

## TÜRKİYE' DE YETİŐTİRİLEN ÇEŐİTLİ SİĐİR IRKLARI ARASINDAKİ GENETİK İLİŐKİLER

(Genetic Relationships Among Cattle Breeds in Turkey)

Ceyhan ÖZBEYAZ<sup>1</sup>

Mehmet Ali YILDIZ<sup>2</sup>

Handan ÇAMDEVİREN<sup>3</sup>

1. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı – ANKARA

2. Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı – KONYA

3. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı – ANKARA

### ÖZET

Türkiye'de yetiőtirilen çeőtli kültür (Holőtayn, Jersey ve Esmer) ve yerli sığır ( DAK, GAK, YK ve Boz) populusyonlarında biyokimyasal polimorfizmden (Hb, Pa, Am-I ve Tf.) yararlanılarak akrabalı yetiőtirme katsayıları, ortalama heterozigotluk ve genetik uzaklık deđerleri tahmin edilmiőtir.

Her bir lokusta hesaplanan akrabalı yetiőtirme katsayıları ırklara göre farklılık göstermiőtir. Ortalama heterozigotluklar ( $\hat{H}$ ) yerli populusyonlarda  $0.387\pm 0.130$ – $0.512\pm 0.076$ , kültür ırklarında ise  $0.327\pm 0.154$  –  $0.439\pm 0.058$  olarak bulunmuőt ve ortalama heterozigotluk deđerleri arasındaki farklılıkların önemli olmadığı tespit edilmiőtir. Genetik uzaklık( $d_{ij}$ ) deđerleri yerli sığır ırkları arasında  $0.006$  -  $0.090$ , kültür ırkı populusyonlarında  $0.050$  –  $0.128$ , yerli ve kültür ırkları arasında ise  $0.032$  -  $0.170$  olarak belirlenmiőtir.

Kümeleme analizinde (UPGMA) üç ana sınıf tespit edilmiőtir. GAK ve Jersey ırkları birbirine uzak olan iki farklı ana kümeyi oluőtürmuőtür. GAK ve Jersey ana sınıflarının ortasındaki ana kümede Esmer, Holőtayn ve yerli sığır (DAK, YK ve Boz) populusyonlarından oluőtan üç alt grup yer almıőtir.

Çalıőtılan lokuslar bakımından GAK ve Jersey populusyonlarının hem kendi içlerinde birbirlerinden hem de diđer ırklardan farklı genetik yapılar da olduđu bulunmuőtür. DAK, YK ve Boz populusyonları benzer genetik yapılar a sahip olmakla birlikte bu ırkların Esmer ırkına olan genetik yakınlıklarının Holőtayn populusyonuna olan benzerliklerinden daha fazla olduđu tespit edilmiőtir. Sığır ırklarının tasnif edilmesinde kümeleme analizinin kullanıőtılı bir metot olduđu sonucuna varılmıőtir.

**Anahtar kelimeler :** Yerli sığır, akrabalı yetiőtirme katsayısı, heterozigotluk, genetik uzaklık, kümeleme analizi.

### SUMMARY

Fixation index, average heterozygosity and genetic distances were estimated among cattle breeds in Turkey by using biochemical polymorphism (Hb, Pa, Am-I and Tf).

Fixation indexes in each locus were different among breeds.

Average heterozygosity ( $\hat{H}$ ) were  $0.387\pm 0.130$  –  $0.512\pm 0.076$  in native populations and  $0.327\pm 0.154$  –  $0.439\pm 0.058$  in culture populations. Between the differences of the estimated values of average heterozygosity was not significant.

Genetic distance ( $d_{ij}$ ) were calculated as  $0.006$  to  $0.090$  among native breeds,  $0.050$  to  $0.128$  among culture, breeds and  $0.032$  to  $0.170$  between native and culture breeds.

Three main clusters were determined by cluster analysis (UPGMA). South-eastern Anatolian Red and Jersey breeds which was very far between each other were constituted two different main cluster. In the other main cluster, there was three subgroups which were made up by Holstein-Friesian, Brown Swiss and native breeds except South-eastern Anatolian Red. These main groups were taken part in between Jersey and South-eastern Anatolian Red groups.

For the respect of the studied loci, it was found that Jersey and South-eastern Anatolian Red populations had very different genetic structures than the others. Grey Steppe, Native Black and East Anatolian Red were very similar between each others. Those native breeds were more closely related to Brown Swiss than the Holstein-Friesian breed. It was concluded that cluster analysis was a very useful method for classification of the cattle breeds.

**Key Words :** Native Cattle, Fixation Index, Average Heterozygosity, Genetic Distance, Cluster Analysis.

## GİRİŞ

Sığırların M.Ö. 5000-6000 yıllarında Anadolu'da evcilleştirildiği ve buradan dünyanın diğer bölgelerine yayıldığı kabul edilmektedir. Bugün dünyada yaklaşık olarak 300 sığır ırkının var olduğu ve bu ırkların *Bostaurus primigenius* ve *Bostaurus brachyceros* yabani formlarından köken aldığı bildirilmektedir (25). Avrupa, Batı Asya ve Kuzey Afrika'da yaygın olarak bulunan *Bostaurus primigenius* formundan orijin alan sığır ırkları arasında Holştayn (Siyah Alaca) ve Boz step ırkları yer almaktadır. Jersey, İsviçre Esmeri ve Anadolu'nun yerli ırkları Avrupa'nın yerleşik sığır ırklarının köken aldığı *Bostaurus brachyceros* grubuna dahil edilmektedir.

Dünya sığır ırkları atlasında Holştayn, Jersey ve Doğu Avrupa ırkları ile, Güney Doğu Avrupa ve Boz step ırklarının birbiriyle yakın akraba oldukları bildirilmektedir (2).

Ayrıca, Kafkas, Orta Asya ve Orta Doğu'nun yerli ırkları iki büyük alt grupta incelenmektedir. Bu alt gruplardan ilkinde Mezopotamya'dan köken alan sığır ırkları yer almaktadır. Anadolu Yerli Kara sığırı bu grupta değerlendirilmektedir. Diğer alt grupta ise, Güney Anadolu Kırmızısı(GAK)ırkının da içinde yer aldığı *Damascus* bulunmaktadır (2).

Yeryüzünde çok geniş bir alana yayılmış olan sığır ırklarının, farklı yabani formlardan köken almaları, uygulanan çeşitli seleksiyon sistemleri ve ayrıca değişik yetiştirme tekniklerinden kaynaklanabilecek nedenlerle kendi içlerinde ve orijin aldıkları

atalarından büyük farklılıklar gösterebileceği muhtemeldir.

Çeşitli sığır ırklarının tanımlanmasında ve mevcut populasyonlar arasındaki genetik ilişkilerin tespit edilmesinde morfolojik özelliklerden, kan proteinlerinden ve DNA polimorfizminden yaygın bir şekilde yararlanılmaktadır. Taksonomik çalışmalarda morfolojik karakterlerden yararlanma, ırklar arasındaki farklılığı ve benzerliği ortaya çıkarmada geleneksel bir metot olmasına rağmen, uzun zaman gerektirmekte ve bazı hibrit türlerin ayırımında yetersiz kalmaktadır. Buna karşılık çeşitli organ ve doku ekstraktlarının biyokimyasal analizlerine dayalı elektroforetik ayırım tekniklerinin kullanımı ile subjektif yorumların yerine daha objektif değerlendirmeler yapılabilir (3). Geliştirilen istatistik metotları kullanılarak populasyonlar arası genetik benzerlik (**genetic similarity**) yada farklılıkları (**genetic distance**) hesaplamak ve mevcut ırkları gruplandırmak (**cluster analysis**) mümkün olmaktadır (11).

