



**LEPTİN, GHRELİN VE IGF-1 GEN
POLİMORFİZMLERİNİN ETÇİ SIĞIR IRKLARINDA
BESİ PERFORMANSI, BAZI KARKAS
ÖZELLİKLERİ VE ET KALİTESİ ÜZERİNE ETKİSİ**

Aydın DAŞ

Doktora Tezi

Zootekni Anabilim Dalı

Hayvan Yetiştirme Bilim Dalı

Prof. Dr. Ömer AKBULUT

Doç. Dr. Faruk BOZKAYA

2016

Her Hakkı Saklıdır

**ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

**LEPTİN, GHRELİN VE IGF-1 GEN POLİMORFİZMLERİNİN
ETÇİ SIĞIR IRKLARINDA BESİ PERFORMANSI, BAZI KARKAS
ÖZELLİKLERİ VE ET KALİTESİ ÜZERİNE ETKİSİ**

Aydın DAŞ

**ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI
Hayvan Yetiştirme Bilim Dalı**

**ERZURUM
2016**

Her hakkı saklıdır



T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TEZ ONAY FORMU

LEPTİN, GHRELİN VE IGF-1 GEN POLİMORFİZMLERİNİN ETÇİ SIĞIR
IRKLARINDA BESİ PERFORMANSI, BAZI KARKAS ÖZELLİKLERİ VE ET
KALİTESİ ÜZERİNE ETKİSİ

Prof. Dr. Ömer AKBULUT danışmanlığında, Doç. Dr. Faruk BOZKAYA'nın eş danışmanlığında Aydın DAŞ tarafından hazırlanan bu çalışma 03 /06/2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Zootekni Anabilim Dalı – Hayvan Yetiştirme Bilim Dalı'nda Doktora tezi olarak **oybirliği** ile kabul edilmiştir.

Başkan : Prof. Dr. Ömer AKBULUT

İmza :

Üye : Prof. Dr. Turgay ŞENGÜL

İmza :

Üye : Prof. Dr. Mete YANAR

İmza :

Üye : Prof. Dr. Nilüfer SABUNCUOĞLU ÇOBAN

İmza :

Üye : Doç. Dr. Bünyamin SÖĞÜT

İmza :

Üye : Doç. Dr. Recep AYDIN

İmza :

Üye : Doç. Dr. Faruk BOZKAYA

İmza :

Yukarıdaki sonuç;

Enstitü Yönetim Kurulu .09./06./2016 tarih ve .24./...14..... nolu kararı ile onaylanmıştır.

Prof. Dr. Ertan YILDIRIM
Enstitü Müdürü

Bu çalışma Bingöl Üniversitesi BAP projeleri kapsamında desteklenmiştir.
Proje No: BAP-697-176-2014

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaklardan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak olarak kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZET

Doktora Tezi

LEPTİN, GHRELİN VE IGF-1 GEN POLİMORFİZMLERİNİN ETÇİ SİĞİR IRKLARINDA BESİ PERFORMANSI, BAZI KARKAS ÖZELLİKLERİ VE ET KALİTESİ ÜZERİNE ETKİSİ

Aydın DAŞ

Atatürk Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Zootekni Anabilim Dalı
Hayvan Yetiştirme Bilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ömer AKBULUT
Eş Danışman: Doç. Dr. Faruk BOZKAYA

Bu çalışma, Türkiye’de yetiştirilen et ırkı kültür sığırlarında leptin, ghrelin ve insülin benzeri büyüme faktörü -1 (IGF-1) geni polimorfizmlerinin belirlenmesi, polimorfizmler yönünden genotip ve allel frekanslarının tespit edilmesi ve polimorfizmlerin kesim ve karkas özellikleri üzerine etkilerinin ortaya çıkartılması amacıyla yapılmıştır.

Çalışmanın materyalini Şanlıurfa’daki Harranova Besi ve Tarım İşletmesi’nde bulunan ve fenotipik değerlendirmeyle seçilmiş 112 Hereford, 145 Angus, 54 Charolais, 36 Black Hereford, 24 Brahman ve 34 Limousin ırkı toplam 405 adet ortalama 16,7 aylık (± 2 ay) sağlıklı ve normal kesime gelmiş erkek hayvanlar oluşturmuştur. *Musculus longissimus dorsi* alanı (MLD), kabuk yağı kalınlığı, toplam yağ ve yağ asidi miktarı gibi özellikler toplanan et örneklerinden tespit edilmiştir. Et örneklerinden DNA izole edildikten sonra leptin, ghrelin ve IGF-1 gen polimorfizmleri PCR-RFLP yöntemiyle belirlenmiştir.

İncelenen besi sığırı sürüsünde IGF-1 lokusunda B allelinin frekansının (0,600) A alleleline göre (0,400) leptin lokusunda ise C allelinin frekansının (0,571) T alleleline göre (0,429) yüksek olduğu tespit edilmiştir. Leptin/*PstI* genotipleri ile incelenen özellikler arasında önemli sayılabilecek bir ilişki bulunmamıştır. IGF-1/*SnaBI* AA genotipinin MLD alan ortalaması 61,37 cm², AB genotipinin 61,62 cm² ve BB genotipinin MLD alan ortalaması ise 67,13 cm² bulunmuştur. MLD alanı bakımından BB genotipi ile AB ve AA genotipleri arasındaki fark önemli ($p<0,01$) bulunmuştur. Kesim ve karkas özelliklerinden olan canlı ağırlık ile karkas ağırlığı (0,946), günlük canlı ağırlık artışı (0,863) ve MLD alanı (0,311) arasında $p<0,01$ düzeyinde önemli pozitif korelasyonlar bulunmuştur.

Sonuç olarak, IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri ile yağ asidi kompozisyonu arasında ortaya çıkan ilişkiler bu gen polimorfizminin genotipik seleksiyon uygulamalarında yararlı bir markör olarak kullanılabileceğini ortaya koymuştur. IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi yönünden B allelinin MLD alanı üzerine etkisinin bilinmesi seleksiyon çalışmalarında ekonomik bir avantaj sağlayabilecektir. IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin markör destekli seleksiyon gibi genotipik seleksiyon uygulamalarında kullanılmasıyla insan sağlığı açısından önemli olan kırmızı etin yağ asidi kompozisyonu ile karkas ve verim özelliklerinin geliştirilmesine imkan sağlanmış olacaktır.

2016, 97 sayfa

Anahtar Kelimeler: Leptin, IGF-1, Polimorfizm, Karkas Özellikleri, Besi Sığırları

ABSTRACT

Ph. D. Thesis

EFFECT OF LEPTIN, GHRELIN AND IGF-1 GENE POLYMORPHISMS ON FATTENING PERFORMANCE, CERTAIN CARCASS TRAITS AND MEAT QUALITY IN BEEF CATTLE

Aydın DAŞ

Atatürk University
Institute of Natural and Applied Sciences
Department of Animal Science
Animal Husbandry Department

Supervisor: Prof. Ömer AKBULUT
Co-Supervisor: Assoc. Prof. Faruk BOZKAYA

This study was conducted to determine certain polymorphisms in leptin, ghrelin and insulin like growth factor-1 (IGF-1) genes, to estimate genotype and alleles frequencies and assess the effects of these polymorphisms on slaughter and carcass characteristics in beef cattle raised in Turkey.

A total of 450 healthy male beef cattels suitable for slaughtering raised in Harranova Livestock and Agricultural Enterprise in Şanlıurfa were included in to the study by fenotypic evaluation from. The animal material consisted of 112 Hereford, 145 Angus, 54 Charolais, 36 Black Hereford, 24 Brahman and 34 Limousin cattles aged approximately $16,7 \pm 2$ months. The characteristics such as *musculus longissimus dorsi* area (MLD), backfat thickness, amount of total lipid and percentage of fatty acid were identified using meat samples. After DNA isolation from meat samples, leptin, ghrelin and insulin like growth factor-1 (IGF-1) gene polymorphisms were determined by using PCR-RFLP method.

Frequency of allele B (0.600) was higher than that of allele A (0.400) for IGF-1 locus while frequency of allele C (0.571) was higher than that of allele T (0.429) for leptin locus. On the other hand frequency of allele A (0.938) was higher than that of allele G (0.062) for ghrelin locus. There was no significant relationship between the examined features and Leptin/*PstI* genotypes. MLD area averages of IGF-1/*SnaBI* AA, AB, BB genotypes were calculated as 61.37 cm^2 , 61.62 cm^2 and 67.13 cm^2 , respectively. There was a significant difference ($p < 0.01$) between BB genotype and AA, AB genotypes with respect to MLD areas. There were significant positive correlations between live weight and carcass weight (0.946), average daily gain (0.863) as well as MLD area (0,311).

In conclusion, it was demonstrated that, the association of IGF-1/*SnaBI* polymorphism with carcass traits and fatty acid composition could be used as a marker in selection practises based on genotypes. The association of B allele of IGF-1/*SnaBI* polymorphism with a higher MLD area might present an economic advantage in selection works. Using IGF-1/*SnaBI* polymorphism in genotypic selection applications might allow improving fatty acid composition and carcass traits in beef cattles which are important for human health.

2016, 97 pages

Keywords: Leptin, IGF-1, Polymorphism, Carcass characteristics, Beef cattle.

TEŞEKKÜR

Tezimin seçim ve hazırlanmasındaki katkılarından dolayı danışman hocalarım Sayın Prof. Dr. Ömer AKBULUT ve Sayın Doç. Dr. Faruk BOZKAYA'ya,

Laboratuvar aşamasındaki katkılarından dolayı Bingöl Üniversitesi Merkezi Laboratuvarının değerli çalışanlarına ve Sayın Yrd. Doç. Dr. Aydın Şükrü BENGÜ'ye,

Örnek toplama aşamasında göstermiş oldukları yakın alaka ve katkılarından dolayı Harranova Besi ve Tarım işletmesi müdürü Sayın Mustafa VARDAR Bey ve işletme çalışanlarına,

Çalışmalarımın bir kısmını yürüttüğüm Harran Üniversitesi Veteriner Fakültesi Genetik Anabilim Dalı' da çalışan hocalarıma ve Veteriner Fakültesi Dekanlığına,

Ayrıca çalışmamı BAP-697-176-2014 numaralı proje ile destekleyen Bingöl Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimine (BÜBAP) ve Sayın Prof. Dr. Tekin ŞAHİN'e,

Çalışmalarım süresince her türlü kolaylığı sağlayan Bingöl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dekanı Sayın Prof. Dr. Turgay ŞENGÜL'e, Zootekni bölümündeki hocalarıma,

Doktora tezim süresince her zaman yanımda hissettiğim başta eşim Besime DOĞAN DAŞ olmak üzere tüm aileme teşekkürlerimi sunarım.

Aydın DAŞ

Haziran, 2016

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
TEŞEKKÜR.....	iii
SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	ix
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Çalışmanın Hedefi ve Amaçları.....	3
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	4
2.1. Leptinin Yapısı ve Fonksiyonları.....	4
2.2. Ghrelin Yapısı ve Fonksiyonları.....	4
2.3. İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü-1 (IGF-1) Yapısı ve Fonksiyonları.....	5
2.4. Karkas Kompozisyonunun Belirlenmesinde <i>Musculus longissimus dorsi</i> Alanı ve Önemi.....	6
2.5. Kas İçi Yağlanma ve Yağ Asidi Kompozisyonunun Önemi.....	7
2.6. Moleküler Markör Sistemleri ve RFLP.....	8
2.7. Leptin Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar.....	9
2.8. Ghrelin Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar.....	18
2.9. IGF-1 Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar.....	21
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	28
3.1. Hayvan Materyali ve Karkas Bilgileri.....	28
3.2. Yöntem.....	29
3.2.1. Kullanılan kimyasallar.....	31
3.2.2. Toplam yağ ve yağ asitlerinin analizi.....	32
3.2.3. DNA izolasyonu.....	34
3.2.4. İzole edilmiş DNA'ların miktar ve kalitesinin ölçülmesi.....	35
3.2.5. Kullanılan primerler.....	35

3.2.6. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR).....	36
3.2.7. Restriksiyon enzimleri ile kesim ve agaroz jel elektroforezi	39
3.3. İstatistiksel Analizler	41
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	43
4.1. Irkların Sayıları, Yaş Ortalamaları ve Genotipleri	43
4.2. PCR ve Agaroz Jel Elektroforezi.....	43
4.3. Genotip ve Allel Frekansları ile İncelenen Özellikler	46
4.3.1. Leptin geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri.....	48
4.3.2. IGF-1 geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri	51
4.3.3. Ghrelin geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri	54
4.3.4. Leptin/ <i>PstI</i> polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi.....	56
4.3.5. IGF-1 Gen polimorfizmi ve kasiçi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi.....	58
4.3.6. Ghrelin/ <i>BfaI</i> polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi.....	62
4.4. Etçi Sığır Irklarında İncelenen Özellikler Arasındaki Korelasyonlar	65
5. TARTIŞMA ve SONUÇ	71
5.1. Genotip ve Allel Frekansları	71
5.2. Leptin Gen Polimorfizmleri ile Karkas ve Verim Özellikleri.....	73
5.3. IGF-1 Gen Polimorfizmleri ile Karkas ve Verim Özellikleri.....	76
5.4. Genetik Polimorfizmler ve Kas İçi Toplam Yağ ile Yağ Asitleri Kompozisyonu	78
5.4.1. Leptin/ <i>PstI</i> polimorfizmi ve kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu	79
5.4.2. IGF-1/ <i>SnaBI</i> polimorfizmi ve kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu	80
5.5. Etçi Sığır Irklarında İncelenen Özellikler Arasında Fenotipik Kısmi Korelasyonlar	82
5.6. Sonuç	84
KAYNAKLAR	88
ÖZGEÇMİŞ	98

SİMGELER ve KISALTMALAR LİSTESİ

A	: Angus
Arg	: Arjinin
<i>Bfal</i>	: <i>Bacteroides fragilis</i> 'den izole edilen kesim enzimi
BH	: Black Hereford
bp	: Baz çifti
BR	: Brahman
BTA	: Bos taurus otozom
CA	: Kesim günü canlı ağırlık
cDNA	: Tanımlayıcı DNA
CH	: Charolais
cm ²	: Santimetrekare
Cys	: Sistein
DNA	: Deoksiribonükleik asit
<i>FspBI</i>	: <i>Flavobacterium species RFL1</i> 'den izole edilen kesim enzimi
g	: Gram
GCAA	: Günlük canlı ağırlık artışı
HR	: Hereford
IGF-1	: İnsülin benzeri büyüme faktörü-1
KA	: Karkas ağırlığı
kg	: Kilogram
<i>Kpn2I</i>	: <i>Klebsiella pneumoniae RFL2</i> 'den izole edilen kesim enzimi
KYK	: Kabuk yağı kalınlığı
LM	: Limousine
M	: Molar
MAS	: Markör destekli seleksiyon
MgCl	: Magnezyum Klorür
ml	: Mililitre
MLD	: <i>Musculus longissimus dorsi</i>
mM	: Milimolar

Mm	: Milimetre
MUFA	: Tekli doymamış yağ asitleri (C14:1= Myristoleic asit, C16:1= Palmitoleic asit, C17:1= Heptadecenoic asit, C18:1= Oliec asit ve C20:1= Eicosenoic asit yüzdeleri toplamı)
n-3	: Omega-3 yağ asitleri (C18:3= Linolenik asit, C20:3= Eicosatrienoic asit ve C20:5= Eicosapentaenoic asit yüzdeleri toplamı)
n-6	: Omega-6 yağ asitleri (C18:2= Linoleic asit, C20:2= Eicosadienoic asit ve C20:4= Arachidonic asit yüzdeleri toplamı)
n-9	: Omega-9 yağ asitleri (C16:1= Palmitoleic asit, C18:1= Oliec asit ve C20:1= Eicosenoic asit yüzdeleri toplamı)
NaCl	: Sodyum Klorür
PCR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
PCR-RFLP	: PCR- Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi
<i>PstI</i>	: <i>Providencia stuartii</i> 164' den izole edilen kesim enzimi
PUFA	: Çoklu doymamış yağ asitleri (C18:2= Linoleic asit, C20:2= Eicosadienoic asit, C20:4= Arachidonic asit, C18:3= Linolenik asit, C20:3= Eicosatrienoic asit ve C20:5= Eicosapentaenoic asit yüzdeleri toplamı)
SFA	: Doymuş yağ asitleri (C10:0= Capric asit, C12:0= Lauric asit, C14:0= Myristic asit, C15:0= Pentadecanoic asit, C16:0= Palmitic asit, C18:0= Stearic asit, C20:0= Arachidic asit ve C22:0= Behenic asit yüzdeleri toplamı)
<i>SnaBI</i>	: <i>Sphaerotilus natans</i> ' den izole edilen kesim enzimi
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
UFA	: Doymamış yağ asitleri (MUFA ve PUFA) yüzdeleri toplamı
UV	: Ultraviyole
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Asetat planimetre ve referans aralıklar ile MLD alanını içeren fotoğraf.....	29
Şekil 3.2. MLD alanının sınırlarından kesilerek yüzey ölçerde ölçüme hazır hale getirilmesi	30
Şekil 3.3. Li-Cor, LI-3000C marka yüzey alanı ölçen cihazla MLD alanının ölçülmesi.....	30
Şekil 3.4. Kabuk yağı kalınlığının ölçümü	31
Şekil 3.5. Toplam yağ ekstraksiyon aşamaları (1).....	32
Şekil 3.6. Toplam yağın ekstraksiyon aşamaları (2).....	33
Şekil 3.7. Leptin 1 primerleriyle Bunchanan <i>et al.</i> (2002)'ın belirttiği protokol ile yapılan PCR sonucu oluşan %2'lik agarose jel görüntüsü	37
Şekil 3.8. Leptin 1 primeri Touch-Down PCR (60°C-50°C)'in %2 agarose jel görüntüsü	38
Şekil 3.9. Leptin 1 primeri Gradient PCR'in 4 farklı sıcaklıktaki %2 agarose jel görüntüsü	38
Şekil 3.10. Yatay elektroforez tankı ve agaroz jelde yürütme işlemi	40
Şekil 4.1. a) Leptin geni 155 bp'lik PCR ürünü b) IGF-1 geni 249 bp'lik PCR ürünü c) Ghrelin 187 bp'lik PCR ürünü (M: 100 bp Markör)	44
Şekil 4.2. 155 bp'lik PCR ürünlerinin <i>PstI</i> enzimi ile kesimi sonucu oluşan genotipler (%3'lük agaroz jel, M: 100bp DNA ladder)	44
Şekil 4.3. 249 bp'lik PCR ürünlerinin <i>SnaBI</i> enzimi ile kesimi sonucu oluşan genotipler (%3'lük agaroz jel, M: 100 bp DNA ladder)	45
Şekil 4.4. 187 bp'lik PCR ürünlerinin <i>BfaI</i> enzimi ile kesimi. %3'lük agaroz jel, M: 100 bp DNA ladder ve genotipler	45

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan kimyasalların listesi	32
Çizelge 3.2. Bazı örneklerin DNA spektrofotometre ölçümleri	35
Çizelge 3.3. Çoğaltma işlemi için kullanılan primerler ve kesim enzimleri.....	36
Çizelge 4.1. Araştırmada kullanılan ırklar, yaş ortalamaları ve incelenen genotiplere ait sayılar	43
Çizelge 4.2. Araştırma sürüsünde IGF-1, leptin ve ghrelin genleri bakımından genotip ve allel frekansları ile Hardy-Weinberg denge durumu.....	46
Çizelge 4.3. Angus, Hereford ve Charolais ırklarının genotip ve allel frekansları ile Hardy-Weinberg denge durumları	47
Çizelge 4.4. Kesim ve karkas özellikleri için Leptin/ <i>PstI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları.....	48
Çizelge 4.5. Angus, Hereford ve Charolais ırklarında kesim ve karkas özellikleri için Leptin/ <i>PstI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları.....	49
Çizelge 4.6. Kesim ve karkas özellikleri için IGF-1/ <i>SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları.....	51
Çizelge 4.7. Angus, Hereford ve Charolais ırklarında kesim ve karkas özellikleri için IGF-1/ <i>SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları.....	53
Çizelge 4.8. Kesim ve karkas özellikleri için Ghrelin/ <i>BfaI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları.....	54
Çizelge 4.9. Angus ve Hereford ırklarında kesim ve karkas özellikleri için Ghrelin/ <i>BfaI</i> genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları ...	55
Çizelge 4.10. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Leptin/ <i>PstI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları	56
Çizelge 4.11. Angus ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Leptin/ <i>PstI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları.....	57

Çizelge 4.12. Charolais ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>Leptin/PstI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları.....	58
Çizelge 4.13. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>IGF-1/SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları	59
Çizelge 4.14. Angus ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>IGF-1/SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları.....	60
Çizelge 4.15. Charolais ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>IGF-1/SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları.....	61
Çizelge 4.16. Hereford ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>IGF-1/SnaBI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları.....	62
Çizelge 4.17. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>Ghrelin/BfaI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları	63
Çizelge 4.18. Angus ırkında kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>Ghrelin/BfaI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları	64
Çizelge 4.19. Charolais ırkında kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için <i>Ghrelin/BfaI</i> genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları	65
Çizelge 4.20. Etçi sığır ırklarında kesim ve karkas özellikleri arasındaki korelasyonlar	66
Çizelge 4.21. Etçi sığır ırklarında kesim yaşına göre düzeltilmiş kesim ve karkas özellikleri arasındaki kısmi korelasyonlar.....	66
Çizelge 4.22. Etçi sığır ırklarında kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki korelasyonlar	68

1. GİRİŞ

Besi performansı, et kalitesi ve karkas kompozisyonu besi sığırı endüstrisinin ekonomik öneme sahip en önemli özellikleri arasındadır (Shin and Chung 2007). Besi performansını günlük canlı ağırlık artışı (kg/gün) ve yemden yararlanma oranı, et kalitesini pH, renk, su tutma kapasitesi, lezzet, yağ içeriği gibi özellikler belirlemektedir. Karkas kompozisyonu ise *Musculus longissimus dorsi* alanının (MLD) genişliği ve içeriğindeki yağ ve et dokusu ile kabuk yağı kalınlığı gibi özelliklerin bilinmesiyle hakkında fikir sahibi olunabilmektedir (Esen ve Özbey 2001; Şireli vd 2012; Söbeli ve Kayaardı 2014). Sığırlarda ekonomik önemi olan bu özellikleri kontrol eden metabolik hormonların ve bunların aktivitesini sağlayan genlerin üzerindeki polimorfik yapıların belirlenmesi hayvan yetiştiriciliğindeki moleküler ve genetik ıslah programlarının geliştirilmesinde kullanılabilmektedir (Yazıcıtuñ 2011).

