



**TÜRKİYE BİLİMSEL VE
TEKNİK ARAŞTIRMA KURUMU**

**THE SCIENTIFIC AND TECHNICAL
RESEARCH COUNCIL OF TURKEY**



Temel Bilimler Araştırma Grubu

Basic Sciences
Research Grant Group

EK-1

**YERLİ KOYUN IRKLARINDA BULUNAN GENETİK
ÇEŞİTLİLİK**

PROJE NO: TBAG-2127 (101T118)

PROF. DR. İNCİ TOGAN
PROF. DR. İHSAN SOYSAL
DOÇ. DR. VAHDETTİN ALTUNOK
DR. AYŞE ERGÜVEN
DR. EVREN KOBAN
EMEL ÖZKAN

**ARALIK 2004
ANKARA**

ÖNSÖZ

Dünyada avcı-toplayıcı yaşam biçiminden yerleşik yaşam biçimine ilk geçişin yaşandığı yerlerden biri de Anadolu ve civarındadır. Yapılan arkeolojik ve genetik çalışmalar Doğu Anadolu'nun/Güneydoğu Anadolu'nun koyunun ilk evcilleştirildiği yerlerden biri olduğuna işaret etmektedir.

Bugün Anadolu'da yaşayan yerli ırklarımız ilk evcilleştirme merkezine yakın oldukları için evcil koyun atalarına ait gen havuzunun en yakın temsilcileri olabilirler.

Unutulmamalıdır ki, yaban koyunu Avrupa'da hiç yaşamamıştır. Bu nedenle Avrupa'daki evcil koyunların atalarının tamamı Anadolu'dan gitmiş olabilir. Bugün Avrupa'da yaşayan onlarca koyun ırkı genelde üretim değerleri yüksek, ancak hastalıklara ve zor çevre koşullarına dayanıksız ırklardır.

Anadolu yerli ırkları dayanıklılık özellikleri ve korunmuş (kaybedilmemiş), kullanılma potansiyeli olan genetik özellikleri ile hem ülkemiz ekonomisi için hem de Anadolu'dan götürülerek oluşturulmuş koyun ırklarını güçlendirmek için gen kaynağı oluşturmaktadır.

Sunulan çalışma, öncelikle yerli evcil koyun ırklarımızdaki, özellikle de Doğu/Güneydoğu Anadolu'ya yakın olduğu düşünülen evcilleştirme merkezi civarındaki yerli ırklarımızdaki genetik varyasyonun saptanmasında bir adım atmak için planlanmıştır. Sonuçların ırkların korunma stratejilerini oluşturmaya yardımcı olması beklenmiştir.

Bu çalışma TÜBİTAK (TBAG-2127) tarafından desteklenmiştir. Proje esnasında proje ekibinden Evren Koban'ın Cardiff Üniversitesi'nde kalarak tüm örnekleri otomatik DNA sekans analizatöründe çalışma olanağı doğmuştur. Bu süreç içinde laboratuvarının tüm imkanlarını kullanmamıza izin veren Prof. Michael Bruford'a, örnekleme çalışmaları sırasında bizlere yardımcı olan Tarım İl ve İlçe Müdürlükleri, veteriner hekim ve veteriner hekim teknisyenlerine, örnek toplama esnasında bize bizzat yardım eden Prof. Dr. Okan Ertuğrul'a, Dr. Zafer Bulut'a ve bu raporun yazımında yardımcı olan Sn. Havva Dinç'e teşekkür ederiz. Ayrıca, yaylalarda, köylerde koyunlarından örnek almamıza müsaade etmekle kalmayıp bizleri ağırlayan halkımıza da şükranlarımızı sunarız.

ÖZET

Bu çalışmada, Türk koyun ırklarında mevcut genetik çeşitlilik 5 mikrosatelit lokusu kullanılarak incelenmiştir. Devlet üretim çiftlikleri, üniversite üretim çiftlikleri ve yerel yetiştiricilerin elinde bulunan sürülerden yerli ve melez onbir Türk ırkı (Akkaraman, Morkaraman, Kıvırcık, İvesi, Dağlıç, Karayaka, Hemşin, Norduz, Kangal, Konya Merinosu, Türkgeldi) ile bireyleri Irak'tan getirilmiş yabancı bir ırkı (Hamdani) temsil eden toplam 423 birey bu çalışmada kullanılmıştır. Bazı ırklar için birden fazla örnekleme yapılmıştır.

Genetik varyasyonun ölçütlerinden beklenen heterozigotluk (H_E) 0.686 ile 0.793 arasında, ortalama gözlenen allel sayıları (OAS) ise 5.8 ile 11.8 arasında değişmiştir. Türkiye üzerinde allel frekans dağılımları, evcilleşme merkezlerinden olmuş olabilecek göçlerle beklenen, doğudan batıya geçişli bir değişim göstermemiştir. F_{ST} indeksi Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç'ta aynı ırkın farklı örneklemelemlerindeki farklılaşmayı ölçmek için kullanılmıştır ve yetiştirme çiftliğinden alınan Akkaraman'ın diğer iki Akkaraman popülasyonundan istatistiksel önemle ($P < 0.001$) farklı olduğu bulunmuştur. F_{IS} indeksi ile ırklar Hardy-Weinberg (H-W) dengesi açısından test edilmiş, Akkaraman1, İvesi, Morkaraman ve Hemşin'de H-W'den sapma tespit edilmiştir. AMOVA analizi toplam genetik varyasyonun büyük bir kısmının (~% 95) ırk içi bireyleri arasında olduğunu göstermiştir. Paralel sonuçlar ırk ve bireyleri arası genetik ilişkinin incelendiği faktöriyel benzerlik analizi ve allel paylaşım uzaklığı ile de elde edilmiş ve genellikle, ırklar arası belirgin bir fark görülmemiştir. D_A genetik uzaklığı ile çizilen komşu birleştirme ağacı ve temel öğeler analizi ise ırklar ve çeşitli örnekleri arası farklılaşmayı incelemek için kullanılmıştır. Özellikle ilk analiz çiftlik örneklerinin farklı olduğunu göstermiştir. Delaunay ağı ırklar arasında 4 adet (ikisi coğrafi bariyer ile paralel) genetik sınır belirlemiştir. Sonuçların hepsi Kıvırcık ırkının diğerlerinden çok farklı olduğu yönündedir. Mantel testi ve Darboğaz testi istatistiksel olarak anlamlı bir sonuç ortaya koymamıştır.

Avrupa ırklarının çoğuna genetik olarak en yakın bulunan Kıvırcık örneği olmuştur. Türk ırklarında Avrupa ırklarından yüksek fakat çok da farklı olmayan bir genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Bunda son yıllarda koyun sayısında, Türkiye'de, yaşanan hızlı düşüş etkili olmuş olabileceği düşünülmüştür.

Anahtar Kelimeler: DNA, mikrosatelit, genetik çeşitlilik, koyun, *Ovis*, Türk ırkları, çiftlik hayvanları.

ABSTRACT

In this study the genetic diversity in Turkish native sheep breeds was investigated based on five microsatellite loci. In total, 423 individuals from 11 native and crossbred Turkish sheep breeds (Akkaraman, Morkaraman, Kıvırcık, İvesi, Dağlıç, Karayaka, Hemşin, Norduz, Kangal, Konya Merinosu, Türkgeldi) and one Iraqi breed (Hamdani) were analyzed by sampling from breeding farms and local breeders. For some of the breeds sampling was done more than once.

Genetic variation within breeds was estimated by expected heterozygosity (H_E), which ranged between 0.686 and 0.793 and by the mean number of observed alleles (MNA), it ranged between 5.8 and 11.8. The allele frequency distribution across Turkey showed no gradient from east to west, gradient was expected in accordance with the migrations from the domestication centers. The differentiation between different samples of Akkaraman, Dağlıç and Karayaka breeds was tested by F_{ST} index. Akkaraman1 sample from the breeding farm was significantly ($P < 0.001$) different from the other two Akkaraman samples. Deviation from Hardy-Weinberg expectations observed for Akkaraman1, İvesi, Morkaraman and Hemşin breeds. AMOVA analysis revealed that most of the total genetic variation (~95%) was within the individuals of the breeds. In parallel to this observation, when factorial correspondence analysis and shared alleles distances were used to analyze the relationship between the breeds and their individuals, generally, there were no clear discriminations between the breeds. Moreover, neighbour joining tree constructed based on D_A genetic distance, and principle component analysis were used to analyze among breed differentiation. The former one emphasized the genetic distinctness of the farm samples. Delaunay network drew 4 genetic boundaries (two of them being parallel to geographic boundaries) between the breeds. All the results indicated that Kıvırcık was the most differentiated breed. Finally, Mantel Test and Bottleneck analysis did not reveal a significant result.

Kıvırcık breed, among all native Turkish breeds, was found to be the genetically closest to the European breeds based on the loci analyzed. The genetic variation in Turkish breeds was not much higher than that of European breeds, which might be a consequence of the recent sharp decrease in sheep number, in Turkey.

Keywords: DNA, microsatellite, genetic variation, sheep, *Ovis*, Turkish breeds, farm animals.

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ.....	ii
ÖZET.....	iii
ABSTRACT.....	iv
İÇİNDEKİLER.....	V
TABLO DİZİNİ.....	viii
ŞEKİL DİZİNİ.....	ix
I. GİRİŞ.....	1
I.1. Konu.....	1
I.2. Amaç.....	3
I.3. Kapsam.....	4
I.4. Örnekler, İncelenen Değişkenler, Kullanılan Yöntemler.....	6
I.4.1. Örnekler.....	6
I.4.2. DNA İzolasyonu.....	9
I.4.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) Koşulları.....	9
I.4.4. Poliakrilamid Jel Elektroforezi ve Verilerin Toplanması.....	11
I.4.5. Mikrosatelit DNA.....	12
I.4.6. Kullanılan İstatistiksel Analizler ve Yazılımlarının Listesi.....	12
I.5. Önerilen ve Gerçekleştirilen Projenin Karşılaştırılması.....	14
II. GELİŞME.....	16
II.1. Çalışmanın Dayandığı Temel.....	16
II.2. Veriler ve Analizler.....	17
II.2.1. Akrabalık testi.....	18
II.2.2. Allel Çeşitliliği (Allelic Variability) Analizi Sonuçları.....	18
II.2.3. Heterozigotluk Analizi Sonuçları.....	29

II.2.4. Aynı Irkın Farklı Örnekleri Arasındaki Genetik Farkın Düzeyi.....	31
II.2.5. Irk içi varyasyon ve Hardy-Weinberg dengesi: F_{IS} analizi	32
II.2.6. AMOVA Analizi	33
II.2.7. Bireyler Arası Allel Paylaşım Uzaklığı (Allele Sharing Distance).....	34
II.2.8. Faktöriyel Benzerlik Analizi (Factorial Correspondance Analysis)	37
II.2.9. Bireylerin Populasyonlara Tayini (Assignment) Testi Sonuçları	37
II.2.10. Genetik Uzaklık Ağacı	38
II.2.11. Temel Öğeler (Principal Component, PC) Analizi Sonuçları	41
II.2.12. D_A Genetik Uzaklığı ile Delaunay Ağı Analizi	42
II.2.13. Mantel Testi	43
III.2.14. Darboğaz (Bottleneck) Analizi	44
III.2.15. Örnekleme Esnasında Yapılan Önemli Saha Gözlemleri.....	44
II.3. Literatür ile Karşılaştırma ve Tartışma.....	44
II.3.1 Sunulan Çalışmanın Bulgularının Tartışılması	45
a) Allel dağılımları, bireylerin örtüşmesi ve koruma açısından çıkarımlar	45
b) Genetik olarak farklı görünen ırk örnekleri.....	46
c) Benzeyen ırklar.....	47
II.3.2. Sonuçların Literatür Sonuçları ile Bütünleştirilmesi ve Tartışılması	47
a) Irklarda görülen varyasyon düzeyleri.....	48
b) Irklararası farklılaşma düzeylerinin karşılaştırılması.....	48
c) Türk ve Avrupa koyun ırklarının genetik ilişkisi	49
d) Türk ve Avrupa Irklarının Temel Öğeler Analizi	51
III. SONUÇ	52
III.1. Projeden Elde Edilen Sonuçlar.....	52
III.2. Proje Önerisindeki Amaç ve Kapsama Yönelik Sonuçların Değerlendirmesi.....	53
III.3. Proje Sonuçlarının Bilime ve Uygulamaya Yönelik Katkısı	53
III.4. İleriye Dönük Araştırma Önerileri	53
III.5. Projeye Sağlanan Diğer Destekler.....	54
III.6. Proje ile İlgili Kişilerin Uygulama Özeti	54
KAYNAKÇA	55
EKLER	60

Ek 1. Genotip Verileri	60
Ek 2. Allel Frekans Dağılımları	60
PROJE ÖZET BİLGİ FORMU	74

TABLO DİZİNİ

Tablo I.1. Irkların isimleri; bu isimler için raporda kullanılan kısaltmalar; toplam örnek sayıları.....	6
Tablo II.1. Çalışılan 5 lokus ve gözlenen toplam allel sayıları.....	18
Tablo II.2. Gözlenen allel sayılarının ırklar ve lokuslar bazında dağılımı, ırk başına ve lokus başına gözlenen ortalama allel sayıları (OAS).....	19
Tablo II.3. Çalışmada gözlenen özgün allellerin lokuslar ve ırklar açısından dağılımı.....	20
Tablo II.4. Çalışmada gözlenen hereozigotluk (H_O) değerlerinin her bir lokus için ırklara dağılımı ile lokuslar ve ırklar için saptanan ortalama H_O düzeyleri.....	29
Tablo II.5. Beklenen hereozigotluk (H_E) değerlerinin her bir lokus için ırklara dağılımı ile lokuslar ve ırklar için hesaplanan ortalama H_E düzeyleri.....	30
Tablo II.6. Irklarda saptanan gözlenen (H_O) ve beklenen (H_E) heterozigotluk değerleri.....	31
Tablo II.7. Akkraman, Dağlıç ve Karayaka örneklerinin çiftli F_{ST} leri ve istatistiksel önem dereceleri.....	32
Tablo II.8. Irklara/örneklere ait F_{IS} verileri.....	33
Tablo II.9. Irkların ve bir ırkın farklı örneklerinin birbirlerine olan D_A genetik uzaklıkları...	40
Tablo E.1. Bireylerin gözlenen genotipleri.....	60
Tablo E.2. Elde edilen allel frekanslarının ırklara ve örneklerine göre dağılım tablosu.....	70

ŞEKİL DİZİNİ

Şekil I.1. Türk yerli ırklarının doğal yayılım alanları.....	7
Şekil I.2. Çalışma için toplanan örneklerin örnekleme yerleri.....	7
Şekil II.1. MAF33 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı.....	21
Şekil II.2. MAF65 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı.....	22
Şekil II.3. MAF209 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı.....	23
Şekil II.4. JMP29 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı.....	24
Şekil II.5. JMP58 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı.....	25
Şekil II.6. MAF33 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü.....	26
Şekil II.7. MAF65 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü.....	27
Şekil II.8. MAF209 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü.....	27
Şekil II.9. JMP29 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü.....	28
Şekil II.10. JMP58 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü.....	28
Şekil II.11. Bireylerin allel paylaşım uzaklıkları kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağacı.....	35
Şekil II.12. Her ırkı temsilen rasgele seçilen 5'er birey kullanılarak allel paylaşım uzaklıklarına göre çizilen komşu birleştirme ağacı.....	36
Şekil II.13: Tüm ırkların ve bireylerinin arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi çizimi.....	37
Şekil II.14: Tüm ırklar ve örnekleri için D_A genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki ağacı.....	41
Şekil II.15: Üç boyutlu düzlemde Türk ırklarının ve örneklerinin konumu.....	42
Şekil II.16. 8 yerli ve bir yabancı koyun ırkı için uygulanan Delaunay ağı analizi sonucunda ortaya çıkan genetik bariyerler.....	43
Şekil II.17. Türk ve Avrupa ırklarının faktöriyel benzerlik analizi çizimleri.....	49

Şekil II.18. Türk koyun ırklarına ait veriler ile Byrne ve ark.nın (basımda) verileri kullanılarak D_A genetik uzaklığı ile çizilen komşu birleştirme ağacı.....	50
Şekil II.19. Türk ve yabancı ırkların ilk üç temel bileşenler üzerinde görünüşleri.....	51

I. GİRİŞ

I.1. Konu

Evcil hayvanların, insan eliyle oluşturulmuş farklı görünümde, farklı işlevler gören grupları (ırk) çok hızla yok olmaktadır. Birleşmiş Milletler Tarım ve Hayvancılık Örgütü'nün (FAO) kuşlarda ve memelilerde 6400 farklı hayvan ırkı tanımlamıştır bunlardan 300'ü son 15 yılda yok olmuştur, 1350 tanesi de yok olma tehlikesi ile karşı karşıyadır (Food and Agricultural Organization, 2004). Irkların yok olma sebeplerinin başında bir ırkın tercih edilmesi ve bireylerinin yaygın olarak kullanılması gelmektedir. Örneğin, sığırdan birçok ırkın Holstein sığırlarının tercih edilmesi ile yok olduğu bilinmektedir (Alderson, 1998). İkinci bir neden, yerel yetiştiricilerin kişisel tercihlerine uygun olarak farklı ırklardan bireyleri çiftleştirilmeleri ve melezlerin bir ırkın içinde kalarak ırkı özelliklerinden uzaklaştırmalarıdır. Çoğu zaman bu çiftleştirmeler kayıtlara geçmemektedir. Son olarak bir bölgede görülen sosyal kargaşa o bölgedeki hayvancılığı etkileyerek bazı ırkların yok olmasına sebep olabilmektedir.

Irklarda her yok oluşla özel çevre koşullarına, örneğin sıcaklık, düşük yem kalitesi, bir hastalığa direnç gibi çok önemli uyum özelliklerini de sonsuza kadar kaybediyor olabiliriz. Irklar yok olmasa bile sayılarında önemli düşüşler varsa, yine kaçınılmaz olarak hızlı genetik enformasyon kaybı olması beklenebilir. Sayıdaki bu düşüş potansiyel olarak önemli enformasyonun kaybindan başka ırkların uyum (fitness)/verim parametrelerini de olumsuz bir şekilde etkileyecektir.

Yerli koyun ırklarımız, düşük yem kalitesi ile yetinebilen, zorlu kış koşullarını rahatça atlatabilen, parazitlere dirençli ırklardır. Devlet İstatistik Enstitüsü'nün verilerine dayanarak yayınlanan bir rapora göre (Oskram ve ark., 2004) 1980 yıllarından itibaren yerli koyun sayısında % 47'lik bir azalma olmuştur. Büyük bir olasılıkla bu azalma, sosyal huzursuzluk yaşamış olan Doğu ve Güneydoğu bölgelerinde daha şiddetli yaşanmıştır. Halbuki önce yapılan arkeolojik çalışmalar (Clutton-Brock, 1981; Legge, 1996, Uerpman, 1996), daha sonra genetik çalışmalar (Bruford ve ark., 2003; Bruford ve Townsend, 2004; Bryne ve ark., basımda), koyunlar için evcilleştirme merkezlerinden birinin Doğu/Güneydoğu Anadolu'ya yakın olduğuna işaret etmektedir. Günümüzde hala koyun evcilleştirilmesinde ilk oluşturulan sürülere en yakın ırkların, Doğu ve Güneydoğu Anadolu ırkları olma olasılığı yüksektir. Bu

nedenle içerdikleri enformasyon düzeyinin saptanması ve korunması tüm insanlar için önemlidir.

Bu evcilleşme merkezlerinden Anadolu'ya en yakın/en eski olanından koyunların batıya doğru yayılıp Avrupa'ya geçmiş olması beklenir. Diğer taraftan Anadolu'ya göçlerin, özellikle kültürlerini (dil ve din gibi) çok baskın bir şekilde getiren Selçuklular'ın koyunlarını da getirmiş olması ve Anadolu insanı gen havuzuna katkıda bulunduğu gibi (Benedetto ve ark., 2001) Anadolu koyun gen havuzuna katkıda bulunmuş olması mümkündür. Anadolu'nun yerli ırkı olan Tourin sığırına Belucistan'ın Zebu sığırının katkısı daha önceki çalışmalarda gözlenmiştir (Loftus ve ark., 1999).

Son olarak koyunda "ırk" denince görünümleri bir örnek, bazı verim özellikleri benzer bir grup koyun akla gelmektedir. "Bu grubun bireylerinin genotipleri, nötr alleller bakımından ne derece sıkı (compact) bir grup olma özelliği göstermektedir?" sorusunun cevabı da "ırk"ın gen havuzunu daha iyi anlamamızı sağlayacaktır.

Yerli koyun ırklarımızdaki genetik varyasyonun karşılaştırmalı çalışılması ile yukarıda bahsedilen olası genetik enformasyon kaybının ciddiyeti, yüksek ve özgün genetik enformasyon içererek ilk evcilleştirilmiş populasyonların günümüzde yaşayan en yakın akrabası veya akrabalarının ortaya çıkarılması, karışım (admixture)'ın fark edilebilmesi, ve ırkın gen havuzunun daha iyi anlaşılabilmesi mümkün olacaktır.

Bu sorulara açıklık getirmek birden fazla genetik belirleyici tipi (örn: mikrosatelitler, mtDNA sekansı analizi, Y-kromozomu sekansı) çalışılarak mümkün olmaktadır (Edwards ve ark., 2000; Hanotte ve ark., 2000; Hanotte ve ark., 2002; Troy ve ark., 2001; Bruford ve ark., 2003). Evcil hayvanlarda genetik varyasyon düzeyi saptanmasında çok kullanılan işaret mikrosatelitlerdir (MacHugh ve ark., 1994; MacHugh ve ark., 1997; Diez-Tascón ve ark., 2000; Kadwell ve ark., 2001; Matsuoka ve ark., 2002; Maudet ve ark., 2002). Çoğunlukla DNAnın kodlanmayan bölgelerinde bulduklarından direk olarak doğal seçime uğramayan, yüksek sayıda allele ve yüksek düzeyde heterozigotluğa sahip mikrosatelitler genetik araştırmalarda birbirine yakın türlerin veya bir türün farklı populasyonlarının incelenmesinde önemli bir moleküler işarettir (Bowcock ve ark., 1994). Genlerin yerlerinin tespit edilmesi için yapılan "linkage" analizlerinde (Francisco ve ark., 1996; Mellersh ve ark., 1997); kriminal çalışmalarda ve ebeveyn tayininde (Edwards ve ark., 1992); filogenetik ilişkilerin incelenmesinde (Bowcock ve ark., 1994) ve populasyonların yakın zamanda geçirdikleri "darboğaz" (bottleneck; Luikart ve Cornuet, 1998) krizinin tespit edilmesinde de kullanılmaktadır.

Mikrosatelitlerin evcil çiftlik hayvanlarının genetik yapısını inceleyen çalışmalarda kullanılmasının önemi 1990'ların başında saptandı (MacHugh ve ark., 1994) ve FAO tarafından ırk içi ve ırklar arası genetik çeşitliliği inceleyen çalışmalarda kullanılacak mikrosatelit lokuslarında standartlaştırma çalışmaları yapıldı. Kullanılması tavsiye edilen lokuslar FAO'nun web sayfasında bulunmaktadır (http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker_without_link.pdf).

Evcil çiftlik hayvanları üzerine yapılan çalışmalarda mikrosatelitlerin başlıca 3 kullanımını vardır:

- a) Irk içi ve ırklar arası genetik çeşitliliği ölçmek (Diez-Tascón ve ark., 2000),
- b) Populasyonlarda meydana gelmiş “genetik karışma”yı (admixture) belirlemek (MacHugh ve ark., 1997; Loftus ve ark., 1999),
- c) Bireylerin genetik açıdan benzer ırk yada türlere tayin (assignment) etmek (Cornuet ve ark., 1999).

Kan proteinleri gibi klasik genetik belirleyicilerle elde edilen verilerin istatistiksel analizlerinde kullanılan metodlar, mikrosatelitlerin farklı evrimsel güçlerle (mutasyon şekli ve hızı) şekillenmesinden dolayı mikrosatelit lokuslarından elde edilen verilerin analizi için uygun değildir. Ancak kendi özel durumlarına özgü yazılımlar olduğundan (Luikart ve England, 1999) ve veri karşılaştırmak imkanı sağlayacak birikmiş veri bulunduğundan (Bryne ve ark., basımda) çalışmamızda mikrosatelitler genetik belirleyiciler olarak seçilmiştir.

1.2. Amaç

Önerilen proje ile hedeflenen amaçlar aşağıdaki gibi sıralanmıştır:

1. Koyunda, enformasyon gücü önceden saptanmış mikrosatelit DNA işaretlerinden 5 tanesini kullanarak Türkiye'deki yerli ırkların genetik çeşitliliğini saptamak.
2. Anadolu içinde bazı allellerin Doğu-Batı ve/veya Güneydoğu-Kuzeybatı yönünde geçişli bir dağılım göstererek geçmişte olduğu tahmin edilen göçleri yansıtmayı yansıtmadığını gözlemek.
3. Yerli ırklarımızın birden fazla bağımsız örneklemesini yaparak koyun ırklarımızın gen havuzu kavramına açıklık getirmek.
4. Türkiye'deki yerli ırkların korunma stratejilerine katkıda bulunmak ve yeni stratejiler oluşturmak.

5. Elde edilen verileri literatür bilgileri ile bütünleştirerek;
 - a. Anadolu ırklarının Avrupa ırklarından ne derece belirgin bir biçimde ayrıldığını görmek
 - b. Son yıllarda yaşanan koyunlardaki sayı azalmasının Anadolu'daki ırkların tümünün yada bazılarının genetik çeşitliliğini dikkat çekici bir düzeyde azaltıp azaltmadığını görmek.
 - c. Türkiye'de coğrafi olarak Avrupa'ya en yakın olan Kıvırcık ırkının genetik olarak da Avrupa'ya en yakın ırk olup olmadığını görmek.
6. Anadolu ve civarında bir ya da daha fazla koyun evcilleştirme merkezinin bulunduğu savlarına açıklık getirmek.

I.3. Kapsam

1. Türkiye'nin 9 yerli (Kıvırcık, Dağlıç, Akkaraman, Karayaka, Hemşin, Morkaraman, Kangal, Norduz, İvesi) ve iki melez (Konya Merinosu ve Türkgeldi) koyun ırkı ile Irak'tan Van civarına getirilmiş Hamdani ırkının bireylerine ait kan örnekleri toplanmış ve DNA örnekleri izole edilmiştir. Ayrıca sadece Anadolu'da bulunan 3 ırk için birden fazla örnekleme yapılmıştır (Dağlıç için 2 kez, Akkaraman için 3 kez, ve Karayaka için 2 kez). İşlem sonunda DNA'sı izole edilen ve bu DNA'lardan sorunsuz PCR yükseltgenmesi veren birbirleri ile yakın akraba olmayan (kinship testi ile karar verildi) örnek sayısı toplam 423'tür.
2. Kandan izole edilen DNA'larla bir DNA bankası oluşturulmuştur. Bankada biriken DNA'ların bir kısmı sunulan çalışmada kullanılmış, kalan kısmı sonraki çalışmalarda kullanılmak üzere laboratuvarımızda saklanmaktadır.
3. Daha önce tamamlanmış, yayımda olan evcil koyun ırklarında mikrosatelitlerle yapılan bir çalışma (Byrne ve ark., basımda) ve şu anda 30 mikrosatelit ile sürdürülmekte olan, temelde Avrupa'dan 57 koyun ırkını kapsayan çalışmada (<http://lasig.epfl.ch/projects/econogene>) da kullanılan mikrosatelit lokuslarından MAF33, MAF65, MAF209, JMP29 ve JMP58 sonuçların birleştirilebilmesi için kullanılmıştır.
4. Toplam 423 bireyin 5 mikrosatelit lokusuna dayalı genotip verileri elde edilmiş, Ek 1'de sunulmuştur.
5. Veriler, çeşitli analizler için allel frekanslarının hesaplanmasında ve daha sonra türetilmiş (derived) değişkenlerin elde edilmesinde kullanılmıştır. Analizler ve kullanılan yazılım

F_E ve gözlenen (H_0) heterozigotluklar GENETIX 4.02 (Belkhir ve ark., 2000) ile hesaplanmıştır. Hardy-Weinberg dengesinden sapmalar, GENETIX 4.02 (Belkhir ve ark., 2000) kullanılarak hesaplanan F_{IS} istatistiği ve parametrik olmayan permütasyon testi ile sınıanmıştır. Gözlenen total varyasyon, Arlequin programı kullanarak gerçekleştirilen AMOVA analizi (Excoffier ve ark., 1992) ile bileşenlerine ayrılmıştır. Bu ayrı varyasyon bileşenlerini görselleştirmek için Populations (Langella, 1999) programı ile allel paylaşım uzaklıklarına (allele sharing distance) dayanarak komşu birleştirme (Neighbor-Joining) ağacı çizilmiştir. Gene varyasyon bileşenleri, GENETIX 4.02 (Belkhir ve ark., 2000) programı tarafından gerçekleştirilen faktöriyel benzerlik (Factorial Correspondence) analizi ile görselleştirilmiş ve sergilenmiştir. Irkların bireylerinin 5 mikrosatelit ile ne düzeyde ayrıldığı GeneClass (Cournuet ve ark., 1999) programı ile yapılan populusyonlara tayin etme (assignment) testi ile sınıanmıştır. Daha sonra ırklar, tek bir değerle belirtilmiş; ırklar arası farklılıklar, D_A genetik uzaklığı ölçütü ile Populations (Langella, 1999) yazılımı yardımıyla saptanmıştır. D_A genetik uzaklıkları komşu birleştirme ağacında ırkların genetik yakınlıklarını topluca gözlemek için kullanılmıştır. Daha sonra NTSYS yazılım programı (www.exetersoftware.com/cat/ntsyspc/ntsyspc) kullanılarak gerçekleştirilen temel öğeler analizi (Principle Component Analysis)'nden ırkların üç boyutlu ekseninde genetik olarak farklılıklarını incelemede yararlanılmıştır. Türkiye haritası üzerinde koyun ırkları açısından ortaya çıkan genetik bariyerleri göstermek için Delaunay ağı analizi (Monmonier, 1973) yapılmıştır. Irkların genetik uzaklığı ile coğrafi uzaklıkları arasında ilişki olup olmadığı Arlequin (Excoffier ve ark., 1992) yazılımında yer alan Mantel testi ile sınıanmıştır. Bir ırkın yakın zamanda dar boğazdan geçip geçmediği de Bottleneck yazılımı (Cournet ve Luikart 1996) ile test edilmiştir.

