



# Türk Tarım - Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi

Çevrimiçi baskı, ISSN: 2148-127X  
www.agrifoodscience.com  
Türk Bilim ve Teknolojisi

## Türkiye’de Yetiştirilen Bazı Sığır Irklarında GHR Geni Bakımından Genetik Çeşitlilik

Özden Çobanoğlu\*

Uludağ Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Genetik Anabilim Dalı, 16059 Bursa, Türkiye

### MAKALE BİLGİSİ

#### Araştırma Makalesi

Geliş 19 Ocak 2018  
Kabul 03 Eylül 2018

#### Anahtar Kelimeler:

GHR  
Genetik varyasyon  
PCR-RFLP  
SNP  
Süt Sığırı

\*Sorumlu Yazar:

E-mail: [ocobanoglu@uludag.edu.tr](mailto:ocobanoglu@uludag.edu.tr)

### Ö Z

Bu çalışmanın amacı ülkemizde yetiştirilen kültür ırkı süt sığırları ile bazı yerli sığır ırklarında Büyüme Hormonu Reseptörü (GHR) gen çeşitliliğinin belirlenmesidir. Çalışmada hayvan materyali olarak 468 Siyah Alaca (SA), 280 Jersey, 93 Boz Irk, 86 Yerli Kara (YK), 64 Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) kullanılmıştır. Popülasyonların GHR geni için  $F_{IS}$  değerinin negatif bulunduğu Jersey, SA (Samsun), SA (Bursa) ve DAK’larda heterozigot bireylerin fazlalığı görülmüştür. Bu değer pozitif bulunduğu Boz ırk ve YK’da ise homozigot bireyler daha fazladır. GHR lokusu bakımından Hardy-Weinberg oranından beklenen sapmalar YK hariç diğer popülasyonlarda önemli bulunmuştur. Genel popülasyon bazında ise %14 oranında heterozigot bireylerin fazlalığı ve Hardy-Weinberg oranından sapmalar önemli bulunmuştur. Popülasyonlar arasında genetik uzaklık değerleri ise 0,0004 ile 0,1881 arasında belirlenmiştir. Kümeleme analizi sonucunda iki temel kümenin şekillendiği görülmüştür. Bu kümelerin ilkinde Jersey ile YK bir alt kümede Boz ırkla genetik olarak yakın bir şekilde gözlenmiştir. Diğer ana kümede ise SA (Samsun) ve DAK bir kümede ve bu kümeyle ise SA (Bursa) daha yakın bulunmuştur. Sonuç olarak ülkemizde yetiştirilen beş farklı sığır ırkında genetik olarak kümeleme analizi ile sınıflandırmaları yapılırken bu ırkların GHR geni açısından göstermiş oldukları genetik varyasyon da belirlenmiştir. Dolayısıyla bu ırklar açısından verim özelliklerinin artırılmasına yönelik bir genetik ilerlemenin mümkün olduğu söylenebilir.

Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology, 6(10): 1329- 1333, 2018

### Genetic Diversity in terms of GHR Gene in Some Cattle Breeds Raised in Turkey

### ARTICLE INFO

#### Research Article

Received 19 January 2018  
Accepted 03 September 2018

#### Keywords:

GHR  
Genetic variation  
PCR-RFLP  
SNP  
Dairy Cattle

\*Corresponding Author:

E-mail: [ocobanoglu@uludag.edu.tr](mailto:ocobanoglu@uludag.edu.tr)

### ABSTRACT

In this study, it is aimed to determine GHR gene polymorphism in dairy cattle and some native cattle breeds raised in different regions of Turkey. The study was carried out by 468 Holstein, 280 Jersey, 93 Grey Steppe, 86 Native Black, and 64 East Anatolian Red animals. The  $F_{IS}$  values of the populations for the GHR gene were detected negatively except for Grey Steppe and Native Black.  $F_{IS}$  value was found 14% and negative with reference to heterozygote genotype was higher than homozygote genotypes in overall population. The expected deviations from the Hardy-Weinberg Equilibrium in terms of the GHR locus were found significant in these five different breeds except for Native Black. The genetic distance values among the populations were calculated between 0.0004 and 0.1881. Based on the cluster analysis, Holstein and East Anatolian Red were located in close cluster; however Jersey, Native Black and Grey Steppe were grouped as in different clusters. As a result, the genetic variation in five different cattle breeds grown in our country in terms of GHR gene has been determined by genetic clustering analysis. Therefore, it can be said that it is possible to increase the level of the yield traits in these breeds based on a genetic progression.

