

Giriş

Hayvan genetik kaynaklarımız yıllardır uygulanan ıslah politikaları ve ekonomik tercihler nedeniyle hızla azalmış ve günümüzde yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmıştır. Aynı zamanda yaşanan bu süreçten dolayı çevresel şartlara uyumdan hastalık dirençliliğine kadar pek çok açıdan önem arz eden sahip olduğumuz genetik çeşitliliğimiz de azalmaktadır. Bundan dolayı, son yıllarda pek çok ülke hayvan genetik kaynaklarının korunmasına yönelik çalışmalara ağırlık vermekte ve ulusal stratejiler belirlemektedir. Ülkemizde ise TÜBİTAK KAMAG tarafından desteklenen 106G005 no'lu TÜRKHAYGEN-I projesi (www.turkhaygen.gov) ile yerli evcil hayvan genetik kaynaklarının moleküler karakterizasyonu ve in vitro korunmasına yönelik çalışmalar başlatılmış olup, Hınıs'ın Kolu Kısası, Canik, Çukurova, Malakan ve Ayvacık Midillisi yerli at ırklarımız projeye dahil edilmiştir.

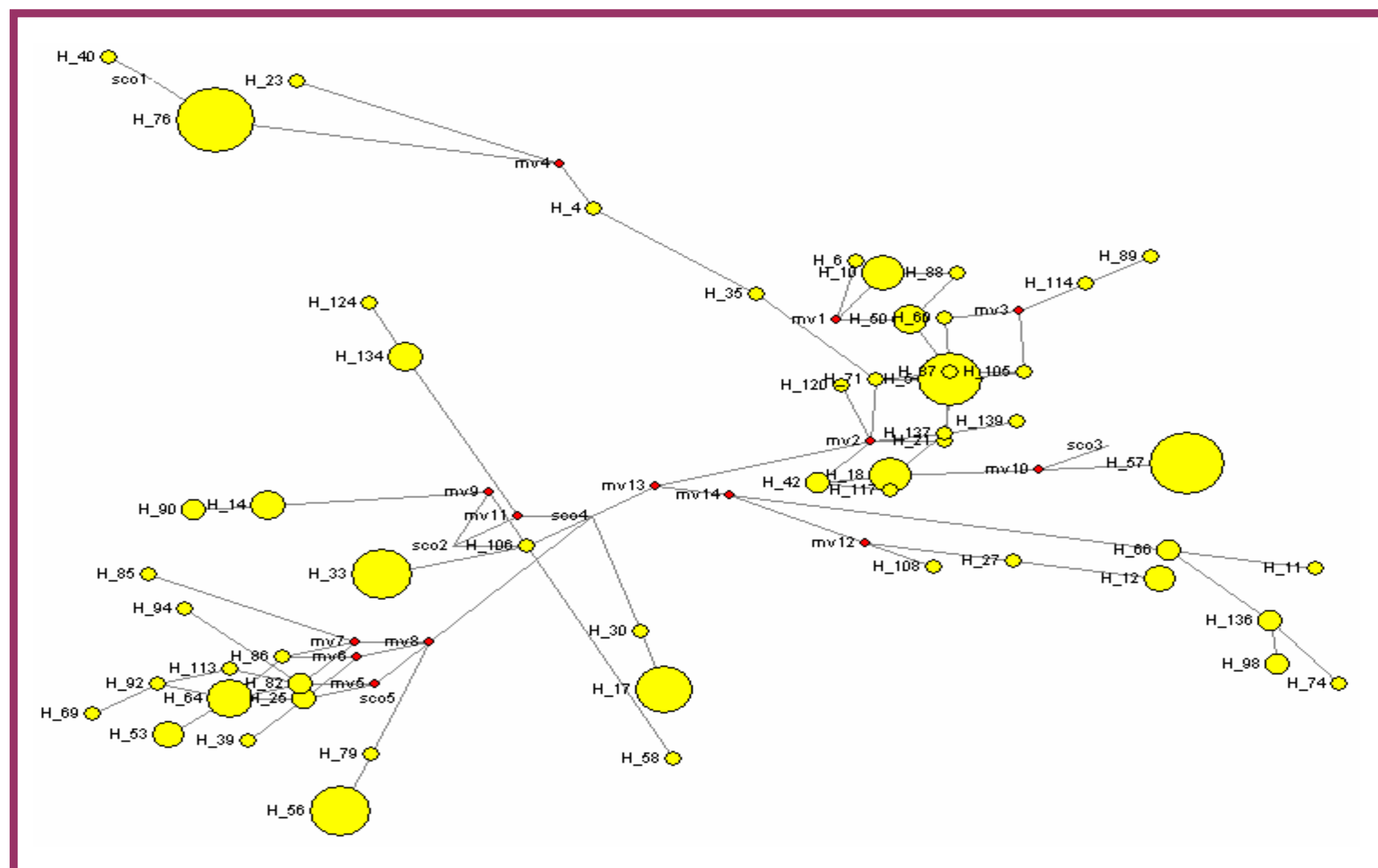
Anadolu sahip olduğu coğrafik konum nedeniyle pek çok medeniyete ev sahipliği yapmış olup, tarih boyunca hem insanların hem de diğer canlıların göç hareketlerine maruz kalmıştır. Bundan dolayı Anadolu atlarının genetik açıdan mozaik bir yapıya sahip olduğu ve önemli bir genetik miras taşıdıkları düşünülebilir. Buna rağmen günümüze kadar Anadolu atlarımızın genetik çeşitliliğine yönelik moleküler bir çalışma gerçekleştirilmemiştir.

