

# Allel Sayılarının ve Allel Frekanslarının Heterozigotluk ve Polimorfizm Bilgi İçeriği Üzerine Etkilerinin Değerlendirilmesi

## Evaluation of the Effects of Allele Numbers and Allele Frequencies on the Heterozygous and Polymorphism Information Content

İsmet DOĞAN<sup>a</sup>,  
Nurhan DOĞAN<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Biyostatistik ve Tıbbi Bilişim AD,  
Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi  
Tıp Fakültesi,  
Afyonkarahisar, TÜRKİYE

Received: 01.11.2018  
Received in revised form: 25.12.2018  
Accepted: 12.03.2019  
Available online: 14.03.2019

Correspondence:  
Nurhan DOĞAN  
Afyonkarahisar Sağlık Bilimleri Üniversitesi  
Tıp Fakültesi,  
Biyostatistik ve Tıbbi Bilişim AD,  
Afyonkarahisar,  
TÜRKİYE/TURKEY  
nurhandogan@hotmail.com

**ÖZET Amaç:** Bu makalenin amacı heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği değerlerinin potansiyel yararlılığını gözden geçirmek ve değerlendirmek, allel sayılarının ve allel frekanslarının heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği değerlerine etkilerini incelemektir. **Gereç ve Yöntemler:** Polimorfizm derecesi genellikle iki farklı nicelik kullanılarak ölçülür. Bunlardan biri, rasgele seçilen herhangi bir bireyin heterozigot olma olasılığı olarak bilinen heterozigotluk değeri, diğeri ise belirtecin polimorfizmi ayırt edici gücünün bir tahmini olan polimorfizm bilgi içerik değeridir. Polimorfizm bilgi içerik değerleri döllenme türüne, organizmanın allel frekansının sayısına ve sıklığına bağlıdır. Mikrosatelit lokusta yer alan allel sayısındaki artış, gerek heterozigotluk gerekse polimorfizm bilgi içerik değerlerinde bir artışa neden olmaktadır. **Bulgular:** Heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği değerleri, allel sayısı 20 ve her bir göreceli allel frekans 0,05 olduğunda optimal değerlere ulaşmaktadır. Polimorfizm bilgi içerik değeri daima heterozigotluk değerinden daha düşüktür. Dolayısıyla, kısmen bilgilendirici eşleşmeler için polimorfizm bilgi içerik değeri, düzeltilmiş heterozigotluk değeri olarak da düşünülebilir. **Sonuç:** Tüm örneklerin sınıflandırılmasında gerekli olan belirteç sayısının belirlenememesinden dolayı yapılacak deneylerde kullanılacak belirteçler, yalnızca polimorfizm bilgi içeriğine dayalı olarak seçilmelidir. Genel olarak tavsiye edilen, daha fazla sayıda polimorfizm veya yüksek polimorfizm bilgi içerik değeri olan belirteçlerin kullanılmasıdır. Bununla birlikte, deneme başına kullanılacak belirteç sayısı polimorfizm bilgi içeriği değerlerinden yararlanılarak belirlenemez. Polimorfizm bilgi içerik değeri, bir belirtecin bilgiselliğini iyi bir şekilde tahmin etse de, yalnızca özel bir belirtece işaret eder.

**Anahtar Kelimeler:** Polimorfizm; genetik çeşitlilik; heterozigotluk; polimorfizm bilgi içeriği

**ABSTRACT Objective:** The purpose of this article is to review and to evaluate the potential usefulness of heterozygosity and polymorphism information content (PIC) values, also examine the effects of allele numbers and allele frequencies on heterozygosity and PIC values. **Material and Methods:** Quantitatively, the degree of polymorphism is commonly measured by two distinct quantities. One is known as heterozygosity, the probability that any randomly chosen individual is heterozygous. Another measure of polymorphism is the PIC value, which is an estimate of the discriminatory power of the polymorphism of the marker. The PIC values depending on the type of fertilization, the number and frequency of the allele frequency of the organism. The increase in the number of alleles per microsatellite locus translates into an increase in the PIC. **Results:** The heterozygosity and PIC values are reached the optimum values when the allele number is 20, and the each relative allele frequency is 0.05. PIC always be lower than the heterozygosity and can be considered to be the heterozygosity corrected for partially informative matings. **Conclusion:** Should markers for future experiments be chosen based only on PIC, the necessary number of markers for discrimination of all samples cannot be determined. The general recommendation is to run more markers with greater numbers of polymorphism or high PIC values. However, no specific number of markers to run per experiment can be extracted from PIC values. Although PIC value gives a good estimation of the informativeness of a marker, the PIC value only refers to a particular marker.

