

KORUMA ALTINDAKİ ÇİNE ÇAPARI KOYUNLARDA GENETİK ÇEŞİTLİLİK*

Pelin BİNBAŞ¹, İbrahim CEMAL²

Özet

Bu araştırma, soyu tükenme eğiliminde olan yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkında ırk içi çeşitliliğin mevcut durumunun DNA düzeyinde rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) belirteçleri ile ortaya konması yanında mevcut sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve uzaklıkların tanımlanması amacıyla yapılmıştır. Mevcut üç Çine Çaparı sürüsünden seçilen 72 baş hayvanda toplam 24 primer kullanılarak genotipleme yapılmıştır.

Toplam 24 adet primerden 15 adedi polimorfik bant vermiş ve bunlardan elde edilen toplam polimorfik bant sayısı 47 olmuştur. Analizler sonucunda sürü içi bireyler arası genetik benzerlikler; ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.4468 ile 0.8511 arasında, EA sürüsünde 0.4894 ile 0.8723 arasında ve MV sürüsünde 0.5745 ile 0.8723 arasında bulunmuştur. Sürü içi bireyler arası genetik uzaklıklar ise, ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.1613 ile 0.8056, EA sürüsünde 0.1366 ile 0.7147 arasında ve MV sürüsünde 0.1366 ile 0.5543 arasında bulunmuştur. Sürüler arası genetik benzerlikler 0.8439 ile 0.9037 arasında, genetik uzaklıklar ise 0.0902 ile 0.1698 arasında bulunmuştur. Bu sonuçlara göre ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsündeki hayvanlar genetik benzerlik bakımından MV sürüsüne oranla birbirlerine daha yakın bulunmuşlardır. Bu sonuçun elde edilmesinde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsü arasında Çine Çaparı koç transferinin olması büyük önem taşımaktadır. Sürü içi hayvanlar arası ortalama genetik benzerlik MV sürüsünde en yüksek değeri almıştır. Bu bulgu MV sürüsündeki lokusların üçte birinin sabitlenmesi sonucu ile de desteklenmektedir.

Anahtar Sözcükler: Gen kaynakları, koyun, Çine Çaparı, çeşitlilik, RAPD

Genetic Diversity in Çine Çaparı Sheep Under Conservation

Abstract

The aim of this study was to determine within breed genetic diversity in endangered Çine Çaparı sheep by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers and to obtain genetic similarities and distances among animals within flock and between flocks. Seventy-two animals from 3 flocks were genotyped with 24 arbitrary primers. Genetic similarities between and within flocks were investigated. Forty-seven polymorphic bands obtained from 15 primers that showing polymorphism. The genetic similarities between individuals within a flock are between 0.4468 and 0.8511 for ADÜ-ÇÇKP conservation flock, 0.4894 and 0.8723 for EA flock, and 0.5745 and 0.8723 for MV flock. Genetic distances were between 0.1613 and 0.8056 for ADÜ-ÇÇKP flock, 0.1366 and 0.7147 for the EA flock, and 0.1366 and 0.5543 for the MV flock. The similarities between flocks were between 0.8439 and 0.9037 and, genetic distances were between 0.0902 and 0.1698. As a result, the similarity was highest between ADÜ-ÇÇKP conservation flock and the flock in Tatarmemişler than the flock in Dereköy village. This may be stem from higher animal flow between ADÜ-ÇÇKP conservation flock and flock in Tatarmemişler village. Mean genetic similarity between animals within flock were highest for MV flock. This finding is supported also by fixation of frequency of nearly one-third of the loci in MV flock.

Keywords: Genetic resources, sheep, Çine Çaparı, diversity, RAPD

GİRİŞ

Milyonlarca yıl süren uzun evrim süreci sonucunda hayvanlarda oluşan genetik varyasyon (Simon ve Buchenauer, 1993) insanoğlunun evciltme süreciyle devreye girmesiyle oldukça çeşitlenmiştir. Buna karşın geçen 20. yüzyılda birçok tür kapsamındaki ırk ya da soylar yok olmuş ve bu yok olma süreci hızlanarak sürmüştür (Hall ve Ruane, 1993). Sanayileşme ile birlikte hızla değişmekte olan sosyolojik ve ekonomik koşullar nedeniyle yerli ırklardan daha fazla yararlanma gerekliliği doğmuştur. Birim hayvandan daha fazla yararlanma gereksinimi, bilgi birikimi ve gelişen teknolojiyle

birleşince, yerli ırkların yerini büyük bir hızla gerek saf yetiştirme gerekse melezlemeler yoluyla oluşturulan yüksek verimli kültür ırkları almaya başlamıştır. Bu ıslah çalışmalarının etkinliğine paralel olarak yerli ırkların azalması ve kaybolması tehlikesi ortaya çıkmıştır (Karaca ve Cemal, 1998). İrkların yaklaşık % 32'si yok olma tehlikesiyle karşı karşıyadır (Anonim, 2000). Bu nedenle dünyada son yıllarda hayvan genetik kaynaklarının korunmasına yönelik çalışma ve çabalarda önemli bir artış gözlemlenmektedir (Ertuğrul et al., 2005).