DOI: <https://doi.org/10.24925/turjaf.v6i10.1329-1333.1804>

## Giriş

Süt içerik bakımından önemli bir hayvansal kökenli gıda kaynaklarından biri olup süt ve süt ürünleri üretiminin büyük bir kısmı büyük baş hayvanlardan karşılanmaktadır. Ülkemizde 2017 yılı itibari 14 milyon 817 bin baş büyükbaş hayvan varlığına sahip olup süt üretiminde en yüksek payı SA (Holstein Friesian) almaktadır (TÜİK, 2017). Süt veriminin miktar ve kalite yönünden geliştirilmesi her zaman arzulanan hedeflerden olmuştur. Bu işlem ise sütü üreten hayvanların ıslah programları ile seçilmesi, hayvanların genetik yapılarının iyileştirilmesi ve aynı zamanda da hayvanların verimi üzerine etkisi olan her türlü çevre faktörlerinin uygun hale getirilmesi ile mümkün olacaktır.

Ülkemizdeki yerli sığır ırklarının verim potansiyeli kültür ırklarına göre oldukça düşüktür. Buna karşın yerli ırkların yüz yıllardır bu coğrafyanın bir parçası olması, yetiştirici koşullarına adaptasyon ve hastalıklara karşı göstermiş oldukları direnç bu ırkların selektif avantajını oluşturmaktadır. Ülkemizde yerli ırkların aleyhine oluşan yetiştiricilik baskısı nedeniyle zaman içinde yerli ırkların sayısının hızla azaldığı gözlenmektedir. Bu konuda ülkemizde yerli ırkların verim seviyelerinin düşük olmasına rağmen bu ırkların korunmasına yönelik hayvancılık araştırma enstitülerinde ve yetiştirici elindeki sürülerde çalışmalar yapılmaktadır.

Genetik belirteç veya markörler genom içerisindeki kısa DNA dizileri olup bireyler arasında genetik varyasyon gösteren ve bireylerin fenotipik özellikleri üzerine olumlu veya olumsuz yönde etkisi olan bölgelerdir (Çobanoğlu, 2012). Bu sebeple genetik markörler yardımıyla belirli bir özellik için hayvanın genotipik yapısını ortaya koymak mümkündür. Bu konuda yapılan bir çalışmada Holstein ineklerinde DGAT1 ve GHR geni lokuslarında gözlenen polimorfizmin süt verimi düzeyinde önemli bir şekilde artışa neden olduğu buna karşın üreme özellikleri üzerine ise ters bir etki yaptığı saptanmıştır (Okinomou ve ark., 2008). Aday gen analizlerinde temel esas, verim özelliklerini etkilediği düşünülen gen veya gen bölgeleri ile fenotipik karakterleri yansıtan verim özellikleri arasındaki ilişkiyi analiz ederek biyolojik mekanizma hakkında fikir sahibi olmaktır. Bu tür çalışmalarda temel hedef popülasyonda ilgili fenotipik özellik ile aday genin farklı allelleri arasındaki bir ilişkinin olup olmadığının belirlemektir (Kwon ve Goate, 2000). Bir kez aday gen bölgesinin yeri tespit edilebilirse üstün alleli taşıyan bireylere yönelik seleksiyon programı ile ilgili verim özelliği sürüde iyileştirilebilir (Soller ve ark., 1976).

