



# ARAŞTIRMA MAKALESİ

## Sığır mikrosatellit test panelinin Türkiye’de ebeveyn tayini çalışmalarında kullanılabilirliği

Ercan Kurar<sup>1,3\*</sup>, Zafer Bulut<sup>2</sup>, Mehmet Nizamloğlu<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Genetik Anabilim Dalı, <sup>2</sup>Biyokimya Anabilim Dalı, Selçuk Üniversitesi, Veteriner Fakültesi,  
<sup>3</sup>Selçuk Üniversitesi İleri Teknoloji Araştırma ve Uygulama Merkezi (İLTEK), 42075 Konya, Türkiye  
Geliş: 14.11.2012, Kabul: 05.12.2012  
\*ekurar@selcuk.edu.tr

### Özet

**Kurar E, Bulut Z, Nizamloğlu M.** Sığır mikrosatellit test panelinin Türkiye’de ebeveyn tayini çalışmalarında kullanılabilirliği. *Eurasian J Vet Sci*, 2013, 29, 1, 24-29

**Amaç:** Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen sığır ırkları ve melezlerinin kimliklendirme çalışmalarında bir mikrosatellit test panelinin kullanılabilirliğinin araştırılmasıdır.

**Gereç ve Yöntem:** Çalışmada 148 adet sığıra ait genomik DNA örneği kullanıldı. Toplam 11 adet mikrosatellit markörü ISAG ve FAO MoDAD listesinden seçildi. Genomik DNA örnekleri Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) metoduyla çoğaltılarak, kapiller elektroforez sonrası fragman analizi ile alleller tanımlandı. Genel populasyon parametrelerinden allel sayısı (Na), gözlenen (Ho) ve beklenen (He) heterozigotluk değerleri, Hardy-Weinberg dengesinden (HWE) sapma ile dışlama gücü (DG) değerleri hesaplandı.

**Bulgular:** Lokus başına 6-17 arasında değişen 150 farklı allel tanımlandı. Ho ve He değerleri sırasıyla 0.435-0.884 ve 0.632-0.887 arasında bulundu. DG-1 ve DG-2 değerleri lokus bazında 0.239-0.630 ve 0.419-0.774 arasında değişmekte olup, tüm lokuslar için toplam DG-2 değeri 0.999 olarak hesaplandı.

**Öneri:** Test panelinin Türkiye’de sığır kimliklendirme çalışmalarında kullanılabileceği ancak lokus sayısının artırılması ve etkin multipleks sistemlerinin geliştirilmesinin uygun olacağı kanaatine varılmıştır.

**Anahtar kelimeler:** Sığır, mikrosatellit, ebeveyn testi

### Abstract

**Kurar E, Bulut Z, Nizamlioglu M.** Usefulness of a microsatellite test panel for cattle parentage testing in Turkey. *Eurasian J Vet Sci*, 2013, 29, 1, 24-29

**Aim:** The objective of this study was to test usefulness a microsatellite test panel for parentage analysis in widely reared cattle breeds in Turkey.

**Materials and Methods:** In this study, genomic DNAs were used from 148 cattle. A total of eleven bovine microsatellite loci were selected from a list suggested by ISAG and FAO MoDAD. Genomic DNA samples were amplified by polymerase chain reaction (PCR). Alleles were determined by fragment analysis after capillary electrophoresis. General population parameters including allel numbers (Na), observed (Ho) and expected heterozygosities (He), deviation from Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) and power of exclusion (PE) at each microsatellite locus were calculated.

**Results:** A total of 150 different alleles were determined ranging from 6 to 17 at each locus. The Ho and He were ranged from 0.435 to 0.884 and 0.632 to 0.887, respectively. Locus based PE-1 and PE-2 were varied as 0.239-0.630 and 0.419-0.774 and a total PE-2 value was calculated as 0.999.

**Conclusions:** It was concluded that the test panel seems to be applied in cattle identification efforts; however, there is need for increasing the number of the locus in the panel and development of efficient multiplex systems.

