ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

SÜT PROTEİN LOKUSLARI KULLANILARAK ESMER, SİYAH-ALACA VE SARI-ALACA SIĞIR IRKLARI ARASINDAKİ GENETİK MESAFENİN FARKLI YÖNTEMLERLE BELİRLENMESİ

Petek UZUNAL

ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

ERZURUM
2006

Her Hakkı Saklıdır

Yrd. Doç. Dr. Ünsal DOĞRU'nun danışmanlığında Petek UZUNAL tarafından hazırlanan bu çalışma 18/09/2006 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Zootekni Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof.Dr. Naci TÜZEMEN *İmza* :

Üye : Doç.Dr. Orhan ERDOĞAN *İmza* :

Üye : Yrd.Doç.Dr. Ünsal DOĞRU *İmza* :

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof.Dr. Mehmet ERTUĞRUL

Enstitü Müdürü

İÇİNDEKİLER

ÖZET…… i

ABSTRACT……. ii

TEŞEKKÜR…….. iii

ŞEKİLLER DİZİNİ…… iv

ÇİZELGELER DİZİNİ……. v

1. GİRİŞ……...…… 1

2. KAYNAK ÖZETLERİ…… 6

3. MATERYAL ve YÖNTEM…….. 17

3.1. Materyal……. 17

3.1.1. Hayvan materyali……... 17

3.2. Yöntem……... 17

3.2.1. İstatistik analizler……... 17

3.2.1.a. Gen frekanslarının hesaplanması……... 17

3.2.1.b. Irklar arası genetik mesafelerin hesaplanması ve dendogramların çizimi…… 19

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA……. 21

4.1. Alfa-Kazein (αs_1-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı …… 21

4.2. Beta-Kazein (β-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı ……. 23

4.3. Kappa-Kazein (κ-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı……. 25

4.4. Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı…. 26

4.5. Irkların Polimorfik Sistemlerine Dayalı Genetik Yapı Özellikleri…… 27

4.5.1. Nei'ye göre ırkların genetik yapısı…….. 27

4.5.2. Cavalli-Sforza'ya göre ırkların genetik yapısı…….. 29

4.5.1. Reynolds'a göre ırkların genetik yapısı…….. 30

5. SONUÇ ve ÖNERİLER……. 33

KAYNAKLAR…… 33

ÖZGEÇMİŞ

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

SÜT PROTEİN LOKUSLARI KULLANILARAK
ESMER, SİYAH-ALACA VE SARI-ALACA
SIĞIR IRKLARI ARASINDAKİ GENETİK MESAFENİN
FARKLI YÖNTEMLERLE BELİRLENMESİ

Petek UZUNAL

Atatürk Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı

Danışman: Yrd.Doç.Dr. Ünsal DOĞRU

Bu çalışmanın amacı incelenen ırklar arasındaki genetik mesafenin kullanılan farklı yöntemlerle belirlenmesidir.

Nei'ye göre; Esmer-Siyah Alaca 0,050085 Esmer-Sarı Alaca 0,023490 Siyah Alaca-Sarı Alaca 0,080857, Cavalli-Sforza'ya göre; Esmer-Siyah Alaca 0,142038 Esmer-Sarı Alaca 0,021475 Siyah Alaca-Sarı Alaca 0,194275, Reynolds'a göre Esmer-Siyah Alaca 0,083954 Esmer-Sarı Alaca 0,027635 Siyah Alaca-Sarı Alaca 0,121499 olarak hesaplanmıştır.

Her üç metoda görede Esmer ile Sarı-Alaca ortak grubu oluştururken Siyah-Alaca'nın bu gruptan uzak kaldığı tespit edilmiştir.

2006, 38sayfa

Anahtar Kelimeler: Esmer, Siyah-Alaca, Sarı-Alaca, Genetik Mesafe, Süt lokusları, Polymorphizm

ABSTRACT

MS Thesis

DETERMINATION OF GENETIC DISTANCE WITH VARIOUS METHODS AMONG BROWN-SWİSS, HOLSTEIN AND SIMMENTAL BREEDS THROUGH THE USE OF MILK PROTEIN LOCI

Petek UZUNAL

Atatürk Universty
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Fakulty of Agriculture
Department of Animal Science

Supervisor: Assoc.Prof.Dr. Ünsal DOĞRU

The aim of this study is to determine the genetic distance among the utulized breeds through the various methods.

The values of genetic distances for Nei are Brown Swiss-Holstein 0,050058, Brown Swiss-Simmental 0,023490, Holstein-Simmental 0,080857, for Cavalli-Sforza are Brown Swiss-Holstein 0,142038, Brown Swiss-Simmental 0,021475, Holstein-Simmental 0,194275 and for Reynolds, they are Brown Swiss-Holstein 0,083954, Brown Swiss-Simmental 0,027632, Holstein-Simmental 0,121499.

According to the three methods, while Brown-Swiss and Simmental form the common group, Holstein is determined to be distent from this group.

2006, 38 pages

Keyword: Brown-Swiss, Holstein, Simmental, Genetic Distance, Milk Loci, Polymorphism

TEŞEKKÜR

Bu çalışmanın planlanması ve tezin hazırlanmasında yakın ilgi, teşvik ve desteklerini esirgemeyen danışmanım değerli hocam Sayın Yrd.Doç.Dr. Ünsal DOĞRU'ya, çalışmanın tamamlanmasında en büyük yardım ve ilgisini gördüğüm Sayın Arş.Gör.Dr. Memiş ÖZDEMİR'e, Bölüm Başkanımız Sayın Prof.Dr. Hakkı EMSEN'e, manevi desteklerini esirgemeyen değerli dostlarım Sayın Doç.Dr. Ebru EMSEN, Sayın Arş.Gör. Berna EMSEN ve anneleri Sayın Fatma EMSEN'e,

Ayrıca benim bu günlere gelmemde her türlü destek ve teşviklerini esirgemeyen, emeklerini asla ödeyemeyeceğim değerli aileme

Teşekkürlerimi arz ederim. Saygılarımla

Petek UZUNAL
Eylül 2006

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. Nei'e Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar…….. 28
Şekil 4.2. Cavalli-Sforza'ya Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar… 29
Şekil 4.3. Reynolds'a Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar…… 31

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 4.1. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Fenotipleri ve % Dağılışları……. 22

Çizelge 4.2. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Gen Frekansları ve Standart Hataları……. 22

Çizelge 4.3. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Tiplerinin X^2 Bağımsızlık Testi ve Sonuçları. …….. 23

Çizelge 4.4. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Tiplerinin Genetik Denge Kontrolü…….. 24

Çizelge 4.5. k, D ve D_A Değerleri ve Önemlilik Durumları ……. 27

Çizelge 4.6. Nei'e Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler ……. 27

Çizelge 4.7. Cavalli-Sforza'ya Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler …….. 30

Çizelge 4.8. Reynolds'a Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler …… 30

1. GİRİŞ

Son yıllarda bir çok ülkede moleküler genetik tekniklerden elde edilen veriler yardımı ile çeşitli ırkların genetik yapılarını belirleme çalışmaları yürütülmektedir. Çiftlik hayvanlarında ırklar arası ve ırk içi farklılıkların belirlenmesinde protein elektroforezi ilk kullanılan moleküler çalışmadır. Son elli yıldır yapılan bir çok çalışmada çiftlik hayvanlarının genetik yapılarının incelenmesinde protein elektroforezi kullanılmış ve halen kullanılmaktadır. Protein elektroforezi 1000'in üzerinde canlı türünde çalışılarak gösterdikleri varyasyonlar ortaya konulmuştur. Protein jel elektoroforezi yoluyla belirlenen genetik varyasyonlar populasyonlar arası ve içi çeşitliliği tanımlamada rutin bir yöntem haline gelmiştir .

Son yıllarda oldukça hızlı ilerleme gösteren moleküler genetik teknikler ve bu tekniklere uygun yeni istatistik metotların geliştirilmesi ile hayvancılık sahasında da önemli ilerleme ve atılımlar kaydedilmeye başlanmıştır.

Hayvanların herhangi bir şekilde tespit ve ifade edilebilen özelliği fenotipe dolayısı ile verime tekabül eder. Bu verim ise çevre ve genotipin ortak tesirleri sonucunda ortaya çıkar. Çevre ve genotipe yönelik iyileştirmeler şüphesiz verimi artıracaktır. Burada çevre, hayvanın doğum öncesi ve doğum sonrası makro ve mikro seviyede maruz kaldığı her türlü etkileşim olarak tanımlanmaktadır. Çevre etkisinin olumlu yönde kanalize edilmesi, etki alanının sınırlandırılması, kontrol altında bulundurulması, hayvanın içinde bulunduğu ortamın optimize edilmesi entansif hayvancılık prensiplerinin uygulanmasıyla mümkündür. Zaten verimi hedef alan ıslah çalışmalarının ilk aşaması hayvanın genotipinde var olan verim potansiyelini ortaya koyabilecek uygun çevre ortamını tesis etmektir. Nitekim son yıllarda modern ve elverişli çevre düzenlemeleri ve alt yapılarıyla hayvancılık bu yönde mükemmele yaklaşmaktadır. Zira havalandırmanın, ışıklandırmanın, ısıtmanın, altlık temizlemenin ve her türlü hijyenik şartların uygun olarak sağlandığı modern hayvan barınakları, besleyici değeri yüksek yem katkı maddeleri ile desteklenmiş kompoze yem rasyonları, elverişli bakım, besleme ve idari uygulamaları ve işgücünü rantabl kılan her türlü mekanizasyon metodlarıyla

verimi belirleyen çevre etkisi olumlu biçimde doyurulmaktadır.

Çevre ile ilgili geliştirilecek uygulamalarda hayvancılıkta kâr kaygısının verim beklentisinden öncelikli olduğuna dikkat etmek gerekir. Yüksek verim sağlasa bile pratik ve ekonomik olmayan spesifik, pahalı uygulamaların hayvan yetiştiriciliğinde yeri yoktur. Bundan dolayı hayvancılıkta verim arzusunu gerçekleştirecek yatırım ve uygulamalar, gelir ön planda tutularak yapılmalıdır.

Çevreye nazaran genotipi iyileştirme çabaları daha güç, spesifik, kompleks ve zaman alıcıdır. Zira karekteri etkileyen iyi ve verimli genleri belirleyip genotipte arzulanan genleri bir araya getirerek, genler arası etkileşimlerden istifade ederek üstün fenotipi oluşturmak, hayli güç ve sabır isteyen bir iştir. Bunun yanında benzer çevre ortamından daha iyi istifade ederek, daha yüksek verim elde etmek de genotipin iyileştirilmesi ile mümkündür. Genotipi iyileştirme çabaları daha etkili, rantabl ve süreklidir. Yüksek verim potansiyeline sahip, yeterli ve tatminkar verim sağlayan genotip elde etme çalışmaları, zamanımızda alışılagelmiş klasik ıslah metodlarından (melezleme-seleksiyon) daha ileri boyutlarda ve farklı alternatifler sunmaktadır.

Çiftlik hayvanlarında ekonomik öneme sahip süt, yapağı, yumurta ve et verimleri gibi karakterler fazla sayıda genin kontrolü altındadırlar ve aynı zamanda çevre faktörleri tarafından da büyük ölçüde etkilenirler. Bu nedenle kantitatif karakterlerde fenotipik değer çoğu kez genotipik değeri iyi bir şekilde yansıtmamakta ve dolayısıyla fenotipe dayalı seleksiyonda verimlilik azalmaktadır. Bundan dolayı üzerinde durulan karakterin genotipik değerinin tahmini büyük önem taşımaktadır.

Günümüzde canlıların çeşitli yönlerden genotiplerini belirleyen laboratuvar metod ve teknikleri geliştirilmiştir. Hayvanların hayatsal sıvı veya belirli vücut sıvılarında bulunan biyokimyasal unsurların kalitatif yönlerinin genotipin iyi bir göstergesi olduğu bu sayede anlaşılmıştır (Düzgüneş 1976).

Polimorfik özellikteki bu karakterler bir gen yerinde lokalize olmuş bir dizi eşgenlerin

kombinasyonu ile meydana gelen homozigot veya heterozigot tiplerden oluşmaktadır. Eş genler aralarında kodominantlık göstermekte ve dolayısıyla bu vasıflarda fenotipik değer genotipik değere tekabül etmektedir. Bu durum hayvancılıkta dolaylı seleksiyon kavramında yeni bir çığır açarak verim arayışına yönelik ıslah çalışmalarına metod olarak girmiştir.

Sığır, koyun ve kanatlılarda biyokimyasal polimorfizmin varlığı ortaya konduktan sonra, araştırıcılar değişik polimorfik karakterler ile çeşitli verim özellikleri arasındaki ilişkiyi bulmaya yönelmişlerdir. Böyle bir ilişki çeşitli verim özellikleri bakımından dolaylı yada erken seleksiyonu sağlamak bakımından önemlidir.

