

## Türkiye'deki rahvan yürüyüslü atlarda doublesex and mab-3 related transcription factor 3 (DMRT3) mutant allel dağılımı

Ceyhan ÖZBEYAZ, Banu YÜCEER, Ömer Faruk GÜNGÖR

Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Zootehni Anabilim Dalı, Ankara.

**Özet:** Türkiye'deki rahvan yürüyüslü ve değişik orijinlere sahip 265 atta DMRT3 mutant allel dağılımını incelemek amacıyla yapılan bu çalışmada, 182 Türkiye, 31 İran, 24 Afganistan ve 28 Bulgaristan orijinli at kullanılmıştır. Kan ve kıldan DNA izolasyonu yapılarak Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotiplendirmesi gerçekleştirilmiştir. SNP genotiplendirmesi 5' nükleaz yöntemi-ne göre yapılmış, her örnek için bir yabanıl tip, bir de mutant tip Polymerase Chain Reaction (PCR) karışımı hazırlanmış ve genotiplendirmeler bu karışımlara göre okunmuştur. Homozigot mutant genotip (AA) oranları orijinlere göre sırasıyla, %85.71, 96.77, 91.67 ve 96.43; heterozigot mutant genotip (CA) oranları %9.89, 3.23, 8.33 ve 0.00 olurken; homozigot yabanıl genotip (CC) oranları %4.40, 0.00, 0.00 ve 3.57 olarak tespit edilmiştir. Mutant allel (A) frekansları ise aynı sıraya göre %90.70, 98.40, 95.80 ve 96.40 olarak hesaplanmıştır. Hardy-Weinberg eşitliğine uyum için yapılan ki-kare analizinde Türkiye ve Bulgaristan orijinli atların genetik dengede olmadığı saptanmıştır ( $P < 0.001$ ). İncelenen farklı orijinli atlarda mutant allel olan "A" allelinin frekansı çok yüksek düzeyde (0.907-0.984) bulunduğundan bu atların tamamı "alternatif yürüyüslü atlar" olarak tanımlanmıştır. Gerek homozigot (CC) ve gerekse heterozigot (CA) yabanıl tip allele sahip bireylerden bazılarının da rahvan yürüyüşe sahip olması bu genotiplerde rahvan yürüyüş ile genotip ilişkisinin araştırılması gerekliliğine işaret etmektedir. Bu çalışmayla Türkiye'deki atlarda DMRT3 mutant allel varlığı belirlenmiş ve böylelikle DMRT3 genotiplerinin önceden belirlenebileceği, ayrıca kolay ve kısa zamanda pekiştirilmiş rahvan yürüyüş yapabilen atlar elde etmek amacıyla kullanılabilirliği ortaya konmuştur.

Anahtar sözcükler: At, DMRT3, mutasyon, rahvan, Türkiye.

### Mutant doublesex and mab-3 related transcription factor (DMRT3) allele distribution of pacing horses in Turkey

**Summary:** The study was carried out to investigate the DMRT3 mutant allele distribution of 265 pacing horses in Turkey from different origins (182 Turkish, 31 Iranian, 24 Afghan and 28 Bulgarian) were used in the study. Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping was determined according to the method of 5' nuclease by DNA isolation from blood/hair samples. A wild type and also one mutant type Polymerase Chain Reaction (PCR) mix was prepared for each sample and the genotypes were read by using these mixtures. According to origins, the genotype percentages were determined as 85.71, 96.77, 91.67 and 96.43 % for homozygote mutant (AA); 9.89, 3.23, 8.33 and 0.00 % for heterozygote mutant (CA); 4.40, 0.00, 0.00 and 3.57 % for homozygote wild (CC), respectively. Mutant allele (A) frequencies were calculated as 90.70, 98.40, 95.80 and 96.40%, in the same order. Horses that Turkish and Bulgarian origins were not in the genetic equilibrium ( $P < 0.001$ ). Mutant allele (A) frequencies were very high level (0.907-0.984) in examined different origin horses, so all these horses were defined as "alternative walking horses". Some of the horses had homozygote (CC) or heterozygote (CA) wild type allele had showed pacing gait indicated that relationships of pacing and genotype should be investigated in these genotypes. In conclusion, the presence of DMRT3 mutant allele in pacing horses in Turkey was detected for the first time. Thus, DMRT3 genotypes might be predetermined and those genotypes could be used to get pacing or gated horses easily and as soon as possible.

Key words: DMRT3, horse, mutation, pacing, Turkey.

