



Evcil Hayvan Genetik Kaynaklarının Koruma Süreçlerinde Yok Olma Risk Derecesini Değerlendirme Metotları

Mehmet İhsan Soysal,* Emel Özkan Ünal, Eser Kemal Gürcan

Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü, 59100, Tekirdağ, Türkiye

MAKALE BİLGİSİ

ÖZET

Derleme

Geliş : 20.11.2018

Kabul : 18.12.2018

Anahtar Kelimeler

Yerli hayvan genetik kaynakları
Genetik erozyon

* Sorumlu Yazar

e-mail: misoysal@gmail.com

Dünyadaki evcil hayvan türlerinin genetik çeşitliliği, genetik erozyon olarak adlandırılan sürekli bir düşüş durumundadır ve kalan hayvan genetik kaynakları, en verimli şekilde kullanılmamaktadır. Endüstriyel tarımın yüksek girdi-çıkıtı ihtiyaçları için çok sınırlı sayıda modern ırklara küresel bir bağımlılık eğilimi gibi çeşitli faktörler vardır. Bu eğilimin etkisi, birçok ırkın işlevlerini yitirmiş olmaları ve ırkları zarar riski altında bırakan ve evcil hayvan çeşitliliğini tehdit eden haber verilmeksizin melezleme ile ortadan kalkmasıdır. Çiftlik hayvanı genetik kaynaklarının bu erozyona uğramasını önlemek için, in situ ve ex situ koruma sürülerinin ya da çoğu zaman küçük nüfusların oluşturulması şeklinde sahip olunan ülkeler tarafından çeşitli önlemler alınmaktadır. Ancak, akrabalığa ve rastgele kayma riskine bağlı olarak, küçük üreme sürülerinde sınırlı sayıda canlı hayvanın bulunduğu koruma programlarında genetik çeşitliliğin kaybolmasına neden olabilir. Akrabalığı (ΔF) oranı öngörülebilir bir forma sahiptir ve varyasyon kaybı ile çok önemli bir ilişkiye sahiptir. Etkili popülasyon büyüklüğü (N_e), başka bir deyişle, aynı sayıda rastgele genetik kayma veya aynı miktarda akrabalığa sahip olan ve sayıları erkeklerin sayısı olan ve aynı sayıdaki popülasyonu gösteren idealize edilmiş bir popülasyondaki üreme bireylerinin sayısı ve dişiler, belirli bir popülasyondaki genetik değişkenliğin dinamikleri hakkında genel ölçülebilir bir fikir verir. Bu çalışma, koruma programlarında hayvan ırklarının neslinin tükenme riski statüsündeki tehlike düzeyini (tehlike kategorilerine giren popülasyonları) değerlendirme yöntemlerini gözden geçirmeyi amaçlamıştır.

Methods of Assessing the Degree of Endangerment for Extinction Risk Status of Livestock Breeds in Conservation Programs

ARTICLE INFO

ABSTRACT

Review

Received : 20 November 2018

Accepted : 18 December 2018

The genetic diversity of the World's livestock species is in a state of continuous decline so called genetic erosion and the animal genetic resources that remain are not used in the most efficient way. There are several factors such as the growing trend to a global reliance on a very limited number of modern breeds suited for the high input-output needs of industrial agriculture. The effect of this trend is that many breeds have lost their function and disappear by means of cross breeding without notice which place breeds at risk of loss and threaten

Lütfen aşağıdaki şekilde atıf yapınız / Please cite this paper as following;

Soysal, M. İ., Ünal, E. Ö., Gürcan, E. K. 2018. Evcil Hayvan Genetik Kaynakları Koruma Süreçlerinde Yok Olma Risk Derecesini Değerlendirme Metotları, Journal of Animal Science and Products (JASP) 1 (1):14-24.

Keywords:

Native animal genetic resources
Genetic erosion

*** Corresponding Author**

e-mail: misoysal@gmail.com

domestic animal diversity. In order to avoid this phenomenon of erosion of farm animal genetic resources several measures are taken by the countries owned as in the form of constructing in situ and ex situ conservation herds or often small populations. However, due to the risk of inbreeding and random drift may cause the loss of genetic diversity in the case of conservation programs with limited number of live animals in small breeding herds. The rate of inbreeding (ΔF) has a predictable form, and has a very important relationship with loss of variation. Effective population size (N_e), in other words, the number of breeding individuals in an idealized population that would show the same amount of random genetic drift or the same amount of inbreeding as the population under consideration which is the function of number of males and females gives general measurable idea of the dynamics of genetic variability within a given population. This work was aimed to review the methods of assessing the degree of endangerment for extinction risk status (assigning populations to categories of endangerment) of livestock breeds in conservation programs.