Bir karakter bakımından genotipik ilerlemenin veya iyileştirmenin bununla genetik ilişkisi ve kalıtım derecesi yüksek, kolay tespit edilebilen bir başka karakter tarafından sağlanması dolaylı seleksiyon kavramını oluşturmaktadır. Modern seleksiyonda yüksek verimli hayvanların belirlenmesinde, üzerinde durulan özelliklerle yüksek bir korelasyon gösteren ve erken dönemlerde tespit edilebilen karakterlerden yararlanmak oldukca önemlidir. Nitekim biyoteknoloji alanında 1955 yılından itibaren başlayan gelişme ve ilerlemeler, hayvancılık sahasında polimorfik biyokimyasal karakterlerin çevreye uyum, döl verimi, yaşama gücü, bazı hastalıklara hassasiyet ve diğer kantitatif verim özellikleri ile plieotropy, linkage ve heterozigotluk gibi muhtelif gen tesir şekil ve ilişkilerine bağlı olarak dolaylı seleksiyona imkan sağlayabileceği yönündedir.

Hayvan yetiştiriciliğinde generasyon aralığını kısaltarak seleksiyonda verimliliği artırıcı, erken yaşta tespit edilebilen dolaylı seleksiyonu sağlayıcı birçok uygulamalı araştırma içinde kan antijenleri, serum proteinleri ve enzim faaliyetleri ile ilgili genlerin, genotiplerin veya genotip kombinasyonlarının tespiti başta gelmektedir (Soysal 1983).

Sığırların ve diğer çiftlik hayvanlarının süt (kazein, laktoglobulin, laktalbumin) ve kan (hemoglobin, transferrin, albumin, karbonik anhidraz vb.) yapılarında tespit edilebilen biyokimyasal polimorfik özellikler, az sayıda gen tarafından kontrol edilmeleri, doğumla veya doğumdan kısa bir süre sonra tanımlanabilmeleri, basit Mendel

kurallarına uyan otozomal kodominant kalıtım yolu izlemeleri, dolayısıyla fenotipin direkt genotipi temsil etmesi ve hayat boyu değişmeyen genetik yapı olarak kalmaları sebebiyle populasyonların üzerinde durulan genetik yapısı hakkında kesin bilgi verebilirler. Bu durum hayvan yetiştiriciliğinde soy kütüklü sürülerde, ebeveynlerin kontrol edilmesi, şüpheli menşe gösteren durumların aydınlatılması, kimliklerin belirlenmesi, ırkların orjinleri, genetik mesafenin tespiti, identik ikizlerin tanınması, gen ve genotip frekanslarının zaman içinde göstereceği değişmenin seyri, hatta belirli istikamete sevk ve kanalize edilebilmesi gibi imkanlar sağlamaktadır.

Hayvanların verimlerinde varyasyona neden olan polimorfik unsurların önemli bir kısmına hayvanların sütlerinin protein yapılarında rastlanmıştır. Sütün başlıca proteini kazeindir. Son yıllarda kazein üzerindeki çalışmalar daha da yoğunlaşmıştır. Özellikle elektroforetik çalışmalar, kazeinin fraksiyonlarının çeşitli variyantlarının bulunduğunu ortaya koymuştur.

Ayrıca son yıllarda DNA (Deoksiribonükleik asit)'ya dayalı olarak PCR (Polymerase Chain Reaction) ve RFLP (Restriction Fragment Lengt Polymorphism) analizi gibi moleküler teknikler, cinsiyet gözetmeksizin çok erken yaşlarda genotipleri tanımlama imkanı sağlamaktadır. Bu sayede, yapılan çoğu çalışma ile yüksek verimli hayvanların erkenden tanımlanması ve süt protein tiplerinin belirlenmesi mümkün olmakta ve bu genotipler verim özellikleri ile büyüme performansı için damızlık değerlerinin tespitinde bir araç olarak kullanılmaktadır. Bu sebeple süt protein tipleri boğa ve ineklerin erkenden seleksiyonu için faydalı bir araç olarak kullanılabilir, pedigri belirlemede alternatif bir program sağlayabilir, hatta süt protein tipleriyle buzağı yaşama gücü arasındaki ilişkileri çalışmayı mümkün kılabilir. Süt endüstrisinde süt protein variyantları için boğaların DNA'larının genotiplerinin belirlenmesindeki pahalı uygulamalar, elde edilecek bu bilginin maliyetine bağlıdır (Lin *et al*. 1992; Chung *et al*. 1994; Lee *et al*. 1996; Citek *et al*. 1998).

Bu araştırmada Üniversitemiz Araştırma ve Uygulama Çiftliği'nde yetiştirilen Esmer, Siyah-Alaca ve Sarı-Alaca sığır ırklarının kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve beta-

laktoglobulin (β-Lg) lokusları bakımından ortaya konulan genetik yapılarından faydalanılarak ırklar arası mesafeler belirlenmiştir.

2.KAYNAK ÖZETLERİ

Kağıt elektroforezi yöntemiyle β-Lg'in A ve B variantlarının ortaya konulmasıyla süt proteini üzerindeki ilk genetik çalışmalar başlamıştır (Aschaffenburg and Drewry 1957).

Aschaffenburg (1961), üreli kağıt elektroforezi yöntemini kullandığı araştırmasında, β-Cn'e ait A, B ve C fraksiyonlarını tespit etmiştir. Thomson *et al*. (1962), β-Cn gibi αs_1-Cn'de polimofik özellik gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Sonraki yıllarda yapılan araştırmalarda αs_1-Cn D (Mariani and Russo 1974a; Mariani and Russo 1976; Stasio and Merlin 1981; Chianese *et al*. 1989; Mariani 1990), αs_1-Cn E (Grosclaude *et al*.1987), β-Cn D (Juneja and Chaudhary 1975), β-Cn E (Mariani and Russo 1974b), β-Lg C (Singh and Khanna 1973; Horwarth 1973), β-Lg D (Mariani and Russo 1976; Mariani and Russo 1977; Mariani 1982; Buchberger *et al*. 1983) β-Lg W (Lodes *et al*.1997) allel genleri tespit edilmiştir.

Kappa-kazein'in polimorfizm gösterdiği ve genetik mekanizma ile yönetildiği bildirilmiştir (Neelin 1964; Woychik 1965; Grosclaude *et al*. 1975). κ-Cn lokusunda genellikle κ-Cn A ve κ-Cn B variyantları bulunurken (Mariani and Russo 1973; Stasio and Merlin1981; Buchberger *et al*. 1983), κ-Cn C (Stasio and Merlin 1980; Mariani 1990), κ-Cn D (Seibert *et al*. 1987), κ-Cn E (Erhardt 1989), κ-Cn F (Ikonen *et al*. 1996) ve κ-Cn G (Erhardt 1996) allelleri de belirlenmiştir.

Polimorfik süt proteinlerine ait tespit edilen varyantlar, kullanılan elektroforez metoduna bağlı olarak değişmektedir. Nitekim β-Cn A varyantı asit-jel ortamında A^1, A^2, A^3 ve A^4 alt tiplerine ayrılabilmektedir (Kammer and Gelderman 1975; Stasio and Merlin 1980; Fukushima *et al*. 1981; Ng-Kwai-Hang *et al*. 1984; Russo *et al*. 1985; Chung *et al*. 1995).

Szmelik *et al*. (1974), çeşitli sığır ırklarında nişasta-jel elektroforezi ile 5 β-Cn (A^1, A^2, A^3, B, C) allel geni belirlemişler ve β-Cn A^3A^3 ve A^3C hariç diğer muhtemel fenotip gruplarını tespit etmişlerdir.

Calabrian, Chiana, Red Pied Friuli, Marche, Maremma, Modica, Piedmont, Sardinian ve Red Pied Aosta ineklerinde nişasta jel elektroforezi yöntemi ile polimorfik süt proteinleri incelenmiştir. αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn ve β-Lg lokusları bakımından ırklar içerisindeki varyasyonun değişiklik gösterdiği, en büyük varyasyonun Piedmont, en küçük ise Chiana ırkında bulunduğu bildirilmiştir (Bettini and Masina 1975).

Rusya Siyah-Alaca, Kholmogor, Ayrshire ve Hollanda Siyah-Alaca ırkları arasında αs_1-Cn, β -Cn, κ-Cn ve β-Lg lokuslarında yararlanılarak yapılan genetik benzerlik testinde 0.90-0.98 değerleri rapor edilmiştir (Skripnichenko 1976).

Japon sığır ırkları (Brown, Shorthorn, Black) ile Avrupa sığır ırklarında (Hereford, Jersey, Guernsey, Holstein) kazein (αs_1, β, κ) ve β-Lg variyantlarına ait allel frekansları tespit edilmiştir. Lokuslardaki allel gen frekansları Japon ve Avrupa ırklarında oldukça yakın bulunmuş ve Japon ırklarının ıslahında Avrupa sığır ırklarının kullanıldığı belirtilmiştir (Abe *et al*. 1977).

Üç bölgeye ait toplam 5270 Polanya Siyah Beyaz Ova sığırında β-Lg ve αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn genleri bakımından, bölgeler ve yetiştirme grupları bakımından farklılık saptanmıştır (Michalak *et al*. 1977).

Matyukov and Urnyshev (1980), αs_1-Cn, β -Cn, κ-Cn lokusları arasındaki bağlantı ilişkisini inceledikleri araştırmalarında β-Cn ve κ-Cn polimorfik sistemlerine ait genler arasında rekombinasyon oranını 0,022 olarak tespit etmişlerdir. αs_1-Cn ve β-Cn polimorfik sistemlerine ait genler arasında rekombinasyon görülmezken, gen sıralamasının αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn şeklinde olabileceğini bildirmişlerdir.

Tarasevich (1984), Red Steppe (RS), Angeln (A) ve AxRS ineklerinde αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn ve β-Lg tipleri incelenmiştir. Dört sistem için heterozigotluk derecesi sığır gruplarında sırasıyla %21,5, %21,3 ve %22,0 bulunmuştur. Her bir sistem ayrı ayrı ve sistemlerin tümü birlikte dikkate alınarak genetik benzerlik hesaplanmıştır. RS-A, RS-AxRS, A-AxRS gruplarında sırasıyla 0,72, 1,0, 0,75'lik genetik benzerlik belirlenmiştir (Konevtsova 1984).

Polonya'da çeşitli ırktan sığırlar üzerinde yapılan bir çalışmada αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn ve β-Lg genetik variyantlarına ait allel frekanslarının ırklar arasında farklılık gösterdiği bildirilmiştir (Biclak *et al*. 1984).

İzoelektrik fokuslama elektroforezi yöntemiyle Alman Simmental sığırlarında yeni bir varyant olarak κ-Cn D tespit edilmiştir (Seibert *et al*. 1987).

Zadworny and Kuhnlein (1990), Quebec'de Holstein boğalarla yaptıkları çalışmada κ-Cn A ve B allel frekanslarının 0,87 ve 0,13, bunun Quebec'de sütçü sürülerde 0,74 ve 0,26 olduğunu ve aralarındaki farkın önemli bulunduğunu bildirmişlerdir.

Shin and Yu (1990), Holstein sığırlarında süt protein genetik variyantlarının oranlarını, αs_1-Cn'de %93,75 BB, %6,25 BC, β-Cn'de %96,88 AA, %3,12 BB, κ-Cn'de %59,38 AA, %37,50 AB, %3,12 BB ve β-Lg'de %18,75 AA, %53,13 AB ve %28,12 BB olarak bildirmişlerdir.

Ng-Kwai Hang *et al*. (1990), Holstein'lar üzerinde yaptıkları çalışmalarında süt protein gen frekanslarını sırasıyla; αs_1-Cn A, B, C için; 0,001, 0,986, 0,013, β-Cn A^1, A^2, A^3, B için; 0,536, 0,443, 0,006, 0,014, κ-Cn A, B için; 0,753, 0,247, β-Lg A, B için; 0,354, 0,646 olarak tespit etmişlerdir.

Eenennaam and Medrano (1991), Holstein, Jersey, Brown Swiss, Guernsey ve Süt Shorthorn'u sığırlarında poliakrilamid-jel elektroforezi metodu ile αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn

ve β-Lg genetik varyantlarını incelemişlerdir. Araştırmada lokuslara ait allel gen frekansları bakımından ırklar arasında farklılıklar bildirilirken, fenotip grupları ile süt üretim özellikleri arasında önemli bir ilişki belirlenememiştir.

Poli and Antonini (1991), 377 Holstein ve 161 Creole sığırının süt protein lokuslarının biyokimyasal analizlerini yaptıkları çalışmalarında αs_1-Cn lokusu bakımından ırkların önemli olarak farklı olduğunu bildirmişlerdir.

Pinder *et al*. (1991), Holstein boğalarda κ-Cn A ve B allellerinin frekanslarını 0,80 ve 0,20 olarak, β-Cn A^3 ve B alleli frekanslarını 0,01 ve 0,04 olarak tespit etmişler ve fenotiplerin frekansları iki lokus arasında linkage dengesizliğinin olduğunu göstermiştir.

