

Türkiye'de Yetiştirilen Farklı Esmer Sığır Sürüleri Arasındaki Genetik İlişkiler

Ceyhan ÖZBEYAZ

Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootehni Anabilim Dalı, Ankara -TÜRKİYE

Mehmet Ali YILDIZ

Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı, Zootehni Bölümü, Konya - TÜRKİYE

Handan ÇAMDEVİREN

Mersin Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, Yenişehir Kampüsü, Mersin - TÜRKİYE

Geliş Tarihi: 07.09.1999

Özet : Türkiye'de farklı işletmelerde (Malya Tarım, Konuklar Tarım, Anadolu Tarım, Eskişehir Şeker Fabrikası ve Van Tarım Meslek Lisesi) yetiştirilen İsviçre Esmeri sığır popülasyonları, Hb, Tf, Pa, Am-I, Am-II ve Cp (monomorf) lokuslarındaki polimorfizmden yararlanılarak, ortalama heterozigotluk (\bar{h}_s) değerleri, F-istatistikleri ve genetik uzaklık (d_{ij}) değerleri bakımından karşılaştırılmıştır.

Ortalama heterozigotluk değerleri $0,2191 \pm 0,1206$ ile $0,2876 \pm 0,1027$ arasında tahmin edilmiş ve popülasyonlar arasında heterozigotluk bakımından herhangi bir farklılık bulunmamıştır.

Popülasyonlarda tüm lokuslar üzerinden sırasıyla 0,0601 ($p<0,05$), 0,1064 ($p<0,01$) ve 0,0493 ($p<0,01$) olarak hesaplanan \bar{F}_{IS_w} , \bar{F}_{IT_w} ve \bar{F}_{ST_w} değerlerinin istatistik olarak önemli olduğu, popülasyonlardaki çiftleşmelerin rastgele olmadığı ve popülasyonlar arasındaki farklılıkların Tf, Pa ve Am-I lokuslarından kaynaklandığı belirlenmiştir.

Genetik uzaklık değerleri 0,0043 ile 0,0352 arasında gerçekleşmiştir.

Kümeleme analizi (UPGMA) sonucunda Konuklar Tarım İşletmesi ve Eskişehir Şeker Fabrikası sürüleri aynı sınıfta yer almış ve bu ana küme sırasıyla Anadolu Tarım İşletmesi, Malya Tarım İşletmesi ve Van Tarım Meslek Lisesi'ndeki popülasyonlar ile birleşmiştir.

Sonuç olarak, farklı işletmelerde yetiştirilen Esmer sığır popülasyonlarında akrabalı yetiştirmenin uygulandığı ve birbirleri arasında var olan genetik farklılıkların F-istatistikleri ve genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak belirlenebileceği ortaya konulmuştur. Ayrıca popülasyonların gruplandırılmasında kümeleme analizinin de kullanışlı bir metod olduğu neticesine varılmıştır.

Anahtar Sözcükler: Sığır, Esmer, Heterozigotluk, F-istatistikleri, Genetik Uzaklık, Kümeleme Analizi

Genetic Relationships Among Different Brown Swiss Cattle Herds in Turkey

Abstract : Average heterozygosity (\bar{h}_s), F-statistics and genetic distance (d_{ij}) of different Brown Swiss cattle herds in Turkey (Malya, Konuklar and Anadolu State Farms, Eskişehir Sugar Factory Farm and Van Agriculture Secondary School Farm) were compared with each other by using Hb, Tf, Am-I, Am-II and Cp (monomorphic) loci.

Average heterozygosity values were estimated to be 0.2371 ± 0.1076 to 0.2876 ± 0.1027 and there were no significant differences among herds.

F-statistics \bar{F}_{IS_w} , \bar{F}_{IT_w} and \bar{F}_{ST_w} were estimated to be 0.0601 ($p<0.05$), 0.1064 ($p<0.01$) and 0.0493 ($p<0.01$) for whole loci, respectively. Matings in the populations were not random and the genetic differences among populations resulted from Tf, Pa and Am-I loci.

Genetic distance values were found to be between 0.0043 and 0.0237.

Cluster analysis (UPGMA) results showed that Konuklar State Farm and Eskişehir Sugar Factory herds were in the same class and this main group was joint first with Anadolu State Farm herd, joint second with Malya State Farm herd, followed by Van Agriculture Secondary School herd.

It was concluded that there have been inbreeding structures in all Swiss Brown herds and the genetic differences between herds should be determined by using F-statistics and genetic distance values. In addition, classification of populations by the cluster analysis was a useful method.

Key Words: Cattle, Brown Swiss, Heterozygosity, F-statistics, Genetic Distance, Cluster Analysis

Giriş

Populasyonlarda akraba bireylerin çiftleştirilmesine **akrabalı yetiştirme** (*inbreeding*) ve üzerinde çalışılan lokuslar bakımından Hardy-Weinberg oranlarından olan sapmalar ise **homozigotlaşma indeksi** ($F=Fixation\ index$) olarak adlandırılır (1-3).

Bir tür ya da ırka ait populasyonlar çiftleştirme sistemlerine, yetiştirildikleri coğrafi ve ekolojik bölgelere (selektif faktörler) bağlı olarak çeşitli işletmelerde yetiştirilebilmektedir. Farklı izole bölgelerde ya da işletmelerde yetiştirilen populasyonlar, o tür ya da ırka ait **alt populasyonlar** (*subpopulations*) olarak tanımlanmaktadır (1). Eğer bir populasyon farklı genetik yapıya sahip alt populasyonlara bölünmüş ise, alt populasyonlarda selektif faktörlerden dolayı homozigot genotiplerin frekansları, Hardy-Weinberg dengesinde olması beklenen oranlardan daha yüksek olur. Oluşan alt populasyonların tekrar karıştırılması ile meydana gelen populasyonda, homozigot genotiplerin frekansı, karıştırma yapılmadan önceki alt populasyonlarda gözlenen homozigot genotiplerin frekansından daha düşük olacaktır. Populasyonun genetik yapısında meydana gelen bu özellik **Wahlund prensipleri** olarak ifade edilmektedir (4-6).