### Giriş

Asırlar boyu insanla birlikte olmuş atlar, önceleri tarımda, ulaşımda ve savaşlarda kullanılırken günümüzde daha çok sportif amaçlarla kullanılmaktadır. Sportif amaçlı Arap ve İngiliz atlarıyla yapılan klasik koşular, konkurhipik müsabakaları ve dayanıklılık koşularında farklı ırkları kullanılmaktadır. Bunların dışında rahvan yürüyüşe sahip olan atlarla yapılan yarışmalar da bulun-

maktadır. Atlarda temel yürüyüşlerden olan normal yürüyüş, tırıs ve dörtnal dışında bazı özel yürüyüş şekilleri de vardır. Bunlardan bir tanesi rahvan yürüyüşüdür. Rahvan yürüyüş, eşeklerde de çok görülen binicisini yormayan, atın aynı taraftaki ön ve arka ayaklarının aynı anda hareket ettiği bir yürüyüş şeklidir (7, 9, 14). Bu yürüyüş şekli bazı ırklarda bir ırk özelliğidir. Nitekim Batu (7) Ayvacık Midillisi ve Canik atlarının en belirgin özellikle-

rinden birinin rahvan yürüyüşleri olduğundan bahsetmiştir. Dünya’da da rahvan yürüyüşü ile ünlü American Saddlebred, Icelandic Horse, Paso Fino, Standard Bred, Cuban Paso gibi birçok at ırkı yetiştirilmektedir (10). Bu özel yürüyüş şekli çok yüksek düzeyde kalıtlılabirlik göstermektedir (1). Çağlayan ve ark. (8), bir atın rahvan yürüyüş yapabilmesi için rahvan yürüyüş özelliğine sahip olması gerektiğini eğer bu özellik yoksa çok özel çalışma ve zorlamaya ihtiyaç olduğunu bildirmektedirler.

Rahvan yürüyüşün genetik temelini açıklamaya yönelik temel bilgiler üretebilmek amacıyla Özbeyaz ve ark. (15), Türkiye’deki rahvan koşan atlar arasındaki genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Bu amaçla 353 at incelenmiştir. Rahvan yürüyüşün genetik temelini olmasının ihtimal dahilinde olduğu hipotezinden hareketle yapılan bu araştırmada 17 mikrosatelit lokus bakımından ayrışma olmadığı yani bu atların aynı kümede yer aldıkları ortaya konmuştur.

Bu çalışmanın tamamlanmasından bir süre önce Andersson ve ark. (3) tarafından “Atlarda lokomosyonu ve farelerde omurilik fonksiyonunu etkileyen DMRT3’teki mutasyonlar” isimli araştırma makalesi yayınlanmıştır. Bu çalışmada atların 23. kromozomunda, DMRT3 (doublesex and mab-3 related transcription factor 3) geni tarafından kodlanan proteinin 301. kodonunda serin aminoasidinin stop kodonuna dönüşmesine neden olan bir mutasyon tespit edilmiştir. Genin 301. pozisyonundaki Serin aminoasiti (TCG), C>A mutasyonu sonucu stop kodonuna dönüşmektedir (TAG). DMRT3 - Ser 301 STOP adı verilen bu mutasyon ile rahvan yürüyüş arasında önemli bir ilişki olduğu bildirilmiştir. Andersson (2), İzlanda atlarında DMRT3 mutant geninin rahvan yürüyüşe izin verdiğini ve basit resesif kalıtım izlediğini bildirmektedir. Petersen ve ark. (16), DMRT3 ile ilgili olarak mevcut verilerin yürüyüş yönünden yapılacak seleksiyon işlemlerinde kullanılabileceği düşüncesinde olduklarını belirtmişlerdir.

Yüksek frekansta DMRT3 mutant allele sahip at ırkları yüksek hızlarda bile özelleşmiş yürüyüşlerini bozmadan devam ettirebilmektedirler (3). Tarih boyunca binici için rahat yürüyüşe sahip atları belirleyen insanlar bu atları çoğaltmışlardır ve dünyanın hemen her bölgesinde rahvan yürüyüş at ırkları elde edilmiştir. Öte yandan, bu mutasyon rahvan yürüyüşü kolaylaştırmakta ve rahvandan dörtnala geçişi de durdurduğu bildirilmektedir (3).

DMRT3 mutasyonu, klasik yürüyüşlerden farklı alternatif yürüyüşlerin yapılabilmesini sağlarken yani bu yürüyüşlere sahip atlar için bir avantaj iken klasik yürüyüşe sahip at ırkları için dezavantaj oluşturmaktadır (3). Nitekim alternatif yürüyüşe sahip olmayan Arap, İngiliz, Arden at ırklarında ve Przewalski yabani atında mutant allele rastlanmadığı bildirilmiştir. DMRT3 lokusu bakı-

mından yabancı allel “C”; mutant allel ise “A” harfi ile isimlendirilmektedir (3, 17).