Giriş

Uluslararası alanda hayvan genetik çeşitliliğinin kaybını önlemek, giderek daha çok ilgi duyulan bir konu olmaktadır. Bu ilgi sonucu 1992’de Birleşmiş Milletler Çevre Örgütü tarafından Biyoçeşitlilik Antlaşması üye ülkelerce imzalanmıştır. Burada alınan kararlar ışığında tarımı yapılan hayvanlara ilişkin konuların dünyadaki durumunun tespit çalışmalarının FAO tarafından ortaya konulmuş sonuçları İsviçre interlaken şehrinde 2007’de “İnterlaken Hayvan Genetik Kaynakları ve Küresel Eylem Planı Deklarasyonu” şeklinde ülke temsilcilerince imzalanarak ülkelerin genetik çeşitliliği koruma konusunda taahhütlerini içeren bir dizi kararlar yayımlanmıştır (FAO,2007a). Bu çerçevede Dünya Gıda ve Tarım Örgütü hayvan genetik kaynaklarının durumuna ilişkin ilk rapor hazırlanmıştır. 2007’de ki rapor (169 ülke raporu) içeriğinde 7616 çiftlik hayvan ırkı tanımlanmıştır. Bu sayının %20’sinin yok olma riskinde olduğu

belirtilmiştir. Bu süreçte risk altında ırk tanımı, popülasyon hayvan sayısını azaltan faktörlerin giderilemediği durumlarında ırkın saf olarak mevcut olmama yok olma riskini ifade eder. Irkların yok olma risklerinin sebepleri olarak diğer hususlara ilaveten popülasyon sayısının küçüklüğü çiftlik, ulusal, uluslararası hayvancılık politikalarının direk ve dolaylı sonuçları popülasyonları değerlendirememesi; yetersiz ırk birlikleri, pazar taleplerine uyum eksikliği biçiminde neticelenen ırkın düşük verimi gösterilebilir. Buna göre çiftlik hayvan genetik kaynakları, popülasyondaki erkek dişi sayısı, yetiştirmede kullanılan birey sayısı ve saf ırk dişiler yüzdesi gibi diğer ilave hususlar temeline göre risk bakımından kategorize edilmektedir. Bu risk stratejilerine göre çiftlik hayvanı genetik kaynakları buldukları, geliştirildikleri agro-ekosistemde yerinde koruma (*in situ*) veya buldukları geliştirildikleri yerin dışında bir bölgede canlı (*ex-situ in vivo*) ya da dolu, sperm, ovum, hücre embriyo olarak (*ex-situ, in vitro*) koruma

programları halinde bulundurulacak gen bankaları ya da genom bankalarında yürütülür. Bu derlemede, evcil hayvan genetik kaynakları koruma süreçlerindeki, yok olma risk derecesini değerlendirme metotları üzerinde durulmuştur.

Evcil hayvanlarda genetik çeşitlilik ve çeşitliliğin korunması

Son 12 bin yıllık süreçte 40 tür ırk evcilleştirilmiş ve 6000-7000 genetik farklı ırk oluşmuştur (Scherf, 2000). Bu ırklar gıda kaynağı kırsal kültürün unsurları olarak önemli olan değişik çevre koşullarına adapte olarak gelişmişlerdir (Gandini ve Villa, 2003).

Evcil çiftlik hayvan genetik çeşitliliğini korumak üretim çevre koşullarına ve Pazar taleplerindeki değişikliklere karşı sigortadır (Oldenbroek, 2007).

Yeni teknolojilerin gelişimi ile son yüzyılda uygulamada artan düzeyde yüksek verimli ırklara talep aranmış ve neticede uluslararası pazarlama sistemleri ile dünyanın çeşitli ülkelerine az sayıda ırk hakim olmuştur. Irkların uluslararası düzeyde yaygınlaşması oradaki yerel ırkların azalmasına yol açmıştır.

Bu durumda ırkların yok olması hızı yeni ırklar oluşturulması hızından fazla olunca ırkların yok olma derecelerinin uygun tahmini gerekmektedir. Burada etkili popülasyon büyüklüğü yok olma derecesi kriteri olarak öne çıkmaktadır.

Etkin popülasyon büyüklüğü akrabalı yetiştirme katsayısı birbirini takip eden ebeveyn ve döl

generasyonlarındaki [(F_t) ve $(F_{(t+1)})$] sırasıyla ortalama akrabalı yetiştirme dereceleri farkının ifade ettiği akrabalı yetiştirme katsayısı değişimi oranı (ΔF_t) nin başlangıç popülasyonu heterozigotluk oranına $[(1 - F_t)]$ oranıdır.

$$\Delta F_t = ([F_{(t+1)}] - [F_t]) / (1 - F_t)$$

Etkin popülasyon büyüklüğü (N_e) Bu değişim oranı ΔF_t 'nin iki katının tersidir.

$$[N_e = \frac{1}{2} \Delta F_t]$$

(N_e) değeri akrabalı yetiştirme derecesi artısını yansıtır.