Protein polimorfizminden yararlanılarak, sığır populasyonları arasında evrim sürecinde meydana gelebilecek genetik varyasyon tespit edilebilir ve olası varyasyon temelinde sığır ırkları karşılaştırılabilir. Bu amaçla yapılan çalışmalarda polimorfik lokuslarda hesaplanan allel frekanslarından tahmin edilen ortalama heterozigotluk ( $\hat{H}$ =**average heterozygosity**) değerlerinden yararlanılmaktadır.

Dünyanın çeşitli bölgelerinde mevcut sığır ırklarının yukarıda belirtilen kriterlere göre karşılaştırılması ve kümelenendirilmesine yönelik çok sayıda araştırma yapılmıştır.

Hindistan'da yetiştirilen Holştayn, Jersey ve İsviçre Esmeri populasyonlarında Tf lokusu bakımından gözlenen heterozigotluk, Hb lokusuna oranla daha yüksek tahmin edilmiştir (16).

Tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerinin Fransa ve İtalya'da yetiştirilen populasyonlarda, İngiltere ve Kuzey Avrupa'da yetiştirilen ırklardan daha yüksek olduğu (1), Bulgaristan'daki Holştayn sürülerinde 0.0002-0.2622 arasında değiştiği (13) bildirilmektedir. Ayrıca Küba'da yetiştirilen Holştayn'larda (9)  $0.4212 \pm 0.1903$  olarak tahmin edilen ortalama heterozigotluk, Hindistan'daki Holştayn X Haryana, Jersey X Haryana ve İsviçre Esmeri X Haryana melezlerinde (16) sırasıyla 0.38, 0.43 ve 0.38 olarak hesaplanmıştır.

Yapılan araştırmalarda çeşitli Avrupa sığır ırklarında hesaplanan genetik uzaklık değerlerinin 0.011 ile 0.309 arasında değiştiği (1), Macaristan'da yetiştirilen Holştayn ile yerli sığır ırkları arasında 0.109-0.339 olduğu (4), Rusya'daki yerli ırklarla Holştayn populasyonları arasında 0.130-0.234 bulunduğu (18) ve ayrıca Güney Afrika'daki yerli ırklarda 0.052, kültür ırklarında 0.060 ve yerli sığırlar ile kültür ırkları arasında ise 0.065 olduğu (15) bildirilmiştir.

Yapılan kümeleme çalışmaları sonucunda, Fransa ve İtalya'da yetiştirilen

populasyonlar ile Simental ırkının aynı ana kümede yer aldığı, buna karşılık İngiltere, Kuzey Avrupa ve İskoçya' da yetiştirilen sürülerin farklı bir ana sınıfı meydana getirdiği ifade edilmiştir (1).

Küba' da yetiştirilen Holştayn ve Zebu populasyonlarının (9), Almanya'daki Holştayn, Jersey ve Amerikan orjinli İsviçre Esmeri sürülerinin (17) ve Holştayn, İsviçre Esmeri ve Jersey ırklarının (19) aynı ana kümede yer aldıkları belirtilmiştir.

Türkiye'de mevcut sığır ırklarının biyokimyasal sistemler temelinde tanımlanmasına yönelik çalışmalar sınırlı sayıda olmakla birlikte, bu araştırmaların tamamında belirli lokuslar bakımından tip tayini yapılarak gen ve genotip frekansları hesaplanmış ve tespit edilen genotipler ile ekonomik verimler arasında olası genetik ilişkiler araştırılmıştır (5, 6, 7, 10, 23, 27, 29, 30).

Hemoglobin (Hb) lokusu bakımından yapılan çalışmalarda Hb<sup>A</sup> allel frekansının Türkiye'de yetiştirilen çeşitli sığır ırklarında yaygın olduğu bulunmuştur (7, 10, 21, 22, 29, 30).

Çalışılan yerli ve kültür ırklarında farklı sayıda transferrin allelleri tespit edilmiştir. Jersey, Siyah Alaca, Esmer, Esmer x DAK melezleri ve Yerli Kara melezlerinde (7), DAK ve Yerli Kara populasyonlarında (30), DAK sığırlarında (29), Boz ırk, Holştayn ve Boz ırk x Holştayn melezlerinde (10) ve Esmer, Siyah Alaca ve Sarı Alaca sığır sürülerinde (5) Esmer ve Holştayn populasyonlarında (22) çeşitli sayılarda transferrin fenotiplerinin belirlendiği bildirilmiştir.

Belirtilen hemoglobin ve transferrin sistemlerine ilave olarak süt proteinleri polimorfizmine yönelik birkaç araştırma yapılmış olup, bu çalışmalar da tip tayini ve tespit edilen genotiplerle kantitatif özellikler arasında olası genetik ilişkilerin araştırılması ile sınırlı kalmıştır (6, 23, 27, 30).

Bu araştırmada Türkiye’de yetiştirilen bazı yerli ve kültür ırkı sığırların, Hemoglobin (Hb), Postalbumin (Pa), Amilaz (Am-I) ve Transferrin (Tf) sistemleri bakımından genetik yapılarının belirlenmesi, popülasyonların akrabalı yetiştirme (kan yakınlığı) katsayılarının tespit edilmesi, popülasyonlardaki heterozigotlukların tahmin edilmesi ve genetik uzaklık değerlerinin hesaplanması amaçlanmıştır.

## MATERYAL ve METOT

### Materyal

Araştırmanın materyalini Tablo 1’ de verilen Türkiye’nin farklı işletmeleri ve değişik bölgelerinde yetiştirilen yerli ve kültür ırkı olmak üzere toplam 820 baş sığır oluşturmuştur.

Tablo 1. Materyal olarak kullanılan sığır ırkları, örnek genişlikleri ve yetiştirildiği işletmeler.

Sığır Irkları	Örnek Genişliği	Yetiştirildiği Bölge ve İşletmeler
Güney Anadolu Kırmızısı (GAK)	101	Ceylanpınar Tar. İşletmesi ve G.D.A bölgesi
Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK)	42	Ankara E.B.K Kombinasi
Boz Irk (Boz)	56	Eskişehir ve Civar Köyleri
Yerli Kara (YK)	35	Ankara E.B.K Kombinasi
İsviçre Esmeri (Esmer)	23	Ankara Şeker Fabrikası
	96	Malya Tarım İşletmesi
	63	Konuklar Tarım İşletmesi
	141	Anadolu Tarım İşletmesi
	30	Eskişehir Şeker Fabrikası
	35	Lalahan ve Karaköy Suni Toh. Boğaları
	Toplam 365	
Jersey	56	Karaköy Tarım İşletmesi
Siyah Alaca veya Holştayn (Holstein-Friesian)	88	Bala Tarım İşletmesi
	50	Polatlı Tarım İşletmesi
	18	Lalahan ve Karaköy Suni Toh. Boğaları
	9	Ankara Şeker Fabrikası
		Toplam 165

### Metot

#### Kan Örneklerinin Alınması ve Elektroforetik Analizler

Sığırların vena jugularisinden antikoagülanlı ve antikoagülantsız tüplere 10’ar ml kan örneği alınmıştır. Kan örnekleri 3000 rpm’de 15 dakika santrifüj edilerek plazma, serum (antikoagülantsız kanlarda) ve hücre kısmı birbirinden ayrılmıştır. Kanın eritrosit kısmı serum fizyolojik ile 3 kez yıkanmış ve toplanan plazma, serum ve eritrosit örnekleri kullanılmaya kadar –20 °C de saklanmıştır. Hemoglobin fenotipleri Efremov (8)’a, serum amilaz-I sistemi ise Thinnes (28)’e göre nişasta jel elektroforezi ile belirlenmiştir. Serum transferrini ve postalbümin tiplerinin belirlenmesi de yine Thinnes (28)’e göre poliakrilamid jel elektroforezi ile yapılmıştır. Polimorfik sistemlerin tip tayininde Hannover Veterinerlik Yüksek Okulu’ndan sağlanan standartlardan yararlanılmıştır.