Amerikan Standardbred ırkı, rahvan ve tırıs yürüyüş özelliğine sahip iki alt populasyona ayrılmaktadır. Her iki alt tipin mutasyon bakımından homozigot (1.00) olduğu bildirilmiştir (n=97). İzlanda atlarında homozigotluk oranı 0.89 iken Fransız tırısçılarında 0.77’dir. Mutasyon bazı ırklarda sabitlenmiş, bazılarında ise sabitlenmemiştir. Diğer taraftan DMRT3 mutasyonunun, damızlık değeri ve kazanç ile yakın ilişkide olduğu belirtilmiştir (3).

Atlara ilgili paleontolojik çalışmalar yapan Antikas (5), Yunanistan’daki yerli atlarda DMRT3 mutant allel varlığını, Washington Üniversitesi, Tarih Bölümündeki bilimsel çalışmaları esnasında yapılan ortak bir çalışmada incelemiştir. Bu çalışmada, test edilen toplam 135 atın %87.4’ü DMRT3 alleli bakımından homozigot veya heterozigot olmuştur. Alternatif yürüyüşe sahip bu atların tarihsel süreci incelendiğinde DMRT3 mutasyonunun yaklaşık 2700 yıl önce genomlarında sabitlendiğini ifade ederek kazılardan çıkan at iskeletlerinin DNA testlerinin yapılması ile, mutasyonun hangi çağda sabitlenmiş olabileceğine dair çalışmalarda bulunulabileceğini vurgulamıştır.

Andersson ve ark. (3)’nın, atlarda DMRT3 mutasyonunu bildirmesinin ardından Promerová ve ark. (17), atlarda DMRT3 gen frekansının dağılımını dünya ölçeğinde incelemişlerdir. Bu çalışmada 141 at ırkından toplam 4396 atın genotiplendirilmesi yapılmıştır. Bu ırklardan 68’inde %1-100 düzeyinde değişen frekanslarda DMRT3 mutasyonu olduğu bildirilmiştir. Mutasyonun coğrafi bir alanla sınırlı olmadığı ve tüm dünyaya yayıldığı bildirilmiştir. Mutant gen frekansı %50’nin üzerinde olan ırklar alternatif yürüyüşlü veya arabalı yarışlarda koşan ırklar olarak sınıflandırılmıştır.

Günümüze kadar rahvan yürüyüşün genetik mekanizması bilinmemekle beraber Bateson (6) 1907 yılında, rahvan yürüyüş için damızlık kayıtlarını incelemiş ve bu yürüyüşün resesif bir karakter olabileceğini ifade etmiştir. Atlarda 2012 yılında yürüyüşler üzerine etkili olan bir gen bulunmuş ve bu gen “alternatif yürüyüş geni” olarak isimlendirilmiştir (3).

Türkiye’de asırlardır farklı ırklardan, rahvan yürüyüş atlar yetiştirilmektedir. Ancak at sayısının azalmasına bağlı olarak ırk özelliklerini gösteren at grupları bulunmamaktadır. Günümüzde bu atlar amatör olarak rahvan yarışlarında koşturulmakta ve bazı yerlerde sadece biniş amaçlı kullanılmaktadır (15). Öte yandan yarışlar dolayısıyla Bulgaristan’dan rahvan koşan atlar ithal edilmekte, İran ve Afganistan orijinli olduğu iddia edilen rahvan koşan atlar Türkiye’ye girmektedir. Türkiye’nin değişik bölgelerinde rahvan koşularının yapılması nedeniyle yerli ve yurtdışından gelen bu atlar Türkiye içerisinde büyük bir hareketlik göstermektedir. Bulgar atları olduk-

ça yüksek yapılı olması nedeniyle melezlemelerde kullanılmakta; İran ve Afganistan orijinli olanlar da yerli olanlara göre biraz daha yüksek ve hızlı olmaları nedeniyle damızlık olarak da kullanılmaktadırlar. Bu araştırmada Türkiye’de rahvan koşan yerli atlar ile İran, Afganistan ve Bulgaristan orijinli atlardaki DMRT3 mutant allelinin dağılımının incelenmesi amaçlanmıştır.

### Materyal ve Metot

Bu araştırma Ankara Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu’nun 27/08/2010 tarih ve 2010-96-337 sayılı etik kurul kararı kapsamında yürütülmüştür. Araştırmanın hayvan materyalini, Türkiye’de rahvan koşularına katılan atlar oluşturmuştur. Bu amaçla Türkiye’nin yedi coğrafi bölgesinden 182 yerli; Bulgaristan’dan ithal edilen 28; İran’dan geldiği ifade edilen 31 ve Afganistan’dan geldiği belirtilen 24 olmak üzere toplam 265 baş ata ait kan veya kıl örnekleri kullanılmıştır.