Genetik karakterizasyon konusunda ülkemizde yapılan bir çalışmada da kullanılan genetik markörler yardımıyla yerli gen kaynaklarımız olan sığır ırklarımızın göstermiş olduğu genetik varyasyon ve filogenetik ilişkileri başarılı bir şekilde ortaya konulmuştur (Özşensoy ve ark., 2010). Dolayısıyla bu tip aday gen çalışmalarıyla süt verim özellikleri gibi verim özellikleri üzerine etkili olduğu düşünülen genler bakımından ülkemizde yetiştiriciliği yapılan hem kültür hem de yerli ırklarımızda ki genetik çeşitliliğinin derecesi belirlenmiş olacaktır. Bu çalışmada ki amaçta iki farklı kültür ırkı olan SA ile Jersey ve ülkemizde ki yerli sığır ırklarından olan Boz ırk, YK ve DAK popülasyonlarında GHR geni bakımından genetik çeşitliliğin belirlenmesidir.

## Materyal ve Metot

### Hayvan Materyali

Çalışmada Samsun ili Karaköy Tarım İşletmesinde yetiştirilen 280 baş Jersey ile Çarşamba ilçesinde özel bir işletmede yetiştirilen 163 baş SA ve yine Bursa ilinde özel bir işletmede yetiştirilen 305 baş SA ırkından yararlanılmıştır. Ayrıca yerli ırklarımız olarak Balıkesir ili Bandırma ilçesindeki Koyunculuk Araştırma Enstitüsünde bulunan 93 baş Boz Irk, Ankara ili Lalahan ilçesindeki Uluslararası Hayvancılık Araştırma ve Eğitim Merkez Müdürlüğündeki 86 baş YK ve Doğu Anadolu Bölgesinde halk elinde yetiştirilen 64 baş DAK sığırları bu çalışmada kullanılmıştır.

### DNA İzolasyonları ve PCR Reaksiyonları

Hayvanlardan 10 ml'lik EDTA'lı tüplere alınan kan örneklerinden DNA izolasyonları standart Fenol/Kloroform yöntemi yapılmıştır (Sambrook ve ark., 2001). Polimeraz Zincir Reaksiyonları ilgili gen bölgesini taramak için dizayn edilen;

5'GCTAACTTCATCGTGGACAAC 3',

5'CTATGGCATGATTTTGTTCAG 3'

primerler kullanılmıştır (Di Stasio ve ark., 2005). Genomik DNA'nın yükseltgenmesinde toplam hacmi 25 µl olacak olan PCR reaksiyonunda; genomik DNA dan 50 ng, her bir primerden 50 µM, her bir dNTP den 200 µM, 10x PCR tampon çözeltisinden 2,5 µL ve DNA polimeraz enziminden de 0.3 U (ünite) kullanılmıştır. Termal cyclus da PCR için ısı devri ise genel olarak, 5 dakika 95°C de DNA zincirinin ön ayrıştırılmasından sonra 30-32 defa tekrarlanacak şekilde, 45 s, (saniye) 94°C de DNA ayrıştırması; 45 s, ortalama 50°C de primerlerin ortamda bulunan hedef DNA zinciri ile birleşmesi; 45 s, 72°C de polimeraz enzimi ile hedef bölgenin yükseltgenmesi ve en son aşamada 7 dakika, 72°C de nihai yükseltgenme, gerçekleştirilmiştir. Bireylerin genotiplerinin belirlenmesi için kullanılan SNP markerlere uygun olarak sınırlandırılmış parçacık uzunluğu polimorfizmi (PCR-RFLP) yöntemiyle çoğaltılmış ürünlerin AluI restriksiyon enzimi ile kesilmesi işlemi enzimi üreten firmanın öngördüğü koşullarda gerçekleştirilmiştir. Bu çalışma kapsamında 748 kültür ırkı ve 243 yerli ırk hayvan olmak üzere toplam 991 büyük baş hayvanın ilgili GHR gen bölgesine yönelik genotiplendirme çalışmaları yapılmıştır (Gen Bankası Numarası: AF140284).

