

## Türkiye’de rahvan koşan atlar arasındaki genetik çeşitlilik

Banu YÜCEER<sup>1</sup>, Metin ERDOĞAN<sup>2</sup>, Cevdet YARALI<sup>3</sup>, Bora ÖZARSLAN<sup>4</sup>, Ceyhan ÖZBEYAZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootekni Anabilim Dalı, Ankara; <sup>2</sup> Afyon Kocatepe Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Medikal Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı, Afyonkarahisar; <sup>3</sup> Etlik Veteriner Kontrol Merkez Araştırma Enstitüsü, Genetik Laboratuvarı, Ankara; <sup>4</sup> Kırıkkale Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootekni Anabilim Dalı, Kırıkkale.

**Özet:** Bu araştırma, Türkiye’de 7 farklı coğrafi bölgede yetiştirilen ve Rahvan koşularına katılan atların 17 mikrosatelit lokus bakımından genetik yapılarının belirlenmesi amacıyla yapılmıştır. Bunun için 4 yaş ve üzeri 353 rahvan atın kan/kıl örnekleri kullanılmıştır. Ayrıca, Rahvan koşularına katılan atlar ile Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Yüksek Komiserler Kurulu’na kayıtlı bulunan Arap (n=53) ve İngiliz (n=51) atları arasındaki genetik benzerlik veya farklılıklar da ortaya konulmuştur. Genetik analizler sonucunda, ortalama  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  değerleri sırasıyla 0.0982, 0.0999 ve 0.0019; bölgelere göre (İç Anadolu, Karadeniz, Ege, Marmara, Doğu Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Akdeniz Bölgesi) gözlenen heterozigotluk indeksi ( $H_o$ ) sırasıyla, 0.718, 0.688, 0.711, 0.719, 0.722, 0.700 ve 0.708 olarak belirlenmiştir. Rahvan, Arap ve İngiliz atı populasyonlarındaki ortalama allel sayıları sırasıyla, 10.65, 5.18 ve 5.00 olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar arasındaki farklılıkları ortaya çıkarmak amacıyla yapılan Faktöriyel Benzerlik Analizi’nde Rahvan, Arap ve İngiliz atlarının ayrı kümeler oluşturduğu görülmüştür. Aynı sonuçlar yapı (structure) analizinde de ortaya çıkmıştır. Sonuç olarak, Rahvan atlarının bölgelere göre önemli farklılıklar göstermediği ancak, Arap ve İngiliz atlarından ise oldukça farklı oldukları ortaya konmuştur.

Anahtar sözcükler: At, genetik çeşitlilik, mikrosatelit, rahvan, Türkiye.

### Genetic diversity between rahvan (pacing) horses in Turkey

**Summary:** This study was conducted to determine the genetic structures of Rahvan (pacing) horses from 7 different geographical region in Turkey. For this purpose, 17 microsatellite loci were used. Blood or hair root samples were collected from 353 Rahvan horses aging 4 years or older. Also, genetic similarities or differences were investigated between Rahvan, Arabian (n=53) and Thoroughbred (n=51) horses. As a result of genetic analysis,  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  and  $F_{ST}$  values of Rahvan horses were calculated as 0.0982, 0.0999 and 0.0019, respectively. According to region (The Central Anatolia, Black Sea, Aegean, Marmara, Eastern Anatolia, Southeastern Anatolia and Mediterranean Region), observed heterozygosities ( $H_o$ ) were estimated as 0.718, 0.688, 0.711, 0.719, 0.722, 0.700 and 0.708, respectively. Numbers of alleles of Rahvan, Arabian and Thoroughbred horses were 10.65, 5.18, and 5.00, respectively. Factorial Correspondences Analysis was performed to reveal differences among populations. Rahvan, Arabian and Thoroughbred horses were all clustered as separate groups. Also, structure analysis were given the same results. The results showed that Rahvan horses were similar in all regions in terms of microsatellite loci, but quite different from Arabian and Thoroughbred horses.

Key words: Genetic diversity, horse, microsatellite, rahvan, Turkey.

### Giriş

Türkler eski zamanlardan beri atlı sporlara büyük önem vermişlerdir. İngiltere’de ilk at yarışı 1603’de I. Jan zamanında, Fransa’da 1776’da ‘Fontainebleau’ de yapılmıştır. Türkler’de yarışların tarihi çok daha eskidir. Osmanlı Türklerinde yarışlara ait ilk kayıtlara Orhan Gazi zamanında 1326 yılında rastlanmaktadır. Belirli günlerde at yarışları düzenlemek, Türklerin en eski adetlerinden birisidir. Atların ve binicilerin savaşta daha çevik olmaları için de atlara ve atlı sporlara büyük önem verilmiştir (6). Bunlardan birisi de rahvan atları ve yarışlarıdır.

Rahvan atçılık dünyaya Türklerden yayılmasına karşın, bugün dünyada Amerika Birleşik Devletleri, İngiltere, Fransa, Almanya, İspanya, İtalya, İzlanda,

Japonya, Brezilya, Özbekistan, Türkmenistan gibi ülkelerde Rahvan yarışları daha gelişmiş durumdadır. Amerika Birleşik Devletleri’nde Tennessee Walking, Saddle Bred, Standardbred, American Walking Horse gibi rahvan yürüten farklı sentetik at ırkları özel bir öneme sahip bulunmaktadır (18).

Yaşadıkları coğrafyada kültürel mirasın bir parçası olan bu hayvanların moleküler genetik markerlere dayalı genetik özelliklerinin belirlenmesi oldukça önemlidir. Üzerinde çalışılan populasyonlarda belirtilen özelliklerin ve daha etkin koruma stratejilerinin tespit edilmesinde moleküler genetik veriler temelinde yararlanılabilecek etkili yöntemler arasında mikrosatelit markerler öncelikli olarak yer almaktadır (9).

Çeşitli ülkeler (örneğin; Norveç, İtalya) at ırklarının genetik yapısını incelemek ve diğer at ırklarıyla aralarındaki genetik farklılıkları ortaya çıkarabilmek için farklı yöntemler kullanmakta olup, halen bu çalışmalara devam etmektedirler. Moleküler markerlerin (mikrosatelitler gibi) genetik yapıyı ortaya çıkarmada daha güvenilir olduğu ispatlanmıştır. Bu konuda çok sayıda araştırma yapılmakta ve daha fazla çalışmaya ihtiyaç duyulduğu bildirilmektedir (4, 8, 10, 11, 27).

Moleküler teknikler çeşitli hayvan grupları ve farklı ırklar arasındaki filogenetik ilişkileri analiz etmede yaygın olarak kullanılmaktadır. Mikrosatelit markerlerin gücü ve yararlılığı atlar üzerinde yapılan birçok genetik çalışmada bildirilmiştir (1, 2, 15, 32). Genetik yapının korunması ve popülasyonların devamlılığının sağlanması için (2), at popülasyonlarındaki genetik ilişkileri, ırk içindeki ve ırklar arasındaki varyasyonu araştırmak amacıyla da mikrosatelitler kullanılmaktadır (22). Mikrosatelit DNA markerleri kullanılarak Alman çekim atlarındaki genetik farklılıklar tespit edilmiştir (1). Mikrosatelitlerden aynı zamanda pedigrı bilgilerinin doğruluğunu tespit etmekte de yararlanılmaktadır (11, 20, 21).