Etkin popülasyon büyüklüğü seleksiyon yok varsayımı ile popülasyonu oluşturan erkek N_m ve dişi sayısı N_f fonksiyonu olarak

$$N_e = [4(N_f)(N_m) / (N_f + N_m)]$$

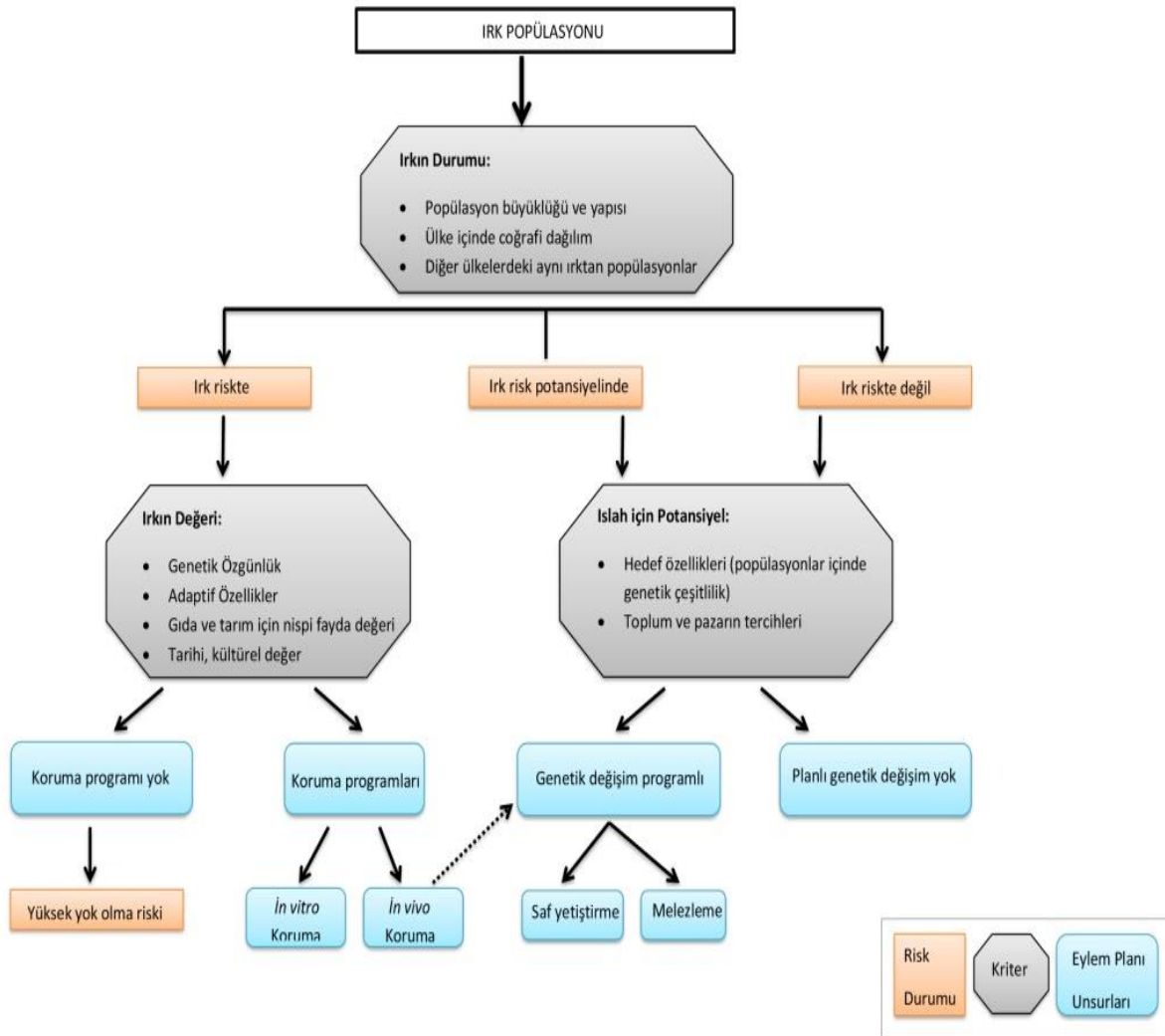
şeklinde de hesaplanabilir (Falconer ve Mackay, 1996).

Ancak çiftlik hayvanlarında seleksiyon süreci var olduğuna göre etkin popülasyon büyüklüğü ($7/10$) düzeyinde belirlenmesi öngörülmektedir (Santiago ve Caballero, 1995).