Evrin sürecinde üzerinde çalışılan populasyonda meydana gelen seleksiyon, göç ve bireylerin pedigrileri hakkında tanımlayıcı bilgilerin elde edilmesi çoğu zaman mümkün olamamaktadır. Böyle bir durumda; Wright (1-3) ve Cockerham (7,8) populasyonun (alt populasyonlardan oluşan) genetik yapısının, üzerinde çalışıldığı anda tespit edilen genotip frekanslarından yararlanılarak alt populasyonlardaki Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlardan olan sapma ve alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıklarla ifade edilebileceğini bildirmektedir. Bu bağlamda Nei (4) populasyonda belirlenen toplam genetik farklılığın alt populasyonlar içi ve alt populasyonlar arası olmak üzere iki bileşene ayrılabilceğini bildirmektedir. Alt populasyonlardan oluşan bir populasyonda akrabalı yetiştirme durumunun belirlenmesinde ya da polimorfik allellerle ilişkili seleksiyon modelinin tahmininde Wright (1-3)'ün F-istatistik modeli evrensel olarak kabul edilen analitik bir yaklaşım sağlamaktadır. Bu amaçla; Wright (1-3) tarafından geliştirilen F_{IT} , F_{IS} ve F_{ST} parametrelerinden yararlanılmaktadır. Bu parametreler homozigotlaşma indisleri (*fixation indices*) ya da F-istatistikleri (*F-statistics*) olarak isimlendirilmekte olup, aralarında aşağıdaki gibi bir ilişki bulunmaktadır.

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) (1 - F_{ST})$$

F_{IT} ; Populasyonun akrabalı yetiştirme katsayısı olup, populasyon seviyesinde rastgele birleşen iki gametin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimalidir.

F_{IS} ; Alt populasyonlardaki akrabalı yetiştirme katsayısı olup, alt populasyonlarda rastgele birleşen iki gametin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimalidir.

F_{ST} ; Alt populasyonlarda rastgele ele alınan iki gametin müşterek atadan dolayı özdeş olma ihtimali olup, alt populasyonlar arasındaki genetik farklılığın ölçüsüdür.

Wright (1)'in F-istatistik modelindeki F_{IS} ve F_{IT} parametreleri genellikle homozigotlaşma indeksleri olarak adlandırılır ve negatif ve pozitif değerler alabilmektedir. F-istatistik modeli, sonsuz sayıda alt populasyonun var olduğu hipotetik bir populasyon üzerine kurulduğu için modeldeki F_{ST} 'nin değeri pozitif olmak zorundadır. Ancak uygulamada sınırlı sayıda alt populasyon üzerinde çalışıldığı için F_{ST} 'nin değeri de değişebilmektedir. Bu durumda F_{ST} , bir parametre yerine bir istatistik olarak değerlendirilmektedir (4,9). F_{ST} bir istatistik olarak ele alındığında nadiren de olsa negatif değerler alabilmektedir. Long (10), negatif olarak tahmin edilen F_{ST} değerinin sıfır ($F_{ST} = 0$) olarak kabul edilebileceğini ve istatistik olarak tahmin edilen F_{ST} 'nin simgesinin de F_{ST}^* olarak gösterilmesi gerektiğini bildirmektedir. Çoklu allellerin bulunduğu lokuslarda F_{ST} , "**gen farklılığı katsayısı** (*coefficient of gene differentiation*)" olarak adlandırılmaktadır (5).

Son yıllarda F-istatistiklerinin tekrar formüle edilmesi ve parametre tahmin yöntemlerinin geliştirilmesine yönelik bir çok çalışma yapılmaktadır (5-13). Bu amaçla; geliştirilen Weir and Cockerham (9)'ün modelin de, Wright (1)'in teorisinde yer alan varsayımlar kabul edilmekle birlikte, alt populasyonlardaki örnek genişliklerinin etkileri, örneklenen alt populasyon sayısı ve parametre tahmin metotları üzerinde modelin tenkit edilen yönlerini tamamlayıcı yeni yaklaşımlar getirilmektedir.

F-istatistiklerinden yararlanılarak mevcut sığır populasyonları arasındaki benzerlik ve farklılıkların ortaya konulmasına yönelik sınırlı sayıda da olsa bir kaç araştırmaya rastlanılmıştır.

İspanya yerli sığır ırklarından olan *Pyrenean brown* sığırının 9 farklı işletmede yetiştirilen alt populasyonları arasındaki ortalama genetik farklılık (F_{ST}) 0,016 ($p<0,001$) olarak bulunmuştur (14).

Arjantin'de 4 farklı bölgede yetiştirilen Holştayn populasyonlarında F-istatistiklerine göre, rastgele bir çiftleşmenin uygulandığı ve alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların önemli olmadığı ifade edilmiştir (15).

Ortalama akrabalı yetiştirme katsayısının Amerikan orijinli Loghorn populasyonunda $0,049 \pm 0,034$. Iberian sürülerinde ise $0,018 \pm 0,025$ ile $0,171 \pm 0,030$ arasında değiştiği ve ayrıca söz konusu populasyonlarda genetik uzaklık değerlerinin, $0,0248$ ile $0,1005$ arasında olduğu da bildirilmiştir (16).

Genetik uzaklık değerleri Avrupa'da yetiştirilen 37 sığır ırkında $0,011$ ile $0,309$ arasında olduğu belirtilmiştir (17).