### Gen Frekanslarının ve Standart Hatalarının Hesaplanması

Çalışılan polimorfik lokuslarda gen frekansları ( $x_i$ ) ve standart hatalarının  $S_{x_i}$  hesaplanmasında allel (gen) sayma yöntemi (20) kullanılmıştır.

$$x_i = (2n_{ii} + \sum_{j \neq i} n_{ij}) / (2n)$$

$$S_{x_i} = \sqrt{x_i (1-x_i) / 2n}$$

$x_i$  : i' inci allelin frekansı

$n_{ii}$  : i' inci allel bakımından homozigot bireylerin sayısı

$n_{ij}$  : i' inci allel bakımından heterozigot bireylerin sayısı

$n$  : Toplam birey sayısı

### Ortalama Heterozigotluk ve Standart Hatalarının Hesaplanması

Irklar arasındaki genetik varyasyonun bir ölçüsü olan ortalama heterozigotluk ( $\hat{H}$ ) değeri ile standart hataları ( $S(\hat{H})$ ) Nei (20)' e göre tahmin edilmiştir.

$$\hat{H} = \sum_{i=1}^r h_i / r$$

$$S(\hat{H}) = \sqrt{\frac{1}{r} \sum_{i=1}^r (h_i - \hat{H})^2 / (r-1)}$$

$$h_i = 2n (1 - \sum x_i^2) / (2n-1)$$

$$S(h_i) = \sqrt{2 [\sum x_i^3 - (\sum x_i^2)^2] / n}$$

$\hat{H}$ : Ortalama heterozigotluk

$S(\hat{H})$ : Ortalama heterozigotluk değerinin standart hatası

$h_i$ : i' inci lokusta beklenen heterozigotluk (tek lokus heterozigotluğu) değeri

$S(h_i)$ : i' inci lokusta beklenen ortalama heterozigotluk (tek lokus heterozigotluğu) değerinin standart hatası

$x_i$  : i' inci lokustaki allel frekansı

$r$  : Çalışılan toplam lokus sayısı

$n$  : i' inci lokustaki toplam birey sayısı

Populasyonlar arasında tahmin edilen ortalama heterozigotluk ( $\hat{H}$ ) değerleri arasındaki farklılıkların önemli olup olmadığı t-testi ile kontrol edilmiştir (20).

$$t = d / S_d$$

$$d = \hat{H}_x - \hat{H}_y$$

$$S_d = \sqrt{S(\hat{H}_x)^2 + S(\hat{H}_y)^2}$$

$d$  :  $x$  ve  $y$  ırklarında tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki fark

$\hat{H}_x$ :  $x$  ırkında tahmin edilen ortalama heterozigotluk değeri

$\hat{H}_y$ :  $y$  ırkında tahmin edilen ortalama heterozigotluk değeri

$S(\hat{H}_x)$ :  $x$  ırkında tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerinin standart hatası

$S(\hat{H}_y)$ :  $y$  ırkında tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerinin standart hatası

### Akrabalı Yetiştirme Katsayısının Hesaplanması

Populasyonlarda uygulanan akrabalı yetiştirmeye bağlı olarak homozigotların frekansı artmaktadır. Akrabalı yetiştirme

uygulandığı bir populasyonda beklenen Hardy-Weinberg oranlarından meydana gelen sapma, homozigotlaşma indeksi (**fixation index**) olarak tanımlanmakta olup bu indeks **F** ile gösterilmektedir. **F** değeri aynı zamanda belirli bir lokusta akrabalı yetiştirme sonucunda meydana gelen homozigotlaşma oranı olarak ifade edilmektedir (31). Üzerinde çalışılan bir populasyonda akrabalı yetişmenin dışında diğer faktörlerin (seleksiyon, benzeyenlerin çiftleştirilmesi ve populasyonların alt populasyonlara bölünmesi vb.) herhangi bir etkisi bulunmuyorsa bu durumda, **F** değeri Wright (31)'ın akrabalı yetiştirme katsayısına (**coefficient of inbreeding**) eşit olur (20).

Her bir lokustaki  $F_i$  değerleri Nei (20)' e göre hesaplanmıştır.

$$F_i = (H_e - H_o) / H_e$$

$H_e$  : k'inci lokus bakımından Hardy Weinberg dengesinde olduğu kabul edilen bir populasyonda, heterozigot-ların beklenen oranı olup bu oranın hesaplanmasında,

$$H_e = 1 - \sum_{i=1} x_i^2 \quad \text{formülü kullanılır.}$$

$x_i$  : i. allelin frekansı

$m$  : allel sayısı

$H_o$  : Gözlenen heterozigotluk oranı olup, bir lokustaki heterozigot fenotiplerin toplam birey sayısına oranıdır.

Her bir lokusta tahmin edilen akrabalı yetiştirme katsayılarının ( $F_i$ ) önem kontrolünde  $\chi^2$ (serbestlik derecesi = allel sayısı-1) testi kullanılmıştır.

### Genetik Uzaklıkların Hesaplanması

Sığır populasyonları arasındaki genetik uzaklıkların tahmini için Nei (20)' nin **standart genetic distance ( $d_{ij}$ )** yöntemi kullanılmıştır. Buna göre **i** ve **j** populasyonları için genetik uzaklık, aşağıdaki formül kullanılarak tahmin edilmiştir. Ayrıca Nei (20)' nin genetik uzaklık değerleri kullanılarak yapılan kümeleme analizinde, dendogramlar için Sneath and Sokal (24) tarafından verilen UPGMA (**unweighted pair-group method**) metodu uygulanmıştır. Bu amaçla NTSYS-pc (22) bilgisayar paket programından yararlanılmıştır.

$$d_{ij} = \ln \left\{ \frac{\begin{matrix} 1 & r & k_m \\ - & \sum & \sum & x_{pmi}x_{pmj} \\ r & m=1 & p=1 \end{matrix}}{\sqrt{\begin{matrix} 1 & r & k_m \\ - & \sum & \sum & x_{pmi}^2 \\ r & m=1 & p=1 \end{matrix}} \begin{matrix} 1 & r & k_m \\ - & \sum & \sum & x_{pmj}^2 \\ r & m=1 & p=1 \end{matrix}} \right\}$$