6. Kendi çalıştığımız ırklar için yapılan analizlerin tümü, verilerimizin Avrupa ve Yakındoğu koyun ırkları için daha önce yapılmış çalışmanın (Bryne ve ark., basımda) verileri ile birleştirilmesiyle tekrarlanmıştır.

I.4. Örnekler, İncelenen Değişkenler, Kullanılan Yöntemler

I.4.1. Örnekler

Çalışılan ırkların doğal yayılım alanları Şekil I.1’de gösterilmiştir. Proje kapsamında, Irak’tan Van civarına getirilen Hamdani ile beraber toplam 12 ırka ait bireylerden DNA izole edilmek üzere K₃EDTA’lı tüplere 10 ml kan örneği alınmıştır. Bu ırkların isimleri, incelenen örnek sayıları ve üretim çiftliğinden (devlet ya da üniversitelere ait) mi yoksa halk elinden mi toplandıkları Tablo I.1’de verilmiştir.

Tablo I.1. Irkların isimleri (ve varsa birden fazla örneklenenlerin numarası); bu isimler için raporda kullanılan kısaltmalar; toplam örnek sayıları; bir devlet yada üniversite üretim çiftliğinden (Ç) veya halk elindeki dağınık sürülerden (S) toplanmış oldukları; yerli (Ye) / yabancı (Ya), saf (S) veya melez (M) olmaları; kuyruk tanımları: yağlı ve büyük (YB), yağlı ve kısa (YK), uyluğu yağlı (UY), ince uzun (İU).

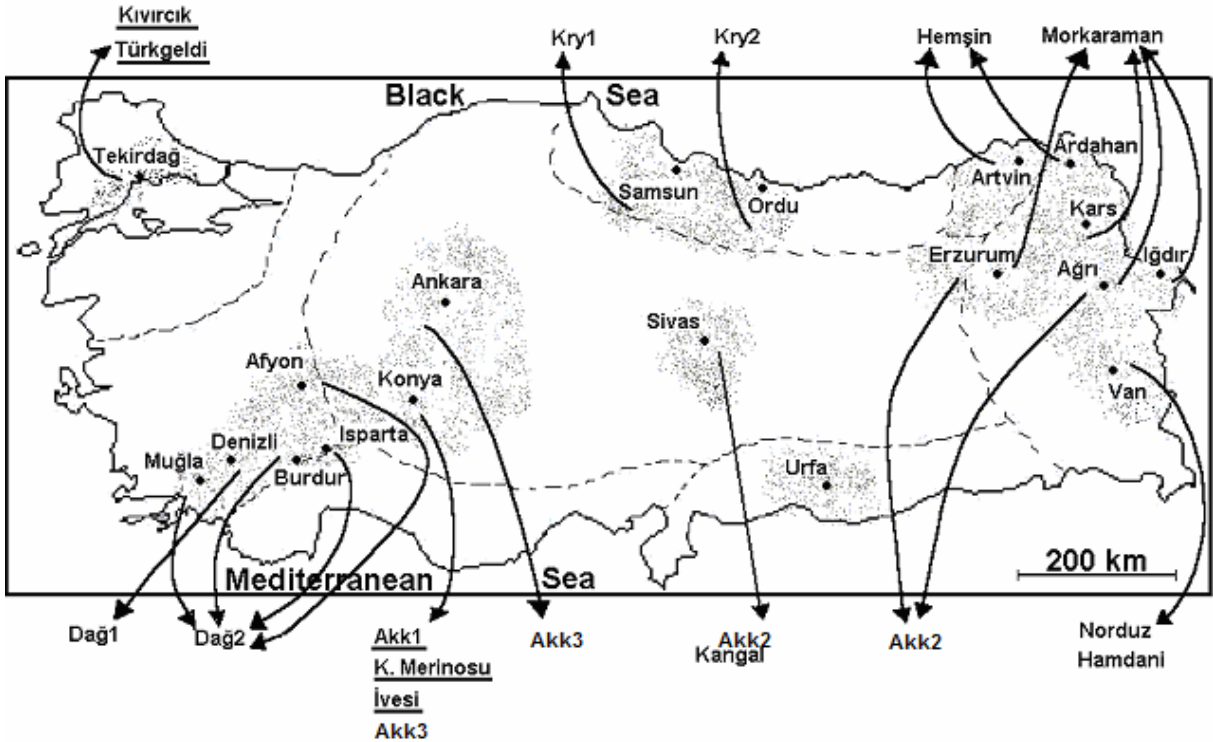
Irklar (Örnekler)	Kısaltma	Örnek Sayısı	Çiftlik/ Sürü	Yerli/ Yabancı	Saf/ Melez	Kuyruk Tipi
Akkaraman1	Akk1	28	Ç	Ye	S	YB
Akkaraman2*	Akk2	10	S	Ye	S	YB
Akkaraman3*	Akk3	14	Ç ve S	Ye	S	YB
Akkaraman	Akk	52	Ç ve S	Ye	S	YB
İvesi	İve	35	Ç	Ye	S	YB
Kıvırcık	Kıv	23	Ç	Ye	S	İU
Morkaraman	Mork	35	S	Ye	S	YB
Hemşin	Hem	34	S	Ye	S	UY
Karayaka	Kry	57	S	Ye	S	İU
Karayaka1	Kry1	28	S	Ye	S	İU
Karayaka2	Kry2	29	S	Ye	S	İU
Dağlıç	Dağ	64	S	Ye	S	YK
Dağlıç1	Dağ1	32	S	Ye	S	YK
Dağlıç2	Dağ2	32	S	Ye	S	YK
Norduz	Nor	26	S	Ye	S	YB
Kangal	Kngl	22	S	Ye	S	YB
Hamdani	Ham	22	S	Ya	S	YB
Konya Merinosu	KM	29	Ç	Ye	M	YK
Türkgeldi	TG	24	Ç	Ye	M	İU
TOPLAM		423				

*: Analizler için birleştirilip, Akkaraman2 olarak isimlendirildiler.



ŞEKİL I.1. Türk yerli ırklarının doğal yayılım alanları (Akçapınar, 2000).

İrkların örneklendiği yerler Şekil I.2’de gösterilmiştir:



ŞEKİL I.2. Çalışma için toplanan örneklerin örnekleme yerleri. Kesik çizgiler, Akçapınar (2000)’ın kitabında belirtilen dağılım alanlarıdır. Gölgeleştirilmiş alanlar örneklerin toplanmasında ziyaret edilen alandır; nereden hangi örneklerin toplandığı oklar ile gösterilmiştir. Altı çizili örnekler çiftlik örnekleridir.

Bu ırklardan Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç için ayrı zamanlarda ayrı yerlerden örnekler toplanmıştır. Bu nedenle Akkaraman³, Karayaka² ve Dağlıç² ayrı örnekleme içermektedir. Böylece ırk içi örnekleme arası farklılıklar irdelenebilecektir.

Akkaraman'ın 28 bireylik bir örneği Konya Selçuk Üniversitesi Hara'sından; 10 bireylik ikinci örneği Sivas'tan Ağrıya Doğu Anadolu'dan; 14 bireylik üçüncü örneği ise Ankara İli'nden 2 ayrı köyden toplam 3 sürüden ve İvesi Konya'dan Ereğli TİGEM ile Gözlu Tarım İşletmesi'nden toplanmıştır.

Karayaka'nın 28 bireylik ilk örneği Samsun Ladik yaylasında ve 19 Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümüne ait olan yetiştirme çiftliğinde bulunan sürülerden 2-4 örnek alınarak oluşturulmuştur. Yirmidokuz bireylik ikinci Karayaka örneği Ordu'nun yaylalarındaki sürülerden toplanmıştır.

Birinci Dağlıç örneği Denizli'nin Acıpayam beldesinin bir köyündeki sürülerden toplanmıştır. İkinci örnek ise Muğla, Isparta, Burdur ve Afyon İller'indeki yayla ve köylerdeki sürülerden 2-4 örnek alınmasıyla oluşturulmuştur.

Kıvırcık bireyleri Tekirdağ İnanlı Tarım İşletmesi'nden, Türkgeldi bireyleri ise Tekirdağ Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Uygulama Ünitesi'den alınmıştır. Türkgeldi Kıvırcık ile East Frieasian melezi olan bir ırktır. Konya Merinosu ve İvesi bireyleri Konya Selçuk Üniversitesi'nin harasından alınmıştır. Konya Merinosu Alman etçi merinosu ile Akkaraman 'nın melezidir. Morkaraman bireyleri Erzurum, Ağrı, Iğdır ve Kars illerinin köy ve yaylalarındaki sürülerden temin edilmiştir. Hemşin bireyleri Artvin ilinde bulunan farklı sürülerden toplanmıştır. Kangal koyununun bireyleri Sivas'ın Kangal ilçesine bağlı köylerden toplanmıştır. Kangal koyunu Akkaraman'ın bir çeşidi olarak bilinmekte ve Akkaraman'a göre daha yüksek bir boya ve ağırlığa sahiptir.

Norduz, Van ve çevresinde görülen bir koyun türüdür. Burada aynı zamanda Irak'tan Türkiye'ye getirilen Hamdani koyunları mevcuttur. Koyunun ilk evcilleştirilme bölgelerinden biri olduğu düşünülen Türkiye-İran sınırındaki Zagros dağları civarında olmaları sebebiyle bu iki koyundan da Van Merkez ve Gürpınar ilçelerine bağlı köy ve yaylalardaki sürülerden örnekler toplanmıştır.

Koyun ırkları ile ilgili daha fazla bilgi için şu adreslerden yararlanılabilir: <http://dad.fao.org/en/Home.htm>; <http://togan3.bio.metu.edu.tr>.

1.4.2. DNA İzolasyonu

Toplanan kanlardan Sambrook ve ark. (1989)'nın metodu ile DNA izolasyonu yapılmıştır. Kullanılan yöntem şöyledir:

10 ml kan 0.5 ml EDTA (0.5 M; PH 8.0) içeren falkon tüplere konur ve üzerine toplam hacim 50 ml olacak şekilde 2X Lysis solusyonu (10X Lysis solusyonu: 770 mM NH₄Cl, 46 mM KHCO₃, 10mM EDTA) eklenir. Tüpler 10 dakika alt üst edilerek karıştırılır. Daha sonra 3000 rpm, +4°C'de 10 dk santrifuj edilerek süpernatant kısmı atılır. Çökelti (pellet) 3 ml tuz/EDTA (75mM NaCl, 25 mM EDTA) solusyonu konularak vorteks'te karıştırılır. Üzerine 0.3 ml %10'luk SDS ve 150 µl proteinaz K (10 mg/ml) eklenerek 55 °C'de 1-3 saat bekletilir. Bu süre sonunda tüplere 3 ml Fenol (PH 8.0) eklenir ve 20 sn kadar hızlı sallanır. Sonra 5 dakika kadar yavaş şekilde alt üst edilir. 10 dakika, +4 °C ve 3000 rpm'de satrifuj edildikten sonra süpernatant yeni steril tüplere aktarılır ve üzerine 3 ml Fenol:Kloroform:İzoamil alkol (25:24:1) eklenir. Aynı şekilde 20 sn kadar hızlı ve 5 dakika kadar yavaş şekilde alt üst edilen tüpler 10 dakika +4 °C'de ve 3000 rpm'de santrifuj edildikten sonra süpernatant steril cam tüplere alınır. Hacminin 2 katı kadar -20 °C bekletilmiş EtOH eklenir ve ters yüz edilir. Yoğunlaşmış çöken DNA bir cam kanca yardımı ile alınıp 0.5 ml TE (10mM Tris, 1mM EDTA PH 7.5) solusyonu içeren steril 1.5 ml'lik eppendorf tüplere konur. Bundan sonra DNA çözeltisinin kullanılacak miktarı +4 °C'de tutulurken geri kalan -20 °C'de saklanabilir.

1.4.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) Koşulları

Örneklerin analizi ODTÜ Biyoloji'de radyoaktif işaretleme ile yapılmıştır. Ayrıca, projenin deney aşamasında bir imkan doğması nedeniyle örnekler ayrıca M. Bruford'un Cardiff University, UK'deki laboratuvarında ABI 377 yarı otomatik DNA dizi analizi cihazında florasan işaretleme yöntemi ile tarafımızdan (Evren Koban tarafından) analiz edilmiştir. Her iki işaretleme yöntemi için benzer protokoller kullanıyorsa da ufak değişiklikler mevcuttur. Aşağıda her iki işaretleme yöntemi için kullanılan polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) protokolleri verilmiştir.

a) Radyoaktif İşaretleme:

İzole edilen DNA'dan 50-100 ng, 1000mCi ³³P dATP'den 0.1µl ve 1 ünite MBI Fermantas Taq DNA polimeraz enzimi hazırlanan PZR karışımına ilave edilerek Biometra PZR cihazına yerleştirilmiş ve yükseltgenme programı uygulanmıştır. PZR karışımında 1X PZR Solusyonu; 2.5 mM MgCl₂; dNTP'lerden dTTP, dCTP ve dGTP konsantrasyonu 200mM, dATP konsantrasyonu 20 mM; primer ve hacmi ayarlamak için steril su vardır. Karışım, MAF 33 lokusu için ileri ve geri primerlerden örnek başına 6'şar pmol, MAF 65 lokusu için 4'er pmol, MAF 209 lokusu için 5'er pmol, JMP29 ve JMP58 lokusları için 7'şer pmol içermektedir.

b) Florasan İşaretleme

İzole edilen DNA'dan 50-100 ng, ile 0.5 ünite Qiagen Taq DNA polimeraz enzimi hazırlanan PZR karışımına ilave edilerek Perkin Elmer PZR cihazına yerleştirilmiş ve yükseltgenme programı uygulanmıştır. PZR karışımında 1X PZR Solusyonu; 2.5 mM MgCl₂; dNTP'lerin her birinden 200mM, primer ve hacmi ayarlamak için steril su vardır. Karışım, MAF 33 lokusu için ileri ve geri primerlerden örnek başına 6'şar pmol, MAF 65 lokusu için 4'er pmol, MAF 209 lokusu için 5'er pmol, JMP29 ve JMP58 lokusları için 7'şer pmol içermektedir. Bu yöntemde FAM, TEX yada HEX florasan işaret ile işaretlenmiş ileri (forward) primerler kullanılmıştır.

Her iki yöntemde de kullanılan PZR koşulları aynıdır. Ayrıca incelenen 5 lokus için PZR yükseltgenme koşulları bağlanma "annealing" sıcaklığı hariç aynıdır. Örnekler önce 2 dk 94 °C'de denatüre edilir. Sonra 30 döngülük program ile sırasıyla 20 sn 94 °C'de, 20 sn bağlanma sıcaklığında ve 40 sn 72 °C'de tutulur ve son olarak 10 dk 72 °C'de bekletilerek PZR işlemi tamamlanır. Bağlanma sıcaklıkları JMP29, JMP58, MAF33 ve MAF65 lokusları için 57 °C, MAF309 için 60 °C'dir.

PZR ürünlerinden 5 µl dH₂O ile karıştırılarak %1.5'luk agaroz jelde uzunlukları bilinen DNA parçalarından oluşan DNA merdiveni ile birlikte yürütülür ve yükseltgenme olup olmadığı yükseltgenme varsa beklenen uzunlukta olup olmadığı kontrol edilir.

1.4.4. Poliakrilamit Jel Elektrofrez ve Verilerin Toplanması

Verilerin toplanması kullanılan işaretleme yöntemine göre değişiklik göstermektedir. Aşağıda her iki yöntem ile verilerin nasıl elde edildiği anlatılmıştır.

a) Radyoaktif İşaretleme

Agaroz jelde kontrol edilen PZR ürünleri, akrilamit jelin yapışmasını önleyici SIGMACOTE sürülmüş arka elektrofrez camı ile üzerinde yerleştirilen ön elektrofrez camının arasına dökülen, % 6'lık denatüre eden (ürel) poliakrilamit jelde sekans dizisi belli radyoaktif işaretli DNA merdiveni ve daha önceden genotipi belirlenmiş örneklerin ((+) kontrol) PZR ürünleri ile beraber 60 W'da (1800 V'u geçmeyecek şekilde) 3 saat yürütüldükten sonra iki cam birbirinden ayrılır ve ön camda kalan jelin üzerine 3M Whatman kurutma kağıdı konulur. Kağıdın jele iyice yapıştığına emin olunca kağıt yavaşça kaldırılır. Böylece kurutma kağıdına aktarılan jelin üzerine mutfaklarda kullanılan şeffaf "stretch film" konulur. Bundan sonra vakumlu jel kurutma aletine yerleştirilen jel iyice kurutulur. Kurutulan jel daha sonra bu iş için imal edilmiş kasete konulur ve üzerine karanlık bir ortamda radyoaktiviteye hassas röntgen filmi konularak kaset sıkıca kapatılır. Kullanılan radyoaktif maddenin yeni/eski olmasına göre bir süre beklenip film banyo ettirilir. PZR yükseltgenmesi sırasında radyoaktivite ile işaretlenmiş mevcut alleller jel üstünde buldukları yere paralel olarak filmin üzerinde çizgi halinde koyu renk bir bant oluşturduğundan tespit edilirler ve uzunlukları belli olan DNA merdiveninin bantları ve (+) kontrol bireylerin bantlarıyla karşılaştırılırlar. Böylece örneklerin allel uzunlukları baz çifti (base pair) olarak belirlenir.

b) Florasan İşaretleme

PZR ürünleri agaroz jelde kontrol edildikten sonra yükseltgenme olan ürünler üretici firmanın tavsiyelri doğrultusunda florasan işaretli büyüklük standardı (Tamra 350, Applied Biosystems) ile karıştırılır. İki dakika 94°C'de denatüre edilen ürünler hemen buz üstüne alınır. Daha sonra ürünler, ABI 377 yarı otomatik DNA dizi analizi cihazına yerleştirilmiş olan %4.2'lik denatüre etmeyen (üresiz) akrilamit jele yüklenir. Ürünler uygulanan yüksek elektrik akımında (-)'den (+)'ya doğru yani yukarıdan aşağıya doğru hareket ederler. Jelin alt kısmına denk gelen yerde cihaz içine monte edilmiş lazer okuyucu vardır. PZR ürünleri büyüklüklerine göre (küçük olan önce koşar) değişen zamanlarda lazer okuyucunun

bulunduğu yere varırlar ve florasan işaretli oldukları için lazer tarafından kaydedilirler. Kullanılan florasan işaretler için kalibre edilmiş cihazın bilgisayara aktardığı bilgiler ile, her bir PZR ürünü ile beraber koşturulmuş büyüklük standardı yardımı ile ürünlerin büyüklükleri baz çifti (base pair) cinsinden belirlenir.

1.4.5. Mikrosatelit DNA

Mikrosatellitler DNA'da 1-5 bazlık bir birimin tekrarlanması ile ortaya çıkar. Örneğin, iki nükleotidin yan yana birden fazla tekrarlandığı $(CA)_n$ gibi bir dizi bir mikrosatelit bölgesini oluşturur. Genom içinde oldukça yaygın ve neredeyse düzenli bir şekilde dağılmış olan mikrosatellitler (Ortí ve ark., 1997; Schlötterer, 1998), oldukça yüksek mutasyon hızına ve yüksek polimorfizme sahiptirler. Eş baskın (codominant) olan mikrosatelit lokusları Mendel tipi kalıtım gösterirler ve mevcut tekrar sayısı farklılıkları farklı allellerin ortaya çıkmasını sağlar.

Çalışma kapsamında toplanan örneklerin DNA'ları MAF33, MAF65, MAF209, JMP29 ve JMP58 lokusları olmak üzere 5 mikrosatelit lokusu açısından incelenmiştir. Bu lokusların seçiminde Cardiff Üniversitesi'nden Prof. Dr. Mike Bruford ve Londra Zoology Enstitüsü'nden Dr. Kate Byrne ile görüşülmüş, FAO (http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker_without_link.pdf) ve Econogene projesi (<http://lasig.epfl.ch/projects/econogene>) mikrosatelit listeleri göz önünde tutulmuştur.

1.4.6. Kullanılan İstatistiksel Analizler ve Yazılımlarının Listesi

Elde edilen allelik veriler çalışmanın amaçları doğrultusunda ortaya çıkan sorulara cevap aramak için değişik istatistiksel testlere tabi tutulmuştur.

Analizlerde, bir ırk/ırk örneğinin yakın akraba olmıyan bireyler tarafından temsil edilmesini sağlamak için akrabalık testi Kinship 1.1 yazılımı ile yapılmış, yakın akraba çıkanlardan biri analizlere katılmamıştır. Ek 1'deki liste bu ayıklamadan sonraki bireyleri göstermektedir. Akraba olan bireyler sıkı gruplar oluşturmakta ve ırklar için yanıltıcı bilgiler vermektedir. Birçok yöntem örneğin AMOVA populasyon bireylerinin tamamen rastlantısal örneklendiğini, akrabalık olmadığını varsaymaktadır.

Her ırk/ırk örneği için önce lokuslar bazında, sonra tüm lokuslar için gözlenen allel sayıları, ortalama allel sayıları, gözlenen heterozigotluk (H_O) ve beklenen heterozigotluk (H_E)

hesaplanarak allelik ve genetik varyasyonlar saptanmıştır. Bu işlemler için Genetix 4.02 yazılımı kullanılmıştır. Özgün (sadece tek bir ırkta gözlenen) alleller ise ham veriler karşılaştırmalı olarak incelenerek bulunmuştur.

Bir populasyonlar grubunda gözlenen Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın (F_{IT}) populasyonlar arasındaki farklılaşma (F_{ST}) ve populasyonlar içindeki dengeden sapma (F_{IS}) bileşenlerine ayrılabilirdiği Wright'ın (1951) F istatistiklerinin Weir ve Cocherham (1984) tarafından düzeltilmiş hali gene Genetix 4.02 ile hesaplanmıştır. Aynı yazılımla bunlardan F_{IS} ve F_{ST} 'nin istatistiksel olarak anlamlılık testi 1000 permutasyonla sınanmıştır.

Toplam varyasyon ırklar/ırk grupları arası ve ırk içi varyasyon bileşenlerine AMOVA analizi ve Arlequin 2.001 (Excoffier et al., 1992) yazılımı ile ayrılmıştır.

Bireyler arası genetik uzaklığı saptarken, allele paylaşım uzaklıklarının (allele sharing distance) mikrosatelit verilerinin analizlerinde uygun bir ölçüt olduğu bilinmektedir (Bowcock et al., 1994). Diğer taraftan ırklar arası genetik uzaklık için ise gene mikrosatelitler kullanılırken D_A 'nın uygun bir ölçüt olduğu kabul edilmiştir (Takezaki and Nei, 1996). Her iki uzaklık ölçütü ve bunların kullanımı ile oluşturulan ağaç, komşu birleştirme (neighbor joining) ağacı Populations yazılımı ile elde edilmiştir. Bu ağacın diğer ağaç oluşturma yöntemlerinininkine göre üstünlükleri vardır (Saitou ve Nei, 1987; Li, 1997).

Değişkenlerin allellerinin lineer kombinasyonları ile birbirinden bağımsız türetilmiş eksenler üzerinde, toplam varyasyonun 3 boyutta maksimum düzeyde görselleştirilebildiği faktoriyel benzerlik analizi gene Genetix 4.02 ile yapılmıştır.

Bireyler toplanmaları esnasında morfolojik özelliklerine ve yayılım alanlarına göre ırklara sınıflandırılmıştır. Genetik veriler elde edildikten sonra, incelenen lokuslar açısından bireylerin ırklara ikinci bir sınıflaması yapıldığında ait oldukları kabul edilen ırklara ne derece sadakatle gruplandığı bireylerin populasyonlara tayini (assignment) testi ile sınanmıştır. Bu işlem için kullanılan yazılım GeneClass'dır. Sunulan çalışmada Bayesian tipi likelihood metodu, 1000 simulasyon ve 5 ayrı olasılık kıstası (0.5-0.001) kullanılmıştır.

Temel bileşenler analizi (Principal Component Analysis) ile bireylerinden elde edilen bilgiler ışığında populasyonlar tek bir nokta olarak, gene değişkenlerin lineer kombinasyonları ile oluşturulmuş bağımsız eksenlerden 3'ü üzerinde gösterilmiştir. Bu analizlerde ırkların yakınlık derecesi ırk içi varyasyonlardan arındırılmış olarak gözlenebilmektedir. Bu amaçla kullanılan yazılım NTSYS dir.

Bir coğrafi alan üzerinde yayılmış farklı ırklar arasında gözlenen genetik bariyerler Delauney ağı analizi ile saptanmıştır. Metodun detayları Koban'ın (2004) tezinde verilmiştir.

Eşit boyutlu iki matriksin benzerliğinin karşılaştırıldığı mantel testi (Mantel,1967; Rousset ve Raymond, 1997) ile genetik ve coğrafi uzaklıklar matrikslerinin uyumu karşılaştırılmıştır. Bu amaçla kullanılan yazılım Arlequin 2.001'dir. Yukarıda bahsedilen D_A genetik uzaklıklarından oluşan matriks genetik matriks olarak kullanılmıştır. Irkların örneklendikleri alanların merkezleri coğrafi harita üzerinde belirlenmiş. Merkezlerin arasındaki mesafeler ölçülerek coğrafi uzaklık matriksi oluşturulmuştur.

Son olarak bir grubun yakın zamanda sayısında aşırı bir düşme olup olmadığını sınavan darboğaz (bottleneck) analizi (Cournet ve Luikart, 1996) yapılmıştır. Kullanılan yazılım Bottleneck ismini taşımaktadır.

Yazılımların hepsi tüm kullanıcılara açıktır. Adresleri aşağıda verildiği gibidir:

- Kinship 1.3.1. : <http://www.gsoftnet.us/GSoft.html>
- Genetix 4.02 : <http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix.htm>
- Arlequin 2.001 : <http://anthropologie.unige.ch/arlequin/>
- Populations : <http://www.pge.cnrs-gif.fr/bioinfo/wini386/samples.exe>
- GeneClass : <http://www.ensam.inra.fr/URLB/>
- NTSYSpc : <http://www.exetersoftware.com/cat/ntsyspc/ntsyspc>
- Bottleneck : <http://www.ensam.inra.fr/URLB/>

I.5. Önerilen ve Gerçekleştirilen Projenin Karşılaştırılması

Proje önerisinden farklı olarak gerçekleşen durumlar aşağıda sunulmuştur:

1. Önerilen projede kıl örnekleri toplanacağı belirtilmiştir ancak daha sonra kan örnekleri toplanmıştır. Nedeni şöyle açıklanabilir; projenin öneri aşamasında kan örneklerinin tarafımızdan toplanamayacağı düşünülmekteydi. Proje kabulünden sonra başlanan örnekleme çalışmalarında ekipte daima en az bir veteriner bulunmuştur. Kıl örnekleri, başka bir alternatif bulunmaması durumunda yabani yada evcil hayvanlar üzerine yapılan çalışmalarda tercih edilmektedir. Daha önce bir başka tez çalışmasında kıldan DNA izole edilerek mikrosatelit çalışması laboratuvarımızda yapılmıştır (Bekpen, 2001). İlk örnekleme esnasında örneğin Morkaraman'dan kıl örnekleri de toplanmıştır ve laboratuvarımızda korunmaktadır. Kandan elde edilen DNA'nın miktarının çok olması

sebebiyle DNA bankası oluşturulmuş olup, bu DNAların ileride başka projelerde de kullanılması mümkündür.

2. Önerilen çalışmada Akkaraman, Morkaraman, Dağlıç, Sakız, Tuj, Karayaka, İvesi ve Kıvırcık ırklarından örnek toplanacağı belirtilmiştir. Proje süresi boyunca yapılan araştırmalarda Erzurum Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi ve Kars Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi'ndeki uygulama üniteleri hariç Tuj koyununa rastlanılmamıştır. Bu ünitelerdeki koyunlar da sayıca çok az ve akrabalı yetiştiricilik ürünü olduğundan çalışma için yeterli sayıda örnek bulunamadığı daha önce bildirilmiştir. Bu nedenle Hemşin koyunu örneklenmiştir. Literatürde bulunan koyunlar için iki evcilleştirilme (Hiendleder ve ark, 2002) yerini işaret eden bulgulardan farklı olarak, Bruford ve Townsend (2004) koyun mitokondriyal DNAsı (mtDNA) çalışarak elde ettikleri bulguların üçüncü bir evcilleştirilme yerini işaret etmesi nedeniyle örneklemeler Doğu Anadolu'ya kaydırılmış; Sakız yerine Kangal, Norduz ve Hamdani koyunları örneklenmiştir. Ayrıca daha önce başka bir çalışma (VHAG-1553; Soysal ve ark., 2001) için toplanılan Kıvırcık ve Akkaraman melezleri olan Türkgeldi ve Konya Merinosu koyunlarının DNAları da o projenin yürütücüsünün izni ile çalışmaya eklenmiştir.

3. Önerilen çalışmada DNA örneklerinin Oar FCB20, OarFCB128, OarFCB193, Oar FCB304 ve JMP58 lokusları ile analiz edileceği belirtilmişti. Ancak bu lokuslar FAO'nun sayfasından seçilmişti. Proje kabulünden sonra Cardiff Üniversitesi'nden Prof. Michael Bruford ve Londra Zooloji Enstitüsü'nden Dr. Kate Byrne ile yapılan görüşmeler neticesinde MAF33, MAF65, MAF209, JMP29 ve JMP58 lokuslarının, daha uygun (enformativ) olduğu görüşüne varılmıştır. Bu lokuslar aynı zamanda econogen (<http://lasig.epfl.ch/projects/econogene>) projesinde birçok Avrupa ırkı için kullanılmaktadır.