Diğer türler bakımından olduğu gibi koyun türü anlamında da ülkemiz zengin bir ırk çeşitliliğine sahiptir. Son dönemlerde daha da yoğunlaşan

*Pelin BİNBAŞ'ın Yüksek Lisans Tezinden derlenen bu çalışma ADÜ-BAP (Proje No: ZRF-05014) ve TÜBİTAK (Proje No: 1040399) tarafından desteklenmiştir. Çalışma, 5. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi'nde sunulmuştur.

¹CANAR OSGB, Akarca Mah., M. Kemal Bul. No:161/5-6, Fethiye, Muğla

²Adnan Menderes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı, Aydın

melezleme çalışmaları yerli koyun ırklarımızın varlıklarını sürdürebilmeleri bakımından büyük tehdit oluşturmaktadır. Özellikle, Batı Anadolu'da daha yoğun olarak yaşanan bu sürecin sonucunda Ödemiş koyun ırkımız yakın geçmişte yok olmuş ve bu süreç Çine Çaparı ve Dağlıç gibi yerli ırklarımızın varlığını da ciddi derecede tehdit eder noktaya gelmiştir. İrkların sayısal olarak varlığına ve şu andaki yayılma alanlarına yönelik güncel envanter çalışmaları var olmadığı ve sahadan sağlıklı bilgi akışını sağlayacak kanallar henüz oluşturulmadığı için konunun ciddiyeti ilgili kesimler tarafından henüz tam olarak anlaşılmamıştır. Genelde yağlı kuyruklu olan bu ırklarımız yetiştiriciler tarafından Sakız veya Kıvrıkcık ırkı koçlar ya da bu iki ırkın melezi koçlar kullanılarak ince kuyruklu bir forma dönüştürülmekte, Sakız ırkının yüksek döl ve süt verim yeteneği ile Kıvrıkcık ırkının gelişme özellikleri bakımından üstünlüklerinden yararlanılmaya çalışılmaktadır.

Melezleme etkinlikleri sonucunda büyük bir dönüşümün yaşandığı koyun ırklarımızdan biri olan Çine Çaparı Aydın'ın özgün yöresel koyunudur. Yağlı kuyruklu olan ve geçmiş dönemlerde Aydın'da oldukça yaygın bir şekilde yetiştirildiği yetiştiriciler tarafından dile getirilen Çine Çaparı koyun sayısı günümüzde oldukça azalmıştır. Koruma sürüsü oluşturma ve ırkın özelliklerini tanımlama çalışmalarına (Karaca ve Cemal, 2005) 1996 yılında Adnan Menderes Üniversitesinde başlanmış ve Adnan Menderes Üniversitesi Çine Çaparı Koruma Programı (ADÜ-ÇÇKP) isimli bir stratejik yönelim programı devreye sokulmuştur. Bu program kapsamında ırkın korunması amacıyla bir koruma sürüsü oluşturulmuş ve ırkı saf olarak bulunduran yetiştirici sürüleri izlemeye alınarak bu sürülerin korunması da teşvik edilmiştir. İrk kapsamında günümüze ulaşan 2'si yetiştiricilere ve biri Üniversiteye (Adnan Menderes Üniversitesi) ait koruma sürüsü olmak üzere toplam 3 küçük sürü ve bu 3 sürü kapsamında ise 2006 yılı itibarıyla toplam 130 baş koyun bulunmaktadır. Yörede daha önce yapılan geniş taramalar sonucunda saf Çine Çaparı yetiştiriciliğinin yapıldığı başka sürülere rastlanmadığı bildirilmiştir (Karaca et al., 2004; Karaca ve Cemal, 2005). İrkin geçmişteki sayısal durumu, tam olarak yayılma alanı ve verim özellikleri konusunda son yıllarda yapılan araştırmalar (Karaca ve Cemal, 2005) dışında herhangi bir yazılı kaynağa rastlanmadığından yöredeki yetiştiricilerle yapılan görüşmeler temel kaynak niteliğindedir. İrkin morfolojik ve fizyolojik özelliklerinin tanımlanmasına yönelik kimi çalışmalar (Altın et al 1999, Karaca et al 1999, 2004) yapılmasına karşın ırk içi genetik çeşitliliğin DNA düzeyinde tanımlanmasına yönelik şu ana kadar herhangi bir çalışma gerçekleştirilmemiştir. Hayvanlarda genetik yapıyı tanımlamaya yönelik moleküler genetik yöntemlerin kullanımını gün geçtikçe yaygınlaşmaktadır. Özellikle genetik kaynak olarak değerli durumda olan popülasyonlara yönelik

moleküler tanımlamalar koruma programlarına yol gösterici rol oynamakta ve koruma faaliyetlerinin etkinliği de bir anlamda bu çalışmalarla test edilebilmektedir. Moleküler genetik tanımlamalarda kullanılan önemli yöntemlerden biri de rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) analizidir. Yerli hayvan ırklarımıza yönelik kimi çalışmalarda (Mercan, 2004, Elmacı et al., 2007, Balcıoğlu et al. 2009) bu yöntemden yararlanılmıştır.

Soyu tükenme sürecinin eşliğinde olan yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkının ele alındığı bu çalışmada, ırk içi genetik çeşitliliğin mevcut durumunun DNA düzeyinde RAPD belirteçleri ile ortaya konması amaçlanmıştır. Mevcut sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve uzaklıkların tanımlanması ile sürdürülen koruma etkinliklerinin daha da etkin kılınması hedeflenmektedir.