Kırmızı ette MLD alanı, kas içi yağlanma (mermerleşme) için önemli bir derecelendirme kriteridir. MLD alanı hayvanlarda mevcut et miktarını tespit etmede, et kalitesi ve yağlılık durumunu belirlemede en çok kullanılan objektif ölçülerdendir (Özhan vd 2011; Çiftçiođlu 2015). Bununla birlikte etin lezzet ve olgunluđunu gösteren kas içi toplam yağ, etteki yağlanma veya mermerleşme, yağın kas lifleri arasında dağılması sonucu oluşan mozaik yapı et kalitesi hakkında bilgi veren önemli özelliklerdir. İyi bir mermerleşme yapısı gösteren etler yumuşak, kolay çiğnenebilir, kolay parçalanabilir ve suludur (Yaralı 2010; Newlacil *et al.* 2013). Ayrıca kırmızı et, önemli bir enerji ve yağ kaynađı olup, içeriğindeki yağ asidi kompozisyonu nedeniyle sağlık üzerine olumlu etkiler göstermektedir (Çakmakçı ve Tahmas Kahyaođlu 2012; Štoković *et al.* 2013). İnsan beslenmesinde günlük alınan toplam yağın, toplam günlük enerji içinde %30 ve bunun içinde de doymuş yağ asidi oranının %10 civarında olması gerekmektedir (Petrović *et al.* 2014). Buna bađlı olarak ette bulunan çoklu doymamış yağ asitleri (PUFA) miktarının yüksek olması ve et üretiminde PUFA/SFA oranının geliştirilmesi önemlidir (Yaralı 2010; Štoković *et al.* 2013).

Zhang ve arkadaşları tarafından 1994 yılında keşfedilen leptin, sitokinlere benzeyen protein yapısında bir hormondur (Aslan vd 2004). Leptin geni sığırlarda 4. kromozom üzerinde lokalize olmuş 3 ekson ve 2 intron içeren bir yapıdır ve bu yapının sadece 2 ekson proteini okunabilmiştir (Nobari *et al.* 2010). Leptinin memelilerde vücut ağırlığında yağlanmayı durdurucu etkiye sahip temel bir fizyolojik faktör olduğu düşünülmektedir (Nkrumah *et al.* 2004b).

Ghrelin, 3 konumunda n-oktanoil grubunun varlığı ile karakterize peptid yapıda bir hormondur (Dabak ve Kuloğlu 2008; Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011). Sığır GHRL geni 22. kromozom üzerinde lokalize olmuş ve 5 ekson ve 4 intron içeren, 532 baz çiftli (bp) bir yapıdır. Ghrelin, genel metabolik olaylar ile büyüme ve vücut kompozisyonu arasında bağlayıcı bir köprü vazifesi görmektedir (Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011).

Sığırlarda IGF-1 geni, 5. kromozomda lokalize olmuş 6 ekson içeren bir genidir (Akis *et al.* 2010). Metabolizmanın düzenlenmesinde, embriyogenezde, büyümede ve hücre proliferasyonunda anahtar rol oynayan ve yapısal olarak ilişkili büyüme faktörlerinden bir tanesidir. IGF-1 büyüme ve hücre proliferasyonunun düzenlenmesindeki rolünden dolayı sığırlarda et üretim özellikleri ve büyüme oranı için aday genlerden biri olarak kabul görmesini sağlamıştır (Siadkowska *et al.* 2006).

RFLP yöntemi günümüzde DNA düzeyinde polimorfizm elde etmek amacıyla yaygın olarak kullanılan moleküler yöntemler arasında gösterilmektedir. Bu yöntemde alınan sonuçların, laboratuvar şartlarına göre değişkenliğinin az olması ve güvenilir olması yöntemin hayvan yetiştirmede markör olarak kullanımını artırmaktadır (Eken 2010; Kaplan 2010).

Bu çalışmada; metabolik hormonlar olarak tanımlanan leptin, ghrelin ve IGF-1'in aktivitesinde etkili genlerin polimorfizmlerini PCR-RFLP yöntemini kullanarak açığa çıkarmak, polimorfizmler yönünden sahip oldukları genetik yapı ve allel frekanslarını tespit etmek amaçlanmıştır. Ayrıca polimorfizmlerin kültür ırkı besi sığırlarında besi

performansı, karkas özellikleri ve et kalitesi ile ilişkilerini ortaya koymak ve bunları markör destekli seleksiyonun bir parçası haline getirmek hedeflenmiştir.

1.1. Çalışmanın Hedefi ve Amaçları

- 1- a) Angus, Hereford, Charolais ırkı besi sığırlarında leptin geninin ekson 2 bölgesindeki 1008 ile 1201 nükleotidleri arasındaki kısmının RFLP-*PstI* yönünden genetik karakterizasyonu yapmak,
 - b) IGF-1 geninin 5' kodlanmamış bölgesindeki polimorfizmleri RFLP- *SnaBI* ile ortaya koymak,
 - c) Ghrelin geninin intron 3 bölgesindeki 187 baz çifti uzunluğunda kısmın RFLP-*Bfal* ile genotiplenmesini yapmak,
- 2- Bu genlerin olası allellerinin homozigot ve heterozigotluğunu tespit etmek için ilgili DNA jel fenotiplerini belirlemek,
 - 3- Çıkması muhtemel polimorfik allellerin ırka özgü olup olmadıklarını belirlemek,
 - 4- Olası polimorfizmler ile besi sığırlarının verim ve kalite parametrelerinin bağlantısının olup olmadığını ortaya koymak,
 - 5- Leptin, ghrelin ve IGF-1 genlerinin verim özelliklerini geliştirmek yönünde yapılacak ıslah çalışmalarında daha etkin olarak kullanılmasını sağlamak,
 - 6- Seleksiyon programlarına bilimsel dayanak oluşturmak, çalışmamızın amaçları ve hedefleri arasında yer almaktadır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

2.1. Leptinin Yapısı ve Fonksiyonları

1994 yılında Zhang ve arkadaşları tarafından keşfedilen leptin, sitokinlere benzeyen protein yapısında bir hormondur (Aslan 2004). Leptinin memelilerde vücut ağırlığında yağlanmayı durdurucu etkiye sahip temel bir faktör olduğu düşünülmektedir (Nkrumah *et al.* 2004b). Başlıca yağ dokuda sentezlenen leptinin bir miktar plasenta, gastrik epitelyum, iskelet kası, hipofiz ve meme bezi tarafından da salgılandığı bildirilmiştir (Aslan 2004).

Leptinin başlıca rolü, beyin (özellikle hipotalamus) üzerine negatif feedback etki ile gıda alımını ve enerji metabolizmasını düzenlemektir (Aslan 2004). Enerji dengesini sağlamak, fertilité ve immun fonksiyonları düzenlemek de leptinin fonksiyonları arasındadır (Aslan 2004; Shin and Chung 2007; Tahmoorespur *et al.* 2010).

İnsülin ile birlikte bir adipozite sinyali olarak bilinen ve iştah düzenlenmesinde rol alan anahtar moleküllerden olan leptin, nöropeptid Y (NPY)'nin santral aktivitesini baskılayarak iştah azaltıcı (anoreksijenik) etki gösterir. Böylelikle besin alımının azalmasına, sempatik tonusun ve enerji harcanmasının artışına neden olur (Tokgöz 2008).

2.2. Ghrelin Yapısı ve Fonksiyonları

Ghrelin, 1999 yılında Kojima ve arkadaşları tarafından midede endojen bir ligant olarak keşfedilen, 3 konumunda n-oktanoil grubunun varlığı ile karakterize peptid yapıda bir hormondur (Dabak ve Kuloğlu 2008; Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011).

Ghrelin, keşfinin ilk yıllarında vücutta büyüme hormonu salınımını artırıcı bir hormon olarak görülse de, son yıllarda iştah ve vücut ağırlığının düzenlenmesi üzerine etkileri

daha çok dikkat çekmektedir (Udum 2009). Genel metabolik olaylar ile büyüme ve vücut kompozisyonu arasında bağlayıcı bir köprü vazifesi görür. Başlıca mide dokusunda salgılanan bu hormon ayrıca bağırsaklar, böbrekler, beyin, plasenta, hipofiz bezi ve pankreasta da üretilmektedir (İyidoğan 2007; Colinet *et al.* 2009; Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011).

Açlık halinde plazma ghrelin seviyesi artar ve gıda alımını takiben düşer (Yiş vd 2005; Dabak ve Kuloğlu 2008; Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011). Ghrelin genellikle leptinin metabolik etkilerine zıt etki yapar. Karbonhidrat kullanımını artırırken, yağ kullanımını azaltır. Bu etkileri ile enerji kazanılması ve muhafaza edilmesini sağlar. Ghrelin, leptinin aksine NPY (Nöropeptid-Y) salgılatan nöronları aktive ederek besin alımı ve iştahı artırır ve böylelikle kilo alımına yol açar (Klok *et al.* 2007; Tokgöz 2008).

2.3. İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü-1 (IGF-1) Yapısı ve Fonksiyonları

İzole edilmiş büyüme hormonuna (GH) bağımlı büyüme faktörü, kıkırdakta sülfat bileşimini artırmasından dolayı ilk kez 1957'de Salmon ve Daughaday tarafından sülfasyon faktörü olarak tanımlanmıştır. Daha sonra yapılan araştırmalarda, insülin benzeri bir biyolojik aktivitenin serum immunoreaktif insülininden bağımsız şekilde var olduğu görülmüş ve buna Nonsuppressible Insulin Like Activity (NSIL) adı verilmiştir. 1978'de insülin benzeri yapısal özellikleri nedeniyle bu peptidler Insulin-Like Growth Factors (IGF)-İnsülin benzeri büyüme faktörleri olarak adlandırılmıştır (Harbili 2008).

İnsülin benzeri büyüme faktörü (IGF) sistemi, insülin benzeri büyüme faktörlerinden (IGF-1 ve IGF-II), IGF bağlayıcı proteinlerden (IGFBP-1-6) ve IGF reseptörlerinden (tip I IGF reseptörü ve tip II IGF reseptörü) oluşmaktadır (Keleş ve Türkeli 2005). IGF'ler hem büyümeyi hem de metabolizmayı kontrol eden çok yönlü sistemlerin bileşenleridir. Büyüme hormonunun metabolik etkilerine aracılık eden IGF'ler temelde karaciğer tarafından sentezlenirken, otokrin ve parakrin etkilerini gösterdikleri kas dokusu gibi bazı lokal dokular da IGF'leri sentezler (Harbili 2008).

IGF'ler pankreastan salgılanmalarına rağmen yapısal ve fonksiyonel olarak insülin ile ilişkilidirler. İnsülinin hücre büyümesi ve çoğalması üzerine etkilerini, IGF-1 ve IGF-II'nin neden olduğu benzer etkilerden ayırt etmek güçtür (Deprem 2004). IGF' tek zincirden oluşmuş polipeptid yapıda hormonlardır.

IGF-1, 70 aminoasit içeren bazik bir peptiddir, molekül ağırlığı 7649 kiloDaltondur (Mehmannavaz *et al.* 2010). Büyüme hormonunun kendi hepatik reseptörü ile ilişkiye girmesi IGF-1 geninin ekspresyonunu uyarmakta ve IGF-1 peptidinin salınımına neden olmaktadır (Keleş ve Türkeli 2005). Gerek dolaşımında gerekse spesifik organlardaki etkisiyle memelilerin büyüme ve gelişmeleri üzerine önemli fizyolojik bir etki yapmaktadır (Ge *et al.* 2001).

2.4. Karkas Kompozisyonunun Belirlenmesinde *Musculus longissimus dorsi* Alanı ve Önemi

Musculus longissimus dorsi (Bel gözü kası, MLD) kası karkasta mevcut et miktarını saptamada, et kalitesi ve yağlılık durumunu belirlemede en çok kullanılan objektif ölçülerdendir. MLD, sırt kemiği boyunca her bir yarım gövdede bütün sırt boyunca devam eder. Yapılan araştırmalar 11-12. veya 12-13. kaburgalar arasından yapılacak düzgün bir kesitle bu kasın ideal bir görüntüsünün elde edilebileceğini göstermiştir (Özhan vd 2011; Çiftçioğlu 2015). *M. Longissimus dorsinin* rengi sığırlarda, parlak kiraz renginden koyu kırmızıya doğru giderken, danalarda ise pembe renktedir. Yüzeyinin nemli olması et kalitesi açısından istenmeyen bir özelliktir. Kıvamı, besi durumu ile alakalıdır. İyi kalitede kas sert kıvamda kolay kesilebilir olmalıdır. MLD alanında kas içi yağlanma (mermerleşme) önemli bir derecelendirme kriteridir. Karkas derecelendirmelerinde mermerleşmenin etkisi %60, yaşın etkisi %40 olarak kabul görmektedir (Çiftçioğlu 2015).

MLD alanını ölçmede absorban olmayan şeffaf bir kağıda 11.-12. veya 12.-13. kaburgalar arasındaki alan ve bu alanı çevreleyen yağın kalınlığı çizilerek planimetre ile ölçüm yöntemi kullanılmaktadır. Bunun dışında yine MLD alanı fotoğrafla saptanarak,

buradaki alan polar planimetre ile ölçülebilmektedir. Şeffaf kağıda çizme ile fotoğrafını alıp polar planimetre ile belirleme arasında yüksek bir korrelasyon ($r = 0,98$) bulunmuştur. Bu konuda çalışan araştırmacıların bir kısmı da MLD alanını fotoğrafla belirledikten sonra, gerçek büyüklüğüne getirerek basmış ve alanını ölçmüştür. Ayrıca bu alan canlı hayvanda ultrasonik yöntemlerle ölçülmektedir. Ultrasonik yöntem diğer yöntemlere nazaran biraz yüksek çıkmakta, fazla zaman almakta ve yorucu olmaktadır (Özhan vd 2011).

2.5. Kas İçi Yağlanma ve Yağ Asidi Kompozisyonunun Önemi

İnsan beslenmesinde et ve et ürünleri, yağda çözünen vitaminlerin (A, D, E, K), B grubu vitaminlerinin (B6, B12, riboflavin ve niasin,), bazı mineral maddelerin (Zn, Fe, Mg) ve esansiyel amino asitlerin, önemli bir kaynağıdır (Yaralı 2010). Aynı zamanda et, yağ içeriği ve yağ asitleri profili bakımından insanların sağlığını etkileyen önemli faktörlerden bir tanesidir (Skiba *et al.* 2013; Petrović *et al.* 2014).

Kırmızı ette önemli bir özellik olan kas içi yağlanma veya mermerleşme, yağın kas lifleri arasında dağılması sonucu oluşan mozaik yapıya verilen isimdir. Etin lezzet ve olgunluğu, kas içi yağlanma ile ilgilidir. İyi bir mermerleşme yapısı gösteren etler yumuşak, kolay çiğnenebilir, kolay parçalanabilir ve suludur (Yaralı 2010; Newlaci *et al.* 2013). Mermerleşme, daha çok bel gözü kasının (*M.longissimus dorsi*) 12-13. kaburgalar arasına yapılacak enine kesitlerde görsel olarak incelenmektedir. Yüksek bir kas içi yağlanma, kesim kuvveti, renk, sululuk ve yumuşaklık ile ilişkili olup, bu karkaslarda genetik olarak kas dışı yağlanma fazla ve yenilebilir et randımanı düşüktür (Yaralı 2010).

Kırmızı et, insan beslenmesinde önemli bir enerji ve yağ kaynağı olup, içerdiği yağ asitleri nedeniyle çeşitli hastalıklarla ilişkili olmaktadır. Bu hastalıkların başında da bazı kanser tipleri, otoimmün hastalıklar ve özellikle koroner kalp rahatsızlıkları gelmektedir (Çakmakçı ve Tahmas Kahyaoğlu 2012; Štoković *et al.* 2013). İnsan beslenmesinde günlük alınan toplam yağın, toplam enerji içinde %30 ve bunun içinde de doymuş yağ

asidi oranının %10 civarında olması gerekmektedir (Petrović *et al.* 2014). Buna bağlı olarak PUFA/SFA (çoklu doymamış yağ asitleri/doymuş yağ asitleri) oranının yüksek olması ve et üretiminde PUFA/SFA oranının geliştirilmesi önem kazanmaktadır (Yaralı 2010; Štoković *et al.* 2013). Yukarıda sayılan hastalıkların önlenmesi adına insanların beslenmesinde, n-3 PUFA oranının yüksek seviyede olmasının gerekliliğinin anlaşılması üzerine, bu yağ asitleri içeren etlerin önemi de artmıştır. n-6/n-3 oranı genel olarak ruminant hayvanların etlerinde düşüktür ve bu açıdan yararlı oldukları söylenmektedir (Yaralı 2010).

2.6. Moleküler Markör Sistemleri ve RFLP

Polimorfizmler, markör destekli seleksiyon (MAS)'dan yararlanılarak ortaya çıkarılmaktadır (Sherman *et al.* 2007; Tahmoorespur *et al.* 2010). Canlılarda bazen istenmeyen mutasyonlara neden olurken bazen de canlıların yaşam gücünü ve verimlerini olumlu yönde etkileyerek yararlı bir duruma dönüşebilmektedirler. Sığırlarda ekonomik önemi olan karakterleri kontrol eden genler ve bu genlerin üzerindeki polimorfik yapıların belirlenmesi hayvan yetiştiriciliğindeki moleküler ıslah programlarının geliştirilmesinde kullanılabilmektedir (Yazıcıtuğ 2011).

Genetik polimorfizm, bir popülasyonda farklı allellere bağlı genetik olarak belirlenmiş iki ya da daha çok alternatif fenotipin görülmesidir. Araştırmacılar, bir gen lokusu için, nadir allellerin en az %1 frekansında ve bu alleller için heterozigotların ise en az %2 oranında görülmelerini polimorfik olarak tanımlamışlardır. Popülasyon genetiği açısından belli bir frekansa gereksinim olmasına karşın, moleküler biyoloji açısından frekansın önemli olmadığı, bir ailede bile varyantın görülmesinin, polimorfik olarak tanımlanabileceği ileri sürülmüştür (Eken 2010).

Günümüzde yaygın olarak kullanılan moleküler markör sistemleri,

1- RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA-Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA),

- 2- RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism-Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi),
- 3- AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism-Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi),
- 4- STS (Sequence Tagged Site-Dizisi Etiketlenmiş Alanlar),
- 5- STR (Short Tandem Repeats-Basit Dizi Tekrarları) veya mikrosatellit genotipleme,
- 6- SNP (Single Nucleotide Polymorphism-Tek Nükleotid Polimorfizmi) olarak sıralanabilir (Kaplan 2010; Yazıcıtunç 2011).

RFLP yöntemi günümüzde DNA düzeyinde polimorfizm elde etmek amacıyla yaygın olarak kullanılan moleküler yöntemler arasında gösterilmektedir. RFLP yöntemi, iki sarmaldan oluşan DNA molekülünün belirli nükleotid sıralarını tanıyarak kesebilen bakteriyel kökenli restriksiyon enzimlerinin (*restriction endonuclease*) bulunmasıyla ortaya çıkmıştır. Bu yöntemde alınan sonuçların, laboratuvar şartlarına göre değişkenliğinin az olması ve güvenilir olması yöntemin hayvan yetiştirilmede markör olarak kullanımını artırmaktadır (Eken 2010; Kaplan 2010).