**DNA izolasyonu:** Araştırmanın hayvan materyalini oluşturan rahvan atlardan genetik analizlerin yapılabilmesi için kan/kıl örnekleri alınmıştır. Kıl örnekleri kök kısımlarının bulunduğu taraftan 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 (4).

**SNP genotipleme:** Bu çalışmada, DMRT3 gen bölgesindeki Ser301STOP mutasyonu, SNP yöntemiyle tespit edilmiştir (GenBank: CM000399.2). Çalışma 5’nükleaz yöntemine göre yapılarak her örnek için bir yabancı tip, bir de mutant tip PCR karışımı hazırlanmış ve genotiplendirmeler bu karışımlara göre yapılmıştır (3, 11). Gen bölgesini çoğaltmak ve mutasyonun tespiti için kullanılan primer dizileri;

Yabancı tip PCR karışımı için,

P1: 5’ GCCGCCGACCGAACTAC 3’,

P2: 5’ GGGACAACGTTACTAGAGTCTG 3’,

Mutant tip PCR karışımı için,

P1: 5’ GGCCGCCGACCGAACTAA 3’,

P2: 5’ GGGACAACGTTACTAGAGTCTG 3’ şeklindedir (3).

Çalışmada hem yabancı tip hem de mutant tip PCR karışımı için TaqMan® prob dizisi olarak 5’ FAM CGAGAGCCTCGTGTGCCCTCCAA BHQ 3’ dizisi kullanılmıştır.

PCR işlemleri için hazırlanan karışımların içerikleri;

Yabancı tip PCR karışımı için; 5 µl 10X buffer, 4 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.7 pmol P1 ve P2, 0.4 pmol prob, 100 ng DNA, 0.3 µl HotStart Taq DNA polymerase kullanılmış ve karışıma toplam hacim 25 µl olacak şekilde PCR grade su eklenerek hazırlanmıştır.

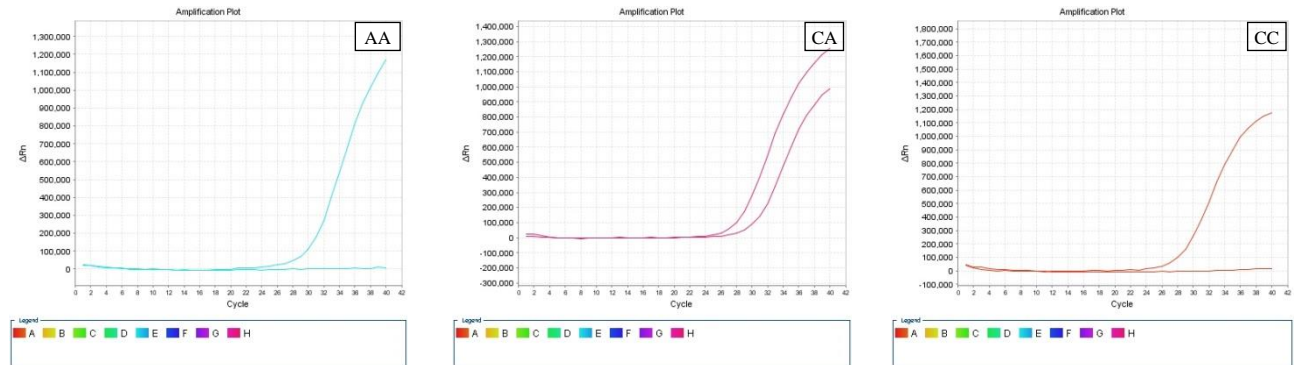
Mutant tip PCR karışımı için; 5 µl 10X buffer, 4 mM MgCl<sub>2</sub>, 1.8 pmol P1 ve P2, 0.7 pmol prob, 100 ng DNA, 0.3 µl HotStart Taq DNA polymerase kullanılmış ve karışıma toplam hacim 25 µl olacak şekilde PCR grade su eklenmiştir.

DMRT3 gen bölgesinin çoğaltılması için 95°C’ de 10 dakikalık başlangıç denatürasyonunun ardından, 95°C’de 15 saniye ve 60°C’ de 1 dakika olmak üzere 50 döngüden oluşan PCR protokolü uygulanmıştır. PCR işlemi ABI 7500 cihazında yapılmış ve probdaki FAM boyasına bağlı floresan ışımalarla bakılarak, hangi PCR karışımında ışımaya olduğu tespit edilmiştir. Buna göre sadece yabancı tip PCR karışımında ışımaya varsa örnek homozigot yabancı tip (CC), hem yabancı tip hem mutant tip PCR karışımında ışımaya varsa heterozigot (CA), sadece mutant tip PCR karışımında ışımaya varsa örnek homozigot mutant (AA) olarak değerlendirilmiştir.

