

GEN KAYNAKLARININ VE BİYOÇEŞİTLİLİĞİN KORUNMASI KAPSAMINDA YERLİ AT IRKLARININ GENETİK KARAKTERİZASYONU

Soner AKSU, Diğdem AKTOPRAKLIGİL, Evren KOBAN, Özgür ASLAN, Melis DENİZCİ, Koray BALCIOĞLU, Berrin ERDAĞ, Haydar BAĞIŞ, Sezen ARAT *

TÜBİTAK MAM Gen Mühendisliği ve Biyoteknoloji Enstitüsü,

**e-mail: sezen.arat@mam.gov.tr*

Özet:

Hayvan genetik kaynakları günümüz çevresel koşullarına bağlı olarak hızla azalarak yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmaktadır. Buna bağlı olarak sahip olduğumuz ve pek çok açıdan önem arz eden genetik çeşitlilik de azalmaktadır. Son yıllarda pek çok ülke hayvan genetik kaynaklarının korunmasına yönelik çalışmalara ağırlık vermektedir. Ülkemizde ise TÜRKHAYGEN-I projesi ile yerli evcil hayvan genetik kaynaklarının moleküler karakterizasyonu ve in vitro korunmasına yönelik çalışmalar başlatılmıştır. Projede yer alan Hınıs'ın Kolu Kısası, Canik, Çukurova, Malakan ve Ayvacık Midillisi at ırkları için 12 ilde 11 saha çalışması gerçekleştirilmiştir. Örneklenen at ırkları mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ve 21 otozomal mikrosatelit markör kullanılarak genetik olarak karakterize edilmiştir. mtDNA dizi analizi sonucunda 69 polimorfik bölge tespit edilmiş olup, 151 haplotip (Haplotip çeşitliliği, Hd: $0,9866 \pm 0,0017$, nükleotid çeşitliliği, Pi: $0,021 \pm 0,00036$, ve ortalama nükleotid farklılığı, k: 8,006) belirlenmiştir. Median-joining network analizi, tespit edilen haplotiplerin ırka özgü dağılım göstermeyen 61 haplogrup oluşturduğunu göstermiştir. Benzer olarak Kimura 2-parametre kullanılarak çizilen komşu birleştirme (NJ) ağaç çiziminde de ırka özgü dallanma belirlenememiştir. Mikrosatelit analizleri ise lokus başına popülasyonlarda tespit edilen alel ortalamasının 3.9 ile 10.4 arasında, tüm lokuslarda popülasyonlar için gözlenen ortalama alel sayılarının ise 4.3 ile 9,7 arasında değiştiğini göstermiştir. Hesaplanan F_{is} değerleri tüm popülasyonlar için Hardy-Weinberg dengesinden anlamlı bir sapma olmadığını göstermiş olup, dizi ve mikrosatelit verileriyle hesaplanan F_{st} değerleri ise ırklar arasında anlamlı bir genetik farklılaşmanın olmadığını ortaya koymuştur. Temel bileşenler analizi (Principal Component Analysis-PCA) de bu sonuçları doğrulamıştır. Diğer çiftlik hayvanlarına göre at popülasyonlarının 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.

TÜRKHAYGEN-I projesi TÜBİTAK KAMAG (106G005) tarafından desteklenmektedir.

Anahtar Kelimeler: Genetik karakterizasyon, genetik çeşitlilik, mtDNA, mikrosatelit, TÜRKHAYGEN-I