4. Proje önerisinde yer almayan bir ırkın birden fazla örneklenmesi Akkaraman, Dağlıç ve Karayaka için gerçekleştirilmiştir. Akkaraman için çiftlik örnekleri mevcuttu ikinci bir örnekleme ile iki grubun ne kadar bir birine benzediğinin çalışılması deneylerin başında planlanmıştı. Dağlıç ve Karayaka ilk örneklemelerinin ardından yapılan genetik analizlerde ırk arası fark göstermeyince tamamen farklı bireyler doğal yayılım alanlarından bir kez daha toplanmıştır.

II. GELİŞME

II.1. Çalışmanın Dayandığı Temel

Evcil memelilerden sığır, keçi, koyun domuz ve mandanın evcilleştirilme tarihleri hakkında DNA işaretlerine dayalı çalışmaların bir arada değerlendirildiği bir makalede (Bruford ve ark., 2003) vurgulanan bir sonuç, söz konusu türlerin herbirinin evcilleştirilme merkezlerinin en az iki ayrı yerde bulunduğu, bunlardan birinin ve en eskisinin Yakındoğu ve civarı olduğudur. Bunun bir göstergesi Yakındoğu ırklarının gerek mikrosatelitler açısından gerek mtDNA açısından daha fazla genetik çeşitlilik sergilemeleridir. Aynı makalede, özellikle evrimleşme merkezine yakın olan yerli ırkların korunmada global önceliklerinin olması gerektiği vurgulanmaktadır (Bruford ve ark., 2003, sayfa 908). Daha önceki arkeolojik bulgular da (örn. Clutton-Brock, 1981; Legge, 1996; Uerpmann, 1996) Güneydoğu veya Doğu Anadolu'nun koyunun ilk evcilleştirme merkezlerinden biri olduğunu göstermişti. Böylece iki ayrı disiplinin bağımsız gözlemleri özellikle Doğu/Güneydoğu Anadolu yerli ırklarımızın gen kaynağı olarak çok önemli olabileceklerine işaret etmiştir.

Diğer taraftan Devlet İstatistik Enstitüsü'nün 1980-2000 yılları arasını kapsayan verilerine göre toplam koyun sayısında % 47'lik hızlı düşüş ve ayrıca son yıllardaki % 10 luk ek düşüş (Oskram ve ark., 2004), yerli koyunlarımızın genetik çeşitliliklerinin acil olarak çalışılmasının ve böylece yerli ırkların korunmalarında oluşturulacak stratejilere katkıda bulunulmasının gerektiğini bir kere daha göstermiştir.

Evcil koyunlarda son 10 yılda yapılan moleküler çalışmalarda mt DNA kullanılarak yapılanlar ülkemizde ve doğu sınırımızda hala yabancı örnekleri yaşayan *Ovis Gmelini*'nin tüm domestik koyunlarının en olası atası olduğunu göstermiştir (Hiendleder ve ark., 1998; Hiendleder ve ark., 1999; Towsend, 2000; Hiendleder ve ark., 2002). Bu sonuçlar bir kez daha yerli ırklarımızın önemini vurgulamaktadır. Ayrıca bu çalışmalar evcil koyunların üç grup mtDNA'ya sahip olduklarını ve bu nedenle üç evcilleştirmenin (Towsend, 2000; Bruford ve Towsend, 2004) izlerini taşımakta olduğunu da göstermiştir. Sunulan çalışmada, bu üç evcilleştirmeyi çağrıştıracak bir gruplaşmanın gözlenip gözlenmeyeceği de irdelenecektir. Avrupa'da hiç bir zaman koyunun yabancı formu bulunmamıştır (Clutton-Brock, 1981). MtDNA da gözlenen Avrupa'da ağırlıklı olarak bulunan A grubunda varyasyon Yakındoğu'dan Avrupa'ya doğru gidildikçe, yani koyunların evcilleşme merkezinden

Avrupa'ya göçleri yönünde, azalmıştır ve coğrafi uzaklıkla genetik uzaklık arasında Mantel testi ile anlamlı bir korelasyon gözlenmiştir (Bruford ve Townsend, 2004).

Aynı bölgede evcilleştirilen hayvanların evcilleştirilme tarihlerinin birbirine benzeyeceği beklenebilir. Bu nedenle Güneydoğu Anadolu civarında evcilleştirildiği bilinen sığırlarda elde edilmiş sonuçlar da koyunda yapılacak çalışmalar için bir ön beklenti sunabilir.

Sığırda mikrosatelitlere dayalı bir araştırma (Loftus ve ark. 1999) 20 mikrosatelitten 3-6 tanesinin Belucistan'da evcilleştirilmiş Zebu sığırının, Yakınođu civarında evcilleşmiş Tourin sığırlarına örneđin Güney Anadolu Kırmızısı'na % 30 oranında karıştığına işaret etmiştir. Ancak, bu karışım verilerden çıkarıldıktan sonra bile üç yerli sığır ırkımızın çeşitlilik düzeyi bütün Tourin ırkları arasında en yüksek olanlardandır. Benzer bir karışımın varlığının koyunlarda da gözlenip gözlenmediđine gene mikrosatelitlerle (sunulan çalışmada 5 mikrosatelitle) bakılmak istenmiştir. Sığırlarda mikrosatelit varyasyon düzeyi Yakınođu'dan Avrupa'nın doğusuna doğru gidildikçe azalmıştır. Aynı yüksek mikrosatelite dayalı çeşitliliđin koyunlarda gözlenip gözlenmediđi de merak konusudur.

İrkin tanımında şimdiye kadar fenotipik özellikler ağırlıklı olarak kullanılmıştır (Soysal ve Özkan, 2002). Yerli koyunlarda ırka ait gen havuzunun tanımlanması, sunulan çalışma ile, bir ölçüde mümkün olacaktır. Çalışılan genetik belirleyici tek tip ve çalışılan lokus sayısı sınırlı olduđundan bu tanımlama sınırlı düzeyde kalacaktır.

Bu çalışmanın amacı, yerli ve melez Türk koyun ırklarındaki genetik varyasyonu mikrosatelit lokusları yardımı ile belirlemektir. Literatürde Türk yerli koyun ırkları üzerine yapılmış detaylı çalışmalar mevcut deđildir. Daha önce tamamlanmış, TÜBİTAK tarafından desteklenmiş olan bir projede (VHAG-1553; Soysal ve ark., 2001) sadece 5 yerli ve melez Türk ırkı, 3 mikrosatellit lokusu açısından incelenmiştir. Aynı şekilde Bulut (2004)'un tez çalışmasında da Konya bölgesinden melez ırkların 3 mikrosatelit lokusuna dayanılarak benzerlikleri araştırılmaktadır. Sunulan çalışma, yerli Türk ırklarındaki genetik çeşitliliđin saptanması için yapılmış en kapsamlı çalışmadır.

II.2. Veriler ve Analizler

Bu proje kapsamında toplanan genotip verilerinin tamamı Ek 1'de verilmiştir. Ek 2'de allel frekanslarının ırk/ayrı ırk örneklerine dağılımı sunulmuştur. Aşağıda, gözlenen alleller kullanılarak yapılan istatistiksel analizlerin sonuçları alt başlıklar halinde sunulmuştur.

II.2.1.Akrabalık testi

Çiftliklerden toplanmış olan ırkların; Akkaraman1, Kıvırcık, İvesi, Konya Merinosu ve Türkgeldi, örnekleri (her biri için 35 birey örneklenmişti) akrabalık (Kinship) testine tabi tutulmuştur. Test sonunda yakın akrabalarından biri analizlerin dışında bırakıldığında bu ırklar için örnek sayıları yukardaki ırk sırası için 28, 23, 35, 29 ve 24 olarak kalmıştır.

II.2..2. Allel Çeşitliliği (Allelic Variability) Analizi Sonuçları

Çalışılan 5 lokus için gözlenen allel sayıları Tablo II.1’de verilmiştir. En çok allel JMP29’da (21 allel) ve en az allel de MAF33’te (11 allel) gözlenmiştir. Her lokus için gözlenen allel sayılarının ırklara dağılımı, her bir ırk için gözlenen lokus başına düşen ortalama allel sayıları ve çalışılan lokuslar açısından elde edilen ortalama allel sayıları Tablo II.2’de sunulmuştur.

Tablo II.1: Çalışılan 5 lokus ve gözlenen toplam allel sayıları

Lokus İsmi	Allel Sayısı
MAF33	11
MAF65	13
MAF209	15
JMP29	21
JMP58	18

Tablo II.2: Gözlenen allel sayılarının ırklar ve lokuslar bazında dağılımı, ırk başına ve lokus başına gözlenen ortalama allel sayıları (OAS).

İrklar (Örnekler)	Lokuslar					OAS/ırk
	MAF33	MAF65	MAF209	JMP29	JMP58	
<i>Akkaraman</i>	6	7	10	14	13	10
Akkaraman1	4	5	8	10	10	7,4
Akkaraman2*	6	7	6	12	10	8,2
İvesi	7	8	9	11	11	9.2
Kıvırcık	8	6	7	9	10	8
Morkaraman	9	9	10	12	9	9.8
Hemşin	8	8	9	8	10	8.6
<i>Karayaka</i>	10	9	8	14	16	11.4
Karayaka1	10	8	8	12	14	10,4
Karayaka2	7	8	6	11	14	9,2
<i>Dağlıç</i>	9	9	10	12	13	10.6
Dağlıç1	6	7	8	10	11	8,4
Dağlıç2	8	9	9	12	11	9,8
Norduz	8	8	7	12	9	8.8
Kangal	7	7	8	11	9	8.4
Hamdani	5	7	9	7	6	6.8
Konya Merinosu	4	4	7	8	11	6.8
Türkgeldi	5	5	7	7	5	5.8
Ort./lokus	7.17	7.25	8.42	10,42	10,17	8.68

*: Akkaraman2 ve 3 örneklerinin toplamıdır.

İtalik yazılmış ırk isimleri birden fazla örnekleme toplamını temsil etmektedir.

Lokus başına düşen allel sayıları 7.17-10.42 arasında değişmektedir, en yüksek değer daha önce en yüksek sayıda allel gözlenen JMP29, en düşük değer de en az sayıda allel gözlenen MAF33 lokuslarına aittir. Her ırk için 5 lokus düşünüldüğünde gözlenen ortalama allel sayısı 5.8 (Türkgeldi) ile 11.4 (Karayaka) arasında değişmektedir. Türkgeldi, Konya Merinosu ve Hamdani ırkları dışındaki ırklarda 5 lokus için gözlenen ortalama allel sayıları 8 veya daha fazladır. Tüm ırklarda 5 lokus için gözlenen ortalama allel sayısı 8.68 olarak bulunmuştur.

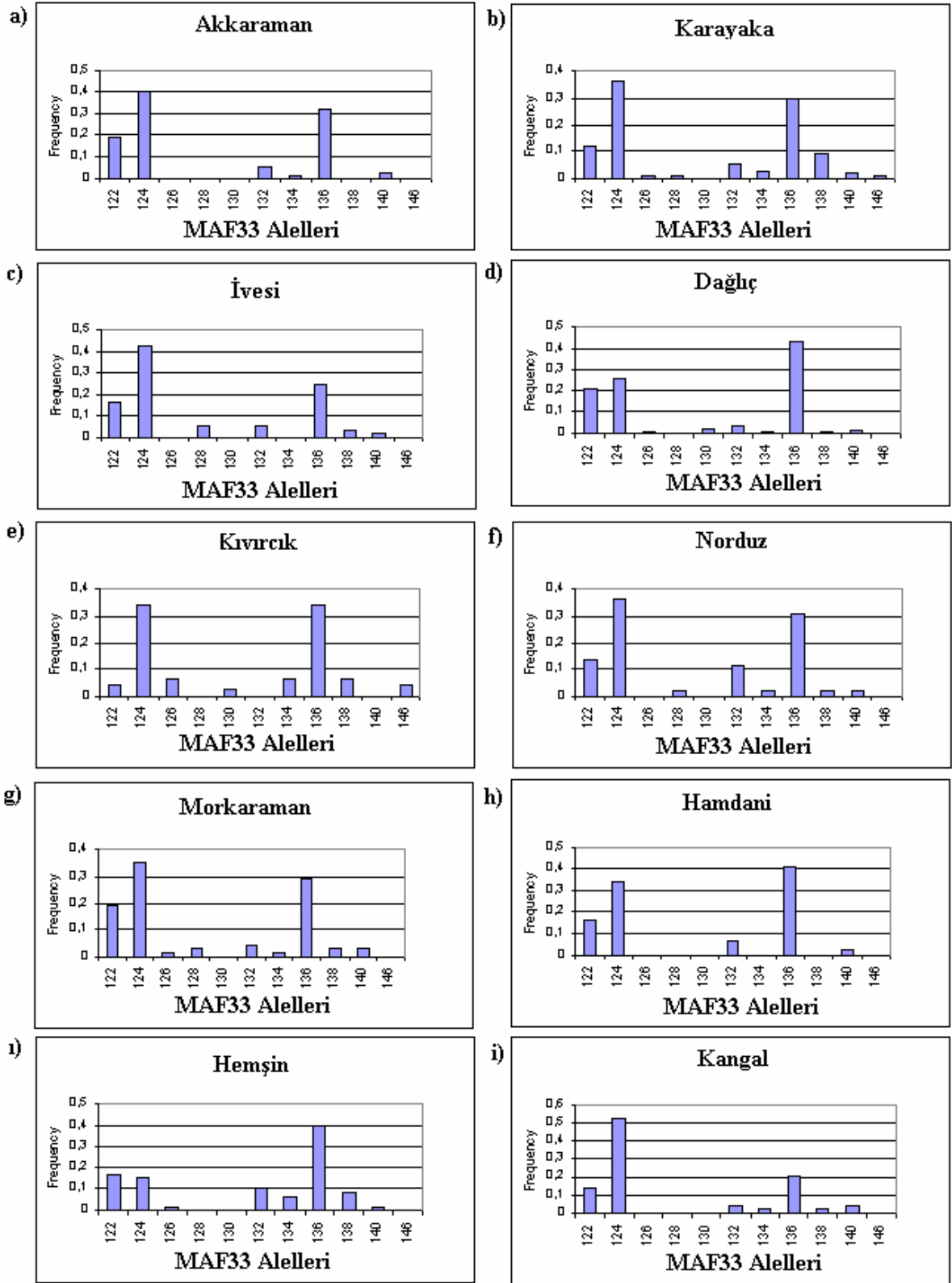
Ek 2’de sunulmuş olan her bir lokus için gözlenen allellerin frekanslarının ırklara göre dağılımları incelendiğinde, çalışılan ırkının sadece ve sadece birinde gözlenen alleller olduğu saptanmıştır. Bunlara özgün allel (private allele) denilmektedir. Özgün allellerin gözlemlendiği lokus ve ırklar Tablo II.3’te verilmiştir.

Tablo II.3: Çalışmada gözlenen özgün allellerin lokuslar ve ırklar açısından dağılımı

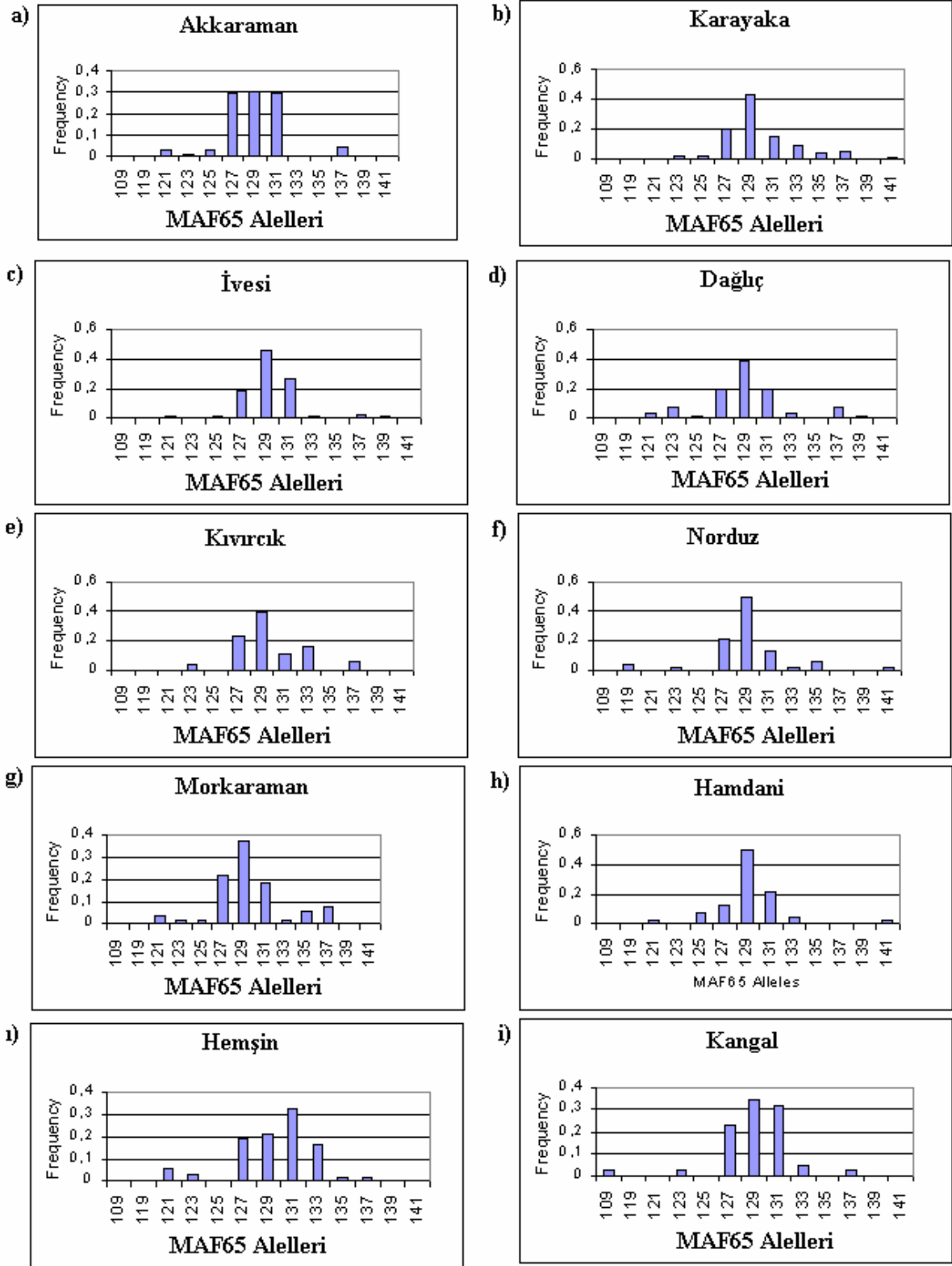
Irklar (Örnekler)	Lokuslar				Toplam
	MAF65	MAF209	JMP29	JMP58	
Kıvırcık	-	1	1	1	3
Karayaka1	-	-	2	1	4
Karayaka2	-	-	-	1	1
Akkaraman1	-	-	1	-	1
Morkaraman	-	1	-	-	1
Kangal	1	1	-	-	2
Norduz	1	-	-	-	1
Toplam	2	3	4	3	12

Bu çalışmada toplam 12 özgün allel gözlenmiştir. En fazla sayıda özgün allelin (4) yine en çok sayıda allele sahip olan JMP29 lokusunda, en az özgün allelin de (2) gözlenen allel sayısı 2. en düşük olan MAF65 lokusunda olduğu görülmüştür. En az allel sayısına sahip MAF33 lokusuna ait özgün allel bulunamamıştır. Irklardan Karayaka'nın en fazla (4) özgün allele sahip olduğu, Dağlıç, Hemşin, İvesi, Hamdani, Konya Merinosu ve Türkgeldi'nin ise hiç özgün allele sahip olmadığı gözlenmiştir. Özgün allellerin buldukları ırklar içinde görülme sıklıklarına bakıldığında Kıvırcık popülasyonunda gözlenen MAF209 lokusunun allel-110'u (frekans: 0.2727) ile JMP58 lokusunun allel-138'i (frekans: 0.4565) hariç, gözlenen özgün allellerin frekansı 0.0088 ile 0.0455 arasında değişmekte olup oldukça düşüktür.

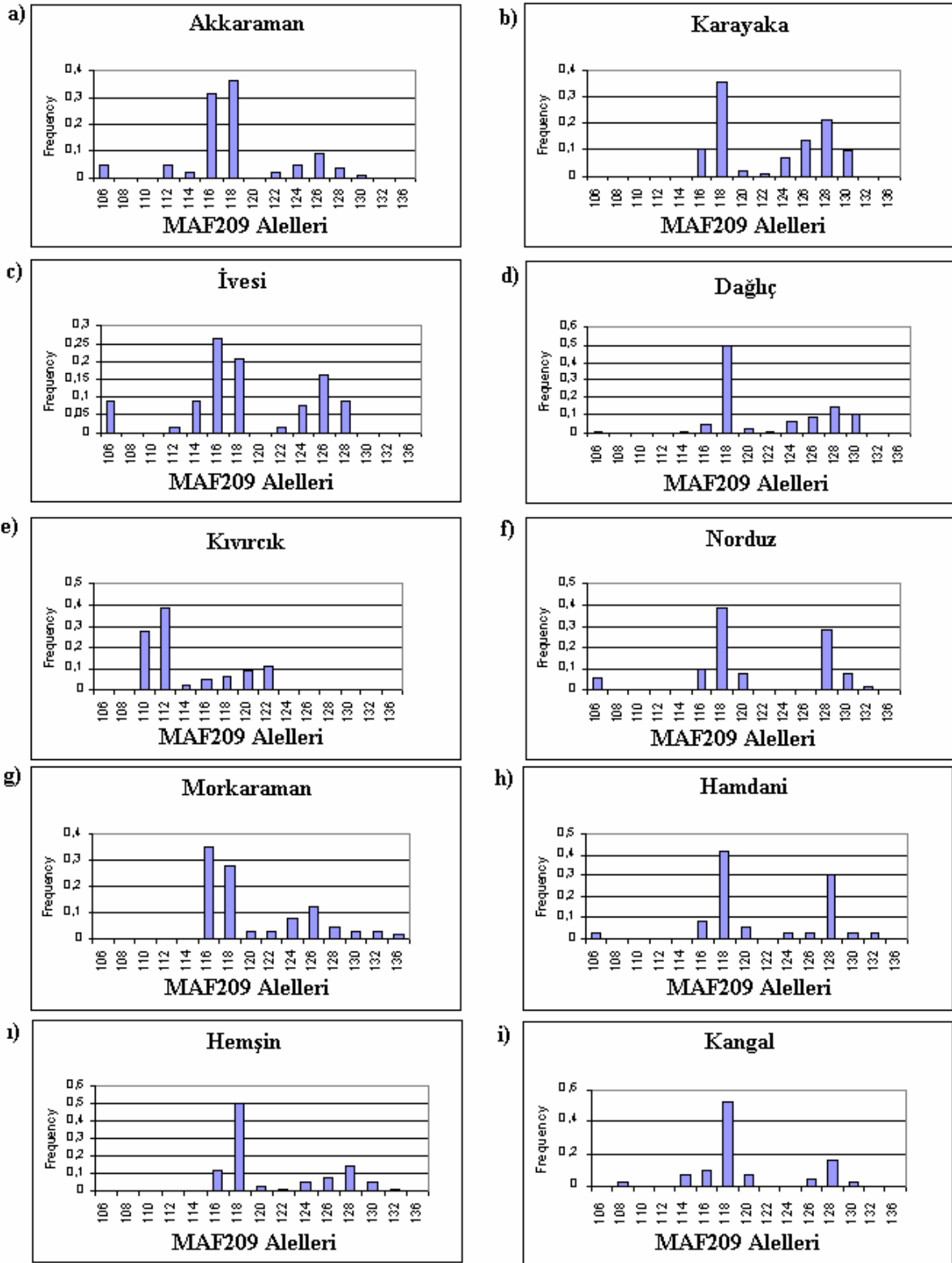
Her lokusta gözlenen allellerin sayı ve rastlanma sıklığını görsel olarak karşılaştırmak için Şekil II.1-II.5'teki histogramlar verilmiştir.



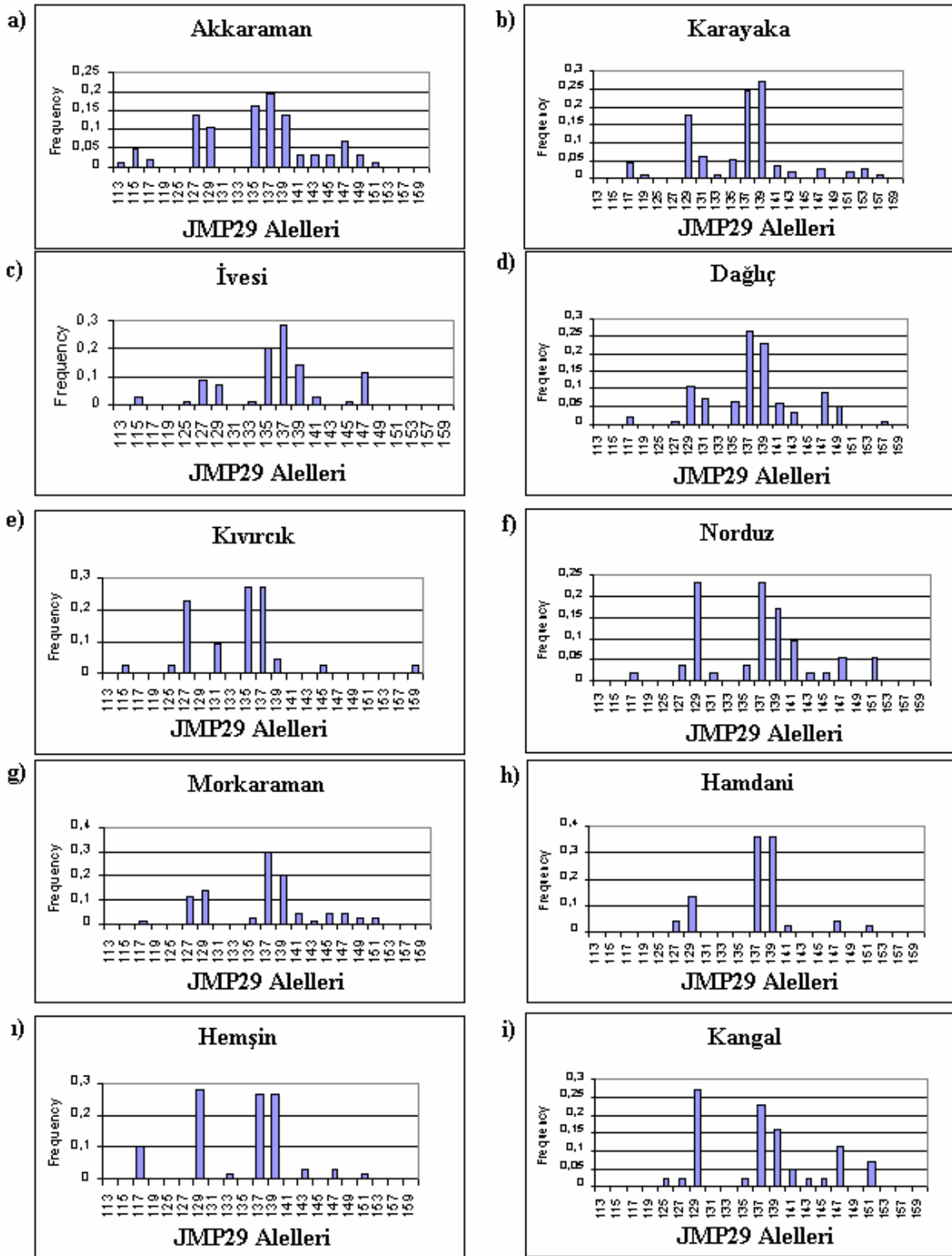
Şekil II.1. MAF33 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı



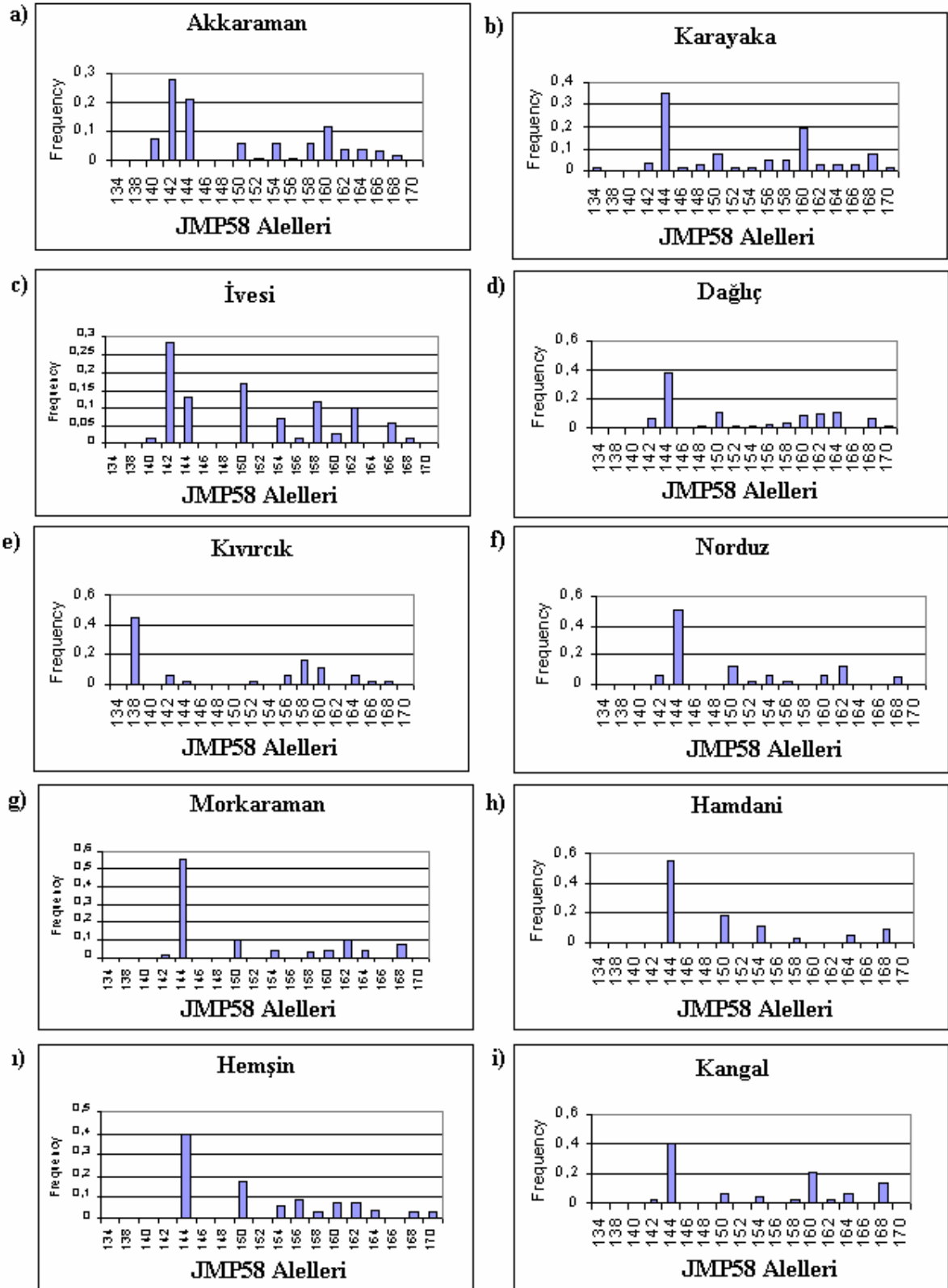
Şekil II.2. MAF65 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı



Şekil II.3. MAF209 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı



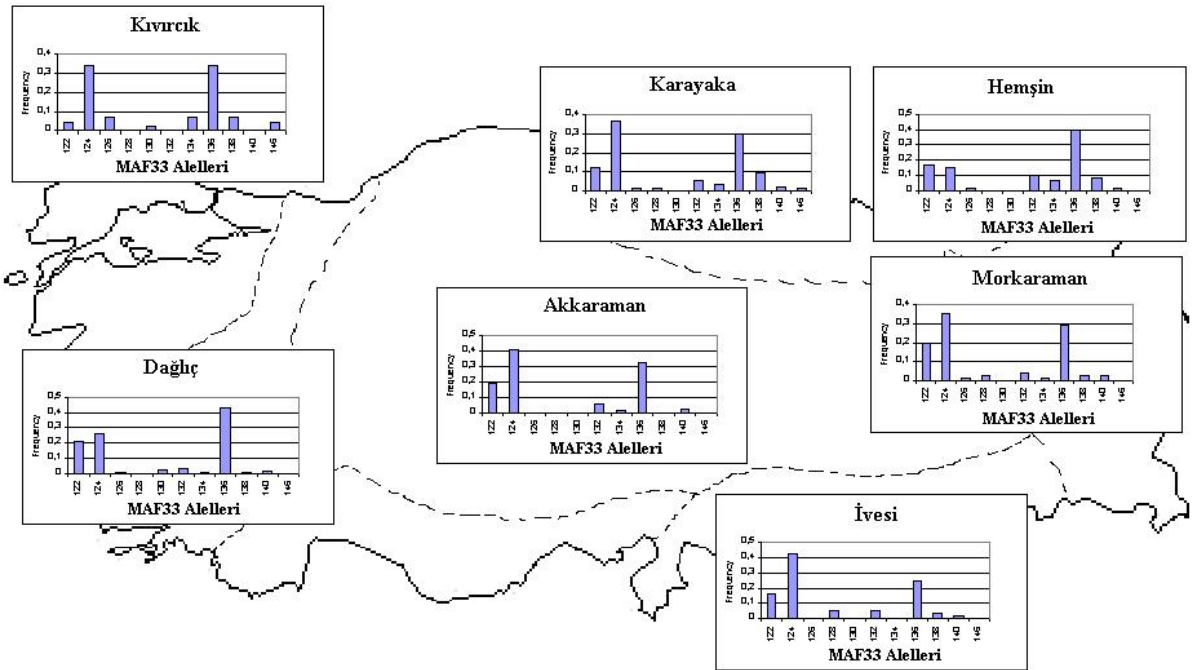
Şekil II.4. JMP29 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı



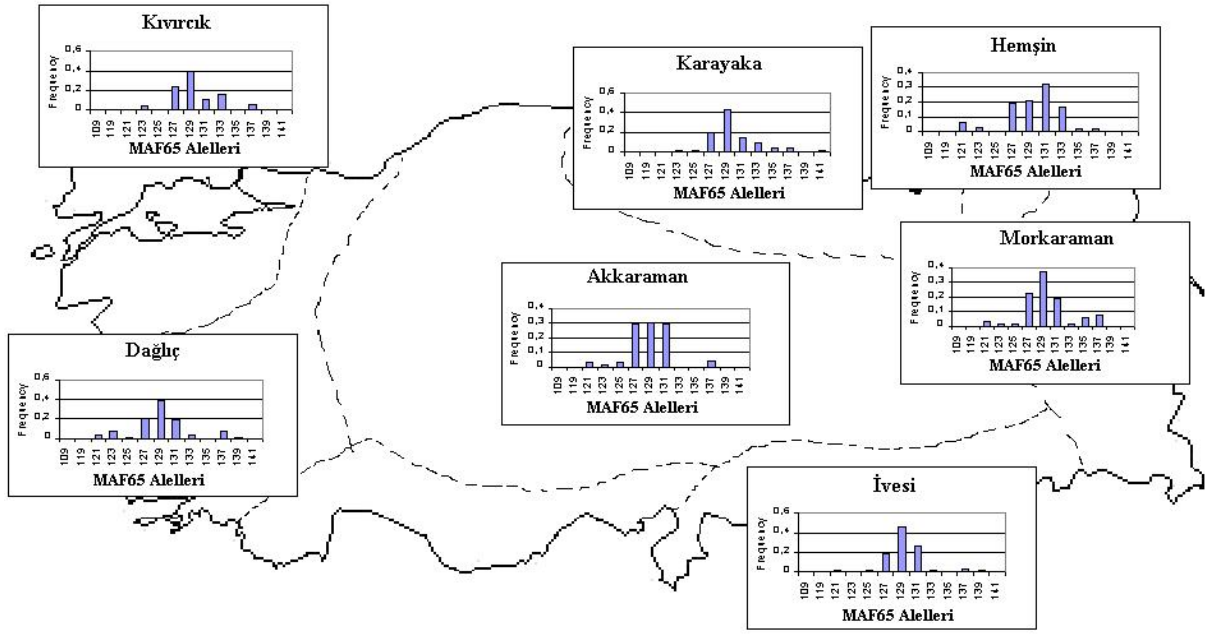
Şekil II.5. JMP58 lokusu allellerinin ırklarda görülme sıklığı

MAF33 lokusunda en sık gözlenen alleller 124 ve 136 (Şekil II.1); MAF65 lokusunda en sık gözlenen alleller 127, 129, 131 ve 133 (Şekil II.2); MAF209 lokusunda en sık gözlenen alleller genelde 116 ve 118 iken Kıvrıcık'ta en sık gözlenen alleller 110 (özgün allel) ve 112 olmak üzere farklı bir dağılım görülmektedir (Şekil II.3). JMP29 lokusu için 137, 135 ve 139 genelde yüksek sıklıkta görülen alleller olmuştur (Şekil II.4). Son olarak JMP58 için genelde 142 ve/veya 144 allelleri sık görülmüş, ancak yine Kıvrıcık ırkında bu allellere düşük sıklıkta rastlanmıştır ve bu ırka özgün allel olan 138 alleli en sık görülen allel olarak ortaya çıkmıştır (Şekil II.5).

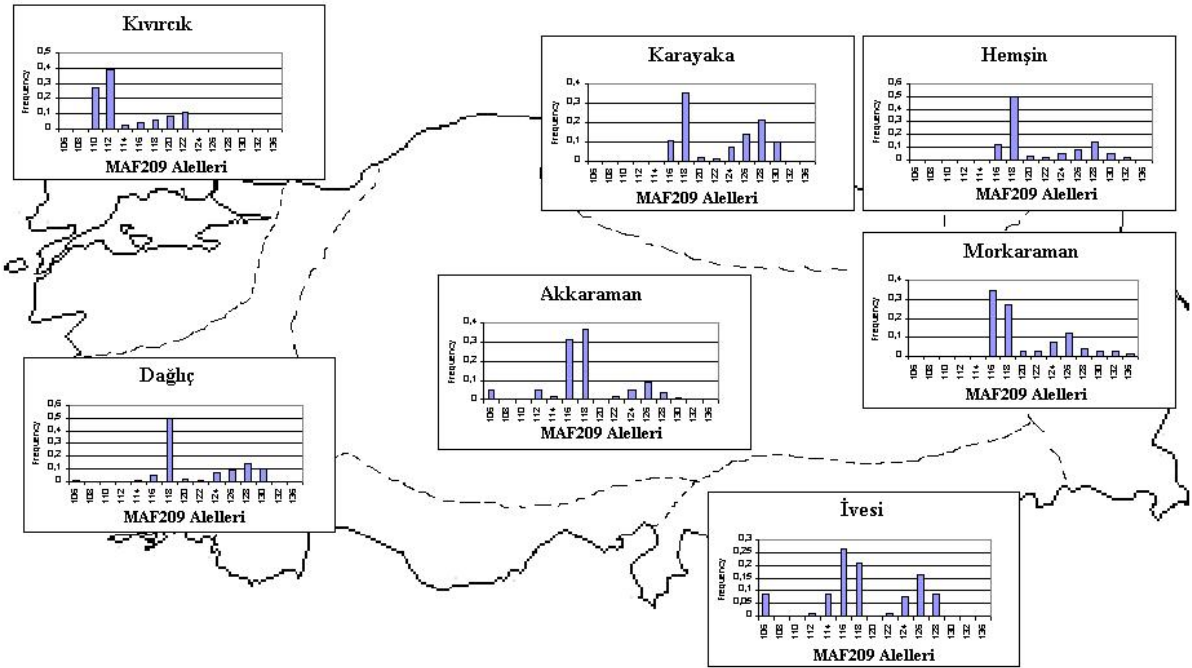
Her lokus için allel dağılımlarında Doğu-Batı, Kuzeydoğu-Güneybatı, Kuzeybatı-Güneydoğu veya yağlı kuyruk-ince kuyruk ayırımına uygun, görsel olarak saptanabilecek bir dağılım farkı olup olmadığını anlamak için Şekil II.1-II.5'teki histogramlar Şekil II.6-II.10'da Türkiye haritası üzerine yerleştirilerek incelenmiştir.



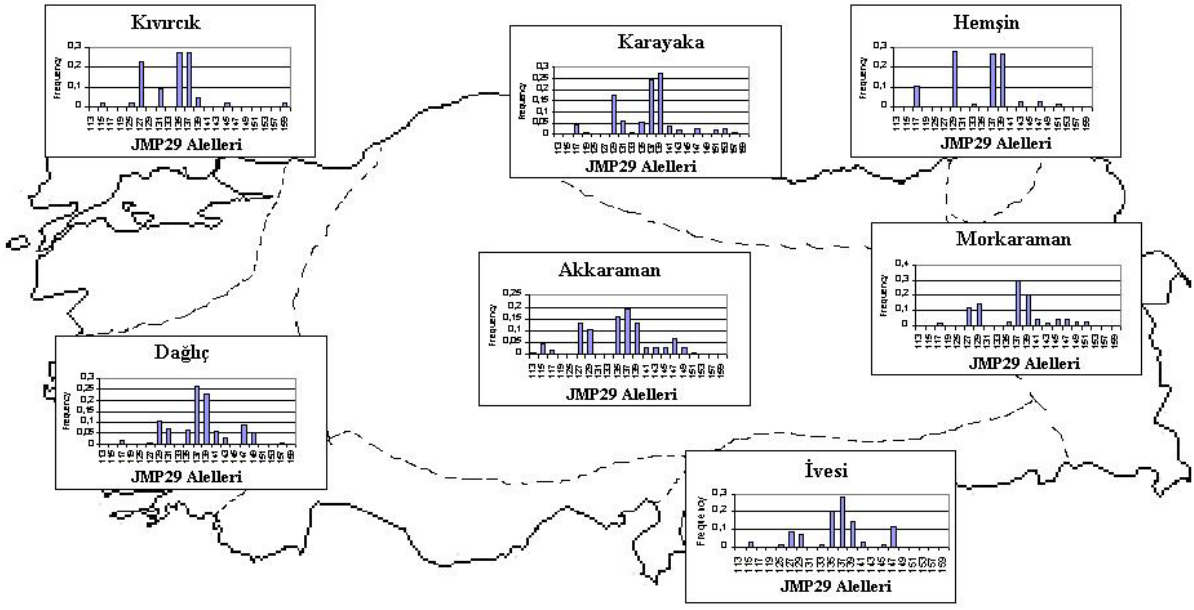
Şekil II.6. MAF33 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü



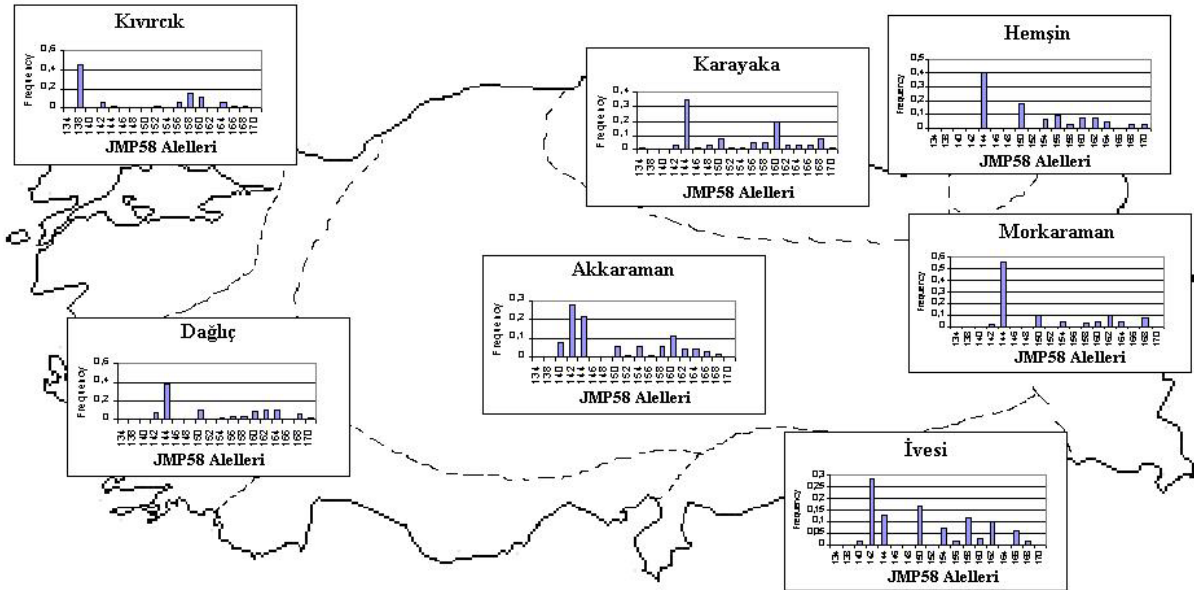
Şekil II.7. MAF65 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü



Şekil II.8. MAF209 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü



Şekil II.9. JMP29 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü



Şekil II.10. JMP58 lokusu allellerinin görülme sıklıklarının ırklarda dağılımının Türkiye haritası üzerinde görünümü

Çalışılan lokuslar için Doğu-Batı, Kuzeydoğu-Güneybatı, Kuzeybatı-Güneydoğu veya yağlı kuyruk-ince kuyruk ayrımına uygun bir dağılım farkı gözlenmemiştir.

II.2.3. Heterozigotluk Analizi Sonuçları

İrkların genetik çeşitliliğinin bir ölçütü olan heterozigotluk hesaplamalarında, lokuslara göre gözlenen heterozigotluk değerleri (H_O) ve ırklara/lokuslara göre ortalamaları Tablo II.4'te verilmiştir. En yüksek gözlenen ortalama heterozigotluk 0.756 ile 2. en fazla allel sayısına sahip Dağlıç ile Norduz'da (H_O : 0.752) tespit edilmiştir. En düşük gözlenen ortalama heterozigotluk değeri 0.667 ile Akkaraman'a ve 0.679 ile gözlenen en düşük toplam allel sayısına sahip Türkgeldi'ye aittir. Çalışılan lokuslarda saptanan ortalama heterozigotluk ele alındığında en çok sayıda allel tesbit edilen JMP29 lokusu 0.735 ile en yüksek, en az sayıda allel tesbit edilen MAF33 lokusu ise 2. en yüksek (H_O : 0.726) gözlenen ortalama heterozigotluğa sahiptir. Diğer üç lokus için tespit edilen gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri şöyledir: 0.715 (MAF 65), 0.694 (MAF209) ve 0.692 (JMP58).

Tablo II.4: Çalışmada gözlenen heterozigotluk (H_O) değerlerinin her bir lokus için ırklara dağılımı ile lokuslar ve ırklar için saptanan ortalama H_O düzeyleri.

İrklar (Örnekler)	Lokuslar					Ort./ırk
	MAF33	MAF65	MAF209	JMP29	JMP58	
Akkaraman	0.638	0.745	0.471	0.654	0.827	0.667
Akkaraman1	0.607	0.679	0.593	0.536	0.750	0.633
Akkaraman2*	0.684	0.826	0.333	0.792	0.917	0.710
İvesi	0.679	0.743	0.706	0.743	0.686	0.711
Kıvırcık	0.773	0.826	0.727	0.773	0.478	0.715
Morkaraman	0.647	0.815	0.485	0.857	0.686	0.698
Hemşin	0.767	0.735	0.548	0.677	0.735	0.692
Karayaka	0.764	0.717	0.737	0.842	0.673	0.746
Karayaka1	0.885	0.708	0.750	0.821	0.577	0.748
Karayaka2	0.655	0.724	0.724	0.862	0.759	0.745
Dağlıç	0.813	0.738	0.661	0.836	0.734	0.756
Dağlıç1	0.844	0.724	0.667	0.828	0.719	0.756
Dağlıç2	0.781	0.750	0.656	0.844	0.750	0.756
Norduz	0.769	0.615	0.808	0.808	0.760	0.752
Kangal	0.636	0.727	0.682	0.773	0.818	0.727
Hamdani	0.727	0.619	0.778	0.727	0.682	0.707
Konya Merinosu	0.621	0.542	0.857	0.593	0.880	0.698
Türkgeldi	0.875	0.762	0.870	0.542	0.348	0.679
Ort./lokus	0,726	0,715	0,694	0,735	0,692	0,712

*: Akkaraman2 ve 3 örneklerinin toplamıdır.

İtalik yazılmış ırk isimleri birden fazla örnekleme toplamını temsil etmektedir.

Gerek lokuslar gerek ırklar açısından ortalama değerlerin birbirine yakın olduğu görülmektedir. ırklar ve lokuslar açısından beklenen heterozigotluklar (H_E) ile ırklar ve lokuslar için ortalama değerleri Tablo II.5'te özetlenmiştir.

Elde edilen verilerden hesaplanan en yüksek H_E değerleri 0.793 ile İvesi ve 0.792 ile Karayaka'da tespit edilmiştir. Karayaka aynı zamanda toplamda en fazla allel gözlenmiş ırktır. Türkgeldi popülasyonu 0.686 ile en düşük beklenen heterozigotluk değerine sahiptir. Gözlenen toplam allel sayısında 2. en düşük değere sahip Hamdani popülasyonu 0.706 ile yine 2. en düşük beklenen heterozigotluk değerine sahiptir. Beklenen heterozigotluk değerleri açısından lokus ortalamalarına baktığımızda 0.820 ile en yüksek ortalamaya sahip yine JMP29 lokusudur. MAF209 lokusu 0.768 ile ikinci, JMP58 lokusu 0.758 ile üçüncü, MAF65 lokusu 0.728 ile dördüncü ve son olarak da en düşük toplam allel sayısı tesbit edilen MAF33 lokusu 0.716 ile beşincidir.

Tablo II.5: Beklenen heterozigotluk (H_E) değerlerinin her bir lokus için ırklara dağılımı ile lokuslar ve ırklar için hesaplanan ortalama H_E düzeyleri

ırklar (Örnekler)	Lokuslar					Ort./ırk
	MAF33	MAF65	MAF209	JMP29	JMP58	
Akkaraman	0.702	0.739	0.760	0.887	0.852	0.788
Akkaraman1	0.653	0.707	0.731	0.848	0.746	0.737
Akkaraman2*	0.775	0.743	0.454	0.872	0.768	0.722
Kıvırcık	0.766	0.765	0.765	0.806	0.759	0.772
İvesi	0.734	0.691	0.845	0.842	0.852	0.793
Morkaraman	0.759	0.783	0.790	0.840	0.668	0.768
Hemşin	0.781	0.797	0.715	0.781	0.796	0.774
Karayaka	0.758	0.745	0.794	0.830	0.831	0.792
Karayaka1	0.800	0.695	0.836	0.827	0.753	0.782
Karayaka2	0.693	0.787	0.756	0.833	0.862	0.786
Dağlıç	0.707	0.765	0.709	0.849	0.812	0.768
Dağlıç1	0.707	0.730	0.713	0.844	0.813	0.761
Dağlıç2	0.716	0.795	0.713	0.860	0.822	0.781
Norduz	0.753	0.695	0.759	0.860	0.722	0.758
Kangal	0.677	0.744	0.697	0.846	0.777	0.748
Hamdani	0.702	0.698	0.740	0.728	0.661	0.706
Konya Merinosu	0.555	0.659	0.849	0.804	0.862	0.746
Türkgeldi	0.702	0.656	0.800	0.774	0.500	0.686
Ort./lokus	0.716	0.728	0.768	0.821	0.757	0.758

*: Akkaraman2 ve 3 örneklerinin toplamıdır.

İtalik yazılmış ırk isimleri birden fazla örnekleme toplamını temsil etmektedir.

Bu tabloda da ortalama deęerler gerek lokuslar gerek ırklar aısından birbirlerine benzemektedir. Gzlenen ve beklenen ortalama heterozigotluk dzeyleri karşılaştırıldıęında (Tablo II.6) en yksek deęere sahip lokus JMP29'dur. Ayrıca her iki hesaplamada en dřk toplam allel sayısına sahip Trkgeldi en dřk H_O ve H_E deęerlerinden birine sahiptir. Dięer lokuslar ve ırklar iin tesbit edilen H_O ve H_E sonuları en yksekten en dřęe sıralandıęında Kıvırcık hari (her iki deęer aısından da 5. sıradadır) birbiriyle paralel deęildir.

Tablo II.6: Irklarda saptanan gzlenen (H_O) ve beklenen (H_E) heterozigotluk deęerleri

Irklar (rnekler)	Ortalama H_O	Ortalama H_E
<i>Akkaraman</i>	<i>0.667</i>	<i>0.788</i>
Akkaraman1	0.633	0.737
Akkaraman2	0.710	0.722
İvesi	0.711	0.772
Kıvırcık	0.715	0.793
Morkaraman	0.698	0.768
Hemřin	0.692	0.774
<i>Karayaka</i>	<i>0.746</i>	<i>0.792</i>
Karayaka1	0.748	0.782
Karayaka2	0.745	0.786
<i>Daęlı</i>	<i>0.756</i>	<i>0.768</i>
Daęlı1	0.756	0.761
Daęlı2	0.756	0.781
Norduz	0.752	0.758
Kangal	0.727	0.748
Hamdani	0.707	0.706
Konya Merinosu	0.698	0.746
Trkgeldi	0.679	0.686
Ort./lokus	0,712	0.758

II.2.4. Aynı Irkın Farklı rnekleri Arasındaki Genetik Farkın Dzeyi

Yeni analizlere geilmeden nce Akkraman, Daęlı ve Karayaka iin yapılan birden fazla rneklemelerde rnekler arası fark F_{st} lt ile saptanmıř farkın nemi de sınınmıřtır (Tablo II.7).

Tablo II.7. Akkraman, Dağlıç ve Karayaka örneklerinin çiftli F_{ST} leri ve istatistiksel önem dereceleri.

	AKK1	KRY1	DAĞ1	AKK2	DAĞ2	KRY2	AKK3
AKK1	-	***	***	***	***	***	***
KRY1	0.103	-	ÖD	*	ÖD	*	*
DAĞ1	0.117	0.002	-	ÖD	ÖD	**	ÖD
AKK2	0.146	0.031	0.010	-	ÖD	***	ÖD
DAĞ2	0.106	0.005	0.008	0.010	-	*	ÖD
KRY2	0.098	0.016	0.020	0.044	0.013	-	**
AKK3	0.146	0.029	0.013	0.002	0.005	0.029	-

Ö.D.: önemli değil, * $P<0.05$, ** $P<0.01$, *** $P<0.001$
İrk adı kısaltmaları Tablo I.1’de verildiği gibidir.

Akkraman1 (Çiftlik örneği) Akkaraman’ın diğer iki örneğinden $P<0.001$ düzeyinde fark gösterirken Akkaraman2 ve Akkaraman3 arasında fark olmadığı gözlemlendiğinden bundan sonraki analizlerde bu iki örnek havuzlanarak tek bir örnek olarak: Akkraman2 olarak düşünülmüştür. Karayaka1 ve Karayaka2 örnekleri arasında düşük ama anlamlı fark ($P<0.05$) gözlemlendiğinden bu örnekler de ayrı tutularak analizlerde yer almışlardır. Son olarak her iki Dağlıç örneği arasında fark gözlenmemiş olmasına rağmen bunların havuzlanması Dağlıç için örnek sayısını diğer ırklardaki sayıların iki katına çıkararak gözlem sayısının farklılığında bazı yanıltıcı sonuçlara götürebileceği endişesi ile bunlar da ayrı olarak analizlere dahil edilmişlerdir.

II.2.5. İrk içi varyasyon ve Hardy-Weinberg dengesi: F_{IS} analizi

İncelenen 5 lokus bir arada düşünüldüğünde ırkların Hardy-Weinberg (HW) dengesinde olup olmadığını F_{IS} değerleri ile gözlemek mümkündür. Hesaplanan F_{IS} değerleri ve istatistiksel açıdan anlam dereceleri Tablo II.8’de verilmiştir. Hemşin popülasyonunun F_{IS} değerinin olasılık değeri 0.05 ve Akkaraman popülasyonunun F_{IS} değerinin olasılık değeri ise 0.001 bulunmuştur. Görüldüğü gibi bu iki değer istatistiksel açıdan anlamlıdır ve HW dengesinden sapma olduğunu işaret etmektedir. Diğer popülasyonlar dengededir.

Tablo II.8: Irklara/örneklere ait F_{IS} verileri.

Population	N	F_{IS}	İstatistiksel önemlilik
<i>Akkaraman</i>	52	0.16	***
Akkaraman1	28	0.14	**
Akkaraman2*	24	0.02	ÖD
Kıvırcık	23	0.08	ÖD
İvesi	35	0.10	*
Morkaraman	35	0.09	*
Hemşin	34	0.11	*
<i>Karayaka</i>	57	0.06	ÖD
Karayaka1	28	0.04	ÖD
Karayaka2	29	0.05	ÖD
<i>Dağlıç</i>	64	0.02	ÖD
Dağlıç1	32	0.01	ÖD
Dağlıç2	32	0.03	ÖD
Norduz	26	0.01	ÖD
Kangal	22	0.03	ÖD
Hamdani	22	0.00	ÖD
Konya Merinosu	29	0.06	ÖD
Türkgeldi	24	0.01	ÖD

Ö.D.: önemli değil, *P: 0.05, **P: 0.01, ***P: 0.001

*: Akkaraman2 ve 3 örneklerinin toplamıdır.

İtalik yazılmış ırk isimleri birden fazla örnekleme toplamını temsil etmektedir.

İrk içi farklı örneklerin incelenen 5 lokus açısından Hardy-Weinberg (HW) dengesinde olup olmadığını yine F_{IS} değerleri ile gözlemek mümkündür. Akkaraman1, İvesi, Morkaraman ve Hemşin HW dengesinden sapma göstermiştir. Bu ırklardan ilk ikisi çiftlik örnekleridir, akrabalık testi ile ayıklanmalarına rağmen hala kendileşme düzeyleri yüksek olabilir. Hemşin ve Morkaraman ırklarının örnekleri ise göreceli izole birbirlerinden farklılaşmış alt grupları yansıttıklarından (Wahlund etkisi) bu sonucu veriyor olabilirler.

II.2.6. AMOVA Analizi

Genetik varyasyonun ırklar arasında ve ırkın ayrı örnekleri arasında nasıl ayrışarak dağıldığını görmek için AMOVA analizi yapılmıştır.