**Keywords:** Polymorphism; genetic diversity; heterozygosity; polymorphism information content

**E**vrim ile ilgili çalışmalar, genel olarak genetik varyasyonların kapsamını ve nedenlerini karakterize etmek biçiminde ifade edilmektedir. Genetik varyasyon, adaptasyon ve türleşmenin bağlı olduğu temel materyali sağladığı için evrimin en önemli unsurudur ve aynı türün bireyleri arasında doğal olarak ortaya çıkan genetik farklılıkları ifade etmektedir. Genetik çeşitlilik, çok sayıda allelin varlığına ve aynı zamanda

popülasyondaki allellerin sıklığına bağlıdır ve bir türün değişen bir ortama uyum sağlama yeteneği ile ilgilidir. Değişen çevresel koşullar karşısında bir popülasyonun esnekliğini ve hayatta kalmasını sağladığı için genellikle önemli bir avantaj olarak kabul edilmektedir. Genetik çeşitlilik, türlerin temel bir özelliğidir ve mutasyon oranı, genetik sürüklenme, göç, doğal seleksiyon, popülasyon büyüklüğü gibi birçok faktörden etkilenmektedir. Ancak, türler arası varyasyon farklılıklarının öncelikle popülasyon büyüklüğü etkilerinden kaynaklandığı varsayılmaktadır.<sup>1</sup> Bilinmeyen bir çeşitlilik seviyesine sahip bir popülasyonda genetik çeşitliliği değerlendiren mikrosatellit çalışmalarında en az 20 ile 30 kişinin örnekleme tavsiye edilmektedir. Bununla birlikte, eleştirel olarak nesli tükenmekte olan popülasyonlar üzerinde yapılan araştırmalar (büyük örnek büyüklüklerinin imkansız olduğu veya elde edilmesi çok zor olduğu durumlarda), örneklem büyüklükleri idealin altında olsa bile genetik çeşitlilik ölçümlerini içermelidir. Bu tahminler, popülasyonun genetik çeşitliliğini değerlendirmede yararlı olabilir.<sup>2</sup> Bir popülasyonda heterozigotların sıklığı önemlidir, çünkü her heterozigot farklı allelleri taşımakta ve varyasyonun varlığını temsil etmektedir. Ancak, farklı homozigotların varlığı ve gen çeşitliliğinin daha uygun değerlere sahip olduğu durumlarda, popülasyonda kendiliğinden oluşan türler söz konusudur. Bir popülasyondaki genetik varyasyonun pratik ölçüsü, gözlemlenen heterozigosite miktarıdır ve bu genellikle tek bir lokus veya birkaç lokus dikkate alındığında ortalama olarak ifade edilmektedir.<sup>3</sup> Türler içerisindeki moleküler çeşitliliğin araştırılması uzun zamandan beri popülasyon genetikçileri tarafından önemli kabul edilmiştir ve allozyme elektroforezi kullanan birçok türün normal bireyleri arasındaki değişkenliğin keşfinden beri genetik belirteçlerin geliştirilmesi ve kullanımı biyolojide yaygınlaşmıştır. Bu nedenle, çeşitlilik ve bağlantı dengesizliği gibi popülasyon genetiği ile ilgili kavramlar, artık popülasyon biyolojisi çalışmalarında kullanılmaktadır.<sup>4</sup> Araştırmacıların ilgisini çeken özelliklerin ortaya çıkmasında rol oynayan genlerin tanımlanması ve haritalanması bitki, hayvan ve insan genetiğinin temel hedeflerinden biridir. Po-

