and Teale, A. J. 1994. Characterization of Zebu cattle breeds in Tanzania using random amplified polymorphic DNA markers. *Animal Genetics*, 25 (2): 89-94.
- Hillel, J. et al. 2003. Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. *Genetics Selection Evolution*, 35: 533-557.
- Hussain, T., Babar, M. E., Peters, S. O., Wajid, A., Ali, A., Azam, A., Ahmad, Z., Wasim, M., Ali, A., Kizilkaya, K., Donato, M. D. and Immoruin, I. G. 2016. Microsatellite markers based genetic evaluation of Pakistani cattle breeds. *Pakistan J. Zool.*, 48 (6): 1633-1641.
- Kim, K.S., Yeo, J. S. and Choi, C. B. 2002. Genetic diversity of North-east Asian cattle based on microsatellite data. *Animal Genetics*, 33 (3): 201-204.
- Koç, A. 2016. Simmental yetiştiriciliğinin değerlendirilmesi: 1. Dünyada ve Türkiye’deki yetiştiriciliği. *Adnan Menderes Üniv. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 13 (2): 97-102.

- Korkmaz Ağaoğlu, Ö. 2010. Türkiye'deki bazı yerli keçi ırklarında mikrosatellit polimorfizminin belirlenmesi. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 235 s.
- Kök, S., Atalay, S., Savaşçı, M. ve Eken, H. S. 2013. Characterization of calpastatin gene in purebred and crossbred Turkish Grey Steppe cattle. *Kafkas Univ. Fak. Derg.*, 19 (2): 203-206.
- Liu, B.H. 1998. Statistical genomics: Linkage, mapping, and QTL analysis. *CRC Press LLC*, Boca Raton New York.
- Loftus, R. T., Ertugrul, O., Harba, A. H., El-Barody, M. A. A., MacHugh, D. E., Park, S. D. E. and Bradley, D. G. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8 (12): 2015-2022.
- Lorenzo, P. D. et al. 2018. Mitochondrial DNA variant of Podolian cattle breeds testify for a dual maternal origin. *Plos One*, 13 (2): 1-12.
- Luikart, G. and Cornuet, J. M. 1998. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data. *Conservation Biology*, 12 (1): 228-237.
- Machado, M. A., Schuster, I., Martinez, M. L. and Campos, A. L. 2003. Genetic diversity of four cattle breeds using microsatellite markers. *R. Bras. Zootec.*, 32 (1): 93-98.
- MacHugh, D. E., Shriver, M. D., Loftus, R. T., Cunningham, P. and Bradley, D. G. 1997. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146 (3): 1071-1086.
- Martin-Burriel, I., Garcia-Muro, E. and Zaragoza, P. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, 30 (3): 177-182.
- Mateus, J. C., Penedo, M. C. T., Alves, V. C., Ramos, M. and Rangel-Figueiredo, T. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, 35 (2): 106-113.
- Miller, S., Dykes, D. and Plesky, H.A. 1988. Simple Salting out Procedure for Extracting DNA from Human Cells. *Nucleic Acids Research*, 16 (3): 1215.
- Moazami-Goudarzi, K., Laloe, D., Furet, J.P. and Grosclaude, F. 1997. Analysis of genetic relationship between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics*, 28 (5): 338-345.
- Mukesh, By M., Sodhi, M., Bhatia, S. and Mishra, B. P. 2014. Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *J. Anim. Genet.*, 121 (6): 416-424.
- Nagamine, Y., Nirasawa, K., Takashi, H., Sasaki, O., Ishii, K., Minezawa, M., Oda, S., Visscher, P. M. and Furukawa, T. Estimation of the time of divergence between