Hayvan genetik kaynakları koruma süreçleri popülasyonların genetik değişkenlik olmaksızın olabildiğince varlığını sürdürebilmesini tanımlar. Bu bakımdan genetik materyalleri koruma yerinde (*in situ*) ve başka yerde (*ex situ*) koruma biçimlerinde olmaktadır. Bu açıdan *in situ* koruma canlı hayvanların doğal çevrelerinde bulunmaları şeklinde korumayı tanımlar. *Ex situ* koruma ise hayvanların mesela camsı dondurma ile depolanmak biçiminde dahil doğal ortamlarının dışında bulundurulmalarını tanımlar. Koruma süreçlerinde arzu edilen bir genetik değişime uğramadan doğal popülasyonun nesiller boyunca korunmasıdır. Bu açıdan bakıldığında

camsı dondurma ortamında depolanarak koruma metodu dışında diğer metotlarda da nesiller boyunca genetik değişkenlik olmaksızın korumak neredeyse imkansızdır. Bu durumun nedenleri; hayvan sayısının sınırlı oluşu nedeniyle genetik kayma olgusu, evcil hayvanlarda nesillerin devamında her yıl yapılan seleksiyon süreçleri, erkek dişi sayısının aynı olmaması olgusu genetik yapıyı nesiller boyunca değiştirebilmektedir. Daha açık bir ifade ile ancak seleksiyon göç mutasyon genetik kaymanın

olmadığı doğal popülasyonlarda gen, genotip, fenotip frekansları değişmeden devam edebilir. Hayvan ırklarının popülasyonlarının bu bakımdan genetik yapılarının nesiller boyunca değişmeden kalır. Dolayısıyla genetik çeşitliliğin bozulma, genetik çeşitliliğin yok olma dereceleri gelecek nesillerin üretecek dişi sayısı ve cinsiyet oranına bağlıdır. Bu olgu etkin popülasyon büyüklüğü olarak bilinir (Alderson, 1981; Crawford, 1981).



Şekil 1. Çiftlik hayvanı gen kaynakları koruma süreçlerinde izlenen yollar (FAO,2007b)

Genetik çeşitliliğin yok olma derecesi bakımından normal, hassas, kritik, güvensiz, tehlikede, yok olmuş gibi birçok sınıflandırma biçimi yapılabilmektedir (Alderson, 1981).

Bütün bu tanımlar popülasyonun tümünün akrabalı yetiştirme sonucu giderek bütün bireylerin tamamının genetik benzer olması diğer deyişle genetik çeşitliliğin olmamasının derecesini ölçmeyi amaçlar. Doğal olarak bu durum risklidir. Söz gelimi değişen çevre koşullarında ya hepsi bu değişime adapte olacak ya da hepsi elenecektir. Bu durumda, özellikle tarımı yapılan hayvan topluluklarında yetiştiriciler doğal koşullardakinin aksine o ırkın temsil ettiği verim, morfolojik ırk karakteristikleri bakımından istedikleri yönde bir örnekliği sağlayacak olan doğal genetik çeşitliliği önleyici seleksiyon aracını kullanmakta olduğundan genetik çeşitlilik azalmaktadır. Özellikle küçük popülasyonlarda akrabalı yetiştirme kaçınılmaz, bazen de abartılı bir düzey ile önemli olmaktadır.

Akrabalı yetiştirme kalitatif karakteristiklerinde varyasyonu azalmaktadır. Söz gelimi ırk karakteristik olarak sürüde hayvanlar aynı renk modeli için selekte uygulanması hususu bu özelliğe ilişkin varyasyonun dolayısıyla genetik çeşitliliği azalması demektir. Akrabalı yetiştirme oranının olağan tahmini

Wright (1931)'ın akrabalı yetiştirme katsayısı şeklindedir.

Koruma sürecine maruz kalan popülasyonlardaki birey sayısının hangi minimum seviyede olması gerektiği hususunda en bilinen yöntem her ardışık generasyondaki akrabalı yetiştirme katsayısı değişimin tercihen %1 olarak ya da en fazla %5'den fazla artmamasına yol açacak sayıda birey şeklinde önerilmektedir. Avrupa Çiftlik Hayvan Biyoçeşitliliği Bilgi Sistemi (EFABIS), Avrupa Zootečni Federasyonu (EAAP) kriterleri eklemeli akrabalı yetiştirme derecesini diğer deyişle etkin popülasyon büyüklüğü (N_e) olarak, üç grup hayvan türleri (büyükbaş, küçükbaş, at-eşek ırkları) için sırasıyla 11-20'den küçük; 11-28 aralığı 16-45 aralığı; 32-45 aralığı; 67-95 aralığından büyük birey sayıları olmasına göre kritik tehlikeli, tehlikeli, düşük tehlikeli, potansiyel tehlikeli, tehlikede değil gibi 5 sınıf sayılmaktadır.

Simon (1999) tarafından önerilen Avrupa Zootečni Federasyonu (EAAP, European Association of Animal Production)' nun esas aldığı ırkların yok olma derecesi risk sınıflandırmasını da kriter olarak (50) yıllık koruma süreci sonrasında maksimum kabul edilebilirlik akrabalı yetiştirme düzeyinde (F_{50}) kullanılmaktadır. Bu sınıflamada risk yok ($F_{50} < \%10$); tehlikede ($\%10 < F_{50} < \%40$); kritik ($F_{50} > \%40$) kategorileri bulunur.