MATERYAL ve YÖNTEM

Araştırmanın hayvan materyalini, ADÜ-ÇÇKP kapsamında oluşturulan (Karaca et al 2004) ve Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Koyunculuk Araştırma ve Uygulama Ünitesinde yer alan Çine Çaparı koruma sürüsü ile aynı program kapsamında izlenen Erdoğan AKTÜRK (EA, Tatarmemişler köyü, Çine, Aydın) ve Mustafa Vural (MV, Dereköy köyü, Koçarlı, Aydın) isimli son iki yetiştiriciye ait sürüler olmak üzere toplam 3 sürüden örneklenen 72 baş koyun (anaç koyun ve koç) oluşturmuştur. Bu çerçevede, ADÜ-ÇÇKP kapsamındaki koruma amaçlı sürüden 26, EA'ya ait sürüden 32 ve MV'ye ait sürüden 14 hayvana ait DNA örnekleri yer almıştır. Örneklemelerde saf ırk özelliklerini en iyi şekilde gösteren hayvanlar seçilmiştir.

Seçilen koyunların boyun toplardamarından 10 ml kan örneği EDTA içeren vakumlu tüplere alınmış ve kan örneklerinden DNA ekstraksiyonu Miller et al (1988) tarafından bildirilen prosedür esas alınarak gerçekleştirilmiştir. Polimorfizmin belirlenebilmesi için baz dizilişi rasgele oluşturulmuş 10 baz uzunluğundaki primerler kullanılarak PCR'da DNA çoğaltımı gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla OPE serisinden 20 primer ve OPA serisinden 4 primer olmak üzere toplam 24 primer (Çizelge 1) kullanılmıştır. Toplam 15 ul hacminde hazırlanan PCR karışımı kapsamında 7.58 ul H₂O, 1.5 ul 10X PCR tamponu, 1.2 ul MgCl₂ (25 mM), 0.5 ul her bir dNTP (3 mM), 0.6 ul primer (10 M), 0.6 U Taq DNA polimeraz ve 2 ul (~50 ng) genomik DNA yer almıştır. Ardından, termal çeviricide (Eppendorf Mastercycler® Gradient) primerlere özgü DNA bölgelerinin çoğaltımı için izleyen program kullanılmıştır. İlk denatürasyon aşamasını (94 °C'de 30 saniye) izleyen 40 döngü kapsamında 94 °C'de 30 saniye denatürasyon, 35 °C'de 45 saniye primer bağlanması (annealing) ve 72 °C'de 1 dakika uzama (extension) uygulanmış ve bunu 72 °C'de 5 dakika son uzama aşaması izlemiştir.

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan RAPD primerlerinin isim ve baz dizimleri

Primer	Baz Dizilimi (5' > 3')	Primer	Baz Dizilimi (5' > 3')	Primer	Baz Dizilimi (5' > 3')
OPE-01	CCCAAGGTCC	OPE-09	CTTCACCCGA	OPE-17	CTACTGCCGT
OPE-02	GGTGCGGGAA	OPE-10	CACCAGGTGA	OPE-18	GGACTGCAGA
OPE-03	CCAGATGCAC	OPE-11	GAGTCTCAGG	OPE-19	ACGGCGTATG
OPE-04	GTGACATGCC	OPE-12	TTATCGCCCC	OPE-20	AACGGTGACC
OPE-05	TCAGGGAGGT	OPE-13	CCCGATTCGG	OPA-01	CAGGCCCTTC
OPE-06	AAGACCCCTC	OPE-14	TGCGGCTGAG	OPA-02	TGCCGAGCTG
OPE-07	AGATGCAGCC	OPE-15	ACGCACAACC	OPA-03	AGTCAGCCAC
OPE-08	TCACCACGGT	OPE-16	GGTGACTGTG	OPA-04	AATCGGGCTG

PCR işleminden sonra çoğaltılan DNA bölgeleri agaroz jel elektroforezinde boyutlarına göre ayrıştırılmış, etidyum bromid ile boyanmış ve UV ışığı altında fotoğraflanmıştır. Elde edilen jel fotoğrafları incelenmiş ve polimorfik olan yani bilgi sağlayan 47 adet bant belirlenmiştir. Primerler bazında her birey için bantların varlığına 1 yokluğuna 0 verilerek bir veri matrisi oluşturulmuştur. Bu matristen yola çıkarak primerlerin verdikleri polimorfik bantların frekansları ve polimorfizm oranları hesaplanmıştır. Genetik benzerlik ve uzaklıklar Nei (1972)'ye göre POPGENE (Yeh et al 1997) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik benzerlik veya monomorfizm oranının (M) belirlenmesi için $M = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$ eşitliği kullanılmıştır. Eşitlikteki N_{ij} terimi i ve j bireyleri arasındaki ortak bant sayısını, N_i terimi i . bireye ait toplam bant sayısını ve N_j terimi ise j . bireye ait toplam bant sayısını ifade etmektedir. Genetik farklılık veya polimorfizm oranını (P) hesaplamak için $P = 1 - M$ eşitliği ve yine genetik uzaklıkları (GD) hesaplamak için $GD = -\ln(M)$ eşitliği kullanılmıştır.

