



Tarım Bilimleri Dergisi

Tar. Bil. Der.

Dergi web sayfası:
www.agri.ankara.edu.tr/dergi

Journal of Agricultural Sciences

Journal homepage:
www.agri.ankara.edu.tr/journal

Türkiye Yağlı Kuyruklu Koyun Irklarında DNA Parmak İzinin RAPD-PCR Yöntemi Kullanılarak Saptanması

Murat Soner BALCIOĞLU^a, Emine ŞAHİN^a, Kemal KARABAĞ^b, Taki KARSLI^a, Sezai ALKAN^a

^aAkdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Kampüs, Antalya, TÜRKİYE

^bRize Üniversitesi Pazar Meslek Yüksekokulu Pazar, Rize, TÜRKİYE

ESER BİLGİSİ

Araştırma Makalesi — Hayvansal Üretim

Sorumlu Yazar: Murat Soner BALCIOĞLU, e-posta: msoner@akdeniz.edu.tr, Tel: +90(242) 310 24 86

Geliş tarihi: 18 Haziran 2009, Düzeltmelerin gelişi: 11 Kasım 2009, Kabul: 02 Şubat 2010

ÖZET

Bu çalışmada, Türkiye’de yetiştirilen yağlı kuyruklu koyun ırklarının (Akkaraman, Güney Karaman, Morkaraman, Dağlıç, İvesi, Karakaş, Tuj ve Norduz) genetik yapılarının RAPD (Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) markerleri kullanılarak belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada 12 RAPD primeri kullanılarak 125 koyundan elde edilen 218 lokusun tamamı polimorfik bulunmuştur. Bu çalışmada, ortalama allel sayısı (n_a) 2.000, ortalama etkili allel sayısı (n_e) 1.6256, beklenen ortalama heterozigotluk (h_i) 0.1784, ortalama heterozigotluk (H) 0.3636, Shannon sabiti (H_0) 0.5408, polimorfik lokus sayısı (n_p) 218 ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) % 100 olarak tespit edilmiştir. Koyun popülasyonları arasındaki genetik farklılıkların belirlenmesinde kullanılan genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) 0.5117, popülasyonlar içi ortalama heterozigotluk (H_S) 0.1784 ve toplam heterozigotluk (H_T) 0.3654 olarak bulunmuştur. Koyun popülasyonları arasındaki genetik mesafe değerleri (D) 0.1349-0.5563 arasında yer almıştır. Kümeleme analizi sonucuna göre; Akkaraman, Güney Karaman ve Morkaraman ırkları bir kümede, Tuj birinci kümeyle yakın, İvesi ırkı bu ana kümeyle birleşmiştir. Dağlıç ve Karakaş diğer kümeyle oluşturmuş, Norduz ırkı ise diğer koyun ırklarından farklı yerde yer almıştır.

Anahtar sözcükler: Yağlı Kuyruklu Koyun; RAPD; Genetik Varyasyon

Determination of DNA Fingerprinting of Turkish Fat-Tailed Sheep Breeds by RAPD-PCR Method

ARTICLE INFO

Research Article — Animal Production

Corresponding author: Murat Soner BALCIOĞLU, e-mail: msoner@akdeniz.edu.tr, Tel: +90(242) 310 24 86

Received: 18 June 2009, Received in revised form: 11 November 2009, Accepted: 02 February 2010

ABSTRACT

The aim of this research was to determine the genetic structure of Turkish fat-tailed sheep breeds (Akkaraman, Güney Karaman, Morkaraman, Dağlıç, İvesi, Karakaş, Tuj and Norduz) using RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markers. By using 12 RAPD primers in 125 sheep obtained 218 polymorphic loci which were determined. Average allele number (n_a), average effective number of allele (n_e), average heterozygosity (H), average expected heterozygosity (h_i) Shannon's constant (H_0), polymorphic loci number (n_p) and polymorphic loci ratio (P_{poly}) were found as 2.00, 1.6256, 0.3636, 0.1784, 0.5408, 218 and 100 %, respectively. Used to determine genetic differences between sheep population; genetic diversity coefficient (G_{ST}), average heterozygosity within populations (H_S) and total heterozygosity were found as 0.5117, 0.1784 and 0.3654, respectively. Genetic distance between sheep populations (D) was changed from 0.1349 to 0.5563. According to cluster analysis result, Akkaraman, Güney Karaman and Morkaraman created a cluster, Tuj breed was more close than İvesi to first cluster. Dağlıç and Karakaş took place another cluster. Norduz breed appeared to be most distance from other sheep breeds.