Tablo 1.Etkin popülasyon büyüklüğüne göre yok olma derecesi sınıfları

Sınıf	Sığır/Manda	Koyun/keçi	At/Eşek
Kritik tehlikede	Ne<14	Ne<20	Ne<11
Tehlikede	14<=Ne<20	20<=Ne<28	11<=Ne<16
Düşük tehlikede	20<=Ne<32	28<=Ne<45	16<=Ne<25
Potansiyel tehlikede	32<=Ne<67	45<=Ne<95	25<=Ne<52
Tehlikede değil	>=67	>=95	>=52

Elli yıllık koruma süreci sonucunda en fazla izin verilebilir akrabalı yetiştirme düzeyi (F_{50}) değeri akrabalı yetiştirme değişim hızına (ΔF_t) aracılığı ile etkin popülasyon büyüklüğü haline çevrilebilir.

$$F_t=[1-(1-\Delta F)^t]$$

Akrabalı yetiştirme hızı (ΔF_t) heterozigotluğun kaybedilme hızı (veya sabitleşme oluşması hızı) etkin popülasyon büyüklüğünü iki katının tersidir.

$$\Delta F_t = [(\frac{1}{2} Ne)]$$

Elli yıllık koruma süreci sonucunda en fazla izin verilebilir akrabalı yetiştirme düzeyi (F_{50}) değeri akrabalı yetiştirme değişim hızına (ΔF_t) aracılığı ile etkin popülasyon büyüklüğü haline çevrilebilir.

$$F_t=[1-(1-\Delta F)^t]$$

Akrabalı yetiştirme hızı (ΔF_t) heterozigotluğun kaybedilme hızı (veya sabitleşme oluşması hızı) etkin popülasyon büyüklüğünü iki katının tersidir.

$$\Delta F_t = [(\frac{1}{2} Ne)]$$

Bu sürede (t) generasyon sonrası homozigotluk artışının düzeyini tanımlayan (F_t) ye karşın heterozigotluk da azalacağından (t) generasyon süresi heterozigotluk (çeşitlilik) $H_t=[(1-F_t)H_0]$ olur.

Etkin popülasyon büyüklüğü bütün bireylerin erginliğe ulaşım döl verebildiği, bütün bireylerin eşleşme şansının aynı olduğu bütün bireyler ya da eşleşmeden eşit sayıda döl alınabildiği bütün döllerin erginliğe kadar yaşayabildiğini ön görür. Bu durumda mevcut gerçek popülasyon büyüklüğü etkin popülasyon büyüklüğü ile aynıdır ($N_e=N$).

Söz gelimi cinsiyet oranının etkisini ölçmek bakımından eğer toplam 25 erkek 25 dişi 50(=N) fert bulunan bir popülasyondaki etkin popülasyon büyüklüğü (=N_e) [(4)(50)(50)/(50+50)]=100 olurken toplam generasyon aynı 100 kalmak üzere mesela 90 dişi, 10 erkek (N=90+10=100) olunca etkin popülasyon büyüklüğü (N_e=[(4)(90)(10))/(90+10)]=36 olacaktır. Bunun anlamı ikinci şıkta popülasyon gerçekte (100) fertten oluştuğu halde ancak (36) fert etkin olup gelecek generasyona gen aktarmak katkısında bulunur. Bu durumda birinci popülasyonda akrabalı yetiştirme artış hızı [(1/2) N_e]= [1/100(2)] = 1/200=0,005 olurken ikinci durumda [1/36(2)] =0.014 olmaktadır. Etkin popülasyon büyüklüğü daha düşük iken bu seçenek diğerine kıyasla 3 misli daha fazla

heterozigotlaşmakta diğer bir değişle çeşitlilik ya da heterozigotluk kaybedilmektedir.

Koruma popülasyonlarında her generasyonda tercih %2 olmak üzere %1-3 akrabalı yetiştirmeye izin verilebilir. Bu yüzde birlik akrabalı yetiştirme artış düzeyi ise ($N_e=50$) ile sağlanabilir. O sebeple Koruma sürüleri büyüklüğü bu sayılardan az olmamalıdır. Ancak seleksiyon uygulaması göz önüne alındığında Falconer ve Mackay (1996)'nın önerdiği $[1-(\frac{7}{10})]=0,3$ kat

daha fazla birey bu değer 1,3 katı olan $[(50 \times (1,3))]=65$ birey esas alınmalıdır.

Aşağıdaki tabloda $F_t = [1-(1- \Delta F)]$, ifadesindeki akrabalı yetiştirme artış hızı (ΔF) için 50 yıllık koruma süresi ($t=50$) sonucunda kabul edilebilir en fazla akrabalı yetiştirme derecesine göre (t) jenerasyonda ulaşılabilecek akrabalı yetişkin en fazla değeri için (ΔF) elde edilip daha sonra $[N_e = \frac{1}{2} \Delta F]$ şeklinde elde edilen birey sayılarına göre tehlike sınırları verilmiştir (Duchev ve ark., 2006).