limorfizm kavramı, son yıllarda çeşitli disiplinler tarafından yoğun bir çalışma konusu haline gelen popülasyondaki genetik değişkenliği belirlemek için kullanılmaktadır. Genellikle polimorfizm derecesinin değerlendirmesi için kullanılan iki kriter vardır. Bunlar heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriğidir (PIC).<sup>5</sup> PIC değeri, Botstein ve ark. (1980) tarafından ortaya konulan bir polimorfizm ölçüsüdür. Popülasyon genetiği çalışmalarında, belirteç genler veya belirteç diziler için polimorfizm derecesini ölçen PIC değeri ile polimorfik miktarı tahmin eden heterozigotluk değeri, pedigrilerde bağlantı analizi ile ilgili uygulamalarda kullanılmaktadır. Dolayısıyla PIC, heterozigotlukta farklıdır. PIC, allellerin sayısına ve sıklıklarının dağılımına bağlı olarak, bir popülasyondaki polimorfizmi saptamak için bir belirteçin değerini ifade etmektedir. Dolayısıyla PIC, dikkate alınan bir belirteçin ayırt edici gücünün tahminidir. Bir başka ifade ile PIC, polimorfizmi saptamak için belirli bir DNA belirteçinin etkinliğinin bir ölçüsüdür (*Vilas BL. Polymorphic information content, transferability to other pulses and molecular diversity analysis in chickpea (Cicer arietinum L.) using microsatellite markers. MSc. Thesis, Department of Plant Biotechnology, University of Agricultural Sciences; 2014.*). PIC değeri genellikle bağlantı çalışmalarında genetik bir belirteçin bilgi düzeyini ölçmek için kullanılır. PIC değeri öncelikle, ebeveynlerden birinin etkilendiği nadir görülen dominant bir hastalık için ortaya konmuştur ve hastalığın kalıtım biçiminin bir fonksiyonudur.<sup>6</sup> Polimorfik belirteçlerin ortaya çıkışı ve uygulanması ile birlikte araştırmalar, belirteçlerin heterozigotluk analizi ile akrabalığı tahmin etmek için uygun ölçütlerin tasarlanmasıyla ilgilmiştir. Daha açık ve sezgisel olarak araştırmacılar, heterozigotluğu tahmin etmek ve bu konuda çok miktarda pozitif sonuç vermek için yaygın bir şekilde polimorfik belirteçleri kullanmaktadırlar.<sup>7</sup> Moleküler belirteçler, türler ve popülasyonlar arasındaki ve içindeki genetik çeşitliliğin karakterizasyonu ve değerlendirilmesinde değerli araçlar olduklarını kanıtlamışlardır. Belirteç sistemleri, polimorfizme dayanan bilgi içeriğinde farklılık gösterir. Polimorfizm kavramı, son yıllarda yaygın olarak, çeşitli bilimsel disiplin-

linler, örneğin genetik, ekoloji, zooloji ve mikrobiyoloji tarafından incelenen bir popülasyondaki genetik varyasyonu tanımlamak için kullanılmaktadır.<sup>8</sup> Varyasyon ölçümü için farklı istatistikler kullanılmaktadır. Bir popülasyonda bulunan allellerin sayısı ve allellerin popülasyonda görülme sıklığı genetik çeşitliliğin büyüklüğü üzerinde bir etkiye sahiptir. Bu makalenin amacı heterozigotluk ve PIC değerlerinin potansiyel yararlılığını gözden geçirmek ve değerlendirmek, ayrıca allel sayılarının ve allel frekanslarının heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği değerlerine etkilerini incelemektir.

## GEREÇ VE YÖNTEMLER

Morfolojik, biyokimyasal ve moleküler belirteçler gibi genetik değişkenliğin değerlendirilmesi için çeşitli teknikler mevcuttur. Moleküler belirteçler, DNA polimorfizmini spesifik lokus seviyesinde ve ayrıca genom seviyesinde tespit eden en güçlü diagnostic araçtır.<sup>9</sup> Literatürdeki son bilgiler mikrosatellitlerin, hem heterozigotluğun belirlenmesinde ve yakın ilişkili türler arasında genetik mesafelerin hesaplanmasında yararlı olduklarını hem de popülasyondaki PIC'in yanı sıra etkili allel sayısı gibi genetik indeksleri belirlemek için de uygun olduğunu ortaya koymuştur.<sup>10</sup> Popülasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olduğu varsayımı altında  $n$  tane allel'e sahip bir lokusun PIC değeri, aşağıdaki gibi hesaplanabilir;

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \left[ \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2 \right] \quad (1)$$