$\ln$  : Doğal logaritma tabanı

$r$  : Çalışılan lokus sayısı

$k_m$  : m. lokustaki allel sayısı

$x_{pmi}$  : i' inci populasyonda p' inci lokustaki m' inci allelin frekansı

$x_{pmj}$  : j' inci populasyonda p' inci lokustaki m' inci allelin frekansı

### BULGULAR

#### Gen Frekansları

Çalışılan hemoglobin (Hb), postalbumin (Pa), amilaz-I (Aml) ve transferrin (Tf) sistemlerinde tam bir polimorfizm gözlenmiş olup, hesaplanan allel frekansları ve standart

TÜRKİYE' DE YETİŞTİRİLEN ÇEŞİTLİ SIĞIR IRKLARI ARASINDAKİ GENETİK İLİŞKİLER

hataları Tablo 2'de verilmiştir. Hemoglobin sisteminde Hb<sup>A</sup>, Hb<sup>B</sup> ve Hb<sup>C</sup> allelleri, Pa sisteminde Pa<sup>A</sup> ve Pa<sup>B</sup>, Am-I sisteminde Am-I<sup>B</sup> ve Am-I<sup>C</sup>, Tf sisteminde Tf<sup>A</sup>, Tf<sup>B</sup>, Tf<sup>D1</sup>, Tf<sup>D2</sup>, Tf<sup>E</sup> ve Tf<sup>F</sup> allelleri tespit edilmiştir.

Çalışılan populasyonlarda hemoglobin lokusunda Hb<sup>A</sup>, postalbümin sisteminde Pa<sup>B</sup>,

amilaz-I lokusunda ise Am-I<sup>B</sup> allel frekansları daha yüksek bulunmuştur. Serum transferrin sistemi bakımından tespit edilen allel frekansları populasyonlara göre farklılık göstermektedir.

Tablo 2. Populasyonlarda hesaplanan gen frekansları ( $x_i$ ) ve standart hataları ( $Sx_i$ )

Polimorfik Lokuslar	GAK (n=101)	DAK (n=42)	Boz (n=56)	YK (n=35)	Esmer (n=365)	Jersey (n=56)	Holştayn (n=165)
Hb <sup>A</sup>	0.660±0.033	0.940±0.026	0.950±0.021	0.940±0.028	0.760±0.016	0.550±0.047	0.994±0.004
Hb <sup>B</sup>	0.340±0.033	0.060±0.026	0.040±0.019	0.060±0.028	0.240±0.016	0.450±0.047	0.006±0.004
Hb <sup>C</sup>	0.000±0.000	0.000±0.000	0.010±0.009	0.000±0.000	0.000±0.000	0.000±0.000	0.000±0.000
Pa <sup>A</sup>	0.430±0.035	0.300±0.050	0.320±0.044	0.250±0.052	0.122±0.012	0.160±0.035	0.072±0.014
Pa <sup>B</sup>	0.570±0.035	0.700±0.050	0.680±0.044	0.750±0.052	0.878±0.012	0.840±0.035	0.928±0.014
Am-I <sup>B</sup>	0.750±0.030	0.680±0.051	0.790±0.038	0.810±0.047	0.825±0.014	0.660±0.045	0.591±0.027
Am-I <sup>C</sup>	0.250±0.030	0.320±0.051	0.210±0.038	0.190±0.047	0.175±0.014	0.340±0.045	0.409±0.027
Tf <sup>A</sup>	0.170±0.026	0.200±0.044	0.210±0.038	0.310±0.055	0.186±0.014	0.630±0.046	0.336±0.026
Tf <sup>B</sup>	0.030±0.012	0.040±0.021	0.050±0.021	0.007±0.010	0.007±0.003	0.000±0.000	0.006±0.004
Tf <sup>D1</sup>	0.150±0.025	0.310±0.050	0.320±0.044	0.290±0.054	0.497±0.019	0.130±0.032	0.430±0.027
Tf <sup>D2</sup>	0.130±0.024	0.200±0.044	0.270±0.042	0.280±0.054	0.215±0.015	0.240±0.040	0.146±0.019
Tf <sup>E</sup>	0.450±0.035	0.180±0.042	0.090±0.027	0.113±0.038	0.095±0.011	0.000±0.000	0.082±0.015
Tf <sup>F</sup>	0.070±0.018	0.070±0.028	0.060±0.022	0.000±0.000	0.000±0.000	0.000±0.000	0.000±0.000

Tablo 3. Populasyonlarda hesaplanan ortalama heterozigotluk değerleri.

Polimorfik Lokuslar	GAK (n=101)	DAK (n=42)	Boz (n=56)	YK (n=35)	Esmer (n=365)	Jersey (n=56)	Holştayn (n=165)
hHb ± S(hHb)	0.451±0.021 <sup>b</sup>	0.114±0.045 <sup>d</sup>	0.097±0.038 <sup>d</sup>	0.114±0.050 <sup>d</sup>	0.365±0.016 <sup>c</sup>	0.499±0.009 <sup>a</sup>	0.012±0.008 <sup>c</sup>
hPa ± S(hPa)	0.493±0.010 <sup>a</sup>	0.425±0.040 <sup>a</sup>	0.439±0.032 <sup>a</sup>	0.380±0.052 <sup>b</sup>	0.215±0.018 <sup>c</sup>	0.271±0.047 <sup>b</sup>	0.134±0.024 <sup>d</sup>
hAm-I ± S(hAm-I)	0.377±0.030 <sup>ab</sup>	0.440±0.030 <sup>a</sup>	0.335±0.045 <sup>c</sup>	0.312±0.502 <sup>c</sup>	0.289±0.018 <sup>bc</sup>	0.453±0.293 <sup>a</sup>	0.485±0.010 <sup>a</sup>
hTf ± S(hTf)	0.727±0.022 <sup>b</sup>	0.794±0.010 <sup>a</sup>	0.773±0.017 <sup>ab</sup>	0.739±0.015 <sup>b</sup>	0.664±0.012 <sup>c</sup>	0.533±0.049 <sup>d</sup>	0.676±0.013 <sup>c</sup>
Ortalama Heterozigotluk (Ĥ±S(Ĥ))	0.512±0.076 <sup>a</sup>	0.443±0.139 <sup>a</sup>	0.411±0.140 <sup>a</sup>	0.386±0.130 <sup>a</sup>	0.383±0.099 <sup>a</sup>	0.439±0.058 <sup>a</sup>	0.327±0.154 <sup>a</sup>

Aynı satırda farklı harfle gösterilen heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıklar önemlidir (p < 0.05).

Genel olarak, tüm populasyonlarda Tf<sup>B</sup> ve Tf<sup>F</sup> allellerinin frekansları düşük bulunmuştur. DAK, Boz, Esmer ve Holştayn populasyonlarında Tf<sup>D1</sup>, YK ve Jersey ırklarında Tf<sup>A</sup>, GAK sürüsünde ise Tf<sup>E</sup> allelinin frekansı yüksek bulunmuştur. Hb<sup>C</sup> alleli yalnızca Boz ırkta tespit edilmiştir.

#### Ortalama Heterozigotluk

İrklara göre beklenen ortalama heterozigotluk değerleri standart hatalarıyla birlikte Tablo 3'te verilmiştir.