Tablo 2. (N_e) düzeyinde etkin popülasyon büyüklüğüne göre genetik yok olma dereceleri bakımından risk sınıfları

Tür	Generasyon Aralığı (GI)	50 yıl için Generasyon sayısı $N_{G50}=(50/GI)$	Kritik (3)	Tehlikeli (2)	Risk Yok (1)
Koyun/Keçi	2.5	20	<20	20-94	>94
Sığır	3.5	14	<14	14-66	>66
At/Eşek	4.5	11	<11	11-51	>51

FAO kriterlerinde kullanılan (Scherf, 2000), 2 generasyon aralığı sürede beklenen gelişmelerde kullanılan dişi sayısı 1000'den büyükse risk yok, 100 ile 1000 aralığında ise tehlikede, 100'den küçük ise kritik şeklinde risk kategori sınıflandırılması yapılmaktadır.

Dünya Gıda ve Tarım Örgütü (FAO, 2007a) ise sayısal kıtlık, akrabalı yetiştirme düzeyi aktif koruma programları gibi 3 faktöre göre yok olma derecelerine ilişkin sınıflandırma yapmaktadır. Yerli hayvan genetik kaynakları koruma süreçlerinde önceliklendirme bakımından değerlendirme konusunda söz konusu ırkın verim düzeyi, yerel çevre

koşullarına adaptasyon niteliği ,hastalıklara direnç kabiliyeti, verim düzeyindeki çeşitliliği, morfolojik niteliklerindeki özgünlük ,diğer ırklardan farklılık derecesi, diğer ırklara göre popülasyon içi saflık derecesi gibi farklılıklar dikkate alınır. Küçük koruma popülasyonlarında en temel prensip akrabalı yetiştirmeden kaçınacak şekilde bir sonraki generasyonun ebeveynlerinin eşleştirmelerinin tayin edilmesidir.

Dünya Gıda ve Tarım Örgütü, evcil çiftlik hayvan ırkları risk statüsünü belirlemek için uygulayabileceği prensipler aşağıdaki tabloda verilmiştir (FAO, 2007ab).

Tablo 3: Dünya Gıda ve Tarım Örgütü, evcil çiftlik hayvan ırkları risk statüsünü belirlemek için uygulayabileceği prensipler (FAO, 2007ab).

Durum	Verilen Puan	Yetiştirmede (Nm), Dişi (Nf) Sayısı	Kullanılan erkek Koşulları	Diğer Koşullar
Risk Yok	0	$Nm > 20$ ve $Nf > 1000$		-
Bakılabilir Tehlikede	1	$10 < Nm < 20$ veya $100 \leq Nf \leq 1000$		Irk aktif konumu koruma programlarında ya da ticari veya araştırma tesislerinde koruma sürecinde işlem görür.
Tehlikede	2	$5 < Nm \leq 20$ veya $100 < Nf < 1000$		-
Kritik Tehlikede	3	$Nm \leq 5$ veya $Nf < 100$		Irk aktif konumu koruma programlarında ya da ticari veya araştırma tesislerinde koruma sürecinde işlem görür.
Kritik	4	$Nm \leq 5$ veya $Nf < 100$		-

Eğer yetiştirmede kullanılan dişi sayısı bu 100 veya 1000 eşik değerlerinden birine yakın ise gerçek popülasyonun büyüklüğü veya melezlemeye maruz kalan oran gibi hususlar dikkate alınır.

Ülkelerin çiftlik hayvan ırklarını koruma programlarına alacakları konusunda değerlendirme erken uyarı ve ona göre koruma çalışmalarına geçme kararları önemli yer tutmaktadır. Bu konuda Verrier (2015) mevcut yetiştirmede kullanılan dişi sayısı, yetiştirmede kullanılan dişi sayısında son 5 yıl ya da 5 generasyonda dişi sayısında değişme, melezlemeye melezleme yüzdesi, etkin popülasyon büyüklüğü, ırk yetiştirme organizasyonları ve teknik destekler mevcudiyeti ile sosyo ekonomik içerik gibi 6 kriter esas alınmaktadır. Bu faktörlerin her biri göstergelerin karşılaştırılabilirliğini sağlamak için gözlenen değerler yok olma tehdit derecesine göre 0 ile 5 puan arasında puan verilmektedir.

FAO'nun hazırladığı ilk hayvan genetik kaynakları için ırk küresel eylem planında (FAO,2007ab) Birinci stratejik öncelik ülkelerin kendi ırk çalışma programlarına geçmeden önce mevcut ırkların koruma önceliklerini belirleme ve bunları yok olma riski bakımından değerlendirebilmeleri tavsiye edilmektedir.