Türkiye'de mevcut farklı Esmer sığır populasyonlarında ortalama heterozigotluk değerinin $0,383 \pm 0,099$ olarak tahmin edildiği ve Türkiye'de yetiştirilen çeşitli kültür ırklarında genetik uzaklık değerlerinin $0,050$ ile $0,128$ arasında farklılık gösterdiği tespit edilmiştir (18).

Yapılan literatür araştırması sonucunda rastlanılan diğer çalışmaların hemen hemen tamamında belirli lokuslar bakımından fenotip tayini yapılarak gen ve genotip frekansları hesaplanmış ve tespit edilen genotipler ile ekonomik verimler arasında olası genetik ilişkiler araştırılmıştır (18,19).

Bu araştırma da Türkiye'de farklı işletmelerde yetiştirilen İsviçre Esmeri sığır populasyonlarında, hemoglobin (Hb), transferrin (Tf), postalbümin (Pa), amilaz-I (Am-I), amilaz-II (Am-II) ve seruloplazmin (Cp) sistemleri bakımından gen ve genotip frekansları belirlenerek, genetik varyasyonun tespit edilmesi ve bundan yararlanılarak alt populasyonlardaki genetik benzerlik ve farklılıkların ortaya konulabilmesi için F-istatistikleri kullanılmış ve ayrıca genetik uzaklıklardan hareketle alt populasyonların kümelendirilmesi amaçlanmıştır.

Materyal ve Metot

Materyal

Araştırmanın materyalini Tablo 1'de belirtilen işletmelerde yetiştirilen toplam 385 baş İsviçre Esmeri sığırı oluşturmuştur.

Tablo 1. İsviçre Esmeri Sürülerinin Örnek Genişlikleri ve Yetiştirildiği İşletmeler.

Örnek Genişliği (n)	İşletmeler
96	Malya Tarım İşletmesi (Malya) - Kırşehir
63	Konuklar Tarım İşletmesi (Konuklar) - Konya
141	Anadolu Tarım İşletmesi (Anadolu) - Eskişehir
30	Eskişehir Şeker Fabrikası (Esk. Şeker) - Eskişehir
55	Van Tarım Meslek Lisesi (Van TML.) - Van

Metot

Sığırlardan toplanan kan örneklerinde polimorfik sistemlerden, hemoglobin fenotipleri Efremov (20)'a, serum amilaz-I ve seruloplazmin sistemleri ise Thinnés (22)'e göre nişasta jel elektroforezi ile belirlenmiştir. Serum transferrini ve postalbümin tiplerinin belirlenmesi de yine Thinnés (21)'e, amilaz-II sisteminin tiplendirilmesi ise Siepmann and Stagemann (22)'a göre poliakrilamid jel elektroforezi ile yapılmıştır. Polimorfik sistemlerin tip tayininde Hannover Veteriner Yüksek Okulu'ndan sağlanan standartlardan yararlanılmıştır.

Çalışılan polimorfik lokuslarda gen frekanslarının (X_i) hesaplanmasında allel (gen) sayma yöntemi kullanılmıştır (5).

Her bir populasyonda, her bir lokustaki genetik varyasyonun ölçüsü olan heterozigotluk (h_{sj}) değerleri örnekleme hatasını azaltmak için yansız (*unbiased*) olarak Nei (5)'e göre tahmin edilmiştir. Ayrıca bir lokusta hesaplanan heterozigotluk (h_{sj}) değerlerinden yararlanılarak, alt populasyonlardaki ortalama heterozigotluk (\bar{h}_s) ve standart hataları ($S_{\bar{h}_s}$) da hesaplanmıştır. Alt populasyonlarda tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıkların önem kontrolü t-testi ile yapılmıştır (5).

Herhangi bir lokusta, herhangi bir allelin tüm alt populasyonlardaki ortalama gen frekansı (\bar{X}) ve varyansı (S_i^2), alt populasyonlardaki örnek genişlikleri (n_s), populasyondaki ortalama örnek genişliği (\bar{n}), üzerinde durulan allelin s. populasyondaki frekansı (X_i) ile alt populasyon sayısından (k) yararlanılarak hesaplanmıştır (9).

Herhangi bir allel bakımından gözlenen ortalama heterozigotluk (h_o), o allel bakımından heterozigot genotipteki bireylerin sayısının o lokustaki toplam birey sayısına oranı olarak hesaplanmaktadır. Üzerinde durulan

her bir allelin tüm alt populasyonlarda gözlenen ortalama heterozigotluk frekansı (\bar{h}_o), o allelin alt populasyonlarda gözlenen heterozigotluklarından (h_o) hesaplanmaktadır. Weir and Cockerham (9) tarafından a, b ve c olarak simgeleştirilen varyans bileşenlerinden yararlanılarak F-istatistikleri üç farklı amaca yönelik olarak tahmin edilmektedir. Bunlar;

--- Herhangi bir lokusta bir allel için tahmin edilen F-istatistikleri (F_{IS} , F_{IT} ve F_{ST}),

--- Alleller üzerinden bir lokus için tahmin edilen F-istatistikleri (\tilde{F}_{IS} , \tilde{F}_{IT} ve \tilde{F}_{ST}) ve

--- Allel ve lokuslar üzerinden çalışılan tüm lokuslar için tahmin edilen F-istatistikleridir (\tilde{F}_{IS_w} , \tilde{F}_{IT_w} ve \tilde{F}_{ST_w}).