Tablo 3'te görüldüğü gibi her bir lokusta (h<sub>i</sub>) gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri arasında önemli farklılıklar bulunmaktadır. Hemoglobin lokusunda tahmin edilen ortalama heterozigotluk değeri Holştayn ırkında en düşük (0.012±0.008), Jersey populasyonunda ise en yüksek (0.499±0.009) bulunmuştur. Hemoglobin lokusunda DAK, Boz ve YK populasyonlarında tespit edilen heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıklar önemli bulunmamıştır.

Postalbümin sistemi bakımından GAK, DAK ve Boz ırklarda tespit edilen heterozigotluklar yüksektir. Bu lokusta YK ve Jersey ırkları aynı oranda heterozigotluğa

sahip iken, Holştayn ırkında en düşük heterozigotluk (0.134 ± 0.024) değeri hesaplanmıştır.

Amilaz-I enziminde GAK, DAK, Jersey ve Holştayn populasyonlarında yüksek ve aynı oranda, Boz, YK ve Esmer sürülerinde ise düşük heterozigotluklar hesaplanmıştır.

Transferrin proteini bakımından tahmin edilen heterozigotluk tüm ırklarda diğer lokuslara oranla daha yüksek bulunmuştur. Bu lokusta en düşük (0.533 ± 0.049) varyasyon Jersey ırkında tespit edilmiştir. Esmer ve Holştayn ırklarında hesaplanan heterozigotluk değerleri arasında farklılık bulunmamıştır.

Populasyonların karşılaştırılmalarında her bir lokusta hesaplanan ortalama heterozigotluklardan (h<sub>i</sub>) faydalanmak yerine, çalışılan tüm lokusları dikkate alan ve örnekleme hatasından etkilenmeyen populasyonların ortalama heterozigotluğundan (Ĥ) yararlanmak daha doğru bulunmaktadır. Bu bağlamda araştırılan ırklarda tahmin edilen ortalama heterozigotluk değerleri 0.327±0.154 ile 0.512±0.076 arasında bulunmuştur. Yapılan istatistik analiz sonucunda populasyonların



ortalama heterozigotluk değerleri arasında herhangi bir farklılık bulunmamıştır.

#### Akrabalı Yetiştirme Katsayıları

İrklara göre her bir lokusta hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayıları arasında önemli farklılıklar tespit edilmiştir (Tablo 4).

Hemoglobin lokusu bakımından GAK, Boz ve Holştayn sürülerinde tespit edilen akrabalı yetiştirme katsayıları pozitif ve önemli bulunmuştur.

Postalbümin sisteminde yalnızca YK sürüsünde hesaplanan 0.50 değeri önemli bulunurken ( $p < 0.01$ ), diğer popülasyonlarda hesaplanan akrabalı yetiştirme katsayıları istatistik olarak önemli bulunmamıştır.

Amilaz-I enziminde, kültür ırkları ile DAK ırkında bulunan akrabalı yetiştirme katsayıları önemlidir.

Tf sistemi bakımından -0.12 ile 0.08 arasında tahmin edilen akrabalı yetiştirme katsayıları yapılan khi-kare testi sonucunda önemli bulunmamıştır.

#### Genetik Uzakhklar ve Kümeleme Analizi

İrklar arasında hesaplanan genetik uzaklık değerlerine ait matris Tablo 5’de verilmiştir. Genetik uzaklık değerleri yerli ırklarda 0.006 ile 0.090 arasında değişmektedir. En düşük genetik uzaklık değeri YK-Boz ırk arasında (0.006), en yüksek ise YK ile GAK arasında (0.090) hesaplanmıştır. GAK hem diğer yerli ırklara hem de kültür ırklarına en uzak genetik yapıya sahip popülasyondur. Bununla beraber GAK ırkının yerli ırklara olan benzerliği, kültür ırklarına olan benzerliğinden daha yüksektir. Bu ırkın yerli ırklara olan genetik uzaklığı 0.073-0.090 arasında değişirken, kültür ırklarına olan genetik uzaklığı 0.108-0.156 arasında tespit edilmiştir.

Yerli ve Kültür ırkları arasındaki genetik uzaklık değerleri 0.032-0.170 arasında değişmektedir. Buna göre en düşük genetik uzaklık değeri DAK-Holştayn arasında (0.032) hesaplanırken, en yüksek değer (0.170) GAK-Holştayn arasındadır.

Tablo 4. Her bir lokustaki gözlenen ( $H_O$ ) ve beklenen ( $H_E$ ) heterozigotluk oranları, akrabalı yetiştirme katsayıları( $F_i$ ).

Polimorfik Lokuslar		GAK (n=101)	DAK (n=42)	Boz (n=56)	YK (n=35)	Esmer (n=365)	Jersey (n=56)	Holştayn (n=165)
Hemoglobin (Hb)	$H_O$	0.36	0.12	0.05	0.11	0.34	0.41	0.00
	$H_E$	0.45	0.11	0.10	0.11	0.36	0.50	0.01
	$F_i$	0.20*	- 0.09	0.50**	0.00	0.06	0.18	1.00**
Postalbümin (Pa)	$H_O$	0.43	0.31	0.39	0.19	0.22	0.29	0.13
	$H_E$	0.49	0.42	0.44	0.38	0.21	0.27	0.14
	$F_i$	0.12	0.26	0.11	0.50**	- 0.05	- 0.07	0.07
Amilaz (Am-I)	$H_O$	0.31	0.18	0.25	0.26	0.24	0.32	0.33
	$H_E$	0.38	0.44	0.33	0.31	0.29	0.45	0.48
	$F_i$	0.18	0.59**	0.24	0.16	0.17**	0.29*	0.31**
Transferrin (Tf)	$H_O$	0.69	0.74	0.86	0.67	0.64	0.55	0.62
	$H_E$	0.72	0.79	0.77	0.73	0.66	0.53	0.67
	$F_i$	0.04	0.06	- 0.12	0.08	0.03	- 0.04	0.07

\*  $p < 0.05$  ; \*\*  $p < 0.01$

Tablo 5. Irklar arasındaki genetik uzaklık değerleri.

	GAK	DAK	Boz	YK	Esmer	Jersey
DAK	0.073					
Boz	0.088	0.008				
YK	0.090	0.013	0.006			
Esmer	0.108	0.046	0.041	0.033		
Jersey	0.156	0.143	0.149	0.112	0.108	
Holştayn	0.170	0.032	0.049	0.039	0.050	0.128

Genetik uzaklık değerleri kültür ırklarından Esmer-Holştayn arasında 0.050, Esmer-Jersey arasında 0.108 , Jersey ile Holştayn arasında ise 0.128 olarak tespit edilmiştir.

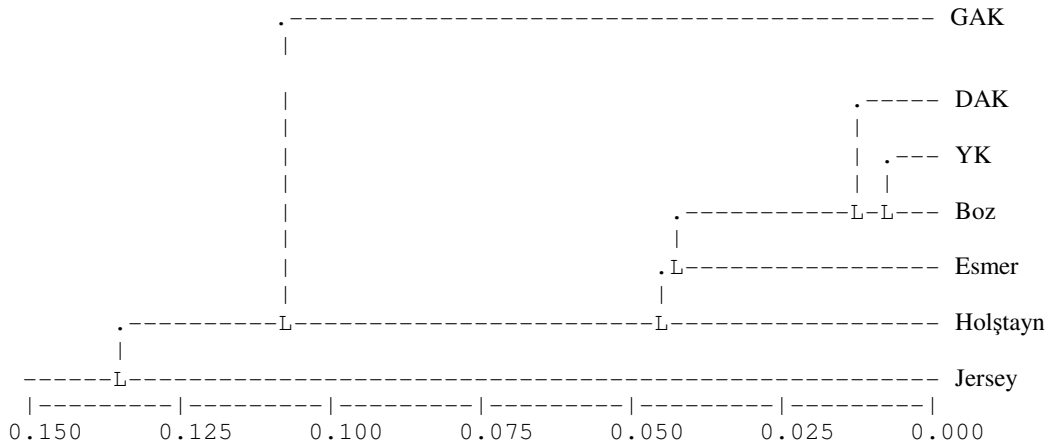
Jersey popülasyonu hem yerli ırklara hem de diğer kültür ırklarına en uzak genetik yapıya sahip olmakla birlikte, genel olarak bu ırkın kültür ırklarına olan genetik benzerliği yerli ırklara oranla daha fazladır.