Türkiye’de farklı haralarda ve halk elinde yetiştirilen Arap atlarındaki genetik farklılıkların araştırıldığı bir çalışmada (13),  $F_{IT}$  (0.019) ve  $F_{ST}$  (0.034) değerleri pozitif,  $F_{IS}$  değeri ise negatif (-0.015), ortalama gen akışı 7.10 olarak tahmin edilmiştir. Hindistan at ırkları ile İngiliz atlarının genetik yapılarının karşılaştırıldığı bir çalışmada (17), ortalama allel sayısının Marwari at ırkında en yüksek (10.06) olduğu bunu Bhutia (8.70), Zanskari (8.52), Manipuri (8.42), Kathiawari (7.90), İngiliz (6.27) ve Spiti (5.52) atlarının izlediği bildirilmiştir. Ortalama  $F_{IS}$  değeri 0.003 - 0.132,  $F_{ST}$  değeri ise 0.0512 - 0.2724 arasında değişmiş olup  $F_{IT}$  değeri 15.98 olarak tespit edilmiştir. Yapılan kümeleme analizi sonucunda da İngiliz atlarının Hindistan atlarından tamamen ayrıldığı belirlenmiştir. Quarter atlarında genomik farklılıkların incelendiği bir çalışmada (24),  $F_{IS}$  değeri 0.0028, ortalama heterozigotluk 0.3468,  $F_{ST}$  0.0342 olarak bildirilmiştir. Mikrosatelit markerler kullanılarak atlarda genetik varyasyonların araştırıldığı bir çalışmada (23), Arap, İngiliz ve yerli Mısırat ırkları için beklenen heterozigotluk ( $H_e$ ) değeri sırasıyla, 0.754, 0.829 ve 0.807 olarak tespit edilmiştir. Yerli at ırkında etkili allel sayısı 5.70, Arap atında 3.82, İngiliz atında ise 4.85 olarak hesaplanmıştır. Zanskari ponilerinde mikrosatelit markerler kullanılarak genetik çeşitliliğin incelendiği bir çalışmada (16), ortalama allel sayısı 8.52, gözlenen heterozigotluk ( $H_o$ ) 0.68,  $F_{IS}$  değeri 0.115 olarak belirlenmiştir. İtalyan Lipizzan atlarının popülasyon yapısı ve kan yakınlığı üzerine yapılan bir çalışmada (5),  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$ ,  $H_o$ ,  $H_e$ , allel frekansı ve lokus başına etkili allel sayısı sırasıyla, -0.133, -0.067, 0.058, 0.660, 0.628, 0.485 ve 2.921 olarak hesaplanmıştır.

Rahvan yürüyüş doğuştan gelen bir özelliktir. Bu nedenle, rahvan atlarında rahvan yürüyüş yeteneklerinin genetik bir temelinin olması kuvvetle muhtemeldir. Genotipinde rahvan yürüyüşü kontrol eden genler yok ise rahvan yürüyüşün öğretilmesi kolay değildir veya düşük bir olasılıktır. Bazı ırklarda doğuştan rahvan yürüyüşü çok daha sık rastlanır (6, 18). Türkiye’de morfolojik yapıları birbirinden çok farklı rahvan koşan atlar bulunmaktadır. Bu atların genotipik yapıları hakkında yeterli bilgi yoktur. Dolayısıyla bu atların genetik yapılarının ortaya konması ileride yapılabilecek düzenlemeler ve bu ırkların tescili için büyük önem taşımaktadır.

Bu çalışmada, Türkiye’de 7 farklı bölgede yetiştirilen ve rahvan atı olarak tanınan atlarda 17 mikrosatelit lokus bakımından genetik yapılarının ve bölgeler arasındaki benzerliklerin / farklılıkların belirlenmesi amaçlanmıştır.

### Materyal ve Metot

Bu araştırma Ankara Üniversitesi Hayvan Deneyleleri Yerel Etik Kurulu’nun 27/08/2010 tarih ve 2010-96-337 sayılı etik kurul kararı kapsamında yürütülmüştür. Araştırmanın hayvan materyalini, Türkiye’de 7 farklı coğrafi bölgede halk elinde yetiştirilen, 4 yaş ve üzeri toplam 353 baş rahvan atı ile Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Yüksek Komiserler Kurulu’nda kayıtlı bulunan 53 baş Arap ve 51 baş İngiliz atı oluşturmuştur. 353 baş rahvan atının bölgeler bazında dağılımı; İç Anadolu (n=50), Karadeniz (n=51), Ege (n=50), Marmara (n=50), Doğu Anadolu (n=52), Güneydoğu Anadolu (n=50) ve Akdeniz (n=50) bölgeleri şeklindedir. Rahvan at örnekleri, rahvan koşuların düzenlendiği ve rahvan atların bulunduğu yerlere gidilerek, rahvan koşan atlardan alınmıştır. Arap ve İngiliz atlarına ait örnekler ise Yüksek Komiserler Kurulu’nda kayıtlı bulunan listeden rastgele örneklerle seçilmiştir.

Araştırmanın hayvan materyalini oluşturan rahvan atlarından genetik analizlerin yapılabilmesi için kan/kıl örnekleri alınmıştır. Toplanan kıl örneklerinden DNA izolasyonu yapmak için bu örneklerin kök kısımlarının bulunduğu taraf 0.5 cm kesilmiş ve 4-6 adet kıl örneği Proteinaz-K ile bir gece 56°C de inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyonu takiben bu örneklerden ve kan örneklerinden 200 µl alınmış ve Qiagen BioRobot M48 cihazı kullanılarak MagAttract DNA Blood Mini M48 Kit protokolüne göre DNA izolasyonu yapılmıştır (3).

DNA izolasyonunu takiben ilgili örnekler ABI StockMarks 17-plex Equine Genotyping Kitleri ile “Applied Biosystems GeneAmp PCR System 9700” thermalcycler kullanılarak PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) işlemine tabi tutulmuş ve ilgili kit protokolüne göre PZR işlemi yapılmıştır. Bunu takiben formamid ve 500LIZ Size Standart ilave edilmiş ve denatürasyonları yapılmıştır.

Denatüre edilen DNA örnekleri “Applied Biosystems ABI 3130” Genetik Analyzer ile VHL20, HTG04, AHT04, HMS07, HTG06, AHT05, HMS06, ASB23, ASB02, HTG10, HTG07, HMS03, HMS02, ASB17, LEX3, HMS01 ve CA425 olmak üzere 17 lokus bakımından analiz edilmiştir. Bu lokusların çoğu ISAG (19) tarafından da önerilmektedir. Tüm laboratuvar işlemleri Etlik Veteriner Kontrol Merkez Araştırma Enstitüsü’nde yapılmıştır.