Keywords: Fat-Tailed Sheep; RAPD; Genetic variation

1. Giriş

Türkiye'nin coğrafik yapısının farklılık göstermesi nedeniyle, değişik bölgelere adapte olmuş çok sayıda koyun ırkı bulunmaktadır. Koyun yetiştiriciliği hayvansal üretim içerisinde, dolayısıyla tarımsal üretimde ve ülkelerin ekonomilerinde önemli bir yere sahiptir (Akman et al 2001). Bu ırkları büyük çoğunluğunu Anadolu'nun iç kesimlerindeki step koşullarına uyum sağlamış yağlı kuyruklu koyunlar oluşturmaktadır (DPT 2001).

Türkiye'de yetiştirilen yağlı kuyruklu koyun ırkları düşük verimli olmalarına karşın kötü çevre koşullarına son derece dayanıklıdır. Kontrolsüz melezlemeler sonucunda tüm dünyada olduğu gibi ülkemizde de yerli gen kaynakları hızla erozyona uğramış ve bazı genotipler yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmıştır. Gen kaynaklarının korunması genetik çeşitliliğin devamı bakımından son derece önemlidir. Bunun için yerli ırklara ait genetik özelliklerin çok iyi tanımlanması gerekmektedir. Son yıllarda moleküler genetik alanında geliştirilen yöntemler, muhtelif çiftlik hayvanlarına ait populasyonların DNA düzeyinde genetik yapılarının belirlenmesine ve bunlardan yararlanılmasına olanak sağlamıştır. DNA fragmentlerinin PCR (Polymerase Chain Reaction) kullanılarak çoğaltılması temeline dayanan birçok yöntem bulunmaktadır. Çeşitli organizmaların DNA parmakizlerini elde etmek ve dolayısıyla DNA polimorfizmini saptamak amacıyla kullanılan kolay, hızlı ve nispeten basit bir yöntem olan RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA - Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) yöntemi (Williams et al 1990; Welsh & McClelland 1990), sığır (Kantanen et al 1995; Cerit 2001), keçi (Li et al 2002; Şahin 2005), tavuk (Sharma et al 2001; Ali et al 2003), hindi (Smith et al 1996), bildircin (Yeğenoğlu 1999; Sharma et al 2000; Karabağ 2008) ve koyun (Kantanen et al 1995; Cushwa et al 1996; Tahmoorespur et al 2003; Ali 2003; Paiva et al 2005) gibi bir çok çiftlik hayvanı türünde genetik marker olarak kullanılmıştır.

Bu çalışmada, Türkiye'nin yerli koyun ırklarının önemli bir kısmını oluşturan yağlı kuyruklu koyun ırklarında (Dağlıç, İvesi, Norduz, Karakaş, Tuj, Güney Karaman, Akkaraman ve Morkaraman) genetik varyasyonun, DNA düzeyinde RAPD-PCR yöntemiyle belirlenmesi ve bu yöntemin kullanılabilirliğinin gösterilmesi amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Yöntem

Araştırmanın hayvan materyalini Türkiye'nin değişik bölgelerinde yetiştirilen yağlı kuyruklu koyun ırkları oluşturmuştur. Çalışmada kullanılan ırklara ait hayvan sayıları ve kan örneklerinin elde edildikleri bölgeler Çizelge 1'de verilmiştir.

2.1. Kan örneklerinin alınması

DNA ekstraksiyonu için hayvanlardan alınan kan örnekleri soğuk zincirde korunarak Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Genetik laboratuvarına en kısa sürede getirilmiş ve DNA ekstraksiyonu yapılabildiği kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir.

2.2. DNA ekstraksiyonu

Genomik DNA ekstraksiyonunda DNA ekstraksiyon kiti (Bio Basic Inc.) kullanılmıştır. Elde edilen DNA örneklerini yoğunlukları spektrofotometrede ölçülmüş ve 20 ng μl^{-1} olacak şekilde yoğunluk ayarlaması yapılmıştır.