Schellander *et al*. (1992), yaptıkları polimorfizm çalışmalarında κ-Cn A ve B allellerinin frekanslarını Avusturya Simmental boğalarında 0,73 ve 0,27, Avusturya Brown boğalarında 0,36 ve 0,64 ve Tyrol Grey boğalarında 0,54 ve 0,46 olarak, üç ırkta κ-Cn BB genotip frekanslarını ise sırasıyla 0,053, 0,429, 0,174 olarak belirlemişlerdir.

Mayr *et al*. (1992), Avusturya Simmental boğalarında κ-Cn A ve B allelerinin frekansını 0,73 ve 0,27 olarak, κ-Cn AA, AB ve BB genotip frekanslarını ise sırayla 0,50, 0,46 ve 0,04 olarak bildirmişlerdir.

Chung *et al*. (1993), Kore yerli (KN) sığırlarına ilave olarak Aberden Angus (AA), Hereford (H) ve Charolais (C) sığırlarında süt proteini allel frekanslarını belirlemişler ve αs_1-Cn lokusu haricinde tüm lokuslarda aradaki farkı önemli bulmuşlardır. Irklar arasındaki genetik mesafeler ise Kore yerli sığırları haricinde; AA-H arasında 0,0699, C-AA arasında 0,204 olarak bulunmuştur. Irklar arasında en yakın ilişki KN-AA arasında gözlenmiştir.

Kore yerli sığırlarında yeni bir β-Cn A^4 variyantı belirleyen Chung *et al*. (1995), sığırların gen frekanslarının αs_1-Cn B, C için sırasıyla 0,846, 0,154, β-Cn A^1, A^2, A^4, B için; 0,216, 0,666, 0,048, 0,070, κ-Cn A, B için; 0,648, 0,352, β-Lg A, B için; 0,148, 0,852 olduğunu bildirmişlerdir. Populasyon tüm süt protein lokuslarında Hardy-Weinberg dengesine uyumlu bulunmuştur.

Ortner *et al*. (1995), Avusturya Simmental inek ve boğası (AS) ile Avusturya Brown inek ve boğası (AB)'nda κ-Cn A, B, C allel gen frekanslarını sırasıyla ırklara göre 0,69, 0,29, 0,02; ve 0,40, 0,59, 0,01 olarak bildirmişlerdir. Çalışmada boğa kızlarının verim dönemi uzunluğu bakımından her iki ırkda da κ-Cn AA genotipli boğalarının damızlık değerleri, κ-Cn BB genotipinde olanlardan daha yüksek bulunmuştur.

Banyko and Bosze (1995), Slovakya Pied (SP) ve Pinzgau (P) boğalarında κ-Cn A ve B allel frekanslarını sırasıyla; SP'de 0,666, 0,333, P'da 0,682, 0,318, AA, AB ve BB genotip frekanslarını ise yine sırasıyla SP'de 0,45, 0,43, 0,12 ve P'da 0,54, 0,28, 0,18 olarak bildirmişlerdir. Bu allellerin frekansları 1968'de bildirilenlerle karşılaştırıldığında B geninin frekansında SP'lerde önemli bir azalma olduğu, P'larda ise önemli bir değişiklik olmadığı görülmüştür.

Uhrin *et al*. (1995), Holstein, German Black Pied, Simmental ve Pinzgau sığırlarında PCR ve RFLP tekniklerini kullandıkları çalışmalarında β-Lg B allel frekansını ırk sırasına göre 0,740, 0,641, 0,621, 0,769 olarak belirtmişlerdir.

Bankyo *et al*. (1995), PCR-RFLP tekniğini kullanarak 220 boğada yaptıkları çalışmalarında, κ-Cn AA, AB ve BB genotip frekanslarını sırayla, Macar Holstein'larında; 0,680, 0,305, 0,016, Slovakya Pied'de; 0,450, 0,433, 0,117 ve Slovakya Pinzgauer'de; 0,545, 0,273, 0,182 olarak bildirmişlerdir.

Krilenko and Glazko (1995), Holstein, Rusya Simmentali ve Ukrayna Black Pied sığırlarında yaptıkları çalışmalarında κ-Cn A allel frekansını ırklarda sırayla 0,750, 0,730, 0,656, κ-Cn B allel frekansını ise 0,250, 0,270, 0,344 olarak tespit etmişlerdir.

Paterson *et al*. (1995), Jerseyler üzerinde yaptıkları çalışmalarında β-Lg A, B ve C allellerinin gen frekanslarını 0,41, 0,53, 0,06 olarak bildirmişlerdir. Çalışmada ayrıca CC genotipinin aynı populasyonda görülmediği, β-Lg A allelinin frekansının diğer ülkelerde bildirilen frekanslara oranla düşük bulunduğu rapor edilmiştir.

Zwierzchowski *et al*. (1995a), HolsteinxPolish Black-White melezi sığırlar ile Piedmont sığırlarında κ-Cn A ve B allel frekanslarını sırasıyla 0,76, 0,24 ve 0,67, 0,33 olarak belirlemişlerdir.

Zwierzchowski *et al*. (1995b), Polish Black Pied (PBP) ve Piedmont (P) sığırlarında yaptıkları çalışmalarında κ-Cn B allel frekans farklılıklarını önemli olmadığını belirtmişlerdir. PBP sığırında κ-Cn B alleli frekansı, ataları olan Holsteinlar ile pozitif bir korelasyon göstermiştir.

Lee *et al*. (1995), Kore'de bulunan Holstein'larda κ-Cn lokusunda AA, AB ve BB genotip frekanslarını sırasıyla 0,755, 0,178, 0,0667, A ve B allel frekanslarını 0,84, 0,16 olarak, β-Lg lokusunda AA, AB ve BB genotip frekanslarını 0,344, 0,437, 0,219, A ve B allel frekanslarını ise 0,56 ve 0,44 olarak bildirmişlerdir.

Rusya Black Pied sığırında β-Lg haricinde αs_1-Cn, β-Cn ve κ-Cn lokuslarında genetik dengenin devam ettiği bildirilmektedir. En büyük genetik varyasyon κ-Cn ve β-Lg lokuslarında bulunurken, heterozigotluk αs_1-Cn lokusunda en düşük olarak tespit edilmiştir (Strekozov and Iolchiev 1995).

Del-Lama and Zago (1996), çeşitli ırk populasyonlarda yaptıkları çalışmalarında κ-Cn B ve β-Cn B allelinin frekansını Nelore ırkında; 0,08 ve 0,77, Gyr ırkında; 0,06 ve 0,62

olarak bildirmişlerdir. Yerli Hint ırkı sığırlarla Brezilya sığırları karşılaştırıldığında κ-Cn B allel frekansı bakımından Brezilya sığırlarında önemli bir azalma tespit edilirken, β-Lg B'de önemli bulunamamış ve Brezilya sığır populasyonunda κ-Cn B allel frekansını artırmak için planlı çiftleştirmeler yapılması gerektiği önerilmiştir.

Pinzgauer, Slovakya Pied ve Holstein sığırlarında PCR ve RFLP tekniğinin kullanıldığı bir çalışmada κ-Cn E allel frekansı ırklarda sırasıyla 0,0164, 0,0077, 0,0169 olarak bildirilmiştir (Chrenek *et al*. 1996).

Ikonen *et al*. (1996), Ayrshire sığırlarında üstün allelleri; αs_1-Cn B 0,999, β-Cn A1 0,509, κ-Cn A 0,612 ve β-Lg B 0,716 olarak, ayrıca yeni bir κ-Cn F (0,307) variyantının tespit edildiğini bildirmişlerdir.

Dobicki *et al.* (1996), Charolais (C), Polish Red-White Lowland (RW) sığırları ve bunların melezleriyle yaptıkları çalışmalarında ırkların genotip frekanslarını ortaya koymuşlardır. RW sığırlarında β-Lg genotip frekansları; 0,10 AA, 0,45 AB, 0,45 BB, C sığırları için β-Lg genotip frekansları; 0,52 AA, 0,38 AB, 0,10 BB, F_1 melezlerinde (%50 C) 0,17 AA 0,75, AB, 0,08 BB, ve R_1 melezlerinde(%75 C, CxRW melezi) 0,33 AA, 0,33 AB, 0,33 BB olarak bildirilmiştir. αs_1-Cn BB genotipi tüm gruplarda yüksek frekansda bulunmuştur. RW sığırlarında β-Cn AA 0,80, C sığırlarında ise 0,59 ile her iki ırkda da yüksek frekansda görülmüştür. F_1 melezlerinde en fazla 0,38'lik frekansla β-Cn AA ve 0,33'lük frekansla β-Cn BB bulunmuştur. R_1 melezleri için en yoğun bulunan β-Cn genotipi 0.50'lik bir payla BE olurken, β-Cn AA, AB, BB genotiplerinin herbiri ise 0,17'lik frekansa sahip olmuşlardır. κ-Cn genotip frekansları RW sığırlarında AA, AB ve BB genotipleri için sırayla 0,33, 0,16, 0,51, F_1 melezlerinde 0,33, 0,33, 0,33, C sığırlarında ise 0,17, 0,35, 0,48 frekansında olduğu ve R_1 melezlerinde sadece κ-Cn AB genotipi bulunduğu bildirilmiştir.

Baranyi *et al*. (1996), Hungarian Grey (HG), Hungarian Pied (HP) ve Hungarofries sığırları ırk çiftleri arasındaki genetik mesafeyi polimorfik süt protein allel

frekanslarından tahmin ettikleri çalışmalarında değerler 0,109'dan (Holstein-HP), 0,339 (HG-Holstein)'a kadar sıralanmış ve bu farkların çoğunun önemli olduğu bildirilmiştir.

Altran and Bo (1996), İtalya'nın Friuli bölgesinde nadir bulunan Red Pied (RP) ırkında β-Lg için genotip frekanslarını 0,241 AA, 0,481 AB ve 0,278 BB olarak bildirmektedirler.

Czech Pied (CP) ve Black Pied (BP) sığırlarında yapılan κ-Cn tiplemesinde, κ-Cn A, B ve E allellerinin frekanslarını CP'de sırasıyla; 0,514, 0,414, 0,071, BP'de ise; 0,756, 0,220, 0,024 olarak belirlenmiştir. Genotip frekanslarının Hardy-Weinberg dengesiyle uyumlu olduğu bildirilmiş ve AA ile BB genotipi iki ırk arasında önemli derecede farklı bulunmuştur (Citek *et al*. 1997).

Mayer *et al*. (1997), Simmental (SI), Austrian Brown (BR), Tyrolean Grey (TG), Pinzgauer (PI), Holstein Friesian (HF) ve Jersey (JE) ırkı sığırlar ile yaptıkları polimorfizm çalışmalarında süt proteinleri bakımından ırklar arasında oldukça büyük farklar bulmuşlardır. Belirlenen kazein variyantlarının allel frekansları da ırklar arasında çok önemli derecede farklı bulunmuştur. Allel frekansları büyükten küçüğe doğru, αs_1-Cn C için; JE'de 0,337, PI'de 0,252, TG'de 0,208, SI'da 0,122, BR'de 0,067 ve HF'de 0,032, β-Cn B için; JE'de 0,246, TG'de 0,218, BR'de 0,164, SI'de 0,083, PI'de 0,04 ve HF'de 0,024, κ-Cn B için; JE'de 0,658, BR'de 0,592, TG'de 0,452, SI'de 0,286, PI'de 0,240 ve HF'de 0,092 olarak belirtilmiştir. En yaygın genotip kombinasyonu ve bunların frekansları αs_1-Cn, β-Cn ve κ-Cn için; SI'de BB/A^2A^2/AA 0,150, BR'de BB/A^2A^2/BB 0,221, PI'de BC/A^1A^2/AA 0,125, TG'de BB/A^2A^2/AA 0,107, HF'de BB/A^1A^2/AA 0,348 ve JE'de BC/A^2A^2/AB 0,217 olarak bildirilmiştir. Avusturya'daki 1975'de çalışılan sonuçlarla karşılaştırıldığında, Simmental'lerde κ-Cn B allel frekansının 0,412'den 0,286'ya gerileyerek önemli derecede azaldığı görülmüştür ($P<0.05$). αs_1-Cn, β-Cn ve β-Lg lokuslarında ise önemli bir değişmenin olmadığı bildirilmiştir.