### Genlerin F İstatistik Analizleri

İrkların allel ve genotip frekansları direk gen sayım metoduyla hesaplanıp Hardy-Weinberg Genetik Denge eşitliğine uyumu ki kare testi ile belirlenmiştir (Nei, 1987). Farklı sığır ırkları arasındaki genetik benzerlik ya da farklılıkların karşılaştırılmasında ise F istatistiklerinden yararlanılmıştır (Wright, 1969). Gen akışını gösteren  $N_m$  değeri ise  $F_{ST}$  değerinden ( $F_{ST}=0,25(1-F_{ST})/F_{ST}$ ) eşitliği kullanılarak hesaplanmıştır (Nei, 1987). Gözlenen değerler o özellikteki genotiplerin toplam genotip sayısına oranlanarak ve beklenen değerler ise Levene (1949) ve fiksasyon indeksi ( $F_{IS}$ ) değerleri ise Wright (1978) göre bulunmuştur. GHR ye ait lokusun etkinliğinin belirlenmesinde kullanılan etkili allel sayısı değerleri ( $N_e$  ve Nei) sırasıyla Kimura ve Crow (1964) ve Nei (1973) göre hesaplanmıştır. Bu popülasyonlara ait F istatistiklerinin hesaplanmasında POPGENE istatistik paket programından yararlanılmıştır (Yeh, 2000).

## Bulgular ve Tartışma

Araştırmada popülasyonların *GHR* geni için  $F_{IS}$  değerine bakıldığında Jersey %47, SA (Samsun) %37, SA (Bursa) %20 ve DAK %25 oranında ve hepsi negatif değer olup heterozigot bireylerin fazlalığını göstermiştir. Buna karşın Boz ırk %24 ve YK'da %11 oranında ve pozitif değer bulunup homozigot bireylerin fazlalığı görülmüştür. Bu diğer popülasyonlarda önemli bulunmuştur ( $P<0,01$ ). Genel popülasyon bazında ise %14 oranında heterozigot bireylerin fazlalığı ve Hardy-Weinberg oranından beklenen sapmalar önemli bulunmuştur ( $P<0,01$ ). Beklenen homozigotluk ise Jersey %51, SA (Samsun) %60, SA (Bursa) %64, Boz ırk %51, DAK %59, YK'da %50 oranında olup en fazla homozigot genotipler SA (Bursa)'da görülmüştür. Genel olarak ise bu değer %53 olarak bulunmuştur. Popülasyonların genelinde görülen genetik çeşitlilik Shannon İndeksine (I) göre %66 olarak hesaplanmıştır. Jersey, SA (Samsun), SA (Bursa), Boz ırk, DAK ve YK sığır ırklarında *GHR* geni için belirlenen F istatistikleri sonuçları Tablo 1'de verilmiştir.

Kök ve ark. (2014) yaptıkları bir çalışmada Boz ırk popülasyonunda CAST, CAPN1 4751 ve CAPN1 316 lokusları için  $F_{IS}$  değerleri CAST lokusu için %17,37

heterozigot genotip fazlalığı ( $P<0,01$ ) ve CAPN1 4751 ve CAPN1 316 lokuslarında ise sırasıyla %4,52 ve %2,97 olarak hesaplanmıştır. Aynı çalışmada CAST, CAPN1 4751 ve CAPN1 316 lokusları için beklenen homozigotluklar ise sırasıyla %48,03, %49,33 ve %80,10 olarak bildirilmiştir. Genetik çeşitlilik ise Shannon İndeksine (I) göre %56,86 olarak bulunmuştur.

Tüm popülasyonlardaki beklenen heterozigotluk Jersey %49, SA (Samsun) %39, SA (Bursa) %36, Boz ırk %48, DAK %41, YK'da %49 oranında ve genel olarak ise %47 oranında belirlenmiştir. Tüm popülasyonlardaki gözlenen heterozigotluk ise Jersey %73, SA (Samsun) %55, SA (Bursa) %44, Boz ırk %37, DAK %52, YK'da %44 oranında ve genel olarak da %54 oranında tespit edilmiştir.

Çalışmada kullanılan süt sığırları popülasyonlarında *GHR* genine yönelik belirlenen allel gen ve genotip frekansları ile  $\chi^2$  sonuçları Tablo 2'de verilmiştir. Buna göre *GHR* genine ait A ve G allel frekansları Jersey, SA (Samsun), SA (Bursa), Boz ırk, DAK ve YK ırkları için sırasıyla (0,44-0,56; 0,73-0,27; 0,76-0,24; 0,58-0,42; 0,71-0,29; 0,48-0,52) olarak hesaplanmıştır. Bu sonuçlara göre tüm popülasyonlar içinde sadece YK ırkının genetik olarak dengede olduğu gözlenmiştir.