2.3. Kullanılan primerlerin seçimi

RAPD tekniği için rasgele seçilen 20 primer (10 bazlık) denenmiş, bu primerlerden bağlanma sıcaklıkları ve G+C oranları uyumlu olan 12 adedi çalışmada kullanılmıştır (Çizelge 2).

2.4. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

Hedef bölgelerin çoğaltılması için Ali (2003) ve Şahin (2005) tarafından bildirilen reaksiyon koşulları optimize edilerek PCR uygulanmıştır. PCR reaksiyon karışımı, 1.2 μl 10X buffer (pH:8.5), 25 mM $MgCl_2$, dNTPs (her birinden 2.5 mM), 0.5 μM primer, 5 U ml^{-1} Taq Polimeraz ve 20 ng μl^{-1} yoğunluğundaki DNA örnekleri kullanılarak toplam 15 μl hacimde hazırlanmıştır.

PCR reaksiyon koşulları; ilk denatürasyon 94°C'de 2 dakika, denatürasyon (ayrılma) 94°C'de

Çizelge 1-Araştırmada kullanılan koyun ırklarına ait örnek sayıları ve elde edildikleri yerler

Table 1-Breeds and Sample numbers used in the study along with places of sample collection

Irklar	N	Kan örneklerin alındığı merkezler
Akkaraman	13	Konya Bahri Dağdaş Uluslararası Hay. Arş. Enst.
Morkaraman	17	Atatürk Ü. Ziraat Fakültesi
Güney Karaman	16	Konya Bahri Dağdaş Uluslararası Hay. Arş. Enst.
Dağlıç	15	Seydişehir, Ketenli Kasabası
İvesi	16	Atatürk Ü. Ziraat Fakültesi
Tuj	15	Atatürk Ü. Ziraat Fakültesi
Karakaş	18	Y.Y.U. Ziraat Fakültesi
Norduz	15	Y.Y.U. Ziraat Fakültesi

50sn, annealing (bağlanma/yapışma) 33°C'de 55 sn, extension (uzama/sentez) 72°C'de 50 sn ve son extension 72°C'de 5 dakika olmak üzere toplam 40 döngü olarak uygulanmıştır. PCR işleminin tamamlanmasından sonra çoğaltılan DNA örnekleri, %1.5 yoğunluğunda hazırlanan agaroz (Bio Basic Inc.) jelde yürütülmüştür. Elektroforez sonrasında elde edilen jeller 0.5 µg ml⁻¹ Ethidium Bromüd ile muamele edildikten sonra jel görüntüleme sisteminde görüntülenmiştir.

2.5. RAPD bantlarının değerlendirilmesi ve genetik analizler

RAPD-PCR bantları, çekilen jel fotoğrafları incelenerek değerlendirilmiş ve kullanılan her primer için, bireye özgü olarak tespit edilen her bant bir lokus olarak tanımlanmıştır. RAPD bantlarının varlığı 1, yokluğu ise 0 olarak kodlanmıştır. Elde edilen veri matrisi ile bireyler arasında genetik benzerlik oranı, polimorfizm oranı, heterozigotluk değerleri ve gen frekansları gibi istatistikler POPGENE (Population Genetic Analysis Software) programı ile hesaplanmıştır (Yeh et al 2000). Populasyonların genetik mesafeleri Nei'nin (1972) UPGMA dendogramı kullanılarak hesaplanmıştır.

3. Bulgular ve Tartışma

PCR ürünü elde edilen 12 primere ait RAPD profillerinin belirlenmesinde sağlıklı bir değerlendirme yapabilmek için 300–2000 bç arasındaki bantlar dikkate alınmıştır. Cushwa et al (1996), Paiva et al (2005) ve Elmacı et al (2007) tarafından da benzer aralıktaki bantlar değerlendirmeye alınmıştır. Bu şekilde 12 primere ait tüm koyun ırkları üzerinden toplam 218 RAPD lokusu (bant) elde edilmiştir. Lokusların tamamında polimorfizm gözlenmiştir. Koyun populasyonlarının tamamı üzerinden en fazla bant sayısı Opq06 ve 19 nolu primeri ile (23 bant) en az bant sayısı ise Ra35 primeri ile (13 bant) elde edilmiştir (Çizelge 2). Primer başına elde edilen ortalama lokus sayısı (polimorfik lokus sayısı) 18 olarak belirlenmiştir.