Gen frekansları, tespit edilen genotiplerden gen sayma yöntemi kullanılarak hesaplanmıştır. Gen frekansları kullanılarak Rahvan atları ile Arap ve İngiliz atları için heterozigotluk seviyeleri belirlenmiştir (26). Çalışılan lokusların etkinliğinin belirlenmesinde yaygın olarak kullanılan etkili allel sayısı ( $N_e$ : effective number of allele) ve PIC değeri (PIC: Polymorphism Information Content) hesaplanmıştır. Etkili allel sayısı POPGENE Paket Programı kullanılarak hesaplanmıştır (33). Rahvan atları ile Arap ve İngiliz atları arasındaki genetik benzerlik yada farklılıkların tahmin edilmesinde  $F$ -istatistikleri (30, 31) ve genetik uzaklık ( $D_a$ ) (24) değerlerinden yararlanılmıştır.  $F_{ST}$  ve  $D_a$  istatistikleri kullanılarak kümeleme (UPGMA ve NJ) analizi yapılmıştır (7, 25, 26). Kümeleme analizi sayesinde, Rahvan popülasyonu ile Arap ve İngiliz atları arasındaki filogenetik ilişkiler ortaya konulmuştur. Bu istatistiklere ilave olarak Genetik Yapı Analizi (Structure) de yapılmıştır (28). Yapı analizinde; değişken  $K$  değeriyle, üç genotip ve yedi bölge arasındaki genetik farklılaşmanın düzeyinden yararlanılmıştır. Eldeki veri setine en uygun  $K$  değeri, Evanno ve ark., (14)’na göre hesaplanmıştır.

## Bulgular

Bu çalışma ile 17 mikrosatelit lokus bakımından Türkiye’nin 7 farklı coğrafi bölgesindeki rahvan atlarında bölgeler ve genotiplere (Rahvan, Arap, İngiliz) göre genetik yapıları ve aralarındaki genetik farklılıklar ortaya konmuştur.

*Allel Sayısı ( $N_a$ ):* Bölgelere göre allel sayısı 4-18, ortalama allel sayısı 8.24-8.71; genotiplere göre ise 3-19 ve 5.00-10.65 arasında değişmektedir (Tablo 1).

*Gözlenen ( $H_o$ ) ve Beklenen ( $H_e$ ) Heterozigotluk Değerleri:*  $H_o$  ve  $H_e$  indeksleri ile ortalama heterozigotluk değerleri ve standart hataları bölgelere göre Tablo 2’de; genotiplere göre ise Tablo 3’de verilmiştir.

Bölgelere göre Rahvan atlarında ortalama heterozigotluk değerleri 0.688-0.722 arasında değişmektedir. En düşük değer Karadeniz bölgesindeki, en yüksek ise Doğu Anadolu bölgesindeki atlara aittir. Genotiplere göre gözlenen heterozigotluk ( $H_o$ ) değerinin en düşük (0.643) İngiliz, en yüksek (0.709) ise Rahvan popülasyonunda olduğu belirlenmiştir.

*F-İstatistikleri (Wright):* Her bir bölgedeki at popülasyonunun kendi içerisindeki homozigotlaşma indeksi ( $F_{IS}$ ) ortalama 0.0982; tüm rahvan atları bir popülasyon kabul edildiğinde toplam homozigotlaşma indeksi ( $F_{IT}$ ) ortalama 0.0999, bölgeler arasındaki genetik farklılık ( $F_{ST}$ ) ise 0.0019 olarak hesaplanmıştır (Tablo 4).

Tablo 5’de genotiplerin birlikte değerlendirildiği  $F$ -istatistikleri yer almaktadır. Analiz edilen popülasyonların akrabalı yetiştirme katsayısı olan ve her bir popülasyon için ortaya çıkan ortalama heterozigot eksikliğinin göstergesi olan  $F_{IS}$  değeri 0.830 olarak bulunmuştur. Alt

Tablo 1. Bölgelere ve genotiplere göre allel sayıları.

Table 1. Number of alleles according to regions and genotypes.

Lokus	İç Anadolu	Karadeniz	Ege	Marmara	Doğu Anadolu	Güneydoğu Anadolu	Akdeniz	Rahvan	Arap	İngiliz
VHL20	10	9	10	9	8	10	10	10	5	4
HTG4	7	7	6	6	6	6	6	8	5	4
AHT4	10	10	10	9	10	9	8	12	6	4
HMS7	8	7	7	8	7	7	7	8	4	5
HTG6	8	7	7	7	9	7	7	10	3	6
AHT5	8	7	7	9	9	8	8	10	5	4
HMS6	6	7	6	6	6	7	5	7	5	4
ASB23	10	11	11	11	9	10	8	14	6	6
ASB2	10	8	10	10	10	13	12	15	8	8
HTG10	9	11	10	10	10	7	10	11	5	6
HTG7	4	4	4	5	5	3	5	6	2	3
HMS3	9	8	8	8	7	7	8	9	6	6
HMS2	9	9	10	9	9	9	10	10	7	5
ASB17	15	16	18	15	15	13	13	19	6	5
LEX3	9	12	9	9	10	9	10	13	6	6
HMS1	7	7	7	8	7	8	6	8	4	3
CA425	7	8	8	9	10	7	9	11	5	6
Ortalama	8.59	8.71	8.71	8.71	8.65	8.24	8.35	10.65	5.18	5.00

Tablo 2. Bölgelere göre her bir lokustaki heterozigotluk indeksleri ( $H_e$  ve  $H_o$ ) ile ortalama heterozigotluk değerleri ( $\bar{h}_e$  ve  $\bar{h}_o$ ) ( $\bar{h}_s \pm S_h$ ).  
 Table 2. Heterozygosity indexes ( $H_e$  ve  $H_o$ ) in each locus and mean heterozygosity values ( $\bar{h}_e$  ve  $\bar{h}_o$ ) ( $\bar{h}_s \pm S_h$ ) for pacing horses according to regions.