Ehrmann *et al*. (1997), Simmental (S), Brown Swiss (BS), Holstein Friesian (HF), Red-White (RW), Jersey (J) ve Angler/Red (AR) sığırlarının polimorfik süt protein allel frekanslarını αs_1-Cn B için sırasıyla; 0,897, 0,942, 0,952, 0,941, 0,860, 1,00, C alleli için; 0,103, 0,058, 0,048, 0,059, 0,140, 0,00 olarak, β-Cn A alleli için sırasıyla; 0,920, 0,813, 0,974, 0,980, 0,814, 0,889, B alleli için; 0,066, 0,170, 0,026, 0,020, 0,186, 0,111 ve β-Cn C için sırasıyla 0,015, 0,017, 0,00, 0,00, 0,00, 0,00 olarak, κ-Cn A alleli için sırasıyla; 0,516, 0,392, 0,592, 0,595, 0,430, 0,500, κ-Cn B alleli için; 0,454, 0,603, 0,406, 0,405, 0,570, 0,481, κ-Cn C alleli için; 0,015, 0,004, 0,002, 0,00, 0,00, 0,00, κ-Cn E alleli için; 0,013, 0,00, 0,00, 0,00, 0,00, 0,019 olarak, β-Lg A alleli için sırasıyla; 0,417, 0,440, 0,450, 0,327, 0,233, 0,185, B alleli için; 0,576, 0,558, 0,550, 0,670, 0,767, 0,815, D alleli için; 0,007, 0,002, 0,00, 0,003, 0,00, 0,00 olarak belirledikleri çalışmalarında tüm alleller arasındaki farklardan sadece κ-Cn'ler arasında çok önemli fark bulunduğunu ($P<0.001$) diğerlerinde ise farklılıkların önemsiz olduğunu bildirmişlerdir.

Citek *et al*. (1998), PCR ve RFLP yardımıyla kan örneklerini kullanarak yaptıkları çalışmalarında κ-Cn'nin A, B ve E allel frekanslarını sırayla; Aberdeen Angus'da 0,813, 0,104, 0,083, Charolais'de 0,611, 0,389, 0,0, Galloway'de 0,900, 0,100, 0,0 olarak tespit etmişlerdir. Charolais ile iki İskoç sığırı arasındaki ırk farklılıkları önemli bulunmuştur. İsveç'de Holstein ve Red-White ırklarında yapılan bir çalışmada genotip frekanslarının ırklarda sırasıyla, β-Lg AA için; 0,235, 0,121, AB için; 0,525, 0,410, BB için; 0,240, 0,469, αs_1-Cn BB için; 0,765, 1,00, BC için; 0,235, 0,00, κ-Cn AA için; 0,701, 0,693, AB için; 0,265, 0,307, BB için; 0,034, 0,00, β-Cn AA için; 1,00, 1,00 olarak tespit edildiğini bildirmişlerdir.

Michalak (1997), Holstein sığırlarında yaptığı çalışmasında; β-Lg A ve B, αs_1-Cn B ve C, κ-Cn A ve B ve β-Cn B, A^1, A^2 ve A^3 için allel frekanslarını sırayla; 0,410, 0,590, 0,973, 0,027, 0,809, 0,191, 0,056, 0,365, 0,572 ve 0,008 olarak bildirmiştir. Fenotip sayılarını β-Lg AA, AB, BB için sırasıyla;129, 399, 274, αs_1-Cn BB, BC, CC için sırasıyla;759, 43, 0, β-Cn A^1A^1, A^2A^2, A^3A^3, BB, A^1A^2, A^1A^3, A^1B, A^2A^3, A^2B, A^3B

için sırasıyla;103, 253, 0, 2, 314, 4, 34, 8, 47, 0 , κ-Cn AA, AB, BB için sırasıyla; 521, 256, 25 olarak belirlenmiştir.

Holstein, Slovak Pied, Slovak Pinzgaur ve Brown Swiss ırklarıyla yapılan bir çalışmada κ-Cn AA, AB, BB, AE, BE, EE genotip frekanslarının sırasıyla; 0,310, 0,465, 0,179, 0,030, 0,009, 0,006 olduğu bildirilmiştir (Chrenek and Vasicek 1998).

İspanya'da Holstein Friesian ve Fleckvieh sığır ırkları ile yapılan bir çalışmada süt proteinlerinin genotip frekansları sırasıyla; αs_1-Cn AB için; 0,058, 0,00, BB için; 0,902, 0,805, BC için; 0,040, 0,167, CC için 0,00, 0,029, β-Cn AA için; 0,930, 0,845, AB için; 0,068, 0,109, AC için; 0,002, 0,006, BB için; 0,00, 0,040, κ-Cn AA için; 0,685, 0,540, AB için; 0,296, 0,368, AC için; 0,00, 0,017, BB için; 0,019, 0,063, BC için; 0,00, 0,012, β-Lg AA için; 0,205, 0,241, AB için; 0,497, 0,500, BB için; 0,298, 0,259 bulunmuştur. Irklara ait allel frekansları karşılaştırıldığında αs_1-Cn, κ-Cn allelleri ve β-Cn B alleli bakımından önemli farklılıklar gösterirken, β-Lg lokusu allelleri bakımından ise önemli bir fark tespit edilememiştir (Rodriguez *et al*. 1998).

Almanya'da farklı Siyah-Alaca sığır ırkı (Holstein ve Alman Siyah-Alaca) ve bunların Jersey'lerle olan melezleriyle yapılan bir çalışmada αs_1-Cn, β-Cn ve κ-Cn'nin heterozigot genotiplerini sırasıyla 0,07, 0,50 ve 0,41 olarak bildirilirken, genotipler arası korelasyon katsayılarının önemli bulunduğu bildirilmiştir (Freyer *et al*. 1999).

Mahe *et al*. (1999), N'dama ve Baoule ırklarında αs_1-Cn B ve C allellerinin frekansını sırasıyla; 0,89, 0,11 ve 0,92, 0,08 olarak belirlemişlerdir. Shuwa Zebu'sunda ise bunun hemen hemen tam tersi olduğu belirtilmiştir (0,22, 0,78), αs_1-Cn B, β-Cn A1, κ-Cn B haplotipleri N'dama ve Baoule sığırlarında yüksek frekansdayken (0,56, 0,60), Shuwa Zebu'sunda κ-Cn A haplotipleri yüksek frekansda bulunmuştur (0,63).

Messina *et al*. (1999), İtalyan Red Pied (IRP), İtalyan Brown Swiss (IB) ve İtalyan Friesian (IF) ırkları ile yaptıkları çalışmalarında, süt proteinleri bakımından (κ-Cn ve β-

Lg) tüm ırkların polimorfik yapı gösterdiğini belirtmişlerdir. Her iki lokus da süt miktarı ve kompozisyonu üzerine önemli derecede etkili bulunmuştur. Süt verim özelliği için en iyi κ-Cn genotipinin; IF sığırları için AB ve AE, IB sığırları için BB, en iyi β-Lg genotipinin; IF sığırları için AA ve IB sığırları için ise AB olduğu rapor edilmiştir.

Mikrosatellit, kan grupları, süt proteinleri, büyüme hormonu ve DNA dizilimi gibi çeşitli markerların kullanıldığı ve farklı istatistiksel metodlar ile belirlenen ırklara ait genetik mesafe değerleri elde edilebilmektedir. Nitekim bu konuda yapılan farklı ırkların kullanıldığı çeşitli çalışmalardan elde edilen genetik mesafe değerleri bildirilmektedir (Kidd and Cavalli-Sforza 1974; Graml *et al*. 1986; Maozami *et al*. 1997; Bonvillani *et al*. 2000; Ajmone-Marsan *et al*. 2002; Liron *et al*. 2002; Vasconcellos *et al*. 2003; İbeagha-Awemu *et al*. 2004; Zhou *et al*. 2005; Özdemir 2006).

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Hayvan materyali

Araştırmada Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Araştırma ve Uygulama Çiftliği'nde yetiştirilen Esmer* (Brown-Swiss), Siyah-Alaca* (Holstein), ve Sarı-Alaca* (Simmental) ırkının 1994 yılına kadar dört polimorfik yapısı (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn ve β-Lg) belirlenmiş (Aschaffenburg and Michalak 1968) sığırlara ait veri kayıtlarından yararlanılmıştır.

3.2. Yöntem

3.2.1. İstatistik analizler

3.2.1.a. Gen frekanslarının hesaplanması

Gen frekanslarının hesaplanmasında aşağıdaki formüllerden yararlanılmıştır. Allel gen frekansları üzerinde durulan genle ilgili homozigot fenotip sayısının iki katı ile heterozigot fenotiplerinin sayısının toplamı tüm allel genlerin sayısına bölünerek bulunmuştur (Soysal 1983).

Alfa-kazein için;

$p(\alpha s_1\text{-Cn A}) = (\alpha s_1\text{-Cn AB}) / 2 \times N$

$q(\alpha s_1\text{-Cn B}) = (\alpha s_1\text{-Cn AB} + 2 \times \alpha s_1\text{-Cn BB} + \alpha s_1\text{-Cn BC}) / 2 \times N$

$r(\alpha s_1\text{-Cn C}) = (\alpha s_1\text{-Cn BC}) / 2 \times N$

* T.S.E.3739 Sayılı kararı gereğince Brown Swiss için Esmer, Holstein için Siyah-Alaca, Simmental için Sarı-Alaca deyimleri kullanılmıştır. Literatür bildirişlerinde ise ilgili yazarların tabirleri kullanılmıştır (Anonymous, 1982).

Beta-kazein için;

p(β-Cn A) = (2 x β-Cn AA + β-Cn AB) / 2 x N

q(β-Cn B) = (2 x β-Cn BB + β-Cn AB) / 2 x N

Kappa-kazein için,

p(κ-Cn A) = (2 x κ-Cn AA + κ-Cn AB + κ-Cn AC) / 2 x N

q(κ-Cn B) = (2 x κ-Cn BB + κ-Cn AB + κ-Cn BC) / 2 x N

r(κ-Cn C) = (2 x κ-Cn CC + κ-Cn BC + κ-Cn AC) / 2 x N

Beta-laktoglobulin için;

p(β-Lg A) = (2 x β-Lg AA + β-Lg AB) / 2 x N

q(β-Lg B) = (2 x β-Lg BB + β-Lg AB) / 2 x N

p:İlgili lokustaki A allelinin frekansını,

q: İlgili lokustaki B allelinin frekansını,

r: İlgili lokustaki C allelinin frekansını,

N: İlgili lokustaki toplam birey sayısını götermektedir.

Gen frekanslarının standart hataları,

$\sigma_q=\sqrt{q(1-q)/2}/\sqrt{N}$ formülü ile hesaplanmıştır. Burada;

q=Verilen bir allel genin frekansını,

N= İncelenen toplam fert sayısını göstermektedir.

Araştırmada kazein (alfa, beta, kappa) ve beta-laktoglobulin fenotip ve gen frekanslarının ırklar arasındaki farklılıkları ve genetik denge testi X^2 testleri ile incelenmiştir (Yıldız *vd*. 1999).

3.2.1.a. Irklar arası genetik mesafelerin hesaplanması ve dendogramların çizimi

Populasyonların genetik yapısı ile ilgili değerlerin elde edilmesinde ARLEQUIN 3.0 (Excoffier *et al*. 2005) programı, populasyonlar arası genetik mesafelerin elde edilmesinde ve elde edilen genetik mesafelerin dendogramlarının çiziminde PHYLIP 3.41 paket programı (Felsenstein 1993) kullanılmıştır. Dendogramların çiziminde;

Nei,

$$D = -In\left(\frac{\sum_m \sum_i p_{1mi} p_{2mi}}{\left[\sum_m \sum_i p_{1mi}^{\ 2}\right]^{1/2}\left[\sum_m \sum_i p_{2mi}^{\ 2}\right]^{1/2}}\right)$$

Cavalli-Sforza,

$$D^2 = 4\sum_m \left[1 - \sum_i p_{1mi} 1/2\, p_{2mi} 1/2\right] / \sum_m (a_m - 1)$$

ve Reynolds'a

$$D^2 = \frac{\sum_m \sum_i \left[p_{1mi} - p_{2mi}\right]^{\ 2}}{2\sum_m \left[1 - \sum_i p_{1mi} p_{2mi}\right]}$$

göre ilgili formüller yardımıyla Komşu Birleştirme (Neighbour-joinnig) metodu (Saitou and Nei 1987) kullanılarak belirlenmiştir. Burada;

m:lokus sayısını,

i: m. lokustaki allelleri,

p_{1mi}: 1. populasyon m. lokustaki i. allel frekansını,

a: m. lokustaki allel numarasını göstermektedir.