2.7. Leptin Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Sığır genomu 30 çift kromozomdan meydana gelmektedir. Üç milyarı aşkın baz çiftinden oluşan bu genom 25 000 ile 30 000 arasında gen içermektedir. Sığır genomu 225 837 adet gen ekson bölgesi içerirken bu eksonlardan 31 599 adedinin transkripsiyonu bildirilmiştir (Özşensoy 2011).

Leptin geni sığırlarda 4. kromozom üzerinde lokalize olmuş 3 ekson ve 2 intron içeren bir yapıdır ve bu yapının sadece 2 ekson proteini okunabilmiştir (Pannier *et al.* 2009; Nobari *et al.* 2010). Nobari (2010)'nin bildirdiğine göre çeşitli kaynaklar tarafından (Konfortov *et al.* 1999; Haegeman *et al.* 2000; Bunchanan *et al.* 2002; Lagonigro *et al.* 2003; Liefers *et al.* 2003) sığır leptin geninde birçok polimorfik yapı rapor edilmiş, fakat bunların sadece dördünün polipeptid kodlamasında, aminoasitlerin diziliminde

değişiklikler olduğu saptanmıştır. RFLP yöntemi kullanılarak açığa çıkarılan aminoasit dizilimindeki değişiklikler şöyle sıralanabilir:

Leptin geninin ekson 2 bölgesinde iki adet RFLP söz konusudur: Bunlar: *Clal* (bir aminoasitin tirozinden fenilalanine dönüşmesine yol açan A/T baz değişikliği) ve *Kpn2I* (bir aminoasitin argininden sisteine dönüşmesine yol açan C/T baz değişikliği), (Buchanan *et al.* 2002). Genin ekson 3 bölgesinde de iki farklı RFLP mevcuttur. Bunlar ise *NruI* (bir aminoasitin valinden alanine dönüşmesine yol açan C/T baz değişikliği) ve *HphI* (bir aminoasitin alaninden valine dönüşmesine yol açan C/T baz değişikliği), (Lagonigro *et al.* 2003).

Ülkemizde ve dünyada araştırmacıların leptin geni ile alakalı yaptıkları çalışmalarda, canlı ağırlık artışının (Yang *et al.* 2007; Nobari *et al.* 2010), yem tüketiminin (Nkrumah *et al.* 2004b), süt üretiminin (Moussavi *et al.* 2006; Gürses 2010; Nobari *et al.* 2010), karkas ve et kalitesi özelliklerinin (Kononoff *et al.* 2005; Cheong *et al.* 2006; Lusk 2007; Schenkel *et al.* 2009) ve yağ asidi kompozisyonunun (Orrù *et al.* 2011) sığır leptin geni üzerindeki polimorfik yapılardan etkilendiği belirtilmektedir.

Buchanan *et al.* (2002) daha önce yaptığı çalışmalara atıfta bulunarak 161 adet akraba olmayan boğa popülasyonunda ortaya koyduğu karkas yağ ölçümleri ile leptin geni mikrosatelit BM1500 allelinin ilişkisinin bulunduğunu, leptin geni ekson 2 bölgesinde arjinin aminoasidinin sisteine dönüşerek, sitozin (C) bazını timin (T) bazına dönüştürdüğünü bildirmişlerdir. Bu dönüşümü PCR-RFLP ile desenleyerek 4 farklı ırkta karkas yağ içeriği seviyesi ile ilişkilendirdikleri bu çalışmalarında T allellinin yağlı karkaslar, C allellinin ise yağsız karkaslar ile ilişkisi olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca İngiltere kökenli ırklarda T allellinin, diğer kıtasal ırklarda ise C allellinin frekansının yüksek olduğunu belirtmişlerdir.

Nkrumah *et al.* (2004b) sığır leptin geninde kaynağını beş adet Beef Booster genetik seleksiyon hattının oluşturduğu hayvanlarda (hatların kökeni olarak, Angus M1'in, Hereford M2'nin, küçük hayvan ırkları M3'ün, Limousin ve Gelbvieh M4'ün ve

Charolais TX'inkini oluşturmuştur) single nükleotid polimorfizmi (SNP) araştırdıkları bir çalışmalarında T alleli taşıyan danaların yüksek düzeyde ultrason kabuk yağı kazancı ($p=0,02$), ultrason kabuk yağı kalınlığı ($p=0,06$), daha yüksek karkas yağ oranı ($p=0,005$) taşıdıklarını, verim oranı ($p=0,01$) ve yağsız et oranının ($p=0,007$) ise C alleli taşıyanlarda daha yüksek olduğunu belirtmişlerdir.

Madeja *et al.* (2004) pedigree analizleri sonucu yakın ilişkili oldukları görülen 117 adet Polonya Siyah Beyaz Alaca ve Beyaz suni tohumlama boğalarını (AI) kullandıkları çalışmalarında, leptin geninde *HphI*, *Kpn2I*, ve *Sau3AI* enzimleri ile oluşan polimorfik yapılar ile boğaların damızlık değer tahminlerinde kullanılan süt, yağ ve protein verimleri, yağ ve protein içerikleri arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Yapılan istatistiki analizler sonucunda leptin *HphI* restriksiyon enzimi ile oluşturulan TT genotipinin süt ve protein verimleri için yaklaşık iki kat daha yüksek damızlık değere sahip olduğu, *Kpn2I*, ve *Sau3AI* genotipleri ile herhangi bir ilişki bulunmadığı sonucuna varmışlardır.

Nkrumah *et al.* (2005) kaynağını 5 adet Beef Booster genetik seleksiyon hattının oluşturduğu hibrit sığırlarda leptin geni promotor bölgesinin kodlanmamış 5'üssünde bulunan UASMS1, UASMS2 ve UASMS3 polimorfizmleri ile serum leptin konsantrasyonu, büyüme, canlı ağırlık, yem tüketimi, beslenme alışkanlıkları ve karkas özellikleri ile ilişkilerini rapor etmişlerdir. Çalışma sonucunda UASMS2 TT genotipinin frekansının oldukça düşük ($TT=0,21$) olduğunu görmüşlerdir. TT genotipli sığırların CC ve CT genotipli sığırlara oranla daha yüksek yem alımı ($p<0,001$), daha yüksek büyüme oranı ve metabolik canlı ağırlık ($p<0,05$) ve daha yüksek kesim günü canlı ağırlığa ($p<0,10$) sahip olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca UASMS3 GG genotipinin diğer iki genotipe oranla daha yüksek yem alımı ($p=0,001$), büyüme oranı ($p<0,10$) ve canlı ağırlık ($p=0,01$) gösterdiğini belirtmişlerdir. UASMS2 T ve UASMS3 G allelleri ayrıca daha yüksek beslenme süresi ile ilişkili bulunmuşlardır ($p<0,05$). Sonuç olarak incelenen özellikler ile polimorfizmlerin ilişkilerinin başka populasyonlarda ve daha fazla çalışma ile desteklenmesi gerektiğini belirtmişlerdir.

Schenkel *et al.* (2005) önceden keşfedilmiş sığır leptin genindeki SNP'ler ile karkas ve et kalite özellikleri arasındaki ilişkiyi geniş bir melez sığır sürüsünde incelemişlerdir. Bu amaçla beş adet SNP (UASMS1, UASMS2, UASMS3, E2JW ve E2FB) 1 111 adet düve ve danada genotiplendirmişlerdir. Yağ içeriği, kemik ve yağsız et yüzdeleri, yağlanma derecesi, MLD alanı, kas içi toplam yağ ve sıcak karkas ağırlığı gibi özelliklerin ölçümlerini aldıktan sonra UASMS1 ve UASMS3'ün tamamen bağlanmış olmasından dolayı geriye kalan dört adet SNP'yi analiz etmişler. Araştırma sonucunda ekson 2 bölgesinde bulunan E2JW ve E2FB SNP'leri ile yağlı ve yağsız et verimi ile yağlanma derecesi arasında (E2JW $p<0,01$; E2FB $p<0,05$) ve bu SNP'lerin kombine olarak MLD alanının yumuşaklığı üzerine ($p<0,01$) önemli ilişkiler tespit etmişlerdir. Ayrıca üç haplotipin (TCAC, CCAT ve TTAC) popülasyon içi frekanslarının oldukça yüksek olduğunu (%88) ve bunların incelenen özellikler üzerine benzer etkiler gösterdiğini bildirmiştir.

Cheong *et al.* (2006) 437 adet Kore besi sığırında yaptığı çalışmada leptin geninde yaygın görülen 11 polimorfizm ile soğuk karkas ağırlığı ve mermerleşme skoru arasındaki ilişkiyi araştırmışlardır. Araştırma sonunda yaptıkları regresyon analizlerinde A137A polimorfizminin C alleli taşıyan genotiplerinin (CC veya CT) yüksek ağırlığa sahip soğuk karkaslar ile ($p=0,006$) ilişkili olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca S50S polimorfizminin GG genotiplerinin 1,58'lik mermerleşme skoru ile en düşük değeri gösterdiği ve CC genotiplerinin ise 2,27'lik skor ile en yüksek değeri gösterdiği ve bu homozigot genotipler arası farkın $p=0,01$ düzeyinde önemli olduğunu belirtmişlerdir.

Kong *et al.* (2006) Hanwoo ineklerinde iki farklı restriksiyon enzimi (*Kpn2I* ve *MspI*) ile leptin genindeki polimorfizmler ile gerçek zamanlı ultrason kullanılarak ölçülen MLD, kabuk yağı kalınlığı ve mermerleşme skoruna bakmışlardır. Çalışma sonucunda LEP/ *Kpn2I* CC genotipinde TT genotipine oranla önemli ($p<0,05$) derecede yüksek kabuk yağı kalınlığı (CC=4,23 mm, TT=3,14 mm) ve MLD (CC=57.57 cm², TT=53.93 cm²) alanı tespit etmişlerdir. Ayrıca LEP/ *MspI* AA genotipinde (5,37) ise AB (3,57) ve BB (3,37) genotiplerine göre önemli ($p<0,05$) derecede mermerleşme skoru olduğunu

gözlemlemiştir. Sonuç olarak leptin genindeki bu polimorfizmlerin canlı hayvanların vücut kompozisyonu üzerine önemli etkilerinin olduğunu savunmuşlardır.

Lusk (2007) leptin genindeki iki SNP (UASMS2 ve R25C) ile besi sığırlarının canlı ağırlık ve kabukyağı kalınlığı büyüme eğrileri arasındaki ilişkiyi araştırmak için 1653 melez dana ve düvenin genotiplendirmesini yapmıştır. Besi boyunca ilki besi başında ve sonuncusu kesim tarihinde olmak üzere 4 defa hayvanların canlı ağırlık tartımları ve ultrasonik kabuk yağı kalınlıkları ölçülmüştür. İncelediği R25C genotiplerinin hem bireysel hem de UASMS2 genotipleri ile kombine olarak SNP'leri, Brody büyüme eğrisi yönünden canlı ağırlık üzerine etkisini önemsiz bulmuştur. UASMS2 SNP'lerindeki değişimleri incelediğinde ise Brody büyüme eğrisi yönünden canlı ağırlıktaki değişimlerin önemli ($p < 0,001$) olduğunu bildirmiştir. Buna göre UASMS2-CC genotipinin en ağır besi başı canlı ağırlık gösterdiği ama TT genotipinin en hızlı canlı ağırlık büyüme oranı gösterdiğini bildirmiştir. Ultrason kabuk yağı kalınlığı eğrisi yönünden ise R25C-CC/UASMS2-TT genotipli sığırların en küçük kabuk yağı kalınlığı yerleşimini gösterdiğini belirtmiştir. Ayrıca R25C-CC/ UASMS2-TT genotipli sığırların hızlı bir kabuk yağı büyüme oranı sergilediklerini, R25C-CC/ UASMS2- CC genotipli sığırların ise yavaş bir kabuk yağı büyüme oranı sergilediklerini bildirmiştir.

Sadeghi *et al.* (2008) İran Holstein boğalarının damızlık değer tahmininde kullanılan süt üretim özelliklerinin üzerine leptin gen polimorfizminin etkilerini araştırmışlardır. Çalışmada RFLP metoduyla LEP/ *Kpn2I* polimorfizmini süt üretim özellikleriyle test etmek amacıyla 134 Holstein boğa genotipini, sütle ilgili özellikler ile damızlık değer arasındaki ilişkiyi tahmin etmede BLUP modelini kullanmışlardır. Sonuç olarak T allelinin frekansının 0,425 ve genotiplerin Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu belirtmişlerdir. TT genotipli boğaların TC ve CC genotipli boğalara nispeten daha yüksek süt, yağ ve protein verimi gösterdikleri ($p < 0,05$), CC genotiplilerin ise TT ve TC genotiplerine nazaran daha yüksek protein yüzdesine sahip olduklarını ($p < 0,05$) bulmuşlardır. Ayrıca bu polimorfizmin moleküler bilgi temelli seleksiyonlarda önemli bir marker olabileceğini söylemişlerdir.

Corva *et al.* (2009) merada otlatılan ve 2 farklı dönemde (2004-2005 ve 2005-2006) kayıtları tutulan 253 adet Brangus danasının büyüme, kesim ve et kalite özellikleri ile leptin geninde meydana gelen iki tane polimorfizm arasındaki ilişkileri incelemişlerdir. Araştırma sonunda SNP1 olarak isimlendirdikleri polimorfizm ile ultrason MLD alanı arasında (CC=55,9 cm², CT=58,9 cm² ve TT=57,7 cm²) ve SNP2 olarak isimlendirdikleri polimorfizm ile karkas verimi (CT= %55,02, TT= %54,4 ve CC=54,79 cm²) ve kabuk yağı kalınlığı (CC=3,22 mm, TT=2,55 mm ve CT=3,13 mm) arasındaki ilişkilerin önemli (p<0,05) olduğunu bildirmişlerdir.

Fortes *et al.* (2009) Leptin, thyroglobulin ve diacylglycerol O-acyltransferase'ın yağ metabolizmasında önemli bir rol oynadığını belirtmiş yağ depolamanın et kalitesi ve tüketicilerin seçimi üzerinde önemli bir etkisi olduğunu vurgulayarak bu gen polimorfizmleri ile et karakteristikleri arasındaki ilişkiyi incelemek için bir araştırma yapmışlardır. Bu amaçla 147 adet melez sığırı genotiplendirmişlerdir. Kabuk yağı kalınlığı, mermerleşme skoru, MLD alanı ve kesim kuvveti ile genetik gruplar ve genotipler arasındaki ilişkiyi araştırmışlardır. Genetik gruplar arasındaki allel frekanslarındaki değişiklikler *Bos taurus* ve *Bos indicus*'tan orjin almalarına bağlanmıştır. Sonuç olarak saf Nellore ırkında leptin polimorfizmi ilk defa ayırıştırılmış ve gen lokuslarıyla incelenen özellikler arasında herhangi bir ilişki bulamamışlardır. Yani bu sonucun incelenen gen belirteçlerinin *Bos taurus* ve *Bos indicus* için yeterli olmayabileceğini belirtmişlerdir.

Kulig and Kmiec (2009), toplam 129 adet Limuzin ırkı buzağında leptin gen polimorfizminin büyüme özellikleri (canlı ağırlık, günlük canlı ağırlık artışı, sakrum yüksekliği, göğüs çevresi uzunluğu gibi) ile ilişkisini araştırmışlardır. Bu amaçla leptin intron 2 bölgesinde *Sau3AI* ve ekson 3 bölgesinde A59V olmak üzere iki gen bölgesini genotiplendirmişlerdir. İstatistiksel analizler sonucunda A59V polimorfizmindeki T alleli ile 210 gün canlı ağırlığı ve 3 - 210 gün yaşları arasında ortalama günlük canlı ağırlık kazancında önemli ilişkiler bulunmuştur. Ayrıca *Sau3AI* polimorfizmi ile incelenen özellikler arasında önemli bir ilişkiye rastlanmamıştır. Ancak 3 ve 210 gün yaşları arasında günlük ortalama canlı ağırlık artışı CC/CC ve CC/CT bireyler ile

karşılaştırıldığında CT haplotipini homozigot olarak taşıyan hayvanlarda anlamlı olarak yüksek çıkmıştır. Sonuç olarak A59V TT genotipinin limousin sığırlarının canlı ağırlığını geliştirebilmesine katkı sağlayacağını ifade etmişlerdir.

Pannier *et al.* (2009) leptinin sığırlarda yağlanma ve metabolizmanın düzenlenmesine katkı sağladığını belirtelerek leptin geni SNP'lerinin de sığırlarda kas içi yağ düzeyi ile ilişkili olabileceğini savunmuşlardır. Bu varsayımı test etmek üzere 9 adet saf sığır ırkında toplam 244 adet örneğin *Longissimus thoracis et lumborum*'dan alınan etler ile leptin genindeki dört adet SNP'nin (locus 1, locus 2, UASMS1 ve UASMS2) ilişkisini analiz etmişlerdir. Araştırma sonucunda SNP'ler ve bu SNP'lerin kombinasyonları ile kas içi yağlanma seviyesi arasında anlamlı herhangi bir ilişki bulamamışlardır.

Gürses (2010) kültür ve yerli sığır ırklarında leptin gen polimorfizminin süt üretimi ve bileşenleri üzerine etkilerini araştırdığı çalışmasında C1180T polimorfizminin Holstein ve Jersey ırklarında 100 günlük süt verimine etkisini istatistiksel olarak önemli bulmuş, 200 günlük süt verimine etkisini ise $p < 0,1$ düzeyinde bulmuştur. Esmer ırkta ise 100 günlük süt verimine etkisini $p < 0,1$ düzeyinde ortaya koymuştur. Araştırmacı C1180T polimorfizminin T alleli süt bileşiminde önemli bir değişikliğe neden olmaksızın laktasyonun erken döneminde süt verimini arttırdığını tespit etmiştir. C1180T polimorfizmi ile süt verimi arasında bulunduğu ilişkiye dayanarak bu polimorfizmin marker destekli seleksiyon benzeri genotipik seleksiyon uygulamalarında yararlı bir markör olarak kullanılabileceğini öne sürmüştür.

Bengi (2010) 45 Yerlikara sığırdaki leptin geni Arg25Cys mutasyonunu PCR-RFLP yöntemiyle belirlediği tezinde, allel frekanslarını C=0,52 ve T=0,48 olarak hesaplamıştır. Oluşan genotiplerle göğüs çevresi özelliğini ilişkilendirmiştir. Sonuç olarak CT ve CC genotipli hayvanların göğüs çevresi uzunluğunu, TT genotipli hayvanlardan daha düşük düzeyde tespit etmiş, leptin genindeki bu polimorfizmin fenotip tahmininde bir seleksiyon kriteri olabileceğini bildirmiştir.

Nobari *et al.* (2010) İsviçre esmeri ve İran'ın Yerli bir ırkı olan Sistani ineklerinin ekonomik özellikleri ile leptin gen polimorfizmi arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. RFLP metodu *Bst**MBI* restriksiyon enzimi ile keserek genotipleri oluşturmuşlardır. Araştırma sonucunda gen frekanslarını AA=0,77, AB=0,22 ve BB=0,01 olarak bulmuşlardır. Populasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olduğunu ve AB genotipine sahip bireylerin Sistani ırkında 9 ve 12 aylık canlı ağırlıkları ile gebe kalma yaşı bakımından, İsviçre Esmerlerinde ise süt verimi açısından daha yüksek değerlere sahip olduğunu çalışmalarıyla ortaya koymuşlardır.

Souza *et al.* (2010) 3 farklı soydan 357 adet Nellore sığırı üzerinde yürüttükleri çalışmada büyüme ve karkas özellikleri ile leptin ve DGAT1 gen polimorfizimleri arasındaki ilişkiyi araştırmışlardır. Leptin genindeki A1620G ve T305C bölgelerindeki kesim bölgesi polimorfizmini sırasıyla *Bsa**AI* ve *Kpn**2I* enzimleri yardımıyla incelemişlerdir. Her iki genetik bölgenin de üçer adet genotipi görülmüştür. LEP/*Bsa**AI* genotipini (1620, A/G) süttten kesim ağırlığı ile LEP/*Kpn**2I* genotipini (305T/C) ise kabuk yağı kalınlığı ve doğum ağırlığı ile ilişkilendirmişlerdir. Bu araştırmanın sonucu olarak söz konusu markörlerin markör destekli seleksiyonun bir parçası olabilmesi için daha geniş veri setlerinde ve daha fazla çalışma yapılması gerektiğini belirtmişlerdir.