Lokus	İç Anadolu		Karadeniz		Ege		Marmara		Doğu Anadolu		Güneydoğu Anadolu		Akdeniz	
	n=50		n=51		n=50		n=50		n=52		n=50		n=50	
	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$
VHL20	0.860	0.780	0.866	0.784	0.866	0.900	0.874	0.820	0.834	0.808	0.839	0.820	0.880	0.860
HTG4	0.659	0.640	0.661	0.608	0.677	0.660	0.698	0.680	0.716	0.673	0.581	0.560	0.700	0.780
AHT4	0.826	0.800	0.795	0.765	0.804	0.780	0.787	0.840	0.834	0.769	0.823	0.860	0.790	0.820
HMS7	0.819	0.880	0.771	0.628	0.780	0.760	0.818	0.820	0.804	0.750	0.783	0.740	0.786	0.820
HTG6	0.704	0.760	0.718	0.765	0.707	0.680	0.735	0.760	0.734	0.750	0.625	0.640	0.666	0.720
AHT5	0.806	0.820	0.799	0.804	0.798	0.820	0.793	0.880	0.810	0.827	0.802	0.700	0.807	0.800
HMS6	0.747	0.860	0.762	0.765	0.756	0.700	0.749	0.760	0.752	0.750	0.754	0.700	0.755	0.800
ASB23	0.833	0.800	0.837	0.784	0.838	0.840	0.808	0.720	0.827	0.865	0.825	0.740	0.799	0.760
ASB2	0.807	0.700	0.800	0.706	0.849	0.880	0.837	0.780	0.830	0.692	0.819	0.880	0.837	0.800
HTG10	0.855	0.860	0.841	0.902	0.812	0.740	0.832	0.780	0.838	0.846	0.809	0.820	0.817	0.760
HTG7	0.582	0.500	0.615	0.490	0.547	0.500	0.647	0.720	0.592	0.519	0.559	0.460	0.618	0.600
HMS3	0.815	0.640	0.826	0.667	0.844	0.700	0.828	0.660	0.821	0.750	0.829	0.740	0.799	0.600
HMS2	0.848	0.760	0.816	0.804	0.838	0.900	0.829	0.840	0.849	0.769	0.842	0.840	0.827	0.780
ASB17	0.882	0.840	0.844	0.784	0.863	0.800	0.845	0.800	0.824	0.808	0.828	0.880	0.858	0.840
LEX3	0.850	0.000	0.836	0.020	0.847	0.020	0.834	0.020	0.833	0.019	0.851	0.220	0.869	0.020
HMS1	0.696	0.700	0.706	0.706	0.716	0.720	0.721	0.760	0.725	0.808	0.711	0.700	0.600	0.520
CA425	0.752	0.860	0.700	0.706	0.672	0.680	0.687	0.580	0.709	0.846	0.679	0.600	0.713	0.760
$\bar{h}_s \pm S_h$	0.786±0.020		0.778±0.017		0.778±0.021		0.785±0.016		0.784±0.017		0.762±0.023		0.774±0.021	
$\bar{h}_s \pm S_h$	0.718±0.051		0.688±0.047		0.711±0.050		0.719±0.047		0.722±0.048		0.700±0.041		0.708±0.049	

Tablo 3. Rahvan, Arap ve İngiliz atı populasyonlarındaki heterozigotluk indeksleri ( $H_e$  ve  $H_o$ ) ve ortalama heterozigotluk değerleri ( $\bar{h}_e$  ve  $\bar{h}_o$ )

Table 3. Heterozygosity indexes ( $H_e$  ve  $H_o$ ) in each locus and mean heterozygosity values ( $\bar{h}_e$  ve  $\bar{h}_o$ ) for Pacing (Rahvan), Arabian and Thoroughbred horse populations.

Lokus	Rahvan n=353		Arap n=53		İngiliz n=51	
	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$	$H_e$	$H_o$
VHL20	0.868	0.822	0.731	0.679	0.742	0.843
HTG4	0.678	0.657	0.691	0.698	0.507	0.510
AHT4	0.822	0.805	0.735	0.774	0.701	0.706
HMS7	0.799	0.771	0.726	0.755	0.769	0.765
HTG6	0.712	0.725	0.483	0.509	0.579	0.608
AHT5	0.808	0.807	0.711	0.774	0.652	0.686
HMS6	0.759	0.762	0.668	0.679	0.651	0.647
ASB23	0.833	0.788	0.728	0.717	0.767	0.784
ASB2	0.833	0.776	0.758	0.830	0.832	0.824
HTG10	0.837	0.816	0.748	0.774	0.802	0.804
HTG7	0.598	0.541	0.306	0.340	0.628	0.412
HMS3	0.830	0.680	0.787	0.717	0.688	0.784
HMS2	0.844	0.813	0.598	0.585	0.370	0.412
ASB17	0.857	0.822	0.653	0.717	0.757	0.765
LEX3	0.866	0.045	0.756	0.491	0.759	0.451
HMS1	0.704	0.703	0.598	0.717	0.657	0.647
CA425	0.711	0.720	0.746	0.811	0.329	0.275
$\bar{h}_s \pm S_h$	0.786±0.019		0.672±0.029		0.658±0.035	
$\bar{h}_s \pm S_h$	0.709±0.045		0.680±0.031		0.643±0.042	

Tablo 4. Farklı bölgelerde yetiştirilen rahvan atlarının  $F$ -istatistik değerleri.  
Table 4.  $F$ -statistic values for pacing horses raised on different regions.

Lokus	$F_{IS}=f$	$F_{IT}=F$	$F_{ST}=\theta$
VHL20	0.1008	0.1026	0.0020
HTG4	0.1015	0.1031	0.0018
AHT4	0.1032	0.1045	0.0014
HMS7	0.1015	0.1035	0.0022
HTG6	0.1048	0.1060	0.0013
AHT5	0.1039	0.1057	0.0021
HMS6	0.1038	0.1057	0.0021
ASB23	0.1007	0.1024	0.0019
ASB2	0.0997	0.1015	0.0020
HTG10	0.1026	0.1044	0.0020
HTG7	0.0977	0.0996	0.0021
HMS3	0.0921	0.0940	0.0021
HMS2	0.1019	0.1036	0.0019
ASB17	0.1016	0.1034	0.0019
LEX3	0.0392	0.0406	0.0015
HMS1	0.1032	0.1048	0.0018
CA425	0.1042	0.1057	0.0017
Ortalama	0.0982 (0.0598)	0.0999 (0.0599)	0.0019 (0.0010)

$f$ : Populasyon içindeki saf yetiştirme tahmini,  $F$ : Toplam saf yetiştirme tahmini,  $\theta$ : Populasyon farklılaşma ölçüsü (Standart sapmalar parantez içinde verilmiştir).

$f$ : Pure breeding estimation in the population,  $F$ : Total pure breeding estimation,  $\theta$ : Population differentiation measure (Standard errors are given in parenthesis).

Tablo 5. Rahvan, Arap ve İngiliz atı populasyonlarındaki  $F$ -istatistik değerleri.  
Table 5.  $F$ -statistic values for Pacing (Rahvan), Arabian and Thoroughbred horse populations.

Lokus	$F_{IS}=f$	$F_{IT}=F$	$F_{ST}=\theta$
VHL20	0.0856	0.1484	0.0686
HTG4	0.0857	0.1475	0.0676
AHT4	0.0872	0.1525	0.0715
HMS7	0.0862	0.1506	0.0704
HTG6	0.0883	0.1482	0.0657
AHT5	0.0886	0.1514	0.0689
HMS6	0.0877	0.1502	0.0685
ASB23	0.0851	0.1494	0.0703
ASB2	0.0850	0.1514	0.0725
HTG10	0.0869	0.1514	0.0707
HTG7	0.0811	0.1447	0.0692
HMS3	0.0786	0.1421	0.0690
HMS2	0.0859	0.1418	0.0612
ASB17	0.0865	0.1497	0.0692
LEX3	0.0302	0.0979	0.0698
HMS1	0.0880	0.1518	0.0699
CA425	0.0877	0.1509	0.0693
Ortalama	0.0830 (0.0534)	0.1462 (0.0496)	0.0690 (0.0098)

$f$ : Populasyon içindeki saf yetiştirme tahmini,  $F$ : Toplam saf yetiştirme tahmini,  $\theta$ : Populasyon farklılaşma ölçüsü (Standart sapmalar parantez içinde verilmiştir).