Tüm allel frekansları üzerinden hesaplanan ortalama allel sayısı koyun ırklarının tümü üzerinden (n_a) 2.000, ortalama etkili allel sayısı (n_e) 1.6256±0.2874, ortalama heterozigotluk (H_j) 0.3636±0.1226, Shannon sabiti (H_o) 0.5408±0.1462, polimorfik lokus sayısı (n_p) 218 ve polimorfik lokus oranı (P_{poly}) % 100 olarak tahmin

edilmiştir. Tüm lokuslar üzerinden populasyonların genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}) 0.5117 olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki genetik mesafe (D) değerleri, 0.1349 (Güney Karamanı-Morkaraman) ile 0.5563 (Akkaraman-Norduz) arasında değişmiştir (Çizelge 3).

Nei (1978)'nin genetik benzerlik/mesafe değerlerine ilişkin matrizen (Çizelge 4) yararlanılarak Sneath & Sokal (1973)'in metoduna göre çizilen UPGMA dendogramı Şekil 1'de gösterilmiştir. Kümeleme analizi sonucuna göre çalışılan koyun ırklarının 5 farklı küme oluşturduğu söylenebilir. Birinci kümeyi Akkaraman, Güney Karaman ve Morkaraman ırkları oluşturmuş, Akkaraman ırkının diğer bir varyetesi olarak kabul edilen Karakaş ırkı, Dağlıç koyun ırkına daha yakın bulunarak başka bir küme oluşturmuştur. Tuj koyun ırkı birinci kümeyle birleşmiş, İvesi ırkı da bu ana kümeyle birleşmiştir. Norduz koyun ırkı diğer ırklardan farklı olarak ayrı bir kümede yer almıştır.

Populasyonlarda en yüksek ortalama allel sayısı (n_a) Tuj ırkına (1.5780), en düşük ise Dağlıç ırkına (1.3119) aittir. Populasyonların tamamında 1.4490 olarak tahmin edilen ortalama allel sayısı, tüm allel frekansları üzerinden 2.000 olarak bulunmuştur (Çizelge 4). Van ili ve civarında yetiştirilen Karakaş ve Norduz ırklarında ortalama allel sayısı birbirine yakın çıkmış ve allel sayısı Dağlıç ırkı hariç mevcut koyun ırklarına göre daha düşük bulunmuştur. Gen kaynağı olarak ortadan kalkma tehlikesi oldukça yüksek olan Güney Karaman ırkının temsil ettiği populasyon büyüklüğü ele alındığında beklenen tersine ortalama allel sayısı diğer ırklara göre daha yüksek bulunmuştur. Populasyonlardaki ortalama etkili allel sayısı (n_e), Tuj ırkında en yüksek (1.3991), Dağlıç ırkında ise en düşük (1.2173) hesaplanmıştır. Populasyonların tümünde 1.3159 olarak tahmin edilen ortalama etkili allel sayısı (n_e), tüm allel frekansları üzerinden 1.6256 olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar arasında hesaplanan ortalama etkili allel sayılarının dağılımı için, ortalama allel sayıları ile aynı yorumları yapmak mümkündür. Ortalama etkili allel sayısı, beklediği gibi ortalama allel sayısından düşük çıkmıştır. Bu durum, üzerinde durulan populasyonlara ait çalışılan örneklerde tespit edilen allel frekanslarının eşit olmadığı her durum için geçerli olacaktır.