**Keywords:** Cattle, microsatellite, parentage testing



## Giriş

Sığır ıslah çalışmaları büyük oranda suni tohumlama uygulamalarında kullanılan erkek hayvanların seçimi üzerine yoğunlaşmıştır. Damızlık değerlerinin hesaplanması için geliştirilen ve günümüzde yaygın olarak tercih edilen "hayvan modeli", popülasyondaki verim performansları kullanılan hayvanların genetik ilişkilerinin doğru olduğu varsayımı üzerine kurulmuştur. Dolayısıyla, hatalı kimliklendirme kalıtım derecesinin daha düşük hesaplanmasına (Geldermann ve ark 1986) ve yanlış hayvanların damızlık olarak tercih edilmesine neden olmaktadır.

Numaralandırma, kimlik ve verimle ilgili kayıtların büyük bir özenle tutulduğu ülkelerde dahi hatalı kimlik ve ebeveyn saptanması oranlarının önemli oranda yüksek (%1.3-36) olduğu bildirilmiştir (Geldermann ve ark 1986, Beechinor ve Kelly 1987, Ron ve ark 1996, Israel ve Weller 2000, Baron ve ark 2002, Curi ve Lopes 2002, Visscher ve ark 2002, Rehout ve ark 2006, Ozkan ve ark 2009). Farklı hayvan türlerinde ebeveyn ve birey tayini, hayvanın gerçek ekonomik değerinin tespiti, adli tıp ve biyomedikal çalışmaları için önemli uygulama alanları sunmaktadır. Bu amaçla farklı markör sistemleri geliştirilmiştir ancak yaygın olarak mikrosatellit DNA markörleri (Weber ve May 1989) kullanılmaktadır.

Mikrosatellit DNA, memeli genomlarında yaygın olarak bulunan 1-6 nükleotidlik tekrar dizileridir. Diğer markör sistemlerine göre daha yüksek polimorfizm ve kodominant kalıtım özellikleri bulunmaktadır. Allel genotiplerinin kapiller elektroforez ve fragman analizi ile kolay ve ekonomik olarak tespiti mümkündür. Dolayısıyla, farklı genetik ve popülasyon genomiği çalışmalarında yaygın olarak tercih edilmektedir (Kurar 2001).

Bu çalışmada, 11 mikrosatellit lokusunu içeren test panelinin Türkiye'de yaygın olarak yetiştirilen kültür ırkı sığırlar ve bunların melezlerinin kimliklendirme çalışmalarında kullanılabilirliği araştırılmıştır.

## Gereç ve Yöntem

Çalışmada, Konya bölgesinde farklı işletmelerde yetiştiriciliği yapılan Siyah Alaca (n=61), Esmer (n=43) ve melez (n=44) sığırlarından K<sub>3</sub>-EDTA'lı tüplerde kan örnekleri (n=140) veya sperma payetleri (n=8) kullanıldı. Selçuk Üniversitesi Veteriner Fakültesi Araştırma ve Uygulama Çiftliğinde bulunan ve genetik ilişkisi bilinen çekirdek Siyah Alaca sığır sürüsünden (n=6) K<sub>3</sub>-EDTA'lı tüplerde kan örnekleri alındı. Organik yöntem (Sambrook ve ark 1989) ile kan ve sperma örneklerinden DNA izo-

lasyonu yapılarak, DNA kalitesi %0.8 agaroz jel elektroforez ve 260/280 nm UV'de kontrol edildi.

Mikrosatellit markörleri ISAG ve FAO MoDAD tarafından tavsiye edilen listeden (Hoffmann ve ark 2004) seçildi. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR), kapiller elektroforez ve fragman analizi işlemleri daha önce açıklandığı (Özsensoy ve ark 2010a) gibi gerçekleştirildi. Polimeraz Zincir Reaksiyonları 1x Mg<sup>2+</sup> free PCR buffer (Fermentas, Vilnius, Litvanya), 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.375 ünite *Taq* polimeraz (Fermentas, Vilnius, Litvanya), 200 µM dNTP (Fermentas, Vilnius, Litvanya), 5–15 pM primer çifti (Tablo 1) ve 50 ng DNA kalıp olacak şekilde toplam 15 µL hacimde hazırlandı. Touchdown PZR (Don ve ark 1991) profilinde, 95 °C'de 4 dakika denatürasyon sonrası I. aşamada 16 döngü için 94 °C'de 30 saniye, 60 °C (-0.5 °C/döngü) 30 saniye ve 72 °C'de 30 saniye tutuldu. II. aşamada 25 döngü 94 °C'de 30 saniye denatürasyon, 52 °C'de 30 saniye annealing ve 72 °C'de 30 saniye elongation uygulandı. Örnekler, tam bir adenilasyon için 72 °C'de 10 dakika tutuldu.