$f$ : Pure breeding estimation in the population,  $F$ : Total pure breeding estimation,  $\theta$ : Population differentiation measure (Standard errors are given in parenthesis).

Tablo 6. Farklı Bölgelerde Yetiştirilen Rahvan Atları Arasındaki  $F_{ST}$  İstatistiği (dik üçgen).  
Table 6.  $F_{ST}$  statistic values (right triangle) among pacing horses breeding in different region.

	İç Anadolu	Karadeniz	Ege	Marmara	Doğu Anadolu	Güneydoğu Anadolu	Akdeniz
İç Anadolu							
Karadeniz	-0.0013						
Ege	-0.0009	-0.0007					
Marmara	0.0039	0.0038	-0.0001				
Doğu Anadolu	0.0004	0.0029	0.0018	0.0021			
Güneydoğu Anadolu	0.0022	0.0078	0.0025	0.0038	0.0055		
Akdeniz	-0.0025	0.0019	-0.0020	0.0015	0.0037	0.0027	

Tablo 7. Nei (24)'ye göre farklı bölgelerde yetiştirilen rahvan atları arasındaki genetik uzaklık matrisi.  
Table 7. Genetic distance matrix between regions at pacing horses according to Nei (24).

	İç Anadolu	Karadeniz	Ege	Marmara	Doğu Anadolu	Güneydoğu Anadolu	Akdeniz
İç Anadolu	*****						
Karadeniz	0.035	*****					
Ege	0.037	0.037	*****				
Marmara	0.056	0.054	0.040	*****			
Doğu Anadolu	0.042	0.050	0.046	0.048	*****		
Güneydoğu Anadolu	0.045	0.065	0.046	0.051	0.056	*****	
Akdeniz	0.030	0.045	0.032	0.045	0.052	0.046	*****

populasyonlardaki akrabalı yetiştirme katsayısını gösteren ve tüm populasyondaki heterozigotların ortalama eksikliğini gösteren  $F_{IT}$  değeri 0.146 olarak tahmin edilmiştir. Genotipler arasındaki genetik farklılaşmanın göstergesi olan  $F_{ST}$  değeri ise 0.0690 hesaplanmıştır (Tablo 5).

Farklı bölgelerde yetiştirilen rahvan atları arasındaki  $F_{ST}$  tahminleri Tablo 6'da görülmektedir. Tablo 6'dan en yüksek farklılığın Karadeniz ve Güneydoğu Anadolu bölgeleri (0.0078), en küçük farklılığın ise Ege ve Marmara bölgeleri arasında (-0.0001) olduğu anlaşılmaktadır.

*Genetik Uzaklık (D) ve Kümeleme Analizleri* (Genetik Uzaklıklar (D) ve Dendogramları): Bölgelere göre en düşük genetik uzaklık [Nei (25)] değeri İç Anadolu ve Akdeniz bölgesindeki Rahvan atı populasyonları arasında (0.030) bulunmuştur. Genetik olarak birbirine en uzak Karadeniz ve Güneydoğu Anadolu bölgesi rahvan atı populasyonlarıdır ve genetik uzaklık değeri 0.065 olarak tahmin edilmiştir (Tablo 7).

Tablo 8. Rahvan, Arap ve İngiliz atı populasyonları arasındaki genetik uzaklık matrisi.

Table 8. Genetic distance matrix between Pacing, Arabian and Thoroughbred horse populations.

	Rahvan	Arap	İngiliz
Rahvan	***		
Arap	0.154	***	
İngiliz	0.236	0.434	***

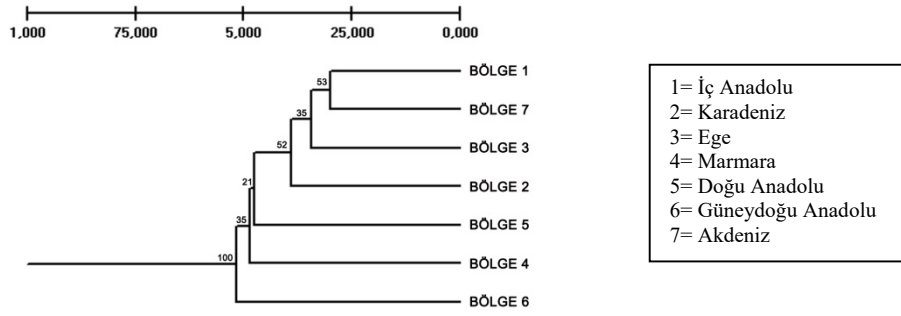
Genotiplere göre en düşük genetik uzaklık değeri Rahvan ve Arap atı populasyonları arasında (0.154), en uzak ise İngiliz ve Arap atları arasında (0.434) bulunmuştur (Tablo 8). Genetik uzaklık değerlerine ilişkin matriksten yararlanılarak çizilen UPGMA dendogramı Bölgelere göre Şekil 1'de, Genotiplere göre Şekil 2'de verilmiştir.

*Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA)*: Bölgelere göre yapılan FCA analizinde (Şekil 3), üç farklı grubun oluştuğu söylenebilir. Birinci grubu Güneydoğu Anadolu bölgesindeki Rahvan atları, 2. grubun ise tüm bölge atları tarafından oluşturulduğu ve 3. grubun ise çoğunlukla Karadeniz bölgesindeki atlar tarafından oluşturulduğu görülmektedir.

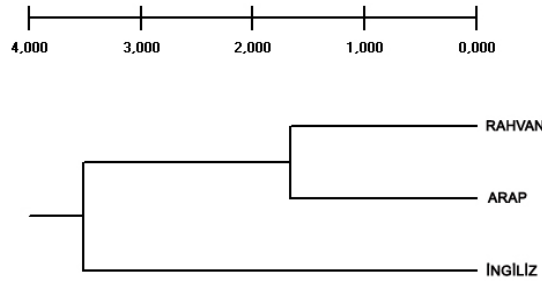
Genotiplere göre elde edilen FCA sonucu 3 (üç) farklı grup dikkati çekmektedir (Şekil 4). Rahvan atlarını ayrı bir küme, Arapların ayrı ve İngiliz atlarının da ayrı bir küme olduğu görülmektedir.

*Structure Analizi (Genetik Yapı Analizi)*: Bölgelere göre yapılan genetik yapı analizinde (Şekil 5),  $K=2$ 'den  $K=7$ 'ye kadar kümeleme yapıldığında rahvan atlarını oluşturan bireylerin farklı gruplar oluşturamadığı görülmektedir.