Genetik uzaklık değerleri ne ilişkin matristen (Tablo 5) yararlanılarak çizilen

UPGMA dendogramı Şekil 1’de verilmiştir.

Çizilen UPGMA dendogramında 3 ana sınıfın oluştuğu görülmektedir. GAK ile Jersey birbirine uzak iki ana kümeyi oluşturmuştur.

Belirtilen bu iki ana kümenin arasında bulunan üçüncü ana sınıf kendi içinde alt gruplardan meydana gelmiştir. Bu ana grupta DAK, YK ve Boz yerli ırklarının aynı alt kümeyi oluşturdukları ve daha sonra sırasıyla Esmer ve Holştayn ırkları ile birleştikleri görülmektedir.



Şekil 1. Irklar arasındaki ilişkileri gösteren UPGMA dendogramı.

## TARTIŞMA

### Gen Frekansları

Hemoglobin lokusu %95 kriterine göre Boz ve Holştayn ırklarında monomorfik, diğer populasyonlarda ise polimorfik yapıdadır.

Hemoglobin lokusu bakımından Hb<sup>A</sup> allel frekansının yüksek bulunması Türkiye’de yapılan diğer araştırmalarla (7, 10, 21, 30) paralellik göstermektedir. Hb<sup>C</sup> alleli yalnızca Boz ırkta tespit edilmiştir. Buna göre, Boz ırkın tanımlanmasında ve diğer sığır ırklarıyla yapılacak karşılaştırmalarda Hb<sup>C</sup> allelinin genetik marker olarak kullanılabilmesi söylenebilir.

Postalbümin ve amilaz-I lokuslarında populasyonların genel olarak tam bir polimorfizm gösterdiği ve sığır ırklarının karşılaştırılmalarında bu lokuslardan da etkin bir şekilde yararlanılabileceği ifade edilebilir.

Transferrin sistemi tüm ırklarda polimorfik bulunmuştur. GAK, DAK ve Boz yerli sığır ırklarında Tf<sup>A</sup>, Tf<sup>B</sup>, Tf<sup>D1</sup>, Tf<sup>D2</sup>, Tf<sup>E</sup> ve Tf<sup>F</sup> allelleri tespit edilirken, YK, Esmer ve Holştaynlarda Tf<sup>F</sup> alleli dışındaki alleller bulunmuştur. Esmer ve Holştayn sürülerinde Tf<sup>B</sup> allelinin mevcudiyeti bu ırklara yerli ırklardan gen aktarımının olabileceğini akla getirmektedir.

Jersey sığır ırkında ise Tf<sup>B</sup>, Tf<sup>E</sup> ve Tf<sup>F</sup> allellerinin bulunmaması bu ırkın diğer ırklarla karşılaştırmalarında kullanılacak markerler olabilir.

### Ortalama Heterozigotluk

Hemoglobin lokusunda gözlenen heterozigotluk değerleri genel olarak (GAK, Jersey ve Esmer ırkları dışında) diğer lokuslarda tespit edilen heterozigotluklardan daha düşüktür. Bu durum örnekleme hatasından kaynaklanabileceği gibi Hb<sup>A</sup> allelinin çalışılan populasyonlarda selektif bir avantaja sahip olması ile de açıklanabilir.

Postalbümin lokusunda yerli ırklarda tespit edilen heterozigotluk, kültür ırklarına oranla yüksektir. Bu yerli ırkların Pa lokusu bakımından kültür ırklarına oranla daha heterojen yapıda olmalarıyla açıklanabilir.

Amilaz-I enzimi bakımından hesaplanan ortalama heterozigotluklar temelinde yerli ve kültür ırkı populasyonları birbirinden ayırmak pek olası değildir.

Transferrin sisteminde tespit edilen heterozigotluk tüm ırklarda diğer lokuslara oranla oldukça yüksek bulunmuştur. Bu, Hindistan’da yetiştirilen Holştayn, Jersey ve İsviçre Esmer’i populasyonlarında bildirilen (16) ve Tf lokusundaki varyasyonun Hb lokusundan fazla olduğu yönündeki sonuçla da desteklenmektedir. Bunun sebebi olarak Tf sisteminde tespit edilen allel sayısının diğer lokuslardaki allel sayısından fazla olması ve buna bağlı olarak ta mevcut genetik varyasyonun ortaya çıkarılma olasılığının yüksek olması gösterilebilir. Yerli ırklarda tespit edilen heterozigotluk kültür ırklarında bulunan heterozigotlukta yüksektir.

Populasyonlardaki genetik varyasyonun en iyi tahmini olarak hesaplanan ve örnekleme hatasından etkilenmeyen ortalama heterozigotluk değerleri oldukça yüksek olup,  $0.327 \pm 0.154$  (Holştayn) ile  $0.512 \pm 0.076$  (GAK) arasında tespit edilmiştir.

Holştayn populasyonlarında tespit edilen ortalama heterozigotluk ( $0.327 \pm 0.154$ ) değeri, Hindistan'daki (16) Holştayn X Haryana melezlerinde bildirilen 0.38 değeri ile Küba'da (9) yetiştirilen Holştaynlarda hesaplanan  $0.4212 \pm 0.1903$  değerlerinden küçük bulunurken, Bulgaristan'daki (14) Holştayn sürülerinde hesaplanan heterozigotluk ( $0.0002-0.2622$ ) değerinden büyüktür.

Jersey ırkında hesaplanan  $0.439 \pm 0.058$  değeri, Hindistan'daki (16) Jersey X Haryana melezleri için bildirilen 0.43 değerleri paralellik göstermektedir.

Esmer sürüsünde bulunan ortalama heterozigotluk ( $0.383 \pm 0.099$ ), Hindistan'daki (16) İsviçre Esmeri X Haryana melezlerinde tahmin edilen değerle (0.38) aynıdır.

Hesaplanan ortalama heterozigotluk değerleri arasındaki farklılıkların istatistik olarak önemli bulunmaması, populasyonların ortalama heterozigotluk değerlerine göre karşılaştırılmasını sınırlamıştır.

Çalışılan populasyonlarda ortalama heterozigotluk değerlerinin yüksek olmasının muhtemel nedenleri arasında; polimorfik yapıda olan az sayıda biyokimyasal sistemin çalışılması ve her bir populasyonun farklı

bölgelerde değişik yetiştirme sistemlerine tabi tutulan bireylerden oluşması gösterilebilir.