Fragman analizi için PZR ürünleri (0.5 µL), Hi-Di-formamide (25 µL) ve S-400 DNA size standart ile Beckman Coulter CEQ-8000 Genetik Analiz Sistemine yüklenerek FRAG-3 yöntemi ile kapiller elektroforez işlemi uygulandı. FragTest programı kullanılarak her bir lokus için allel genotipleri belirlendi.

Mikrosatellit lokuslarına ait allel sayısı (Na), beklenen (He) ve

Tablo 1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokusları.

No	Lokus	BTA*	Primer	İşaretleme**
1	BM1824	1	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCTCTG	D2
2	BM2113	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTAGACAACAGGGTTTGG	D4
3	INRA023	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTAGATGAACTCA	D3
4	ETH10	5	GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCCTTCTCTCTC	D4
5	ETH225	9	GATCACCTTGCCACTATTTCTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	D2
6	SPS115	15	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	D4
7	TGLA53	16	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	D3
8	TGLA227	18	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	D4
9	ETH03	19	GAACCTGCCTCTCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	D2
10	TGLA126	20	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTC	D3
11	TGLA122	21	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	D3

\*Sığır Kromozom Numarası, \*\*WELL-RED işaretleme; D4=Mavi, D3=Yeşil, D2=Siyah.



Tablo 2. Populasyonlarda görülen genetik çeşitlilik.

Populasyon	Locus	Na	Ho	He	HWE	DG-1	DG-2
Esmer	BM2113	7	0.667	0.829	*	0.480	0.654
	BM1824	6	0.677	0.763	**	0.371	0.551
	SPS115	8	0.720	0.797	ns	0.431	0.609
	TGLA53	11	0.560	0.853	ns	0.548	0.710
	INRA023	7	0.684	0.711	**	0.321	0.504
	TGLA227	9	0.825	0.863	ns	0.564	0.724
	ETH03	10	0.500	0.747	**	0.373	0.557
	ETH225	10	0.778	0.836	ns	0.510	0.679
	ETH10	7	0.478	0.734	***	0.332	0.508
	TGLA122	13	0.700	0.828	ns	0.508	0.678
	TGLA126	6	0.791	0.764	ns	0.358	0.536
	<i>Ortalama</i>	9	0.671	0.793	-	0.436	0.610
Melez	BM2113	13	0.884	0.885	ns	0.622	0.769
	BM1824	15	0.750	0.832	**	0.509	0.677
	SPS115	11	0.487	0.731	***	0.361	0.549
	TGLA53	12	0.636	0.887	**	0.630	0.774
	INRA023	12	0.800	0.838	ns	0.517	0.683
	TGLA227	11	0.795	0.863	*	0.573	0.730
	ETH03	11	0.659	0.837	*	0.518	0.686
	ETH225	11	0.774	0.827	ns	0.494	0.666
	ETH10	9	0.682	0.811	*	0.470	0.645
	TGLA122	17	0.818	0.810	ns	0.491	0.664
	TGLA126	11	0.773	0.827	ns	0.488	0.660
	<i>Ortalama</i>	12	0.733	0.832	-	0.516	0.682
Siyah Alaca	BM2113	9	0.754	0.829	*	0.490	0.662
	BM1824	6	0.745	0.767	ns	0.362	0.540
	SPS115	9	0.596	0.632	*	0.239	0.419
	TGLA53	12	0.435	0.862	***	0.567	0.725
	INRA023	10	0.696	0.787	ns	0.421	0.599
	TGLA227	10	0.792	0.840	ns	0.518	0.686
	ETH03	7	0.673	0.763	*	0.389	0.573
	ETH225	8	0.750	0.783	ns	0.403	0.582
	ETH10	9	0.600	0.683	***	0.289	0.470
	TGLA122	12	0.717	0.744	ns	0.359	0.539
	TGLA126	8	0.767	0.717	ns	0.313	0.489
	<i>Ortalama</i>	9	0.684	0.764	-	0.395	0.571