Populasyonun genetik yapısı ile ilgili; populasyonlar içerisinde hesaplanan varyasyonun ölçüsü olarak eşleştirilmiş farklılıklar ortalaması (k) hesaplanmaktadır ve alt populasyonlar içerisindeki genetik farklılığın ölçüsü olarak gösterilmektedir. Ayrıca alt populasyonlar arasındaki eşleştirilmiş farklılıklar ortalaması olarak genetik farklılık

ölçüsü (D) ve net genetik farklılık ölçüsü (D_A) hesaplanmakta ve bu değer alt populasyonlar arasında genetik mesafelerin ölçüsü olarak kullanılabilmektedir (Nei and Li 1979; Wakaley 1996). Genetik mesafelerin önemlilik testi için Non-Parametrik Permütasyon testi kullanılmış ve tekrar sayısı 1000 girilerek analizler yapılmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. Alfa-Kazein (αs_1-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı

Araştırmada kullanılan Esmer, Siyah-Alaca ve Sarı-Alaca sığırlarına ait fenotipler ve % dağılışları Çizelge 4.1'de, hesaplanan gen frekansları ve standart hataları Çizelge 4.2'de, X^2 Bağımsızlık testi Çizelge 4.3'de ve genetik denge kontrolü Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Alfa-kazein fenotip oranları bakımından ırkların tümü birlikte dikkate alındığında αs_1-Cn BB %63,56 ile en yüksek oranda görülmüştür. Alfa kazein fenotip frekansları bakımından ırklar arası farklılıklar çok önemli (X^2=36,42) bulunmuştur (Çizelge 4.1, 4.3). αs_1-Cn BB Esmer'de %58,11, Siyah-Alaca'da %81,08, Sarı-Alaca'da %28,57 oranlarında görülmüştür. Sarı-Alaca'da αs_1-Cn BC %71,43 ile diğer ırkların aksine daha yüksek oranda görülmüştür. (Çizelge 4.1). αs_1-Cn tipleri; ırkların genelinde (X^2=4,82) ve ırklar içinde Esmer (X^2=5,21), Siyah-Alaca (X^2=0,41) ve Sarı-Alaca (X^2=2,17) X^2 uyum testi ile genetik bakımdan dengede oldukları görülmüştür (Çizelge 4.4). Chung, *et al*. (1993), Kore yerli, Aberdeen Angus, Hereford ve Charolais, Chung, *et al*.(1995) Kore yerli, Ehrmann *et al*. (1997), Simmental, Brown Swiss, Holstein Friesian, Red White, Jersey ve Angler/Red, Lunden *et al*. (1997), Holstein ve Red-White, sığır ırklarında bildirdikleri değerler bulgularımızla uyum içindedir. Eenennaam and Medrano (1991), Holstein, Brown Swiss, Poli and Antonini (1991), Holstein, Creole, Rodriguez *et al*. (1998)'ın, Holstein, Fleckvieh ırklarında bildirdikleri değerler bulgularımızla çelişmektedir.

αs_1-Cn B gen frekansı ırklar genelinde 0,780, Esmerlerde 0.791, Siyah-Alacada 0,905 ve Sarı-Alacada 0,643 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Michalak *et al*. (1997), Lunden *et al*. (1997), *Mayer et al*. (1997), Chobotova *et al*. (1998), Mahe *et al*. (1999) iki allelden (B, C) αs_1-Cn B geninin yüksek frekansda olduğunu bildirmektedirler.

Çizelge 4.1. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Fenotipleri ve % Dağılışları

Sistem	Fenotip	Esmer		Siyah-Alaca		Sarı-Alaca		Genel	
		n	%	n	%	n	%	n	%
αs1-Cn	AB	-	-	6	16,22	-	-	6	5,08
	BB	43	58,11	30	81,08	2	28,57	75	63,56
	BC	31	41,89	1	2,70	5	71,43	37	31,36
β-Lg	AA	9	12,16	3	8,11	1	14,29	13	11,02
	AB	42	56,76	18	48,65	3	42,86	63	58,73
	BB	23	31,08	16	43,24	3	42,86	42	35,59
κ-Cn	AA	8	10,81	-	-	1	14,29	9	7,63
	AB	26	35,14	4	10,81	3	42,86	33	27,97
	BB	30	40,54	18	48,65	2	28,57	50	42,37
	BC	4	5,41	10	27,03	1	14,29	15	12,71
	CC	4	5,41	3	8,11	-	-	7	5,93
	AC	2	2,70	2	5,41	-	-	4	3,39
β-Cn	AA	32	43,24	32	86,49	5	71,43	69	58,47
	AB	36	48,65	5	13,51	1	14,29	42	35,59
	BB	6	8,11	-	-	1	14,29	7	5,93

Çizelge 4.2. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Gen Frekansları ve Standart Hataları

Sistem	Allel	Esmer		Siyah-Alaca		Sarı-Alaca		Genel	
		X	± Sx	X	± Sx	X	± Sx	X	± Sx
αs1-Cn	A	0,000	0,000	0,081	0,032	0,000	0,000	0,027	0,043
	B	0,791	0,033	0,905	0,034	0,643	0,128	0,780	0,027
	C	0,209	0,033	0,014	0,014	0,357	0,126	0,193	0,026
β-Lg	A	0,405	0,040	0,324	0,054	0,357	0,128	0,362	0,031
	B	0,595	0,040	0,676	0,054	0,643	0,128	0,638	0,031
κ-Cn	A	0,297	0,038	0,081	0,032	0,429	0,132	0,269	0,029
	B	0,608	0,040	0,676	0,054	0,500	0,134	0,595	0,032
	C	0,095	0,024	0,243	0,050	0,071	0,069	0,136	0,022
β-Cn	A	0,676	0,038	0,932	0,029	0,786	0,110	0,798	0,026
	B	0,324	0,038	0,068	0,029	0,214	0,110	0,202	0,026

Çizelge 4.3. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Tiplerinin X^2 Bağımsızlık Testi ve Sonuçları

Sistem	Fenotip	Esmer		Siyah-Alaca		Sarı-Alaca		Satır Topl.	X^2 Önemlilik
		Göz	Bek	Göz	Bek	Göz	Bek		
αs1-Cn	AB	-	3,76	6	1,88	-	0,36	6	
	BB	43	47,03	30	23,52	2	4,45	75	
	BC	31	23,21	1	11,60	5	1,57	37	36,42 **
β-Lg	AA	9	8,15	3	4,08	1	0,77	13	
	AB	42	39,51	18	19,75	3	3,74	63	
	BB	23	26,34	16	13,17	3	2,49	42	2,04 ns
κ-Cn	AA	8	5,64	-	2,82	1	0,53	9	
	AB	26	20,69	4	10,35	3	1,96	33	
	BB	30	31,36	18	15,68	2	2,97	50	
	BC	4	9,41	10	4,70	1	0,89	15	
	CC	4	4,39	3	2,19	-	0,42	7	
	AC	2	2,51	2	1,25	-	0,24	4	21,41 *
β-Cn	AA	32	43,27	32	21,64	5	4,09	69	
	AB	36	26,34	5	13,17	1	2,49	42	
	BB	6	4,39	-	2,19	1	0,42	7	22,35 **
Sistem Sütün Top.		74		37		7		118	

**:P<0,01 *:P<0,05 ns: Önemsiz, Not: Her sistem için ırklara ait sütun toplamı sabittir.

4.2. Beta-Kazein (β-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı

Araştırmada kullanılan Esmer, Siyah-Alaca ve Sarı-Alaca sığırlarına ait fenotipler ve % dağılışları Çizelge 4.1'de, hesaplanan gen frekansları ve standart hataları Çizelge 4.2'de, X^2 Bağımsızlık testi Çizelge 4.3'de ve genetik denge kontrolü Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Beta-kazein fenotip frekansları bakımından ırkların tümü birlikte ele alındığında %58,47 ile en yüksek β-Cn AA fenotipi tespit edilirken bunu %35,59 ile β-Cn AB, %5,93 ile β-Cn BB fenotip grupları izlemiştir. β-Cn fenotip frekansları bakımından ırklar arası farklılıklar çok önemli (X^2=22,35) bulunmuştur (Çizelge 4.1, 4.3). β-Cn AA, β-Cn AB ve β-Cn BB frekansları Esmerde sırasıyla; %43,24, %48,65 ve %8,11, Siyah-Alaca'da %86,49, %13,51 ve %0,00, Sarı-Alaca'da %71,43, %14,29 ve %14,29 oranlarında görülmüştür (Çizelge 5.1). β-Cn tipleri; ırkların genelinde (X^2=1,91) ve

ırklar içinde Esmer (X^2=0,90), Siyah-Alaca (X^2=0,19) ve Sarı-Alaca (X^2=2,34)'da genetik bakımından dengede bulunmuştur (Çizelge 4.4). β-Cn A gen frekansı ırklar genelinde ve ırklara göre yüksek oranlarda tespit edilmiş ve Del-Lama *et al*. (1996), haricinde diğer literatür bilgileriyle (Pinder *et al*. 1991; Pazdera *et al*. 1995; Piazza *et al*. 1995; Dobicki *et al*. 1996; Mayer *et al*. 1997; Ehrmann *et al*. 1997; Rodriguez *et al*. 1998) uyumlu bulunmuştur.

Çizelge 4.4. Kazein (αs_1-Cn, β-Cn, κ-Cn) ve Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Tiplerinin Genetik Denge Kontrolü

	Sığır Irkı							
Sistem	Esmer		Siyah-Alaca		Sarı-Alaca		GENEL	
αs1-Cn	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.
AB	-	-	6	5,42	-	-	6	4,97
BB	43	46,30	30	30,30	2	2,89	75	71,79
BC	31	24,47	1	0,94	5	3,21	37	35,53
CC	-	3,23	-	0,34	-	0,90	-	4,40
X^2 Önemlilik[a]	5,21 ns		0,41 ns		2,17 ns			4,82 ns
β-Lg	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.
AA	9	12,14	3	3,88	1	0,89	13	15,46
AB	42	35,66	18	16,21	3	3,22	63	54,51
BB	23	26,20	16	16,91	3	2,89	42	48,03
X^2 Önemlilik[b]	2,33 ns		0,45 ns		0,03 ns			2,47 ns
κ -Cn	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.
AA	8	6,63	-	0,24	1	1,29	9	8,54
AB	26	26,73	4	4,05	3	3,00	33	37,77
BB	30	27,36	18	16,91	2	1,75	50	41,77
BC	4	8,55	10	12,16	1	0,50	15	19,10
CC	4	0,67	3	2,18	-	0,04	7	2,18
AC	2	4,17	2	1,46	-	0,43	4	8,63
X^2 Önemlilik[c]	20,71 **		1,20 ns		1,07 ns			16,27 **
β-Cn	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.	Göz.	Bek.
AA	32	33,82	32	32,14	5	4,32	69	75,14
AB	36	32,41	5	4,69	1	2,36	42	38,04
BB	6	7,77	-	0,17	1	0,32	7	4,81
X^2 Önemlilik[b]	0,90 ns		0,19 ns		2,34 ns			1,91 ns

**:P<0,01 ns: Önemsiz, a:3, b:2, c:5 Serbestlik derecelidir.

4.3. Kappa-Kazein (κ-Cn) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı

Araştırmada kullanılan Esmer, Siyah-Alaca ve Sarı-Alaca sığırlarına ait fenotipler ve % dağılışları Çizelge 4.1'de, hesaplanan gen frekansları ve standart hataları Çizelge 4.2'de, X^2 Bağımsızlık testi Çizelge 4.3'de ve genetik denge kontrolü Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Kappa-kazein fenotip frekansları bakımından ırkların tümü birlikte ele alındığında %42,37 ile en yüksek κ-Cn BB fenotipi tespit edilirken bunu %27,97'lik frekans ile κ-Cn AB fenotipi izlemiştir. κ-Cn fenotip frekansları bakımından ırklar arası farklılıklar önemli (X^2=21,41) bulunmuştur (Çizelge 4.1, 4.3). κ-Cn tipleri; ırkların genelinde (X^2=16,27) ve ırklar içinde Esmer (X^2=20,71) de genetik denge göstermezken, Siyah-Alaca (X^2=1,20) ve Sarı-Alaca (X^2=1,07) genetik bakımdan dengede bulunmuştur (Çizelge 4.4). κ-Cn BB Esmer'de %31,36 Siyah-Alaca'da %15.68 Sarı-Alaca'da %3,00 ile en yüksek fenotip sınıfını (Çizelge 4.2). Chung *et al*. (1995), Kore yerli, Zwierzchowski *et al*. (1995b) Polish Black Pied, Piedmond, Lunden *et al*. (1997), Holstein, Red-White ırklarında bildirmiş olduğu değerlerle bulgularımız uyum içindeyken, Eenennaam and Medrano (1991), Holstein ve Brown Swiss, Chung *et al*. (1993), Kore yerli, Aberdeen Angus, Hereford, Charolais, Citek, *et al*. (1998), Aberdeen Angus, Charolais, Galloway, Ehrmann *et al*. (1997), Simmental, Brown Swiss ve Holstein Friesian, Lien *et al*. (1999)'ın, Nordic yerli ve kültür ırklarında bildirdikleri değerler ile bulgularımız çelişmektedir.

κ-Cn B gen frekansı ırklar genelinde 0,595, Esmerlerde 0,608, Siyah-Alacada 0,676 ve Sarı-Alacada 0,500 ile en yüksek frekans grubunu oluşturmuştur. (Çizelge 4.2). Ehrmann *et al*. (1997), Citek *et al*. (1997), Mayer *et al*. (1997)'ın, bildirdiği değerlerle uyum halindeyken, diğer bazı literatür bildirişlerinden ise düşük frekansda bulunmuştur.