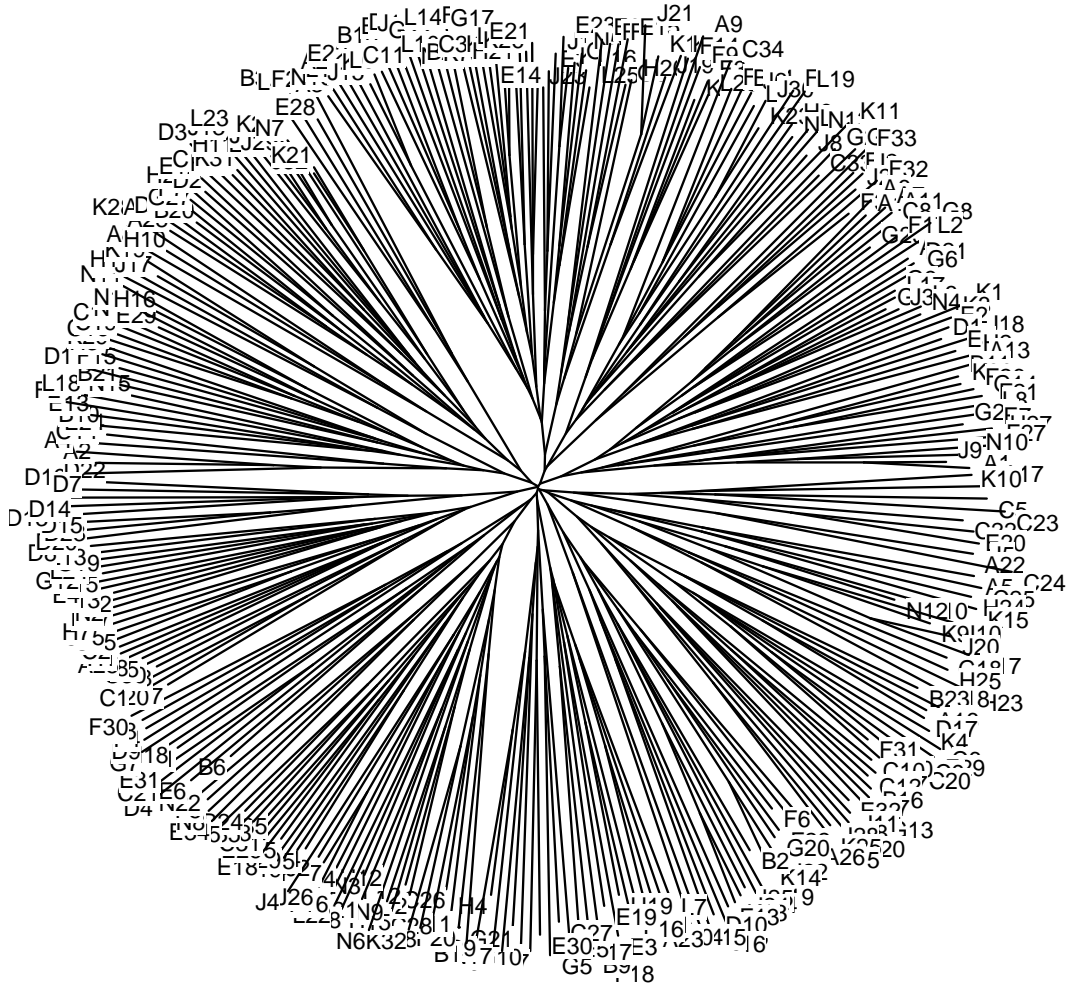
Sadece yerli ırklarımızdan birer örnek kullanılarak (Akkaraman2, Kıvırcık, Dağlıç2, Karayaka2, Hemşin, Morkaraman, İvesi ve Norduz) yapılan analizde total genetik varyasyonun % 94.58'inin ırkların örneklerinin içinde, geri kalan % 5.42 ırklar arasında olduğu gözlenmiştir. Irklar arası fark istatistiksel olarak anlamlı ($P < 0.001$) bulunmuştur. Sonuç en az bir ırkın diğerlerinden farklı olduğuna işaret etmektedir.

Bir başka analizde ise Akkaraman için 1 ve 2 örneklemleri, Dağlıç için gene iki ayrı örnek, Karayaka için iki örnek fakat Morkaraman, İvesi, Kıvırcık, Dağlıç ve Norduz tek örnekle temsil edildiğinde örnek içi varyasyon total varyasyonun % 94.22'sini, bir ırk içinde örnekler arası fark total varyasyonun % 5.03'ünü içermiştir. Irklar arasında varyasyon sadece % 0.75'e düşmüştür. Bu sonuç ırkların farklı örnekleri arasında iki ırk arasındaki kadar genetik farkın görülebileceğini, ırklar arasındaki farkın tek örnekle tanımının eksik olacağını göstermektedir.

Son olarak Yağlı kuyruklu ırklarla (Akkaraman2, Morkaraman, İvesi) ince uzun kuyruklu ırklar (Karayaka2 ve Kivircik) arasında yapılan AMOVA analizi ayrı kuyruk tipine sahip ırk grupları arasındaki farkın total varyasyonun % 0.44'ü olarak önemsiz ($P < 0.34$) bir fark olduğunu göstermiştir.

II.2.7. Bireyler Arası Allel Paylaşım Uzaklığı (Allele Sharing Distance)

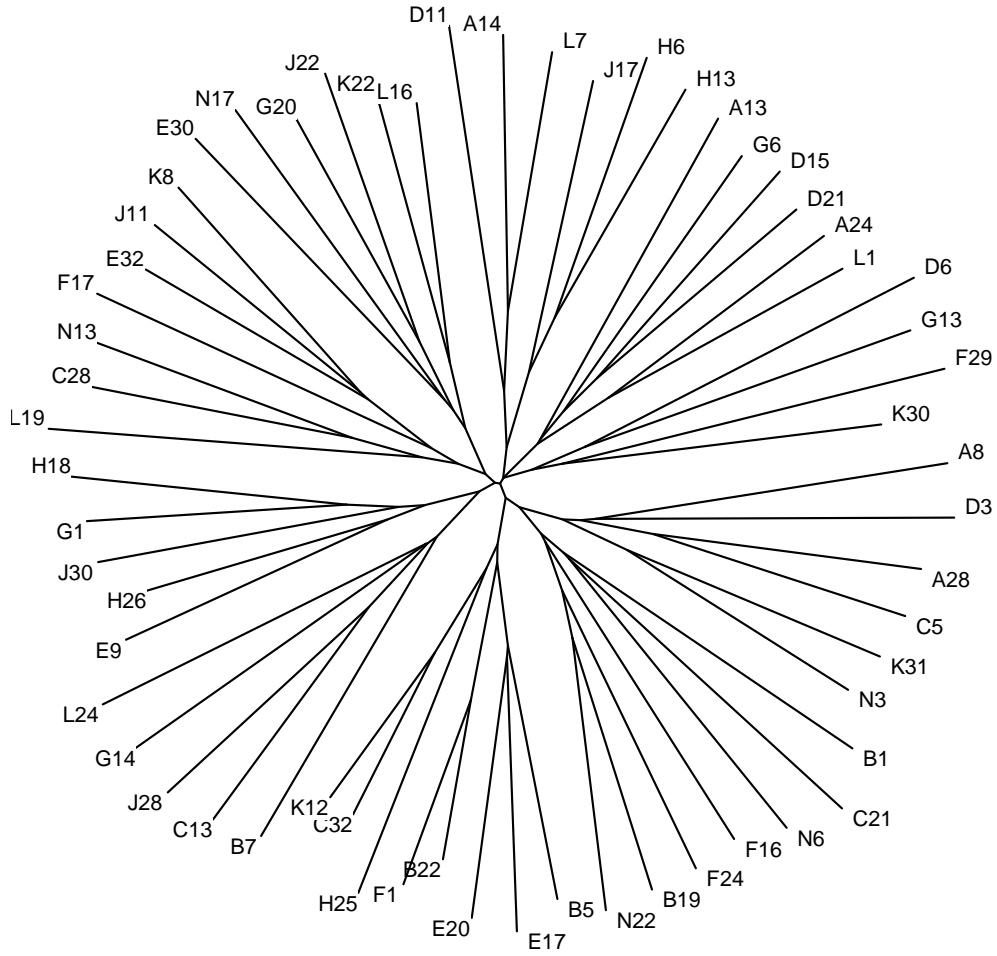
İrklara ait bireylerin genetik olarak ne derece birbirlerine benzediklerini, bazı ırklara ait bireylerin daha farklı ayrılıp ayrılmadığını araştırmak için allel paylaşım uzaklığı ölçütü olarak alınmış ve komşu birleştirme ağacı ile bireylerin ilişkileri sergilenmiştir (Şekil II.11). Şekildeki isimlerin daha anlaşılır olması için ırkların/örneklerin her biri bir harf ile temsil edilmiştir, harfler ve temsil ettikleri örnekler şöyledir: A: Akkaraman1, B: Akkaraman2, C: İvesi, D: Kıvırcık, E: Morkaraman, F: Hemşin, G: Karayaka1, H: Karayaka2, J: Dağlıç1, K: Dağlıç2, L: Norduz, N: Kangal.



0.1

Şekil II.11. Bireylerin allel paylaşım uzaklıkları kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağacı.

Bu ağaçta çözünürlük çok düşük olduğundan her ırktan rasgele seçilen 5'er bireyle işlem tekrarlanmış, yeni ağaç Şekil II.12'de verilmiştir. Gözlendiği gibi aynıırka ait bireyler bir arada öbekenmemiştir.



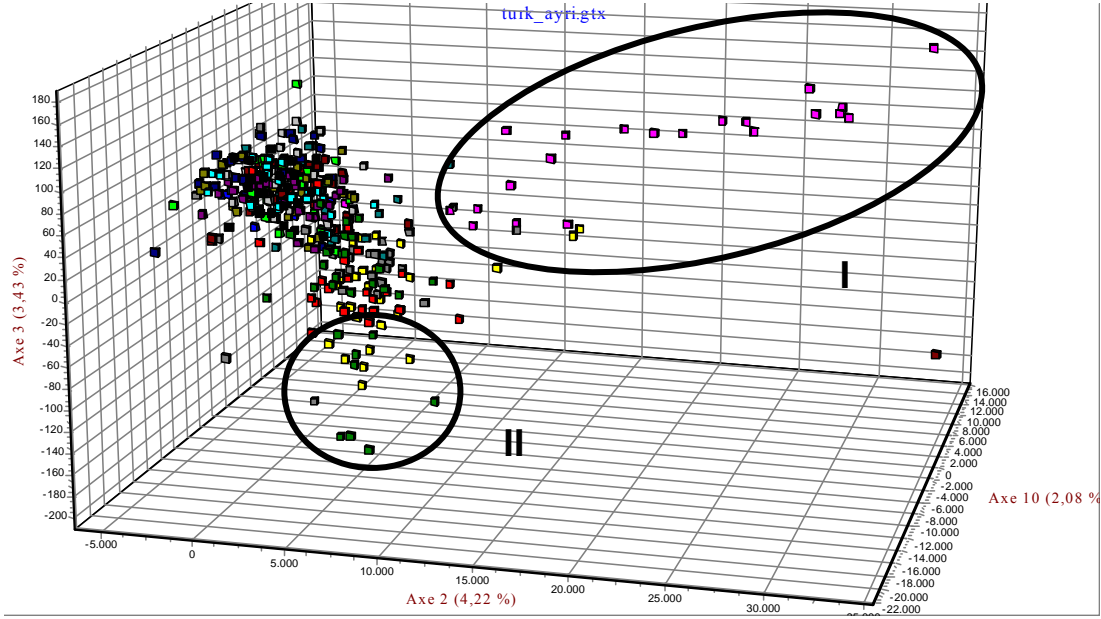
0.1

Şekil II.12. Her ırkı temsilen rasgele seçilen 5'er birey kullanılarak allel paylaşım uzaklıklarına göre çizilen komşu birleştirme ağacı.

Koyun ırklarının bireylerinde allel paylaşım uzaklıkları kullanılarak çizilen komşu birleştirme ağaçları yıldız görünümündedir. Az sayıda bireyle başlayan evcilleştirme sürecinde birden demografik genişlemenin oluşu bu görünümü yaratmaktadır. Ağaçta bir ırkın bireylerinin bir arada tutulduğu dal öbekleri gözükmemektedir. Bu şekilde görüldüğü gibi farklı ırklara ait bireyler, çoğu zaman kendi ırklarındaki bireylerden daha fazla genetik yakınlık sergilemektedirler.

II.2.8. Faktöriyel Benzerlik Analizi (Factorial Correspondance Analysis)

Verilerin birbirleriyle ilişkilerinin çeşitli bağımsız, bileşik değişken eksenleri (faktörler) açısından üç boyutlu düzlemsel ortamda görselleştirilmesi olan faktöriyel benzerlik analizinde tüm ırklar kullanılmıştır.



Şekil II.13: Tüm ırkların ve bireylerinin arasındaki ilişkiyi gösteren faktöriyel benzerlik analizi çizimi

1, 2 ve 3. eksenler toplam varyasyonun % 7.73'ünü içeren varyasyonu sergileyebilmektedir ve mikrosatelitler için bu genellikle gözlenen bir durumdur (Bryne ve ark., basımda).

Çalışılan ırklar arasında Kıvırcık (şekilde I olarak işaretlenmiş öbek) diğerlerinden ayrı olarak öbeklenmiştir. Diğer ırkların bireyleri birbirlerinden ayrılmamaktadır. Gene de II ile işaretli öbek ağırlıklı olarak Akkaraman1 ve melezi Konya Merinosu örneklerini içermektedir. Tüm bu örnekler çiftlik örnekleridir.

II.2.9. Bireylerin Populasyonlara Tayini (Assignment) Testi Sonuçları

Bireylerin populasyonlara tayini (assignment) testinde 4 farklı analiz yapılmıştır; (i) Yedi yerli ırkın bireylerinden elde edilen verilerle, Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç ırklarının farklı populasyonları tek bir grup gibi varsayılarak bir test, (ii) Yine yedi yerli ırkın

bireylerinden elde edilen verilerle, ancak bu sefer Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç ırklarının farklı populasyonları ayrı populasyonlar olarak varsayılarak ikinci bir test, (iii) Yerli ve melez toplam 12 ırkın bireylerinden elde edilen verilerle, Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç ırklarının farklı populasyonları tek bir grup gibi varsayılarak üçüncü bir test, ve (iv) Yerli ve melez toplam 12 ırkın bireylerinden elde edilen verilerle, Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç ırklarının farklı örnekleri ayrı populasyonlar olarak varsayılarak (Akk1, Akk2, Kry1, Kry2, Dağ1, Dağ2 ve bütün diğer ırklar) dördüncü test yapılmıştır. Bir ırka tayin edilmesinin kabul yada red edilmesini belirleyen α kriteri yani, olasılık (probability) değeri yükseldikçe tayin edildikleri ırk sayısı da düşmüş ve kendi ırkları dahil hiçbir ırka tayin edilemeyen birey sayısı artmıştır.

Her dört analizde de Kıvırcık populasyonunun 23 bireyinden yalnızca biri hiçbir populasyona tayin edilememiştir, ikisi Kıvırcık dahil birden fazla ırka tayin edilmiştir, diğer 20 örnek yalnızca Kıvırcık ırkına tayin edilmiştir. Daha önce, faktöriyel benzerlik analizinde de diğer ırkları temsil eden bireylerden ayrı bir grubu Kıvırcık örnekleri oluşturmuştur. Diğer yerli ve melez ırklara ait bireyler kendi ırkları dahil belli bir kalıp göstermeden diğer hemen hemen bütün ırklara tayin edilmişlerdir.

Akkaraman ırkının üç populasyonundan birincisinin bireylerinden bir tanesi hariç diğerleri Akkaraman2 ve 3. populasyonlarına tayin edilmemekle beraber diğer ırklara tayin edilmiştir. Ancak Akkaraman2 ve Akkaraman3 populasyonlarından olan örneklerin her biri tayin edildikleri diğer ırklarla beraber mutlaka hem Akkaraman2 hem de Akkaraman3 populasyonlarına tayin edilmiştir.

Çalışılan 5 lokus açısından Kıvırcık ırkı hariç bireylerin sadece kendi ırklarına tayin edilmeleri mümkün olmamıştır.

II.2.10. Genetik Uzaklık Ağacı

Elde edilen allelik verilerden, ırkların birbirlerine olan genetik uzaklıkları D_A ölçütü cinsinden hesaplanarak Tablo II.9'da verilmiştir. Buna göre en yüksek değer, çalışılan ırklar içinde coğrafi olarak birbirlerine en uzak iki ırk olan Kıvırcık ve Hamdani arasında (0.448), en düşük değer ise 0.041 olarak iki Dağlıç populasyonu arasındadır. Ondan sonra gelen en küçük yakınlık da Akkaraman2 ile onun varyetesi olduğu bilinen (Akçapınar, 2000) Kangal arasında gözlenmiştir.

Bu hesaplanan D_A genetik uzaklıkları kullanılarak komşu birleştirme ağacı (NJ: neighbor joining) çizilmiştir ve Şekil II.14'te sunulmuştur. Çizilen bu ağacın güvenilirliğini

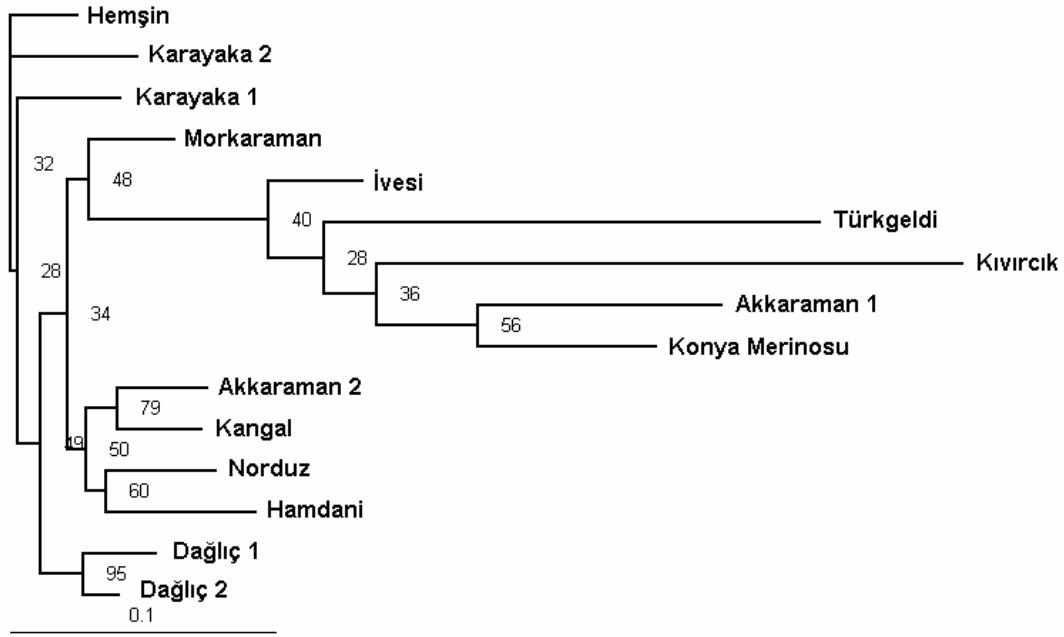
ölçmek için yapılan “bootstrap” testinin sonucu, diğer bir anlatımla ağacın çizim işlemi bin kere tekrarlandığında yüzde kaçının aynı gruplanmayı verdiği ağacın üstündeki dallanma noktalarında belirtilmiştir. Tekrar oranı genel olarak % 50'nin altındadır. Yine de mevcut verilerden elde edilen bu ağaçta aralarında istatistiksel olarak anlamlı fark olmayan iki Dağlıç örneği % 95 sıklıkla sonra İç Anadolu örneklerinde Akkaraman2 ve Kangal % 79 sıklıkla, daha sonra da Güneydoğu Anadolu ırklarından Norduz ve Hamdani % 60 sıklıkla gruplanmıştır. Bu ağaçta Kıvırcık, İvesi, Türkgeldi, Konya Merinosu ve Akkaraman1 hepsi çiftlik örnekleri olan bu gruplar ayrı bir öbek oluşturmuştur. Bu örneklere ait derin dallar bunların diğerlerinden genetik olarak göreceli olarak daha fazla farklılaştığını en büyük farklılığın da Kıvırcık'ta olduğunu göstermektedir. Bu sonuçlar faktöriyel benzerlik analizinde de gözlenmişti. Ancak bu grupta da atalar ve melezlerin (Kıvırcık-Türkgeldi, Akkaraman1-Konya Merinosu) bir arada gözlenmesi kullanılan mikrosatelitlerin benzerliği doğru yakalamış olabileceğine işaret etmektedir. Son olarak, kuzey ırkları, Hemşin, Karayaka1, Karayaka2 % 32'lik bir tekrar oranı ile bir grup oluşturmaktadırlar.

Tablo II.9: Irkların ve bir ırkın farklı örneklerinin birbirlerine olan D_A genetik uzaklıkları:

	Akk1	Akk2	İve	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Krya2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
Akkaraman1	*														
Akkaraman2	0,297	*													
İvesi	0,112	0,146	*												
Kıvırcık	0,304	0,404	0,330	*											
Türkgeldi	0,296	0,343	0,248	0,415	*										
Konya Merinosu	0,158	0,262	0,174	0,368	0,366	*									
Morkaraman	0,255	0,075	0,126	0,366	0,323	0,231	*								
Hemşin	0,376	0,115	0,209	0,419	0,375	0,328	0,098	*							
Karayaka1	0,311	0,130	0,165	0,344	0,314	0,250	0,094	0,093	*						
Karayaka2	0,310	0,143	0,177	0,384	0,318	0,287	0,128	0,098	0,088	*					
Dağlıç1	0,309	0,081	0,171	0,365	0,342	0,263	0,097	0,107	0,085	0,099	*				
Dağlıç2	0,287	0,079	0,142	0,354	0,282	0,234	0,091	0,090	0,081	0,090	0,041	*			
Norduz	0,340	0,098	0,169	0,411	0,352	0,269	0,100	0,122	0,116	0,108	0,118	0,106	*		
Hamdani	0,368	0,108	0,184	0,448	0,374	0,262	0,103	0,115	0,129	0,160	0,132	0,114	0,098	*	
Kangal	0,318	0,065	0,160	0,371	0,329	0,271	0,095	0,113	0,116	0,110	0,113	0,089	0,090	0,106	*

Not: Minimum ve maksimum D_A değerleri koyu renkle gösterilmiştir.

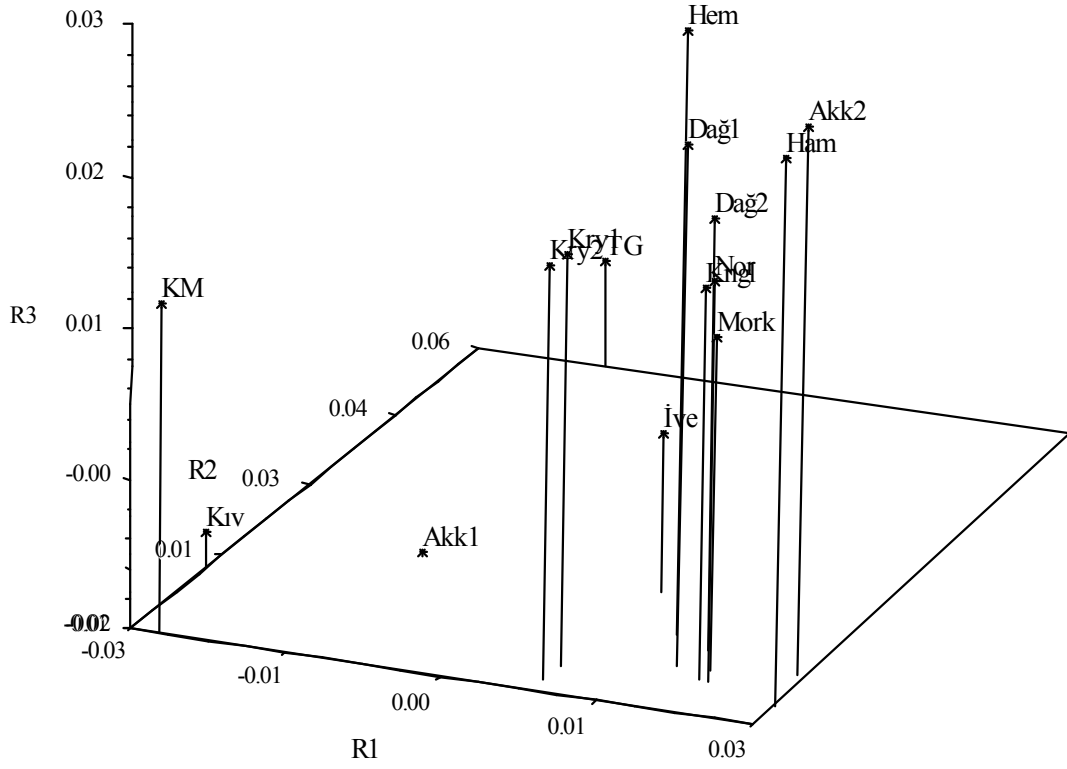
İrk isimlerinin kısaltmaları Tablo I.1’de verildiği gibidir.



Şekil II.14: Tüm ırklar ve örnekleri için D_A genetik uzaklığı kullanılarak komşu birleştirme metodu ile çizilen filogenetik ilişki ağacı.

II.2.11. Temel Öğeler (Principal Component, PC) Analizi Sonuçları

İncelenen ırklarda bulunan genetik çeşitliliğin % 62.31'i temel öğeler analizinin ilk üç eksenini tarafından açıklanmaktadır. Irkların içerdikleri genetik çeşitlilik açısından 3 boyutlu düzlemdeki konumları Şekil II.15'te verilmiştir.

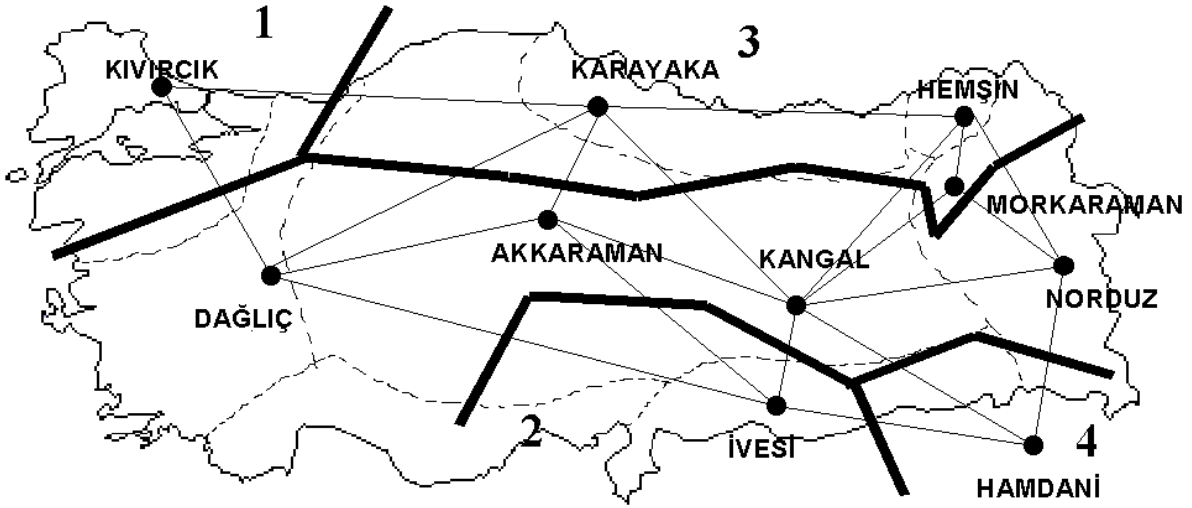


Şekil II.15: Üç boyutlu düzlemde Türk ırklarının ve örneklerinin konumu.

Temel öğeler analizi bir kez daha Devlet ve üniversite çiftliklerinden olan örneklerin (Konya Merinosu (KM), Kıvırcık, Akkaraman1, Türkgeldi ve İvesi) farklı konumlarını, diğer örneklerin ise bir arada oluşlarını ortaya çıkarmıştır.

II.2.12. D_A Genetik Uzaklığı ile Delaunay Ağı Analizi

Her ırk için yayılım ve örnekleme alanlarına göre belirlenen merkezi noktalar arasında oluşturulan fiziksel uzaklıklar ile ırklar arası hesaplanan D_A genetik uzaklıklarının kullanılması ile yapılan Delunay ağı analizinde (Şekil II.16) diğer ırklardan ilk ayrılan Kıvırcık'tır. İkinci olarak İvesi, üçüncü olarak Morkaraman, Hemşin ile Karayaka ve son olarak da Hamdani diğerlerinden ayrılmıştır.



Şekil II.16. 8 yerli (Akkaraman, İvesi, Kıvırcık, Dağlıç, Karayaka, Morkaraman, Hemşin, Norduz, Kangal) ve bir yabancı (Hamdani) koyun ırkı için uygulanan Delaunay ağı analizi sonucunda ortaya çıkan genetik bariyerler.

Belirtilen sıra genetik bariyerin önem derecesini de göstermektedir. İstatistiksel olarak önemli anlamına gelmemektedir. Sadece ırkların frekanslarla tek bir değer olarak temsil edildiği durumda genetik farklılıkların nerelerde yoğunlaştığına işaret etmektedir. Kıvırcık ve İvesi çiftlik örnekleridir. Ancak, Kıvırcık için görülen farkın sadece çiftlik örneği olmaktan kaynaklanmış olmayabileceği, bir coğrafi bariyerin (boğazlar) de bu genetik farklılaşmaya katkıda bulunmuş olabileceğine işaret etmektedir. Bu birinci derecedeki bariyerin daha önce Türkiye'de protein polimorfizmi ve kan grupları ile yapılan çalışmada (Ergüven, 1997) da gözlenmesi bu konuyu desteklemektedir. Aynı çalışmada, Karadeniz Bölgesi'nin Karadeniz'e paralel uzanan dağlarla ayrılması ve İç Anadolu'da koyunlar için ortaya çıkan koridor yine gözlenmiştir. Hamdani'nin köken olarak yurt dışından gelmiş olması, onun 4. derece genetik bariyer ile ayrılmasını sağlamış olabilir.

II.2.13. Mantel Testi

Öncelikle 8 yerli ırk için (Akkaraman, İvesi, Kıvırcık, Dağlıç, Karayaka, Morkaraman, Hemşin, Norduz) her ırkın yayılım alanı ve örnekleme yapılan yerler dikkate alınarak harita üzerinde belirlenen, ırkları temsil eden merkezi noktalar arasındaki uzaklıklar ölçülmüş ve bir uzaklık matrisi oluşturulmuştur. Daha sonra bu fiziki uzaklık matrisi ile D_A genetik uzaklık matrisi arasında bir ilişki olup olmadığı Mantel testi ile test edilmiştir.