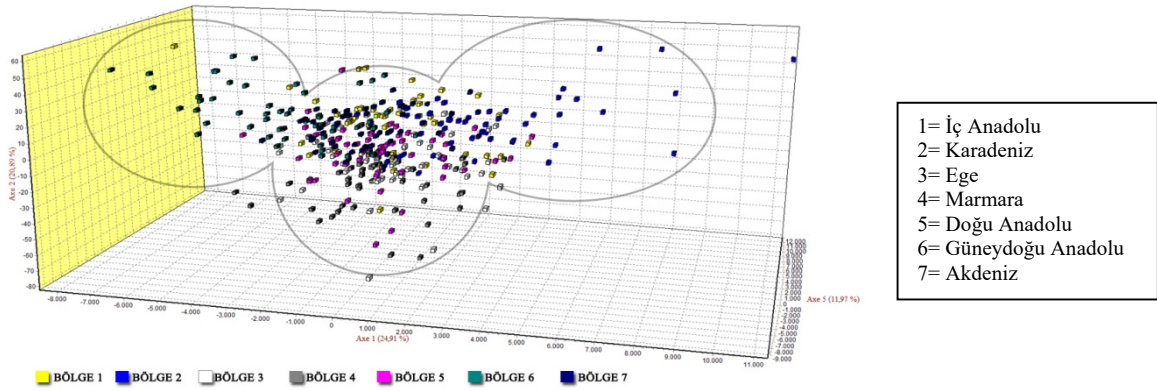
Genotiplere göre yapılan genetik yapı analizinde (Şekil 6), Rahvan, Arap ve İngiliz atlarının ait oldukları populasyonlara göre tanımlandığı ve genotiplerin kökenlerine uygun bir şekilde sınıflandırıldığı tespit edilmiştir ( $K=4$ ).



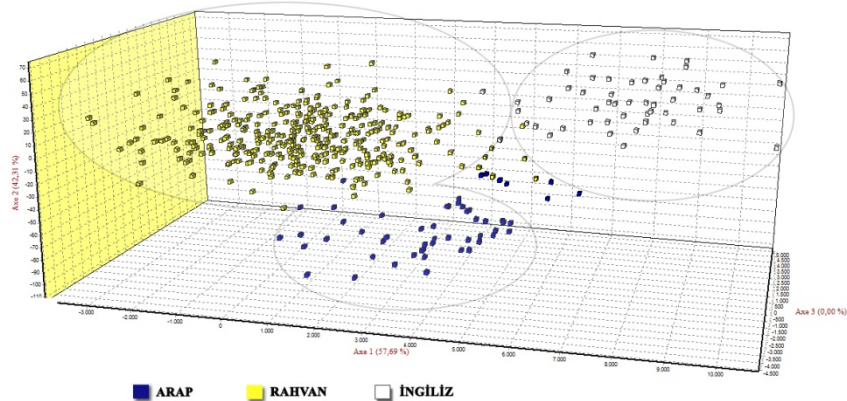
Şekil 1. Bölgelere göre Rahvan atları arasındaki genetik ilişkileri gösteren UPGMA dendrogramı.  
Figure 1. UPGMA dendrogram showing genetic relationships among pacing horses according to regions.



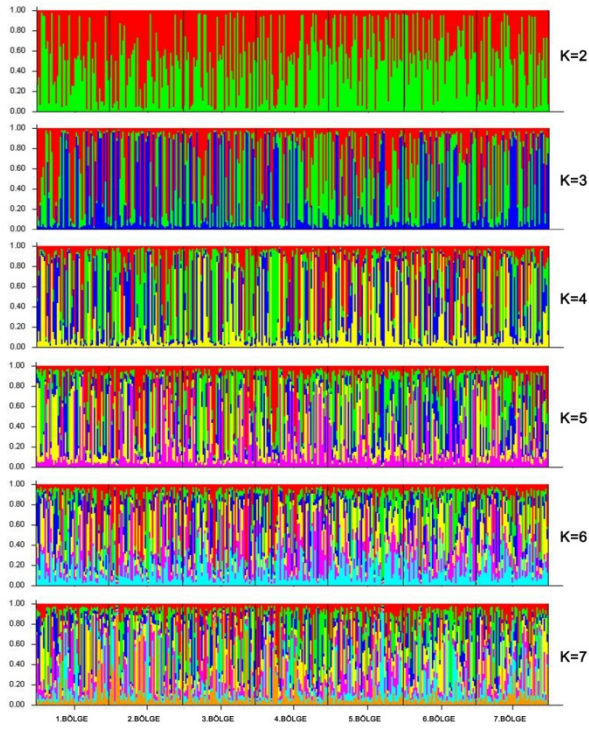
Şekil 2. Rahvan, Arap ve İngiliz atları arasındaki genetik ilişkileri gösteren UPGMA dendrogramı.  
Figure 2. UPGMA dendrogram showing genetic relationships among Pacing, Arabian and Thoroughbred horses.



Şekil 3. Rahvan atlarında bölgelere göre Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA).  
Figure 3. Factorial Corresponding Analysis (FCA) on pacing horses according to regions.

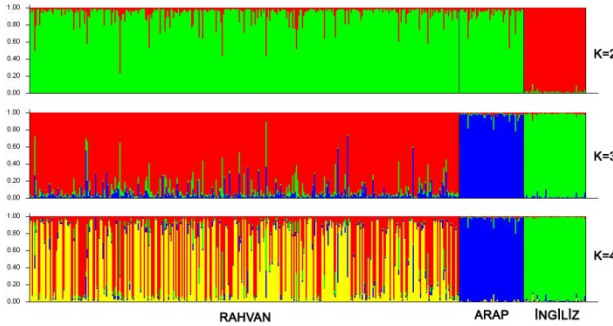


Şekil 4. Genotiplere göre Faktöriyel Benzerlik Analizi (FCA).  
Figure 4. Factorial Corresponding Analysis (FCA) according to genotypes.



Şekil 5. Rahvan atlarında bölgelere göre structure analizi (K=2-7).

Figure 5. Structure analysis according to regions on pacing horses (K=2-7).



Şekil 6. Genotiplere göre structure analizi (K=2-4).

Figure 6. Structure analysis according to genotypes (K=2-4).

### Tartışma ve Sonuç

Bu araştırma ile Türkiye’de farklı coğrafi bölgelerde yetiştirilen Rahvan atlar arasındaki genetik çeşitlilik belirlenerek Rahvan atları, Arap ve İngiliz atları ile karşılaştırılmıştır.

Çalışmada kullanılan mikrosatelit lokuslar bakımından, İngiliz ve Arap atı popülasyonunda allel sayısı 2 (HTG7) ile 8 (ASB2) arasında değişirken, Rahvan atı popülasyonunda 6 (HTG7) ile 19 (ASB17) arasında değişmektedir. Ortalama allel sayısı Arap ve İngiliz atlarında yaklaşık 5 iken Rahvan atlarında 10.65 olarak bulunmuştur. Bu çalışmada rahvan atlarından elde edilen ortalama allel sayısı, yerli Mısır atlarından (23), Zanskari ponilerinden (16), Hindistan at ırklarından (17), Arap (23) ve İngiliz (17, 23) atlarından da yüksek bulunmuştur.

Rahvan atlarında allel çeşitliliğinin bu çalışmadaki Arap ve İngiliz atlarına göre çok fazla olması ve ortalama allel sayılarının yerli Mısır atlarından, Zanskari ponilerinden, Hindistan at ırkları ile Arap ve İngiliz atlarından yüksek bulunması, rahvan koşan atlardaki bu çeşitliliğin önemli bir genetik kaynak olduğunu ve rahvan atlarında varyasyonun yüksek olduğunu göstermektedir. Bu durum, rahvan atlarında şu ana kadar seleksiyon veya ıslah çalışmalarının yapılmadığını da akla getirmektedir. Allel sayıları polimorfizm hakkında tamamlayıcı veya katkı verici bilgiler sağlamak için hesaplanmaktadır. Dolayısıyla, Rahvan atlarında polimorfizmin oldukça yüksek olduğu söylenebilir.