Ardından, genetik uzaklık matrislerini oluşturan değerlerden yararlanılarak ve UPGMA

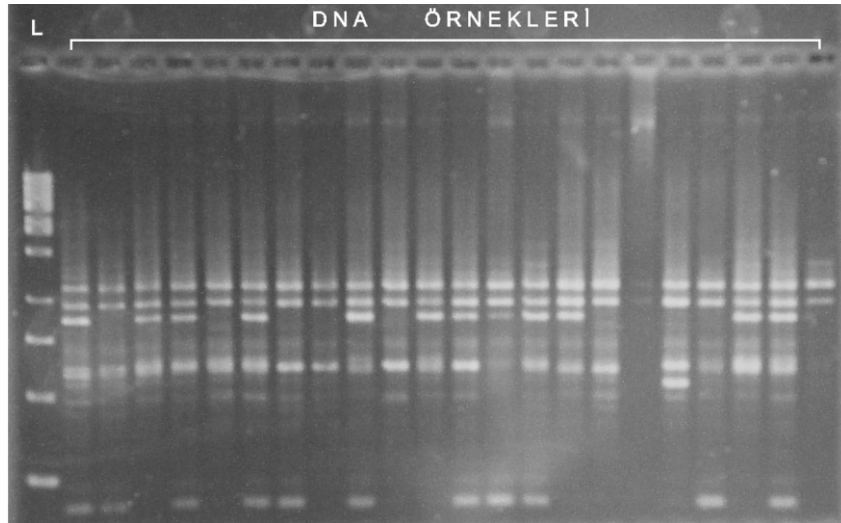
(Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) metodu esas alınarak MEGA3.1 (Kumar et al., 2004) programı aracılığıyla dendrogramlar oluşturulmuştur.

BULGULAR ve TARTIŞMA

Elde edilen polimorfik bantlar ve frekansları

Çalışmada kullanılan 24 adet primerden elde edilen polimorfik bantlar ve bu bantların frekansları sürüler bazında ayrı ayrı ve üç sürünün geneli için toplu olarak hesaplanarak Çizelge 2'de özetlenmiştir. Toplam 24 adet primerden 15 adedi polimorfik bant vermiş ve bunlardan elde edilen toplam polimorfik bant sayısı 47 olmuştur. Polimorfik bant veren primerler arasında OPE-12 nolu primer 1 polimorfik bant ile en az, OPE-01 nolu primer ise 5 polimorfik bant ile en fazla polimorfik bant veren primer olmuştur. Polimorfik bant veren primer başına yaklaşık 3.13 polimorfik bant elde edilmiştir. Elde edilen bant görüntülerine örnek olarak OPE-18 primerinden elde edilen bantlara ait jel fotoğrafı Şekil 1'de verilmiştir.

Genel anlamda polimorfizm elde edilen 47 DNA



L: Ladder (boy markörü)

Şekil 1. Elde edilen bant görüntülerine örnek jel fotoğrafı (OPE-18 nolu primer)

bölgesinden 1'i ADÜ-ÇÇKP sürüsünde (OPE-03/3), 3'ü EA sürüsünde (OPE-05/1, OPE-06/2 ve OPE-06/3) ve 9'u MV sürüsünde (OPE-02/3, OPE-02/4, OPE-03/3, OPE-06/2, OPE-06/3, OPE-09/2, OPE-16/3, OPE-16/4 ve OPE-20/1) hiç bant vermemiştir. Bunun yanında bazı bantların ise kimi sürüler için frekanslar 1.0 olmuştur. Bu durumu sergileyen ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 1 (OPE-08/3), EA sürüsünde 3 (OPE-05/2, OPE-14/2 ve OPE-20/2) ve MV sürüsünde 8 bant (OPE-01/5, OPE-02/1, OPE-04/2, OPE-06/4, OPE-08/4, OPE-15/3, OPE-18/2 ve OPE-20/2) bulunmaktadır.

Buradan da bazı allellerin özellikle MV sürüsünde var olmadığı veya aynı lokustaki alternatif allel ya da alleller bakımından sabitlenme olduğu, benzer şekilde bazı allellerin frekanslarının ise nihai değer olan 1'e yükselerek sabitlendiği anlaşılmaktadır. Populasyon düzeyinde polimorfik olan toplam 47 banttan 17'si (8'inin frekansı 1'e, 9'unun frekansı ise 0'a sabitlenmiştir) yani lokusların % 36.17'si bu sürüde homozigotlaşmıştır. Sonuçlar bu sürünün diğer 2 sürüden farkının daha yüksek olduğuna ve aynı zamanda sürü içi bireyler arası genetik benzerliklerin diğer sürülere oranla daha yüksek olduğuna işaret etmektedir.

Burada ayrıca az sayıda allel sadece sürülere özgü bant vermiştir. Çizelge 2'de de görülebileceği üzere OPE-03/3 nolu bant sadece EA sürüsünde, OPE-06/2 ve OPE-06/3 nolu bantlar ise sadece ADÜ-ÇÇKP sürüsünde gözlenmiştir. Sürüler arası ayrımların yapılabilmesi anlamında sürülere özgü bant veren bu allellerden faydalanmak olası görünmektedir.