Amaç

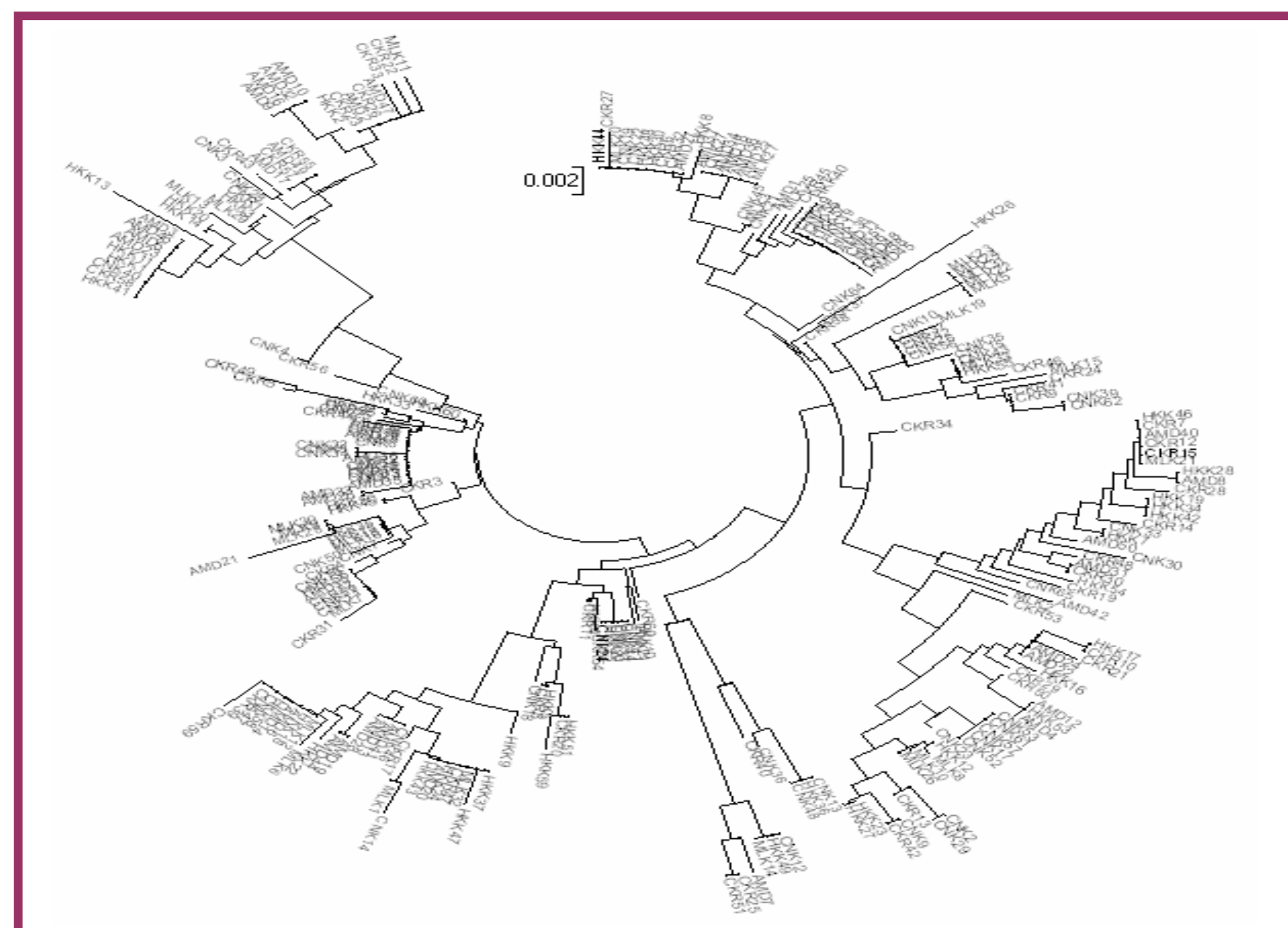
Bu çalışma ile belirlenen beş Anadolu at ırkının 21 mikrosatellit lokus ve mtDNA D-loop dizi analizi ile genetik olarak karakterize edilmesi ve bu ırklara ait DNA ve hücre örneklerinin kurulacak olan bankalarda saklanmasıyla ırkların muhafazası amaçlanmıştır. Diğer taraftan moleküler genetik çalışmalar ile elde edilecek bilgiler, yerli ırklarımızın sahip olduğu genetik çeşitliliğin ortaya konmasına, atların evcilleştirilmesi sürecinin aydınlatılmasına ve bilinçli koruma programlarının ortaya konmasına katkıda bulunacaktır.