Populasyondaki beklenen ortalama heterozigotluk (h_j), Tuj koyun ırkına ait örneklerde en yüksek (0.2285), Dağlıç koyun ırkına ait

Çizelge 2-Çalışmada kullanılan RAPD primerleri ve bazı özellikleri

Table 2-Some characteristics of RAPD primers used in this study

Primer Adı	Baz Sırası (5'-> 3')	Bağlanma Sıcaklığı Tm, °C	G+C Oranı, %	Toplam Lokus Sayısı
Ra03	CGA TCG AGG A	32	60	17
Opq06	GAG CGC CTT G	34	70	23
OpmlO	TCT GGC GCA C	34	70	20
Du06	CGT AGG AGT G	32	60	16
Opq04	AGT GCG CTG A	32	60	18
18	GGG CTA GGG T	34	70	20
Opl5	GAC GGA TCA G	32	60	18
Opp14	CCA GCC GAA C	34	70	16
Opp11	AAC GCG TCG G	34	70	17
19	ACC GGG AAC G	34	70	23
Ra35	AAG CTC CCC G	34	70	13
Ra59	CGG GCA ACG T	34	70	15

Çizelge 3-Türkiye yağlı kuyruklu koyun ırklarına ait genetik benzerlik (üst diyagonal) ve mesafe değerleri (alt diyagonal)

Table 3-The genetic identity (above the diagonal) and distance (below the diagonal) among native Turkish fat-tailed sheep breeds

Populasyon	A.Karaman	Dağlıç	G.Karaman	İvesi	Karakaş	M.Karaman	Norduz	Tuj
AkKaraman	****	0.7860	0.8350	0.7401	0.7367	0.8392	0.5733	0.8120
Dağlıç	0.2408	****	0.7700	0.7108	0.7555	0.7470	0.6548	0.7298
G.Karaman	0.1803	0.2614	****	0.7907	0.7820	0.8738	0.6065	0.7967
İvesi	0.3009	0.3414	0.2349	****	0.7433	0.8087	0.6692	0.7510
Karakaş	0.3055	0.2804	0.2458	0.2966	****	0.7886	0.7027	0.6981
M.Karaman	0.1753	0.2917	0.1349	0.2123	0.2374	****	0.6634	0.7944
Norduz	0.5563	0.4233	0.5001	0.4016	0.3528	0.4104	****	0.5884
Tuj	0.2082	0.3150	0.2273	0.2864	0.3594	0.2302	0.5303	****

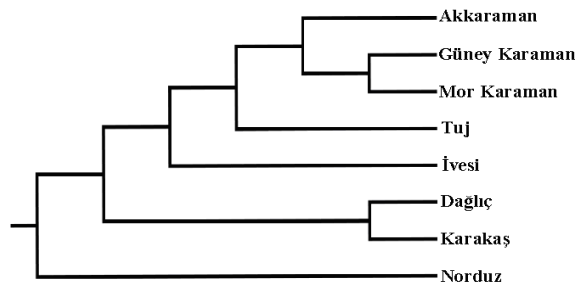
**Şekil 1-Türkiye Yağlı Kuyruklu koyun populasyonlarına ait UPGMA dendrogramı**

Figure 1- The UPGMA dendrograms of native Turkish Fat-Tailed Sheep Breeds

örnekler de ise en düşük (0.1221) hesaplanmıştır. Populasyonların tamamında 0.1784 olarak tahmin edilen beklenen ortalama heterozigotluk değeri (h_j), tüm allel frekansları üzerinden 0.3636 olarak bulunmuştur (Çizelge 4). Hesaplanan ortalama heterozigotluk değerleri Paiva et al (2005) ve Elmacı et al (2007) tarafından bildirilen değerlerle örtüşmektedir.

Shannon sabiti (H_0 , Shannon's information index) populasyonlarda genetik varyasyonun tahmin edilmesinde kullanılan istatistiklerden birisidir. H_0 değeri, Tuj ırkında en yüksek (0.3350), Dağlıç koyun ırkında ise en düşük (0.1784) hesaplanmıştır. Elde edilen bu değerler Elmacı et al (2007) tarafından bildirilen değerlere (0.2600-0.3600) yakın bulunmuştur. Populasyonların tamamında 0.2606 olarak tahmin edilen Shannon sabiti, tüm allel frekansları üzerinden 0.5408 olarak belirlenmiştir.

Polimorfik lokus oranı (P_{poly}), Tuj ırkına ait örneklerde en yüksek (%57.80), Dağlıç ırkına ait örneklerde ise en düşük (% 31.19) hesaplanmıştır. Polimorfik lokus oranı, populasyonların tamamında % 45.36 olarak tahmin edilmiştir. Bu değer Paiva et al (2005) ve Elmacı et al (2007) tarafından bildirilen değerlerden daha düşük bulunmuştur.