Öztabak vd. (2010) Türkiye'deki Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), Güney Anadolu Kırmızısı (GAK) ve Boz ırk sığırlarda leptin geni polimorfizmlerinin belirlenmesini amaçladıkları çalışmada, birbiri ile akraba olmayan 40 adet GAK, 40 adet DAK ve 40 adet Boz ırk sığır kullanmışlardır. Leptin geninin ekson 2, ekson 3 ve intron 2 bölgelerindeki polimorfizm sırasıyla *Kpn**2I*, *Hph**I* ve *Sau**3AI* enzimleri ile kesilerek incelenmiştir. *Kpn**2I* polimorfizmi için verim özellikleriyle ilişkili T allel frekansını en yüksek GAK ırkı sığırlarda bulmuşlardır. Her üç sığır ırkında *Hph**I* genotipleri için T allel frekansını oldukça yüksek bulmuşlardır. Her ırk içinde *Sau**3AI* polimorfizmi için verim özelliklerini etkileyen B ve C allel frekanslarının, A allellinin frekansından düşük olduğunu bulmuşlardır. Araştırmanın sonucu olarak istatistiki açıdan üç sığır ırkı arasında leptin geni SNP'leri açısından avantaj doğurabilecek önemli bir farklılığın olmadığı ileri sürülmüştür.

Anton *et al.* (2011) Macaristandaki Angusların kas içi yağ seviyeleri üzerine leptin, acylCoAdiacylglycerol-acyltransferase 1 (DGAT1) ve thyroglobulin (TG) gen polimorfizmlerinin etkisini inceledikleri çalışmalarında, rasyona linoleik asit takviyesi yaparak bu sığırların etlerindeki mermerleşmeyi polimorfik yapılarla ilişkilendirmek istemişlerdir. Tüm genotipleri PCR-RFLP metoduyla açığa çıkarmışlardır. Leptin ve TG lokuslarında TT genotipi boğaların *musculus longissimus dorsi* (MLD) ve *musculus semitendinosus* (MST) kaslarında en yüksek yağ yüzdesini gösterdiğini, CC ve TT genotipleri arasındaki farkın önemli ($p<0,05$) olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca DGAT1 AA/AA boğaları diğer genotiplere oranla daha yüksek kas içi yağ yüzdesi değerine sahip olduğunu bildirmişlerdir ($p<0,05$). Bunlardan başka ayçiçeği ile takviye edilen grubun boğaları kontrol grubuna göre, LD kasında daha yüksek yağ yüzdesi değeri gösterdiğini iki grup arasındaki bu farkın önemli ($p<0,05$) olduğunu ifade etmişlerdir.

Curi *et al.* (2011) 300 adet Nellore ırkı sığır ve melezleri üzerine yaptıkları bir çalışmada leptin genindeki BsaAI polimorfizmi ile MLD alanı, kabuk yağı kalınlığı, kas içi yağ, kesim kuvveti ve miyofibriler fragmentasyon indeksi arasında önemli bir ilişki bulamamışlardır.

Cardoso *et al.* (2011) Brezilya'da Girolando ineklerinde süt verim parametreleri ile leptin gen polimorfizmlerini incelemişlerdir. Çalışmanın sonunda leptin geninin A allelinin populasyon içinde hemen hemen sabit denecek kadar yaygın olduğunu ve bu ırkın geriye çaprazlanmasında bu allellin kullanılabilceğini savunmuşlardır.

Orrù *et al.* (2011) 100 adet Simmental boğası üzerinde yaptıkları çalışmada leptin geninde 10 adet bölgenin, polimorfik yapıları ile 28 adet yağ asidini, tekli doymamış yağ asidi (MUFA), çoklu doymamış yağ asidi (PUFA) ve desatürasyon indeksleri ile ilişkilerini tahmin etmişlerdir. Leptin geninin 3 farklı bölgesindeki polimorfik nükleotidlerin yağ asitlerini çeşitli düzeylerde etkilediğini ve tekli doymamış yağ asitlerinin desatürasyonuna değişik derecelerde etki ettiği kanaatine varmışlardır.

Woronuk *et al.* (2012) Batı Canada'nın 63 farklı bölgesindeki besi çiftliklerinde 92 112 besi sığırının kabuk yağı kalınlığı kayıtları ve 53 189 besi sığırının ise canlı ağırlık kayıtları ile leptin Arg25Cys polimorfizmi arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Araştırma sonucunda T allelinin kabuk yağı kalınlığı ile önemli bir ilişki içinde olduğu ve CC, CT ve TT genotiplerinin sırasıyla $6,79\pm 0,02$, $6,49\pm 0,01$ ve $6,28\pm 0,01$ mm olacak şekilde değerler aldığını belirtmişlerdir. Yine canlı ağırlığın TT genotipinde $484,2\pm 0,7$ kg, CT genotipinde $488,0\pm 0,5$ kg ve CC genotipinde ise $487,3 \pm 0,6$ kg şeklinde ortalamalar gösterdiğini ve genotipler arası farkın önemli ($p<0,0001$) olduğunu belirtmişlerdir.

De Oliveira *et al.* (2013) leptin gen polimorfizmi ile Nellore sığırlarının karkas özellikleri arasındaki ilişkiyi incelemek üzere yaptıkları çalışmada *ClaI* ve *Kpn2I* restriksiyon enzimlerinden yararlanmışlardır. Çalışma sonucunda incelen genotipler bakımından populasyonun Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı görülmüştür. Buna rağmen leptin geninin ekson 2 bölgesinin incelenen özellikler bakımından (karkas yağ dağılımı, renk, pH, mermerleşme skoru, kesim sonrası yağ kalınlığı) önemli ilişkiler ortaya çıkarabileceği varsayımında bulunmuşlardır.

2.8. Ghrelin Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Sığır ghrelin geni 22. kromozom üzerinde (BTA22) lokalize olmuş, 5 ekson ve 4 intron içeren, eksonlarının toplam uzunluğu 532 baz çifti (bp) olan bir gendir (Kowalewska-Łuczak *et al.* 2011). İnsan ve farelerde olduğu gibi sığırlarda da bu genin 1. eksonu 21 bp'dan oluşmaktadır ve bu eksonun kodladığı peptit kısmı olgun proteinde bulunmamaktadır. Ekson 2, 3, 4 ve 5 sırasıyla 134, 114, 109 ve 154 nükleotitten oluşmaktadır (Colinet *et al.* 2009).

Memelilerde ve kanatlılarda ghrelin gen polimorfizmi ile alakalı yapılan araştırmalar, bu gendeki polimorfik yapıların yağ depolama (Nie *et al.* 2009), vücut ağırlığı (Ukkola *et al.* 2001, 2002), vücut uzunluğu (Jin *et al.* 2010) gibi özellikler üzerinde etkin bir rol oynadığını göstermektedir.

Sherman *et al.* (2007) baba atası Angus, Charolais ve Alberta Üniversitesi hibrit boğaları olan 464 adet besi dansında ghrelin geninin de aralarında bulunduğu 11 farklı gen lokusunu incelemişlerdir. Araştırmada rezidüel yem tüketimi, yemden yararlanma oranı, büyüme, büyümenin kısmi verimliliği ve karkas özellikleri (karkas ağırlığı, karkas yağ oranı, *Musculus longissimus dorsi* alanı ve marbling skor) ile 11 genin genotiplendirilmeleri sonucu oluşan 24 adet SNP arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. İncelemeler sonucunda ghrelin geninin 3. intronunda bulunan A/G polimorfizminin yemden yararlanma oranı, büyümenin kısmi verimliliği ve rezidüel yem tüketimi ile ilişki düzeyinin eğilim seviyesinde ($p < 0,1$) olduğunu belirtmişlerdir.

Nie *et al.* (2009) tavuk ve ördeklerde yağ depolanması üzerine ghrelin (GHRL) ve ghrelin reseptör (GHSR) genlerinin etkileri ile bu genlerin tavuk ve ördeklerde moleküler karakterizasyonunu araştırmışlardır. Analizleri sonucunda bu iki gen hem tavuklarda hem de ördeklerde proventriculusta en yoğun şekilde ifade edilirken, mRNA seviyeleri ise en yüksek göğüs ve hipofizde tespit edilmiştir. Tavuklarda ghrelin genindeki C-2047G SNP'nin CC genotipinde abdominal yağ ağırlığı diğer iki genotipe oranla (CG ve GG) önemli ($p=0,01$) derecede yüksek bulunmuştur. Ayrıca ördeklerde C-729T SNP'nin TT genotipinde derialtı yağ kalınlığının diğer iki genotipe oranla (CT ile CC) daha düşük ($p < 0,05$) olduğunu tespit etmişlerdir. Sonuç olarak hem tavuk hem de ördeklerde ghrelin geninin yağ birikimi ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir.

Jin *et al.* (2010) 4 keçi ırkında 459 örnekte yaptıkları PCR-SSCP (PCR-Tek zincir yapısal polimorfizm) ve DNA sekanslama metodları ile yeni bir SNP bulmuşlardır. Keçilerde buldukları bu yeni SNP'de (IVS2 + 147G >A) AG genotipinin GG genotipine oranla önemli derecede ($p < 0,05$) yüksek göğüs çevresi uzunluğu, incik çevresi uzunluğu ve gövde indeksi gösterdiğini ve bunun markör destekli seleksiyonda kullanılabileceğini savunmuşlardır.

Kowalewska-Luczak *et al.* (2011) Polonya'da 169 adet Holstein-Friesian süt ineğinde yaptıkları bir araştırmada süt verimi, sütün protein ve yağ içeriği gibi süt sığırlarının verim özelliklerini ifade eden çeşitli özellikler ile ghrelin G375A polimorfizmi

arasındaki ilişkiyi incelenmişlerdir. Araştırma sonucunda AA genotipinin frekansını 0,86 ve AG genotipinin frekansını 0,14 olarak bulmuşlardır. GG genotipine ise hiç rastlanmamıştır. İncelenen özellikler ile bulunan genotipler arası ilişkilere baktıklarında ise önemli sayılabilecek bir ilişkinin olmadığını buna rağmen süt verim özellikleri ile ghrelin genotiplerinin ilişki oluşturmaya yönelik bir eğilim içerisinde oldukları kanaatine varmışlardır.

Sun *et al.* (2011) Çin'in 5 farklı sığır ırkı üzerinde Syndecan-1 ve Ghrelin gen polimorfizmlerinin büyüme ve süt verimi parametreleri üzerine etkilerini PCR-SSCP ve DNA sekans metodu ile araştırmışlardır. Araştırma sonucunda ghrelin geni ile alakalı 14 adet SNP tespit etmişlerdir. Bulunan polimorfik yapılar ile farklı büyüme periyotlarındaki sığırların (6, 12, 18, 24 aylık) canlı ağırlık, vücut ölçüleri, günlük canlı ağırlık artışları, 305 gün süt verimi, sütün protein ve yağ içeriği gibi verim özellikleri arasında önemli bir ilişki tespit edememişlerdir.

Zhang *et al.* (2012) ghrelin geni ile alakalı 3 adet Çin sığırı ırkında 283 adet hayvandan alınan kan örnekleri ile PCR-SSCP ve DNA sekans yöntemi kullanarak SNP'leri araştırmışlardır. Çalışma sonucunda G-1 olarak ifade ettikleri -544 - +35 bp'lik bölgede üç genotip ve 4 SNP, G-2 olarak ifade ettikleri -1037 - -509 bp'lik bölgede iki genotip ve bir SNP, ekson1, ekson2 ve intron1 olarak belirlenen G-4 (+4'ten +427'ye) bölgede ise iki genotip ve bir SNP bulmuşlardır. ANOVA ile yaptıkları istatistiksel analizlerde 18 aylık Nanyang sığırlarının *ischium* genişliği ile G-1 lokusu arasında önemli ($p=0,043$) bir ilişki olduğunu belirtmişlerdir. G-1 lokusundaki genotipler ve büyüme özellikleri arasındaki en küçük kareler analizinde ise C genotipli olan bireylerin diğer iki genotipe göre daha fazla *ischium* genişliğine sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Gil *et al.* (2013) mandalarda ghrelin gen polimorfizmleri ile süt verimi ve kalitesi arasındaki ilişkileri incelemek üzere 240 adet hayvanın kıl foliküllerinden DNA ekstraksiyonu yaparak analiz etmiştir. Araştırmada PCR-SSCP metodu ile 5 adet primer kullanarak 11 adet SNP tespit etmiş, bunların 8 adedine PCR-RFLP ile genotiplendirme yapmıştır. Araştırma sonunda g.960G>A ve g.778C>T SNP'lerini yağ verimi ile

g.905T>C ise hem yağ verimi hemde yağ ve protein yüzdesi ile ilişkili olduğunu ve bunların marker destekli seleksiyonda kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

2.9. IGF-1 Geni Polimorfizmleri ve Verim Özellikleri ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Sığırlarda IGF-1 geni, 5. kromozomda lokalize olmuş 6 ekson içeren bir gendir (Akis *et al.* 2010; Mirzaei *et al.* 2012). Metabolizmanın düzenlenmesinde, embriyogenezisde, büyümede ve hücre proliferasyonunda anahtar rol oynayan ve yapısal olarak büyüme ilişkili faktörlerinden bir tanesidir. IGF-1 büyüme ve hücre proliferasyonunun düzenlenmesindeki rolünden dolayı sığırlarda et üretim özellikleri ve büyüme oranı için aday genlerden biri olarak kabul görmektedir (Siadkowska *et al.* 2006).

Son zamanlarda gerek sığırlarda gerekse diğer çiftlik hayvanlarında yapılan araştırmalar IGF-1 gen polimorfizminin büyüme, canlı ağırlık, karkas özellikleri, et kalite özellikleri ve yem tüketim parametreleri için yararlı bir genetik belirleyici olabileceğini düşündürmektedir (Johnston *et al.* 2001; Ge *et al.* 2004; Curi *et al.* 2005; Brandt *et al.* 2007).

Ge *et al.* (2001) IGF-1 geni ve IGF-1'in serum konsantrasyonunun, birbirinden farklı hatlardan gelen 760 tane Angus buzağısının büyüme özellikleri ile ilişkisini araştırmışlardır. Hayvanların serum IGF-1 seviyeleri 28, 42 ve 56'ncı günlerde ölçülerek ortalamaları alınmış ve IGF-1 seviyelerine göre yüksek ve düşük olarak sınıflandırılmaya tabi tutulmuştur. Genotipleme için PCR-RFLP metodu ve *SnaBI* kesim enzimi kullanılmıştır. Yazarlar bu çalışmanın sonucu olarak düşük IGF-1 hormon seviyeli BB genotipindeki hayvanların diğer genotiplere (AA ve AB) göre sütten kesim sonrası ilk 20 günlük canlı ağırlık artışlarının daha yüksek, sütten kesim sonrası toplam ağırlık artışlarının ise diğer genotiplere oranla hafif dominant bir etki gösterdiğini belirtmişlerdir.

Li *et al.* (2004) Bos taurus ticari hatlarında IGF-1 ve sığır miyojenik faktör 5 (myf5) genleri polimorfizmlerinin doğum ağırlığı (BWT), sütten kesim öncesi günlük canlı

ağırlık kazancı (PWADG) ve besi dönemi canlı ağırlık kazancı (ADGF) arasındaki ilişkileri incelemek istemişlerdir. Bu amaçla Angus ırkından oluşan buzağuların oluşturduğu M1 hattı ile küçük inek ırklarının buzağularından oluşan M3 hatlarını kullanarak bunların kan örneklerinden elde ettikleri DNA örneklerini PCR-RFLP metodu kullanarak genotiplendirmişlerdir. Oluşan genotipler ve alleller ile sayılan özellikler arasındaki ilişkileri istatistiki olarak incelemişlerdir. Araştırma sonucunda M1 hattında myf5 SNP'leri ile PWADG arasında önemli bir toplamı etki, M3 hattında ise ADGF arasında önemli birer toplamı ve dominans etki bulmuşlardır. İki hattın verileri toplamında bakıldığında ise myf5 SNP'leri ile PWADG ($p<0,1$) ve ADGF ($p<0,05$) arasında önemli ilişkiler olduğunu belirtmişlerdir. Bunun dışında IGF-1 geni polimorfizmleri ile M1 ve M3 hatları arasında incelenen özellikler bakımından anlamlı bir ilişkiye rastlamamalarına karşın iki hattın verileri toplamında bakıldığında BWT ile IGF-1 genotipleri arasında önemli ($p<0,1$) sayılabilecek bir ilişki den bahsetmişlerdir.

Curi *et al.* (2005) insülin benzeri büyüme faktörü 1 reseptörü (Insulin like growth factor-1 receptor, IGF-1R) ve GHRH (Growth hormone releasing hormone) genleri ile beraber IGF-1 gen polimorfizmini incelemişlerdir. Oluşan polimorfizmler ile 384 adet besi sığırının (Nellore=79, Canchim=30, 275 adet Simmental ve Angus kökenli melez besi sığırı) büyüme ve karkas özellikleri ile ilişkisini araştıran bir çalışma yapmışlardır. Sonuç olarak IGF-1/*SnaBI* genotiplerinden BB genotipinin AB genotipine oranla canlı ağırlık ve sıcak karkas ağırlığı yönünden önemli derecede ($p<0,05$) yüksek olduğunu bulmuşlardır. Ayrıca kabuk yağı kalınlığının önemli derecede ($p<0,05$) düşük olduğunu bildirmişler, buna ek olarak MLD alanı yönünden BB genotipinin AB genotipine göre önemliye yakın ($p=0,06$) oranda daha yüksek değerlere sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Pereira *et al.* (2005) Canchim et sığırlarında büyüme hormonu ve IGF-1 gen polimorfizmlerinin, bu hayvanların büyüme özellikleriyle olan ilişkilerini incelemişlerdir. Bunun için 1998-2000 yılları arasında doğmuş 688 adet hayvanın verilerinden yararlanmışlardır. Doğum ağırlığı, sütten kesim ağırlığı ve 1 yaş ağırlığı verilerini kullandıkları araştırmalarında, IGF-1 gen lokusundaki alleller ile doğum

ağırlığı (225 bp alleli) ve 1 yaş ağırlığı (229 bp alleli) arasında önemli ($p \leq 0,01$) bir ilişki olduğunu belirtmişlerdir.

Siadkowska *et al.* (2006) Polonya'daki Holstein Friesian ırkı sığırlarında IGF-1 genindeki PCR-RFLP metoduyla *SnaBI* kesim enzimi kullanarak tespit ettikleri polimorfizm ile et ve süt üretim özellikleri ve karkas özellikleri arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Bunun için 213 adet 8 aylık genç hayvanda 28 günlük yem tüketimi ve yemden yararlanma oranını hesaplamışlardır. Ayrıca 131 hayvanda ise büyüme oranı et üretim özelliklerini belirlemek için 15 aylık iken kesime göndermişlerdir. Bunların dışında 261 ineğin süt performans verilerini kullanılarak IGF-1 genotiplerini karşılaştırmışlardır. Çalışma sonunda IGF-1 lokusunda yem tüketimi ve yemden yararlanma oranı açısından AB genotipinin BB genotipine göre daha yüksek değerler gösterdiğini, sütteki kuru madde ve ham protein içeriği açısından AA ve AB genotiplerinin BB genotipine göre daha yüksek değerler gösterdiğini belirtmişlerdir. Bunun dışında BB genotipine sahip bireylerin, 1 kg canlı ağırlık artışı için tükettiği enerji miktarının diğer iki genotipe oranla daha düşük olduğunu bildirmişlerdir. Kesim günü canlı ağırlığı, soğuk karkas ağırlığı, etin yağ ve ağırlık değerleri açısından AB genotipine sahip bireylerin daha yüksek değerler gösterdiğini bildirmişlerdir.

Islam *et al.* (2009) IGF-1 geni c.-512C >T genotipleri ile Hibrit (n=455), Angus (n=204) ve Charolais (n=186) sığır ırklarından oluşan bir popülasyonun yağ depolama ve karkas özelliklerini içinde barındıran 10 adet özelliğin ilişkisini incelemişlerdir. Araştırma sonunda Angus sığır popülasyonu ile IGF-1 genotipleri arasında ultrason kabuk yağı kalınlığı ($p=0,03$), karkas kabuk yağı kazancı ($p=0,015$) ve karkas yağsız et yüzdesi (0,023) bakımından önemli ilişkiler bulmuşlardır. Bununla birlikte anguslarda CC genotipinin TT genotipine oranla daha yüksek yağ depolama ve daha düşük karkas yağsız et yüzdesine neden olduğunu tespit etmişlerdir. Elde ettikleri bu bilgiler ışığında saf Angus sığırlarında C allellinin, Hibrit ve Charolaislere göre yağ depolama kapasitesinin tahmininde bir markör olarak kullanılabileceğini savunmuşlardır.

Bonakdar *et al.* (2010), 4 farklı Holstein sürüsünden topladıkları kan ve süt örneklerini kullanarak *SnaBI* restriksiyon enzimi ile IGF-1 geninde genotiplendirme yapmışlardır. Bu genotiplerle süt verimi ve süt komponentleri arasındaki olası ilişkileri ortaya çıkarmayı amaçlamışlardır. Araştırma sonunda IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasında AB genotipinin sütteki protein ve yağ yüzdeleri bakımından nispeten diğer iki genotipten (AA ve BB) daha üstün olduğu sonucunu bulmuşlardır ve bu sonucun markör destekli seleksiyonda kullanılması gerektiğini belirtmişlerdir.