- Japanese Mishima Island Cattle and other cattle populations using microsatellite DNA markers. *Journal of Heredity*, 99 (2): 202-207.
- Nei, M. 1977. F- statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genet.*, 41 (2): 225-233.
- Nishimaki, T. et al. 2013. The assessment of genetic diversity within and among the eight subpopulations of Japanese Black cattle using 52 microsatellite markers. *Animal Science Journal*, 84 (8): 585-591.
- Özkan, E. 2005. Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının mikrosatellitler ile incelenmesi. Doktora Tezi, Trakya Üniversitesi, Edirne, 235 s.
- Özşensoy, Y. 2011. Türkiye’de bulunan bazı yerli sığır ırklarının genetik yapılarının karakterizasyonu. Doktora Tezi, Şelçuk Üniversitesi, Konya, 148 s.
- Özşensoy, Y. ve Kurar, E. 2012. Markör sistemleri ve genetik karakterizasyon çalışmalarında kullanımları. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 10 (2): 11-19.
- Pandey, A. K., Sharma, R., Singh, Y., Prakash, B. B. and Ahlawat, P. S. 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *Journal of Genetics*, 85 (2): 117-122.
- Park, S.D.E. 2001. Trypanotolerance in west african cattle and the population genetic effects of selection. PhD Thesis, Trinity College, Dublin University.
- Peelman, L. J., Mortiaux, F., Zeveren, A. V., Dansercoer, A., Momments, G., Coopman, F., Bouauet, Y., Burny, A., Renaville, R. and Portetelle, D. 1998. Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Animal Genetics*, 29 (3): 161-167.
- Piry, S., Luikart, G. and Cornuet, J. M. Bottleneck: A computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *The Journal of Heredity*, 90 (4): 502-503.
- Pritchard, J.K., Matthew, S. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155 (2): 945-95.
- Qu, K. X., Huang, B. Z., Yang, G. R., He, Z. X., Zhang, Y. P. and Zan, L. S. 2012. Genetic diversity analysis of BMY cattle based on microsatellite DNA markers. *Russian Journal of Genetics*, 48 (4): 435-441.
- Ramamoorthi, J., Sivaselvam, S. N., Subramanian, A., Kumarasamy, P., Karthickeyan, S. M. K. and Thangaraju P. 2006. Genetic structure of Tellicherry goats (*Capra hircus*) based on microsatellite markers. *Online Journal of Veterinary Research*, 10 (2): 156-161.
- Rehman, M. S. and Khan, M. S. 2009. Genetic diversity of Haryana and Hissar cattle from Pakistan using microsatellite analysis. *Pakistan Vet. J.*, 29 (2): 67-71.

- Sabir, J., Mutwakıl, M., El-Hanay, A., Al-Hejin, A., Sadek, M. A., Abou-Alsoud, M., Qureshi, M., Sami, K. and Ahmed, M. 2014. Applying molecular tools for improving livestock performance: From DNA markers to next generation sequencing technologies. *J. Food Agriculture and Environment*, 12 (2): 541-553.
- Singer, C., Holmyard, E. J. and Hall, A. R. 1958. A history of Technology. Oxford University Press; 2, Oxford, 351 s.
- Suh, S., Kim, Y., Cho, C., Byun, M., Choi, S., Ko, Y., Lee, C. W., Jung, K., Bae, K. H. and Kim, J. 2014. Assesment of genetic diversity, relationships and structure among Korean native cattle breeds using microsatellite markers. *Asian Australas. J. Anim. Sci.*, 27 (11): 1548-1553.
- Sun, W., Chen, H., Lei, C., Lei, X. and Zhang, Y. 2007. Study on population genetic characteristics of Qinchuan cows using microsatellite markers. *Journal of Genetics and Genomics*, 34 (1): 17-25.
- Sun, W., Chen, H., Lei, C., Lei, X. and Zhang Y. 2008. Genetic variation in eight Chinese cattle breeds based on the analysis of microsatellite markers. *Genet. Sel. Evol.*, 40 (6): 681-692.
- Tadano, R., Goto, N. and Tsudzuki, M. Genetic differentiation among White Leghorn lines: Application of individual-based clustering approaches. *Poultry Science*, 90 (4): 725-730.
- Tapio, I., Varv, S., Bennewitz, J., Maleviciute., Fimland, E., Grilis, Z., Meuwissen, T. H. E., Miceikiene, I., Olsaker, I., Vinalass, H., Vilkki, J. and Kantanen, J. 2006. Prioritization for convservation of Northern European cattle breeds based on Analysis of Microsatellite data. *Conservation Biology*, 20 (6): 1768-1779.
- Teneva, A. 2009. Molecular markers in animal genome analysis. *Biotechnology in Animal Husbandry*, 25 (5-6): 1267-1284.
- Uygur, A. M. 2015. İzmir ili süt sığırcılığının mevcut durumu ve geliştirilmesi üzerine bir araştırma. Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir, 199 s.
- Weber, J.L. and May, P.E. 1989. Abundant of class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am. J. Hum. Genet.*, 44 (3): 388-396.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of population. *Ann. Eugen*, 15 (1): 323-334.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by f-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19 (3): 395-420.
- Yalçın B.C. 1981. Genel Zootečni. İstanbul Üniv. Veteriner Fakültesi Yayınları, Ders Kitabı, İstanbul.
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T.B.J., Ye, Z.H. and Mao, J.X. 1997. POPGENE, The user-friendly shareware for population genetic analysis, *Molecular Biology and*

Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.

- Yıldırım, İ. S. 2015. Türkiye’de bulunan evcil ve yaban keçilerinin genetik benzerlik ve farklılıklarının mikrosatellitlerle araştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi, Konya, 63 s.
- Zeder, M. A. and Hessen, B. 2000. The initial cation of goats (*Capra hircus*) in the zagros mountains 10,000 years ago. *Science*, 287 (5461): 2254-2257.
- Zhang, G. X., Wang, Z. G., Chen, W. S., Wu, C. X., Han, X., Chang, H., Zan, L. S., Li, R. L., Wang, J. H., Song, W. T., Xu, G. F., Yang, H. J. and Luo, Y. F. Genetic diversity and population structure of indigenous yellow cattle breeds of China using 30 microsatellite markers. *Animal Genetics*, 38 (6): 550-559.
- Zugaj, W. S. 2011. The polymorphism of 24 microsatellite loci in 4 Polish cattle breeds. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego*, 7 (4): 21-31.

ÖZGEÇMİŞ

EYMEN DEMİR

eymendemir@akdeniz.edu.tr



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2015-Devam ediyor	Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2011-2015	Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Antalya

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Araştırma Görevlisi	Akdeniz Üniversitesi
2017-Devam ediyor	Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Antalya

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

1- Karşlı T., Balcıoğlu M.S., Demir E., Fidan H.G., Aslan M., Aktan S., Kamanlı S., Karabağ K., Şahin E. (2017). Ankara Tavukçuluk Araştırma Enstitüsü'nde Yetiştirilen Yumurtacı Saf Tavuk Hatlarında Yumurta Verimi İle İlişkili IGF-I ve NPY Aday Genlerindeki Polimorfizmlerin Belirlenmesi. Türk Tarım-Gıda ve Teknoloji Dergisi. 5(9), 1051-1056.

Ulusal bilimsel toplantılarda sunulan ve bildiri kitaplarında basılan bildiriler

- 1- Karşlı T., Balcıoğlu M.S., Demir E., Fidan H.G., Aslan M., Argun K.B. (2017). Determination of polymorphism on Insulin-like growth factor-I (IGF-I) and Neropeptide Y (NPY) genes in Denizli chickens by using PCR-RFLP method. III. International Agriculture Congress (Özet Bildiri/Sözlü Sunum).
- 2- Balcıoğlu M.S., Karşlı T., Demir E., Aslan M., Fidan H.G., Aktan S., Şahin E., Karabağ K. (2017). Determination of the Ovocalyxin-32 gene in different six Brown layer lines using PCR-RFLP method. III. International Agriculture Congress (Özet Bildiri/Sözlü Sunum).
- 3- Şahin E., Balcıoğlu M.S., Karşlı T., Demir E. (2017). Association between the *MspI* polymorphism in growth hormone gene and milk yield in holstein cows. European Biotechnology Congress (Özet Bildiri/Poster)