Tablo 1 Jersey, SA (Samsun), SA (Bursa), Boz ırk, DAK ve YK sığır ırklarında *GHR* geni için belirlenen F istatistikleri sonuçları

Table 1 F statistics determined for *GHR* gene in Jersey, Holstein Friesian (HF) (Samsun), HF (Bursa), Grey Steppe (GS), East Anatolian Red (EAR) and Native Black Cattle (NB) breeds

Popülasyon	Allel Sayısı	Na*	Ne*	I*	Göz-Hom	Göz-Het	Bek-Hom*	Bek-Het*	Ort-Het	Nei**	$F_{IS}$ ***
Jersey	560	2	1,97	0,68	0,27	0,73	0,51	0,49	0,73	0,49	-0,476
SA (Samsun)	326	2	1,65	0,58	0,45	0,55	0,60	0,40	0,55	0,39	-0,375
SA (Bursa)	610	2	1,57	0,55	0,56	0,44	0,64	0,36	0,44	0,36	-0,206
Boz Irk	186	2	1,94	0,68	0,63	0,37	0,51	0,49	0,37	0,48	0,249
DAK	128	2	1,69	0,60	0,48	0,52	0,59	0,41	0,52	0,41	-0,254
YK	172	2	1,99	0,69	0,56	0,44	0,50	0,50	0,44	0,49	0,114
Genel	1982	2	1,89	0,66	0,46	0,54	0,53	0,47	0,54	0,47	-0,140

\*Na: Gözlenen allel sayısı; \*Ne: Etkili allel sayısı; Kimura ve Crow (1964); \*I: Shannon'ın bilgi indeksi; Lewonthin (1972). \*Beklenen homozigotluk ve heterozigotluk; Levene (1949). \*\* Beklenen heterozigotluk; Nei (1973). \*\*\* Fiksasyon indeksi ( $F_{IS}$ ); Wright (1978). Göz-Hom: Gözlenen Homozigotluk; Göz-Het: Gözlenen Heterozigotluk; Bek-Hom: Beklenen Homozigotluk; Bek-Het: Beklenen Heterozigotluk

Tablo 2 Jersey, SA (Samsun), SA (Bursa), Boz ırk, DAK ve YK sığır ırklarında *GHR* geni için belirlenen allel gen ve genotip frekansları ile  $\chi^2$  sonuçları

Table 2 Allele gene and genotypic frequencies and  $\chi^2$  results determined for *GHR* gene in Jersey, HF (Samsun), HF (Bursa), GS, EAR and NB cattle breeds

Popülasyon	Allel Sayısı	Allel Gen Frekansları (%)		Genotip Frekansları (%)			$\chi^2$ (P)
		A	G	AA	AG	GG	
Jersey	560	0,44	0,56	0,08	0,73	0,19	63,08 ( $P<0,01$ )
SA (Samsun)	326	0,73	0,27	0,45	0,55	---	22,68 ( $P<0,01$ )
SA (Bursa)	610	0,76	0,24	0,54	0,44	0,02	12,84 ( $P<0,01$ )
Boz Irk	186	0,58	0,42	0,39	0,37	0,24	6,03 (0,01)
DAK	128	0,71	0,29	0,45	0,52	0,03	3,92 (0,04)
YK	172	0,48	0,52	0,26	0,44	0,30	1,24 (0,26)
Genel	1982	0,62	0,38	0,35	0,54	0,11	19,27 ( $P<0,01$ )

Tablo 3 *GHR* geni için gen akımı ( $N_m$ ) ve F istatistikleri sonuçları

Table 3 Results of gene flow ( $N_m$ ) and F statistics for *GHR* gene

Lokus	Allel Sayısı	$F_{IS}$	$F_{IT}$	$F_{ST}$	$N_m^*$
GHR	1982	-0,145	-0,070	0,065	3,56