Bulgular

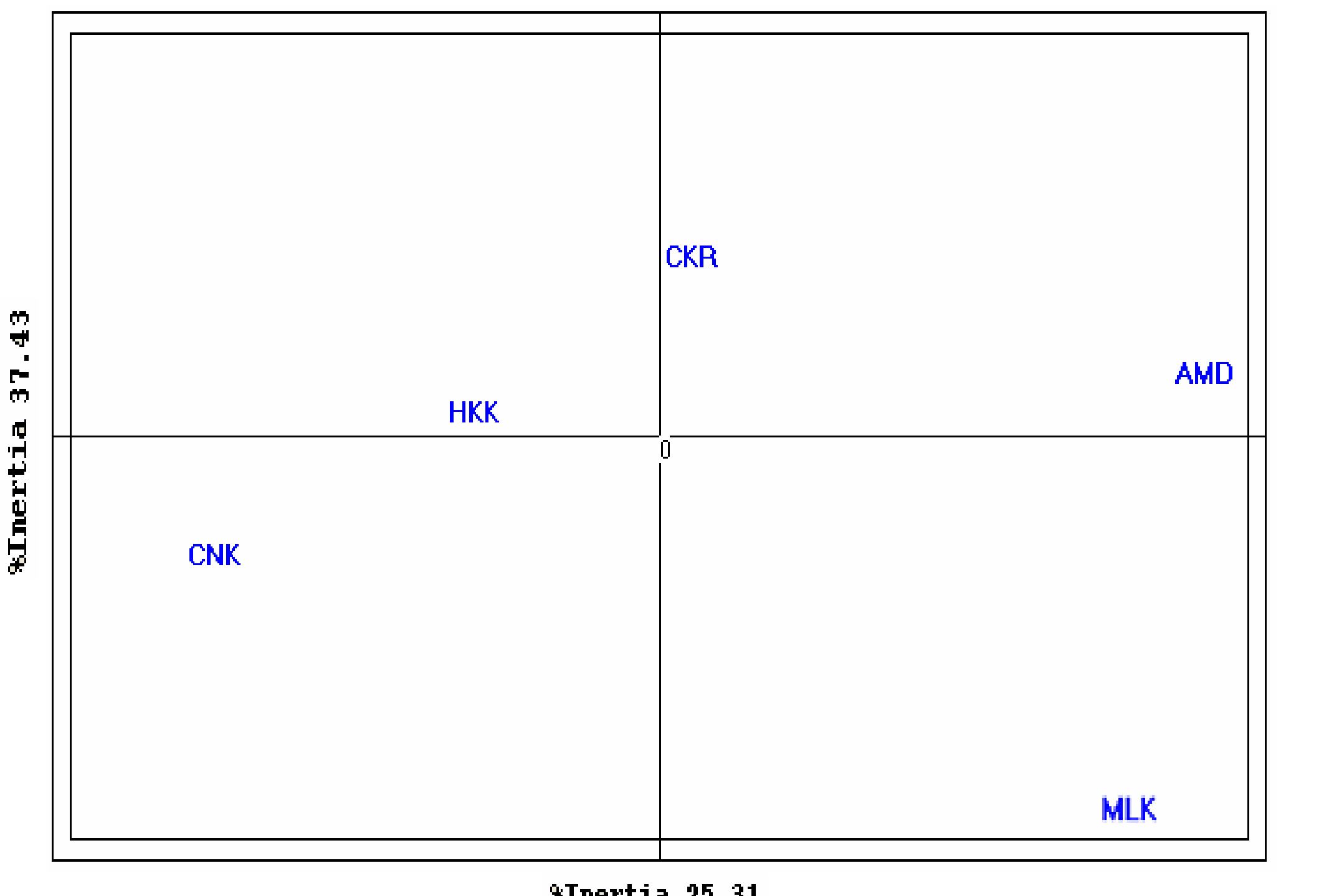
mtDNA dizi analizi sonucunda tüm populasyonlar arasında toplam 68 polimorfik bölge tespit edilmiş olup hiçbir populasyonda ırka özgü sabitlenmiş mutasyona rastlanmamıştır. Populasyonların ikili karşılaştırmaları ırklar arası ortalama nükleotid farklılığının (k) en fazla 9,150 olduğunu göstermiştir (Tablo 1). İncelenen beş ırk için oluşturulan Median-Joining Network toplam 54 haplotip belirlemiş olup, elde edilen network ırklar arası evrimsel bir bağı gösteren merkezi bir haplotip varlığına veya ırka özgü dağılıma işaret etmemektedir (Şekil 1). Bu sonucu doğrular şekilde Kimura 2-parametre kullanılarak çizilen komşu birleştirme (NJ) ağaç çiziminde de ırka özgü dallanma belirlenmemiştir (Şekil 2). Mikrosatellit analizleri ise lokus başına populasyonlarda tespit edilen allel ortalamasının 4,4 ile 15,6 arasında, tüm lokuslarda populasyonlar için gözlenen ortalama allel sayılarının ise 8,8 ile 9,6 arasında değiştiğini göstermiştir. Hesaplanan F_{is} değerleri tüm populasyonlar için Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir sapma olmadığını göstermiş olup, dizi ve mikrosatellit veriler ile hesaplanan F_{st} değerleri ise ırklar arasında anlamlı bir genetik farklılaşmanın olmadığını ortaya koymuştur. Temel bileşenler analizi (Principal Component Analysis-PCA) de yapılan diğer analizler gibi populasyonlar arasında ırka özgü fenotipik özellikler ile uyuşan bir farklılaşmayı göstermemiştir (Şekil 3). Fakat buna rağmen diğer populasyonlardan en belirgin ayırım Ayvacık Midillisi ve Malakan atları için tespit edilmiştir.