**İstatistik analizler:** Gen frekansları gen sayma yöntemiyle tespit edilmiştir. Gruplardaki genotip frekanslarının genetik dengede olup olmadığı ki-kare testiyle kontrol edilmiştir (12, 13).

### Bulgular

Homozigot yabancı, homozigot mutant ve heterozigot genotiplerin değerlendirmeye esas olan görüntüleri Şekil 1’de gösterilmiştir. Farklı orijinli atlara ait DMRT3 lokusu bakımından genotip ve gen frekansları Tablo 1’de verilmiştir. İncelenen farklı orijinli atlarda DMRT3 mu-



Şekil 1. Homozigot mutant (AA), heterozigot (CA) ve homozigot yabancı (CC) genotiplere ait görüntüler.  
Figure 1. Images of genotypes for homozygote mutant (AA), heterozygote (CA) and homozygote wild (CC).

Tablo 1. Türkiye’de rahvan yürüyüşe sahip farklı orijinli atlardaki DMRT3 genotip ve gen frekansları.  
Table 1. DMRT3 genotype and gene frequencies for pacing horses of different origins in Turkey.

Orijin	n	Genotip			Gen Frekansı		X <sup>2</sup>	P
		AA	CA	CC	A	C		
Yerli	182	156 (149.70)	18 (30.68)	8 (1.56)	0.907	0.093	32.08	***
İran	31	30 (38.00)	1 (0.97)	-	0.984	0.016	1.68	-
Afganistan	24	22 (22.02)	2 (1.93)	-	0.958	0.042	0.00	-
Bulgaristan	28	27 (25.96)	-	1 (0.036)	0.964	0.036	25.85	***
Genel	265	235	21	9	0.926	0.074		

( ): Parentez içerisindeki rakamlar beklenen genotip sayılarıdır.

( ): The numbers in parentheses are expected genotype numbers.

-.: P>0.05 \*\*\*: P<0.001 X<sup>2</sup>: ki kare

-.: P>0.05 \*\*\*: P<0.001 X<sup>2</sup>: chi square

Tablo 2. DMRT3 yabanıl allele sahip olan genotiplere göre rahvan yürüyüşü bozan ve bozmayan atların sayısı.

Table 2. The number of horses which disrupting or not to pacing according to genotypes having DMRT3 wild allele.

Orijin	n	CC		n	CA	
		Bozan	Bozmayan		Bozan	Bozmayan
Yerli	8	5	3	18	11	7
İran	-	-	-	1	-	1
Afganistan	-	-	-	2	-	2
Bulgaristan	1	1	-	-	-	-
Toplam	9	6 (%66.7)	3 (%33.3)	21	11 (%52.4)	10 (%47.6)

tant allele (A) frekanslarının 0.907-0.984 arasında değiştiği görülmektedir. DMRT3 lokusunda mutant dışındaki diğer allele yabancı tip olarak bildirilen C alleli olup frekansları ise 0.016-0.093 arasında değişmiştir. Homozigot CC genotipi Türkiye orijinli atlarda %4.4, Bulgaristan atlarında %3.6 düzeyinde tespit edilirken, Afganistan ve İran orijinli atlarda %0.0 olmuştur. Hardy-Weinberg eşitliğine uyum bakımından yapılan ki-kare analizinde Türkiye orijinli ve Bulgaristan orijinli atların Hardy-Weinberg eşitliğinden önemli düzeyde (P<0.001) saptığı belirlenmiştir.

Yabancı tip allele sahip genotiplerdeki atların rahvan yürüyüşleriyle ilgili at sahiplerinden elde edilen bilgilere göre, CC genotipli Türkiye orijinli atların beşi rahvanı bozmakta üçü bozmamakta; CA genotipine sahip olanların onbiri rahvanı bozmakta yedisi bozmamaktadır. CA genotipine sahip bir İran ve iki Afgan atı rahvanı bozmamaktadır. CC genotipli bir Bulgar atı ise rahvanı bozmaktadır (Tablo 2).