Formülde  $p_i$  ve  $p_j$  değerleri sırasıyla  $i$  nci ve  $j$  nci allellere ait nisbi frekansları göstermektedir.<sup>8</sup> PIC ve heterozigotluk değerleri ile eşit sıklıkta allellerin standart hataları Shete ve ark. tarafından tartışılmıştır.<sup>11</sup> Popülasyon genetiği çalışmalarında, Hardy-Weinberg denklemi, bir popülasyondaki gözlemlenen genotip frekanslarının, denklemin öngördüğü frekanslardan farklı olup olmadığını ölçmek için kullanılabilir. Hardy-Weinberg denklemi, dengede bir popülasyonun genetik varyasyonunu hesaplamak için kullanılabilir.

tematiksel bir denklemdir. Denklem, Hardy-Weinberg dengesi olarak bilinen prensibin bir ifadesidir ve bir popülasyondaki genetik varyasyon miktarının, varyasyonu oluşturacak faktörlerin yokluğunda, bir nesilden diğerine sabit kalacağını belirtmektedir. Genotip veya allel frekansların Hardy-Weinberg dengesinden önemli ölçüde sapması, genotipleme, beklenmedik popülasyon yapısı, genomda homolog bölgelerin varlığı ve vaka kontrol çalışmalarında dikkate alınan özellik ile ilişkili sistematik hataları gösterebilir. Hardy-Weinberg denklemi dikkate alınan allel sayısına bağlı olarak,

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1 \quad \text{iki allel için,}$$

$$p^2 + 2pq + q^2 + 2pr + 2qr + r^2 = 1 \quad \text{üç allel için,}$$

$$p^2 + 2pq + q^2 + 2pr + 2ps + 2qr + 2qs + r^2 + 2rs + s^2 = 1 \quad \text{dört allel için,}$$

biçimlerinde ifade edilir. Organizmaların çapraz döllenmiş olmasına, çapraz döllenmiş ve eşit sıklıkta allellere sahip olmasına veya kendi kendine döllenmiş olmasına bağlı olarak literatürde geliştirilmiş farklı PIC formülleri mevcuttur. Eşit sıklıkta allellere sahip olan çapraz döllenmiş organizmaların özel durumu için PIC değeri;

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^n p_i^4 \quad (2)$$

eşitliği kullanılarak hesaplanmaktadır. Kendi kendine döllenmiş organizmalar veya insanlarda x-kromozom-bağlantılı belirteçler söz konusu olduğunda, üçüncü terim "sıfır" olur ve PIC değeri, belirtecin heterozigotluğuna eşittir.<sup>12</sup> Bu durumda da PIC değeri,

$$PIC = \text{Heterozigosite} = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (3)$$

eşitliği yardımıyla hesaplanır. PIC kriterinin bir dezavantajı, benzer genotipler popülasyonda yeterince nadir görülen alleller içerdiğinde, popülasyondan benzer genotiplerin çıkarılmasında yetersiz kalmasıdır.<sup>13</sup> Yukarıda anlatılanlar, aşağıda verilen örnekte gösterilmiştir.

Genotip	XXX	XXY	XXZ	YXY	YXZ	ZXZ	Toplam
Kişi Sayısı	2	23	2	13	9	1	50
X Allel'i Frekansı	6	46	4	13	9	1	79
Y Allel'i Frekansı	0	23	0	26	9	0	58
Z Allel'i Frekansı	0	0	2	0	9	2	13
Allel Frekanslar Toplamı							150

$$p_1 = \frac{79}{150} = 0,5267,$$

$$p_2 = \frac{58}{150} = 0,3867,$$

$$p_3 = \frac{13}{150} = 0,0867.$$

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^3 p_i^2 - 2 \left[ \sum_{i=1}^2 \sum_{j=i+1}^3 p_i^2 p_j^2 \right] = 0.476$$

$$\text{Heterozigosite} = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 = 0.566$$