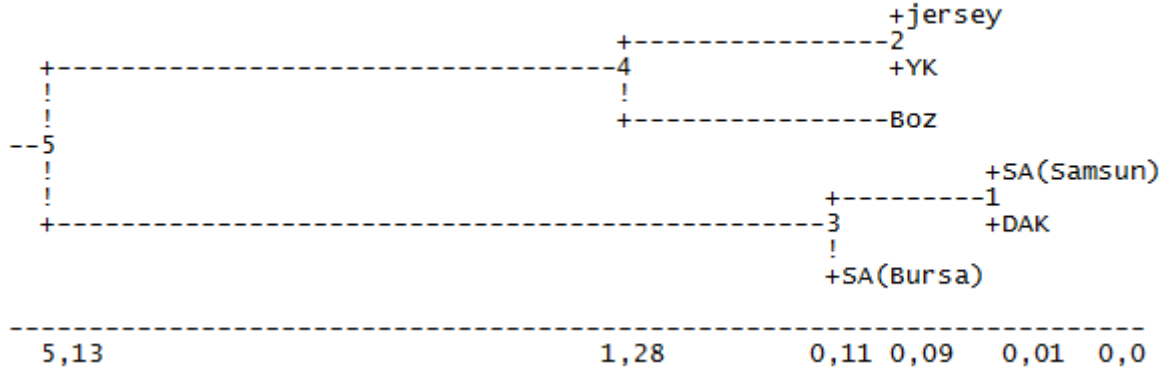
\* $N_m$  değeri  $F_{ST}$  değerinden hesaplanmıştır  $F_{ST}=0,25(1-F_{ST})/F_{ST}$ ; Nei (1987).

Tablo 4 Popülasyonlar arasında genetik benzerlik ve genetik mesafe değerleri

Table 4 Genetic similarity and genetic distance between populations

Populasyon	Jersey	Siyah Alaca (Samsun)	Siyah Alaca (Bursa)	Boz Irk	Doğu Anadolu Kırmızısı	Yerli Kara
Jersey	-----	0,8577	0,8285	0,9628	0,8713	0,9977
SA (Samsun)	0,1535	----	0,9985	0,9648	0,9996	0,8904
SA (Bursa)	0,1881	0,0015	----	0,9490	0,9967	0,8643
Boz Irk	0,0379	0,0359	0,0523	----	0,9715	0,9788
DAK	0,1378	0,0004	0,0033	0,0289	----	0,9023
YK	0,0023	0,1161	0,1458	0,0215	0,1028	----

Diyagonalin üstü genetik benzerlik ve altı genetik mesafe değerleri; Nei (1973).



Şekil 1 Popülasyonlar arasındaki ilişkileri gösteren UPGMA dendrogramı

Figure 1 UPGMA dendrogram showing relationships between populations

Genel olarak, çalışılan popülasyonlarda, A allel frekansı G alleleline göre SA, Boz ırk ve DAK popülasyonlarında yüksek olarak seyredirken Jersey ve YK’ da ise düşük frekansta gözlenmiştir. Sadece bu lokus için Jerseylerde heterozigot genotiplerin fazlalığı dikkat çekmektedir.