Koyun populasyonları arasındaki genetik farklılaşmanın ölçüsü olarak kullanılan genetik farklılaşma katsayısı (G_{ST}), 0.5117 olarak hesaplanmıştır. Buna göre koyun ırklarında tespit

Çizelge 4-RAPD markerleri bakımından koyun ırklarına ait genetik çeşitlilik

Tablo 4-Genetic diversity of sheep breeds based on RAPD markers

Populasyon	n_a	n_e	h_i	H_0	n_p	P_{poly}
Akkaraman	1.4358 ±0.4970	1.3181 ±0.4012	0.1768 ±0.2145	0.2565 ±0.3053	95	43.58
Dađlıç	1.3119 ±0.4643	1.2173 ±0.3586	0.1221 ±0.1937	0.1784 ±0.2774	68	31.19
Güney Karaman	1.5000 ±0.5012	1.3548 ±0.3973	0.2002 ±0.2133	0.2921 ±0.3048	109	50.00
İvesi	1.4679 ±0.5001	1.3075 ±0.3710	0.1778 ±0.2047	0.2623 ±0.2949	102	46.79
Karakaş	1.3624 ±0.4818	1.2596 ±0.3752	0.1463 ±0.2031	0.2133 ±0.2915	79	36.24
Morkaraman	1.5505 ±0.4986	1.3848 ±0.3976	0.2177 ±0.2127	0.3183 ±0.3032	120	55.05
Norduz	1.3853 ±0.4878	1.2863 ±0.3985	0.1579 ±0.2114	0.2285 ±0.3006	92	42.20
Tuj	1.5780 ±0.4950	1.3991 ±0.3853	0.2285 ±0.2089	0.3350 ±0.2994	126	57.80
Ortalama	1.4490±0.4907	1.3159 ±0.3856	0.1784 ±0.2084	0.2606 ±0.2971	98.88	45.36
Tüm Allel						
Frekansları	2.000	1.6256±0.2874	0.3636±0.1226	0.5408±0.1462	218	100
Üzerinden Ortalama						

n_a : ortalama allel sayısı, n_e : ortalama etkili allel sayısı, h_i : beklenen ortalama heterozigotluk,

H_0 : Shannon sabiti, n_p : polimorfik lokus sayısı, P_{poly} : polimorfik lokus oranı

edilen toplam genetik varyasyonun % 48.83'ünün populasyon içindeki, geriye kalan %51.17'sinin ise populasyonlar arasındaki varyasyondan ileri geldiđi söylenebilir. Elde edilen RAPD sonuçlarına göre, populasyon içi genetik varyasyon Sakız, Kıvırcık ve Gökçeada koyun ırklarında Elmacı et al (2007) tarafından bildirilen değerlerden oldukça yüksek bulunmuştur. Bu durum ele alınan populasyonlarda oldukça yüksek genetik varyasyonun olduğunu göstermektedir. Populasyonlarda genetik varyasyonun yüksek olması birçok nedenle istenilen bir durumdur.

Populasyonlar içi ortalama heterozigotluk (H_S) 0.1784, populasyondaki toplam heterozigotluk (H_T) ise 0.3654 olarak tahmin edilmiştir. Populasyon içi ortalama heterozigotluk değeri Elmacı et al (2007) tarafından bildirilen değerden daha düşük, ancak populasyondaki toplam heterozigotluk değeri daha yüksek bulunmuştur. Genetik farklılaşma katsayısı temelde ortalama heterozigotluk değerlerine bađlı olarak hesaplanmaktadır. Dominant kalıtım modeline sahip genetik markerler ile çalışıldığında, heterozigot genotipler belirlenemediđi için gözlenen heterozigotluk değeri hesaplanamamaktadır. Bu durumda heterozigotların oranı resesif homozigotlardan yararlanılarak tahmin edilmektedir. Bunun sonucu olarak da, populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın belirlenmesinde gözlenen heterozigotluklar yerine beklenen heterozigotluklardan yararlanılmakta ve genetik farklılaşmanın hangi lokuslar bakımından meydana geldiđi tespit edilememektedir. Bu durum kullanılan yöntemin önemli bir eksikliđi olarak değerlendirilebilir. Populasyonlar içi genetik varyasyonun yüksek olması aynı zamanda genetik

çeşitliliđin de yüksek olduđu anlamına gelmektedir. Nei (1987) polimorfik lokus oranının genetik varyasyonu belirlemede iyi bir ölçüt olmadıđını, ortalama heterozigotluđun bunun için daha iyi bir ölçüt olduđunu belirtmiştir.