Buna göre AB ülkeleri uyguladıkları koruma programlarında 1974/2006 tarih ve sayılı AB yönergesi çerçevesinde yetiştirmede kullanılan dişi sayısı eşik değerine göre üreticilere destek yapmaktadır. FAO kriterlerinde ırklar yetiştirmede kullanılan dişi sayısına göre tehlike sınırlarına ayrılmaktadır (Scherf, 2000).

Ancak ırkların yok olma süreçleri sadece demografik öğeler nedeniyle olmadığında genetik ve sosyo ekonomik faktörlerin de ırk değerlendirme çalışmalarında kullanılması önerilmektedir (Lauvie ve ark., 2011).

Gandini ve ark. (2004) hem demografik yetiştirmede kullanılan erkek ve dişi sayısını, hem de popülasyon büyüme oranı, etkin popülasyon büyüklüğü gibi faktörleri ele almaktadır. Alderson (2003, 2010) ise melezleme derecesi, etkin popülasyon büyüklüğü, coğrafi alanda dağılım kesafeti, rakamsal miktar azlığı gibi faktörlerle değerlendirme yapmaktadırlar.

Sayısal mevcudu (N_1) ve (N_2) ise (Y_1) ve (Y_2) yıllarında bir popülasyonun $t=(Y_2-Y_1)$ olmak üzere büyüme küçülme ya da değişim hızı $r = t\sqrt{(N_2/N_1)}$ şeklinde belirlenir.

Altı kriterin her biri 0 ile 6 arasında puanlanarak radar grafiklere işlenmek suretiyle ilerleyen yok olma derecesi aralıklarında değerlendirmeler yapılmaktadır. Etkin popülasyon büyüklüğü (N_e) evcil hayvan genetik kaynaklarını incelerken popülasyon içi genetik değişmeyi ölçmeyi sağladığından önemli bir parametre olarak ele alınmaktadır.

İrkin büyüme ya da küçülme derecesine göre de risk kategorileri belirlenebilmektedir. İdeal popülasyonlar yani gen ve genotip frekansları generasyonlar boyunca değişmeden kalan dolayısıyla genetik çeşitliliği korunan popülasyonlar seleksiyon, göç, mutasyon gibi olguların bu arada tesadüfi örneklemenin yol açtığı genetik kaymanın söz konusu olmadığı popülasyonları tanımlar.

Tesadüfi eşleşen (N) yetişkin bireyli popülasyonlarda her generasyonda heterozigotluğun azalma hızı bir yeni doğanın bir lokusdaki iki allelin bir önceki generasyonda aynı

ortak ebeveynden gelme olasılığına $[1/(2N)]$ eşittir.

Bu konuda (C_1) ve (C_2) zamanlarındaki sayıya göre $r=$ anti $\log\{[(\log_{10} C_1)-\log_{10} C_2]/t\}$ eşitliği ile popülasyon büyüklüğü aralığı ile sayısal değişim yönü (artıyor, azalıyor, nötr) belirlenir.

(Y_1) ve (Y_2) yıllarında bir popülasyon büyüklüğü N_0 ve N_1 ise $t=(Y_2-Y_1)$ olmak üzere ırkın büyüme küçülme ya da değişim hızı $t\sqrt{(N_1/N_0)}$ şeklinde belirlenir (Gandini ve ark., 2004).

İrkların yok olma derecesini tahmin konularında bir ırkın kritik yetiştirmede kullanılan dişi sayısına ulaşma zamanını tahmin etmek üzere $t=[(\log N_1-\log N_0)/\text{Log}r]$ eşitliğini kullanmayı önermektedir.

Buna göre mesela iki ardışık yıl için popülasyon sayısı 10.000'den 6.000'e düşmüş ise $t= Y_2-Y_1=1$ ve değişim oranı $1\sqrt{(6000/10000)}=0,6$ olur. Bu değişim hızı ile sayının 6000'den 100 küçüklüğüne ulaşması $t=\{[(\log(100)-\log(6000))/\log(0,6)]\}\approx 8$ yıl sürecektir.

Bu durumda bir generasyon sonra (N) büyüklük için heterozigotluk $H_t = [1 - (1/2N)]^t \cdot H_0$ olacaktır. Kuşkusuz bu olgu ve gen jenerasyonunda ideal popülasyonda homozigotluk $(1/2N)$ oranında artar heterozigotluk ise $(1/2N)$ oranında azalır şeklinde de ifade edilebilir. Jenerasyonlar aynı koşullarda ilerledikçe (t)'sı generasyonda heterozigotluk

$H_t = [1 - (\frac{1}{2N})]^t \cdot H_0$ olur. Sonuçta (t) generasyon sonrası $[1 - (\frac{1}{2N})]^t$ düzeyinde heterozigotluk

azalması (t) generasyonda akrabalı yetiştirme katsayısının $F_t = [1 - (\frac{1}{2N})]^t$ düzeyinde olması gerekmektedir.