De la Rosa Reyna *et al.* (2010) Meksika'da yetiştirilen Charolais ve Beefmaster ırkı besi sığırlarında IGF-1 gen polimorfizmleri ve bu polimorfizmlerin büyüme özellikleri üzerine etkilerini çalışmışlardır. IGF-1/*SnaBI* genotiplerinden BB ve AB genotiplilerinin süttten kesim öncesi ağırlık artışı, süttten kesim ağırlığı ve süttten kesim ağırlığına göre düzeltilmiş 210. gün canlı ağırlıklarındaki artışta AA genotiplilere göre daha yüksek değerler gösterdiğini bildirmiş ve önceden IGF-1/*SnaBI* genotiplerinde yapılmış çalışmaları teyit etmişlerdir.

Mehmannavaz *et al.* (2010) İran Holstein boğalarının genetik eğilimleri ile IGF-1 gen polimorfizmlerinin süt üretim özellikleri üzerine etkilerini incelemişlerdir. Bu amaçla toplamda 282 boğayı *SnaBI* kesim enzimi kullanarak PCR-RFLP metodu ile genotiplendirmişlerdir. Araştırma sonucunda B ve A allellerinin frekanslarını sırasıyla 0,562 ile 0,438 olarak tespit etmişlerdir. Ayrıca IGF-1 geninin (EBV) üzerinde belirgin bir etkiye sahip olduğunu belirtmişlerdir. Bunun dışında süt ve yağ verimi bakımından heterozigot boğaların (AB genotipi) homozigot boğalara (BB ve AA genotipleri) oranla daha yüksek ($p<0,1$) damızlık değere sahip olduklarını tespit etmişlerdir.

Mullen *et al.* (2011) IGF-1 gen polimorfizmleri ile siyah beyaz alaca ineklerin bazı önemli ekonomik özellikleri arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Çalışmanın hedefini, yeni polimorfizmler ile önceden belirlenmiş polimorfizmlerin bu ineklerin ekonomik özelliklerini nasıl etkilediğini ortaya çıkarmak olarak belirtmişlerdir. Toplamda 848 hayvanda 9 adet SNP bulmuşlar, bunların genotipleri ile kızların yaşama, süt üretim, fertilitate ve vücut büyüklüğü ölçülerini ilişkilendirmişlerdir. Bu ilişkileri çoklu regresyon

analizleri kullanarak istatistiki olarak test etmişler ve 6 adet SNP ile süt kompozisyonu, yaşama, vücut kondüsyon skoru ve vücut büyüklüğü arasında nominal ilişki ($p<0,05$) tespit etmişlerdir. Ayrıca C512T polimorfizminin C allelinin sıcak karkas ağırlığı artışıyla ilişkili bulmuşlardır ($p<0,05$). Bunun dışında IGF-1 geni 3' bölgesinde yeni bir SNP ile fonksiyonel hayatta kalma ve göğüs genişliği arasında ilişki ($p<0,05$) olduğunu açığa çıkarmışlardır. IGF-1 geni intronlarına yerleşmiş geriye kalan SNP'lerin ise süt protein verimi, süt yağ verimi, süt yağ konsantrasyonu, somatik hücre skoru, karkas konformasyonu ve karkas yağı ile ilişkili ($p<0,05$) olduğunu belirtmişlerdir.

Curi *et al.* (2012) Nellore sığırları ve melezlerinde et ve karkas özellikleri ile aralarında IGF-1 g.198C>T polimorfizminin de bulunduğu bazı aday genlerin SNP'leri arasındaki ilişkileri incelemişlerdir. Bu amaçla toplamda 300 hayvanın genotipik ve fenotipik verilerinden yararlanarak kas içi yağlanma, kesim kuvveti, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı ve miyofibriler fragmentasyon indeksleri gibi özelliklerin ilişkilerini araştırmışlardır. Çalışma sonucunda Nellore sığırlarında IGF-1 geni ile incelenen özellikler arasında önemli bir ilişki bulamamışlardır. Melez hayvanlarda ise IGF-1 geni C allelinin MLD alanı ile diğer hayvanlara göre daha önemli bir ilişki kurduğunu bildirmişlerdir. Ancak istatistiki olarak Bonferroni düzeltmesi yaptıktan sonra yaptıkları değerlendirmede herhangi önemli bir ilişki tespit etmemişlerdir.

Szewczuk *et al.* (2012) IGF'lerin memelilerin büyüme ve gelişiminin düzenlenmesinde önemli bir sinyal yolu olduğunu belirterek 201 adet Polonya Holsteininde IGF1R (Insulin like growth factor receptor type 1) ve IGF-1 genlerindeki polimorfizmler ile bu ineklerin süt üretim özellikleri arasındaki ilişkileri incelemişlerdir. Araştırma sonucunda bu genlerdeki polimorfizmler ile süt üretim parametreleri arasında anlamlı bir ilişki bulamamışlardır. Ancak IGF1R-BB/IGF-1-AB genotip kombinasyonuna sahip bireylerin (toplam popülasyonun %9'u) diğer kombinasyonlara göre daha fazla ($p<0,05$) süt verimi, protein ve yağ verimine sahip olduklarını belirtmişlerdir.

Tizioto *et al.* (2012) et kalitesinin besi sığırı endüstrisinde önemli bir özellik olduğunu vurgularak, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı ve kesim kuvveti gibi özellikler ile

moleküler markörler arasındaki ilişkinin ıslah programlarında kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Bu amaçla 20 farklı aileden gelen 271 adet Nellore besi sığırı ile belirlediği 3 aday genin (IGF-1, fatty acid-binding protein 4 ve peroxisome proliferative active receptor gamma coactivator 1 A) polimorfik yapıları arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Araştırma sonucunda IGF-1 gen polimorfizmi ile 1 yaş ağırlığı arasında önemli ($p<0,017$) bir ilişki olduğunu belirtmişler, 229 allelinin ortalama 6,9 kilogramlık artışla yıllık ağırlığa etki ettiğini bildirmişlerdir.

Ghazikhani Shad *et al.* (2013) Ovine IGF-1 geni ile İran Zel koyunlarının etteki yağ asidi profili ve karkas özellikleri arasındaki ilişkileri ve ekson 4'ün genetik analizini yaptıkları çalışmalarında 30 adet koyun kanından PCR-SSCP metodu ile genotiplendirme yapmışlardır. Genotipleme sonucunda 1, 2 ve 3 allellerinin frekanslarını sırasıyla %56,57, 67,36 ve 66,6 şeklinde bulmuşlardır. IGF-1 geni ile kabuk yağı kalınlığı ve karkas ağırlığı arasında önemli ilişkiler ortaya çıkarılırken, incelenen diğer özellikler ile genotipler arasındaki ilişkiyi önemsiz bulmuşlardır.

Sharma *et al.* (2013) IGF-1 ile birlikte Büyüme hormon reseptör geni (GHR) ve İnsülin benzeri büyüme faktörü bağlayıcı protein -3 (IGFBP-3) geninin Hindistan keçi ırklarında polimorfizmlerini ortaya çıkardıkları bir çalışmalarında, SNP'lerin IGF-1'e ait 18 adet polimorfizminden sadece iki tane genotipin canlı ağırlık ile ilişki içinde olduklarını belirtmişlerdir.

Jenmans *et al.* (2014) IGF-1 geni c.-512C >T polimorfizmini Thai, Charolais ve Angus melezlerinden oluşan ve toplam 238 adet sığırdan oluşan popülasyonun karkas özellikleri ile ilişkisini araştırmışlardır. Bu amaçla PCR-RFLP metodu kullanılarak *SnaBI* kesim enzimi ile genotipler oluşturulmuş, allel frekansları hesaplanmıştır. Çalışmanın sonucunda B allelinin frekansını (B=0,82) A alleleline (A=0,18) oranla oldukça yüksek bulmuşlardır. Ayrıca IGF-1 genotipleri ile sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları, MLD alanı, kabuk yağı kalınlığı, marbling skor ve deri yüzdesi arasında önemli ($p>0,05$) bir ilişkiye rastlamamışlardır. Bu nedenle araştırdıkları sığır

popülasyonunda IGF-1 geni c.-512C>T polimorfizminin karkas özelliklerini geliştirecek bir markör olmadığını savunmuşlardır.



3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Hayvan Materyali ve Karkas Bilgileri

Çalışmanın hayvan materyalini, Latin Amerika ülkelerinden fenotipik değerlendirme ile seçilerek ithal edilmiş olan ve Şanlıurfa'daki Harranova Tarım İşletmesi'ne getirilen ortalama 16,7 aylık (± 2 ay) yaştaki toplam 405 adet erkek sığır oluşturmuştur. Çalışmada kullanılan sığırların 112'si Hereford, 145'i Angus, 54'ü Charolais, 36'sı Black Hereford, 24'ü Brahman ve 34'ü Limousin ırkına aittir. Bu hayvanların aylık tartımları ve kesim günü canlı ağırlık bilgileri 15.09.2012 ile 30.11.2012 tarihleri arasında işletme kayıtlarından elde edilmiştir.

Besi boyunca tüm feedlotlardaki hayvanlara aynı rasyon verilmiştir. Rasyonun içeriğinde mısır silajı, arpa, saman, pamuk tohumu küspesi, viprotal ve vitamin mineral premiksi yer almıştır. Hayvanlar sabah ve akşam olmak üzere günde 2 defa yemlenmiş ve su adlibitum olarak verilmiştir. Kesimlerin genelde sabah saatlerinde yapıldığı işletmede, hayvanlara kesimden önceki akşamdan kesime kadar yem verilmemiştir.

Hayvanlar kesim yerine en uzağı 2 km mesafede olan feedlotlardan araçlarla taşınarak getirilmiştir. Kesimden hemen sonra sıcak karkas ağırlıkları işletme tarafından otomatik olarak ölçülmüştür. *Musculus longissimus dorsi* (MLD) kasının 11. ve 12. sırt omurları arası bölgedeki kesit alanının fotoğrafı karkas parçalama işlemleri sırasında 10 megapiksel kapasiteli 6x dijital zoomlu fotoğraf makinesi ile (Samsung) alınmıştır (Özkaya 2006; Özhan vd 2011).

Fotoğraf çekimini takiben MLD kasından 2 cm kalınlığında ve bir el ayası genişliğinde bir parça et örneği alınmış, her bir numune ayrı bir poşete gelecek şekilde numaralandırılmış kilitli poşetlere konulmuş ve karkasların bekletildiği soğuk ünitelerde numune ve fotoğraf çekim işlemi sonuna kadar bekletilmiştir.

Numunelerin alım işlemi bittikten sonra, alınan örneklerin tamamı vakum makinesinde vakumlanmış ve numuneler soğuk zincir altında laboratuvara getirilip, -20 °C'de derin dondurucuda analizlerin yapılacağı ana kadar bekletilmiştir.

3.2. Yöntem

Canlı ağırlık, günlük canlı ağırlık artışı, karkas ağırlığı, MLD alanı, kabuk yağı kalınlığı gibi karkas parametreleri, işletme kayıtları ve MLD görüntüleri incelenerek elde edilmiştir. MLD alanı için, sol karkas 11. kaburga cidarının üzerine 1 cm²'lik alanlara bölünmüş asetat planimetre yerleştirildikten sonra çekilen fotoğraflar (Şekil 3.1), referans aralıklara bakılarak orijinal büyüklüğüne getirildikten sonra çıktıları alınmış (Özkaya 2006; Özhan vd 2011), bu çıktılardan MLD alanının sınırları belirlenerek o kısımlardan fotoğraflar kesilmiş ve sadece MLD alanını içeren fotoğraf kesimleri elde edilmiştir (Şekil 3.2). Bu elde edilen alanlar yaprak yüzey alanını ölçen bir cihazla (Dhanda *et al.* 1999, 2003; P'erez *et al.* 2007) ölçülmüş (herbir örnek 3 defa cihaza okutulmuş, ortalaması alınmıştır) ve sonuçlar cm² cinsinden ifade edilmiştir (Şekil 3.3).



Şekil 3.1. Asetat planimetre ve referans aralıklar ile MLD alanını içeren fotoğraf

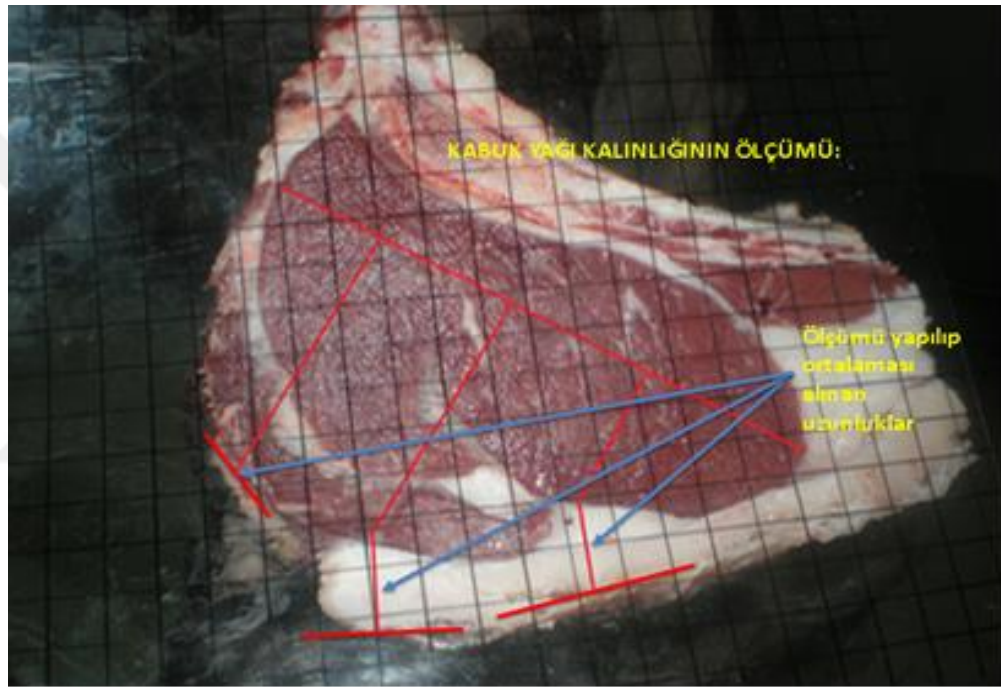


Şekil 3.2. MLD alanının sınırlarından kesilerek yüzey ölçerde ölçüme hazır hale getirilmesi



Şekil 3.3. Li-Cor, LI-3000C marka yüzey alanı ölçen cihazla MLD alanının ölçülmesi

Kabuk yağı kalınlığı Özhan vd (2011)'nin belirttiği şekilde yapılmıştır. Bunun için MLD alanının uzun eksenini çizilmiş, bu çizgi 4 eşit kısma bölünmüştür, her bölüm noktasından bu çizgiye dik çizgiler çizilmiştir. Dik çizgilerin MLD çemberini kestiği yerden, yağ sınır çizgisine dik olacak şekilde yeni çizgiler çizilmiştir, MLD alanı ile yağ çemberi arasında kalan bu 3 çizgi ölçülmüştür. Bu üç çizginin ortalaması alınarak kabuk yağı kalınlığı mm olarak belirlenmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. Kabuk yağı kalınlığının ölçümü

3.2.1. Kullanılan kimyasallar

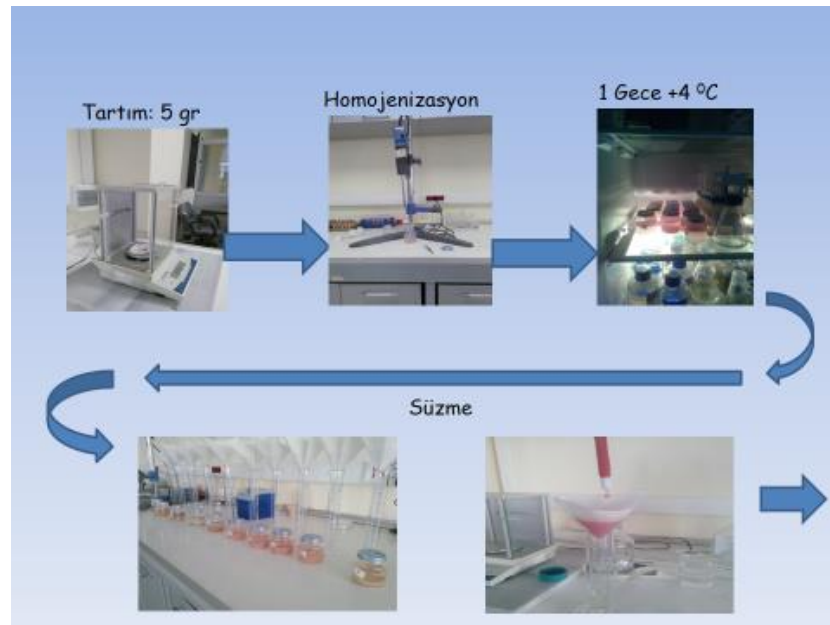
Kas içi toplam yağ, yağ asitlerinin analizi, PCR protokolü, restriksiyon enzimleri ile kesim ve agaroz jel elektroforezi için temin edilen kimyasalların listesi Çizelge 3.1'de sunulmuştur.

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan kimyasalların listesi

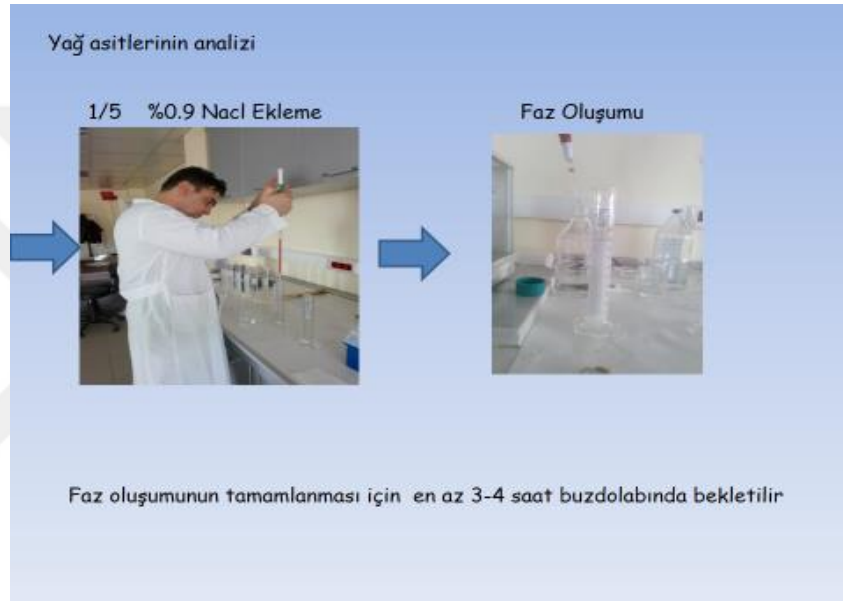
1	Methanol	12	Nuclease-free Water
2	Chloroform	13	Cutsmart Buffer
3	%0,9NaCl	14	10X H Buffer
4	n-Hexane for GC	15	10X Loading Buffer
5	KOH	16	6X Loading dye
6	Taq Buffer	17	EDTA
7	Taq Polymerase	18	Etidium Bromide
8	MgCl ₂ (25 mM)	19	<i>Bfa</i> I Restriction Enzyme
9	10 µl Primer Solution	20	<i>Sna</i> BI Restriction Enzyme
10	dNTP mix	21	<i>Pst</i> I Restriction Enzyme
11	10X TBE Buffer	22	Agarose

3.2.2. Toplam yağ ve yağ asitlerinin analizi

Kas dokularında toplam yağın ekstraksiyonu, Folch *et al.* (1957)'in modifiye edilmiş metoduna göre yapılmıştır. Blendır ile homojen hale getirilen doku karışımından 5 gr alınarak blendır içinde 2:1 oranda kloroform metanol karışımı ile toplam yağın ekstraksiyonu yapılmıştır (Şekil 3.4).

**Şekil 3.5.** Toplam yağ ekstraksiyon aşamaları (1)

Protein, karbohidrat ve amino şekerler gibi yağ olmayan safsızlıklar %0.9'luk NaCl ile yıkanarak uzaklaştırılmıştır (Şekil 3.5). Toplam yağı içeren kloroform fazı, önceden ilk ağırlığı alınmış 100 ml'lik cam balona konulmuş, döner buharlaştırıcıda 40°C'de uçurulmuştur. Kloroform uçurulduktan sonra cam balon desikatörde soğutulmuş ve ikinci ağırlığı alınmıştır. İkinci ağırlıktan ilk ağırlık çıkarılarak 5 g dokuda olan toplam yağ miktarı belirlenmiştir. Total yağ miktarı sonuçları g/100 g doku olarak verilmiştir.