Bir lokus için hesaplanan \tilde{F}_{ST} istatistiğinin önem kontrolünde X^2 test istatistiğinden yararlanılmıştır. Bu istatistik, N toplam birey, m allel ve k alt populasyon sayısı olmak üzere $X^2 = 2N(m-1)\tilde{F}_{ST}$ eşitliğinden hesaplanır ve serbestlik derecesi (S.D.), (m-1)(k-1) olan tablo değeri ile karşılaştırılarak önem kontrolü yapılır (12)

Tüm lokuslar için hesaplanan F-istatistiklerinin (\tilde{F}_{IS_w} , \tilde{F}_{IT_w} ve \tilde{F}_{ST_w}) önem kontrolünde bootstrap güven aralıklarından yararlanılmaktadır (23). Ayrıca tüm

lokuslar için hesaplanan \tilde{F}_{ST_w} istatistiğinin önem kontrolünde, bir lokus için hesaplanan X^2 değerleri toplanarak bulunan toplam X^2 değeri de kullanılmaktadır (12).

Esmer populasyonları arasındaki genetik uzaklıkların tahmini için Nei (24)'nin *original genetic distance* (d_{ij}) yöntemi kullanılmıştır. Ayrıca Nei (24)'nin genetik uzaklık değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizinde, dendogramlar için Sneath and Sokal (25) tarafından verilen UPGMA (*unweigthed pair-group method*) metodu uygulanmıştır. Bu amaçla TFPGA (sürüm 1,3) bilgisayar paket programından yararlanılmıştır (26).

Bulgular

Alt populasyonlarda çalışılan Hb, Tf, Pa ve Am-I lokuslarında %95 polimorfizm kriterine göre tam bir polimorfizm gözlenirken, Am-II ve Cp lokuslarında ise monomorfik yapı tespit edilmiştir. Söz konusu lokuslar bakımından alt populasyonlarda hesaplanan allel frekansları ve homozigot genotiplerin frekansları Tablo 2'de verilmiştir.

Tablo 2. Esmer Sığır Populasyonlarında Hesaplanan Gen Frekansları (X_i) ve Heterozigotluk (h_{sj} ve \bar{h}_s) Değerleri.

Lokus	Allel	Malya (n=96)		Konuklar (n=63)		Anadolu (n=141)		Esk. Şeker (n=30)		Van TML (n=55)	
		X_i	h_{sj}	X_i	h_{sj}	X_i	h_{sj}	X_i	h_{sj}	X_i	h_{sj}
Hb	A	0,7708		0,7708		0,7376		0,6833		0,6182	
	B	0,2292	0,3551	0,2222	0,3484	0,2624	0,3885	0,3167	0,4401	0,3818	0,4764
Tf	A	0,1771		0,2540		0,1525		0,2333		0,4091	
	B	0,0208		0,0000		0,0000		0,0000		0,0000	
	D1	0,0526	0,6339	0,5238	0,6404	0,4504	0,6945	0,6167	0,5599	0,5455	0,53
	D2	0,2448		0,1349		0,2376		0,1167		0,0000	
Pa	A	0,3385		0,0714		0,0816		0,0667		-	
	B	0,6615	0,4502	0,9286	0,1337	0,9184	0,1503	0,9333	0,1266	-	-
Am-I	B	0,8281	0,2862	0,6905	0,4309	0,9078	0,1680	0,7500	0,3814	0,8182	0,3003
	C	0,1719		0,3095		0,0922		0,2500		0,1818	
Am-II	A	0,0000		0,0079		0,0071		0,0333		-	
	B	1,0000	0,0000	0,9841	0,0316	0,9894	0,0212	0,0667	0,0655	-	-
	C	0,0000		0,0097		0,0035		0,0000		-	
Cp	A	1,0000	0,0000	1,0000	0,0000	1,0000	0,0000	1,0000	0,0000	1,0000	0,0000
$\bar{h}_s \pm S_{\bar{h}_s}$		0,2876±0,1027		0,2642±0,1017		0,2371±0,1076		0,2622±0,0932		0,2191±0,1206	

Çalışılan populasyonlarda Hb, Tf, Pa, Am-I ve Am-II lokuslarında sırasıyla Hb^A, Tf^{D1}, Pa^B, Am-I^B ve Am-II^B allellerinin frekansları daha yüksek bulunmuştur. Cp lokusunda tüm bireylerin Cp^A tipinde olduğu tespit edilmiştir. Tf^B ve Am-II^B allelleri sadece Malya sürüsünde belirlenmiştir.

Alt populasyonlardaki ortalama heterozigotluk değerleri Malya, Konuklar, Anadolu, Esk.Şeker ve Van TML. sürülerinde sırasıyla 0,2876±0,1027, 0,2642±0,1017, 0,2371±0,1076, 0,2622±0,0932 ve 0,2191±0,1206 olarak bulunmuş ve aralarında gözlenen farklılıklar istatistik olarak önemli değildir.

Çalışılan lokuslar bakımından Esmer populasyonlarında her bir allel için hesaplanan F-istatistikleri Tablo 3'te verilmiştir.

Tablo 3'te belirtildiği gibi F_{IS} ve F_{IT} değerleri çalışılan lokuslardaki bazı alleller için negatif bazı alleller için pozitif hesaplanmıştır. F_{ST} değerleri Am-II lokusundaki Am-II^C alleli için negatif olarak hesaplanırken, diğer lokuslardaki alleller için pozitif bulunmuştur.

Esmer populasyonlarında çalışılan lokuslarda her bir lokus için tahmin edilen F-istatistikleri Tablo 4'de verilmiştir.

Her bir lokus için hesaplanan \tilde{F}_{IS} değerleri Tf, Pa ve Am-I lokuslarında pozitif, Hb ve Am-II lokuslarında ise negatif hesaplanmıştır. \tilde{F}_{IT} değerleri ise Hb, Tf, Pa ve Am-I lokuslarında pozitif, Am-II lokusunda ise negatif olmuştur. \tilde{F}_{ST} değeri, tüm lokuslarda pozitif olarak hesaplanmıştır. Tf, Pa ve Am-I lokuslarında, alt populasyonlar arasındaki genetik farklılıklar istatistik olarak önemli bulunmuştur.