Genetik mesafe değerleri bakımından populasyonlar arasındaki farklılıkların çok yüksek olduđu söylenebilir. Güney Karaman ve Morkaraman ırkları genetik benzerlik (0.8738) bakımından birbirine en yakın olan populasyonları oluşturmuştur. Genetik mesafe değerleri Güney Karaman ve Morkaraman ırkları arasında 0.1349, Akkaraman ve Norduz arasında ise 0.5563 olarak bulunmuştur. Elmacı et al (2007), Kıvırcık, Gökçeada ve Sakız koyunlarında genetik mesafeleri oldukça düşük olmak üzere 0.0227 ile 0.0671 olarak tahmin etmiştir. Paiva et al (2005), Brezilya yerli koyunlarında genetik uzaklıkları nispeten daha yüksek olmak üzere 0.0512 ile 0.2832 arasında tahmin etmişlerdir. Bu çalışmada bulunan genetik uzaklık değerleri genel olarak her iki çalışmanın sonuçlarından daha yüksek çıkmıştır. Genetik benzerliklere bakıldığında her ikisi de Karaman varyetesi olan Akkaraman ve Morkaramanın benzerliklerinin oldukça yüksek olduđu söylenebilir.

Nei (1978)' nin genetik benzerlik/mesafe değerlerine ilişkin matristen yararlanılarak Sneath & Sokal (1973) 'ın metoduna göre çizilen UPGMA dendogramı ile ortaya çıkan kümeleme analizi sonucunda 5 farklı kümenin olduđu söylenebilir. Birinci kümeyi oluşturan Akkaraman, Güney Karaman ve Morkaraman ırklarının genetik olarak birbirlerine yakın olması özellikle Akkaraman ve Morkaraman ırklarının Karaman ırkının varyeteleri

olması nedeniyle beklenen bir durumdur. Karaman ırkının diğer bir varyetesi olarak bilinen Karakaş ırkının birinci kümeye yakın olması beklenirken Dağlıç koyun ırkına daha yakın olduğu gözlenmiştir. Tuj ve İvesi koyun ırkları birinci kümeyle birleşmiştir. Çalışılan lokuslar bakımından Karaman ırkının diğer bir varyetesi olarak kabul edilen Norduz koyun ırkı diğer ırklardan farklı olmak üzere genetik olarak ayrı bir kümede yer almıştır. Akkaraman, Morkaraman, Karakaş ve Norduz koyunları arasındaki benzerliklerin daha yüksek çıkması beklenirdi. Özellikle Akkaraman ve Norduz koyun ırkları arasındaki genetik uzaklık oldukça yüksek bulunmuştur. Norduz ve Karakaş koyun ırkları aynı coğrafyalarda yetiştirildiklerinden, bu durum coğrafik uzaklıkla da açıklanamaz. Bu durumun örneklemeden ileri geldiği veya çalışılan lokusların mevcut durumu ancak bu kadar ortaya koyduğu düşünülmektedir.

4. Sonuçlar

Bu çalışmada üzerinde durulan koyun ırklarında yüksek genetik varyasyon bulunmuştur. Yapılan kümeleme analizinde Akkaraman, Morkaraman ve Güney Karaman aynı genetik grupta yer almış, buna karşın, aynı ırk içerisinde olduğu söylenen Karakaş ve özellikle Norduz koyun ırkı ise farklı grupta yer almıştır. Yapılan bu çalışmayla RAPD yönteminin yerli çiftlik hayvanlarında genetik varyasyonu ortaya koymada etkili bir yöntem olduğu söylenebilir. Ancak, populasyonların genetik yapıları hakkında daha genel sonuçlara ulaşabilmek için mikrosatellit markerler ile çalışılmasının ve yine mtDNA'ya dayalı tanımlamaların da kullanılmasının yerinde olacağı düşünülmektedir.