Şekil 3.6. Toplam yağın ekstraksiyon aşamaları (2)

Yağ asidi metil esterleri Agilent Technologies firmasının önerileri doğrultusunda, Ichihara *et al.* (1996) tarafından tanımlanmış metod ile elde edilmiştir. Bunun için cam balonda bulunan toplam yağ 2 ml n-Hekzan ile bir iki dakika çalkalanarak çözülmüştür. Bu karışım 5 ml'lik kapaklı plastik şişeye aktarıldıktan sonra üzerine 100 µl 2 M Metanolde çözdürülmüş Potasyum Hidroksit eklenerek, 1 dakika kadar vortexlenmiş ve 5 dakika 3000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Oluşan üst faz 2 ml'lik viale aktarılarak analize hazır hale getirilmiştir.

Bireysel yağ asidi metil esterlerinin analizi gaz kromatografi cihazında (Agilent Technologies 7890A GC/5975C MS) Optima marka delta-6- 0.25 mikrometre (60 m x 0.25 µm ID) kolonu ile yapılmıştır. Cihazın yağ asitlerini okuması 120°C ile başlamış,

5°C/dk ile 250°C'ye ulaşmış, bu sıcaklıkta 3 dk beklemiş, sonra 2°C/dk ile 270°C'ye ulaşmış ve yine bu sıcaklıkta 16 dk bekleyerek okuma işlemini bitirmiştir. Cihaz splitless modunda çalıştırılmış enjeksiyon hacmi 1 µl olmuştur. Taşıyıcı gaz olarak azot gazı kullanılmıştır. Gaz kromatografi analizi sonucunda elde edilen kromatogramlardaki yağ asidi metil esterlerinin kalitatif tayini, standart yağ asidi metil esterlerinin relatif alıkonma süreleri karşılaştırılarak yapılmıştır. Kantitatif tayinler ise her bir yağ asidinin yüzde miktarları şeklinde eskternal standart yöntemi kullanılarak yapılmıştır.

3.2.3. DNA izolasyonu

Yağ asitleri analizi için alınan et örneklerinden DNA izolasyonu Qiagen marka DNeasy Blood and Tissue kiti (cat. No. 69504 ve 69506) ile yapılmıştır. Yöntem firmanın tavsiyelerine uygun olarak aşağıda belirtildiği şekilde yapılmıştır.

- 1- 25 mg'dan az olacak şekilde etlerden doku örneği alınarak 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüplerine kondu, üzerine 180 µl ATL buffer ve 20 µl proteinaz K eklenerek vortekslenmiş, doku örneğinin tamamı eriyinceye kadar 56°C'lik su banyosunda inkube edilmiştir. İnkubasyon süresinin sonunda örnekler 15 saniye kadar vortekslenmiştir.
- 2- Erimiş doku üzerine 200 µl AL buffer eklenerek vortekslenmiş ve 10 dakika boyunca 56°C'deki su banyosuna bırakılmıştır.
- 3- Karışım üzerine 200 µl saf etanol eklenerek kuvvetlice vortekslenmiştir.
- 4- Bu karışım 2 ml'lik toplama tüpü içerisindeki DNeasy spin kolonuna aktararak 8000 rpm'de 1 dk boyunca santrifüj edilmiş ve spin kolon yeni bir toplama tüpüne (2 ml) yerleştirilmiştir.
- 5- Spin kolonu üzerine 500 µl AW1 buffer eklenerek tekrar 1 dk boyunca 8000 rpm'de santrifüj edilmiş ve spin kolon yeni bir toplama tüpüne yerleştirilmiştir.
- 6- Spin kolonu üzerine 500 µl AW2 buffer eklenerek 14 000 rpm'de 3 dk santrifüj edilmiş ve spin kolon yeni bir tüpe yerleştirilmiştir.
- 7- Spin kolonun membranına tutunmuş olan DNA'nın elde edilmesi amacıyla Spin kolona 200 µl AE çözeltisi eklenerek, 1 dk oda sıcaklığında bekletilmiş ve 8000 rpm'de en az 1 dk santrifüj edilmiştir.

3.2.4. İzole edilmiş DNA'ların miktar ve kalitesinin ölçülmesi

İzole edilen DNA örneklerinin konsantrasyonları ve saflığı spektrofotometre yardımıyla (Thermo Scientific Nanodrop ND-1000) sırasıyla 260 nm ve 260/280 nm dalga boyundaki ışık ile ölçülmüştür (Çizelge 3.2).

3.2.5. Kullanılan primerler

Araştırmaya konu olan lokuslarının hedef bölgelerinin çoğaltılması için kullanılan primerler, bu primerleri kesen enzimler ile kesimi yapılacak bölgenin fragment uzunlukları Çizelge 3.3'te gösterilmiştir.

Çizelge 3.2. Bazı örneklerin DNA spektrofotometre ölçümleri

No	Örnek	ng/ul	Faktör	A260	Pathlength (mm)	260/280	260/230
	Blank						
1	92	85,73	50	1,715	10	2,31	1,95
2	126	66,01	50	1,320	10	2,25	1,52
3	144	60,64	50	1,213	10	1,93	1,71
4	152	77,37	50	1,547	10	2,26	2,22
5	91	57,98	50	1,160	10	2,20	1,94
6	140	89,56	50	1,791	10	1,86	1,35
7	82	66,61	50	1,332	10	2,14	1,52
8	145	62,84	50	1,257	10	2,01	1,55
9	114	51,73	50	1,035	10	2,13	1,29
10	137	109,86	50	2,197	10	2,09	2,10

Çizelge 3.3. Çoğaltma işlemi için kullanılan primerler ve kesim enzimleri

Gen	Primer	Enzim	Frag. Uz.	Literatür
Ghrelin	5'- GTGGGGATCTTAAGTCCCTA -3' 5'- AGGGTGGGAGAACGGACAGGT -3'	<i>BfaI</i>	187 bp	Sherman <i>et al.</i> (2007)
Leptin 1	5'-ATGCGCTGTGGACCCCTGTATC -3' 5'- TGTTGTCATCCTGGACCTTCG -3'	<i>Kpn2I</i>	94 bp	Buchanan <i>et al.</i> (2002)
Leptin 2	5'-GTGCCACGTGTGGTTTCTTCTGTT-3' 5'-GTTTTGGTGTTCATCCTGGACCCTG-3'	<i>PstI</i>	155 bp	Gürses (2010)
IGF-1	5'- ATTACAAAGCTGCCTGCCCC -3' 5'- ACCTTACCCGTATGAAAGGAATAT ACG T -3'	<i>SnaBI</i>	249 bp	Ge <i>et al.</i> (2001)

3.2.6. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

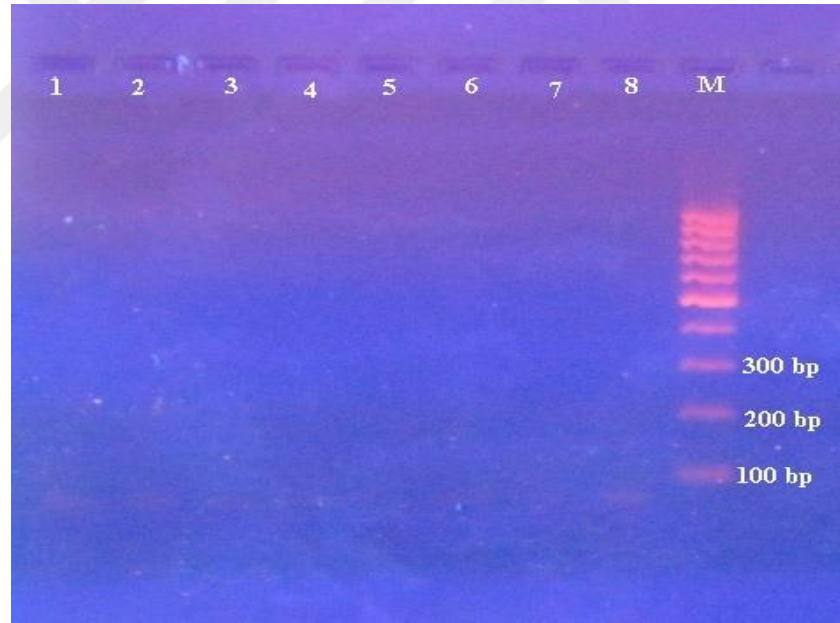
Elde edilen DNA'ların belirlenen gen bölgelerinin fragmentleri incelenen lokuslar için PCR yöntemi ile yükseltgenmiştir.

Ghrelin:

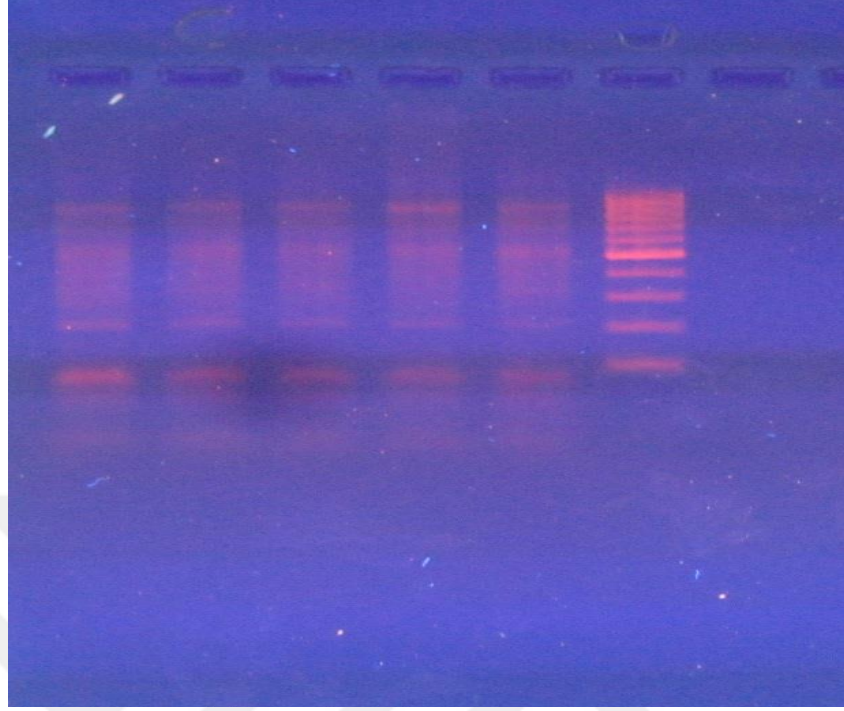
Ghrelin lokusunun yükseltgenmesi için kullanılan PCR işlemi 25 µl hacimde gerçekleştirilmiştir. Her bir örnek için; 2,5 µl 10X Reaksiyon Buffer, 2 µl MgCl⁺⁺ (2 mM), 10 µM'lık her bir primer çözeltisinden 1 µl, Taq polymerase 0,25 µl (1,25 U), dNTP mix 0,25 µl (0,1 mM), 2 µl DNA ve 16 µl nukleazsız su kullanılmıştır. PCR işlemi Takara marka thermal cycler cihazında gerçekleştirilmiştir. Protokol olarak 94°C'de 5 dakika denatürasyonun ardından, 40 döngü 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 60°C'de 30 saniye bağlanma, 72°C'de 30 saniye uzama adımları uygulanmıştır. Son uzama adımı 72°C'de 5 dakika olacak şekilde uygulanmıştır.

Leptin:

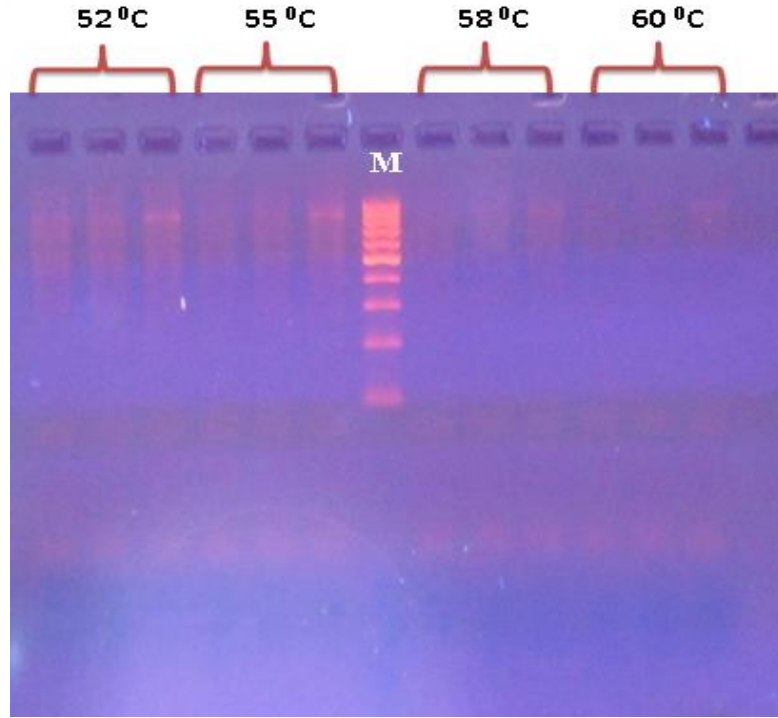
Proje kapsamında öncelikle temin edilen Leptin 1 primerleri kullanılarak, Buchanan *et al.* (2002)'nin bildirdiği şekilde PCR yapılmıştır. Enzimle kesime geçmeden önce PCR ürünü oluşup oluşmadığının görülmesi için %2'lik agarose jelde bazı numuneler yürütülmüştür. Yürütme sonucunda ürün oluşumunun çok zayıf olduğu görülmüştür (Şekil 3.6). Bunun üzerine Touch-Down ve Gradient PCR teknikleri kullanarak farklı bağlanma sıcaklıkları denenmiş ve PCR ürünü elde edilmeye çalışılmıştır. Bu denemelerden sonra yapılan %2'lik agarose jel yürütmelerinde zayıf veya atipik bant oluşumları gözlenmiştir. Üstüste tekrarlanan farklı koşullardaki PCR şartlarına rağmen istenilen ürünün oluşmadığı gözlenmiştir (Şekil 3.7; 3.8).



Şekil 3.7. Leptin 1 primerleriyle Bunchanan *et al.* (2002)'ın belirttiği protokol ile yapılan PCR sonucu oluşan %2'lik agarose jel görüntüsü



Şekil 3.8. Leptin 1 primeri Touch-Down PCR (60°C-50°C)'in %2 agarose jel görüntüsü



Şekil 3.9. Leptin 1 primeri Gradient PCR'in 4 farklı sıcaklıktaki %2 agarose jel görüntüsü

Sorunun kaynağının tespit edilebilmesi amacıyla laboratuvarında bulunan daha önceden çalıştığı teyit edilmiş, farklı primerler ile yapılan PCR işlemlerinin malzemeleri denenmiş, aynı şekilde Leptin 1 primerleri ve sığır DNA'sı yine çalıştıkları teyit edilen farklı PCR malzemeleri ile çalışılmıştır. Agarose jelde yürütülen bu numuneler karşılaştırılmış ve Leptin 1 primerlerinin çalışmadığı kanaatine varılmıştır. Bu nedenle ilgili gen lokusunu çalışmadan tamamen çıkarmak yerine, ilgili polimorfizmi tespit etmek amacıyla Gürses'in (2010) bildirdiği yöntem kullanılmıştır. Leptin lokusunun hedef bölgesini çoğaltmak amacıyla kullanılan PCR işlemi 12,5 µl reaksiyon hacminde gerçekleştirilmiştir. Reaksiyon çözeltisi 1,25 µl 10X Reaksiyon Buffer, 1,5 mM MgCl⁺⁺, her bir primerden 0,2 µM, Taq polymerase 0,625 U, dNTP mix 0,1 mM 1 µl genomik DNA ve 8,75 µl nükleazsız su içerecek şekilde hazırlanmıştır. Protokol olarak 94°C'de 2 dakika denatürasyonun ardından, 35 döngü 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 62°C'de 30 saniye bağlanma, 72°C'de 30 saniye uzama adımları uygulanmıştır. Son uzama adımı 72°C'de 5 dakika olacak şekilde uygulanmıştır.

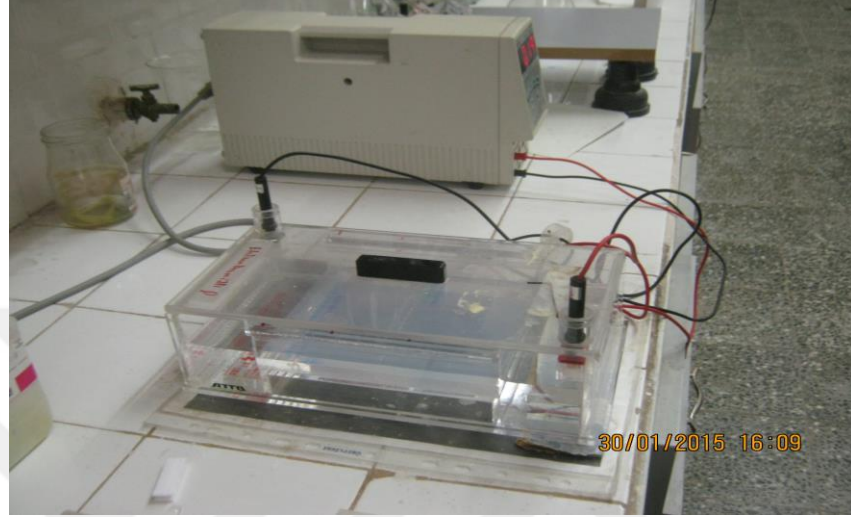
IGF-1:

IGF-1 lokusu için 12,5 µl'lik PCR ürünü elde etmek amacıyla her bir örnek için reaksiyon çözeltisi 1,25 µl 10X Reaksiyon Buffer, 1,5 mM MgCl⁺⁺, her bir primerden 0,2 µM, Taq polymerase 0,625 U, dNTP mix 0,1 mM, 2 µl genomik DNA ve 8,75 µl nükleazsız su içerecek şekilde hazırlanmıştır. Protokol olarak 94°C'de 5 dakika denatürasyonun ardından, 40 döngü 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 62°C'de 30 saniye bağlanma, 72°C'de 30 saniye uzama adımları uygulanmıştır. Son uzama adımı 72°C'de 5 dakika olacak şekilde uygulanmıştır.

3.2.7. Restriksiyon enzimleri ile kesim ve agaroz jel elektroforezi

PCR ürünlerinin uygun miktarda çoğalıp çoğalmadığını ve primerlerin bağlanma durumlarını kontrol etmek amacıyla bazı örneklerin PCR ürününden 10 µl 2,5 µl 6X loading dye ile karıştırılarak %2'lik jele yüklenmiş ve 90 dakika 120 voltta yürütülmüştür (Şekil

3.9). Agaroz jeller ethidium bromid ile boyanarak UV ışık ile görünür hale getirildikten sonra fotoğrafları çekilip değerlendirilmiştir.



Şekil 3.10. Yatay elektroforez tankı ve agaroz jelde yürütme işlemi

Bfal (New England BioLabs, Lot:0171312) ve *SnaBI* (New England BioLabs, Lot:0471309) enzimleri ile kesim için PCR işleminden sonra elde edilen PCR ürünlerinden 10 µl alınarak 20 µl enzimli çözelti (16,8 µl nukleazsız su, 3 µl cutsmart buffer ve 0,2 µl enzim) ile karıştırılmıştır. *Bfal* enzimi 16 saat 37°C'de, *SnaBI* enzimi için 1 saat 37°C'de inkübasyona bırakılmış ve sonrasında her iki enzim için numuneler 80°C'de 20 dakika bekletilerek denatürasyon sağlanmıştır. Enzimle kesilmiş 15 µl ürünü, 3 µl 6x loading dye ile karıştırılarak %3 lük agaroz jele yüklenmiştir. Örnekler 120 voltta 75 dakika yürütülmüştür.

PstI (Takara, Cat: 1073A, Lot: K1102BA) enzimi ile kesim için PCR işleminden sonra elde edilen PCR ürünlerinden 12 µl alınarak 8 µl enzimli çözelti (5,80 µl nukleaz-free su, 2 µl 10x H buffer ve 0,2 µl enzim) ile karıştırılmış ve 1 saat 37°C'de inkübasyona bırakılmıştır. Enzimle kesilmiş üründen 10 µl, 1 µl 10X yükleme çözeltisi ile karıştırılarak %3 lük agaroz jele yüklenmiş ve 120 voltta yaklaşık 75 dakika yürütülmüştür.

3.3. İstatistiksel Analizler

Gen frekanslarının tahmini, ghrelin, leptin ve IGF-1 genotiplerinin sayılarından elde edilmiştir. Buna göre allel frekansları;

$$P(A) = \frac{2 * AA + AB}{2 * N}$$

Formülü ile hesaplanmıştır (Vanlı vd 2008; Vanlı vd 2012).

Sürülerin Hardy-Weinberg denge durumu χ^2 test istatistiğine dayalı web tabanlı Hardy-Weinberg Equilibrium Calculator for 2 Alleles programı ile kontrol edilmiştir (Anonymus 2015).