4.4. Beta-Laktoglobulin (β-Lg) Lokusu Bakımından Irkların Genetik Yapısı

Araştırmada kullanılan Esmer, Siyah-Alaca ve Sarı-Alaca sığırlarına ait fenotipler ve % dağılışları Çizelge 4.1'de, hesaplanan gen frekansları ve standart hataları Çizelge 4.2'de, X^2 Bağımsızlık testi Çizelge 4.3'de ve genetik denge kontrolü Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Beta-laktoglobulin fenotip frekansları bakımından ırkların tümü birlikte ele alındığında %58,73 ile en yüksek β-Lg AB fenotipi tespit edilirken bunu %35,59 ile β-Lg BB ve %11,02 ile β-Lg AA fenotip grupları izlemiştir. β-Lg fenotip frekansları bakımından ırklar arası farklılıklar önemsiz (X^2=2,04) bulunmuştur (Çizelge 4.1, 4.3). β-Lg AA, β-Lg AB ve β-Lg BB frekansları sırasıyla; Esmer'de %12,16, %56,76, %31,08, Siyah-Alaca'da %8,11, %48,65, %43,24 ve Sarı-Alaca'da %14,29, %42,86, %42,86 oranlarında görülmüştür (Çizelge 4.1). Eenennaam and Medrano (1991), Holstein, Brown Swiss ve Jersey, Chung *et al*. (1995)'ın, Kore yerli sığırlarında bildirdiği değerler ile bulgularımız uyum içindedir. Chung *et al*. (1993), Kore yerli, Aberdeen Angus, Hereford, Charolais, Ehrmann *et al*. (1997), Simmental, Holstein Friesian, Brown Swiss, ırklarında bildirdikleri değerler bulgularımızla çelişmektedir.

β-Lg tipleri; ırkların genelinde (X^2=2,47) ve ırklar arasında, Esmer (X^2=2,33), Siyah-Alaca (X^2=0,45) ve Sarı-Alaca (X^2=0,03) genetik bakımından denge göstermiştir (Çizelge 4.4).

β-Lg B gen frekansı ırklar genelinde 0,638, Esmerlerde 0,595, Siyah-Alacada 0,676 ve Sarı-Alacada 0,643 şeklinde en yüksek frekans grubunu oluşturmuştur (Çizelge 4.2). Lien *et al*. (1990), Norveç Kırmızısı, Paterson *et al*. (1995), Jersey, Pazdera *et al*. (1995), Holstein, Lunden, *et al*. (1997), Holstein, Red-White, sığırlarında β-Lg B allel frekansının yüksek olduğunu bildirirlerken, Lee *et al*. (1995), Holstein, β-Lg A allel gen frekansını yüksek bildirmektedirler.

4.5. Irkların Polimorfik Sistemlerine Dayalı Genetik Yapı Özellikleri

Populasyonlar içi ve populasyonlar arası eşleştirilmiş farklılıklar ortalamasına ait matriks Çizelge 4.5'de verilmiştir. Yapılan permütasyon testi sonucunda Esmer ve Siyah-Alaca populasyonlarının birbirinden çok önemli derecede farklı bulunduğu, diğer populasyonlar arasında herhangi bir farklılık oluşmadığı tespit edilmiştir (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.5. k, D ve D_A Değerleri ve Önemlilik Durumları

Irklar	Esmer	Siyah-Alaca	Sarı-Alaca
Esmer	1,83993	1,88552**	1,89206
Siyah-Alaca	0,21576**	1,49959	1,68000
Sarı-Alaca	0,07058	0,02869	1,80303

**:P<0,01 Üst Diyagonal D, Alt Diyagonal D_A ve Diyagonal k değerlerini göstermektedir

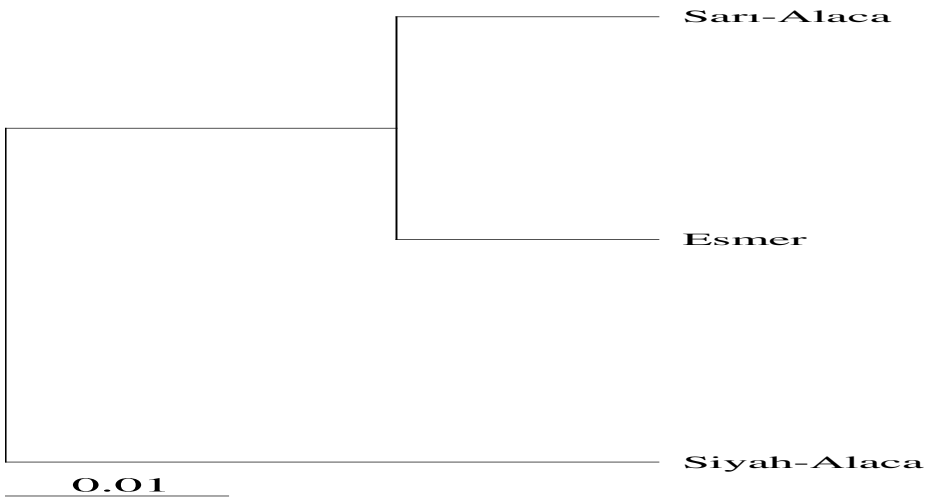
4.5.1. Nei'ye göre ırkların genetik yapısı

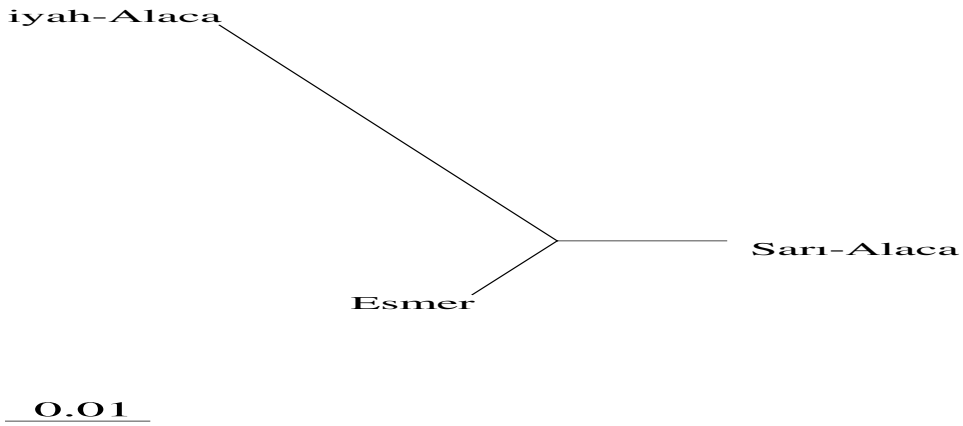
Populasyonlara ait Nei'ye göre elde edilen genetik mesafeler matriksi Çizelge 4.6'da görülmektedir. Irklar arası mesafeler incelendiğinde Sarı-Alaca ile Siyah-Alaca uzak mesafe gösterirken, Sarı-Alaca ile Esmer ırkları arası mesafe en yakın değer göstermiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Nei'ye Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler

Irklar	Esmer	Siyah-Alaca
Siyah-Alaca	0,050085	
Sarı-Alaca	0,023490	0,080857

Populasyonlara ait Nei'ye göre elde edilen genetik mesafeler kullanılarak çizilen dendogramlar Şekil 4.1'de iki farklı çizimle gösterilmektedir.



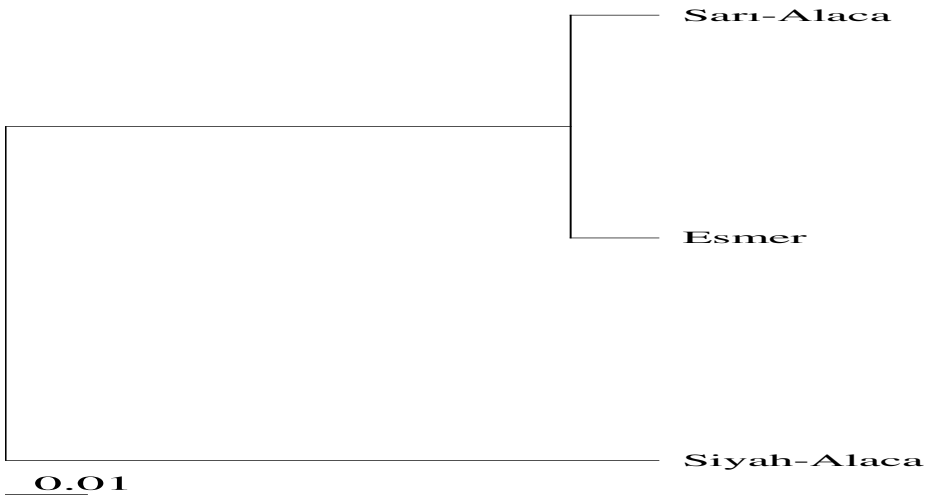


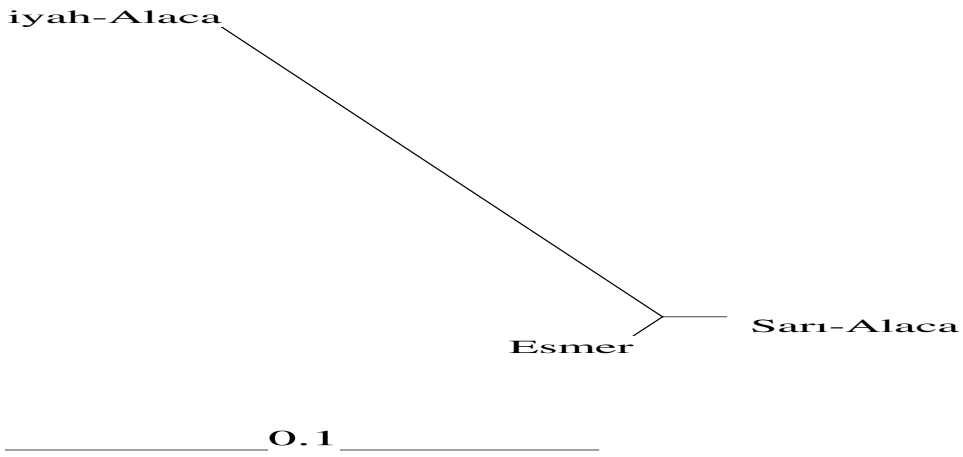
Şekil 4.1. Nei'ye Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar

Esmer ve Sarı-Alaca populasyonları yakın kümeleri teşkil ederken Siyah-Alaca populasyonunun bu kümeye uzak kaldığı görülmektedir (Şekil 4.1).

4.5.2. Cavalli-Sforza'ya göre ırkların genetik yapısı

Populasyonlara ait Cavali-Sforza'ya göre elde edilen genetik mesafeler matriksi Çizelge 4.7'da görülmektedir. Irklar arası mesafeler incelendiğinde Sarı-Alaca ile Siyah-Alaca uzak mesafe gösterirken, Sarı-Alaca ile Esmer ırkları arası mesafe en yakın değer göstermiştir (Çizelge 4.7).





Şekil 4.2. Cavalli-Sforza'ya Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar

Çizelge 4.7. Cavalli-Sforza'ya Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler

Irklar	Esmer	Siyah-Alaca
Siyah-Alaca	0,142038	
Sarı-Alaca	0,021475	0,194275

Populasyonlara ait Cavali-Sforza'ya göre elde edilen genetik mesafeler kullanılarak çizilen dendogramlar Şekil 4.2'de iki farklı çizimle gösterilmektedir.

Esmer ve Sarı-Alaca populasyonları yakın kümeleri teşkil ederken Siyah-Alaca populasyonunun bu kümeye uzak kaldığı görülmektedir (Şekil 4.2).

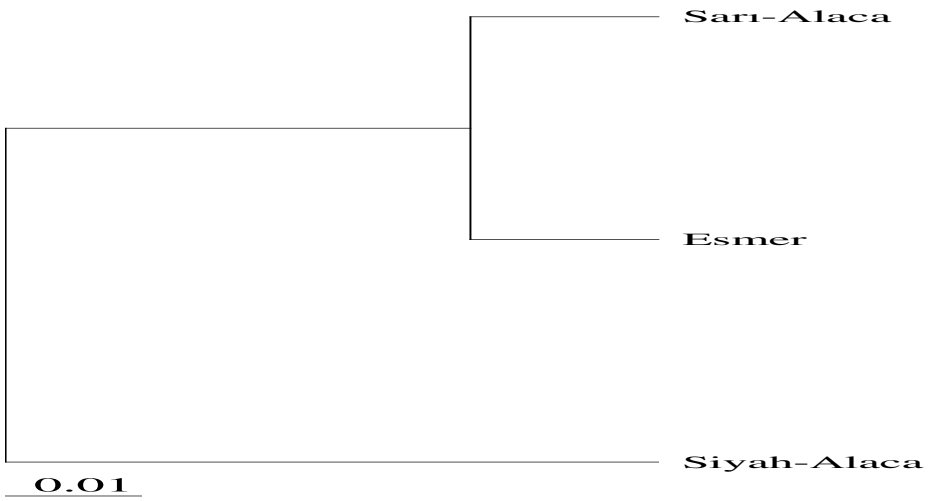
4.5.1. Reynolds'a göre ırkların genetik yapısı

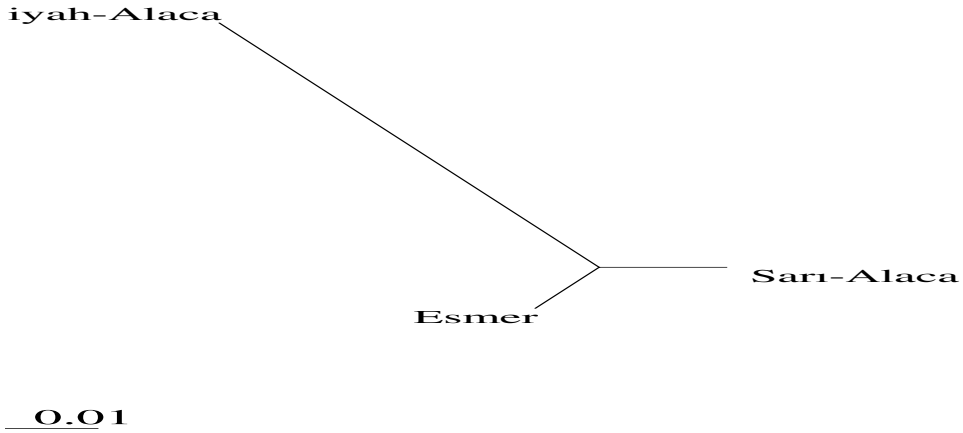
Populasyonlara ait Reynolds'a göre elde edilen genetik mesafeler matriksi Çizelge 4.8'da görülmektedir. Irklar arası mesafeler incelendiğinde Sarı-Alaca ile Siyah-Alaca uzak mesafe gösterirken, Sarı-Alaca ile Esmer ırkları arası mesafe en yakın değer göstermiştir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Reynolds'a Göre Irklar Arası Genetik Mesafeler

Irklar	Esmer	Siyah-Alaca
Siyah-Alaca	0,083954	
Sarı-Alaca	0,027632	0,121499

Populasyonlara ait Reynolds'a göre elde edilen genetik mesafeler kullanılarak çizilen dendogramlar Şekil 4.3'de iki farklı çizimle gösterilmektedir.