Tüm lokuslar için, \tilde{F}_{IS_w} , \tilde{F}_{IT_w} ve \tilde{F}_{ST_w} değerleri sırasıyla 0,0601, 0,1064 ve 0,0493 olarak hesaplanmış ve bu parametrelerin istatistik olarak önemli oldukları tespit edilmiştir (Tablo 4).

Esmer sürüleri arasında hesaplanan genetik uzaklık değerlerine ait matris Tablo 5'te verilmiştir.

Genetik uzaklık değerleri 0,0043 ile 0,0352 arasında değişmektedir. En düşük genetik uzaklık değeri Esk. Şeker ile Konuklar sürüleri arasında, en yüksek ise Anadolu ile Van TML. populasyonları arasında tespit edilmiştir. Genel olarak Van TML. sürüsü diğer alt populasyonlara en uzak genetik yapıya sahiptir.

Genetik uzaklık değerlerine ilişkin matrizen (Tablo 5) yararlanılarak çizilen UPGMA dendogramı Şekil 1'de verilmiştir. Çizilen UPGMA dendogramında 4 ana sınıfın

Tablo 3. İsviçre Esmeri Populasyonlarında Çalışılan Lokuslardaki Gen Frekansları (X_i), Gözlenen Heterozigotluk (h₀) ve Her Bir Allel için Tahmin Edilen F-istatistikleri.

Lokus	Allel	Malya (n=96)		Konuklar (n=63)		Anadolu (n=141)		Esk. Şeker (n=30)		Van TML (n=55)		X _i	S _i ²	\tilde{h}_{30}	Varyans Bileşenleri			F _{IS}	F _{IT}	F _{ST} *
		X _i	h ₀	X _i	h ₀	X _i	h ₀	X _i	h ₀	X _i	h ₀				a	b	c			
Hb	A	,7708	,3750	,7778	,3492	,7376	,3546	,6833	,4333	,6182	,5455	,73117	,00346	,3922	,00234	-,00104	,19610	-,0054	,0066	,0119
	B	,2292	,3750	,2222	,3492	,2624	,3546	,3167	,4333	,3818	,5455	,26883	,00346	,3922	,00234	-,00104	,19610	-,0054	,0066	,0119
Tf	A	,1771	,3333	,2540	,4762	,1525	,2057	,2333	,3333	,4091	,3455	,21820	,00929	,3117	,00871	,00842	,15585	,0513	,0990	,0504
	B	,0208	,0417	,0000	,0000	,0000	,0000	,0000	,0000	,0000	,0000	,00519	,00010	,0104	,00007	-,00009	,00520	-,0147	-,0004	,0141
	D1	,5260	,5938	,5238	,5714	,4504	,4326	,6167	,5000	,5455	,4000	,50781	,00307	,4961	,00154	,00106	,24805	,0042	,0104	,0062
	D2	,2448	,4063	,1349	,2063	,2376	,2766	,1167	,2333	,0000	,0000	,17923	,00942	,2545	,00898	,01332	,12725	,0946	,1489	,0600
	E	,0313	,0625	,0873	,1746	,1596	,2624	,0333	,0667	,0455	,0909	,08964	,00396	,1584	,00368	-,00026	,07920	-,0038	,0409	,0445
Pa	A	,3385	,3438	,0714	,1429	,0816	,1631	,0667	,1333	----	----	,15303	,01885	,2091	,01922	,01080	,10455	,1006	,2310	,1450
	B	,6615	,3438	,9286	,1429	,9184	,1631	,9333	,1333	----	----	,84697	,01885	,2091	,01922	,01080	,10455	,1006	,2310	,1450
Am-I	B	,8281	,2604	,6905	,2698	,9078	,1702	,7500	,3000	,8182	,2182	,82727	,00739	,2260	,00675	,02504	,11300	,1815	,2196	,0466
	C	,1719	,2604	,3095	,2698	,0922	,1702	,2500	,3000	,1818	,2182	,17273	,00739	,2260	,00675	,02504	,11300	,1815	,2196	,0466
Am-II	A	,0000	,0000	,0079	,0159	,0071	,0142	,0333	,0667	----	----	,00757	,00010	,0152	,00006	-,00012	,00760	-,0120	-,0035	,0084
	B	1,000	,0000	,9841	,0317	,9894	,0213	,9667	,0667	----	----	,98941	,00011	,0212	,00005	-,00015	,01060	-,0129	-,0076	,0052
	C	,0000	,0000	,0079	,0159	,0035	,0071	,0000	,0000	----	----	,00300	,00001	,0061	-,00001	-,00005	,00305	,0003	-,0024	-,0027

* : Long (10), negatif olarak tahmin edilen değerlerin sıfır olarak kabul edilebileceğini ifade etmektedir.

Lokus	\bar{F}_{IS}	\bar{F}_{IT}	Gen Farklılığı Katsayısı (\bar{F}_{ST})		
			\bar{F}_{ST}	χ^2	S.D.
Hb	-0,0054	0,0066	0,0119	9,16	4
Tf	0,0351	0,0687	0,0348	107,18**	16
Pa	0,1006	0,2310	0,1450	95,70**	3
Am-I	0,1815	0,2196	0,0466	35,88**	4
Am-II	-0,0106	-0,0054	0,0052	6,86	6
Tüm lokuslar üzerinden	$\bar{F}_{ISW} = 0,0601$	$\bar{F}_{ITW} = 0,1064$	$\bar{F}_{TSW} = 0,0493$	254,78**	33

Tablo 4. İsviçre Esmeri Populasyonlarında Tahmin Edilen F-istatistikleri.

1 : Tüm lokuslar üzerinden hesaplanan \bar{F}_{ISW} ve \bar{F}_{ITW} istatistiklerinin önem kontrolünde bootstrap güven aralıkları, \bar{F}_{TSW} istatistiğinin önem kontrolünde ise hem bootstrap güven aralığı hem de χ^2 testi kullanılmıştır.