ns=P&gt;0.05, \* P&lt;0.05, \*\* P&lt;0.01, \*\*\* P&lt;0.001

gözlenen (Ho) heterozigotluk düzeyleri, Hardy-Weinberg Dengesi (HWE)'nden sapma ve dışlama gücü (DG) değerleri GenA-LEx6 (Peakall ve Smouse 2006) ve CERVUS v2.0 (Marshall ve ark 1998) paket programları kullanılarak hesaplandı.

## Bulgular

ISAG ve FAO MoDAD tarafından tavsiye edilen 11 mikrosatellit lokusu kapiller elektroforez ile ayrıştırılmış, her bir markör lokusunda allel genotipleri fragman analizi ile tespit edilmiştir. Pedigrisi bilinen bir çekirdek sığır sürüsünde markör allellerinin katılımı ve etkinliği test edilmiştir (Şekil 1).

Genel populasyon parametrelerinden gözlenen allel sayıla-

rı (Na), beklenen (He) ve gözlenen (Ho) heterozigotluk düzeyleri, Hardy-Weinberg Dengesi (HWE)'nden sapma ve dışlama gücü (DG) değerleri Tablo 2'de özetlendi. Populasyon bazında ortalama allel sayısı 10 olup en yüksek (13) TGLA122 lokusunda melez sığırlarda gözlemlendi. Genel olarak en fazla allel sayısı (21) TGLA122 lokusunda, en az (11) ise ETH10 ve TGLA227 lokuslarında tespit edildi. Çalışmaya konu olan 11 lokus incelendiği zaman tüm populasyonlarda toplam 150 farklı allel tespit edildi.

En yüksek Ho (0.884) BM2113 lokusunda ve melez populasyonunda, en düşük (0.435) ise TGLA53 lokusunda ve Siyah Alaca sığırlarda gözlemlendi. Beklenen heterozigotluk (He) değerleri 0.632-0.887 arasında değişmektedir. Populasyon bazında Esmer, Melez ve Siyah Alaca sığırlarında ortalama Ho ve He değerleri sırasıyla 0.671-0.793, 0.733-0.832 ve 0.684-0.764 olarak tespit edildi. Bazı lokusların önemli oranda HWE'den saptıkları gözlemlendi.

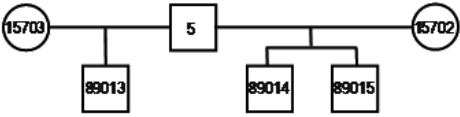
Dışlama gücü değerleri bir ebeveyn (DG-1) ve iki ebeveyn (DG-2) varlığında hesaplandı (Tablo 2). DG-1 değerleri 0.239 (SPS115) - 0.630 (TGLA53) arasında değişmektedir. DG-2 değerleri en düşük (0.419) Siyah Alaca populasyonunda SPS115 lokusunda, en yüksek (0.774) ise melez sığırlarda TGLA53 lokusunda gözlemlendi. Populasyon bazında ortalama DG-1 ve DG-2 değerleri Esmer, Melez ve Siyah Alaca populasyonlarında sırasıyla 0.436-

0.610, 0.516-0.682 ve 0.395-0.571 olarak tespit edildi. Toplam DG-1 değerleri Esmer, Melez ve Siyah Alaca sığırlarında sırasıyla, 0.998, 0.999 ve 0.997, toplam DG-2 değerleri ise tüm populasyonlarda 0.999 olarak hesaplandı (Tablo 2 ve Şekil 2).