### Tartışma ve Sonuç

Bu çalışmada, Türkiye’de rahvan yürüyüşe sahip atlarda, alternatif yürüyüşleri kontrol ettiği bildirilen DMRT3 mutant allelinin (A alleli) varlığı ve dağılımı incelenmiştir. İncelenen tüm atlarda A geninin frekansının %90’nın üzerinde olduğu bulunmuştur. Dolayısıyla, Promerová ve ark. (17)’nin A geni frekansının %50’nin üzerinde bulunduran ırkları alternatif yürüyüşlü ırklar

(gaited breeds) olarak tarif ettikleri göz önüne alındığında, bu çalışmada incelenen Türkiye’de yetiştirilen dört farklı orijinden 265 atın alternatif yürüyüşlü atlar olduğu söylenebilir. Böylelikle bu atlarda mutant allele frekansının %90’ların üzerinde bulunması bu atların “alternatif yürüyüşe sahip atlar içerisinde” değerlendirilmesini mümkün kılmaktadır.

Mutasyon bir kere ortaya çıktıktan sonra, yürüyüşü beğenilen bu atların damızlıkta kullanılmasıyla mutasyonun popülasyon içerisindeki frekansı artmış olabilir. Böylelikle mutant allelin (A alleli) frekansı çoğalarak yaygınlaşmış ve melezlemelerle değişik morfolojik yapılar, ancak temel yürüyüşlerden farklı yürüyüşlere (rahvan) sahip atlar ortaya çıkmış olabilir.

İncelenen genotiplerden Türkiye ve Bulgaristan orijinli popülasyonların DMRT3 lokusu bakımından Hardy-Weinberg eşitliğine uymadıkları belirlenmiştir (P<0.001). Bunlardan Türkiye orijinli popülasyonda DMRT3 geni bakımından 182 attan onsekizinin CA ve sekizinin CC genotipinde olduğu tespit edilmiştir. Yerli at örnekleri tüm Türkiye’yi temsil etmektedir ve bölgeler arasında çok aktif hayvan hareketleri bulunmaktadır. Buna bağlı olarak da popülasyonların altyapıları farklı olabilmektedir. Öte yandan uzun yıllar boyu Türkiye’de işgücünden yararlanan atlarla birlikte bulunduran yerli rahvan yürüyüşlü atların istemli ve istem dışı çiftleştirmelere maruz kaldığı söylenebilir. Dolayısıyla gen göçüne bağlı olarak allele frekansları değişmiş ve Hardy-

Weinberg eşitliği bozulmuş olabilir. Bulgaristan orijinli yirmi sekiz attan sadece bir tanesi CC genotipinde diğerleri AA genotipindedir. Bu genotipte Hardy-Weinberg eşitliğini bozan yapının bir ata homozigot CC genotipinin olmasının olduğu düşünülmektedir. Bu bireyin tekrarlanan analizlerinde okumadan kaynaklanabilecek yanlışlığın olmadığı belirlenmiştir. Öte yandan Afganistan ve İran orijinli atların genetik dengede olduğu hesaplanmıştır. İran, Afganistan ve Bulgaristan orijinli atlarda, frekansı 0.958-0.984 arasında değişen mutant "A" allelinin neredeyse sabitlendiği söylenebilir. Bu atlarda rahvan yürüyüşüne yönelik olarak ve dolayısıyla mutant A alleli yönünden bilinçli olmayan bir seleksiyon yapıldığı söylenebilir.

Homozigot AA veya heterozigot CA genotipli atların rahvan yürüyüş yaptığı belirtilmekle beraber yetiştiricilerin beyanları esas alındığında bazı homozigot CC genotipli atların da rahvan yaptığı ifade edilmektedir. Bu araştırmada incelenen atlarda at sahiplerinin beyanlarına dayanarak homozigot CC genotipine sahip atların % 33.3'ünün, heterozigot CA genotipine sahip atların % 47.6'sının rahvan yürüyebildiği görülmektedir. Promerová ve ark. (17), İzlanda atlarında CC genotiplilerinden bazılarının değişken bir aralıkta tölt adı verilen yürüyüşü yapabildiklerini ancak asla rahvan (pace) yapamadıklarını bildirmektedirler. İzlanda atlarında tölt yürüyüşünün kalıtım derecesi 0.53-0.56 arasında bulunmuştur (1). Dolayısıyla özellikle homozigot yabancı ve heterozigot genotiplerde yürüyüş şekli ve niteliği ile genotip ilişkisinin araştırılması önem taşımaktadır. Canlılarda lokomasyonla ilgili olarak DMRT3 proteininin etkisi açıklanmış olmakla birlikte "C" alleleline sahip bazı fertlerin nasıl alternatif yürüyüş veya rahvan yaptıkları henüz tam olarak bilinmemektedir. Bu nedenle rahvan yürüyüşü etkileyen başka faktörlerin veya genlerin de bulunması ihtimal dahilindedir (17). Öte yandan, Amerikan Standartbred ırkında rahvan ve tırsıç alt tiplerinde mutant allel homozigot olmakla beraber tırsıç alt tipteki atlar rahvan yürüyememektedir. Andersson ve ark. (3) bu ırkta, mutasyonun tırsıç veya pace kabiliyetini teşvik edebildiğini ancak atın hangi yürüyüşüne daha iyi uyum sağlayacağını "genetik dönüştürücülerin" belirlediğini bildirmektedirler.