### Akrabalı Yetiştirme Katsayıları

Teorik populasyon genetiği prensipleri ne göre; akrabalı yetiştirme, çiftleşip döl veren bireylerin müşterek ceden gelme, yani akraba olma halini ifade eden bir terimdir. Müşterek ceden gelme iki fert arasındaki akrabalığın önemi, bunların müşterek atadaki bir genin kopyelerini taşıyor olabilmeleridir. Böylece akraba iki bireyin çiftleştirilmesiyle meydana gelmiş bir birey, belirli bir lokusta önceki generasyondaki ebeveyninin müşterek atasında bulunan bir genin replikasyonu ile meydana gelen kopyelerine sahip olabilir (böyle bir fert söz konusu lokusta homozigottur). Ancak bir genin özdeşi mutasyonla da meydana gelmiş olabilir ve genlerin bu tip özdeşliği fonksiyonel özdeşlik olarak tanımlanmaktadır. Akrabalı yetiştirme ile konu edilen özdeşlik fonksiyonel özdeşlik olmayıp, genlerin orijini (menşei) bakımından meydana gelen özdeşliktir. Önceki bir generasyonda tek bir genin replikasyonu ile ortaya çıkmış iki gen, müşterek ceden dolayı özdeş (**identical by descent**) olarak isimlendirilirler. Özdeş olmayan iki gen, müşterek ceden bakımından bağımsızdır. Buna göre akrabalı yetiştirme katsayısı (F), bir bireyin ele alınan rasgele bir lokusunda bulunan iki allelinin müşterek ceden dolayı özdeş olma ihtimalini ifade etmektedir. Akrabalı yetiştirme katsayısı (yada müşterek ceden dolayı özdeşlik) aynı ya da farklı bireylerdeki iki veya daha fazla allel gen içinde kullanılmaktadır (12).

Akrabalı yetiştirme katsayılarının ( $F_i$ ) pozitif bulunması homozigotların fitnessinin yüksek olmasıyla,  $F_i$  değerlerinin negatif olması ise heterozigotların fitnessinin yüksek olmasıyla ifade edilmektedir.  $F_i$  değerinin 1 olması o populasyondaki tüm bireylerin homozigot genotiplerde bulunması ile açıklanırken,  $F_i$  değerinin sıfır (0) olması durumunda populasyonun o lokus bakımından Hardy-Weinberg dengesinde olduğu kabul edilir (19).

Buna göre populasyonlardaki homozigotlaşma oranının düşük olduğu ifade edilebilir. Bu düşünce populasyonlara ait ortalama heterozigotluk ( $0.327 \pm 0.154 - 0.512 \pm 0.076$ ) değerlerinin yüksek bulunması ile de desteklenmektedir.

#### **Genetik Uzaklıklar ve Kümeleme Analizi**

Genetik uzaklık değerleri çalışılan populasyonlarda 0.006 ile 0.170 arasında değişmekte olup, bu sonucun Avrupa sığır ırklarındaki (1) değerler (0.011-0.309) ile benzer olduğu görülmektedir.

Yerli ırklar arasındaki genetik uzaklık değerleri 0.006 ile 0.090 arasında geniş bir aralıkta yer almakta olup, bu değerlerin Güney Afrika’daki (15) yerli ırklar için bildirilen 0.052 değeriyle uyum içinde olduğu ifade edilebilir.

Genetik uzaklık değerleri bakımından DAK, YK ve Boz yerli ırklarının birbirlerine genetik benzerlikleri yüksek bulunmuştur. Dolayısıyla bu ırkların yakın akraba olabilme ihtimalleri yüksektir. Bu ırkların GAK ırkı ile

olan genetik uzaklıkları 0.073-0.090 arasındadır. GAK populasyonu, hem diğer yerli ırklara hem de kültür ırklarına en uzak genetik yapıya sahip popülasyondur. Bu farklılık, GAK ırkının diğer yerli ırklarımızın köken aldığı düşünülen yabancı formlar yerine, *Damascus* yabancı sığır ırkından köken alması (2) ile açıklanabileceği gibi söz konusu ırklarda farklı yetiştirme sistemlerinin uygulanmış olmasından da kaynaklanabilir.

Yerli ve kültür ırkları arasında 0.032-0.170 olarak tespit edilen genetik uzaklık değerleri, Güney Afrika’daki (15) yerli ve kültür ırkları için bildirilen 0.065 değeriyle uyum halindedir.

Jersey ırkı ile GAK birbirine en uzak olan iki popülasyondur. Jersey ırkı ile diğer tüm ırklar arasındaki genetik uzaklıkların fazla olması bu ırkın kendine özgü genetik yapıya sahip olması ile açıklanabilir.

Holştayn ile yerli sığırlar arasındaki genetik uzaklıklar 0.032–0.170 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen bu sonuç Holştayn ile yerli ırklar arasında Macaristan’da (4) 0.109 – 0.339 ve Rusya’da (18) 0.130 – 0.234 olarak bildirilen değerlerle paralellik göstermektedir.

Kültür ırkları arasında tespit edilen 0.050–0.128 arasındaki genetik uzaklık değerleri Güney Afrika’da (15) kültür ırklarında tespit edilen 0.060 değerinden büyüktür.

Kümeleme analizi sonucu çizilen dendogramda YK, Boz ve DAK ırklarının aynı kümede ve benzer genetik yapılarda bulunmaları bu üç ırkın aynı yabancı orijinden

köken almasından veya kendi aralarında melezlemelerin yapılma olasılığında ileri gelebilir. Bu üç ırkın oluşturduğu kümenin önce Esmer sonra Holştayn ile birleşmesi bu ırkların Orta, Güney ve Doğu Avrupa sığır ırkları ile akraba olabilecekleri (2) düşüncesini de akla getirmektedir.

Klasik sınıflandırmalarda Holştayn ve Boz step ırklarının *Bos Taurus primigenius* alt sınıfında, Esmer, Jersey ve Anadolu'nun diğer tüm yerli ırklarının da *Bos Taurus brachyceros* grubunda yer aldığı bildirilmektedir (25). Ancak bu çalışmada, mevcut ırkların bu sınıflandırmaya uygun kümeler oluşturmadığı görülmektedir. Örneğin, Jersey ve GAK ırkları tek başlarına bağımsız birer küme oluşturmaktadır. Bu durum iki ırkın çalışılan sistemler bakımından genetik yapılarının çok farklı olduğu anlamına gelmektedir. Jersey'in yetiştirildiği yer itibarıyla izole olması ve melez bir ırk olmaması bu sonucu meydana getirmiş olabilir. Ayrıca, GAK ırkının *Damascus* alt grubundan orijin (2) aldığı kabul edilmesi ve *Domascus*'ların zebuların modern temsilcileri olduğu kanaatinin bulunması nedeniyle GAK'ın diğer yerli ve kültür ırklarından uzak genetik yapıda olması doğaldır.

Esmer ve Holştayn sürülerinin aynı kümede yer alması Almanya'da yetiştirilen Holştayn ve Esmer sürülerinde yapılan çalışmalarla (17,19) desteklenmektedir.

Jersey popülasyonunun Esmer-Holştayn ırklarının bulunduğu ana kümeden farklı bir ana sınıfta bulunması Almanya'da yetiştirilen

sürülerde yapılan çalışmalardan (17,19) farklılık göstermektedir.