## Tartışma

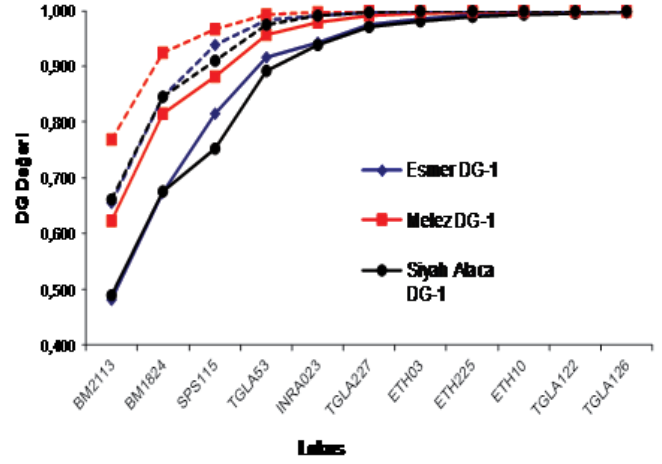
Türkiye yerli sığır populasyonu yıllara göre azalırken, kültür ırkı sığırlar ve bunların melezlerinin sayısı artmaktadır. Türkiye İstatistik Kurumu'nun 2011 yılı verilerine göre Türkiye büyük baş hayvan populasyonunun önemli bir oranı kültür ırkı sığırlar (%38.74) ve bunların farklı melezlerinden (%41.02) oluşmaktadır (<http://www.tuik.gov.tr>). Bu çalışmada, sığır kimliklendirme çalışmalarında kullanılan 11 mikrosatellit lokusunun Türkiye'de





Lokus	Genotipler					
TGLA126	116/120	116/120	116/120	116/120	116/124	116/124
TGLA122	164/172	142/164	142/164	142/142	142/142	142/164
BM2113	134/134	134/134	134/138	134/138	124/138	124/134
BM1824	178/178	178/178	178/190	180/190	180/190	180/182
SPS115	245/245	245/245	245/253	245/245	245/253	245/253
TGLA53	158/160	158/160	160/166	160/166	160/166	160/160
INRA023	201/209	201/201	201/209	201/209	209/209	209/209
TGLA227	90/92	90/92	92/100	92/100	98/100	98/100
ETH03	125/131	115/125	115/125	115/115	115/125	115/115
ETH225	215/215	215/217	211/217	217/217	211/217	217/217
ETH10	137/137	137/137	137/145	137/145	145/145	145/145

Şekil 1. Çalışmada kullanılan mikrosatellit lokuslarının çekirdek sığır sürüsünde kalıtımı.



Şekil 2. Sisteme sırasıyla bir lokus eklenmesi ile hesaplanan DG değerleri.

yaygın olarak yetiştirilen kültür ırkı sığırlar ve bunların melezlerinde kullanılabilirliği araştırıldı.

Türkiye’de yetiştirilen kültür (Cerit 2003, Altınalan 2005, Cymbron ve ark 2005, Özkan 2005) ve yerli sığır (Loftus ve ark 1999, Altınalan 2005, Cymbron ve ark 2005, Özkan 2005, Özşensoy ve ark 2010a) ırklarının farklı mikrosatellit lokusları kullanılarak genetik karakterizasyon çalışmaları yapılmıştır. Popülasyon genomu çalışmasının temel parametrelerinden allel sayısı (Na) genel olarak Türkiye yerli sığır ırklarından düşük, ancak kültür ırkları ile benzer olarak tespit edilmiştir. Özkan (2005), 7 mikrosatellit lokusu kullanarak Siyah Alaca ve Esmer sığırlarında ortalama Na değerlerini sırasıyla 7.86 ve 8.14 olarak bildirmiştir. Altınalan (2005) ise Siyah Alaca ırkında 26 mikrosatellit lokusunun ortalama Na değerini 11.04 olarak gözlemlemiştir.

Diğer çalışmalara (Peelman ve ark 1998, Schmid ve ark 1999, Curi ve Lopes 2002, Maudet ve ark 2002, Visscher ve ark 2002, Moioli ve ark 2004, Özkan 2005, Li ve ark 2007, Martin-Burriel ve ark 2007, Zhang ve ark 2007, Özşensoy 2010a) benzer şekilde, sunulan bu çalışmada da en fazla toplam allel sayısı (21) TGLA122 lokusunda gözlenmiştir. TGLA53 lokusunda gözlenen allel sayısı da diğer çalışmalar ile benzerdir (Martin-Burriel ve ark 1999, Zhang ve ark 2007, Özşensoy 2010a). Melez sığırlarda BM1824 lokusunda Siyah Alaca ve Esmer popülasyonları ile diğer çalışmalara ve göre daha yüksek Na tespit edilmiştir.