Teşekkür

Bu çalışma Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

Kaynaklar

- Akman N, Meftune E & Tavmen A (2001). Koyunculuk: Dünya'da-Avrupa Birliği'nde- Türkiye'de Hayvansal Üretim ve Ticareti. *Çamlıca Kültür ve Yardım Vakfı Yayınları*. İstanbul. ISBN: 975-93 897-1
- Ali B A, Ahmed M M M & Aly O M M (2003). Relationship between genetic similarity and some

- productive traits in local chicken strains. *African Journal of Biotechnology* **2** (2): 46-47
- Ali B A (2003). Genetics similarity among four breeds of sheep in Egypt detected by RAPD markers. *African Journal of Biotechnology* **2** (7): 194-197
- Cerit H (2001). Bir Holştayn sığır populasyonunda bazı genomik lokusların allel frekanslarının belirlenmesi ve birey tanımlanmasındaki önemi. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences* **27**: 81-91
- Cushwa W T, Dodds K G, Crawford A M & Medrano J F (1996). Identification and genetic mapping of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to the sheep genome. *Mammalian Genome* **7**: 580-585
- DPT (2001). Sekizinci BYKP, Hayvancılık Özel İhtisas Komisyonu Raporu, DPT:2574-ÖİK:587, Ankara
- Elmacı C, Öner Y, Özis S & Tuncel E (2007). RAPD analysis of DNA polymorphism in Turkish sheep breeds. *Biochem Genetics* **45**: 691-696
- Kantanen J, Vilkki J, Elo K & Maki-Tanila A (1995). Random amplified polymorphic DNA in cattle and sheep-application for detecting genetic-variation. *Animal Genetics* **26** (5): 315-320
- Karabag K (2008). Farklı verim yönlerinde seleksiyon uygulanan bildircinlerde (*Coturnix coturnix japonica*) genetik varyasyonun RAPD-PCR yöntemiyle belirlenmesi. Doktora tezi, Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Basılmamış), Antalya
- Li B, Du M, Guo X & Zhou Z (2002). Genetic analysis of Shanxi native goats using RAPD markers. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August, 19-23
- Nei M (1972). Genetic distance between populations. *American Naturalist* **106**: 283-292
- Nei M (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **89**: 583-590
- Nei M (1987). Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York
- Paiva S R, Silverio V C, Egito A A, McManus C, Assis de Faria, D, Mariante A S, Castro S R, Albuquerque M S M, & Dergam J A (2005). Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **40** (9): 887-893
- Sharma D, Appa Rao K B C & Totey S M (2000). Measurement of within and between population genetic variability in quails. *British Poultry Science* **41**: 29-32
- Sharma D, Appa Rao K B C, Singh R V & Totey S M (2001). Genetic diversity among chicken breeds estimated through randomly amplified polymorphic DNA. *Animal Biotechnology* **12**(2): 111-120
- Smith E J, Jones C P, Bartlett J & Nestor K E (1996). Use of randomly amplified polymorphic DNA

- markers for the genetic analysis of relatedness and diversity in chickens and turkey. *Poultry Science* **75**: 579–584
- Sneath P H A & Sokal R R (1973). Numerical Taxonomy. W.H. Freeman, San Fransisco
- Şahin E (2005). Antalya yöresi kıl keçilerinde genetik polimorfizmin RAPD-PCR yöntemiyle belirlenmesi. Yüksek lisans tezi, Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Basılmamış), Antalya
- Tahmoorespur M, Nassiry M R, & Mohammady A (2003). The use of 17 RAPD primers in some of Iranian sheep breeds. *Proceeding of British Society of Animal Science* 144. <http://www.bsas.org.uk/downloads/annlproc/Pdf2003/144.pdf>
- Welsh J & McClelland M (1990). Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research* **18**: 7213–7218
- Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, Rafalski J A & Tingey S V (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* **18** (22): 6531–6535
- Yeğenođlu E D (1999). Japon bıldırcınlarında (Coturnix Coturnix Japonica) DNA izolasyonu ve DNA parmakizlerinin çıkarılması. Yüksek lisans tezi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Basılmamış), İzmir
- Yeh F, Yang R C, Boyle T (2000). Popgene (v.1.32), Microsoft Windows-based freeware for Population Genetic Analysis. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/Pop32.exe>