İstatistiksel ön analizde incelenen özelliklerin normal dağılım uyumu Kolmogorov-Smirnov testi ile kontrol edilmiş ve Histogram grafikleri incelenmiştir. Normal dağılım gösteren ve yeterli örneklem büyüklüğüne sahip veri setleri parametrik testlerle, sınırlı örneklem hacmine sahip veri setleri parametrik olmayan testlerle analiz edilmiştir.

Araştırmanın yürütüldüğü sürüde araştırma materyali ırklara göre kesim yaşı bakımından analiz edilmiştir. Kesim yaşına göre ırklar arasında farklılığın bulunması nedeniyle yaş faktörü analiz modeline kovaryet olarak dahil edilerek kesim ve karkas özellikleri genotipler bakımından analiz edilirken aşağıdaki biyometrik model kullanılmıştır.

$$y_{ij} = \mu + a_i + (x_{ij} - \bar{x}) + e_{ij}$$

Formülde;

y_{ij} : İlgili kesim-karkas özelliğini

μ : Sürü ortalamasını,

a_i : i. genotip etkisini,

$(x_{ij} - \bar{x})$: Kesim yaşı etkisinin kovaryet etkisi,

e_{ij} : $N \sim (0, \sigma_e^2)$ olan hata değişkenini göstermektedir.

Ayrıca herbir ırk içinde (Angus, Hereford gibi) genotip gruplarının analizinde tek yönlü varyans analizleri kullanılmış ancak alt gruplarda veri sayısının sınırlı olduğu durumlarda Kruksal-Wallis testi (parametrik olmayan test) kullanılmıştır. Alt grupların çoklu karşılaştırılmasında LSD testi kullanılmıştır. İki bağımsız grubun karşılaştırılması durumunda t testi veya Mann-Whitney U testi uygulanmıştır (Yıldız vd 2015).

Kesim ile karkas özellikleri arasında ve yağ asitleri arasındaki korelasyonlar Pearson Korelasyonu ile incelenmiştir. Ayrıca kesim yaşının etkisini gidererek özellikler arasındaki ilişkiyi göstermek amacıyla kesim yaşını kontrol değişkeni olarak özellikler arasındaki kısmi korelasyonlar da (partial correlation) hesaplanmıştır. Verilerin elektronik ortama girilmesi ve hesaplamalarda Microsoft Office 2010 Excel ve SPSS statistics 17.0 (SPSS 2008) veri analiz programları kullanılmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Irkların Sayıları, Yaş Ortalamaları ve Genotipleri

Araştırmada kullanılan hayvanların ırkları, sayıları, yaş ortalamaları ve genotipleri hakkındaki bilgiler Çizelge 4.1’de sunulmuştur.

Çizelge 4.1. Araştırmada kullanılan ırklar, yaş ortalamaları ve incelenen genotiplere ait sayılar

İrk	N	Yaş Ort.	IGF-1			Leptin			Ghrelin	
			AA (n)	AB (n)	BB (n)	CC (n)	CT (n)	TT (n)	AA (n)	AG (n)
A	145	15,88	36	53	16	32	53	29	102	17
BR	24	14,96	7	7	2	7	6	8	20	1
BH	36	18,92	12	6	11	3	4	2	18	3
CH	54	15,22	9	30	6	21	21	9	40	4
HR	112	18,67	43	27	15	23	9	5	73	10
LM	34	15,18	8	14	4	13	8	9	20	4
Top	405	16,72	115	137	54	99	101	62	273	39

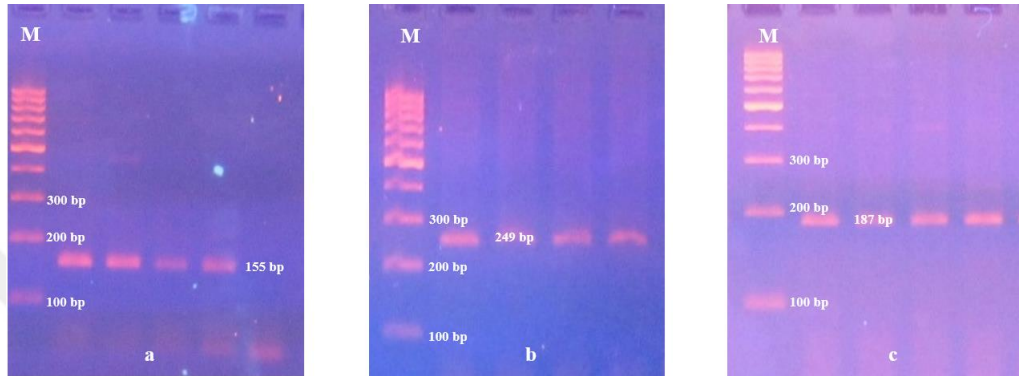
A: Angus, BR: Brahman, BH: Black Hereford, CH: Charolais, HR: Hereford, LM: Limousine, Top: Toplam.

Genotip alt gruplarına ait toplamların eşit olmamasının nedeni her kan örneğinden elde edilen DNA’lardan ilgili genotip tiplemesinin yapılamamasından kaynaklanmıştır. Diğer bir ifade ile, örneğin; Angus ırkına ait 145 örnekten IGF-1 105, leptin 114 ve ghrelin 129 örnekte tiplendirilmiştir. Diğer ırklarda benzer olarak tiplendirilebilen genotip sayıları farklıdır.

4.2. PCR ve Agaraoz Jel Elektrofrezisi

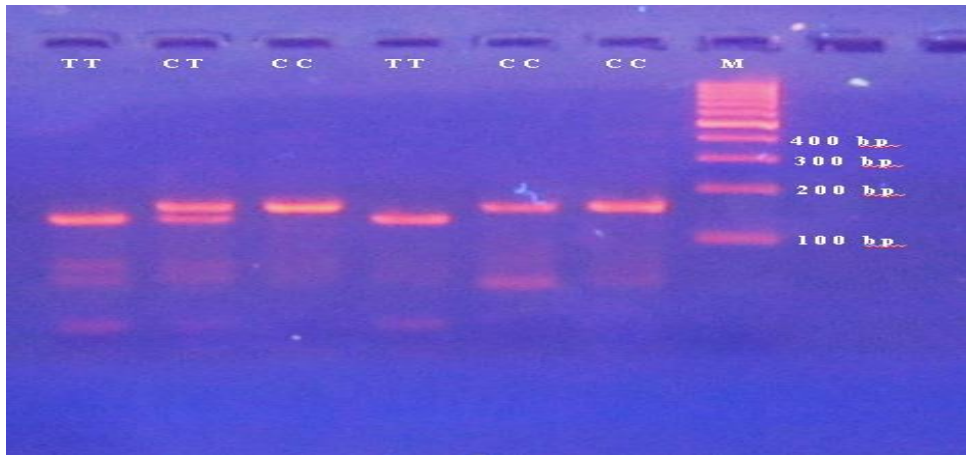
Araştırmada kullanılan materyallerden izole edilen DNA’lardan primerler aracılığıyla leptin, ghrelin ve IGF-1 genlerinin ilgili kısımları PCR yöntemiyle yükseltgenmiştir.

PCR ürünleri enzimlerle kesilmeden önce %2'lik agaroz jel elektroforezinde yürütülmüştür. UV ışık altında çekilen jel fotoğraflarında leptin (155 bp), IGF-1 (249 bp) ve ghrelin (187 bp) ürünlerinin gözlenen bantları Şekil 4.1a, 1b ve 1c'de gösterilmiştir.

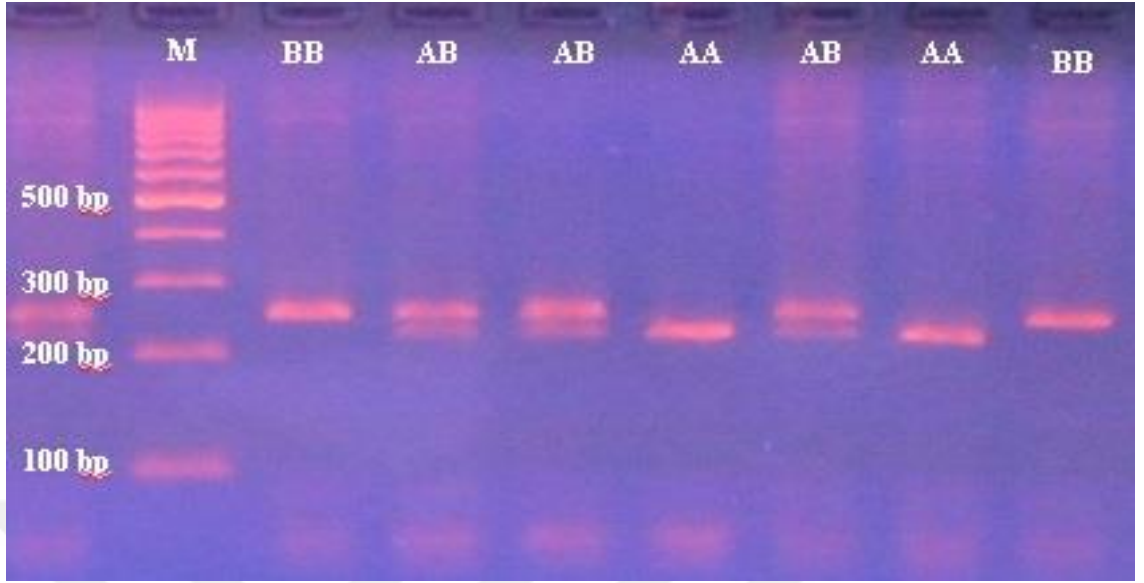


Şekil 4.1. a) Leptin geni 155 bp'lik PCR ürünü **b)** IGF-1 geni 249 bp'lik PCR ürünü **c)** Ghrelin 187 bp'lik PCR ürünü (M: 100 bp Markör)

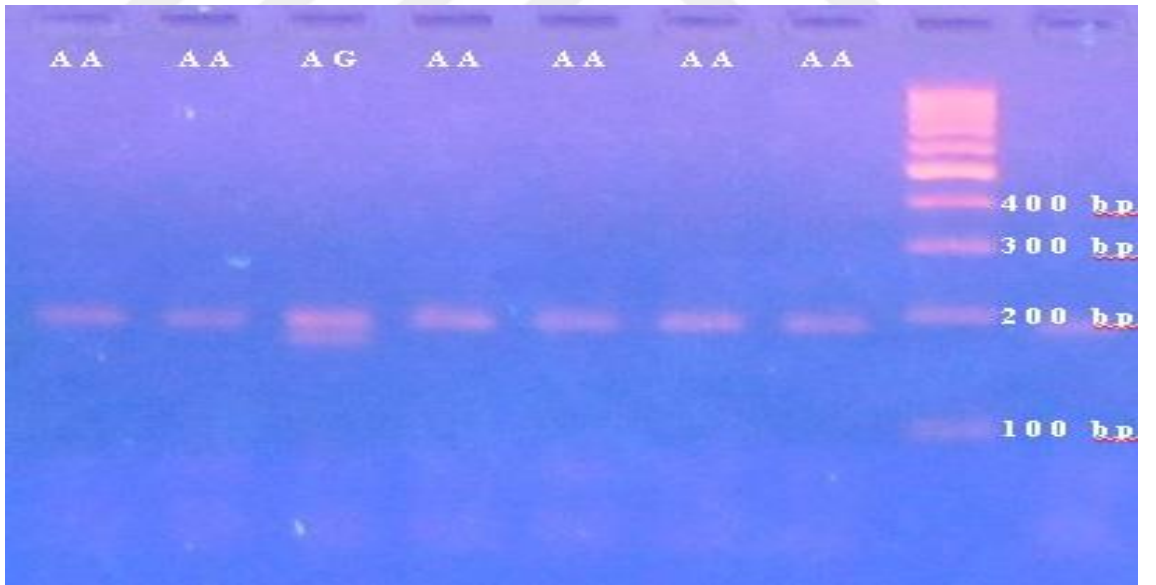
Leptin geni ekson 2, IGF-1 geni ekson 1 ve ghrelin geni intron 3 bölgelerinden PCR ile çoğaltılan 155, 249 ve 187 bp'lik fragmentlerin sırasıyla *PstI*, *SnaBI* ve *BfaI* enzimleri ile kesilerek elde edilen kesim ürünlerinin agaroz jel elektroforezindeki bant profilleri Şekil 4.2, 4.3 ve 4.4'te gösterilmiştir.



Şekil 4.2. 155 bp'lik PCR ürünlerinin *PstI* enzimi ile kesimi sonucu oluşan genotipler (%3'lük agaroz jel, M: 100bp DNA ladder)



Şekil 4.3. 249 bp'lik PCR ürünlerinin *SnaBI* enzimi ile kesimi sonucu oluşan genotipler (%3'lük agaroz jel, M: 100 bp DNA ladder)



Şekil 4.4. 187 bp'lik PCR ürünlerinin *BfaI* enzimi ile kesimi. %3'lük agaroz jel, M: 100 bp DNA ladder ve genotipler

4.3. Genotip ve Allel Frekansları ile İncelenen Özellikler

İncelenen materyalde Leptin/*PstI*, IGF-1/*SnaBI* ve Ghrelin/*Bfal* genotipleri ve allel frekansları ile χ^2 test istatistiği sonuçları Çizelge 4.2’de özetlenmiştir.

Çizelge 4.2. Araştırma sürüsünde IGF-1, leptin ve ghrelin genleri bakımından genotip ve allel frekansları ile Hardy-Weinberg denge durumu

Genler	Genotipler (n)			Alleller (n)		p-Değeri	Önem Durumu
	BB (115)	AB (137)	AA (54)	B (367)	A (245)		
IGF-1	0,360	0,480	0,160	0,600	0,400	0,238	ns
Leptin	0,326	0,490	0,184	0,571	0,429	0,001	**
Ghrelin	0,879	0,117	0,004	0,938	0,062	0,239	ns

** : p<0,01; ns: Önemsiz fark.

Çizelge 4.2’deki veriler ışığında IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi bu çalışmada incelenen besi sığırlarında BB, AB ve AA genotiplerinin her üçü de gözlemlenmiştir. IGF-1 lokusunda frekansı en yüksek genotip AB, en düşük genotip ise AA şeklinde bulunmuş olup B allelinin frekansının (0,600) A allele göre (0,400) yüksek olduğu gözlenmiştir. Leptin/*PstI* polimorfizmi yönünden bakıldığında da yine olası üç genotip gözlenmiştir. Bu lokusta frekansı en yüksek genotip CT, frekansı en düşük genotip ise TT olarak bulunmuş, C allelinin frekansı 0,571 bulunurken T allelinin frekansı 0,429 olarak tespit edilmiştir. Ghrelin/*Bfal* polimorfizmi yönünden ise incelenen materyalde AA ve AG genotipleri gözlenirken GG genotipi gözlenmemiştir. Buna bağlı olarak A allelinin frekansı yüksek bulunurken (0,938), G allel frekansı ise oldukça düşük (0,062) bulunmuştur. Ayrıca incelenen besi sığırı sürüsü IGF-1/*SnaBI* ve Ghrelin/*Bfal* polimorfizmleri yönünden Hardy-Weinberg dengesinde, Leptin/*PstI* polimorfizmi yönünden ise dengede olmadığı görülmüştür.

Angus, Hereford ve Charolais ırklarının kendi içlerindeki Leptin/*PstI*, IGF-1/*SnaBI* ve Ghrelin/*Bfal* genotipleri ve allel frekansları ile χ^2 test istatistiği değerleri Çizelge 4.3’te gösterilmiştir. IGF-1 lokusunda Angus ve Charolais ırklarında genotip frekansı

AB>BB>AA şeklinde bulunurken, Hereford ırkında BB>AB>AA olarak tespit edilmiştir. Tüm ırklarda B alleli daha yüksek oranda bulunurken, en yüksek frekans dağılımını Angus ırkında göstermiştir. Leptin lokusunda Angus ırkında genotip frekansı CT>CC>TT şeklinde bulunurken, Hereford ırkında CC>CT>TT ve Charolais ırkında ise CT>CC>TT olarak tespit edilmiştir. Genotip frekansları ile doğru orantılı olarak C allelinin tüm ırklarda T alleleline göre yüksek frekansta olduğu görülmüştür. Ghrelin/*Bfal* genotiplerinin polimorfizmlerine baktığımızda incelen ırklar arasında GG genotipine hiç rastlanmamış, AG genotipinin frekansı ise oldukça düşük tespit edilmiştir. Bu duruma paralel olarak G allelinin frekansı da çok düşük bulunmuştur. Hardy-Weinberg denge durumlarına bakıldığında ise hereford ırkının IGF-1/*SnaBI* ve Leptin/*PstI* polimorfizleri yönünden, Charolais ırkının da IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi yönünden dengede olmadığı görülmüştür.

Çizelge 4.3. Angus, Hereford ve Charolais ırklarının genotip ve allel frekansları ile Hardy-Weinberg denge durumları

	Genotipler (n)			Alleller (n)		p-Değeri	Önem Durumu
ANGUS							
IGF-1	BB (36)	AB (53)	AA (16)	B (125)	A (85)	0,6262	ns
	0,354	0,482	0,164	0,595	0,405		
Leptin	CC (32)	CT (53)	TT (29)	C (117)	T (111)	0,4579	ns
	0,263	0,500	0,237	0,513	0,487		
Ghrelin	AA (102)	AG (17)	GG (0)	A (221)	G (17)	0,4014	ns
	0,862	0,133	0,005	0,929	0,071		
HEREFORD							
IGF-1	BB (43)	AB (27)	AA (15)	B (113)	A (57)	0,0081	**
	0,442	0,446	0,112	0,665	0,335		
Leptin	CC (23)	CT (9)	TT (5)	C (55)	T (19)	0,0274	*
	0,552	0,382	0,066	0,743	0,257		
Ghrelin	AA (73)	AG (10)	GG (0)	A (156)	G (10)	0,5592	ns
	0,883	0,113	0,004	0,940	0,060		
CHAROLAİS							
IGF-1	BB (9)	AB (30)	AA (6)	B (48)	A (42)	0,0228	*
	0,284	0,498	0,218	0,533	0,467		
Leptin	CC (21)	CT (21)	TT (9)	C (63)	T (39)	0,3599	ns
	0,382	0,472	0,146	0,618	0,382		
Ghrelin	AA (40)	AG (4)	GG (0)	A (84)	G (4)	0,7521	ns
	0,911	0,087	0,002	0,955	0,045		

*: p<0,05; **: p<0,01; ns: Önemsiz.

4.3.1. Leptin geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri

Leptin, IGF-1 ve Ghrelin gen polimorfizmlerinin karkas ve bazı verim özellikleri üzerine etkisi incelenmiştir. Araştırma materyalini oluşturan besi sığırları önce birlikte ele alınarak söz konusu gen polimorfizmlerinin etkisi incelenmiştir. Ön analizde ırklar arasında kesim yaşı farklılığının önemli ($p < 0,05$) çıkması nedeniyle analiz modeline kesim yaşı kovaryet olarak alınmıştır. Daha sonra yeterli veriye sahip ırklar (Angus, Hereford ve Charolais) ayrı ayrı gen polimorfizmleri bakımından değerlendirilmiştir. Besi sığırlarında yaş faktörüne göre düzeltilmiş karkas ve verim özellikleri üzerine Leptin/*PstI* gen polimorfizmlerinin etkilerinin ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiksel analizler Çizelge 4.4'te gösterilmiştir. Buna göre incelenen özellikler bakımından genotipler arasındaki farklılıkların önemsiz ($p > 0,05$) olduğu görülmüştür. Bununla beraber kesim günü canlı ağırlık, karkas ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı özellikleri en yüksek değerlerini CC genotipinde, en düşük değerlerini ise TT genotipinde göstermişlerdir. Kesim günü canlı ağırlık CC genotipinde 463,30 kg, CT genotipinde 447,80 kg ve TT genotipinde 440,00 kg'lık değerler olarak sıralanmıştır. Karkas ağırlığı CC genotipinde 259,50 kg, CT genotipinde 250,20 kg ve TT genotipinde ise 244,10 kg'lık değerler, günlük canlı ağırlık artışı ise CC=1 337 g, CT=1 290 g ve TT=1 249 g'lık değerler olarak sıralanmışlardır.