Teorik olarak PIC değeri 0 ile 1 arasında olabilir. Genel olarak biallellik belirteçler için her iki allele ait frekansın 0.5 olduğu bir popülasyonda ortalama PIC değeri, her belirteç için 0 ile 0.5 arasında değişebilir. Baskın belirteçler için maksimum PIC değeri 0.5'e eşittir. PIC değeri, allellerin frekans dağılımına da bağlı olmasına rağmen, popülasyonda eşit dağılım gösteren belirteçler için yüksek, çoklu allelli olan belirteçler için ise çok daha yüksektir.<sup>5</sup> PIC değerinin 0 olması belirteçin sadece bir alleli olduğunu, 1 olması ise belirteçin sonsuz sayıda allelli olduğunu gösterir.<sup>14</sup> Botstein ve ark. (1980)'a göre PIC değerleri,

$$\left\{ \begin{array}{ll} PIC > 0.5 & \text{yüksek derecede bilgilendirici,} \\ 0.5 > PIC > 0.25 & \text{makul derecede bilgilendirici,} \\ PIC < 0.25 & \text{düşük derecede bilgilendirici,} \end{array} \right\}$$

olarak sınıflandırılmaktadır. Çok sayıda allele sahip lokuslar olması ve PIC değerinin 1'e yakın olması çoğunlukla istenilen durumdur.<sup>15</sup> Genotip olarak birbirine benzemeyen çok sayıda bireyin sözkonusu olduğu durumlarda PIC değerleri genellikle heterozigosite değerlerinden az da olsa düşüktür. Bu değerleri hesaplamak için kullanılan ilişkisiz bireylerin sayısı, PIC'lerin heterozigosite değerlerinden biraz daha düşük olduğu eğilimi tersine çevirebilir.

## BULGULAR

Eşitlik 1 ve Eşitlik 3'ten yararlanılarak üçlü allelik belirteçler için PIC ve heterozigosite değerlerinin hesaplamaları **Tablo 1**'de gösterilmiştir.

**Tablo 1**'de elde edilen değerlerden anlaşılacağı gibi allel frekans değerleri birbirine yaklaştıkça PIC ve heterozigosite değerleri artar, tersi durumda da azalır.

Bir genetik belirteçin bilgilendiriciliğinin ölçüsü olarak, allellerin sayısı ve allel frekansları değerlendirilmeli ve PIC değeri hesaplanmalıdır. Allel sayısı arttıkça PIC değeri de artar ve bir belirteçin bilgilendiriciliğini gösterir.<sup>16</sup> Belirteçe ait PIC değeri, belirteçin polimorfizminin 0 ile 1 arasında bir nispi miktar olabileceğini göstermektedir; sayı ne kadar büyük olursa, incelenen lokusta allellerin çeşitliliği de o kadar fazla olacaktır.<sup>17</sup> Farklı allel sayıları ve nispi allel frekansları için heterozigosite

**TABLO 1:** Üçlü allelik belirteçlerin PIC ve heterozigosite değerleri için örnek hesaplamalar.

Allel Frekansı	Heterozigosite	PIC
$p_1=1,00, p_2=0,00, p_3=0,00$	0,000	0,000
$p_1=0,95, p_2=0,05, p_3=0,00$	0,095	0,090
$p_1=0,95, p_2=0,03, p_3=0,02$	0,096	0,094
$p_1=0,90, p_2=0,10, p_3=0,00$	0,180	0,164
$p_1=0,90, p_2=0,05, p_3=0,05$	0,185	0,177
$p_1=0,85, p_2=0,15, p_3=0,00$	0,255	0,222
$p_1=0,85, p_2=0,08, p_3=0,07$	0,266	0,250
$p_1=0,80, p_2=0,20, p_3=0,00$	0,320	0,269
$p_1=0,80, p_2=0,10, p_3=0,10$	0,340	0,310
$p_1=0,75, p_2=0,25, p_3=0,00$	0,375	0,305
$p_1=0,75, p_2=0,13, p_3=0,12$	0,406	0,371
$p_1=0,70, p_2=0,30, p_3=0,00$	0,420	0,332
$p_1=0,70, p_2=0,15, p_3=0,15$	0,465	0,420
$p_1=0,65, p_2=0,35, p_3=0,00$	0,455	0,351
$p_1=0,65, p_2=0,18, p_3=0,17$	0,516	0,463
$p_1=0,60, p_2=0,40, p_3=0,00$	0,480	0,365
$p_1=0,60, p_2=0,20, p_3=0,20$	0,560	0,499
$p_1=0,50, p_2=0,50, p_3=0,00$	0,500	0,375
$p_1=0,50, p_2=0,25, p_3=0,25$	0,625	0,555
$p_1=0,40, p_2=0,40, p_3=0,20$	0,640	0,563
$p_1=0,40, p_2=0,30, p_3=0,30$	0,660	0,586
$p_1=0,35, p_2=0,35, p_3=0,30$	0,665	0,591
$p_1=0,34, p_2=0,33, p_3=0,33$	0,667	0,593

PIC: Polimorfizm bilgi içeriği.

gosite ve PIC değerleri hesaplanmış ve Tablo 2’de sunulmuştur.