F istatistikleri popülasyonların karşılaştırılmasında yararlanılan önemli kriterlerdendir. F değerleri hesaplanarak var olan genetik değişkenlik toplam popülasyon, alt popülasyon ve birey yapısı bakımından karşılaştırılmıştır. Bu sonuçlara göre sadece tek bir polimorfik lokus için bulunan  $F_{ST}$  değeri (alt popülasyonlar arası fiksasyon indeksi) açısından alt popülasyonlar arasındaki genetik çeşitlilikte azalma ( $F_{ST} = 0,065$ ) olup bu değer %6,5’dir. Bu değere göre alt popülasyonlar arasındaki genetik farklılıkta orta düzeydedir. Hesaplanan  $F_{IT}$  değerine göre ( $F_{IT}: -0,070$ ) ise tüm bireyler için popülasyondaki gerçek heterozigotluk düzeyi Hardy-Weinberg’e göre olması gerekenden %7 oranında farklılık göstermektedir (Tablo 3). Özbeyaz ve ark. (1999) yaptıkları bir çalışmada üç farklı kültür (SA, Jersey ve Esmer) ile yerli sığır ırklarında (DAK, Güney Anadolu Kırmızısı (GAK), YK ve Boz Irk) popülasyonlarında dört farklı biyokimyasal polimorfizm gösteren lokus kullanarak (Hb, Pa, Am-1 ve Tf) ırklar arasındaki genetik çeşitliliği ve mesafeleri araştırmışlardır. Buna göre ortalama heterozigotluğu yerli ırklarda 0,38-0,51 ve kültür ırklarında 0,32-0,43 arasında hesaplamışlardır. Genetik uzaklık değerleri ise yerlilerde 0,006-0,009, kültür ırkında ise 0,032-0,17 arasında belirlenmiştir. Yine aynı grup tarafından Türkiye’de dört farklı işletmede bulunan Esmer sığırları arasındaki

genetik çeşitlilik hemoglobin, transferrin, postalbumin, amilaz ve serulaplazmin lokusları bakımından karşılaştırılmıştır. Ortalama heterozigotluk değeri 0,21-0,28 arasında ve  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  değerlerini ise tüm lokuslar üzerinden 0,06, 0,10 ve 0,04 olarak tespit edilmiştir. Genetik uzaklık değerleri ise 0,0043-0,0352 arasında gözlenmiştir (Özbeyaz ve ark., 2001).

Yapılan bu araştırmada ise popülasyonlar arasında genetik uzaklık değerleri 0,0004 ile 0,1881 arasında belirlenmiştir. En düşük genetik uzaklık değerleri DAK ile SA (Samsun) popülasyonu arasında ve en yüksek ise Jersey ile SA (Bursa) arasında görülmüştür (Tablo 4). Yapılan kümeleme analizi sonucunda ise iki temel küme belirlenmiştir (Şekil 1). Bu kümelerin ilkinde Jersey ile YK alt kümede genetik çeşitlilik olarak birbirine çok yakın bulunurken bu kümeye Boz ırk ise yakın bir küme olarak ortaya çıkmıştır. Diğer ana kümede ise SA (Samsun) ve DAK bir kümede toplanırken ve bu kümeye SA (Bursa) ise yakın bir küme olarak yer almıştır. Özbeyaz ve ark., (1999) yaptıkları kümeleme analizi çalışmasında ise üç ana küme belirlemiş; bunlardan GAK ve Jersey ırkları uzak olan iki kümeyi bu iki küme arasında yer alan kümede ise Esmer, SA, DAK, YK ve Boz ırk popülasyonundan oluşan üç küme bildirilmiştir. Mikrosatelit (STR) markörleri kullanılarak yapılan bir başka çalışmada GAK, YK, Yerli Güney Sarısı (YGS) ve DAK ırklarının birbirlerine yakın bir kümede, buna karşın Boz ırk ve Zavot ırklarının ise bu ana kümeye uzak bir yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. Bu ırkların genetik karakterizasyonu ve filogenetik ilişkilerine göre genel olarak var oldukları coğrafik konumlarına uyumlu oldukları bildirilmiştir (Özşensoy ve ark., 2010). Bu

yapılan çalışma sonuçları da benzer şekilde Boz ırk ve DAK ırklarının farklı kümelerde yerleştiğini teyit ederken YK ile Boz ırkın ise aynı kümede olmaları bile birbirlerine komşu kümelerde buldukları gözlenmiştir.

Bu çalışmada ülkemizde yetiştiriciliği yapılan bazı kültür ve yerli sığır ırklarında süt verimi üzerine etkili olduğu bilinen GHR geni bakımından göstermiş oldukları genetik çeşitliliğin ve ırklar arasındaki genetik mesafelerin derecesi ortaya konulmuştur. Çalışmada elde edilen sonuçlara göre ülkemizde yetiştiriciliği yapılan bu ırklar açısından Markörlere Dayalı Seleksiyon (MAS) gibi yöntemlerle özellikle süt verimi gibi ekonomik öneme sahip verim özelliklerinin iyileştirilmesi veya daha da artırılmasına yönelik genetik ilerleme yapmanın mümkün olduğu ortaya konulmuştur.