Kullanılan markörlerin polimorfizm değerlerinin belirlenmesi amacıyla heterozigotluk değerleri markör ve popülasyon bazında hesaplandı (Tablo 2). Popülasyon bazında Esmer ve Siyah Alaca sığırlarında Ho ve He değerleri diğer çalışmalar (Loftus ve ark 1999, Canon ve ark 2001, Maudet ve ark 2002, Visscher ve ark 2002, Cymbron ve ark 2005, Özkan 2005, Özşensoy ve ark 2010a) ile benzerlik göstermiştir. Melez sığırlarda gözlenen nispeten daha yüksek Ho (0.733) ve He (0.832) değerlerinin popü-

lasyonun heterojenik özelliğinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Çalışmada kullanılan bazı lokuslarda HWE’den sapma olduğu gözlemlenmiştir.

Türkiye yerli sığır ırklarında Avrupa kökenli sığır ırklarına göre daha yüksek genetik çeşitliliğin varlığı bilinmektedir. Bunun sebebi olarak Türkiye yerli sığır ırklarının bilinen en eski evcilleştirme merkezine olan yakınlığı kabul edilmektedir. Farklı çalışmalar, genetik çeşitlilik ile ırkların jeografik yerleşimleri arasında ilişkinin varlığını ve genetik çeşitliliğin evcilleştirme merkezinden uzaklaşılmasına bağlı olarak azaldığını göstermektedir (Loftus ve ark 1999, Cymbron ve ark 2005, Altınalan 2005, Özkan 2005, Özşensoy 2010a).

Genetik karakterizasyon ve kimliklendirme çalışmalarında kullanılan lokus sayısına göre lokusların enformatif değeri daha önemlidir. Bu amaçla yaygın olarak kullanılan heterozigotluk (Ho) ve dışlama gücü (DG) gibi parametreler gözlenen allel frekanslarının popülasyonlarda dağılımı ile hesaplanmaktadır.

Dışlama gücü (DG), hatalı ebeveynlerin ne oranda dışlandığının matematiksel bir göstergesidir. Bu çalışmada, 11 lokus için toplam DG-1 değerleri Esmer (0.998), Melez (0.999) ve Siyah Alaca (0.997) sığırlarında önemli oranda yüksek bulunmuştur. BM2113, BM1824, SPS115, TGLA53, INRA023, TGLA227 ve ETH03 lokuslarından oluşan bir panel sığır birey ve ebeveyn tayini çalışmaları için yeterli DG-2 değeri (0.999) sunmaktadır. Brezilya’da bulunan Gry sığırlarında 9 farklı mikrosatellit markörü kullanarak farklı popülasyon genetiği parametreleri ve yanlış kimliklendirme oranı araştırılmıştır (Curi ve Lopes 2002). Bu çalışma ile ortak kullanılan 7 markörler ile DG değerleri lokus bazında 0.178-0.628, toplam DG değeri ise 0.978 olarak tespit edilmiştir. Çek Cumhuriyeti’nde bulunan Siyah Alaca sığırlarında 10 mikrosatellit lokus kullanılarak yapılan diğer bir çalışmada ise ortalama allel sayısı 9.1 olup 6-12 arasında değiştiği, Ho ve