Rahvan atlarındaki ortalama heterozigotluk değerleri bu çalışmadaki Arap ve İngiliz atları ile Quarter atlarından (24) daha yüksek bulunmuştur. Diğer taraftan rahvan atlarının bölgelere göre incelenmesinde ortalama heterozigotluk değerinin en düşük Karadeniz bölgesindeki, en yüksek ise Doğu Anadolu bölgesindeki at popülasyonunda olduğu belirlenmiştir. Heterozigotluğun Karadeniz bölgesindeki at popülasyonunda diğer popülasyonlara göre daha düşük olması bu bölgedeki atların akraba olabileceğini veya diğer popülasyonlara göre daha kapalı yetiştirildiklerini düşündürmektedir. Bununla birlikte bölgeler arasında gözlenen heterozigotluk değerleri (0.688-0.722) birbirlerine oldukça yakın değerlerdir. Bu çalışmada hesaplanan ortalama  $H_e$  değerleri, Türkiye’deki bazı yerli at ırkları üzerinde yapılan bir çalışmada bildirilen (12) değerlerle Arap, İngiliz ve yerli Mısır atları (23) ile Zanskari ponileri (16) ve İtalyan Lipizzan atları (5) için bildirilen değerlere benzerlik göstermiştir.

Genotiplere göre hesaplanan  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  ve  $F_{ST}$  değerleri, Arap atları (13), Quarter atları (24) ve İtalyan Lipizzan atları (5) için bildirilen değerlerden yüksek bulunmuştur. Tüm rahvan atları bir popülasyon kabul edildiğinde, popülasyonun yaklaşık %10 düzeyinde homozigotlardan ( $F_{IT}$ ) oluştuğu görülmektedir. Popülasyon düzeyinde heterozigotların fazla olması akrabalı yetiştirimin ve seleksiyonun yapılmadığını, çiftleştirmelerin rastgele olduğunu göstermektedir. Akrabalık düzeyini belirten  $F_{IS}$  değeri 0.982 düzeyindedir. Bu durum alt popülasyonlarda saf yetiştirme ve seleksiyon yapılmadığını ve çiftleştirmelerin ise rastgele olduğunu düşündürmektedir. Yedi ayrı bölgedeki rahvan at popülasyonunda tespit edilen bu %9.99’luk genetik varyasyonun %9.82’si popülasyonların kendi içerisindeki varyasyondan, %0.19’unun ise popülasyonlar arasında farklılıktan kaynaklandığı anlamına gelmektedir. Dolayısıyla, ortalama  $F_{ST}$  değerinin çok düşük (0.0019) olması, Rahvan at popülasyonunun benzer genetik yapıda olduğunu ve heterozigotluğun da yüksek olması bu popülasyonun farklı olduğunu ve ayrı bir genotip olabileceğini akla getirmektedir. Bölge çiftleri arasındaki  $F_{ST}$  tahminleri 0.0001 - 0.0078 arasında değişmektedir (Tablo 6). Stachurska ve ark., (29), iki popülasyon arasındaki  $F_{ST}$  değerini 0.05’in altında olması



durumunda bunun düşük bir değer olduğunu ve popülasyonların birbirinden ayrılmadığı şeklinde değerlendirildiğini ve farklılıkların çoğunlukla bireysel varyasyondan kaynaklandığını bildirmektedirler. Dolayısıyla bölgeler arasındaki  $F_{ST}$  değerlerinin çok küçük olması, mevcut popülasyonların birbirinden ayrılmadığını göstermektedir.

Nei (25)'ye göre hesaplanan genetik uzaklık değerlerinin kullanılmasıyla elde edilen dendrogram (Şekil 1) incelendiğinde, İç Anadolu ve Akdeniz bölgesindeki rahvan atı popülasyonlarının genetik bakımdan birbirlerine daha yakın olduğu görülmektedir. Güneydoğu Anadolu bölgesindeki rahvan atı popülasyonunun en uzak ve farklı küme olduğu anlaşılmaktadır. Bu durum İç Anadolu ve Akdeniz Bölgesindeki atların incelenen lokuslar bakımından birbirlerine daha benzer olduklarını göstermektedir. Güneydoğu Anadolu Bölgesindeki atlar ise daha izole olmaları nedeniyle diğer bölgelerden ayrışma göstermiştir.

Bölgelere göre yapılan FCA analizinde, Karadeniz bölgesi, Güneydoğu Anadolu bölgesi ve tüm bölge atlarının oluşturduğu üç farklı grup dikkat çekmektedir (Şekil 3). Bu durum, Karadeniz ve Güney Doğu Anadolu bölgelerinin daha izole olması ve bu bölgelerde homozigotlaşmanın daha fazla olması sonucu diğerlerinden ayrıştığını akla getirmektedir. Ancak buradaki Rahvan atlarının tamamı, aynı kümelerle dahil olmamaktadır. Her iki bölgeden de (Karadeniz bölgesinden daha çok) ana kümeyle dahil olan çokça birey bulunmaktadır. Genotiplere göre elde edilen FCA analizinde (Şekil 4) üç farklı grup (Rahvan, Arap ve İngiliz) dikkati çekmektedir. Genotiplerin genetik olarak birbirinden açık bir şekilde ayrıldığı şekilden (Şekil 4) de görülebilmektedir.

Yapı analizi sonuçlarına göre Rahvan koşan atların kendi içlerinde küçük farklar göstermelerine karşın tüm popülasyonun benzer genetik yapıda olduğu ve 7 farklı bölgedeki atların ayrılmış gruplar oluşturmadığı anlaşılmaktadır. Genotiplere göre ise, FCA analizinde olduğu gibi, Rahvan, Arap ve İngiliz at popülasyonlarının genetik olarak farklı üç gruba ayrıldığı ve dolayısıyla farklı genetik yapıda oldukları ortaya çıkmaktadır (Şekil 5 ve 6). Rahvan atı popülasyonuna Arap atlarının etkisinin bulunduğu ancak bunun çok az düzeyde olduğu söylenebilir. Arap atlarının etkisinin İngiliz atlarından daha fazla olması, Rahvan ve Arap atlarının aynı coğrafyada uzun süre birlikte yetiştirilmelerinden veya yaşamalarından kaynaklanabilir.

Sonuç olarak, bölgelere göre Rahvan atlarında genetik ayrımın veya farklılaşmanın olmadığı yani benzer yapıda oldukları; FCA ve yapı analizlerinde de tüm Rahvan atlarının aynı kümede yer almaları ve Arap ve İngiliz atlarından farklı olmaları neticesinde Rahvan atlarının ayrı bir genotip olarak ele alınabileceğini ve buradan hareketle ciddi bir kayıt sisteminin yerleştirilmesi sayesinde, morfolojik yapının da dikkate alınmasıyla "Rah-

van" veya "Türk Rahvan" atı şeklinde veya başka bir isim altında bir at tipinin sabitleştirilebileceği önerilebilir.