Diğer taraftan konkur ve dresaj atlarında rahvan yürüyüş istenmeyen bir özelliktir. İngiliz ve Arap atlarında da mutant allele rastlanmamıştır. Muhtemelen konkur ve dresaj atlarında olduğu gibi yarış atlarında da mutant allelin bulunması yarış (dörtal) performansını olumsuz etkilemektedir. Bu nedenle bu atlarda "A" allelinin sürüden uzaklaştırılması gerekirken, rahvan yürüyüşüne sahip atlarda ise "A" allelinin sabitleştirilmesi önem taşımaktadır. Dolayısıyla bu çalışma bulgularına göre rahvan popülasyonlarında "A" alleli yönünden seçim yapılmış olduğu ancak bazı popülasyonlarda yabancı allelin (C) düşük düzeyde de olsa bulunduğu yani "A" allelinin henüz sabitleşmediği söylenebilir.

Promerová ve ark. (17) tarafından yürütülen araştırmada, "A" allel frekansı Yunanistan'dan alınan örneklerden Cretan atında 0.977, Pinia atında 0.971, Pindos atında 0.233, Rhodes atında 0.417, Thessalian atında 0.250; İran'dan alınan örneklerde Türkmen atında 0.100, Caspian atında 0.087, Yamut atında 0.029; Gürcistan'da Tashuri atında ise 0.467 olarak bildirilmiştir. Bunlardan Cretan ve Pinia atının alternatif yürüyüşlü (gaited) ırklar arasında değerlendirildiği, diğerlerinden bazılarının alternatif yürüyüşüne sahip olduğu ifade edilmiştir. Türkiye'deki rahvan yürüyüşüne sahip atlar da alternatif yürüyüşlü (gaited) atlar içerisinde değerlendirilebilir ve bu atların komşu ülkelerdeki rahvan yürüyüş ırklarla olan genetik ilişkilerinin değişik belirteçler yardımıyla araştırılması sayesinde akrabalık durumları ve mutasyonun başlangıcına ait yeni bilgilerin elde edilmesi mümkün olabilir.

DMRT3 mutant alleli, artan hızlarda bile hareketlerdeki koordinasyonu ve ritmi koruduğu için atların rahvanı bozmadan koşmalarına yardımcı olduğu belirtilmektedir. Rahvan yürüyüş için her ne kadar mutant allel bakımından homozigot olunmasına ihtiyaç bulunsun da tek başına bu yeterli olmamaktadır. Nitekim gerek İzlanda atlarında gerekse Standartbred ırkında homozigot mutant allele sahip olanların tamamı rahvan koşmamaktadır. Bununla birlikte rahvan koşanların homozigot mutant allele sahip olanlardan ortaya çıkması dikkate alındığında (3) henüz tay iken atların DMRT3 bakımından genotipleri belirlenerek daha kolay rahvan koşan atlar elde edilebileceği söylenebilir. Öte yandan mevcut atların DMRT3 bakımından genetik durumlarının veya kapasitelerinin önceden tespit edilmesiyle bu atların yürüyüşlerinin daha iyi pekiştirilmesi mümkün olabilir. Alternatif yürüyüş şekilleri ile DMRT3 polimorfizmi arasındaki ilişkilerin araştırıldığı çalışmalarla bu genin atlarda alternatif yürüyüş şekilleri için marker olarak kullanılıp kullanılmayacağı incelenmelidir.

### Teşekkür

Bu araştırma TÜBİTAK (TOVAG) tarafından desteklenen 110 O 824 nolu projeye bağlantılı olarak yürütülmüştür. TÜBİTAK'a desteklerinden dolayı teşekkür ederiz.

### Kaynaklar

1. **Albertsdóttir E, Eriksson S, Sigurdsson Á, Árnason T** (2011): *Genetic analysis of 'breeding field test status' in Icelandic horses*. Journal of Animal Breeding and Genetics, **128**, 124-132.
2. **Andersson LS** (2012): *Equine Trait Mapping. From Disease Loci to the Discovery of a Major Gene Controlling Vertebrate Locomotion*. Doctoral Thesis, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala.