He değerleri ise 0.769 ve 0.746 olarak tespit edilmiştir. DG-1 ve DG-2 değerleri sırasıyla 0.397 (SPS115) – 0.677 (TGLA227) ve 0.582 (TGLA126) – 0.853 (TGLA227) arasında değişmekte olup 0.999 toplam DG değerleri hesaplanmıştır (Rehout ve ark 2006). Bu panel kullanılarak, çalışmaya konu olan Çek Cumhuriyeti Siyah Alaca popülasyonunda önemli oranda (%10.73) yüksek hatalı ebeveyn tayini gözlenmiştir. Visscher ve ark (2002), bu çalışma ile aynı lokusları kullanarak İngiltere’de yetiştirilen süt sığırlarına ait farklı örneklerde (kıl, süt, sperma, ağız-burun swapları) hatalı kimliklendirme oranını ve bunların damızlık değerlerinin üzerine etkilerini araştırmışlardır. Ho değerlerine paralel DG değerleri 0.190 (SPS115) – 0.520 (TGLA227) arasında değiştiği gözlenmiş ve toplam DG ise 0,99 olarak tespit edilmiştir. Ortalama hatalı ebeveyn tayini oranı %10 olup, süt örneklerinde (%13.8) kıl örneklerine (%8.8) göre daha yüksek oranda gözlenmiştir. Türkiye Siyah Alaca popülasyonunda toplam DG değerleri 7 lokus kullanılarak yapılan bir çalışmada 0.977 (Cerit 2003), 12 lokus kullanılarak yapılan diğer bir çalışmada ise 0.999 (Özkan ve ark 2009) olarak tespit edilmiştir. ISAG tarafından tavsiye edilen 20 mikrosatellit lokusu ile Türkiye yerli sığır ırklarında yeterli DG değerleri (>0.999) gözlenmiştir (Özsensoy ve ark 2010b).

Gözlenen genel popülasyon parametreleri ve dışlama gücü değerleri, bu çalışmada kullanılan test panelinin Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen kültür ırkı sığırlar ve bunların melezlerinin genetik karakterizasyon ve kimliklendirme çalışmalarında kullanılabilceğini göstermektedir.

### Öneriler

Son yıllarda özellikle suni tohumlamanın yaygın olarak kullanılması bir sonucu olarak bazı sığır popülasyonlarında kan yakınlığı oranı artmakta dolayısıyla bazı markörlerin enformatif değeri azalmaktadır. Panelde kullanılan mikrosatellit lokus sayısının artırılmasına ve genotipleme maliyetinin ve iş gücünün azaltılması için etkin multipleks sistemlerinin geliştirilmesine ihtiyaç duyulmaktadır.

### Teşekkür

Bu çalışma Selçuk Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü (2002/057) tarafından desteklenmiştir. Çalışmanın özeti XII<sup>th</sup> Congress of the International Society of Animal Clinical Biochemistry (22-26 May 2006, İstanbul)’de sunulmuştur.

### Kaynaklar

Altınalan A, 2005. Türkiye’deki yerli sığır ırklarının mikrosatellit DNA markörlerle genetik karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.

Baron EE, Martinez ML, Verneque RS, Coutinho LL, 2002. Parentage testing and effect of misidentification on the estimation of breeding value in Gir cattle. *Genet Mol Biol*, 25, 389-394.

Beechinor JG, Kelly EP, 1987. Errors of identification amongst cattle presented as progeny of some bulls used in the artificial insemination service in Ireland. *Ir Vet J*, 41, 348-353.

Canon J, Alexandrino P, Bessa I, Carleos C, Carretero Y, Dunner S, Ferran N, Garcia D, Jordana J, Laloë D, Pereira A, Sanchez A, Moazami-Goudarzi K, 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genet Sel Evol*, 33, 311-332.

Cerit H, 2003. Bir Holştayn sığır popülasyonunda bazı genomik lokusların allel frekanslarının belirlenmesi ve birey tanımlanmasındaki önemi. *Tur J Vet Anim Sci*, 27, 81-91.

Curi RA, Lopes CA, 2002. Evaluation of nine microsatellite loci and misidentification paternity frequency in a population of Gyr breed bovines. *Braz J Vet Res Anim Sci*, 39, 129-135.

Cymbron T, Freeman AR, Isabel Malheiro M, Vigne JD, Bradley DG, 2005. Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proceed Royal Soc London B*, 272, 1837-1843.

Don RH, Cox PT, Wainwright BJ, Baker K, Mattick JS, 1991. Touch-down PCR to circumvent spurious priming during gene amplification. *Nucl Acid Res*, 19, 4008.

Geldermann H, Pieper U, Weber WE, 1986. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *J Anim Sci*, 63, 1759-1768.

Hoffmann I, Marsan PA, Barker JSF, Cothran EG, Hanotte O, Lenstra JA, Milan D, Weigend S, Simianer H, 2004. New MoDAD marker sets to be used in diversity studies for the major farm animal species: Recommendations of a joint ISAG/FAO working group. 29th ISAG (International Society of Animal Genetics) Congress, 11-16 September, Tokyo, 2004.