### Teşekkür

Bu araştırma TÜBİTAK (TOVAG) tarafından 110 O 824 proje numarası ile desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı TÜBİTAK'a teşekkür ederiz.

### Kaynaklar

1. **Aberle KS, Hamann H, Drögemüller C, Distl O** (2004): *Genetic diversity in German draught horse breeds compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers*. Anim Genet, **35**, 270-277.
2. **Achmann R, Curik I, Dovc P, Kavar T, Bodo I, Habe F, Marti E, Sölkner J, Brem G** (2004): *Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse*. Anim Genet, **35**, 285-292.
3. **Anonim** (2014b): *QIAamp DNA Mini Kit*. Erişim Adresi: www.qiagen.com/products/catalog/sample-technologies/dna-sample-technologies/genomic-dna/qiaamp-dna-mini-kit Erişim Tarihi: 07.08.2014
4. **Apostolidis AP, Mamuris Z, Karkavelia E, Alifakiotis T** (2001): *Comparison of Greek breeds of horses using RAPD markers*. J Anim Breed Genet, **118**, 47-56.
5. **Barcaccia G, Felicetti M, Galla G, Capomaccio S, Cappelli K, Albertini E, Buttazzoni L, Pieramati C, Silvestrelli M, Supplizi AV** (2013): *Molecular analysis of genetic diversity, population structure and inbreeding level of the Italian Lipizzan horse*. Livest Sci, **151**, 124-133.
6. **Batu S** (1962): *Türk Atları ve At Yetiştirme Bilgisi*, Ankara.
7. **Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Goudet J, Bonhomme F** (1996): *GENETIX 4.00 Windows TM Software for Population Genetics, Laboratoire Genome, Populations, Interactions*. University of Montpellier, France.
8. **Björnstad G, Gunby E, Roed KH** (2000): *Genetic structure of Norwegian horse breeds*. J Anim Breed Genet, **117**, 307-317.
9. **Bowling AT** (2001): *Historical development and application of molecular genetic tests for horse identification and parentage control*. Livest Prod Sci, **72**, 111-116.
10. **Cozzi MC, Strillacci MG, Valiati P, Bighignoli B, Cancedda M, Zanotti M** (2004): *Mitochondrial D-loop sequence variation among Italian horse breeds*. Genet Sel Evol, **36**, 663-672.
11. **Dove P, Kavar T, Sölkner H, Achmann R** (2006): *Development of the Lipizzan Horse Breed*. Reprod Dom Anim, **41**, 280-285.
12. **Erdağ B, Aktopraklıgil D, Koban E, Aksu S, Balcıoğlu K, Aslan Ö, Denizci M, Turgut G, Bağış H, Arat S** (2008): *A preliminary genetic analysis of some Turkish horse breeds and implications for breed management studies*. The Evolutionary Biology Meeting. Marsilya, Fransa.
13. **Erdoğan M, Uğuz C, Kopar A, Özbeyaz C** (2009): *Genetic variability among Arabian horses in Turkey*. Kafkas Univ Vet Fak Derg, **15**, 267-272.
14. **Evanno G, Regnaut S, Goudet J** (2005): *Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study*. Mol Ecol, **14**, 2611-2620.

15. **Glowatzki-Mullis ML, Muntwyler J, Pfister W, Marti E, Rieder S, Poncet PA, Gaillard C** (2005): *Genetic diversity among horse populations with a special focus on the Franches-Montagnes breed*. Anim Genet, **37**, 33-39.
16. **Gupta AK, Chauhan M, Bhardwaj A, Tandon SN** (2012): *Microsatellite markers based genetic diversity and bottleneck studies in Zanskari pony*. Gene, **499**, 357-361.
17. **Gupta AK, Chauhan M, Bhardwaj A, Gupta N, Gupta SC, Pal Y, Tandon SN, Vijh RK** (2014): *Comparative genetic diversity analysis among six Indian breeds and English Thoroughbred horses*. Livest Sci, **163**, 1-11.
18. **Güleç E** (1996): *Türk Rahvan Atı ve Atçılığı*. ISBN: 975-95931-5-7, Ankara.
19. **ISAG/FAO** (2004): *Secondary Guidelines. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers*.
20. **Kavar T, Brem G, Habe F, Sölkner J, Dovic P** (2002): *History of Lipizzan horse maternal lines as revealed by mtDNA analysis*. Genet Sel Evol, **34**, 635-648.
21. **Lee SY, Cho GJ** (2006): *Parentage testing of Thoroughbred horse in Korea using microsatellite DNA typing*. J Vet Sci, **7**, 63-67.
22. **Luis C, Juras R, Oom MM, Cothran EG** (2007): *Genetic diversity and relationships of Portuguese and other horse breeds based on protein and microsatellite loci variation*. Anim Genet, **38**, 20-27.
23. **Mahrous KF, Hassanane M, Mordy MA, Shafey HI, Hassan N** (2011): *Genetic variations in horse using microsatellite markers*. J Genet Eng Biotechnol, **9**, 103-109.
24. **Meira CT, Curi RA, Silva JAIIV, Corrêa MJM, Oliveira de HN, Mota da MDS** (2012): *Morphological and genomic differences between cutting and racing lines of Quarter horses*. JEVs, 1-6.
25. **Nei M** (1972): *Genetic Distance Between Populations*. Am Nat, **106**, 283-292.
26. **Nei M** (1987): *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
27. **Poncet PA, Pfister W, Muntwyler J, Glowatzki-Mullis ML, Gaillard C** (2006): *Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes*. J Anim Breed Genet, **123**, 114-121.
28. **Pritchard K, Stephens M, Donnelly P** (2000): *Inference of population structure using multilocus genotype data*. Genetics, **155**, 945-959.
29. **Stachurska A, Nogaj A, Brodacki A, Nogaj J, Batkowska J** (2014): *Genetic distances between horse breeds in Poland estimated according to blood protein polymorphism*. Czech J Anim Sci, **59**, 257-267.
30. **Weir BS, Cockerham CC** (1984): *Estimating F-statistics for the Analysis of Population*. Evolution, **38**, 1358-1370.
31. **Wright S** (1978): *The Theory of Gene Frequencies, Evolution and The Genetics of Populations*. University of Chicago Press, Vol. 4.
32. **Yang YH, Kim KI, Cothran EG, Flannery AR** (2002): *Genetic Diversity of Cheju Horses (Equus caballus) Determined by Using Mitochondrial DNA D-loop Polymorphism*. Biochem Genet, **40**, 175-186.
33. **Yeh FC, Yang RC, Boyle TBJ, Ye ZH, Mao JX** (1997): *POPGENE, The user-friendly shareware for population genetic analysis*. Molecular Biology and Biotechnology Centre. University of Alberta, Edmonton, Canada.

Geliş tarihi: 29.09.2014 / Kabul tarihi: 24.06.2015

**Yazışma adresi:**

Yrd. Doç. Dr. Banu Yüceer  
Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi,  
Zootečni Anabilim Dalı,  
06170 Dışkapı/ANKARA  
email: yuceerbanu@hotmail.com