Şekil 4.3. Reynolds'a Göre Elde Edilen Mesafelere Ait Dendogramlar

Esmer ve Sarı-Alaca populasyonları yakın kümeleri teşkil ederken Siyah-Alaca populasyonunun bu kümeye uzak kaldığı görülmektedir (Şekil 4.3).

Dobrowolska *et al.* (2006), Polonya'da mevcut 6 farklı ırkta ilgili üç metodu kullanarak yaptığı çalışmada ırklar arasındaki mesafeler metodlara göre değişim seyrederken, bulgularımızla çelişmektedir.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Çalışmada κ-Cn gen yeri bakımından ırklar genelinde ve Esmer ırkında genetik denge tespit edilemezken, diğer gen yerleri bakımından ırklar genelinde ve ırklar içerisinde populasyonlar dengede bulunmuşlardır.

Çalışmada populasyonların polimorfik sistemleri esas alınarak elde edilen genetik mesafe değerleri ve Nei, Cavalli-Sforza ve Reynolds'a ait üç farklı yönteme göre elde edilen mesafe değerlerinden faydalanılarak çizilen dendogramlar benzer bulunmuştur. Siyah-Alaca'nın Esmer ve Sarı-Alaca ırklarının birlikte oluşturduğu grupdan uzak kalması süt tipi ırk olduğu kanıtını bir kez daha göstermiştir. Bu tür çalışmalarda hesaplamalara daha çok genetik marker dahil edilerek ve yerli ırklarımız ile kültür ırkları arasındaki mesafeler belirlenerek ırkların filogenisi hakkında daha detaylı sonuçlar ortaya konulabilir.

KAYNAKLAR

Abe, T., Komatsu, M., Oishi, T., and Kageyama, A., 1977. Genetic polymorphism of milk proteins in Japanese cattle in European cattle breeds. Japan Anim. Breed. Abst., 44, 2618.

Ajmone-Marsan, P., Negrini, R., Milanesi, E., Bozzi, R., Nijman., I.J, Buntjer, J.B. Valentini., A., and Lenstra, J.A., 2002. Genetic distances within and across cattle breeds as indicated by biallelic AFLP markers. Animal Genetics. 33, 280-286.

Altran, L., and Bo, A,D., 1996. Influence of beta-lactoglobulin genetic polymorphism on milk composition in the Red Pied breed reared in Friuli. Scienza-e-Tecnica-Lattiero Casearia, 47:5, 331-338. (Abst.).

Anonymous, 1982. Sığır, Koyun, Keçi, At, Manda ve Deve ile İlgili Irklar, Terimler ve Tanımlar. T.S.E. (TS-3739, UDC 636.082.4).

Aschaffenburg, R., and Drewry, J., 1957. Genetics of the beta-laktoglobulins of cow's milk. Nature, 180, 376-378.

Aschaffenburg, R., 1961. Inherited casein variants in cow's milk. Nature. 192, 431-432.

Aschaffenburg, R., and Michalak, W., 1968. Simultaneus phenotyping procedure form ilk proteins. Improves resolutin of beta-lactoglobulins. J. Dairy Sci., 58, 1849.

Bankyo, G., Baricz, A., Tavakkolian, J,S., and Bosze, Z., 1995. Identification of kappa-casein allele polymorphism in bull semen by PCR and RFLP. Magyar Allatorvosok Lapja, 50:9, 553-556. (Abst.).

Banyko, J., and Bosze, Z., 1995. Detection of kappa-casein genotypes in bulls of different breeds by Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Veterinarni Medicina. 40:6, 165-169. (Abst.).

Baranyi, M., Bosze, Z., Buchberger, J., and Krause , I., 1996. Genetic polymorphism of milk proteins in hungarian cattle. Genetische polymorphismen bei milchproteinen ungarischer rinderrassen. Archiv-fur-Tierzucht, 39,5,489-496. (Abst.).

Bettini, T, M., and Masina, P., 1975. Proteins and protein polymorphism in cow's milk. Anim. Breed. Abst. 43, 4468.

Biclak, F., Gwozdziewiez, A., and Leohard-Kluz, I., 1984. Genetic variants of protein and other chemical components of milk from various breed. Anim. Breed. Abst. 52, 3179.

Bonvillani, A,G,D., Renzo, M,A., and Tiranti, I,N., 2000. Genetic polymorphismof milk protein loci in Argentinian Holstein cattle, Genetics and Molekuler Biology 23, 4, 819-823.

Buchberger, J., Kiermeier, F., Kirchmeier, O., Graml,R., and Pirchner, F., 1983. Effect of genetic variants of milk proteins on milk composition, Anim. Breed. Abst., 51, 3506.

Chianese, L., Luccia, A,D., Mauriello, R., Ferrana, L., Zehender, G., and Addeo, F., 1989. Biochemical polymorphism of milk protein in Podolina cattle. Anim. Breed. Abst. 57, 5469.

Chobotova, E., Dobalova, M., and Foltys, V., 1998. Genotype frequencies of four polymorphic systems of milk proteins in Slovakian Pied and Pinzgauer cattle, Czech Journal of Animal Science, 43:11, 497-501.(Abst.).

Chrenek, P., Vasicek, D., Uhrin, P., Bauerova, M., Satkova, D, and Bulla, J., 1996. Occurence of E allele of kappa-casein gene in bovine nucleus herds in Slovakia, Zivocisna Vyroba, 41:4, 145-147. (Abst.).

Chrenek, P., and Vasicek, D., 1998. Identification of bovine κ-casein C allele using allele-spesific polymerase chain reaction. Journal of Anim. Breed. Genet. 115: 491-495.

Chung, E.R., Yu, C.H., Chung, H.Y., Kim, J.E., Chun, K.J., Han, S.K., and Shin, Y.C., 1993. Studies on polymorphism of milk proteins as genetic markers in beef cattle. Korean Journal of Animal sciences, 35:3, 181-190. (Abst.).

Chung, E.R., Kim, W.T., and Han, S.K., 1994. DNA genotyping of beta-lactoglobulin locus using PCR-RFLP as a selection aid for genetic improvement of dairy cattle. Korean Journal of Animal Sciences. 36:6, 606-612. (Abst.).

Chung, E.R., Han, S.K., and Rhim, T.J., 1995. Milk protein polymorphism as genetic marker in Korean native cattle. Asian Australasian Journal of Animal Sciences. 8:2, 187-194. (Abst.).

Citek, J., Rehout, V., Hajic, F., Kosvanec, K., and Soch, M., 1997. Genetic polymorphism of kappa-casein locus in Czech Pied and Pied cattle. Zivocisna-Vyroba, 42:1, 1-4. (Abst.).

Citek, J., Rehout, V., Trakovicka, A., and Maskova, J., 1998. Kappa-casein genotypes in some beef breeds. Anim. Breed. Abst. 66:10, 6505

Del-Lama, S.N., and Zago, M.A., 1996. Identification of the kappa-casein and beta-lactoglobulin genotypes in Brazilian Bos İndicus and Bubalus Bubalis populations. Brazilian Journal of Genetics. 19:1, 73-77. (Abst.).

Dobicki, A., Szulc, T., Walaaski, K., and Zachwieja, A., 1996. Genetic polymorphism of milk proteins in cows of meat breeds. Prace-i Materialy Zootechniczne, Zeszyt Specjalny, No, 6, 59-65. (Abst.).

Düzgüneş, O., 1976. Hayvan Islahı. Çukurova Üniv. Zir. Fak. Yayın No:93,

Eennennaam, A.V, and Medrano, J.F., 1991. Milk protein polymorphism in California dairy cattle. J. Dairy Sci., 74, 1730-1742.

Ehrmann, S., Bartenschlager, H., and Gelderman, H., 1997. Quantification of gene effects on single milk proteins in selected groups of dairy cows. Journal of Anim. Breed. Genet. 114: 121-132.

Erhardt, G., 1989. κ-casein in dairy coes-evidence of another allel (κ-Cn E) in different breeds. J. Anim. Breed. and Genetic. 106, 225-231.

Erhardt, G., 1996. Detection of a new kappa-casein variant in milk of Pinzgauer cattle, Animal Genetics, 27:2, 105-107. (Abst.).

Excoffier, L., Laval, G. And Schneider, S., 2005. Arlequin ver. 3.0: An Integrated Softrware Package for Population Genetics Data Analysis. Evolutionary Bioinformatics Online.

Felsentein, J., 1993. PHYLIP. Phylogeny inference package. Version 3.5c. department of genetics SK-50, Universty of Washington, Seattle, WA.

Freyer, G., Liu, Z., Erhardt, G., and Panicke, L., 1999. Casein polymorphism and relation between milk production traits. Journal of Anim. Breed. Genet. 116: 87-97.

Fukushima, T., Tsuji, S., and Shiomi, M., 1981. Breed structure and milk protein polymorphism in three populations of Japanese Black cattle. Anim. Breed. Abst., 49, 5104.

Graml, R., Ohmayer, G., Pirchner, F., Erhard, L., Buchberger, J., and Mostageer, A., 1986. Biochemical polymorphism in Gyptian Baladi cattle and their relationship with other breeds. Anim. Genet. 17, 61-76.

Grosclaude, F., Mahe, M.F., and Mercier, J,C., 1975. Comparison of genetic polymorphism of lactoproteins in Bos indicus and Bos taurus. Anim. Breed. Abst., 43, 4473.

Grosclaude, F., Mahe, M.F., and Ascolas, J.P., 1987. Note on genetic polymorphism of milk proteins in Mongalian cattle and Yaks, Anim. Breed. Abst., 55, 4318.

Horwarth, I., 1973. β-lactoglobulins polymorphism in the milk of Hungarian Stopped cows. Anim. Breed. Abst., 60, 7550.

Ikonen, T., Routtinen., O., Erhardt, G., and Ojala, M., 1996. Allele frequencies of the major milk proteins in the Finnish Ayrshire and detection of a new kappa-casein variant. Animal Genetics, 27:3, 179-181. (Abst.).

Juneja, R.K., and Chaudhary, R,P., 1975. Simultaneous phenotyping of milk proteins in Indian cattle. Anim. Breed. Abst., 43, 2247.

Kammer, W., and Gelderman, H., 1975. Protein polymorphism in the milk of German Black Pied cows. II. Caseins. Anim.Breed. Abst., 43, 2825.

Kidd, K.K., and Cavalli-Sforza, L.L., 1974. The role of genetic drift in the differentiations of Icelandıc and Norwegian cattle. Evolution 28, 381-395

Konevtsova, M.I., 1984. Polymorphic system of milk protein in some breed of cattle. Anim. Breed. Abst., 52, 3155.

Krilenko, S.D., and Glazko, V.I., 1995. Identification of kappa-casein genotypes and the BLAD mutation in cattle using the polymerase chain reaction. Tsitologiya-i Genetica. 29:6, 60-63, (Abst.).

Lee, K.J., Kim, J.U., Lee, Y.K., Hong, K.P., and Kim, K.S., 1995. Analysis of kappa-casein and beta-lactoglobulin genotypes of dairy cattle in Korea repuplic using the polymerase chain reaction. Korean J. of Anim. Sci., 37:4, 311-320. (Abst.).