Sürüler içi genetik benzerlik ve uzaklıklar

Üç Çine Çaparı sürüsü kapsamında değerlendirmeye alınan 72 baş hayvan için polimorfik yapı sergileyen toplam 47 banttan 45'i (% 95.74) ADÜ-ÇÇKP sürüsünde, 41'i (%87.23) EA sürüsünde ve 30'u (% 63.83) MV sürüsünde polimorfizm sergilemiştir.

ADÜ-ÇÇKP sürüsünden seçilen 26 birey arası genetik benzerlikler 0.4468 ile 0.8511 değerleri arasında sıralanmış ve sürü içi ortalama genetik

benzerlik 0.6434 düzeyinde olmuştur. Sürü üyeleri arası genetik uzaklıklar ise 0.1613 ile 0.8056 uç değerleri arasında yer almıştır. Sürü içi ortalama genetik uzaklık düzeyi ise 0.4303 olarak belirlenmiştir.

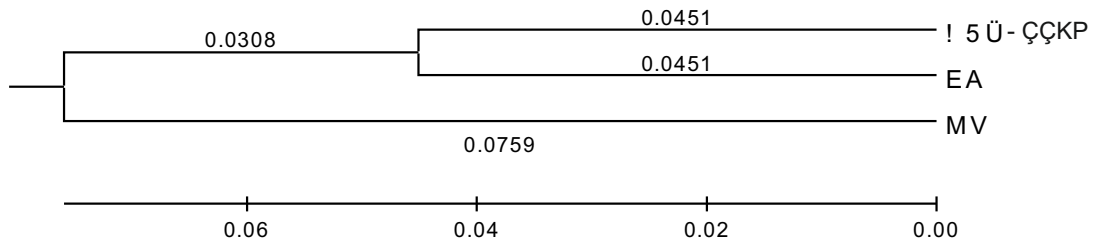
EA sürüsünde bulunan 32 hayvan için elde edilen DNA bantlarının ikili karşılaştırılması sonucu elde edilen genetik benzerlikler 0.4894 ile 0.8723 değerleri arasında sıralanmış, sürü içi ortalama genetik benzerlik 0.7049 düzeyinde bulunmuştur. Genetik uzaklıklar ise 0.1366 ile 0.7147 arasında değerler almış, sürü içi ortalama genetik uzaklık 0.3781 olarak belirlenmiştir.

MV sürüsünde değerlendirilen 14 baş hayvanın ikili karşılaştırmaları bakımından elde edilen genetik benzerlik değerleri 0.5745 ile 0.8723 arasında sıralanmış, sürü içi ortalama genetik benzerlik 0.7508 düzeyinde bulunmuştur. Genetik uzaklık değerleri ise 0.1366 ile 0.5543 arasında değişmiş, sürü içi ortalama genetik farklılık 0.3167 olarak bulunmuştur.

Sürüler arası genetik benzerlik ve uzaklıklar

Tüm sürüleri kapsayan analizden elde edilen toplam 47 polimorfik bant esas alınarak yapılan sürüler arası genel karşılaştırma sonucunda üç farklı Çine Çaparı sürüsü (ADÜ-ÇÇKP, EA ve MV sürüleri) arasındaki genetik benzerlik değerleri 0.8438 ile 0.9037 arasında sıralanmıştır. Sürüler arası ortalama benzerlik 0.8865 olarak bulunmuştur. Sürüler arası genetik uzaklıklar ise 0.0902 ile 0.1698 arasında olup ortalama genetik uzaklık 0.1320 olarak bulunmuştur.

Genetik uzaklıklara ait oluşturulan dendrogram (Şekil 2) incelediğinde genetik yapı bakımından ADÜ-ÇÇKP sürüsü EA sürüsü arasındaki benzerliğin daha yüksek olduğu gözlenmektedir. Bu sonucun ortaya çıkmasında ADÜ-ÇÇKP sürüsünün Çine ilçesindeki sürülerden alınan hayvanlarla oluşturulması etken olabileceği gibi koruma sürüsü ile anılan yetiştirici sürüsü arasındaki damızlık hareketlerinin ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile Koçarlı ilçesine bağlı Dereköy köyünde bulunan MV sürüsü arasındaki damızlık hareketlerine oranla daha yüksek olmasının rolünün de olabileceği düşünülmektedir.



Şekil 2. Üç Çine Çaparı koyun sürüsü arası genetik uzaklıklara ait dendrogram

Çizelge 2. Primerlerin oluşturduğu polimorfik bantlar ve sürüler bazında frekansları