Elde edilen sonuçlara göre; polimorfik biyokimyasal sistemler kullanılarak sığır popülasyonlarının karşılaştırılmasında ortalama heterozigotluk değerlerinden, ırkların sınıflandırılmasında ise kümeleme analizinden etkin bir şekilde yararlanılabileceği görülmektedir. Bu amaçla çok sayıda polimorfik lokus üzerinde çalışılması ve örnek genişliğinin tüm ırkı temsil edebilecek şekilde mümkün olduğunca fazla tutulması yapılacak araştırmaların niteliğini artıracaktır.

#### KAYNAKLAR

1. **Anderson L.** (1997) *Genetic Differentiation Among European Cattle Breeds*. Erişim:[<http://www2.ri.bbsrc.ac.uk/molbiol/williams/diffinfo.htm>], Erişim Tarihi : 23-02-1999.
2. **Anonymous** (1985) *Genus Bos : Cattle Breeds of the World*. MSD AGUET. Division of Merck CO., Inc., Rahway, N.J., U.S.A.
3. **Ayala FJ, Powell JR** (1972) *Allozymes as Diagnostic Characters of Sibling Species of Drosophila*. Proc., Haky., Acar., Bci., U.S.B. 69:1094-1096.
4. **Branny M, Bozze Z, Buchberger J, Krause I** (1996) *Genetic Polymorphism of Hungarian Cattle, Genetische Polymorp Hismen Bei Milchproteinen Ungarisher Rinderrassen*. Archiv.Fur. Tierzucht., 39(5) 486-496.
5. **Dayıoğlu H, Tüzemen N, Yanar M** (1994) *Atatürk Üniversitesi Ziraat İşletmesinde Yetiştirilen Çeşitli Sığır Irklarında Transferrin Polimorfizmi Üzerine Araştırmalar*. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 25 (4) 553-557.

6. **Doğan M, Demirci M, Üstdal M** (1997) *Türkiye'deki İsviçre Esmeri Sığırları Populasyonunda Süt Protein Polimorfizmi*. Gıda Dergisi, 3: 28-31.
7. **Doğrul F** (1973) *Memleketimizde Yetiştirilen yerli ve Yabancı Saf ve Melez Sığır Irkı Kanlarında Kalıtsal Beta-Globulin ve Hemoglobin Varyasyonları*. 5. Bilim Kongresi Tebliği, Kasım 5-8, Ankara, Türkiye.
8. **Efremov GD** (1974) *Starch Gel Electrophoresis*. CRC. Critical Reviews in Clinical Laboratory Sciences, 5 (1) 37-40.
9. **Fernandez MH, Sanchez E** (1988) *Genetic and Biochemical Characterization of a Herd of Cuban Criolla Cattle*. Revista-de-Salud-Animal, 10 (3) 236-240.
10. **Gürkan M** (1993) *Edirne İli Yöresinde Boz Step Irkı, Holstein ve Boz Step X Holstein Melez Sığır Populasyonlarının Kalıtsal Polimorfik Hb, Tf ve Diğer Kan Proteinleri Bakımından Genetik Yapısı*. Basılmamış Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ.
11. **Hawkins DM, Müller MW, Krooden AT** (1982) *Topics in Multivariate Analysis*. Cambridge University Press, London.
12. **Kavuncu O.** (1993) *Populasyon Genetiği*. Yüksek Lisans Ders Notları, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Ankara.
13. **Kidd KK, Stone WH, Crimella C, Carezni C, Caseti M, Ragnoni G** (1980) *Immunogenetic and Population Genetic Analysis Analyses of Iberian Cattle*. Animal Blood Grps Biochem. Genet., 11: 21-38.
14. **Konfortov B** (1985) *Changes in the Genetic Constitution of Bulgarian Simmental cattle during Crossbreeding with Holstein-Friesian Cattle*. Zhivotnov'dni. Nauki., 22 (11) 51-56.
15. **Kotze A, Müller GH, Smith C, Gavora JS, Benkel B, Chesnais J, Fairfull W, Gibson JP, Kennedy BW, Burnside EB** (1994) *Genetic Relationships in Southern African Cattle Breeds*. Proceedings. 5<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, University of Guelph, Ontario, Canada 21: 413-416.
16. **Kamuran BN, Tandon SN, Khanna ND** (1982) *Genetic Heterozygosity and Genetic Distance Between Four Crossbred Populations of Cattle Employing Blood Protein*. Indian Journal of Dairy Science, 35 (1) 13-17.
17. **Kustermann Von W, Medjugorac I, Pirschner F** (1996) *Bewertung Tiergenetischer Ressourcen am Beispiel des Original Braunviehs*. Züchtungskunde, 68 (2) 109-130.
18. **Mashurov AM, Chernashchenco VI** (1987) *Estimation of Genetic Distance Between Breeds*. Zhivatnovodstvo, 2: 21-23.
19. **Medjugorac I, Kustermann W, Lazar P, Russ I, Pirschner F** (1994) *Marker Derived Phylogeny of European Cattle Supports Demic Expansion of Agriculture*. Animal Genetics, 25 (1) 19-27.
20. **Nei M** (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press. New York.
21. **Özbeyaz C** (1991) *Türkiye Yerli sığır Irklarında Hemoglobin Polimorfizmi*. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 38 (1-2) 53-59.
22. **Özbeyaz C, Alpan O, Geldermann H, Neander S** (1990) *Türkiye'de Esmer ve Holştayn Sığırlarında Protein Polimorfizmi ve Bunun Ebeveyn Kontrolünde Kullanımı*. Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, 30 (1) 19-30.
23. **Özbeyaz C, Alpan O, Bayraktar M, Akcan A** (1991) *Jerseylerde Süt Protein Polimorfizmi ve İlk Laktasyon Süt Verimiyle İlişkisi*. Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi, 31 (3-4) 27-33.

24. **Rholf FJ** (1994) *NTSYS-pc : Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*, Ver. 1.80, U.S.A.
25. **Sasimowski E** (1987) *Animal Breeding and Production*. Elsevier. Science Publishers B.V., 0-444-99504-8, Amsterdam, Netherlands.
26. **Sneath PHA, Sokal RR** (1973) *Numerical Taxonomy*. Freeman, San Francisco.
27. **Şekerden Ö, Doğrul F, Erdem H** (1993) *Jersey İneklerinde Süt Protein Polimorfizmi ve Protein Genetik Varyantlarının Muhtelif Verim Özellikleri Üzerine Etkisi*. Hayvancılık Araştırma Dergisi, 3 (1) 43-47.
28. **Thinnes F** (1977) *Elektrophoretische Darstellung und Genetische Überprüfung von Neuen Protein-Polymorphismen aus Blutfraktionen des Rindes*. Göttingen University Land-Wirtsch Faculty, Dissertation, Göttingen.
29. **Tüzemen N, Dayıođlu H, Yanar M, Doğrul F** (1990) *Dođu Anadolu Kırmızısı Sıđırlarında Transferrin Polimorfizmi Üzerine Bir Araştırma*. Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 21 (1) 1-8.
30. **Üstdal MK** (1980) *Türkiye'deki Bazı Yerli Sıđır Irklarında Hemoglobin, Transferrin ve Süt Proteinlerinin Biyokimyasal Polimorfizmi Üzerinde Araştırmalar*. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi, 17: 1-2.
31. **Wright S** (1969) *Evolution and The Genetics of Populations*. Vol. 2: *The Theory of Gene Frequencies*. III: University of Chicago Press, Chicago.