Lee, K.J., Lee, Y.K., Chang, K.W., Hong, K.P., Kang, M.S., and Cho, J.H., 1996. Genetic polymorphisms for bovine milk protein loci of Korean proven sires and young bulls using the PCR-RFLP, Korean Journal of Dairy Science, 18:4, 221-228, (Abst.).

Lien, S., Alestrom, P., Brovold, M.J., Rogne, S., Steine, T., Vegarud, G., and Langsrud, T., 1990. Genotyping of beta-lactoglobulin and kappa-casein variants in bull semen from Norwegian Red Cattle, Brief Communications of the XXIII International Dairy Congress. Montreal, October 8-12, 1990, Vol. I, 87.(Abst.).

Lien, S., Kantenen, J., Olsaker, I., Holm, L.E., Eythorsdottir, E., Sandberg, K., Dalsgard, B., and Adalsteinsson, S., 1999. Comparison of milk protein allele frequencies in Nordic cattle breeds. Animal Genetics, 30:2, 85-91, (Abst.).

Lin, C.Y., Sabour, M.P., and Lee, A.J., 1992. Direct typing of milk proteins as an aid for genetic improvement of dairy bulls and cows: a review. Anim. Breed. (Abst.), 60:1, 1-10.

Liron, J.P., Ripoli, M.V., De Luca, J.C., Peral-Garcıa, P., and Giovambattista, G., 2002. Analysis of genetic diversity and populatin structure in Argentine and Bolivian Creole cattle using five loci related to milk production. Genetics and Molekuler Biology, 25, 4, 413-419.

Lodes, A., Buchberger, J., Krause, I., Aumann, J., and Klostermeyer, H., 1997. The influence of genetic variants of milk proteins on the compositional and

technological properties of milk. 3. Content of proteins, casein, whey protein, and casein number. Milchwissenschaft, 52:1, 3-8.

Lunden, A., Nilsson, M., and Janson, L., 1997. Market effect of β-lactoglobulin polymorphism on the ratio of casein to total protein in milk. Journal of Dairy Science, 80: 2996-3005.

Mahe, M.F., Miranda, G., Queval, R., Bado, A., Zafindrajaona, P.S, and Grosclaude, F., 1999. Genetic polymorphism of milk proteins in African Bos Taurus and Bos İndicus populations. Genetics, Selection, Evolution, 31:3, 239-253, (Abst.).

Mariani, P., and Russo, V., 1973. Genetic variants of milk proteins in friesians imported in Italy. Anim. Breed. Abst., 41,7.

Mariani, P., and Russo, V., 1974a. Milk protein polymorphism in beef breed. 1. Piedmont cattle. Anim.Breed. Abst., 42, 3108.

Mariani, P., and Russo, V., 1974b. Milk protein polymorphism in beef breed. 2. Marche cattle. Anim.Breed. Abst., 42, 3109.

Mariani, P., and Russo, V., 1976, Genetic variants of milk protein in Rendena cows. Anim. Breed. Abst., 44, 105.

Mariani, P., and Russo, V., 1977. Milk protein polymorphism in Red Pied Friuli cattle. Anim. Breed. Abst., 45, 2708.

Mariani, P., 1982. Observations on the genetic polymorphism of milk protein in cows of the Permesan-Reggio cheese-production region, Anim. Breed. Abst,. 50, 1880.

Mariani, P., 1990. Geneic polymorphism of casein in Italian Brown cows. Frequency of the C variant at the κ-Cn locus. Anim. Breed. Abst., 58, 5040.

Matyukov, V.S., and Urnyshev, A.P., (1980). Linkage of alpha, beta and kappa-casein loci in cattle, Anim. Breed. Abst., 48, 6607.

Mayer, H.K., Marchler, A., Prohaska, C., and Norz, R., 1997. Milk protein polymorphism in Austrian dairy cattle breeds. Milchwissenschaft, 52:7, 366-369.

Mayr, B., Stiglhuber, A., and Schleger, W., 1992. Polymerase chain reaction (PCR)-analysis of kappa-casein polymorphisms in test bulls in the Austrian Simmental breed- frequency of A and B alleles. Wiener Tierarztliche Monatsschrift, 79:3, 65-68, (Abst.).

Messina, M., Vrech, E., Pezzi, P., and Prandi, A., 1999. Genetic markers associated with the somatotropin axis and milk protein polymorphism. Scienza-e-Tecnica-Lattiero- Casearia, 50:3, 231-240, (Abst.).

Michalak, B.W., 1997. Polymorphism of milk proteins in a herd with a high Holstein inheritance and its relationship with some performance traits, Roczniki Naukowe Zootechniki, 24:2, 7-21, (Abst.).

Michalak, W., Michalakowa, W., and Sudia, H., 1977. Polymorphism of milk proteins from the point of wiew of breeding Polish Black-and-White Lowland cattle, 1, Comparison of farms, Anim. Breed. Abst., 42, 2077.

Moazami-Goudarzi, K., Laloe, D, Furet., J.P., and Grosclaude, F., 1997. Analysis of genetic relationhips between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. Anim. Genet. 28, 338-345.

Neelin, J.M., 1964. Variants of κ-casein revealed by improved strach jel electrophoresis. J. Dairy Sci., 47; 506-510.

Nei M, and Li, W.H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. 76:5269-5273.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Hayes, J.F., and Moxley, J.E., 1984. Relationship between milk protein polymorphism and some production traits in Holstein-Friesian cows. Anim. Breed. Abst., 52, 5183.

Ng-Kwai-Hang, K.F., Monardes, H.G, and Hayes, J.F., 1990. association between genetic polymorphism and milk production and composition. Brief Communications of the XXIII. International Dairy Congress, Montreal, October 8-12, 1990. Vol.I, 65, (Abst.).

Ortner, M., Essl, A., and Solkner, J., 1995. On the importance of various milk protein genotypes in cattle breeding. Zuchtungskunde, 67:5, 353-367. (Abst.).

Özdemir, M., 2006. Türkiye Yerli Sığır Irklarında Mitokondriyal DNA Polimorfik yapılarının PCR-RFLP ve DNA Sekans Analizi ile İncelenmesi, Atatürk Üniv. Fen Bil.Ens. Doktora Tezi.

Paterson, G.R., Otter, D.E., and Hill.J.P., 1995. Application of capillary electrophoresis in the identification of phenotypes containin the beta-lactoglobulin C variant. J. Dairy Sci., 78 (12), 2637-2644.

Pazdere, J., Futerova, J., Hruban, V., Kopecny, J., and Urban, F., 1995. Genotyping of kappa-casein and beta-lactoglobulin of mothers of bulls selected for the Holstein cattle breeding programme in the Czech Repuplic in the year 1994, Zivocisna Vyroba, 40:11, 485-488, (Abst.).

Piazza, A.M., Melucci, L.M., Antonini, A.G., Andere, C., Dominguez, M.T., Villareal, E.L., Mezzadra, C.A., Molinuevo, H.A., and Poli, M.A., 1995. Milk protein polymorphism in Argentine Friesian cattle. Revista Argentina de Production Animal, 15:3-4, 898-900. (Abst.).

Pinder, S.J., Perry, B.N., Skidmore, C.J., and Savva, D., 1991. Analysis of polymorphism in the bovine casein genes by use of the polymerase chain reaction. Animal Genetics, 22:1, 11-20. (Abst.).

Poli, M.A., and Antonini, A.G., 1991. Genetic structure of milk proteins in Argentinian Holstein and Argentinian Creole cattle. Hereditas-Landskrona, 115:2, 177-182. (Abst.).

Rodriguez, M.L.P., Alvarez, P.J.M., Muro, E.G., Zarazaga, I., and Amigo, L., 1998. Genetic polymorphism of bovine milk proteins in Holstein-Friesian and Fleckvich breeds exploited in Spain. Milchwissenschaft, 53:10, 543-546.

Russo, V., Davoli, R., Bosi, P., and Bruzzone, P., 1985. Genetic variation of β-Cn at acit pH in Brown Swiss, İtalian Friesian, Modena and Reggio breeds. Anim. Breed. Abst., 53, 7461.

Saitou, N. And Nei, M., 1987. The neighbor–joining method: A new mehod for reconstructing phylogenetic tree. Mol. Biol.Evol. 4:406-425.

Schellander, K., Mayr, B., and Kalat, M., 1992. Genomic analysis of kappa-casein genotypes in bulls. Journal of Animal Breeding and Genetics, 109:4, 311-315, (Abst.).

Seibert, B., Erhardt, G., and Senft, B., 1987. Detection of a new κ-casein variant in cows milk. Animal Genetic, 18, 269-272.

Shin, I..S, and Yu, J.H.,,1990. Studies on milk protein genetic variants and milk yield in Holstein breeds. Korean Journal of Dairy Science, 12:1, 43-56, (Abst.).

Singh, H., and Khanna, N.D., 1973. Milk protein polymorphism in Hariana cattle, a note. Anim. Breed. Abst., 41, 4339.

Skripnichenko, G.G., 1976., Breed differences in milk protein polymorphism among Russian Black Pied, Ayrshire, Dutch Black Pied and Kholmogor cows. Anim. Breed. Abst., 44, 1124.

Soysal, İ.M., 1983. Atatürk Üniversitesi Koyun Populasyonunun Bazı Kalıtsal Polimorfik Kan Proteinleri Bakımından Genetik Yapısı ve Bu Biyokimyasal Karekterler ile Çeşitli Verim Özellikleri Arasındaki İlişkiler, Doktora tezi, Atatürk üniv. Ziraat Fak. Zootekni Bölümü, Erzurum,

Stasio, L.D., and Merlin, P., 1980. Biochemical polymorphism of the milk of Grey Alpine cattle. Anim. Breed. Abst., 48, 2085.

Stasio, L.,D., and Merlin, P., 1981. Genetic analysis of milk protein systems in the Black Pied Aosta breed of cattle. Anim. Breed. Abst., 49, 6922.

Strekozov, N.I., and Iolchiev, B.S., 1995. Analysis of the population and genetic parameters of the polymorphous systems of milk proteins in cows of the Black and White (Russian Black Pied) breed, Russian Agricultural Sciences, No, 6: 1-4, (Abst.).

Szmelik, I., Zagulski, T., And Michalak, W., 1974. Investigation on genetic polymorphism of β-casein in cattle breed in Poland. Anim. Breed. Abst., 42, 107.

Tarasevich, L.F., 1984. Genetic polymorphism of blood and milk proteins in Black Pied cows and its relationship with milk yield. Anim. Breed. Abst., 52, 4555.

Thomson, M.P., Kiddy, C.A., Pepper, M., and Zittle, C., 1962. Variation in the αs_1-casein fraction of individual cows milk. Nature, 195, 1001.

Uhrin, P., Chrenek, P., Vasicek, D., Bauerova, M., and Bulla, J., 1995. Genotyping of beta-lactoglobulin gene in different breeds of cattle in Slovakia, Zivocisna Vyroba, 40:2, 49-52, (Abst,).

Vasconcellos, L.P.M.K., Tambasco-Talhari, D., Pereira, A.P., Coutinho, L.L., and Regitano, L.C.A., 2003. Genetic and Moleküler Biology 26, 2, 133-137

Wakaley, J., 1996. Distunguishing Migration from isolation using the variance of Pairwase differences. Thero. Pop. Bio. 49, 369-386.

Woychik, J.H., 1965. Phenotyping κ-casein, J, Dairy Sci,, 48, 496-497.

Yıldız, N., Akbulut, Ö., ve Bircan, H., 1999. İstatistiğe Giriş. Aktif Yayınevi, İstanbul,

Zadworny, D., and Kuhnlein, U., 1990. The identification of the kappa-casein genotype in Holstein dairy cattle using the polymerase chain reaction. Therotical and Applied Genetics, 80:5, 631-634, (Abst.).

Zhou, G.L., Jın, H.G., Zhu, Q., Guo, S.L., and Wu, Y.H., 2005. Journal of Genetics, Vol, 84 No. 1 April 2005

Zwierzchowski, L., Zelazowska, B., and Grochowska, R., 1995a. Genotyping of kappa-casein and growth hormone alleles in Polish Black and White and Piedmontese cattle using PCR-RFLP tecnique. Animal Science Papers and Reports -Polish Academy of Sciences, Instutute of Genetics and Animal Breeding Jastrzebiec, 13:1, 13-20, (Abst.).

Zwierzchowski, L., Zelazowska, B., and Grochowska, R, 1995b. Identification of genotypes for kappa-casein and growth hormone in Polish Black Pied cattle and Piedmont cattle by means of the PCR-RFLP metod, Prace-i Materialy Zootechniczne, Zeszyt Specjalny, No, 5, 83-84. (Abst).

ÖZGEÇMİŞ

23-08-1974'de Ankara'da doğdum. İlk öğrenimi Ankara'da Orta ve Lise öğrenimimi Rize'de tamamladım. Atatürk Üniversitesi Ziraat fakültesi, Zootekni Bölümünden 1997 yılında mezun oldum. 1998 yılında Çay İşletmeleri Genel Müdürlüğü Çay Araştırma Enstitüsünde görev aldım. Halen aynı kurumda Ziraat Mühendisi olarak görev yapmaktayım.