### Teşekkür

Bu çalışma, TÜBİTAK tarafından 110 O 821 proje numarasıyla desteklenmiş olup bu desteklerinden dolayı TÜBİTAK'a teşekkürlerimi sunarım.

### Kaynaklar

- Çobanoğlu Ö. 2012. Genetik Markörler ve Hayvancılıkta Çeşitli Uygulamaları, Hasad Hayvancılık Dergisi, 321: 48-54.
- Di Stasio L, Destefanis G, Brugiapaglia A, Albera A, Rolando A. 2005. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality. *Animal Genetics*, 36 (2) :138-140.
- Kimura M, Crow JM. 1978. Effect of overall phenotypic selection on genetic change at individual loci. *Proc. Natnl. Acad. Sci., Washington*. 75, 6168-6171, 1978.
- Kimura M, Crow JM. 1964 The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*. 49, 725-738, 1964.
- Kök S, Atalay S, Eken HS, Savaşçı M. 2014. Türk Boz ırk Sığırlarda Uo-CAST, CAPN1 316 ve CAPN1 4751 Markır Genotipleri Araştırılması. TUBAP-2013-109, Trakya Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi, Edirne.
- Kwon JM, Goate AM. 2000. The candidate gene approach. *Alcohol Res & Health*, 24:3, 164-168.

- Levene H. 1949. On a matching problem arising in genetics. *Ann. Math. Stat.*, 20:91-94,1949.
- Nei M, Weh-Hsiung L. 1973. Linkage disequilibrium in subdivided populations. *Genetics*, 75(1): 2133-219.
- Nei M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proc. Natnl. Acad. Sci., USA*, 70:12, 3321-3323, 1973.
- Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*, Columbia University Press, New York, 1987.
- Oikonomou G, Angelopoulou K, Arsenos G, Zygoyiannis D, Banos G. 2009. The effects of polymorphisms in the DGAT1, leptin and growth hormone receptor gene loci on body energy, blood metabolic and reproductive traits of Siyah Alaca cows. *Anim. Genet.*, 40:1,10-7.
- Özbeş C, Yıldız MA, Çamdeviren H. 1999. Türkiye’de yetiştirilen çeşitli sığır ırkları arasındaki genetik ilişkiler. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 39(1):17-32.
- Özbeş C, Yıldız MA, Çamdeviren H. 2001. Türkiye’de yetiştirilen farklı esmer sığır sürüleri arasındaki genetik ilişkiler. *Türk J. Vet. Anim. Sci.*, 25: 453-461.
- Özşensoy Y, Kurar E, Doğan M, Bulut Z, Altunok V, Işık A, Çamlıdağ A, Nizamloğlu M. 2010. Türkiye’de bulunan bazı yerli sığır ırklarının STR markörler ile genetik karakterizasyonu. *Biyoloji Bilimleri Araşt. Dergisi (BIBAD)*, 3(1):155-163.
- Sambrook J, Russel DW, Sambrook J. 2001. *Molecular cloning: a laboratory manual*. 3rd edn. Cold Spring Harbor Laboratory, New York, NY, USA.
- Soller M, Brody T, Genizi A. 1976. On the power of experimental designs for the detection of linkage between marker loci and quantitative loci in crosses between inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 47: 35
- TÜİK. 2017. Türkiye İstatistik Kurumu İstatistikleri, [www.tuik.gov.tr](http://www.tuik.gov.tr)
- Yeh F, Yang RC, Boyle T. 2000. PopGene (v.1.32), Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Retrieved from <http://www.ualberta.ca/fyeh/Pop32.exe>.
- Wright S. 1969. The theory of gene frequencies. III: Evolution and the genetics of populations, Vol.2. University of Chicago Press, Chicago.
- Wright S. 1978. The interpretation of populations structure by F-statistics with special regard to system of mating. *Evolution* 19: 395-420.