Şekil 1. Median-Joining Network analizi.



Şekil 2. Komşu birleştirme (NJ) ağacı.



Şekil 3. Temel bileşenler analizi (PCA).

Sonuç

Diğer çiftlik hayvanlarına göre at populasyonlarının daha serbest olması, yayılım alanlarının hızlı değişkenlik göstermesi, kontrolsüz hayvan hareketleri at ırklarımızın genetik olarak birbirleri ile karışmasına neden olmaktadır. Sosyo-ekonomik durum ve tarımda makineleşme de at ırklarımızı hem sayı hem de kalite açısından tehlikeye sokan bir diğer etkidir. Mevcut durum, çevresel ve sosyo-ekonomik baskılara karşı yerli at ırklarımızın korunabilmesi için bilinçli bir koruma programının gerekliliğini ortaya koymaktadır.

Kaynaklar: Glowatzki-Mullis et al. (2005). Animal Genetics 37, 33-39. Sambrook et al. (1989). Molecular Cloning.

Materyal ve Metot

Malakan (MLK) atı için Kars, Iğdır, Ağrı, Ardahan, Van; **Hınıs'ın Kolu Kısası (HKK)** atı için Erzurum; **Canik (CNK)** atı için Samsun; **Ayvacık Midillisi (AMD)** atı için Çanakkale ve **Çukurova (ÇKR)** atı için Adana ve Osmaniye illerinde toplam 11 saha çalışması gerçekleştirilmiştir. Kan örneklerinden DNA izolasyonu fenol:kloroform:isoamil alkol ekstraksiyonu ile gerçekleştirilmiştir (Sambrook et al., 1989). mtDNA D-loop bölgesinin 479 bp'lik kısmı ileri (5'-CCCAAGGACTATCAAGGAAG-3') ve geri (5'-GGAATGGCCCTGAAGAAAGA-3') primerler kullanılarak PCR ile çoğaltılmış ve dizi analizi gerçekleştirilmiştir. Mikrosatellit genotiplendirmesi 9 (I18, AHT4, LEX33, COR02, HMS5, HMS6, ASB2, HTG6, HMS3), 5 (ASB43, AHT33, HMS2, NEVHEQ79, CA425) ve 7 (ASB17, ASB23, TKY301, HMS7, HTG4, VHL20, COR58)'lik gruplardan oluşan çoklu PCR ile gerçekleştirilmiştir (Glowatzki-Mullis et al, 2005).

Populasyon 1	Populasyon 2	Mutasyon Sayısı	Sabitlenmiş Mutasyon Sayısı	1. Populasyonda Polimorfik 2. Populasyonda Monomorfik Mutasyon Sayısı	1. Populasyonda Monomorfik 2. Populasyonda Polimorfik Mutasyon Sayısı	Populasyonlar arasında Ortalama Nükleotid Farklılığı
CNK	HKK	49	0	4	7	8,169
CNK	AMD	51	0	11	9	8,571
CNK	ÇKR	51	0	5	9	8,100
CNK	MLK	53	0	7	11	8,050
HKK	AMD	53	0	13	8	9,034
HKK	ÇKR	50	0	4	5	8,648
HKK	MLK	54	0	8	9	8,624
AMD	ÇKR	53	0	7	13	8,981
AMD	MLK	53	0	7	13	9,150
ÇKR	MLK	54	0	9	9	8,684

Tablo 1: Karşılaştırmalı temel varyasyon analizi.