Tablo 2’de yer alan verilerin simülasyon verileri olmadığı unutulmamalıdır. Tablo 2’de ele alınan veriler, bir popülasyonda teorik olarak gözlemlenebilecek hemen her durumu kapsayacak şekilde tarafımızdan belirlenmiştir.  $n$  tane allele sahip bir belirteç için heterozigosite değerinin maksimum olduğu durum tüm allel frekansların ( $p_i$ ) değerinin  $1/n$  olduğu durumdur. Tablo 2, polimorfizm için ideal olarak kabul edilen bu duruma dikkate alınarak her bir allel sayısı için nispi frekansların toplamı 1 olacak şekilde hazırlanmıştır. Tablo 2’den de görüldüğü gibi heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği değerleri, allel sayısı 20 (bir başka ifade ile allel frekans değeri  $p_i=0.05$  olduğunda) optimal değerlere ulaşmaktadır. Bu durum Şekil 1’de açık şekilde görülmektedir.

Eşitlik 1 ve Eşitlik 3 karşılaştırıldığında, PIC değerinin her zaman heterozigosite değerinden küçük olacağı açıktır ve allel sayısı arttıkça bu fark azalmaktadır.<sup>18</sup>

## TARTIŞMA

Bu çalışmada, polimorfizm bilgilerinin analizinde kullanılan istatistiksel yaklaşımlar dikkate alınmıştır. Son yıllarda doğal popülasyonlarda polimorfizm çalışmalarına ilgi artmış ve polimorfizmi ortaya çıkarmak için iki popüler kriter geliştirilmiştir. Bu kriterlerden biri olan PIC, bir belirteç lokusunun sahip olduğu allellerin sayısını ve bu allellerin sıklığını dikkate almaktadır. Sonuç olarak, çok sayıda alleli olan lokuslar genellikle daha yüksek PIC’lere sahiptir; bununla birlikte, bu allellerin sıklığı da PIC değerini etkilemektedir.

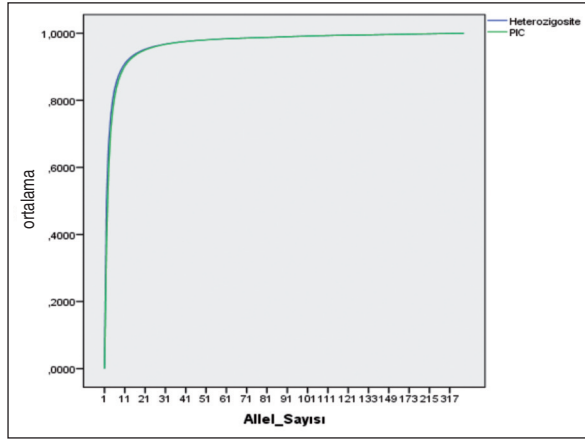
Allellerin bir veya ikisinin baskın olması durumunda çok sayıda allel ve nispeten küçük bir PIC olması mümkündür.<sup>19</sup> Botstein ve ark. (1980) tarafından ilk kullanıldığı andan itibaren PIC, moleküler belirteçlerin bilgi içeriğini ölçmede genetik çalışmalar için en yaygın uygulanan kriter haline gelmiştir. PIC, belirteçin allellerinin sayısına ve sıklığına bağlı olarak dikkate alınan popülasyonda polimorfizm durumunu gösterir. Bu nedenle PIC, bir belirteçin ayırt edici olup olmadığını göster-