** : $P < 0,01$

Tablo 5. Esmer Sürüleri Arasındaki Genetik Uzaklık (dij) Değerleri.

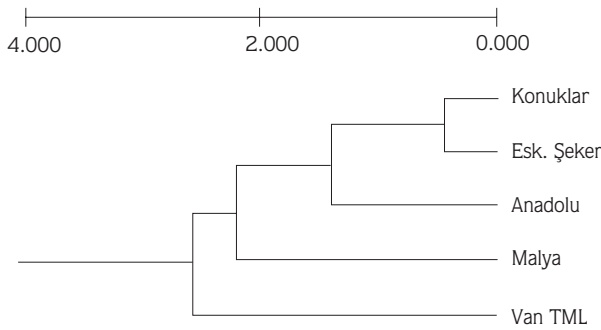
	Malya	Konuklar	Anadolu	Esk. Şeker
Konuklar	0,0234	-----	-----	-----
Anadolu	0,0188	0,0143	-----	-----
Esk. Şeker	0,0237	0,0043	0,0135	-----
Van TML	0,0302	0,0243	0,0352	0,0127

Tartışma

Hb lokusu bakımından HbA allel frekansının yüksek olması Türkiye'de yapılan diğer araştırmalarla (18,19) paralellik göstermektedir. Tf^B ve Am-II^B allellerinin sadece Malya sürüsünde tespit edilmesi, Malya populasyonunun tanımlanmasında ve diğer Esmer sürüleriyle karşılaştırılmasında bu allellerden genetik marker olarak yararlanılabilir.

Alt populasyonlarda $0,2191 \pm 0,1206$ ile $0,2876 \pm 0,1027$ arasında hesaplanan ortalama heterozigotluk değerlerinden hareketle genetik varyasyonun yüksek olduğu söylenebilir. Tahmin edilen heteozigotluk değerleri bu çalışmanın materyalini oluşturan Malya, Konuklar, Anadolu ve Esk. Şeker populasyonlarının da yer aldığı diğer bir çalışmada (18) bildirilen ortalama heterozigotluk ($0,383 \pm 0,099$) değerlerinden düşük bulunmuştur. Hesaplanan ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıkların istatistik olarak önemli olmaması, çalışılan lokuslar bakımından söz konusu populasyonların aynı seviyede genetik varyasyona sahip olduğu ve alt populasyonların ortalama heterozigotluk değerleri bakımından birbirlerinden ayırt edilme olasılığının düşük olduğuna işaret sayılabilir.

Genel olarak, F-istatistikleri ya da akrabalı yetiştirme katsayılarının pozitif olması çalışılan lokuslar bakımından homozigot genotiplerin frekansının, Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlardan yüksek olmasıyla, F-istatistiklerinin negatif olarak hesaplanması ise homozigot genotiplerin fitnessinin Hardy-Weinberg dengesinde



Şekil 1. Esmer Sürüleri Arasındaki Genetik İlişkileri Gösteren UPGMA Dendogramı.

oluşturduğu görülmektedir. Konuklar ile Esk. Şeker sürüleri aynı kümede yer almıştır. Bu ana küme ile Van TML sürüsü birbirine uzak iki ana kümeyi oluşturmuştur. İki ana kümenin arasında Malya ve Anadolu populasyonlarının yer aldığı kümeler bulunmaktadır.

beklenen oranlardan düşük olmasıyla ifade edilmektedir. F-istatistiklerinin 1'e eşit olması üzerinde çalışılan populasyon ya da alt populasyonlardaki bireylerin tamamının homozigot genotiplerde bulunmasıyla, F-istatistiklerinin sıfır olarak belirlenmesi ise populasyon ya da alt populasyonların o lokus bakımından Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlarda olmasıyla açıklanmaktadır (5).

Bir allel için hesaplanan F-istatistikleri alt populasyonların karşılaştırılmasında belirleyici derecede anlamlı olamayacağı için tartışılmamıştır. **Bir lokus** için hesaplanan değerinin Tf, Pa ve Am-I lokuslarında pozitif Hb ve Am-II lokuslarında negatif olarak hesaplanmıştır. Bu sonuç alt populasyonlarda Tf, Pa ve Am-I lokusları bakımından homozigot genotiplerin fitnessinin yüksek olması Hb ve Am-II lokusları bakımından ise heterozigotların fitnessinin yüksek bulunmasıyla açıklanabilir.

\tilde{F}_{IT} değerlerinin Hb, Tf, Pa ve Am-I lokuslarında pozitif olarak hesaplanması, bu lokuslar bakımından toplam populasyon seviyesinde heterozigot genotiplerin fitnessinin Hardy-Weinberg dengesinde beklenen heterozigotluk oranlarından daha düşük olması ile açıklanabilir. Söz konusu lokuslar bakımından homozigot genotiplerin frekansı Hardy-Weinberg oranlarından beklenen frekanslardan daha yüksektir. Tf, Pa ve Am-I lokuslarında uygulanan olası selektif faktörlerin alt populasyon ve toplam populasyon düzeyinde homozigot genotiplerin frekanslarını artıracak şekilde bir avantaj sağladığı ileri sürülebilir.