Primerler	Polimorfik Bant Sayısı	Polimorfik Bantlar	Sürüler Bazında ve Genel Bant Frekansları			
			ADÜ-ÇÇKP	EA	MV	GENEL
OPE-01	5	OPE-01/1	0.5217	0.7742	0.5833	0.6515
		OPE-01/2	0.7391	0.8387	0.8333	0.8030
		OPE-01/3	0.8696	0.7419	0.8333	0.8030
		OPE-01/4	0.8696	0.9677	0.6667	0.8788
		OPE-01/5	0.9565	0.9032	1.0000	0.9394
OPE-02	4	OPE-02/1	0.8696	0.9286	1.0000	0.9219
		OPE-02/2	0.5652	0.8929	0.8462	0.7656
		OPE-02/3	0.3333	0.1290	--	0.1739
		OPE-02/4	0.2083	0.0645	--	0.1014
OPE-03	4	OPE-03/1	0.8000	0.7500	0.1538	0.6571
		OPE-03/2	0.4800	0.4375	1.0000	0.5571
		OPE-03/3	--	0.3750	--	0.1714
		OPE-03/4	0.9200	0.6875	0.9231	0.8143
OPE-05	2	OPE-05/1	0.2800	--	0.5714	0.2113
		OPE-05/2	0.7600	1.0000	0.6429	0.8451
OPE-06	4	OPE-06/1	0.9583	0.5625	0.6154	0.7101
		OPE-06/2	0.5909	--	--	0.5909
		OPE-06/3	0.4091	--	--	0.4091
		OPE-06/4	0.5000	0.4688	1.0000	0.5797
OPE-08	4	OPE-08/1	0.2692	0.5625	0.5000	0.4444
		OPE-08/2	0.5385	0.5625	0.5000	0.5417
		OPE-08/3	1.0000	0.8065	0.8462	0.8806
		OPE-08/4	0.5217	0.7097	1.0000	0.7015
OPE-09	3	OPE-09/1	0.3750	0.4194	0.3077	0.3824
		OPE-09/2	0.2727	0.1613	--	0.1642
		OPE-09/3	0.4091	0.3548	0.5000	0.4030
OPE-12	1	OPE-12/1	0.7917	0.8065	0.7857	0.7971
OPE-14	3	OPE-14/1	0.7692	0.7188	0.8571	0.7639
		OPE-14/2	0.9231	1.0000	0.9286	0.9583
		OPE-14/3	0.2692	0.5312	0.5714	0.4444
OPE-15	3	OPE-15/1	0.3846	0.2500	0.1538	0.2817
		OPE-15/2	0.5385	0.3125	0.3571	0.4028
		OPE-15/3	0.8846	0.9688	1.0000	0.9444
OPE-16	4	OPE-16/1	0.9583	0.6774	0.9286	0.8261
		OPE-16/2	0.8750	0.8710	0.7143	0.8406
		OPE-16/3	0.2500	0.4545	--	0.3478
		OPE-16/4	0.2500	0.1290	--	0.1449
OPE-18	2	OPE-18/1	0.6000	0.5938	0.6429	0.6056
		OPE-18/2	0.5833	0.3750	1.0000	0.5714
OPE-19	3	OPE-19/1	0.6667	0.8667	0.5000	0.7302
		OPE-19/2	0.2857	0.0667	0.1667	0.1587
		OPE-19/3	0.0952	0.1000	0.4167	0.1587
OPE-20	3	OPE-20/1	0.0385	0.3125	--	0.1528
		OPE-20/2	0.9231	1.0000	1.0000	0.9722
		OPE-20/3	0.8077	0.5938	0.7857	0.7083
OPA-02	2	OPA-02/1	0.4583	0.1613	0.2143	0.2754
		OPA-02/2	0.0833	0.3548	0.5714	0.3043

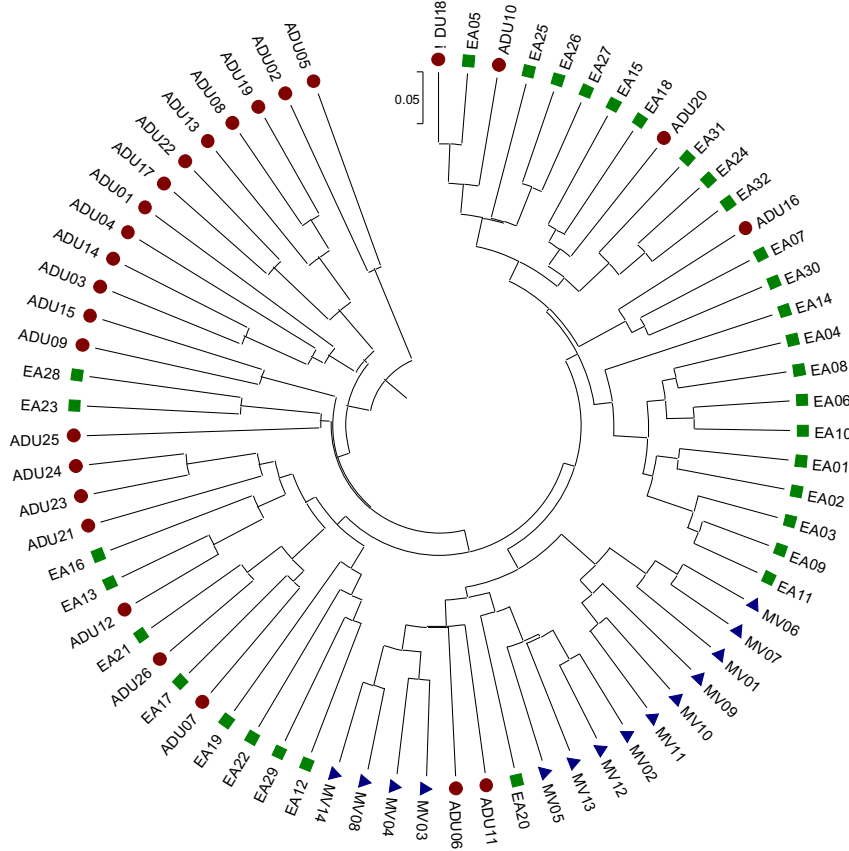
Populasyondaki tüm bireylere ait genel değerlendirme