Israel C, Weller JI, 2000. Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *J Dairy Sci*, 83, 181-187.

Kurar E, 2001. Comparative physical and linkage mapping of bovine chromosome 24 with human chromosome 18. Ph.D. Dissertation, University of Wisconsin-Madison, USA.

Li MH, Tapio I, Vilkki J, Ivanova Z, Kiselyova T, Marzanov N, Cinkulov M, Stojanović S, Ammosov I, Popov R, Kantanen J, 2007. The genetic structure of cattle populations (*Bos taurus*) in Northern Eurasia and the neighbouring Near Eastern regions: implications for breeding strategies and conservation. *Mol Ecol*, 16, 3839-3853.

Loftus RT, Ertugrul O, Harba AH, El-Barody MA, MacHugh DE, Park SD, Bradley DG, 1999. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Mol Ecol*, 8, 2015-2022.

Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM, 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol Ecol*, 7, 639-655.

Martin-Burriel I, Rodellar C, Lenstra JA, Sanz A, Cons C, Osta R, Reta M, De Argüello S, Sanz A, Zaragoza P, 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J*





- Hered, 98, 687-691.
- Maudet C, Luikart G, Taberlet P, 2002. Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J Anim Sci*, 80, 942-950.
- Moioli B, Napolitano F, Catillo G, 2004. Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica cattle breeds. *J Hered*, 95, 250-256.
- Özkan E, 2005. Türkiye’de yetiştirilen yerli ve kültür sığır ırklarının genetik yapılarının mikrosatellitler ile incelenmesi. Trakya Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Doktora Tezi.
- Özkan E, Soysal MI, Özder M, Koban E, Şahin O, Togan I, 2009. Evaluation of parentage testing in the Turkish Holstein population based on 12 microsatellite loci. *Livest Sci*, 124, 101-106.
- Özşensoy Y, Kurar E, Doğan M, Bulut Z, Altunok V, Işık A, Çamlıdağ A, Nizamlioğlu M, 2010a. Türkiye’de bulunan bazı yerli sığır ırklarının STR markörler ile genetik karakterizasyonu. *BI-BAD*, 3, 163-171.
- Özşensoy Y, Kurar E, Doğan M, Bulut Z, Altunok V, Işık A, Çamlıdağ A, Nizamlioğlu M, 2010b. Mikrosatellit markörlerinin Türkiye yerli sığır ırklarının tanımlanması ve kimliklendirme çalışmalarında kullanılabilirliği. III. Ulusal Veteriner Zootekni Kongresi. 15-17 Temmuz 2010, Afyonkarahisar.
- Peakall R, Smouse PE, 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes*, 6, 288-295.
- Peelman LJ, Mortiaux F, Van Zeveren A, Dansercoer A, Mommens G, Coopman F, Bouquet Y, Burny A, Renaville R, Portetelle D, 1998. Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Anim Genet*, 29, 161-167.
- Rehout V, Hradecká E, Cítek J, 2006. Evaluation of parentage testing in the Czech population of Holstein cattle. *Czech J Anim Sci*, 51, 503-509.
- Ron M, Blanc Y, Band M, Ezra E, Weller JI, 1996. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. *J Dairy Sci*, 79, 676-681.
- Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T, 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Second Edition, Cold-Spring Harbor, New York, USA, Volume 2, pp: 9.16-9.19.
- Schmid M, Saitbekova N, Gaillard C, Dolf G, 1999. Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *J Anim Breed Genet*, 116, 1-8.
- Visscher PM, Woolliams JA, Smith D, Williams JL, 2002. Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J Dairy Sci*, 85, 2368-2375.
- Weber JL, May PE, 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American J Hum Genet*, 44, 388-396.
- Zhang GX, Wang ZG, Chen WS, Wu CX, Han X, Chang H, Zan LS, Li RL, Wang JH, Song WT, Xu GF, Yang HJ, Luo YF, 2007. Genetic diversity and population structure of indigenous yellow cattle breeds of China using 30 microsatellite markers. *Anim Genet*, 38, 550-559.