3. **Andersson LS, Larhammar M, Memic F, Wootz H, Schwochow D, Rubin C-J, Patra K, Arnason T, Wellbring L, Hjäl m G, Imsland F, Petersen JL, McCue ME, Mickelson JR, Cothran G, Ahituv N, Roepstorff L, Mikko S, Vallstedt A, Lindgren G, Andersson L, Kullander K** (2012): *Mutations in DMRT3 affect locomotion in horses and spinal circuit function in mice*. Nature, **488**, 642–646.
4. **Anonim** (2014b): *QIAamp DNA Mini Kit*. Erişim Adresi: [www.qiagen.com/products/catalog/sample-technologies/dna-sample-technologies/genomic-dna/qiaamp-dna-mini-kit](http://www.qiagen.com/products/catalog/sample-technologies/dna-sample-technologies/genomic-dna/qiaamp-dna-mini-kit) Erişim Tarihi: 07.08.2014
5. **Antikas TG** (2013): *Native Greek horses: from man- and fish-eaters B.C. to DMRT3 gaiters in modern times*. International Conference (Szürkék, rackák, mangalicák - Nemzetközi konferencia Matolcsi János tiszteletére), Budapest.
6. **Bateson W** (1907): *Trotting and pacing: Dominant and recessive?* Science, **26**, 908.
7. **Batu S** (1962): *Türk Atları ve At Yetiştirme Bilgisi*. ss: 93, 95. Ankara.
8. **Çağlayan T, İnal S, Garip M, Coşkun B, İnal F, Günlü A, Güleç E** (2010): *The determination of situation and breed characteristics of Turkish Rahvan horse in Turkey*. J Anim Vet Adv, **9**, 674-680.
9. **Güleç E** (1996): *Türk Rahvan Atı ve Atçılığı*. ISBN: 975-95931-5-7, Ankara.
10. **Hendricks BL** (1995): *International Encyclopedia of Horse Breeds*. University of Oklahoma Press, Norman.
11. **Higgins JA, Hubalek Z, Halouzka J, Elkins KL, Sjostedt A, Shipley M, Ibrahim MS** (2000): *Detection of Francisella tularensis in infected mammals and vectors using a probe-based polymerase chain reaction*. The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, **62**, 310–318.
12. **Nei M** (1987): *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
13. **Özbeyaz C, Yıldız MA, Çamdeviren H** (2001): *Türkiye’de yetiştirilen farklı Esmer sığır sürüleri arasındaki genetik ilişkiler*. Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences, **25**, 453-461.
14. **Özbeyaz C** (2005): *At Yetiştiriciliği Ders Notları*. Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Zootečni Anabilim Dalı, Ankara.
15. **Özbeyaz C, Akçapınar H, Yıldız MA, Yüceer B, Yaralı C** (2013): *Türkiye’de Rahvan Koşan Atlar Arasındaki Fenotipik ve Genetik Çeşitlilik*. TÜBİTAK-TOVAG, Proje No: 110O824, Sonuç Raporu, Ankara.
16. **Petersen JL, Mickelson JR, Rendahl AK, Valberg SJ, Andersson LS, Axelsson J, Bailey E, Bannasch D, Binns MM, Borges AS, Brama P, Machado AC, Capomaccio S, Cappelli K, Cothran EG, Distl O, Fox-Clipsam L, Graves KT, Guérin G, Haase B, Hasegawa T, Hemmann K, Hill EW, Leeb T, Lindgren G, Lohi H, Lopes MS, McGivney BA, Mikko S, Orr N, Penedo MCT, Piercy RJ, Raekallio M, Rieder S, Roed KH, Swinburne J, Tozaki T, Vaudin M, Wade CM, McCue ME** (2013): *Genome-wide analysis reveals selection for important traits in domestic horse breeds*. PLOS Genetics. DOI: 10.1371/journal.pgen.1003211.
17. **Promerová M, Andersson LS, Juras R, Penedo MCT, Reissmann M, Tozaki T, Bellone R, Dunner S, Hořín P, Imsland F, Imsland P, Mikko S, Modrý D, Roed KH, Schwochow D., Vega-Pla JL, Mehrabani-Yeganeh H, Yousefi-Mashouf N, Cothran EG, Lindgren G, Andersson L** (2014): *Worldwide frequency distribution of the ‘Gait keeper’ mutation in the DMRT3 gene*. Animal Genetics, **45**, 274–282.

Geliş tarihi: 15.09.2014 / Kabul tarihi: 23.03.2015

**Yazışma adresi:**

Prof. Dr. Ceyhan Özbeyaz  
Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi,  
Zootečni Anabilim Dalı,  
06170 Dışkapı/ANKARA  
email: ozbeyaz@ankara.edu.tr