Toplam 72 hayvanı kapsayan tüm populasyondaki bireyler arası genetik uzaklıklara göre oluşturulan dendrogram Şekil 3'te verilmiştir. Dendrogram incelendiğinde her sürüye ait bireylerin yoğunlukla kendi aralarında kümeleştikleri gözlenmektedir. Bu durum özellikle MV sürüsü için daha belirgindir. Benzer şekilde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsündeki hayvanlar arasında da bir ayrışma gözlenmektedir. Bu sonuçlar sürüler içi genetik benzerliklerin olağan şekilde sürüler arası genetik benzerliklerden daha fazla olduğuna işaret etmektedir. Daha yüksek sayıda primer ile genotipleme yapılması durumunda sürüler arası ayrışmanın daha da net bir şekilde ortaya çıkması olasıdır.

Ülkemizdeki yapılan az sayıda çalışmanın sadece birinde (Mercan, 2004) ırk içi populasyonlar arası karşılaştırma yapılmıştır. Söz konusu çalışmada, Karayaka koyun ırkına ait 5 farklı populasyon arası genetik benzerlikler 0.2500-0.6677 aralığında bulunmuştur. Karayaka koyun ırkında populasyonlar arası genetik benzerlik düşük bulunmuştur. Populasyonların biri birine uzak bölgelerde bulunması böyle bir sonucun elde edilmesini sağlamış olabilir.

SONUÇ

Yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkında yapılan bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre sürü içi genetik benzerliğin en yüksek olduğu sürü MV sürüsüdür. Ortalama genetik benzerlik değerinin yüksekliği yine bu sürü için elde edilen bant görüntülerinden elde edilen frekansların kimi lokuslar için 1 veya 0 değerine sabitlenmesi sonucu ile de desteklenmektedir. İncelenen lokusların yaklaşık üçte biri bu sürüde sabitlenmiş yani homozigotlaşmıştır. Bu durum, özellikle bu sürüdeki hayvan sayısının kısıtlı olmasının ve dolayısıyla akrabalı yetiştirme etkilerinin daha yoğun yaşanmasının bir sonucu gibi görünmektedir. Sürü içi genetik benzerliğin en düşük olduğu sürü ise ADÜ-ÇÇKP sürüsüdür. Bunun da muhtemel temel sebepleri bu sürünün farklı sürülerden alınan bireyler ile oluşturulması ve çiftleşmelerin akrabalı yetiştirmeyi düşük düzeyde tutacak şekilde planlanmasıdır. Genetik benzerlik anlamında ise EA sürüsü, ADÜ-ÇÇKP ve MV sürüleri arasında bir değer almıştır. EA sürüsü kapsamındaki genetik benzerliği MV sürüsünden daha düşük olmasının sebepleri olarak EA sürüsündeki hayvan mevcudunun kısmen daha fazla olması ve ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile daha fazla damızlık değişim



Şekil 3. Üç Çine Çaparı koyun sürüsündeki tüm bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendrogram

olanağının yakalanmış olması sayılabilir.

Sürüler arası genetik benzerlik ve genetik uzaklıkların belirlenmesine yönelik analizlerde ise genetik benzerlik bakımından birbirine en yakın sürüler ADÜ-ÇÇKP ve EA sürüleri olmuştur. Bu sonucun elde edilmesinde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsü arasında akrabalı yetiştirmeyi sınırlandırmak için geçmişte özellikle koç değişimi şeklinde gerçekleştirilen damızlık akışının rolü vardır. Aynı zamanda, bu benzerlikte koruma sürüsünün oluşturulmasında Çine yöresindeki sürülerin katkısının daha fazla olmasının da etkisi olabilir.

Üç sürüdeki tüm hayvanları kapsayan analizlere dayalı olarak oluşturulan dendrogramda özellikle sürüler bazında hayvanların bir araya kümeleştiği gözlenmiştir. Yani beklenildiği üzere sürüler içi benzerlikler sürüler arası benzerlikten fazla olmuştur. Üç sürü arasındaki bu belirgin ayrım koruma programı için bir avantaj olarak değerlendirilebilir. Bu bağlamda, bundan sonra uygulanacak aşım programlarında sürüler arası koç değişimi aktivitelerinden daha fazla yararlanmanın gerektiği ortaya çıkmaktadır. Bu tür aktivite akrabalığın artışı frenleyip genetik çeşitliliğin daha yüksek seviyelerde korunup gelecek kuşaklara ulaştırılması olanağını yaratacaktır. Özellikle popülasyon büyüklüğünün sınırlı olduğu durumlarda genetik çeşitlilik üzerine akrabalı yetiştirme oldukça büyük baskı oluşturmaktadır. Dolayısıyla, çiftleşme programlarının tüm sürülerdeki bireyleri esas alması ve pedigrî bilgilerinden maksimum düzeyde faydalanılması gerekmektedir. Bu bağlamda pedigrî bilgilerinin doğru bir şekilde tutulması büyük öneme sahiptir. Pedigrî bilgilerinin oluşturulması veya var olan pedigrî bilgilerinin doğrulanması anlamında duyarlı moleküler genetik tanımlama yöntemlerinin (mikrosatellit genotipleme vb gibi) devreye sokulması büyük katkılar sağlayabilir.