**TABLO 2:** Farklı allel sayıları ( $n$ ) ve allel frekansları ( $1/n$ ) için heterozigosite ve PIC değerleri.

Allel Sayısı	Allel Frekansları	Heterozigosite	PIC
1	$p_i=1,00$	0,0000	0,0000
2	$p_i=0,50$	0,5000	0,3750
3	$p_i=0,33$	0,6667	0,5926
4	$p_i=0,25$	0,7500	0,7031
5	$p_i=0,20$	0,8000	0,7680
6	$p_i=0,16$	0,8333	0,8108
7	$p_i=0,1428571$	0,8571	0,8397
8	$p_i=0,125$	0,8750	0,8613
9	$p_i=0,11$	0,8889	0,8779
10	$p_i=0,10$	0,9000	0,8910
11	$p_i=0,09$	0,9091	0,9016
12	$p_i=0,0833$	0,9167	0,9103
13	$p_i=0,0769230$	0,9231	0,9176
14	$p_i=0,0714285$	0,9286	0,9238
15	$p_i=0,066$	0,9333	0,9292
20	$p_i=0,05$	0,9500	0,9476
25	$p_i=0,04$	0,9600	0,9585
30	$p_i=0,033$	0,9667	0,9659
35	$p_i=0,0285714$	0,9714	0,9710
40	$p_i=0,025$	0,9750	0,9748
45	$p_i=0,022$	0,9778	0,9776
50	$p_i=0,02$	0,9800	0,9799
55	$p_i=0,018$	0,9818	0,9817
60	$p_i=0,016$	0,9833	0,9833
65	$p_i=0,0153846$	0,9846	0,9846
70	$p_i=0,0142857$	0,9857	0,9857
75	$p_i=0,013$	0,9867	0,9866
80	$p_i=0,0125$	0,9875	0,9875
85	$p_i=0,0117647$	0,9882	0,9882
90	$p_i=0,011$	0,9895	0,9895
95	$p_i=0,0105263$	0,9906	0,9906
100	$p_i=0,01$	0,9915	0,9915
110	$p_i=0,009$	0,9930	0,9930
125	$p_i=0,008$	0,9946	0,9946
150	$p_i=0,0066$	0,9962	0,9962
170	$p_i=0,0058823$	0,9971	0,9971
200	$p_i=0,005$	0,9979	0,9979
250	$p_i=0,004$	0,9986	0,9986
500	$p_i=0,002$	0,9997	0,9997
753	$p_i=0,001328$	0,9999	0,9999

Not: Sayının üzerinde çizgi olması sayının devirli sayı olduğunu göstermektedir.  
PIC: Polimorfizm bilgi içeriği.

mektedir. Diğer bir kriter olan heterozigosite değeri de PIC ile aynı amaca hizmet edecek şekilde kullanılabilir. Ancak genetik belirteçlerin sayısı az



ŞEKİL 1: Allel sayılarına göre heterozigosite ve PIC değerleri.

olduğunda, lokusların allellerinin sayısına ve sıklığına bağlı olarak farklılık göstermesi uygun olmayabilir.

## SONUÇ

Allel sayısı ve allel frekansı bir popülasyondaki genetik çeşitliliğin ölçütüdür. Allel sayısı ne kadar artar ise, genetik çeşitlilik o kadar büyür. Benzer şekilde, allel frekansları birbirine ne kadar yakın ise, çeşitlilik o kadar büyüktür. Bu çalışma ile he-

terozigosite ve PIC için optimum değerlere, allel sayısı 20 ve her bir allel frekans değerinin  $p_i=0.05$  olduğu zaman ulaşıldığı belirlenmiştir. Allel sayısının 20'den fazla olması durumunda da gerek PIC gerekse heterozigosite değerlerinde sürekli olarak artma eğilimi söz konusudur. Ancak, özellikle allel sayısının 30'dan fazla olması PIC ve heterozigosite değerlerinde ciddi değişimler meydana getirmektedir.

## Finansal Kaynak

Bu çalışma sırasında, yapılan araştırma konusu ile ilgili doğrudan bağlantısı bulunan herhangi bir ilaç firmasından, tıbbi alet, gereç ve malzeme sağlayan ve/veya üreten bir firma veya herhangi bir ticari firmadan, çalışmanın değerlendirme sürecinde, çalışma ile ilgili verilecek kararı olumsuz etkileyebilecek maddi ve/veya manevi herhangi bir destek alınmamıştır.

## Çıkar Çatışması

Bu çalışma ile ilgili olarak yazarların ve/veya aile bireylerinin çıkar çatışması potansiyeli olabilecek bilimsel ve tıbbi komite üyeliği veya üyeleri ile ilişkisi, danışmanlık, bilirkişilik, herhangi bir firmada çalışma durumu, hissedarlık ve benzer durumları yoktur.