İki matris arasında gözlenen korelasyonun gözlenme olasılığı 0.094'tür. İstatistiksel olarak anlamlı olabilmesi ve mevcut bir ilişkiyi işaret etmesi için olasılığın 0.05'ten küçük olması gerekmektedir. Yani bulunan sonuç istatistiksel olarak anlamlı değildir ve fiziki mesafe ile D_A genetik uzaklıkları arasında bir ilişki yoktur.

III.2.14. Darboğaz (Bottleneck) Analizi

Çalışılan ırkların herbirinin yakın zamanda dar boğazdan geçip geçmediği test edilmiştir. Tüm olasılıklar 0.4'ten büyük olduğundan her ırk için başlangıç hipotezi olan "Populasyonlar göç ve rastlantısal genetik salınım dengesindedirler." hipotezi reddedilememiştir.

III.2.15. Örnekleme Esnasında Yapılan Önemli Saha Gözlemleri

İrkların günümüz yayılım alanlarının, Akçapınar (2000)'in kitabında belirtilen doğal yayılım alanı dışında da bulunduğu görülmüştür. Iğdır ve Kars'ta Akkaraman, Denizli'de İvesi çok sayıda bulunmaktadır. Örnekleme amacıyla gidilen Doğu Beyazıt'ta, Diyadin'de, Iğdır'da, Kars'da Morkaraman ile Akkaraman görünümü bireylerin sürü içinde karışık olarak ve melez yavruları ile beraber bulunduğu gözlenmiştir.

Pazar ekonomisi kuralları doğrultusunda yetiştirici, yurt dışında Akkaraman talep gördüğü için Doğu'da Akkaraman yetiştiriciliğine; iç pazarda ise yağsız kuyruk talep gördüğü için Batı Anadolu'da Dağlıç'ı Sakız koçları ile hibritleştirmeye yönelmiştir.

Tuj için Kars ve civarında yapılan araştırmada yetiştiricilerin elinde artık hiç olmadığı sonucuna varılmıştır. İrkların korunması için yapılacak çalışmalarda bu gözlemler değerlendirilmelidir.

II.3. Literatür ile Karşılaştırma ve Tartışma

Tartışmanın ilk kısmında sadece sunulan çalışmanın sonuçları değerlendirilecek, ikinci kısımda ise bazı Avrupa koyun ırkları ve Awassi (Türkiye'deki ismi İvesi) ırkı için yapılmış (Bryne ve ark., basımda) çalışmalar sunulan çalışma ile bütünleştirilerek tartışılacaktır.

II.3.1 Sunulan Çalışmanın Bulgularının Tartışılması

a) Allel dağılımları, bireylerin örtüşmesi ve koruma açısından çıkarımlar

Sığırdaki Zebu'ya özgü mikrosatelit allellerinin Belucistan'da sadece Zebu'da gözlenmesi buna karşılık Ortadoğu ve Anadolu'ya azalarak geçişli bir biçimde yayılması ve Anadolu'dan sonra Avrupa'da görülmemesi (MacHugh ve ark., 1997; Loftus ve ark., 1999) Zebu sığırlarının Tourine sığırlarına karıştığını, katılanların Doğu'dan geldiğini ve karışımın yer yer % 15 den fazla olduğunu göstermiştir. Sunulan çalışmada da Doğu ırklarında var olan Batı'ya geldikçe kaybolan veya frekansı geçişli olarak azalan bazı allel frekansları benzer bir karışmayı ortaya çıkarabilirdi. Ancak bu yönde bir veri, dağılımı çalışılan 5 lokus için gözlenmemiştir. Bir nedeni sığırdaki çalışmada 20 mikrosatelit lokusunda 6 tanesinde gözlenen bu durumun çalışmamızda göreceli olarak az olan 5 lokusta rastlantısal olarak gözlenmemesidir.

Zebu'nun görünümünün (kamburu var) de Tourinler'den farklı olduğu hatırlanırsa ve koyunlar arasında yağlı/yağsız kuyruk ayırımından başka çok belirgin iki veya üç morfolojik grubun olmadığı göz önüne alınırsa koyunların evcilleştirmesinde ilk ana grupların daha birbirine benzer (coğrafi olarak da yakın) olduğu onun için böyle bir göçün izlerinin en azından mikrosatelitlerle gözlenemediği düşünülebilir. Gerçekten de *Ovis gmelinin* tüm evcil ırkların atası olduğu tahmin edildiğinden (Hiendleder ve ark., 1998; Townsend 2000; Hiendleder ve ark., 2002; Bruford ve Townsend, 2004) ve yabancı bireylerinin İç Anadolu – İran'ın Güneybatısı'nda bulunuyor olması da bu yakınlığı destekliyor olabilir. Ancak, bu yabancı alan dağılımının yakınından alınan az sayıdaki evcil örnekte yapılan mtDNA çalışmalarının sonuçları 3 mtDNA grubu (lineage) olduğunu ve bunlardan ilkinin: A'nın ağırlıklı olarak Batı Anadolu'da ve tüm Avrupa'da, üçüncüsünün: C'nin Güneydoğu Anadolu'da, her üçünün: A, B, C'nin de Doğu Anadolu'da olduğunu göstermektedir (Bruford ve Townsend, 2004). Neden bu mtDNA bulgularına uygun mikrosatelit dağılım farkları gözlenemedi? Belki de ilk evcilleştirilen gruplar göç aldı fakat bu göçler temelde koçlar vasıtası ile yapıldı, bugün tüm Anadolu bu koçların katılımı ile mikrosatelitler açısından daha homojen gruplar olarak görülmektedir. Bu son arguman gene sığırdaki daha önce gözlenen Doğu Afrika sığırlarında, görünümün ve mikrosatelitlerin Zebu, fakat mtDNA'nın Tourin olarak görülmesine (McHugh ve ark., 1997) paralel bir olası açıklamadır.

Son olarak modern zamanlardaki ırklar arasında nüfus artışına bağlı olarak yerleşim alanlarının yakınlaşması özellikle koçların farklı ırktaki sürülere katılması böylece ırkların melezlenmesi, ayrıca bunu engelliyen hiç bir kuralın bulunmaması da yerli ırkların mikrosatelit bakımından benzeşmesine sebep olmuş olabilir.

Yukardaki tarişmanın sonuçları koruma altına alınacak ırkların veya gruplarının seçilmesinde önemlidir. Korumaya alınacak ırkın veya ırk içi grupların genetik tanımı olması bireylerin seçiminde ve birimin sürdürülmesinde önemlidir. Önce AMOVA analizlerinde ırklar arası farkın toplam genetik varyasyonun sadece % 5'i civarında olması, sonra faktoriyel benzerlik analizinde, allel paylaşım ağacında, bireylerin populasyona tayini testinde; ırkların bireylerinin, nötral alleller açısından, genotiplerinin çok örtüşmesi (bazı ırkların veya örneklerinin dışında) özgün sayılabilecek birimlerin olmadığına/ayrıştırılan olduğuna işaret etmektedir. Ancak, göreceli olarak daha farklı görünen ırk ve örneklerle ilgili yorumlar ve ırkların örtüşmesinin genelliği konusu ilerde tartışılacaktır.

b) Genetik olarak farklı görünen ırk örnekleri

Önce, iki özgün allelin göreceli olarak da yüksek frekansla (JMP58, MAF 209) Kıvırcık'ta görülmesi onun genetik olarak diğer ırklardan farklı olduğuna işaret etmiştir. Daha sonraki analizlerde: faktöriyel benzerlik analizi, allel paylaşım uzaklıkları ağacı, bireylerin populasyona tayini testi, D_A uzaklıkları tablosundaki farklı değerleri, D_A 'ya bağlı ağaçta sahip olduğu uzun dal boyu, Delouney ağı analizinde bulunan birinci derecede önemli genetik bariyerin Kıvırcık yayılımı etrafından geçmesi Kıvırcık'ın ırk olarak farklı olduğunu göstermiştir.

Ancak, Kıvırcık kadar farklı görülme de Akkaraman1'in de farklı olması, ve bu örneğin dağılım alanlarındaki sürülerden toplanan iki ayrı Akkaraman örneği arasında fark olmamasına rağmen Akkaraman1'in onlardan farklı olması, çiftlik populasyonları üzerine başka bir bakış açısı ile yoğunlaşılması gerektiğini göstermiştir. Gerçekten Konya Merinosu, İvesi, Türkgeldi de Kıvırcık ve Akkaraman1 gibi çiftlik örnekleridir ve diğer ırk ve örneklerinden biraz da olsa faktöriyel benzerlik analizinde ve ırklar olarak temel öğeler analizi sonuçlarında görüldüğü gibi ayrılmaktadırlar. Bu sonuçlar çiftlik örneklerinin ırkın geniş alanlara yayılan gen havuzunun temsilcisi olmadığını göstermektedir. Bu durumun bir açıklaması şöyle olabilir: Çiftlikte korunanlar, başlangıç sayısının küçüklüğü, izole oluşları ile gen havuzunun küçük bir bölümüne ait bilgilerle başlamakta, ayrıca sahip

oldukları küçük effektiv popülasyon sayıları nedeni ile rastlantısal genetik sürüklenmeyle de ayrıca başladıkları genetik kompozisyondan ayrılmaktadırlar.

Bu nedenlerle, çiftliklerde effektiv popülasyon sayıları mümkün olduğunca yüksek tutulmalı, bir ırk birden fazla çiftlikte korunmalı ve ayrı çiftlikteki ırk örnekleri yöreye özgü ayrı adaptiviteye sahip değilse çiftlikler arasında birey alış verişi yapılmalıdır.

Gene de Kıvırcık ırkının diğer bütün ırklardan farklı gen havuzu göstermesi biraz da Türkiye insan gen dağılımında da görüldüğü gibi (Ergüven, 1997) boğazların bir coğrafi izolasyon yaratarak genetik izolasyona ve farklılaşmaya sebep olması ile de açıklanabilir. Bir sonraki çalışmada sunulan çalışmada, doğal yayılım alanından toplanmış örneklerle temsil edilmeyen Kıvırcık ve İvesi ırklarının bu örnekleri de toplanmalı ve çalışılmalıdır.

c) Benzeyen ırklar

D_A ağacı (bootstrap değerleri düşük olduğu için sonuçlar ihtiyatla kabul edilmelidir) ve o ağaca temel olan tablo verileri; Morkaraman, İvesi ve Kıvırcık ırklarını aynı gruba toplamaktadır. Hamdani-Norduz de ayrı bir grupta bulunmaktadır. Bu iki Güneydoğu ırkının İvesi ile de benzemesi beklenirdi. Benzemezlik, İvesi'nin çiftlik örneği olmasından kaynaklanıyor olabilir. Dağlıç da hepsine ve özellikle Karayaka, Hemşin'e yakın görünmektedir. Dağlıç belki de her ırka katkıda bulunmuş bir ata ırktır. Ya da her ırkın katılımı olduğundan hepsine benzemektedir. İlkinin geçerli olduğu durumda korunmada öncelik alabilir. Karayaka ile Dağlıç'ın benzerliğine bir başka sebep de Karayaka'nın dağılım alanında Dağlıç'ın hibriti olan Herik'in de bulunmasıdır (Akçapınar, 2000). Ancak her iki Karayaka örneklemede lokal veterinerler grupta yer almış ve Karayaka görünümlü örnekler toplanmıştır. Gene de Karayaka'nın Dağlıç'a olan benzerliğinde Herik karışmasının rol almış olabileceği hatırlanmalıdır.

Son olarak Akkarman² ve varyetesi Kangal'ın bir grup oluşturması sonuçların güvenilirliğini arttırmaktadır.

II.3.2. Sonuçların Literatür Sonuçları ile Bütünleştirilmesi ve Tartışılması

Daha önce koyunda tamamlanmış bir çalışmada (Bryne ve ark, basımda) kullanılan 20 mikrosatelitten 4 tanesi sunulan çalışmadaki 4 lokusla çakışmaktadır. Öncelikle bu iki çalışmanın sonuçları beraberce ele alınmıştır sonuçlar yorumlanmıştır.

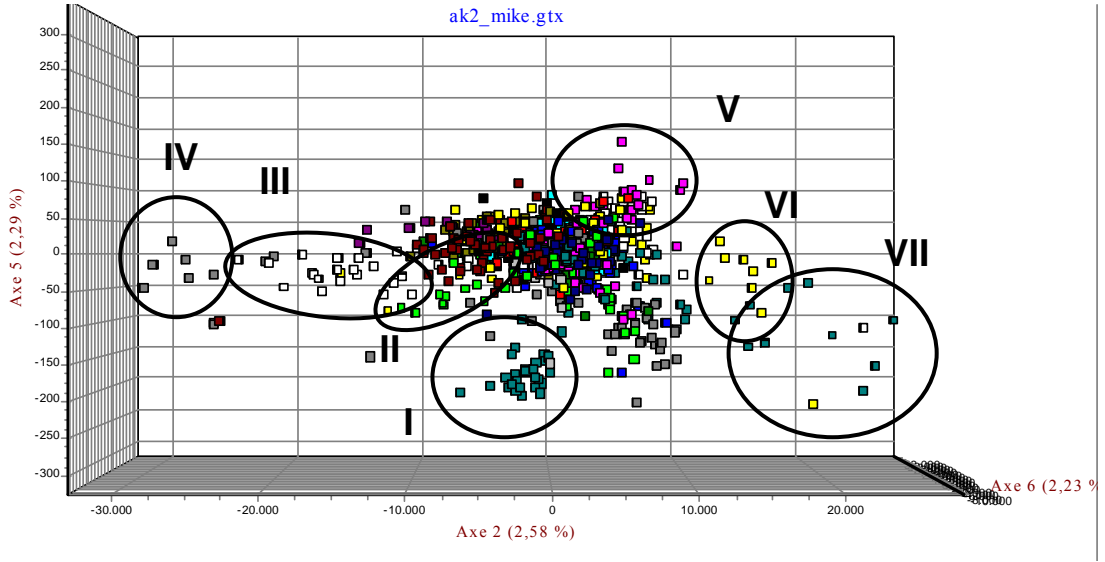
a) Irklarda görülen varyasyon düzeyleri

Türk ırklarında ortalama allel sayısı 6.0 (Türkgeldi) ve 11.8 (Karayaka) arasında değişmiştir ve tüm ırklarda gözlenen ortalama sayı 9.0'dur. Avrupa ırkları için ise bu sayılar 5.25 (Soay) ile 11.5 (Turcana, Türk ırkları ile ilişkisi olduğu düşünülen bir ırk) ve 7.78'dir. Eğer ırk içi varyasyon düzeyi olarak beklenen heterozigotluklar (H_E) ölçütü kullanılırsa Türkiye ırkları için aralık 0.683 (Türkgeldi) - 0.810 (Karayaka2 ve Akkaraman2) ve ortalama 0.767'dir. Avrupa'da ise değerler: 0.591 (İspanya'dan Comisana) - 0.865 (Sumavka, Çek Cumhuriyeti'nden) ile 0.738'dir. Sumavka'nın da Kuzey ülkelerinden katkı aldığı için (Bruford ve Towsen, 2004) heterozigotluk derecesi yüksek olabilir. Her iki ölçüt de Türk ırklarının varyasyon değerlerinin Avrupa ırklarından fazla olduğunu göstermektedir. Bu sonuç Türk ırklarının evrimleşme merkezlerine yakın olduğu görüşünü desteklemektedir. Ancak, Avrupa'daki koyunların ataları olması muhtemel yerli ırklarımızın daha fazla genetik varyasyon içermesi beklenirdi. Devlet İstatistik Enstitüsü verilerine dayanarak Avrupa Birliği için yapılan bir yayında (Oskram, 2004) koyun sayısında 1980'den sonra gözlenen % 47'den fazla düşüşün bu varyasyonu azaltıcı bir etkisinin olmuş olması beklenir. Belki 1980 öncesi toplanmış koyun postları yardımı ile bu yaşanan düşüş öncesi varyasyon saptanabilir. Ancak bütün bu sayıdaki azalmaya karşın hala yüksek dozda varyasyon ırklarımızda mevcuttur. Irklar yakın bir zamanda dar boğazdan geçtikleri yönünde de bir sinyal vermemişlerdir.

b) Irklararası farklılaşma düzeylerinin karşılaştırılması

Avrupa verilerinden Yunanistan, Almanya ve İtalya için o ülkelerden ırklar için ayrı AMOVA analizleri tarafımızdan yapılmıştır ve ırklar arası farklar % 13-17 arasında değişmiştir. Anadolu için bu farkın % 5 olduğu hatırlanırsa ırkların farklılaşma düzeylerinin Avrupa ırkları için daha fazla olduğu söylenebilir. Ancak Avrupa ve Türk ırkları bir arada faktoriyel benzerlik analizi ile çalışıldığında (Şekil II.17), farklı ırkların birbirine benzeyen çok sayıda bireyinin oluşturduğu bir grup ve çevresinde I'den VII'ye kadar işaretlenmiş daha farklılaşmış görülen bireylerin oluşturduğu gruplar görülmektedir. I'inci grup heterozigotluğu da yüksek olarak bulunmuş olan İspanya'nın Comisana, II Avrupa Merinosu, III Almanya'nın Skudde, IV Kıvırcık, VI Akkaraman1, VII İngiltere'nin NRonalds bireylerinin ağırlıklı olarak bulunduğu gruplardır. Bir kez daha farklı ırkların bireylerinin bu sayıda (burada 4) mikrosatelit ile ayrılmadığını, farklılaşan ırkların bulunduğunu bunların, Avrupa'dan;

Comisana, Skudde, Nronalds ve Merinos olduğunu, Türkiye’den; Kıvırcık, Türkgeldi, Akkaraman1 olduğunu görüyoruz. Bu daha fazla ırkla gözlenen sonuçlar, çiftlik örneklerinin ana gen havuzundan çok farklılaştığını bir kez daha göstermektedir. Diez–Tascon ve ark.’nın (2000) Merinoslar’da yaptıkları bir araştırmada aynı atadan türeyen, başka ülkelere götürülen Merinoslar arasındaki farklılaşmanın F_{ST} cinsinden 0.086 ile 0.356 arasında olduğu gözlenmiştir. Çalışmamızda da Akkaraman1’in Akkaraman2’den 0.297 gibi büyük bir farkla ayrıldığı görülmektedir. Bireylerin popülasyonlara tayini testi de gene önce Kıvırcık bireylerinin çoğunun ve Skudde ile Comisana bireylerinin genellikle kendi ırklarına tayin edildiğini diğerlerinin daima kendinden başka diğer ırklara da tayin edildiğini göstermiştir.

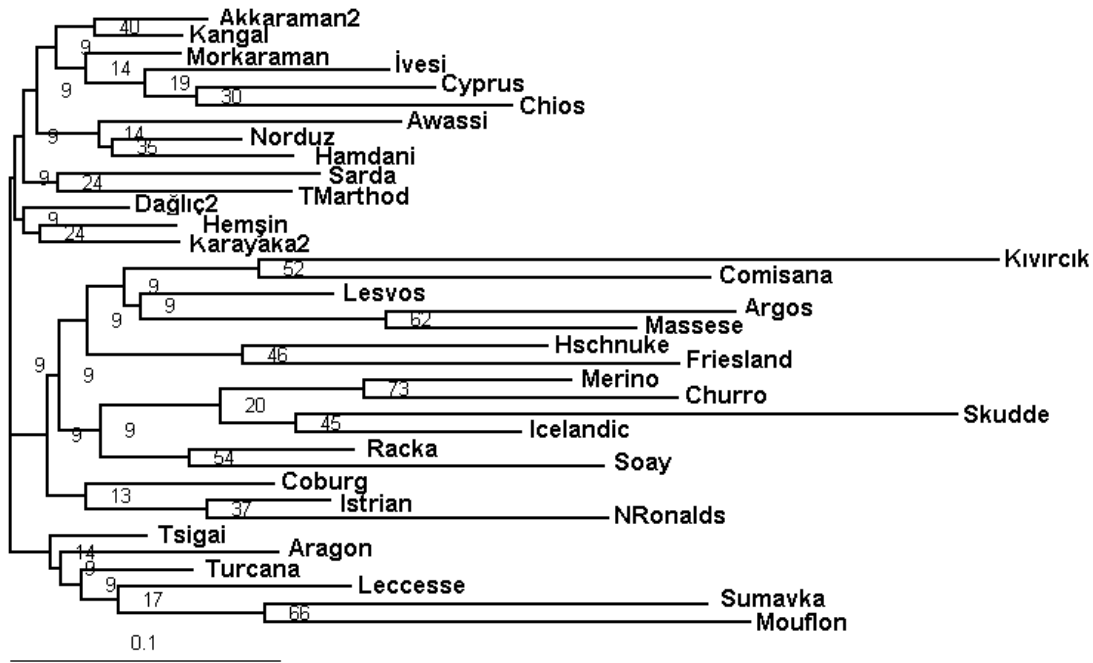


Şekil II.17. Türk ve Avrupa ırklarının faktoriyel benzerlik analizi çizimleri

Sonuç olarak 4-5 mikrosatelit lokusunun gücü evcil koyun ırklarını ayırmak için yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle hangi ırkın daha özgün ve genetik enformasyon yönünden daha zengin olup korunması gerektiğine karar verilememektedir.

c) Türk ve Avrupa koyun ırklarının genetik ilişkisi

Türkiye’den; Akkaraman2, Kangal, Morkaraman, İvesi, Norduz, Hamdani, Dağlıç2, Karayaka2, Kıvırcık ile Avrupa ırkları ve Awassi için D_A uzaklığına dayanarak çizilen komşuluk birleştirme ağacı Şekil II.18’de gösterilmiştir.



Şekil II.18. Türk koyun ırklarına ait veriler ile Byrne ve ark.nın (basımda) verileri kullanılarak D_A genetik uzaklığı ile çizilen komşu birleştirme ağacı.

Bu ağaçta 5 dallanma noktası dışındakilerin bootstrap değerleri % 50'nin altındadır. Bu nedenle aşağıdaki gözlemler sadece bir ön gözlem olarak değerlendirilebilir. Ağaca göre Kıvırcık hariç tüm Türkiye yerli ırkları bir öbektedir. İsrail, Irak, Ürdün'den toplanmış Awassi (İvesi)'nin, çiftlik örneği bile olsa İvesi ile yakın gruplanması analizlere güven vermektedir. Kıvırcık ise diğer Yunan ırkları (Lesvos, Argos) ve bir çok başka Avrupa ırkları ile başka bir öbek yaratmaktadır. Coğrafi konumu nedeni ile de Kıvırcık'ın Avrupa ırklarına daha fazla benzemesi beklenmekteydi. Ayrıca kuyruk yapısı olarak da Kıvırcık ince uzun kuyruğa sahiptir ve bu kuyruk yapısı Avrupa ırkları arasında en sık görülen yapıdır. Ancak, Kıvırcık'ın, hepsinin ağırlıklı atası olup olmadığını kesin olarak söylemek mümkün değildir. Üçüncü öbek Turcana ve Tıgai gibi Romanya ırklarını Sumavaka (Çek Cumhuriyeti'nden), Leccesse (İtalya'dan), Aragon (İspanya'dan) ve bir çok Avrupa ülkesinden Muflon örneklerini içermektedir.

Kıvırcık'ın bulunduğu ikinci öbeğin ve üçüncü öbekteki bazı ırklara ait dalların uzun olması onların daha fazla kendileşmiş veya farklılaşmış olduğuna işaret etmektedir.

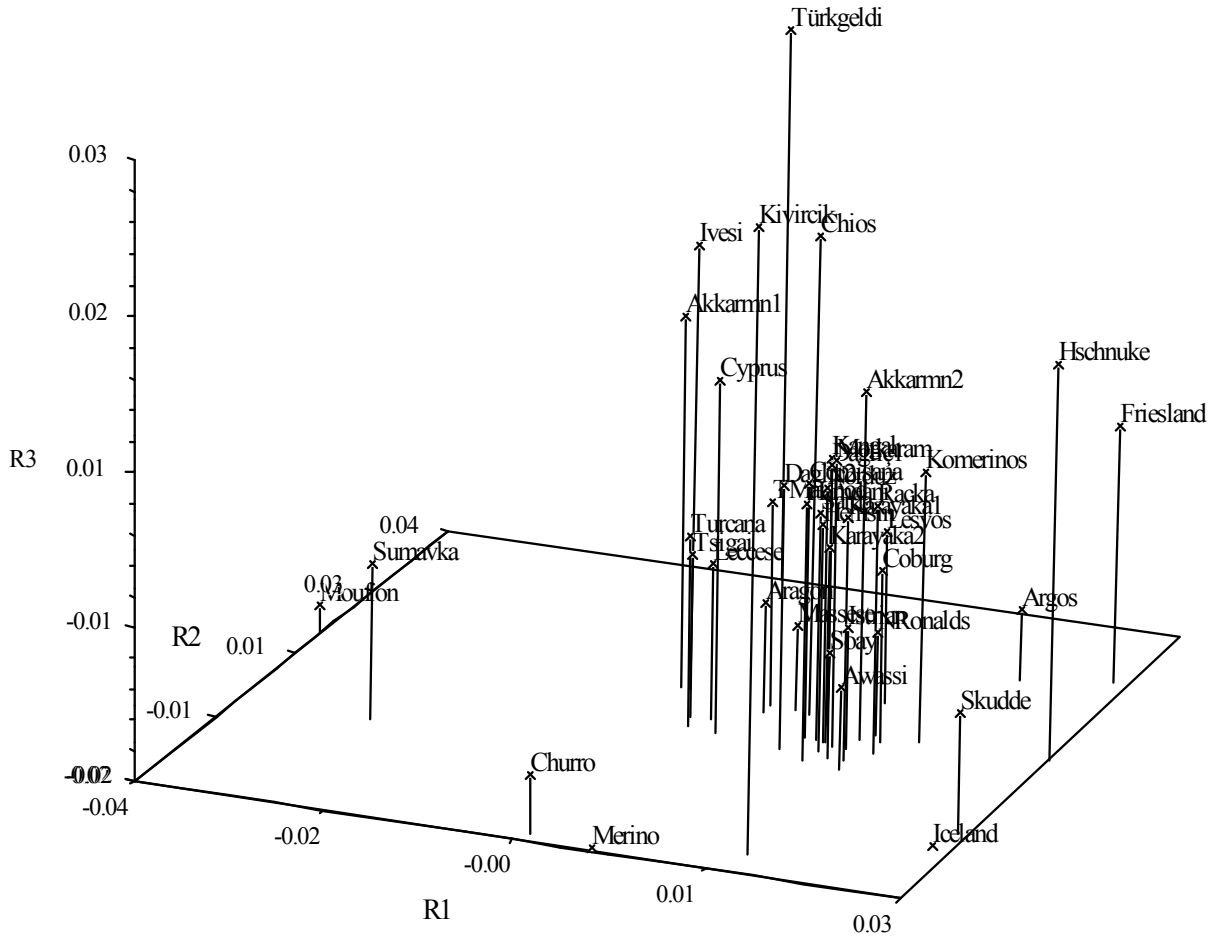
Bu aşamada mtDNA verilerinin önerdiği (Bruford ve Townsend, 2004) üç evrimleşme merkezine denk üç gruplaşmanın yerli ırklarımızda gözlenip gözlenmediği, son ağaç yardımı

ile araştırılırsa Akkaraman, Kangal, Morkaraman ve Kıbrıs yağlı kuyruklu koyunun bir grubu, belki de mtDNA'daki dağılımı nedeni ile ağırlıklı olarak B ile gözlenen grubu; Hamdani, Norduz ve Awassi'nin (doğal yayılım alanından toplanan İvesi) ağırlıklı olarak C ile gözlenen grubu; Dağlıç, Hemşin ve Karayaka'nın da ağırlıklı olarak A ile gözlenen grubu temsil ettiği düşünülebilir. Ancak bu sonuçlar çalışılan lokusların azlığı ve koyun bireylerinin birbirlerine olan fazla benzerliği nedenleri ile son derece ihtiyatla karşılanmalıdır.

d) Türk ve Avrupa Irklarının Temel Ögeler Analizi

Temel ögeler analizi ile çalışılan ırklar Şekil II.19'da gösterilmiştir. Bu analizde faktoriyel benzerlik analizinden farklı olarak ilk üç eksen toplam varyasyonun büyük bir kısmını (% 43.7) sergilemekte ve grupların tek bir nokta olarak düşünülmüş halini göstermektedir.

İlk iki eksen üzerinde Türk ırklarının merkezi konumu, belki de çalışılan ırkların ortak atası oldukları için, görülmektedir.



Şekil II.19. Türk ve yabancı ırkların ilk üç temel bileşenler üzerinde görünümü.