Ayrıca, bu çalışma ile elde edilen sonuçlar gelecekte aynı ırkta yapılacak benzer çalışmalarda yapılacak karşılaştırmalar için referans niteliği taşıyacaktır. Uygulanan koruma programının genetik çeşitliliği korumadaki etkinliği de böylece ortaya konabilecektir. Bunun yanında ülkemizdeki diğer koyun popülasyonlarında yapılacak çalışmaların sonuçlarının karşılaştırılması için de referans oluşturacaktır.

Ülkemizin sahip olduğu önemli gen kaynaklarımızdan biri olan Çine Çaparı koyunların korunup gelecek kuşaklara ulaştırılması için oluşturulan koruma programının etkin bir şekilde yürütülmesi için moleküler genetik tanımlamalarla elde edilen bilgiler yönlendirici rol üstlenebilir. Bu kapsamda diğer analiz yöntemlerinin de devreye sokulması daha ayrıntılı bilgilerin ortaya konmasına yardımcı olabilecektir. Özellikle kodominant kalıtım tarzına sahip mikrosatellit DNA işaretleyicilerine dayalı olarak ta ırkın tanımlanmasının, sürüler içi ve sürüler arası benzerlik ve farklılıkların daha da

ayrıntılı olarak ortaya konması faydalı olacaktır.

KAYNAKLAR

- Altın T, Karaca O, Cemal İ, Atay O (1999) Çine Çaparı ve Çine Tipi (Yöresel Sentetik) koyunların yapıları verimi ve özellikleri. In: Uluslararası Hayvancılık'99 Kongresi Bildirileri, 21-24 Eylül 1999, İzmir, 760-765.
- Anonim (2000) World Watch List for Domestic Animal Diversity. In: Scherf BD (ed), 3rd Edition, Food and Agriculture Organization of United Nations (FAO), Rome.
- Balcioğlu MS, Şahin E, Karabağ K, Yolcu Hİ, Arık İZ (2009) Türkiye yağlı kuyruklu koyun ırklarında DNA parmakizinin RAPD-PCR yöntemi kullanılarak belirlenmesi. In: 6. Zootekni Bilim Kongresi Bildirileri, 24-26 Haziran 2009, Erzurum, 114-118.
- Elmacı C, Öner Y, Oziş Ş, Tuncel, E (2007) RAPD Analysis of DNA Polymorphism in Turkish Sheep Breeds. *Biochemical Genetics* 45: 691-696.
- Ertuğrul M, Dellal G, Elmacı C, Akın O, Karaca O, Altın T, Cemal İ (2005) Hayvansal gen kaynaklarının koruma ve kullanımı. In: Türkiye Ziraat Mühendisliği VI Teknik Kongresi Bildirileri, 3-7 Mart 2005, Ankara.
- Hall SJG, Ruane J (1993) Livestock breeds and their conservation - A global overview. *Conservation Biology* 7: 815-825.
- Karaca O, Cemal İ (1998) Batı Anadolu koyunculğunda genetik kaynakların korunma ve kullanımı. In: Ege Bölgesi 1. Tarım Kongresi. Bildirileri (II), 7-11 Eylül 1998, Aydın, 573-582.
- Karaca O, Cemal İ, Altın T (2004) Yerli Çine Çaparı koyun ırkının genetik kaynak olarak korunması çalışmaları. In: 4. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi Bildirileri, 01-03 Eylül 2004, Isparta, 33-38.
- Karaca O, Çetiner Ş, Cemal İ (1999) Çine Çaparı koyunların kimi özellikleri ve genetik kaynak olarak korunması olanakları. In: Uluslararası Hayvancılık'99 Kongresi Bildirileri, 21-24 Eylül 1999, İzmir, 558-563.
- Karaca O, Cemal İ (2005) Gen kaynağı olarak risk altındaki yerli koyun ırklarımızdan: Çine Çaparı. *HASAD Hayvancılık* 20(239): 14-20.
- Kumar S, Tamura K, Nei M (2004) MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics* 5: 150-163.
- Mercan L (2004) Karayaka koyun popülasyonlarında genetik varyasyonun RAPD yöntemiyle analizi. Yüksek lisans tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *16: 1215.*
- Nei M (1972) Nei's original measures of genetic identity and genetic distance. *The American Naturalist* 106: 283-292.
- Simon DL, Buchenauer D (1993) Genetic Diversity of European Livestock Breeds. EAAP Publication: 66, Wageningen Press, Wageningen.
- Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ, Ye ZH, Mao JX (1997) POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. *Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.*

Sorumlu Yazar

*İbrahim CEMAL
cemal_i@yahoo.com*

*Adnan Menderes Üniversitesi,
Ziraat Fakültesi,
Zootekni Bölümü
Biyometri & Genetik Anabilim Dalı
Güney Kampusu Aydın*

Geliş Tarihi : 28.03.2016

Kabul Tarihi : 14.06.2016