Am-II lokusu bakımından \tilde{F}_{IS} (-0,0106) ve \tilde{F}_{IT} (-0,0054)'nin negatif olarak tespit edilmesi, heterozigot genotiplerin frekansının alt populasyon ve toplam populasyon düzeyinde Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlardan fazla bulunmasıyla açıklanabilir. Am-II lokusu dikkate alındığında selektif faktörlerin heterozigot genotiplerin lehinde bir ortam sağladığı ileri sürülebilir. Tahmin edilen \tilde{F}_{IS} ve \tilde{F}_{IT} değerlerinden hareketle alt populasyonların ya da toplam populasyonun çalışılan lokuslar bakımından Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı sonucuna varılmamalıdır. Böyle bir sonuca, ancak her bir lokus için hesaplanan \tilde{F}_{IS} ve \tilde{F}_{IT} değerlerinin istatistik olarak önem kontrolleri yapıldıktan sonra varılabilir. Bu çalışmada, üzerinde durulan lokuslar bakımından alt populasyonlar arasında herhangi bir farklılığın olup olmadığı araştırıldığı için belirtilen parametrelerin önem kontrolleri yapılmamıştır.

Hb ve Am-II lokuslarında sırasıyla 0,0119 ve 0,0052 olarak hesaplanan \tilde{F}_{ST} değerlerinin istatistik olarak önemli olmaması, alt populasyonlarda söz konusu lokuslar bakımından aynı allel frekanslarında rastgele çiftleşmenin var olmasıyla açıklanabilir. Bu sonuç ayrıca, Hb ve Am-II lokusları bakımından alt populasyonlarda aynı allel frekanslarında rastgele çiftleşmenin uygulandığı, populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olduğu ve alt populasyonlar arasında belirtilen lokuslar bakımından herhangi bir farklılığın olmadığı şeklinde de ifade edilebilir. \tilde{F}_{ST} değeri Tf, Pa ve Am-I lokuslarında sırasıyla 0,0348, 0,1450 ve 0,0466 olarak hesaplanmış ve bu değerler istatistik olarak önemli bulunmuştur. Buna göre alt populasyonlar birbirlerinden belirtilen lokuslar bakımından farklılık göstermektedir. Başka bir ifade ile alt populasyonlar söz konusu lokuslar bakımından farklı allel ve genotip frekanslarına sahiptirler.

Tüm lokuslar için 0,1064 olarak hesaplanan akrabalı yetişme katsayısı (\tilde{F}_{IT_w}) Pyrenean brown populasyonları için bildirilen 0,064 değerinden (14) ve Amerikan orijinli Longhorn sürüsü için bildirilen 0,049±0,034 değerinden (16) büyük, Iberian populasyonları (16) için bildirilen değerlerin (0,018±0,0025 ile 0,171±0,030) arasında olduğu söylenebilir. Hesaplanan, \tilde{F}_{IT_w} (0,1064) değerinin istatistik olarak önemli bulunması, tüm populasyonda heterozigot genotiplerin frekansının H.W. dengesinde beklenen oranlardan daha düşük olması ve Esmer siğir populasyonunun belirli genotipler bakımından akrabalı yetişmeye tabi tutulması ile ifade edilebilir.

Tüm lokuslar için hesaplanan, \tilde{F}_{IS_w} (0,0601) değeri, Pyrenean brown populasyonları için tespit edilen 0,049 değerinden (14) büyüktür. Hesaplanan \tilde{F}_{IS_w} değerinin istatistik olarak önemli bulunması, alt populasyonlarda homozigot genotiplerin frekansının Hardy-Weinberg dengesinde beklenen oranlardan daha yüksek olması ve alt populasyonların kendi içlerinde belirli genotipler bakımından akrabalı yetişmeye tabi tutulmaları ile açıklanabilir.

Alt populasyonlarda **tüm lokuslar için** genetik farklılığın ölçüsü olarak hesaplanan gen farklılığı katsayısı ($\tilde{F}_{ST_w} = 0,0493$)'in istatistik olarak önemli bulunması, alt populasyonların farklı genetik yapılarında olması ile açıklanabilir. **Bir lokus için** hesaplanan \tilde{F}_{ST} değerlerinden de görülebileceği gibi, alt populasyonlar Tf, Pa ve Am-I lokuslarında farklı gen ve genotip frekanslarına sahiptirler. Alt populasyonların birbirlerinden olan farklılığı, bu lokuslardan ileri gelmektedir. Tahmin edilen

\tilde{F}_{ST} (0,0493) değeri İspanya'nın Catalonia bölgesinde (15) 9 farklı *Pyrenean brown* sığır alt popülasyonlarında hesaplanan 0,016 ($p < 0,001$) değerinden büyük olduğu görülmektedir.

Alt popülasyonlar arasında genetik uzaklık değerleri bakımından büyük farklar bulunmama ile birlikte çalışılan popülasyonlarda 0,0043 ile 0,0352 arasında değişmektedir. Bu sonucun Avrupa sığır ırklarında 0,011-0,309 arasında hesaplanan (17) ve Amerikan orijinli Longhorn ve Iberian popülasyonlarında 0,0248-0,1005 arasında elde edilen (16) değerler ile benzer olduğu, Türkiye'de yetiştirilen kültür ırkları için 0,050-0,128 arasında bildirilen (18) değerlerden küçük bulunduğu görülmektedir.

Kümeleme analizi sonucu çizilen dendogramda Konuklar ve Esk. Şeker sürülerinin aynı kümede ve benzer genetik yapıda bulunmaları, bu iki alt popülasyonda aynı boğaların daha sık kullanılması olasılığından, her iki popülasyon arasında muhtemel gen akışının bulunmasından ve iki popülasyonda da aynı alleller lehine selektif bir avantajın meydana gelmesinden ileri gelebilir. Bunun ötesinde bu alt popülasyonların aynı orijinden gelme şansları da bulunmaktadır. Nitekim Anadolu sürüsünün bu kümeye daha yakın olması, Malya ve Van TML. sürülerinin ise daha uzak bulunması Malya ve Van TML. popülasyonlarının farklı orijinli Esmer'lerden

oluşturduğundan, Anadolu ve Konuklar sürülerinin benzer orijinden geldiklerinden kaynaklanmış olabilir.