III. SONUÇ

III.1. Projeden Elde Edilen Sonuçlar

- Allellerin frekans dağılımlarında, Türkiye’de Doğu’dan karışımı ya da göçü gösteren Doğu/Batı ya da Güneydoğu-Kuzeybatı yönünde geçişli bir dağılım gözlenmemiştir.
- AMOVA analizi sonuçları, Anadolu ırkları arasındaki farkın toplam genetik varyasyonun % 5.42’si olduğunu ve en az bir ırkın diğerlerinden anlamlı düzeyde farklı ($P<0.001$) olduğunu göstermektedir. Bu fark Avrupa ırkları arasında görülen farkın (% 13-% 17) üçte biridir ve Türk ırklarının Avrupa’dakilere göre birbirlerinden daha az ayrıldığını göstermektedir.
- Faktoriyel benzerlik analizi, allel paylaşım uzaklığı ağacı, bireylerin populasyona tayini analizi ile Türk ırklarının birçok bireyinin çalışılan 5 mikrosetalit açısından birbirlerine çok benzedikleri gözlenmiştir. Bu farklı ırkların bireylerinin birbirine benzerliği Avrupa ırkları için de gözlenmiştir. Koyun ırklarını birbirlerinden ayırmak için daha fazla sayıda mikrosatelit işaretli çalışılması gerekmektedir. Bu nedenle, hangi ırkın daha özgün ve genetik enformasyon yönünden zengin olup korunması gerekliliğine karar verilememektedir.
- Faktöriyel benzerlik analizi ve D_A ’ya dayalı çizilen ağaç ile çiftlik örneklerinin (Akkaraman1, İvesi, Kıvırcık, Türkgeldi, Konya Merinosu) halk elinde bulunan örneklerden farklılaşmış olduğu gözlenmiştir. Korumaya yönelik olarak çiftliklerde korunan ırk örneklerinin doğal yayılım alanında halk elinde bulunanlara ait sürülerde mevcut genetik bilgiyi taşıyacak şekilde idare edilmeleri gerektiği ortaya çıkmıştır.
- Delaunay ağı analizi, faktöryel benzerlik analizi, bireylerin populasyona tayini analizi sonucunda Kıvırcık ırkının diğer bütün çalışılan ırklardan farklı olduğu gözlenmiştir. Bu farkın kısmen ırkın Marmara’daki boğazlar nedeni ile coğrafi olarak izole olmuş olmasından kısmen de örneklerinin çiftlikten toplanmış olmasından olduğu düşünülmüştür.
- Kıvırcık ırkının Avrupa’daki birçok ırkla bir arada öbekleşmesi, ayrıca kuyruk yapısı olarak da Avrupa’da genel olarak rastlanan ince kuyruğa sahip olması bu ırkın onların atası olabileceği inancını desteklemektedir.
- Türkiye’deki yerli ırkların Avrupa’dakilere daha fazla genetik varyasyon göstererek evrimleşme merkezine (veya merkezlerine) yakın oldukları savı desteklemiştir. Aynı

- Akkaraman, Kangal, Morkaraman ve Kıbrıs yağlı kuyruklu koyunu birinci (belki mt DNAdaki dağılımı nedeni ile B ile gözlenen grubu); Hamdani, Norduz ve Awassi (doğal yayılım alanından toplanan İvesi) C ile gözlenen ikinci; Dağlıç, Hemşin, Karayaka da A ile gözlenen üçüncü evcilleşme merkezinin günümüzde yaşayan temsilcilerini ağırlıklı olarak kapsamaktadır. Ancak bu sonuçlar çalışılan lokusların azlığı, koyun bireylerinin birbirlerine olan fazla benzerliği ve ırklar arasında karışımın olması nedenleri ile son derece ihtiyatla karşılanmalıdır.

III.2. Proje Önerisindeki Amaç ve Kapsama Yönelik Sonuçların Değerlendirmesi

Evcil koyunların genetik olarak birbirlerine çok yakın olmaları genel bir özellik olarak gözlenmektedir ve çalışılan 5 polimorfik mikrosatelit lokusu ırkları birbirinden ayırmakta yetersiz kalmaktadır. Bu nedenle hangi ırkın/ırkların korunmada öncelikli olacağı hakkında bir fikir yürütülemedi. Ancak bu şartlarda bile “amaçlar”da sorulan sorulara bazı cevaplar verilmiştir. Ayrıca, çiftlik gen havuzlarının ırkın genel gen havuzundan farklı olduğu gösterilerek çiftliklerde yapılan koruma ile ilgili bir farkındalık yaratma imkanı doğmuştur.

III.3. Proje Sonuçlarının Bilime ve Uygulamaya Yönelik Katkısı

Çiftlikte korunmakta veya sürdürülmekte olan ırk örneklerinin ırkın genel gen havuzundan farklılaşmasını önleyici tedbirlerin alınması gerekliliği deneylerin sonucunda görülmüştür. Çiftlikte yetiştirilen ırkların halk elinde bulunan örneklerden farklı olduğu ilgili makamlara bildirilmelidir.

III.4. İleriye Dönük Araştırma Önerileri

- Yeni bir proje olasılığında Kıvırcık ve İvesi yeniden örneklenmeli, Karakoyun gibi henüz örneklenmemiş ırklar da örneklenerek proje kapsamına dahil edilmelidir.
- Yeni bir proje daha çok sayıda mikrosatelit işaretleri ile mtDNA ve Y kromozomu işaretleri de kullanılarak gerçekleştirilmelidir.

- Yeni bir projede Balkanlar ve Doğu komşularımızla işbirliği yapılarak buralardaki mevcut ırklardan da örneklerin projeye dahil edilmesi sonuçlar açısından önemlidir.

III.5. Projeye Sağlanan Diğer Destekler

- İngiliz Kültür Derneği Türkiye Ofisi'nin desteği ile Evren Koban'ın 7 aylık, İnci Togan'ın 4 haftalık İngiltere'ye gidiş ve orada kalma masrafları karşılanmıştır.
- Projede kullanılan Karayaka¹, Dağlıç², Morkaraman ve Akkaraman² örneklerinin toplanması Avrupa Birliği 5. Çerçeve projesi olan Econogene tarafından karşılanmıştır.
- Aynı proje çerçevesinde gerçekleşen toplantılardan ikisine projenin desteklemesi ile katılan İnci Togan evcil hayvanlardaki çalışma yöntemlerini tartışma fırsatı bulmuştur.

III.6. Proje ile İlgili Kişilerin Uygulama Özeti

- Tüm deneyler Evren Koban tarafından ODTÜ Biyoloji Bölümü'nde ve Cardiff Üniversitesi'nde yapılmıştır.
- Evren Koban örneklemelerin tamamını bizzat yapmış; İnci Togan, M. İhsan Soysal, Emel Özkan ve Vahdettin Altunok da örneklemelere katılmışlardır.
- Veri analizleri Evren Koban tarafından İnci Togan'ın yönlendirmesi ile yapılmıştır.
- Çalışmalar Evren Koban'ın Aralık 2004'te girdiği doktora tez sınavında tez olarak sunulmuştur.
- Proje ekibi (Prof. Dr. İnci Togan, Prof. Dr. İhsan Soysal, Doç. Dr. Vahdettin Altunok, Dr. Evren Koban, Emel Özkan ve Dr. Ayşe Ergüven) analiz sonuçlarının yorumlanmasında katkıda bulunmuştur.
- Prof. Dr. İnci Togan tez danışmanı olarak, Prof. Dr. M. İhsan Soysal da juri üyeleri olarak doktora tez sınavında yer almışlardır.
- Proje önerisi esnasında laboratuarda bulunan Cemalettin Bekpen daha önce belirtildiği gibi doktora çalışmaları için Almanya'ya giderek projeden ayrılmıştır.

KAYNAKÇA

1. Akçapınar, H. (2000). Koyun Yetiştiriciliği. İsmat Matbaacılık Ltd. Şti., Ankara, Turkey.
2. Alderson L. (1998). The Chance to Survive. Pilkington Press Ltd.
3. Bekpen C. (2001). DNA isolation and PCR amplification from sheep samples obtained by non-destructive sampling. Yüksek lisans tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
4. Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Goudet J. and Bonhomme F. (1996-2000). GENETIX 4.00 WindowsTM software for population genetics. Laboratoire Génome, Populations, Intéractions, University of Montpellier, France (<http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm>).
5. Benedetto G.D., Ergüven A., Stenico M., Castri L., Bertorelle G., Togan İ., Barbujani G. (2001). DNA diversity and population admixture in Anatolia. *American Journal of Physical Anthropology*, 115: 144-156.
6. Bowcock A.M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J. Minch E., Kidd J.R. and Cavalli-Sforza L.L. (1994). High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, 368: 455-457.
7. Bruford M.W., Bradley D.G. ve Luikart G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Genetics* 4: 2-12.
8. Bruford M.W. ve Townsend S.J. (2004). Case studies in the genetics of animal domestication: sheep. *In: Zeder M., Decker-Walters D., Bradley D., Smith B.D. (eds.): Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms*, California University Press.
9. Bulut Z. (2004). Türkiye'deki bazı koyun ırklarının genetik yapılarının mikrosatelitlerle incelenmesi. Doktora tezi, Selçuk Üniversitesi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Konya.
10. Bryne K., Chikhi L., Townsend S.J., Cruickshank R.H., Alderson G.L.H. ve Bruford M.W. Extreme genetic diversity within and among European sheep types and its implications for breed conservation. *Molecular Ecology*, basımda.
11. Clutton-Brock J (1981). Domesticated Animals from Early Times. Heinemann/British Museum (Natural History), London.

12. Cornuet, J.M. ve Luikart, G. (1996). Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144:2001-2014.
13. Cornuet, J.M.; Piry, S.; Luikart, G.; Estoup, A.; ve Solignac, M. (1999). New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics*, 153(4): 1989-2000.
14. Diez-Tascón C., Littlejohn R. P. Almeida P. A. R. ve Crawford A. M. (2000). Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics* 31: 243-251.
15. Edwards, A, Hammond, H.A, Jin, L, Caskey, C.T., Chakraborty, R, (1992). Genetic variation at five trimeric and tetrameric tandem repeated loci in four human population groups. *Genomics* 12: 241-253.
16. Edwards C.J., Bradley D.G., MacHugh D.E. (2000). A panel of Y-specific microsatellite markers suitable for studies of genetic differentiation in cattle and related species. *Animal Genetics*, 31: 127-130.
17. Ergüven A. (1997). The genetic structure of Anatolian Turkish population based on fifteen loci. Doktora tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
18. Excoffier L., Smouse P., ve Quattro J. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131: 479-491.
19. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), State of the World Animal Genetic Resources Brochure (2) (FAO//dad.fao.org//5 Kasım 2004 itibarı ile).
20. Francisco L. V., Langston A. A., Mellersh C. S., Neal C. L. and Ostrander E. A. (1996). A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping. *Mammalian Genome* 7: 359-362.
21. Goodnight K.F and Queller D.C. (1999). Computer software for performing likelihood tests of pedigree relationship using genetic markers. *Molecular Ecology*, 8: 1231-1234.
22. Hanotte O., Tawah C.L., Bradley D.G., Okomo M., Verjee Y., Ochieng J., Rege J.E. (2000). Geographic distribution and frequency of a taurine *Bos taurus* and an indicine *Bos indicus* Y specific allele amongst sub-saharan African cattle breeds. *Molecular Ecology*, 9: 387-396.

23. Hanotte O., Bradley D. G., Ochieng J. W., Verjee Y., Hill E. W. ve Rege E. O. (2002). African pastoralism: Genetic imprints of origins and migrations. *Science*, 296: 336-339.
24. Hiendleder S., Mainz K., Plante Y. ve Lewalski H. (1998) Analysis of mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different maternal sources: no evidence for contributions from Urial and Argali sheep. *Journal of Heredity*, 89: 113-120.
25. Hiendleder S., Phua S. and Hecht W. (1999). A diagnostic assay discriminating between both major *Ovis aries* haplogroups. *Animal Genetics*, 30: 211-213.
26. Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R. and Janke A. (2002). Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 269: 893-904.
27. Kadwell M. et al. (2001). Genetic Analysis Reveals The Wild Ancestors of The I lama and Alpaca. *Proceedings of Royal Society of London B*, 268: 2575-2584.
28. Koban E. (2004). Genetic diversity of native and crossbreed sheep breeds in Anatolia. Doktora tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
29. Langella O. (1999). Populations software, v. 1.2.28 (12/5/2002). CNRS UPR9034, France, copyright (C) 1999 (<http://www.pge.cnrs-gif.fr/bioinfo/populations/index.php?lang=en>).
30. Legge T. (1996). The beginning of caprine domestication in South-west Asia. *In*: Harris David R. (ed.): *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*, UCL Press Ltd, London, sayfa 238-262.
31. Li, W-H. (1997). *Molecular evolution*. Sinauer associates, Inc., Publishers.
32. Loftus R.T., Ertuğrul O., Harba A.H., El-Barody M. A.A., MacHugh D.E., Park S.D.E. ve Bradley D.G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin the Near East. *Molecular Ecology*, 8: 3-8.
33. Luikart G. ve Cornuet J.M. (1998). Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data. *Conservation Biology*, 12(1):228-237.
34. Luikart, G. ve England P.R. (1999). Statistical analysis of microsatellite DNA data. *Trends in Ecology and Evolution*, 14(7): 253-256.

35. MacHugh D.E., Loftus R.T., Bradley D.G., Sharp P. M. ve Cunningham P. (1994). Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 256: 25-31.
36. MacHugh D.E., Shriver M. D., Loftus, R.T., Cunningham P. ve Bradley D.G. (1997). Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146:1071-1086.
37. Mantel N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27: 209-220.
38. Matsuoka Y. et al. (2002). A Single Domestication For Maize Shown by Multilocus Microsatellite Genotyping. *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 99: 6080–6084.
39. Maudet C., Bassano B., Breitenmoser-Würsten C., Gauthier D., Miller C., Giacometti M., Obexer-Ruff G., Ormèa, P., Toigo C., Taberlet P. ve Luikar T.G. (2002). Microsatellite DNA and recent statistical methods in wildlife conservation management: Applications in Alpine Ibex (*Capra ibex [ibex]*) *Molecular Ecology*, 11: 421-436.
40. Mellersh C. S., Langston A. A., Acland G. M., Fleming M. A., Ray K., Wiegand N. A., Francisco L. V., Gibbs M., Aguirre G. D. ve Ostrander E. A. (1997). A linkage map of the canine genome. *Genomics*, 46: 326-336.
41. Monmonier (1973). Maximum-difference barriers: An alternative numerical regionalization method. *Geographical Analysis*, 3: 245-261.
42. Ortí, G.; Pearse, D.E. ve Avise, J.C. (1997). Phylogenetic assessment of length variation at a microsatellite locus. *Proceedings of the National Academy of Science*, 94: 10745-10749.
43. Oskram A, Burrell A., TemelT., Van Berkum S., Longworth N., Vilchez I. M., (2004). *Turkey in the European Union, consequences for agriculture, food, rural areas and structural policy*. Final report, Wageningen University.
44. Rousset F. ve Raymond M. (1997). Statistical analysis of population genetic data: old tools, new concepts. *Trends in Ecology and Evolution*, 12: 313-317.
45. Saitou, N. ve Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstruction phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
46. Sambrook J., Fritsch E. F. ve Maniatis T. (1989). *Molecular cloning: A laboratory manual* (2nd ed.), 3 vol., Cold-Spring Harbor, New York.

47. Schlötterer, C. (1998). Microsatellites. In: Molecular genetic analysis of populations (2nd Edition). Edited by Hoelzel, A. R. Oxford University Press, sayfa 237-261.
48. Soysal, İ. M., Togan, İ., Nizamlıođlu, M., Altunok, V., Tuna Y. T., Gürcan E. K., Ergüven, A., Özkan, E., Koban, E., Bulut, Z., (2001). Türkiye'deki yerli ve melez koyun ırklarının genetik yapılarının mikrosatelitlerle incelenmesi. VHAG-1553 Teknik Rapor, Türkiye Bilimsel ve Teknik Araştırma Kurumu, Ankara, Türkiye.
49. Soysal M.İ ve Özkan E. (2002). Zooteknik anlamda ırk. *Animalia*, Issue: January, (MYNET//genkaynaklari.sitemynet.com/Hazirlar/zooteknik_anlamda__rk.htm//December 2004).
50. Takezaki N. ve Nei M. (1996). Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144: 389-399.
51. Townsend S.J. (2000) Patterns of genetic diversity in European sheep breeds. Doktora tezi, East Anglia Üniversitesi.
52. Troy C.S., MacHugh D.E., Bailey J.F., Magee D.A., Loftus R.T., Cunningham P., Chamberlain A.T., Sykes B.C. ve Bradley D.G. (2001). Genetic evidence for near-eastern origins of domestic cattle. *Nature*, 410: 1088-1091.
53. Uerpmann H-P. (1996). Animal domestication-accident or intention? *In*: Harris David R. (ed.): The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia, UCL Press Ltd, London, sayfa 227-237.
54. Weir B.S. and Cockerham C.C. (1984) Estimating F statistics for the analysis of population Structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
55. Wright S. (1965). The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 95-420.

EKLER

Ek 1. Genotip Verileri: Alleller nükleotit sayısı cinsinden tanımlanmıştır, örn. “127127” homozigot bir bireyi ve 127 nükleotit uzunluğunda bir allele sahip olduğunu göstermektedir.

Tablo E.1. Bireylerin gözlenen genotipleri

Irklar (Örnekler)	Birey No.	Lokuslar				
		JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
AKKARAMAN1	1	127127	142156	129131	124136	106126
AKKARAMAN1	2	127137	142142	127129	124124	112112
AKKARAMAN1	3	137137	142158	131131	124136	000000
AKKARAMAN1	4	135135	142142	127129	122132	112112
AKKARAMAN1	5	135135	150160	125127	122124	116116
AKKARAMAN1	7	139139	142142	127129	122124	114116
AKKARAMAN1	8	127135	142142	127129	122124	112116
AKKARAMAN1	11	137143	140160	127127	136136	122126
AKKARAMAN1	12	115135	140158	131131	136136	124126
AKKARAMAN1	13	147147	140142	127127	124124	116116
AKKARAMAN1	15	127135	142154	127129	122124	116124
AKKARAMAN1	16	137137	142142	127129	122124	116116
AKKARAMAN1	17	139139	153166	127137	124136	106122
AKKARAMAN1	18	127139	140140	137131	124124	116116
AKKARAMAN1	19	113115	158160	127127	122136	106126
AKKARAMAN1	21	127145	158160	127131	124136	116124
AKKARAMAN1	22	127127	140142	129131	136136	106116
AKKARAMAN1	23	115127	142160	127131	136136	126126
AKKARAMAN1	24	127145	142160	127131	122136	118124
AKKARAMAN1	25	135147	142142	129129	122124	116116
AKKARAMAN1	26	135135	142166	127129	124136	106116
AKKARAMAN1	27	135139	142160	129131	124124	116124
AKKARAMAN1	29	135139	140142	125127	124124	116116
AKKARAMAN1	30	135135	142162	131131	124136	116126
AKKARAMAN1	31	115115	160168	129129	124124	116118
AKKARAMAN1	32	135147	142166	127127	122136	116116
AKKARAMAN1	34	117137	142150	127131	124136	116116
AKKARAMAN1	35	137137	140142	127131	136136	116126
İVESİ	1	139147	142142	129129	124128	116116
İVESİ	2	137137	142150	129129	136138	126126
İVESİ	4	127135	142158	129129	136136	106116
İVESİ	5	115115	140150	127131	122136	116126
İVESİ	6	135135	154162	129131	136136	116126
İVESİ	7	133147	166166	127131	124132	106116
İVESİ	9	135137	142166	127131	124136	114116
İVESİ	10	000000	142148	127127	000000	102104
İVESİ	11	137137	142154	127129	122124	106116
İVESİ	12	137147	142162	127131	124132	124128
İVESİ	13	135137	142162	129131	124136	116116

Tablo E.1.'in devamı..

İrklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
İVESİ	14	127137	142158	129129	124136	126126
İVESİ	17	135139	150158	127131	124136	116116
İVESİ	18	127145	160166	129129	122124	116126
İVESİ	19	139147	142158	127129	124124	106126
İVESİ	20	125137	142162	129129	122136	126128
İVESİ	21	127137	154154	129131	124124	114126
İVESİ	22	135147	142158	129131	124124	114116
İVESİ	24	137137	154162	129129	124124	106114
İVESİ	26	127137	142162	129131	124124	114116
İVESİ	28	127135	142162	127131	124132	112122
İVESİ	29	137147	142142	129137	124140	116124
İVESİ	30	137137	158158	129131	124136	106114
İVESİ	32	135137	142156	129131	128128	116126
İVESİ	34	135135	142160	133137	122138	116124
İVESİ	35	135135	142142	121129	122124	000000
KIVIRCIK	1	132132	142156	127129	124136	000000
KIVIRCIK	2	127137	158164	127129	136136	110120
KIVIRCIK	3	135139	142158	127133	136136	112120
KIVIRCIK	4	127139	152160	129137	124146	110116
KIVIRCIK	5	137137	160160	123127	124126	110112
KIVIRCIK	8	135135	164164	129133	134138	112112
KIVIRCIK	9	135159	138168	127129	124124	112112
KIVIRCIK	11	127137	138138	133137	134136	112120
KIVIRCIK	12	127137	138158	131133	000000	112118
KIVIRCIK	16	135135	138158	129133	122136	110110
KIVIRCIK	18	127135	138138	123129	124124	118120
KIVIRCIK	20	137137	142160	127131	136136	110122
KIVIRCIK	21	125137	138138	129137	122126	112122
KIVIRCIK	22	127135	138138	127129	130136	112122
KIVIRCIK	23	131135	138138	127127	124136	112122
KIVIRCIK	24	131137	156166	129133	124138	110110
KIVIRCIK	25	115137	158160	127131	124136	110110
KIVIRCIK	27	000000	144156	131133	124136	114116
KIVIRCIK	29	127135	158158	129129	124134	112122
KIVIRCIK	30	127137	138138	129131	126146	110112
KIVIRCIK	33	135145	138138	127129	124136	112118
KIVIRCIK	34	127135	138138	129129	124136	112112
KIVIRCIK	35	127137	138138	129129	124138	110112
TÜRKGELDİ	1	137147	000000	000000	124136	114116
TÜRKGELDİ	3	127127	142142	127137	136138	118130
TÜRKGELDİ	5	137147	142142	000000	124136	114126
TÜRKGELDİ	6	137137	144144	127133	124136	116128
TÜRKGELDİ	8	137139	144144	000000	124132	000000
TÜRKGELDİ	11	137137	154158	129137	134136	114130
TÜRKGELDİ	12	125137	142142	127127	132136	114116
TÜRKGELDİ	17	125137	142142	133137	136138	114114
TÜRKGELDİ	18	137137	154158	129129	134136	116128
TÜRKGELDİ	19	147157	142158	127137	124136	114116

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
TÜRKGELDİ	20	139139	140142	127129	124134	116118
TÜRKGELDİ	21	137137	142142	127139	134136	116130
TÜRKGELDİ	22	125137	142142	127127	132136	114116
TÜRKGELDİ	23	137157	142142	127129	124136	118130
TÜRKGELDİ	25	131147	142142	127129	136136	114114
TÜRKGELDİ	26	157157	142154	127137	134136	116130
TÜRKGELDİ	27	137139	142142	127129	136136	114116
TÜRKGELDİ	28	139139	142154	127129	132134	128130
TÜRKGELDİ	29	125125	142142	127137	134136	116126
TÜRKGELDİ	30	137137	142154	127127	136136	116124
TÜRKGELDİ	31	147147	142142	127137	134136	114130
TÜRKGELDİ	32	137147	142158	127137	134136	114126
TÜRKGELDİ	33	131137	142142	127127	124136	114114
TÜRKGELDİ	34	147157	142142	127129	124132	118126
KONYA MERİ NOSU	1	000000	000000	127131	136136	116124
KONYA MERİ NOSU	2	135137	000000	000000	124124	118126
KONYA MERİ NOSU	3	127127	142166	129129	124136	106118
KONYA MERİ NOSU	4	143143	142160	129129	124134	106118
KONYA MERİ NOSU	5	115115	142142	129129	122136	118126
KONYA MERİ NOSU	6	135135	154158	127129	122136	116126
KONYA MERİ NOSU	7	127127	000000	000000	136136	116124
KONYA MERİ NOSU	8	127127	140142	000000	136136	106116
KONYA MERİ NOSU	9	127139	142160	125129	122136	118126
KONYA MERİ NOSU	10	115115	160168	000000	124136	116126
KONYA MERİ NOSU	11	115135	150162	125129	124136	106126
KONYA MERİ NOSU	12	135137	144160	125129	124136	106106
KONYA MERİ NOSU	13	127137	160168	127127	136136	118128
KONYA MERİ NOSU	14	115127	144144	129129	124136	118126
KONYA MERİ NOSU	15	115115	142158	129129	136136	120128
KONYA MERİ NOSU	17	137137	142144	129129	122136	126126
KONYA MERİ NOSU	18	127143	160162	131131	124136	106124
KONYA MERİ NOSU	19	139145	142160	127129	124136	116118
KONYA MERİ NOSU	21	127127	142144	125129	136136	118126
KONYA MERİ NOSU	24	000000	150160	125125	136136	118126
KONYA MERİ NOSU	25	137143	144158	000000	124136	118120
KONYA MERİ NOSU	26	115127	000000	125125	136136	000000
KONYA MERİ NOSU	27	115127	140140	125129	124136	116126
KONYA MERİ NOSU	28	115115	140168	125129	136136	106124
KONYA MERİ NOSU	30	125137	160168	125129	122124	120128
KONYA MERİ NOSU	31	115127	144160	125129	136136	128128
KONYA MERİ NOSU	32	127143	144170	127129	122136	126128
KONYA MERİ NOSU	33	115127	158160	127127	122136	120120
KONYA MERİ NOSU	35	137143	142160	125129	122136	106118
MORKARAMAN	1	137139	150160	129129	122122	000000
MORKARAMAN	3	129137	144154	127129	122136	000000
MORKARAMAN	4	137145	144144	127137	124128	116116
MORKARAMAN	5	127137	144160	127137	122124	116126
MORKARAMAN	6	135139	144144	127127	136140	116122

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
MORKARAMAN	7	127137	144144	129137	126128	120124
MORKARAMAN	8	139139	144168	121129	124124	116128
MORKARAMAN	9	135151	144154	127129	124136	124132
MORKARAMAN	10	137139	150162	125129	124136	126130
MORKARAMAN	11	137139	144144	127129	122124	126126
MORKARAMAN	12	127139	144168	127135	124136	126126
MORKARAMAN	13	127137	142162	000000	136136	118126
MORKARAMAN	14	129137	144150	121129	124124	120124
MORKARAMAN	15	117139	144144	000000	124136	118118
MORKARAMAN	16	137139	150154	131135	122132	118118
MORKARAMAN	17	137139	160168	000000	136136	116116
MORKARAMAN	18	127139	144162	129131	124132	116116
MORKARAMAN	19	137141	144162	129135	122122	118118
MORKARAMAN	20	127145	144144	127129	124138	116116
MORKARAMAN	21	137137	144162	129131	122124	118124
MORKARAMAN	22	137137	144150	123131	136136	118118
MORKARAMAN	23	127129	164168	131131	124136	118124
MORKARAMAN	24	129139	144144	129129	124132	116130
MORKARAMAN	25	139147	144144	127131	124124	122126
MORKARAMAN	26	147151	144158	000000	134136	118118
MORKARAMAN	27	137141	144162	000000	000000	118118
MORKARAMAN	28	137141	144168	000000	136136	118118
MORKARAMAN	29	129129	144150	129129	136136	116132
MORKARAMAN	30	137139	144144	129131	124124	116136
MORKARAMAN	31	145149	144144	000000	124138	116128
MORKARAMAN	32	137147	144158	129137	124140	116116
MORKARAMAN	33	143149	162164	127131	122124	118128
MORKARAMAN	35	129129	144144	000000	124136	116116
MORKARAMAN	36	127129	144164	127133	122136	116116
MORKARAMAN	Mork	129137	144150	129131	122122	116116
HEMŞİN	1	129129	144164	129131	122136	118128
HEMŞİN	2	137147	144150	121129	132138	116118
HEMŞİN	3	137139	000000	129131	000000	118126
HEMŞİN	4	129137	144144	131131	136136	122124
HEMŞİN	5	129129	156160	131133	000000	118130
HEMŞİN	6	129129	000000	131131	000000	120128
HEMŞİN	7	117137	156160	127133	000000	118118
HEMŞİN	8	129137	144144	127127	122136	118118
HEMŞİN	10	137137	150150	131133	136136	118126
HEMŞİN	11	137137	144156	129135	000000	118130
HEMŞİN	12	137139	144154	131131	136136	126126
HEMŞİN	13	137139	150162	131133	124134	118118
HEMŞİN	14	139143	162162	127129	136136	116116
HEMŞİN	15	129143	158162	129129	136136	118118
HEMŞİN	16	117129	144156	129133	122136	118120
HEMŞİN	17	137139	144158	131131	136138	118128
HEMŞİN	18	137137	144154	131137	124124	118128
HEMŞİN	19	117117	150150	131131	122136	118118

Tablo E.1.'in devamı..

İrklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
HEMŞİN	20	117129	144150	127129	122124	128128
HEMŞİN	21	117129	150164	123133	132134	116116
HEMŞİN	22	129139	160170	121131	122124	118118
HEMŞİN	23	129139	160170	121131	122124	118118
HEMŞİN	24	139139	144150	127127	122138	118124
HEMŞİN	25	129137	144144	127131	122136	124132
HEMŞİN	27	129139	154164	129131	124136	116128
HEMŞİN	28	137139	144168	129133	132132	118118
HEMŞİN	29	129129	144150	121127	122136	118126
HEMŞİN	30	139139	144160	129129	136140	118126
HEMŞİN	31	139139	144168	129131	126136	128128
HEMŞİN	32	129137	156162	123131	134136	118128
HEMŞİN	33	129133	150154	127131	124132	120130
HEMŞİN	34	139151	144156	127133	000000	116118
HEMŞİN	35	139139	144144	127131	124132	118118
HEMŞİN	36	129147	144144	133133	136138	000000
HEMŞİN	37	117137	144150	131133	134136	000000
HEMŞİN	38	137139	144144	127129	136138	000000
KARAYAKA1	1	137139	144160	129137	122124	118120
KARAYAKA1	2	139153	144160	129129	122124	126126
KARAYAKA1	3	117129	144144	127129	124136	124128
KARAYAKA1	4	119139	134134	131135	000000	118128
KARAYAKA1	6	135139	158158	000000	124132	118124
KARAYAKA1	7	129135	152158	127129	124136	116128
KARAYAKA1	8	129135	144170	125129	000000	130130
KARAYAKA1	9	133137	148164	127129	126132	128128
KARAYAKA1	10	137139	150154	129129	136136	118118
KARAYAKA1	11	129141	144144	000000	132134	126130
KARAYAKA1	12	129139	000000	127129	122138	118118
KARAYAKA1	13	137151	000000	129129	128136	128130
KARAYAKA1	14	135137	164164	127131	136138	116116
KARAYAKA1	15	139139	142144	129129	122140	118126
KARAYAKA1	16	137137	142158	129133	134136	122130
KARAYAKA1	17	129137	144144	131131	124136	116128
KARAYAKA1	18	129139	144160	129131	124136	126128
KARAYAKA1	19	129139	156160	129133	122124	118126
KARAYAKA1	20	129135	144156	129129	122124	118124
KARAYAKA1	21	139139	144144	127131	122136	126130
KARAYAKA1	22	129131	144144	000000	136136	118120
KARAYAKA1	23	137153	144160	000000	124136	116118
KARAYAKA1	24	137137	144144	127129	122124	118124
KARAYAKA1	25	137153	144144	127129	124136	118128
KARAYAKA1	26	137139	160162	129129	136138	126126
KARAYAKA1	27	131147	144144	123125	138146	118128
KARAYAKA1	29	137139	000000	127131	134136	000000
KARAYAKA1	30	129137	144168	127131	136136	118124
KARAYAKA1	31	137137	144168	127129	122136	116128
KARAYAKA1	32	000000	000000	127135	124136	128130

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
DAĞLIÇI	1	137137	144162	000000	132136	118120
DAĞLIÇI	2	000000	160160	127129	122136	118118
DAĞLIÇI	3	139141	144150	129129	130140	000000
DAĞLIÇI	4	000000	144160	000000	122136	118128
DAĞLIÇI	5	000000	152160	121126	136140	118118
DAĞLIÇI	6	137137	148158	129131	122124	116126
DAĞLIÇI	7	137141	158160	129131	122136	118128
DAĞLIÇI	8	129139	162164	129129	124136	118118
DAĞLIÇI	9	135137	162168	129129	124136	118128
DAĞLIÇI	10	139139	144168	127129	122124	118128
DAĞLIÇI	11	129149	144144	131133	122124	118126
DAĞLIÇI	12	139149	164168	000000	122124	118128
DAĞLIÇI	14	137141	150162	000000	136136	118118
DAĞLIÇI	15	137149	144168	129129	136136	116130
DAĞLIÇI	16	000000	142144	123127	124136	126126
DAĞLIÇI	17	137147	142144	131131	124136	118128
DAĞLIÇI	18	129129	144144	123129	124136	116130
DAĞLIÇI	19	131139	144150	121131	124136	118130
DAĞLIÇI	20	129143	142156	127129	122132	118126
DAĞLIÇI	21	137139	144144	123127	124136	124130
DAĞLIÇI	22	139143	164164	129131	122124	118126
DAĞLIÇI	23	137139	142160	123137	122136	116130
DAĞLIÇI	25	131139	144144	121129	122136	124124
DAĞLIÇI	26	137137	144150	129129	124136	118118
DAĞLIÇI	27	131149	144150	129133	122136	118130
DAĞLIÇI	28	131149	144164	127131	122136	118130
DAĞLIÇI	29	135137	162162	129137	122136	118118
DAĞLIÇI	30	137139	144150	129129	124130	000000
DAĞLIÇI	31	129147	142156	129129	122124	128122
DAĞLIÇI	32	117147	144164	129131	136136	118118
DAĞLIÇI	33	137139	144160	123127	122136	118128
DAĞLIÇI	34	135137	144144	127129	136136	118128
DAĞLIÇI	35	135139	144144	127129	136136	118118
AKKARAMAN2	1	129137	000000	000000	136140	118118
AKKARAMAN2	2	137147	150160	121131	122132	118118
AKKARAMAN2	3	143149	144154	127131	122136	118118
AKKARAMAN2	4	129129	142152	000000	122132	114118
AKKARAMAN2	5	127129	144150	000000	000000	118118
AKKARAMAN2	6	137139	144154	129131	132136	118118
AKKARAMAN2	7	139147	144162	129131	000000	118118
AKKARAMAN2	8	137139	144158	000000	000000	118128
AKKARAMAN2	9	137143	144144	129137	000000	118118
AKKARAMAN2	10	137139	144164	129129	000000	116116
AKKARAMAN2	11	137137	144158	127133	000000	000000
AKKARAMAN2	12	127127	144154	129129	000000	118118
AKKARAMAN2	13	127139	144144	000000	000000	114118
AKKARAMAN2	14	141145	144162	121126	000000	116116
AKKARAMAN2	15	137139	144150	121131	124124	116118

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
DAĞLIÇ2	7002	137141	144168	127129	130134	114124
DAĞLIÇ2	7004	137137	158160	127131	132136	118128
DAĞLIÇ2	7005	137141	144162	127129	122124	106124
DAĞLIÇ2	7006	129129	144164	127131	124132	118126
DAĞLIÇ2	7008	137147	142144	131137	124136	118128
DAĞLIÇ2	7009	137141	160162	129137	136136	118118
DAĞLIÇ2	7010	141147	144164	129129	124136	118118
DAĞLIÇ2	7011	139147	164168	127131	122124	119128
DAĞLIÇ2	7012	129147	144144	129131	122124	118126
DAĞLIÇ2	7013	139139	144168	127127	122124	118128
DAĞLIÇ2	7014	135137	162168	129137	124132	118128
DAĞLIÇ2	7017	129139	162164	127131	124136	118118
DAĞLIÇ2	7018	131149	144150	123137	122136	118130
DAĞLIÇ2	7019	131139	144144	122127	122136	124124
DAĞLIÇ2	7021	131137	150150	129133	122124	120130
DAĞLIÇ2	7022	137139	142160	127129	122136	116130
DAĞLIÇ2	7023	139143	164164	121131	122124	118126
DAĞLIÇ2	7024	137139	142144	123129	124136	124130
DAĞLIÇ2	7025	131139	144150	123127	136136	118130
DAĞLIÇ2	7027	129139	144144	129129	124136	116130
DAĞLIÇ2	7028	135139	144144	129131	136136	118118
DAĞLIÇ2	7029	137137	144144	131131	136136	118128
DAĞLIÇ2	7030	137139	144160	129129	122136	118128
DAĞLIÇ2	7031	117147	144164	129137	136136	118118
DAĞLIÇ2	7032	129147	142156	127131	122124	128128
DAĞLIÇ2	7033	147147	144150	131131	124136	118118
DAĞLIÇ2	7034	135137	162162	129129	122136	118118
DAĞLIÇ2	7035	137143	150154	129139	126136	118126
DAĞLIÇ2	7036	135139	144170	127137	124124	118128
DAĞLIÇ2	7037	127131	144160	127131	124136	118126
DAĞLIÇ2	7038	139157	154158	129129	136136	118118
DAĞLIÇ2	7039	129139	150170	125133	136138	118118
KARAYAKA2	6033	117141	158160	129129	124124	126126
KARAYAKA2	6034	139141	144154	129137	124136	118126
KARAYAKA2	6035	117129	146166	133141	124124	118128
KARAYAKA2	6036	139147	144144	127129	132136	118128
KARAYAKA2	6037	137139	156160	129129	124124	124128
KARAYAKA2	6038	131139	150150	127135	124124	118124
KARAYAKA2	6039	129141	156160	129129	136138	126128
KARAYAKA2	6040	129139	160160	131137	136138	118118
KARAYAKA2	6041	129137	162168	127129	136138	118128
KARAYAKA2	6042	137143	160160	127127	124136	118126
KARAYAKA2	6043	137139	148168	129129	136136	116128
KARAYAKA2	6044	139139	160168	127129	124136	118118
KARAYAKA2	6045	131139	144160	122133	124124	118130
KARAYAKA2	6046	139139	152166	129129	122136	118118
KARAYAKA2	6047	117131	150162	127127	124124	118118
KARAYAKA2	6048	129129	144160	129131	124124	118128

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
KARAYAKA2	6049	129137	150160	129133	124138	116128
KARAYAKA2	6050	137139	144170	129137	124124	126130
KARAYAKA2	6051	137139	160168	127129	122124	116116
KARAYAKA2	6052	117137	144144	127131	124132	118128
KARAYAKA2	6053	139143	144168	129131	124136	118118
KARAYAKA2	6054	137137	142166	131133	136136	126130
KARAYAKA2	6055	131151	148150	131131	134140	118130
KARAYAKA2	6056	129137	150150	133137	122124	124128
KARAYAKA2	6057	129139	156160	129131	124138	118130
KARAYAKA2	6058	137139	142160	129131	124136	118128
KARAYAKA2	6059	135139	144168	133135	122124	116128
KARAYAKA2	6060	131157	144160	129135	124138	118118
KARAYAKA2	6061	139147	144144	127133	132136	116128
AKKARAMAN3	16	139139	144160	131131	124136	118126
AKKARAMAN3	19	127129	150164	127129	124124	118118
AKKARAMAN3	20	135149	144150	129131	122122	118118
AKKARAMAN3	21	129147	144168	129131	122136	118128
AKKARAMAN3	22	129137	144154	129131	124140	118118
AKKARAMAN3	23	135137	144160	127131	122140	118118
AKKARAMAN3	24	117139	144164	129129	122124	116128
AKKARAMAN3	25	137151	144162	125127	124136	118130
AKKARAMAN3	27	129137	142144	129137	132136	118118
AKKARAMAN3	28	129137	142144	127131	136136	118128
AKKARAMAN3	29	141149	144144	123129	124124	118128
AKKARAMAN3	31	129129	144164	129131	124136	118118
AKKARAMAN3	32	137141	158160	127131	124124	118118
AKKARAMAN3	33	129129	144158	129131	134136	118118
NORDUZ	13001	129139	144162	131131	124136	106118
NORDUZ	13003	127137	142168	127129	122132	128128
NORDUZ	13005	129147	144144	127129	132140	118128
NORDUZ	13006	129129	144150	127127	122132	120128
NORDUZ	13007	137151	144162	129129	124136	120128
NORDUZ	13008	137151	142144	129129	124136	118120
NORDUZ	13009	137141	160162	127129	124124	116116
NORDUZ	13010	139139	000000	127129	122122	120128
NORDUZ	13011	137147	150154	127129	124132	118128
NORDUZ	13012	139147	144162	129131	124136	116118
NORDUZ	13013	139143	144144	129131	124136	106118
NORDUZ	13014	129129	142144	127129	124124	118118
NORDUZ	13015	129129	144156	129129	124138	116118
NORDUZ	13016	117137	144162	127135	124136	116118
NORDUZ	13017	139139	150152	129129	122124	128130
NORDUZ	13018	129137	144144	119135	124136	118128
NORDUZ	13019	135139	144144	127129	124136	128130
NORDUZ	13020	127137	144150	119133	124124	128132
NORDUZ	13021	131141	144154	123131	124134	118128
NORDUZ	13023	137151	144154	129129	122136	118128
NORDUZ	13024	137141	160168	127129	128136	118118

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
NORDUZ	13025	129141	144160	131135	132136	118118
NORDUZ	13026	139145	150162	129129	136136	106118
NORDUZ	13027	135141	144150	129129	122132	128130
NORDUZ	13029	129137	144144	129129	124136	118130
NORDUZ	13028	129137	144144	131141	136136	118128
HAMDANI	14001	137139	144150	125129	124136	118128
HAMDANI	14002	137139	144154	121125	136140	118120
HAMDANI	14004	129129	144144	127131	124136	118128
HAMDANI	14005	137147	144150	129129	122136	116118
HAMDANI	14006	139151	144154	131131	124124	000000
HAMDANI	14007	137139	144168	129131	132136	128130
HAMDANI	14008	129139	164168	129129	122136	118118
HAMDANI	14009	139139	144144	000000	124136	116118
HAMDANI	14010	137139	144154	127133	124136	116128
HAMDANI	14011	139141	144144	129129	122136	000000
HAMDANI	14012	137139	144150	125129	122124	124128
HAMDANI	14013	137139	154164	127129	136136	000000
HAMDANI	14014	137139	144144	129129	124132	000000
HAMDANI	14015	139147	150154	129129	124136	120128
HAMDANI	14016	137137	144144	127129	122136	118118
HAMDANI	14017	137137	144144	131141	136136	126128
HAMDANI	14018	127129	144150	129131	136136	118118
HAMDANI	14019	137137	158168	131131	122124	118128
HAMDANI	14020	127137	150168	129131	122136	106128
HAMDANI	14021	139139	144144	127129	124124	118128
HAMDANI	14022	129139	144150	129129	124132	128132
HAMDANI	14023	129137	144150	129133	124124	118118
KANGAL	15001	135147	144160	129131	124124	118120
KANGAL	15002	141147	144162	129129	122124	116120
KANGAL	15003	125145	144160	127129	136136	118118
KANGAL	15004	137141	144150	127129	124136	116120
KANGAL	15005	129137	144168	127131	124136	116128
KANGAL	15006	127129	160168	131137	124140	118118
KANGAL	15007	139147	144144	129131	136136	126128
KANGAL	15008	129137	144164	127133	124124	128128
KANGAL	15009	129129	160160	127127	124124	118118
KANGAL	15010	129137	144168	127133	000000	000000
KANGAL	15011	139139	144168	129131	122124	114118
KANGAL	15012	129129	144160	123131	124124	116118
KANGAL	15013	137139	144144	129131	122124	118118
KANGAL	15014	137143	154164	127129	124140	118128
KANGAL	15015	129147	158160	129129	124136	118118
KANGAL	15016	151151	144150	129129	124124	118128
KANGAL	15017	137137	160168	131131	124136	114118
KANGAL	15018	139151	144144	109131	132136	118126
KANGAL	15019	129139	150154	131131	122124	118130
KANGAL	15020	137139	142168	129131	124124	114118
KANGAL	15022	129147	144164	127131	124138	108118

Tablo E.1.'in devamı..

Irklar (Örnekler)	Birey No.	JMP29	JMP58	MAF65	MAF33	MAF209
KANGAL	15023	129137	144160	127129	122132	118128
KANGAL	15024	129137	144168	127133	122134	118118

Tablo E.2. Elde edilen allel frekanslarının ırklara ve örneklerine göre dağılım tablosu.

Lokus adı ve Allel numarası	Irklar/Örnekleri														
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
MAF33															
122	0,179	0,211	0,161	0,046	0,000	0,138	0,191	0,167	0,173	0,069	0,234	0,188	0,135	0,159	0,136
124	0,446	0,342	0,429	0,341	0,188	0,224	0,353	0,150	0,231	0,483	0,234	0,281	0,365	0,341	0,523
126	0,000	0,000	0,000	0,068	0,000	0,000	0,015	0,017	0,019	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000
128	0,000	0,000	0,054	0,000	0,000	0,000	0,029	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000
130	0,000	0,000	0,000	0,023	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,031	0,016	0,000	0,000	0,000
132	0,018	0,105	0,054	0,000	0,104	0,000	0,044	0,100	0,058	0,052	0,031	0,047	0,115	0,068	0,046
134	0,000	0,026	0,000	0,068	0,188	0,017	0,015	0,067	0,039	0,017	0,000	0,016	0,019	0,000	0,023
136	0,357	0,263	0,250	0,341	0,479	0,621	0,294	0,400	0,346	0,259	0,438	0,422	0,308	0,409	0,205
138	0,000	0,000	0,036	0,068	0,042	0,000	0,029	0,083	0,077	0,103	0,000	0,016	0,019	0,000	0,023
140	0,000	0,053	0,018	0,000	0,000	0,000	0,029	0,017	0,019	0,017	0,031	0,000	0,019	0,023	0,046
146	0,000	0,000	0,000	0,046	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
MAF65															
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
109	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,023
119	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,039	0,000	0,000
121	0,000	0,065	0,014	0,000	0,000	0,000	0,037	0,059	0,000	0,000	0,052	0,016	0,000	0,024	0,000
123	0,000	0,022	0,000	0,044	0,000	0,000	0,019	0,029	0,021	0,017	0,086	0,063	0,019	0,000	0,023
125	0,036	0,022	0,014	0,000	0,000	0,271	0,019	0,000	0,042	0,000	0,000	0,016	0,000	0,071	0,000
127	0,411	0,152	0,186	0,239	0,524	0,167	0,222	0,191	0,208	0,190	0,172	0,219	0,212	0,119	0,227
129	0,250	0,370	0,457	0,391	0,214	0,500	0,370	0,206	0,500	0,379	0,466	0,328	0,500	0,500	0,341

* Irk isimlerindeki kısaltmalar Tablo I.1'deki gibidir.

Ek 2. Allel Frekans Dağılımları

Tablo E.2.'nin devamı..

MAF65															
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
131	0,268	0,326	0,271	0,109	0,000	0,063	0,185	0,324	0,146	0,155	0,155	0,219	0,135	0,214	0,318
133	0,000	0,000	0,014	0,152	0,048	0,000	0,019	0,162	0,042	0,121	0,035	0,031	0,019	0,048	0,046
135	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,015	0,021	0,052	0,000	0,000	0,058	0,000	0,000
137	0,036	0,044	0,029	0,065	0,191	0,000	0,074	0,015	0,021	0,069	0,035	0,094	0,000	0,000	0,023
139	0,000	0,000	0,014	0,000	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000
141	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,000	0,019	0,024	0,000
MAF209															
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
106	0,093	0,000	0,088	0,000	0,000	0,161	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,058	0,028	0,000
108	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,023
110	0,000	0,000	0,000	0,273	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
112	0,093	0,000	0,015	0,386	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
114	0,019	0,021	0,088	0,023	0,326	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,068
116	0,482	0,125	0,265	0,046	0,261	0,125	0,349	0,113	0,107	0,103	0,067	0,031	0,096	0,083	0,091
124	0,093	0,000	0,074	0,000	0,022	0,071	0,076	0,048	0,089	0,052	0,050	0,078	0,000	0,028	0,000
126	0,148	0,021	0,162	0,000	0,087	0,232	0,121	0,081	0,161	0,121	0,100	0,078	0,000	0,028	0,046
128	0,000	0,083	0,088	0,000	0,065	0,107	0,046	0,145	0,196	0,224	0,133	0,156	0,289	0,306	0,159
130	0,000	0,021	0,000	0,000	0,152	0,000	0,030	0,048	0,107	0,086	0,117	0,094	0,077	0,028	0,023
132	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,030	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,028	0,000
136	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
118	0,037	0,729	0,206	0,068	0,087	0,214	0,273	0,500	0,286	0,414	0,500	0,500	0,385	0,417	0,523
120	0,000	0,000	0,000	0,091	0,000	0,089	0,030	0,032	0,036	0,000	0,017	0,031	0,077	0,056	0,068
122	0,037	0,000	0,015	0,114	0,000	0,000	0,030	0,016	0,018	0,000	0,017	0,000	0,000	0,000	0,000

Table E.2.'nin devamı..

JMP29															
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
113	0,018	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
115	0,089	0,000	0,029	0,023	0,000	0,259	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
117	0,018	0,021	0,000	0,000	0,000	0,000	0,014	0,103	0,018	0,069	0,017	0,016	0,019	0,000	0,000
119	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
125	0,000	0,000	0,014	0,023	0,104	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,023
127	0,196	0,063	0,086	0,227	0,042	0,315	0,114	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,039	0,046	0,023
129	0,000	0,229	0,071	0,000	0,000	0,000	0,143	0,279	0,196	0,155	0,103	0,109	0,231	0,136	0,273
131	0,000	0,000	0,000	0,091	0,042	0,000	0,000	0,000	0,036	0,086	0,069	0,078	0,019	0,000	0,000
133	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,018	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
135	0,268	0,042	0,200	0,273	0,000	0,093	0,029	0,000	0,089	0,017	0,069	0,063	0,039	0,000	0,023
137	0,161	0,229	0,286	0,273	0,417	0,148	0,300	0,265	0,286	0,207	0,293	0,234	0,231	0,364	0,227
139	0,125	0,146	0,143	0,046	0,125	0,037	0,200	0,265	0,232	0,310	0,224	0,234	0,173	0,364	0,159
141	0,000	0,063	0,029	0,000	0,000	0,000	0,043	0,000	0,018	0,052	0,052	0,063	0,096	0,023	0,046
143	0,018	0,042	0,000	0,000	0,000	0,111	0,014	0,029	0,000	0,035	0,035	0,031	0,019	0,000	0,023
145	0,036	0,021	0,014	0,023	0,000	0,019	0,043	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,023
147	0,071	0,063	0,114	0,000	0,167	0,000	0,043	0,029	0,018	0,035	0,052	0,125	0,058	0,046	0,114
149	0,000	0,063	0,000	0,000	0,000	0,000	0,029	0,000	0,000	0,000	0,086	0,016	0,000	0,000	0,000
151	0,000	0,021	0,000	0,000	0,000	0,000	0,029	0,015	0,018	0,017	0,000	0,000	0,058	0,023	0,068
153	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,054	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
157	0,000	0,000	0,000	0,000	0,104	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000
159	0,000	0,000	0,000	0,023	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
JMP58															
	Akk1	Akk2	Ive	Kıv	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
134	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,039	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
138	0,000	0,000	0,000	0,457	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
140	0,143	0,000	0,014	0,000	0,022	0,080	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tablo E.2.'nin devamı...

JMP58															
	Akk1	Akk2	Ive	K1v	TG	KM	Mork	Hem	Kry1	Kry2	Dağ1	Dağ2	Nor	Ham	Kngl
142	0,464	0,063	0,286	0,065	0,696	0,220	0,014	0,000	0,039	0,035	0,078	0,063	0,060	0,000	0,023
144	0,000	0,458	0,129	0,022	0,087	0,160	0,557	0,397	0,481	0,224	0,391	0,375	0,500	0,546	0,409
146	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,035	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000
150	0,036	0,083	0,171	0,000	0,000	0,040	0,100	0,177	0,019	0,121	0,094	0,109	0,120	0,182	0,068
152	0,000	0,021	0,000	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,017	0,016	0,000	0,020	0,000	0,000
154	0,036	0,083	0,071	0,000	0,109	0,020	0,043	0,059	0,019	0,017	0,000	0,031	0,060	0,114	0,046
156	0,018	0,000	0,014	0,065	0,000	0,000	0,000	0,088	0,039	0,052	0,031	0,016	0,020	0,000	0,000
158	0,071	0,042	0,114	0,152	0,087	0,080	0,029	0,029	0,077	0,017	0,031	0,031	0,000	0,023	0,023
160	0,143	0,083	0,029	0,109	0,000	0,240	0,043	0,074	0,115	0,259	0,094	0,078	0,060	0,000	0,205
162	0,018	0,063	0,100	0,000	0,000	0,040	0,100	0,074	0,019	0,035	0,094	0,094	0,120	0,000	0,023
164	0,000	0,083	0,000	0,065	0,000	0,000	0,043	0,044	0,058	0,000	0,094	0,109	0,000	0,046	0,068
166	0,054	0,000	0,057	0,022	0,000	0,020	0,000	0,000	0,000	0,052	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
168	0,018	0,021	0,014	0,022	0,000	0,080	0,071	0,029	0,039	0,103	0,063	0,063	0,040	0,091	0,136
170	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,020	0,000	0,029	0,019	0,017	0,000	0,031	0,000	0,000	0,000

PROJE ÖZET BİLGİ FORMU

Proje No : TBAG-2127(101T118)
2- İlgili Araştırma Grubu : Temel Bilimler Araştırma Grubu
3- Projenin Başlangıç ve Bitiş Tarihleri : Aralık 2001 – Aralık 2004
4- Projenin Adı : Yerli Koyun Irklarında Bulunan Genetik Çeşitlilik
5- Proje Yürütücüsü : Prof. Dr. İnci Togan Yardımcı Araştırmacılar : Prof. Dr. M. İhsan Soysal : Doç. Dr. Vahdettin Altunok : Dr. Evren Koban : Emel Özkan : Dr. Ayşe Ergüven
6- Projenin Yürütüldüğü Kuruluş ve Adresi : Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, 06531 Ankara
7- Destekleyen Kuruluş(ların) Adı ve Adresi : -TÜBİTAK, Atatürk Bulvarı No. 221, 06100 Kavaklıdere, Ankara -İngiliz Kültür Derneği, İnan Cad. Karum İş Mrk., C Blok Kat 5 No. 437, 06700 Ankara -Econogene (ilgili kişi: Prof. P. Ajmone Marsan) Institute of Zootechnics, Catholic University of S.Cuore, Piacenza, Italy
8- Özet : <p>Bu çalışmada, Türk koyun ırklarında mevcut genetik çeşitlilik 5 mikrosatelit lokusu kullanılarak incelenmiştir. Devlet üretim çiftlikleri, üniversite üretim çiftlikleri ve yerel yetiştiricilerin elinde bulunan sürülerden yerli ve melez onbir Türk ırkı (Akkaraman, Morkaraman, Kıvırcık, İvesi, Dağlıç, Karayaka, Hemşin, Norduz, Kangal, Konya Merinosu, Türkgeldi) ile bireyleri Irak'tan getirilmiş yabancı bir ırkı (Hamdani) temsil eden toplam 423 birey bu çalışmada kullanılmıştır. Bazı ırklar için birden fazla örnekleme yapılmıştır.</p> <p>Genetik varyasyonun ölçütlerinden beklenen heterozigotluk (H_E) 0.686 ile 0.793 arasında, ortalama gözlenen allel sayıları (OAS) ise 5.8 ile 11.8 arasında değişmiştir. Türkiye üzerinde allel frekans dağılımları, evcilleşme merkezlerinden olmuş olabilecek göçlerle beklenen, doğudan batıya geçişli bir değişim göstermemiştir. F_{ST} indeksi Akkaraman, Karayaka ve Dağlıç'ta aynı ırkın farklı örnekleme noktalarındaki farklılaşmayı ölçmek için kullanılmıştır ve yetiştirme çiftliğinden alınan Akkaraman'ın diğer iki Akkaraman</p>

populasyonundan istatistiki önemle ($P < 0.001$) farklı olduğu bulunmuştur. F_{IS} indeksi ile ırklar Hardy-Weinberg (H-W) dengesi açısından test edilmiş, Akkaraman1, İvesi, Morkaraman ve Hemşin'de H-W'den sapma tespit edilmiştir. AMOVA analizi toplam genetik varyasyonun büyük bir kısmının (~%95) ırk içi bireyleri arasında olduğunu göstermiştir. Paralel sonuçlar ırk ve bireyleri arası genetik ilişkinin incelendiği faktöriyel benzerlik analizi ve allel paylaşım uzaklığı ile de elde edilmiş ve genellikle, ırklar arası belirgin bir fark görülmemiştir. D_A genetik uzaklığı ile çizilen komşu birleştirme ağacı ve temel öğeler analizi ise ırklar ve çeşitli örnekleri arası farklılaşmayı incelemek için kullanılmıştır. Özellikle ilk analiz çiftlik örneklerinin farklı olduğunu göstermiştir. Delaunay ağı ırklar arasında 4 adet (ikisi coğrafi bariyer ile paralel) genetik sınır belirlemiştir. Sonuçların hepsi Kıvırcık ırkının diğerlerinden çok farklı olduğu yönündedir. Mantel testi ve Darboğaz testi istatistiksel olarak anlamlı bir sonuç ortaya koymamıştır.

Avrupa ırklarının çoğuna genetik olarak en yakın bulunan Kıvırcık örneği olmuştur. Türk ırklarında Avrupa ırklarından yüksek fakat çok da farklı olmayan bir genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Bunda son yıllarda koyun sayısında, Türkiye'de, yaşanan hızlı düşüş etkili olmuş olabileceği düşünülmüştür.

Abstract:

In this study the genetic diversity in Turkish native sheep breeds was investigated based on five microsatellite loci. In total, 423 individuals from 11 native and crossbred Turkish sheep breeds (Akkaraman, Morkaraman, Kıvırcık, İvesi, Dağlıç, Karayaka, Hemşin, Norduz, Kangal, Konya Merinosu, Türkgeldi) and one Iraqi breed (Hamdani) were analyzed by sampling from breeding farms and local breeders. For some of the breeds sampling was done more than once.

Genetic variation within breeds was estimated by expected heterozygosity (H_E), which ranged between 0.686 and 0.793 and by the mean number of observed alleles (MNA), it ranged between 5.8 and 11.8. The allele frequency distribution across Turkey showed no gradient from east to west, gradient was expected in accordance with the migrations from the domestication centers. The differentiation between different samples of Akkaraman, Dağlıç and Karayaka breeds was tested by F_{ST} index. Akkaraman1 sample from the breeding farm

was significantly ($P < 0.001$) different from the other two Akkaraman samples. Deviation from Hardy-Weinberg expectations observed for Akkaraman1, İvesi, Morkaraman and Hemşin breeds. AMOVA analysis revealed that most of the total genetic variation (~95%) was within the individuals of the breeds. In parallel to this observation, when factorial correspondence analysis and shared alleles distances were used to analyze the relationship between the breeds and their individuals, generally, there were no clear discriminations between the breeds. Moreover, neighbour joining tree constructed based on D_A genetic distance, and principle component analysis were used to analyze among breed differentiation. The former one emphasized the genetic distinctness of the farm samples. Delaunay network drew 4 genetic boundaries (two of them being parallel to geographic boundaries) between the breeds. All the results indicated that Kıvırcık was the most differentiated breed. Finally, Mantel Test and Bottleneck analysis did not reveal a significant result.

Kıvırcık breed, among all native Turkish breeds, was found to be the genetically closest to the European breeds based on the loci analyzed. The genetic variation in Turkish breeds was not much higher than that of European breeds, which might be a consequence of the recent sharp decrease in sheep number, in Turkey.

9- **Anahtar Kelimeler :**

DNA, mikrosatelit, genetik çeşitlilik, koyun, *Ovis*, Türk ırkları, çiftlik hayvanları.

10- **Projede Yapılan Çalışmaların Sonuçları ile İlgili Yayınlar (makale, tebliğ) :**

Genetic diversity of native and crossbreed sheep breeds in Anatolia. Evren Koban, PhD Thesis, 2004.

Tebliğ ve makale hazırlanıyor.

11- **Proje Sonuçlarının Gizlilik Durumu :**

Gizli

Gizli Değil