## Yazar Katkıları

Bu çalışma hazırlanırken tüm yazarlar eşit katkı sağlamıştır.

## KAYNAKLAR

1. Amos W, Harwood J. Factors affecting levels of genetic diversity in natural populations. *Phil Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 1998;353(1366): 177-86. [Crossref] [PubMed] [PMC]
2. Pruett CL, Winker K. The effects of sample size on population genetic diversity estimates in song sparrows *Melospiza melodia*. *J Avian Biol.* 2008;39(2):252-6. [Crossref]
3. Weir BS. *Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data.* 2<sup>nd</sup> ed. Sunderland, Mass: Sinauer Associates; 1996. p.141.
4. Charlesworth D. Effects of inbreeding on the genetic diversity of populations. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2003;358(1434):1051-70. [Crossref] [PubMed] [PMC]
5. Chesnokov YV, Artemyeva AM. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agric Biol.* 2015;50(5):571-8. [Crossref]
6. Guo X, Elston RC. Linkage information content of polymorphic genetic markers. *Hum Hered.* 1999;49(2):112-8. [Crossref] [PubMed]
7. Aparicio JM, Ortego J, Cordero PJ. What should we weigh to estimate heterozygosity, alleles or loci? *Mol Ecol.* 2006;15(14):4659-65. [Crossref] [PubMed]
8. Nagy S, Poczai P, Cernák I, Gorji AM, Hegedűs G, Tallér J. PICcalc: an online program to calculate polymorphic information content for molecular genetic studies. *Biochem Genet.* 2012;50(9-10):670-2. [Crossref] [PubMed]
9. Petrovičová L, Balážová Z, Gálová Z, Wójcik-Jagła M, Rapacz M. RAPD analysis of the genetic polymorphism in the collection of rye cultivars. *Int J Agric Biosys Eng.* 2014;8(7): 664-8.
10. Olowofeso O, Wang JY, Shen JC, Chen KW, Sheng HW, Zhang P, et al. Estimation of the cumulative power of discrimination in Haimen chicken populations with ten microsatellite markers. *Asian Austral J Anim.* 2005;18(8): 1066-70. [Crossref]
11. Shete S, Tiwari H, Elston RC. On estimating the heterozygosity and polymorphism information content value. *Theor Popul Biol.* 2000;57(3):265-71. [Crossref] [PubMed]
12. Arias RS, Ballard LL, Scheffler BE. UPIC: Perl scripts to determine the number of SSR markers to run. *Bioinformatics.* 2009;3(8):352-60. [Crossref] [PubMed] [PMC]
13. Graebner RC, Hayes PM, Hagerty CH, Cuesta-Marcos A. A comparison of polymorphism information content and mean of transformed kinships as criteria for selecting informative subsets of barley (*Hordeum vulgare* L. s. l.) from the USDA Barley Core Collection. *Genet Resour Crop Ev.* 2016;63(3): 477-82. [Crossref]
14. Hildebrand CE, Torney DC, Wagner RP. Informativeness of polymorphic DNA markers. *Los Alamos Science.* 1992;20:100-2.
15. Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet.* 1980;32(3):314-31.

16. Karakousis A, Barr AR, Chalmers KJ, Ablett GA, Holton TA, Henry RJ, et al. Potential of SSR markers for plant breeding and variety identification in Australian barley germplasm. *Aust J Agr Res.* 2003;54(12):1197-210. [[Crossref](#)]
17. Avval SE. Assessing polymorphism information content (PIC) using SSR molecular markers on local species of *Citrullus Colocynthis*. Case study: Iran, Sistan-Balouchestan province. *J Mol Biol Res.* 2017;7(1):42-9. [[Crossref](#)]
18. Pettersson A, Winer ES, Weksler-Zangen S, Lernmark A, Jacob HJ. Predictability of heterozygosity scores and polymorphism information content values for rat genetic markers. *Mamm Genome.* 1995;6(8):512-20. [[Crossref](#)] [[PubMed](#)]
19. Buchanan FC, Thue TD. Intrabred polymorphic information content of microsatellites in cattle and sheep. *Can J Anim Sci.* 1998;78(3):425-8. [[Crossref](#)]