Elde edilen bulgulara göre; polimorfik biyokimyasal sistemler kullanılarak alt popülasyonlarının karşılaştırılmasında genetik uzaklık ve F-istatistikleri, alt popülasyonların sınıflandırılmasında ise kümeleme analizinden etkin bir şekilde yararlanılabileceği görülmektedir. Ortalama heterozigotluk değerleri bakımından farklı işletmelerde yetiştirilen Esmer sığır popülasyonları arasında herhangi bir farklılık bulunmamasına rağmen, F-istatistiklerine göre genetik farklılıkların önemli olduğu tespit edilmiştir. Yine genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak evrim süreci içerisinde Esmer sürülerin birbirlerinden olan genetik uzaklıkları belirlenmiş ve bu değerlerden yararlanılarak farklı işletmelerde yetiştirilen popülasyonlar gruplandırılmıştır.

Sonuç olarak bu çalışmada, Malya Tarım, Konuklar Tarım, Anadolu Tarım, Eskişehir Şeker Fabrikası ve Van Tarım Meslek Lisesi işletmelerinde yetiştirilen Esmer popülasyonları Hb, Tf, Pa, Am-I, Am-II ve Cp lokusları bakımından tanımlanmış ve birbirlerinden olan genetik benzerlik ve farklılıklar, ortalama heterozigotluk, F-istatistikleri ve genetik uzaklık değerlerinden yararlanılarak tespit edilmiştir.

Kaynaklar

1. Wright, S.: The genetical structure of population. Ann. Eugen (Lond.). 1951; 1: 323-334.
2. Wright, S.: The interpretation of population structure by f-statistics with special regard to systems of mating. Evolution. 1965; 19: 395-420.
3. Wright, S.: The Theory Of Gene Frequencies. Evolution And The Genetics Of Populations. University Of Chicago Press. Vol. 4, 1978.
4. Nei, M.: F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided population. Ann. Hum. Genet. 1977; 41: 222-233.
5. Nei, M.: Molecular Evolutionary Genetics. Columbia Univ. Press. New York. 1987.
6. Hartl, D.L and Clark, A.G.: Principles Of Population Genetics. Second Edition. Sinaur Associates, Inc. Publishers. Sunderland. Massachusetts. 1989.
7. Cockerham, C.C.: Variance of gene frequencies. Evolution. 1969; 23: 72-84.
8. Cockerham, C.C.: Analysis of gene frequencies. Genetics. 1973; 74: 679-700.
9. Weir, B.S. and Cockerham, C.C.: Estimating F-statistics for the Analysis of population. Evolution. 1984; 38: 1358-1370.
10. Long, J.C.: The allelic correlation structure of Gainj- and Kalam-Speaking people. I. The estimation and interpretation of Wright's F-statistics. Genetics. 1986; 112: 629-647.
11. Cockerham, C.C. and Weir, B.S.: Estimation of inbreeding parameters in stratified populations. Ann. Hum. Genet. 1986; 50: 271-281.
12. Workman, P.L. and Niswander, J.D.: Population studies on southwestern Indian tribes. Ann. Hum. Genet. 1970; 22: 24-49.
13. Nei, M. and Chesser, R.K.: Estimation of fixation indices and gene diversities. Ann. Hum. Genet. 1983; 47: 253-259.
14. Jordana, J. and Piedrafita, J.: The "Bruna dels Prineus" (Pyrenean brown breed): A genetic study of a rare cattle breed in Catalonia (Spain). Biochemical Systematics and Ecology. 1996; 24 (6): 485-498.

15. Bonvillani, A.G., Renzo, M.A.D., Montilla, A. and Tiranti, I.N.: b-lactoglobulin variability in Argentinian Holstein cattle. 1998; 131: 97-101.
16. Kidd, K.K., Stone, W.H., Crimella, C., Carenzi, C., Casati, M. and Rognoni, G.: Immunogenetic and population genetic analysis of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.* 1980; 11: 21-38.
17. Blott, S.C., Williams, J.L. and Haley, C.S.: Genetic relationships among European cattle breeds. *Animal Genetics.* 1998; 29: 273-282.
18. Özbeyaz, C., Yıldız, M.A. ve Çamdeviren, H.: Türkiye’de yetiştirilen çeşitli siğır ırkları arasındaki genetik ilişkiler. *Lalahan Hay. Araşt. Enst. Derg.* 1999; 39 (1) : 17-32.
19. Özbeyaz, C., Alpan., O., Geldermann, H., Neander, S.: Türkiye’de Esmer ve Holştayn Siğırlarında Protein Polimorfizmi ve Bunun Ebeveyn Kontrolünde Kullanımı. *Lalahan Hay. Araş. Enst. Dergisi.* 1990; 30(1) : 19-30.
20. Efremov, G.D.: Starch gel electrophoresis. *CRC. critical reviews in clinical laboratory sciences.* 1974; 5 (1) : 37-40.
21. Thinnis, F.: Elektrophoretische darstellung und genetische überprüfung von neuen protein-polymorphismen aus blutfractionen des rindes. Göttingen Univ. Land-Wirtsch. Fak., Dissertation. Göttingen. 1977.
22. Siepmann, R. and Stagemann, H.: Enzyme-Elektrophorese in Einschlusspolymerisaten der acrylamids. A. amylasen, phodphorylasen. *S. Naturforsch.* 1967; 22b: 949.
23. Weir, B.: Genetic data analysis. Sinaur Associates, Inc. Publishers. Sunderland. Massachusetts. 1996.
24. Nei, M.: Genetic distance between populations. *Am. Natur.* 1972; 106: 283-292.
25. Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R.: Numerical Taxonomy. WH Freeman, San Francisco. 1973.
26. Miller, M.P.: TFGA (Tools For Population Genetic Analysis) Ver. 1.3. Department of Biological Sciences Northern Arizona University Box 5640 Flagstaff, AZ 86011-5640, 1998.