Akrabalı yetiştirme hızı (ΔF) oranına göre bu değer %1'den küçük; %1-3 arası ve %3'den büyük ise sırasıyla risk yok, tükenecek (tehlikede), kritik gibi üç kategori kullanılmaktadır. Bunların yanı sıra popülasyonun büyüklüğünü %1 ile %1'den büyük ya da küçük değişim düzeyine göre sabit(1), artan(0), azalan (2) yok olma derecesi risk kategorileri de kullanılmaktadır. Alderson (2009) isimli araştırmacı (12,5) km yarıçapından az, 12.5-50 km aralığı ile ve 50 km'den büyük bir alanda popülasyonun %70'den fazlasının yer almasına göre sırasıyla riskli, nötr, pozitif gibi yok olma derecesi kategorisi önermektedir. Benzer şekilde akrabalı yetiştirmede katsayı düzeyinin %1'den küçük %1-3 arası ve %3'den büyük olmasına göre pozitif, nötr, riskli gibi üç kategori tanımlanmaktadır.

Sonuç

Bir ülkenin, çevre şartlarına ya da bir veya birden fazla geleneksel üretim sistemlerine genetik olarak adapte olmuş Çiftlik hayvanlarının yerel ırklarının korunması gerekmektedir.

Genetik çeşitliliğin sürdürülebilir içerikte korunması popülasyonun tümünün akrabalı yetiştirme sonucu giderek bütün bireylerin tamamının genetik benzer olması diğer değişle genetik çeşitliliğin olmamasının derecesini ölçmek çeşitli ırk koruma programı kararları ve önceliklendirme karar çalışmalarında önemli bir olgudur.

Bu konuda popülasyon büyüklüğü esas kriter olup etkili popülasyon büyüklüğü olarak da adlandırılır. Genetik değişkenliğin göstergesi olarak popülasyon büyüklüğü, akrabalı yetiştirme hızı, akrabalı yetiştirme seviyesi, tür içi genetik özgünlüğü, özelliğin hali hazır ekonomik değeri, özgün kırsal manzara değeri, kültürel tarihi değer, kendi kendine sürdürülebilirlik, coğrafi dağılım kesafeti gibi çeşitli kriterler dikkate almaktadır. Konu ile ilgili en temel kriter akrabalı yetiştirme hızının her generasyonda tercihen yüzde bir değerinin altında tutulmasıdır.

Kaynaklar

- Alderson, L. 1981. The Conservation of Animal Genetic Resources in the United Kingdom. FAO Animal Production and Health Paper 24:53-70.
- Alderson, L. 2003. Criteria for the recognition and prioritisation of breeds of special genetic importance. Anim. Genet. Resources Info. 33:1-9.
- Alderson, L. 2009. Breeds atrizk; definition and measurement of factor which determining endangerement, Livestock Science 123: 23-27.
- Alderson, L. 2010. Breeds at risk: criteria and classification. Joint ERF / RBI / RBST workshop summary report, London, 16-17 February 2010.
- Duchev, Z., Distl, O., Groeneveld, E. 2006. Early warning system for loss of diversity in European

- livestock breeds, *Arch. Anim. Breed.* 49: 521-531.
- Crawford, R.D. 1981. Organizational aspects of animal conservation research - management methods applicable to poultry. *Anim. Prod. Health Paper* 24:334–335.
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics, Ed 4. Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
- FAO, 2007a. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture – in brief, edited by Dafydd Pilling & Barbara Rischkowsky. Rome.
- FAO. 2007b. Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration. Rome, FAO, 48 pp.
- FAO, 2013. In vivo conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome.
- Gandini, G., Villa, E., 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 1 – 11.
- Gandini, G., Ollivier, L., Danell, B., Distl, O., Geogoudis, A., Groeneveld, E., Martyniuk, E., Van Arendonk, J. & Woolliams, J. 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livest. Prod. Sci.* 91: 173–182.
- Lauvie, A., Audiot, A., Couix, N., Casabianca, F., Brives, H. & Verrier, E. 2011. Diversity of rare breed management programs: between conservation and development. *Livest. Sci.*, 140: 161–170.
- Oldenbroek, K. 2007. Introduction. Utilization and conservation of farm animal genetic resources, pp. 13–27. Wageningen, Netherlands, Wageningen Academic Publishers.
- Santiago, E., Caballero, A. 1995. Effective size of population under selection. *Genetics* 139, 1013-1030.
- Scherf, B. 2000. World watch list for domestic animal diversity. 3rd Edition. Rome, FAO.
- Simon, D.L. 1999. European approaches to conservation of farm animal genetic resources *AGRI* 25:79-99.
- Verrier E. 2015. Assessing the risk status of livestock breeds: a multi-indicator method applied to 178 French local breeds belonging to ten species. *Animal Genetic Resources* 57:105–118.
- Wright, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics* 16: 97–15.