Çizelge 4.4. Kesim ve karkas özellikleri için Leptin/*PstI* genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	CC (n=99)		CT (n=101)		TT (n=62)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Canlı Ağırlık (kg)	463,30	11,01	447,80	4,87	440,00	5,43	F=1,950	0,146	ns
Karkas Ağırlığı (kg)	259,50	7,06	250,20	3,12	244,10	3,48	F=2,184	0,116	ns
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 337	41	1 290	18	1 249	20	F=2,293	0,105	ns
Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	7,25	0,69	7,37	0,31	7,17	0,34	F=,093	0,911	ns
<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	59,54	2,52	61,59	1,11	61,40	1,24	F=,279	0,757	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

Leptin/*PstI* polimorfizmleri ile kesim ve karkas özellikleri arasındaki ilişkiler Angus, Hereford ve Charolais ırklarında ayrı ayrı incelenmiş ve bulgular Çizelge 4.5'te özetlenmiştir. Yapılan istatistiksel analizler sonucunda Leptin/*PstI* polimorfizminin, bu ırklarda, incelenen verim özellikleri bakımından önemli bir etkisinin olmadığı tespit edilmiştir. Genotipler arası verim özelliklerine göre bir sıralama yapılacak olursa, Angus, Hereford ve Charolais ırklarında günlük canlı ağırlık artışı yönünden genotipler CC>CT>TT şeklinde benzer olarak sıralanmıştır. Ayrıca Charolais ırkında genotipler canlı ağırlık bakımından CC>CT>TT olarak benzer şekilde sıralandığı tespit edilmiştir. MLD alanı yönünden Angus ve Hereford ırkı genotiplerin CT>CC>TT olarak sıralandığı, aynı sıralamaya Angus ırkının canlı ağırlık özelliğinin de sahip olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.5. Angus, Hereford ve Charolais ırklarında kesim ve karkas özellikleri için Leptin/*PstI* genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

İrk	Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p- Değeri	Önem Durumu
		CC		CT		TT				
		\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Angus	Canlı Ağırlık (kg)	449,59	7,37	453,36	6,53	434,38	7,06	F=1,821	0,167	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	249,13	4,66	253,10	3,93	242,06	5,13	F=1,485	0,231	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 300	25	1 290	24	1 230	20	F=2,143	0,122	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	6,35	0,35	7,45	0,48	7,30	0,44	F=0,164	0,849	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	60,30	3,43	61,55	1,73	59,28	1,51	F=0,434	0,650	ns
		n = 32		n = 53		n = 29				

Çizelge 4.5. (devam)

Hereford	Canlı Ağırlık (kg)	470,22	8,85	440,67	17,36	443,00	23,13	KW=3,402	0,183	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	263,48	5,60	242,24	11,08	243,20	14,10	KW=4,193	0,123	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 350	32	1 230	55	1 190	110	KW=4,880	0,087	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	6,77	1,4	7,24	0,96	6,10	0,90	KW=1,735	0,420	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	60,52	3,77	62,43	4,11	56,55	1,70	KW=1,021	0,600	ns
		n = 23		n = 9		n = 5				
Charolais	Canlı Ağırlık (kg)	482,62	10,50	479,33	11,80	459,44	8,20	KW=0,572	0,465	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	269,36	6,53	271,61	7,40	255,68	4,93	KW=0,430	0,396	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 410	51	1 370	44	1 350	35	KW=0,786	0,735	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	8,07	0,35	6,51	0,61	7,89	0,96	KW=1,830	0,400	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	58,51	1,69	60,13	2,48	65,77	2,14	KW=5,003	0,082	ns
		n = 21		n = 21		n = 9				

F: Varyans analizi F değeri; KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemli; \bar{x} : Ortalama; s_x : Standart hata.

4.3.2. IGF-1 geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri

İncelenen sürüde yaş faktörü modele alınarak yaşa göre düzeltilmiş kesim ve karkas özellikleri üzerine IGF-1/*SnaBI* gen polimorfizmlerinin etkilerinin ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiki analizler Çizelge 4.6'da sunulmuştur. Bu polimorfizm nedeniyle oluşan genotiplerin besi sığırlarında incelenen verim özellikleri üzerine etkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiksel analizlerde, kesim günü canlı ağırlık, karkas ağırlığı, günlük canlı ağırlık artışı ve kabuk yağı kalınlığı bakımından genotipler arası fark önemsiz ($p>0,05$) bulunmuştur. Bununla beraber genotipler arası verim özelliklerine göre bir sıralama yapılacak olursa kesim günü canlı ağırlık bakımından genotipler $BB>AA>AB$, karkas ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı bakımından ise $AA>BB>AB$ olarak sıralanmıştır. Kabuk yağı kalınlığına göre genotipler arası fark marjinal düzeyde anlamlı bulunmuş ($p=0,088$) olup, genotiplerin kabuk yağı ortalamaları $BB=8,60$ mm, $AB=7,58$ mm ve $AA=7,37$ mm olacak şekilde ölçülmüştür. MLD alanı bakımından ise AA genotipinin MLD alan ortalaması $61,37$ cm², AB genotipinin ise $61,62$ cm² olarak ölçülmüştür. Ayrıca BB genotipinin MLD alan ortalaması ise $67,13$ cm² olarak tespit edilmiştir. MLD alanı bakımından BB genotipi ile AA ve AB genotipleri arasındaki fark istatistiksel olarak önemli ($p<0,01$) bulunmuştur.

Çizelge 4.6. Kesim ve karkas özellikleri için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	BB (n=115)		AB (n=137)		AA (n=54)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Canlı Ağırlık (kg)	487,60	5,18	476,90	6,28	485,10	7,71	F=0,850	0,429	ns
Karkas Ağırlığı (kg)	271,70	3,15	268,10	3,81	276,20	4,68	F=0,878	0,418	ns
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 229	20	1 222	24	1 256	29	F=0,429	0,652	ns

Çizelge 4.6. (devam)

Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	8,60	0,37	7,58	0,45	7,37	0,55	F=2,469	0,088	ns
<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	67,1	1,25	61,62 ^b	1,52	61,37 ^b	1,86	F=5,371	0,005	**

a,b:Aynı satırda farklı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar önemlidir. **: $p < 0,01$; F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; s_x : Standart hata.

IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin Angus, Hereford ve Charolais ırkında kesim ve karkas özellikleri üzerine etkisi her üç ırkta ayrı ayrı incelenmiş ve sonuçlar Çizelge 4.7’de özetlenmiştir. Bu polimorfizmin verim özellikleri üzerine etkisini tespit etmek amacıyla yapılan istatistiksel analizlerde, Angus ırkında BB genotip hayvanların MLD alanı AB genotip hayvanlara göre önemli ($p < 0,05$) düzeyde yüksek bulunurken, Hereford ırkında da benzer şekilde genotipler arasındaki fark da istatistiksel olarak önemli ($p < 0,05$) bulunmuştur. Genotipler arasında bir karşılaştırma yapıldığında, MLD alanı bakımından tüm ırklarda BB genotipliler en yüksek AB genotipliler en düşük değere sahip olmuştur. Aynı şekilde Angus ve Hereford ırklarında canlı ağırlık ve karkas ağırlığı yönünden BB genotiplilerin en yüksek, AB genotiplilerin ise en düşük değerleri gösterdiği tespit edilmiştir. Ayrıca Charolais ırkında canlı ağırlık, karkas ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı özellikleri bakımından AB genotipine sahip bireylerin en yüksek, BB genotipine sahip bireylerin ise en düşük değerler gösterdiği gözlenmiştir.

Çizelge 4.7. Angus, Hereford ve Charolais ırklarında kesim ve karkas özellikleri için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

İrk	Özellikler	BB		AB		AA		Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
		\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Angus	Canlı Ağırlık (kg)	465,86	10,56	445,89	6,85	454,56	8,49	F=1,520	0,224	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	260,97	6,95	247,32	4,30	257,93	5,25	F=1,871	0,159	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 240	30	1 230	29	1 280	56	F=0,389	0,679	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	7,63	0,55	7,49	0,57	6,33	0,92	F=0,852	0,432	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	64,98 ^a	2,21	56,49 ^b	1,96	61,17 ^{ab}	2,91	F=3,927	0,025	*
		n = 36		n = 53		n = 16				
Hereford	Canlı Ağırlık (kg)	522,93	13,83	482,78	12,02	503,53	17,95	F=2,207	0,117	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	289,13	8,78	267,56	7,54	283,03	10,35	F=1,638	0,201	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 140	34	1 220	52	1 280	35	F=2,566	0,083	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	10,32	0,80	7,69	1,45	8,93	1,73	F=1,136	0,331	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	73,32 ^a	3,45	58,93 ^b	3,93	61,16 ^b	2,59	F=3,501	0,039	*
	n = 43		n = 27		n = 15					
Charolais	Canlı Ağırlık (kg)	467,22	63,80	485,40	52,18	470,86	50,92	KW=1,922	0,382	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	260,44	39,50	275,05	31,52	263,01	32,65	KW=2,399	0,301	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 260	160	1 420	200	1 300	260	KW=4,782	0,092	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	8,90	3,09	6,56	2,50	8,57	0,81	KW=5,485	0,064	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	62,89	11,48	61,71	7,39	61,85	10,48	KW=0,779	0,677	ns
	n = 9		n = 30		n = 6					

a,b: Aynı satırda farklı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklılıklar önemlidir; * :p<0,05; F: Varyans analizi F değeri; KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

4.3.3. Ghrelin geni polimorfizmi ile karkas ve verim özellikleri

Ghrelin gen polimorfizminin karkas ve verim özelliklerine etkisini incelemek üzere yapılan analiz sonuçları Çizelge 4.8'de özetlenmiştir. Yapılan istatistiksel analiz sonuçlarına göre genotipler arasında önemli bir farklılık göstermediği tespit edilmiştir ($p>0,05$). Buna rağmen kabuk yağı kalınlığı hariç diğer özelliklerde AG genotipine ait ortalamalar AA genotipinden daha yüksektir. Ancak farklılıklar istatistiksel olarak önemli değildir.

Çizelge 4.8. Kesim ve karkas özellikleri için Ghrelin/*Bfal* genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler				Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	AA (n=160)		AG (n=25)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Canlı Ağırlık (kg)	479,5	3,92	486,8	9,93	F=0,457	0,500	ns
Karkas Ağırlığı (kg)	267,9	2,39	274,1	6,07	F=0,897	0,345	ns
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 216	140	1 253	340	F=1,034	0,311	ns
Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	8,36	0,25	8,11	0,63	F=0,140	0,708	ns
<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	64,24	0,87	67,97	2,21	F=2,481	0,117	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; S_x : Standart hata.

Ghrelin/*Bfal* polimorfizminin Angus ve Hereford ırklarının kesim ve karkas özellikleri üzerine etkisi Çizelge 4.9'da özetlenmiştir. Bu polimorfizmin verim özellikleri üzerine etkisini tespit etmek amacıyla yapılan istatistiksel analizlerde Angus ve Hereford ırklarında görülen genotipler arasında nemli bir fark gözlenmemiştir ($p>0,05$). Bununla birlikte Angus ırkında günlük canlı ağırlık artışı AG genotipinde 1 303 g, AA genotipinde 1 232 g, kabuk yağı kalınlığı ise AG genotipinde 6,96 mm, AA genotipinde ise 8,12 mm'lik değerler almıştır. Hereford ırkına bakıldığında AG genotipinin MLD alanının (81,55 cm²) AA genotipine (66,76 cm²) göre yüksek bir değer aldığı tespit edilmiştir. Yine Hereford ırkında AG genotipinin kesim günü canlı ağırlığı (540,20 kg) ve karkas ağırlığı (302,90 kg) AA genotipindeki değerlere göre (canlı ağırlık=509,80

kg, karkas ağırlığı=283,60 kg) yüksek bulunmuştur. Ancak bu farklılıklar istatistiksel olarak önemli değildir.

Çizelge 4.9. Angus ve Hereford ırklarında kesim ve karkas özellikleri için Ghrelin/Bfal genotiplerine ait ortalamalar ve istatistik analiz sonuçları

İrk	Özellikler	AA		AG		Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
		\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Angus	Canlı Ağırlık (kg)	454,70	5,53	456,50	13,72	t=-0,118	0,906	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	253,40	3,41	255,10	10,28	t=-0,180	0,858	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 232	20	1 303	43	t=-1,376	0,172	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	8,12	0,42	6,96	0,62	t=1,097	0,276	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	63,57	1,02	61,35	5,35	t=0,408	0,692	ns
		n= 102		n= 17				
Hereford	Canlı Ağırlık (kg)	509,80	8,55	540,20	28,21	t=-1,202	0,233	ns
	Karkas Ağırlığı (kg)	283,60	4,99	302,90	17,74	t=-1,290	0,201	ns
	Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	1 193	23	1 193	75	t=0,002	0,998	ns
	Kabuk Yağı Kalınlığı (mm)	9,44	0,54	10,00	2,04	MW=-0,229	0,834	ns
	<i>M. longissimus dorsi</i> Alanı (cm ²)	66,76	1,99	81,55	10,87	MW=-1,488	0,144	ns
		n= 73		n= 10				

t: Bağımsız örneklem t test değeri; MW: Mann-Whitney U analizi; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; S_x : Standart hata.

4.3.4. Leptin/*PstI* polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi

Varyans analizi ile yaş faktörüne göre düzeltilmiş kas içi toplam yağ (g/100 g) ve yağ asidi kompozisyonlarının üzerine Leptin/*PstI* gen polimorfizminin etkileri Çizelge 4.10'da özetlenmiştir. Leptin/*PstI* genotiplerinin besi sığırlarında kas içi toplam yağ miktarı ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiki analizlerde genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamıştır. Bununla beraber kas içi toplam yağ miktarı (g/100 g) bakımından TT genotipi 3,71 g/100 g'lık bir değer alırken CC genotipinde bu değer 2,65 g/100 g olarak ölçülmüştür. n-3 yağ asidi yüzdesi bakımından ise CC genotipi %0,29'luk değer ile en yüksek n-3 yağ asidi yüzdesini göstermiş olup, CT genotipinde bu değer %0,22 ile en düşük düzeyde kalmıştır. Bunların dışında son zamanlarda et kalitesi göstergelerinden biri olarak kabul gören ve aldığı değer yüksek olması istenilen PUFA/SFA oranı CC ve CT genotiplerinde 0,20'lik, TT genotipinde ise 0,17'lik bir değer göstermiştir.

Çizelge 4.10. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Leptin/*PstI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	CC(n=20)		CT (n=42)		TT (n=29)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	2,65	0,42	3,43	0,30	3,71	0,35	F=1,970	0,146	ns
SFA	53,49	0,98	53,73	0,68	54,22	0,81	F=0,190	0,827	ns
MUFA	35,85	1,57	35,81	1,09	36,72	1,29	F=0,162	0,851	ns
PUFA	10,66	1,74	10,45	1,21	9,06	1,43	F=0,358	0,700	ns
UFA	46,51	0,98	46,27	0,68	45,78	0,81	F=0,190	0,827	ns
PUFA/SFA	0,20	0,04	0,20	0,03	0,17	0,03	F=0,290	0,749	ns
n-3	0,29	0,07	0,22	0,05	0,28	0,05	F=0,499	0,609	ns
n-6	10,36	1,71	10,23	1,19	8,79	1,41	F=0,380	0,685	ns
n-9	35,49	1,54	35,65	1,07	36,46	1,27	F=0,160	0,852	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

Angus ve Charolais ırklarında yeterli veri bulunması nedeniyle bu ırklar Leptin/*PstI* genotipleri bakımından ayrı ayrı analiz edilmiştir. Angus ırkı hayvanlarda Leptin/*PstI* polimorfizminin kas içi toplam yağ miktarı (g/100 g) ile yağ asidi kompozisyonu

üzerine etkileri Çizelge 4.11’de sunulmuştur. Leptin/*PstI* genotipleri arasında yapılan istatistiki analizlerde incelenen yağ özellikleri ile genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamasına rağmen, kas içi toplam yağ miktarı CT genotipinde 3,86 g/100 g’lık değer ile en yüksek, CC genotipinde 3,04 g/100 g ile en düşük değeri almıştır. Ayrıca n-3 yağ asidi yüzdesi bakımından CC genotipi 0,38 ile en yüksek değeri göstermiş olup, CT genotipi ise 0,18 ile en düşük değerde bulunmuştur. CC genotipi n-6 yağ asidi yüzdesi bakımından 8,77 ile en yüksek değeri TT genotipi ise 7,77 ile en düşük değeri göstermiştir. PUFA/SFA oranına bakıldığında da yine CC genotipinin en yüksek değeri aldığı görülmüştür.

Çizelge 4.11. Angus ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Leptin/*PstI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	CC(n=2)		CT (n=28)		TT (n=21)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	3,04	0,52	3,86	0,39	3,56	0,50	KW=1,021	0,600	ns
SFA	53,00	2,08	53,53	0,85	54,75	0,56	KW=4,630	0,099	ns
MUFA	37,73	2,02	38,27	1,32	37,27	1,34	KW=0,721	0,697	ns
PUFA	9,27	0,06	8,20	1,12	7,99	1,27	KW=0,085	0,958	ns
UFA	46,99	2,08	46,47	0,85	45,26	0,56	KW=4,630	0,099	ns
PUFA/SFA	0,18	0,01	0,15	0,02	0,15	0,02	KW=0,362	0,834	ns
n-3	0,38	0,07	0,18	0,05	0,22	0,05	KW=2,538	0,281	ns
n-6	8,77	0,13	8,02	1,11	7,77	1,13	KW=0,077	0,962	ns
n-9	37,06	1,63	38,11	1,30	37,04	1,33	KW=0,766	0,682	ns

KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $s_{\bar{x}}$: Standart hata.

Charolais ırkında Leptin/*PstI* polimorfizminin kas içi toplam yağ miktarı (g/100 g) ile yağ asidi kompozisyonu üzerine etkileri Çizelge 4.12’de özetlenmiştir. Charolais ırkında Leptin/*PstI* genotipleri arasında yapılan istatistiki analizlerde de incelenen yağ özellikleri bakımından genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamıştır. Bununla birlikte kas içi toplam yağ miktarı en yüksek değerini TT genotipinde 3,41 g/100 g ortalama ile gösterirken en düşük değerini ise CC genotipinde 2,71 g/100 g ortalama ile gösterdiği görülmüştür. Ayrıca n-3 yağ asidi yüzdesi TT genotipinde %0,33 ile en yüksek, CC genotipinde ise %0,17 ile en düşük değerini aldığı tespit edilmiştir.

Çizelge 4.12. Charolais ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için *Leptin/PstI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	CC(n=11)		CT (n=19)		TT (n=9)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	2,71	0,41	3,23	0,47	3,41	0,54	F=0,444	0,645	ns
SFA	54,32	1,04	54,28	1,35	53,73	1,96	F=0,043	0,958	ns
MUFA	33,17	1,56	32,39	2,06	34,72	2,43	F=0,301	0,742	ns
PUFA	12,51	2,11	13,33	2,74	11,56	3,67	F=0,093	0,912	ns
UFA	45,68	1,04	45,72	1,35	46,28	1,96	F=0,043	0,958	ns
PUFA/SFA	0,24	0,05	0,26	0,06	0,24	0,08	F=0,063	0,939	ns
n-3	0,17	0,07	0,26	0,08	0,33	0,14	F=0,583	0,564	ns
n-6	12,34	2,06	13,07	2,71	11,23	3,55	F=0,103	0,903	ns
n-9	33,07	1,55	32,21	2,03	34,55	2,42	F=0,312	0,734	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

4.3.5. IGF-1 Gen polimorfizmi ve kasiçi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi

IGF-1/*SnaBI* gen polimorfizminin kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonlarının üzerine etkileri Çizelge 4.13'de gösterilmiştir. IGF-1/*SnaBI* genotiplerinin incelenen yağ özellikleri üzerine etkisi önemsiz ($p>0,05$) bulunmuştur. Genotipler arası fark önemsiz olmakla birlikte AB genotipi toplam yağ, PUFA, PUFA/SFA oranı, n-3 ve n-6 yağ yüzdeleri bakımından en yüksek ortalamalara sahip olmuştur. MUFA ve UFA yüzdeleri bakımından ise BB genotipinde, SFA bakımından ise AA genotipinde en yüksek yüzdeler elde edilmiştir.

Çizelge 4.13. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	BB(n=20)		AB (n=60)		AA (n=19)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	3,81	0,51	4,28	0,30	3,82	0,54	F=0,483	0,618	ns
SFA	52,05	1,07	54,01	0,62	55,31	1,12	F=2,268	0,109	ns
MUFA	39,46	1,68	36,33	0,97	37,18	1,76	F=1,305	0,276	ns
PUFA	8,49	1,65	9,66	0,95	7,51	1,72	F=0,657	0,521	ns
UFA	47,95	1,07	45,99	0,06	44,69	1,12	F=2,268	0,109	ns
PUFA/SFA	0,16	0,04	0,19	0,02	0,14	0,04	F=0,726	0,487	ns
n-3	0,26	0,06	0,33	0,04	0,27	0,07	F=0,510	0,602	ns
n-6	8,20	1,62	9,29	0,93	7,22	1,69	F=0,624	0,538	ns
n-9	38,84	1,62	35,91	0,94	36,71	1,70	F=1,236	0,295	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; S_x : Standart hata; \bar{x} : Ortalama.

Yine analiz için yeteri veriye sahip olan Angus, Charolais ve Hereford ırkları IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi bakımından ayrı ayrı analiz edilmiştir. Angus ırkında IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin kas içi toplam yağ miktarı (g/100 g) ile yağ asidi kompozisyonu üzerine etkileri Çizelge 4.14'te belirtilmiştir. IGF-1/*SnaBI* genotiplerinin Anguslarda incelenen yağ özellikleri üzerine etkisinin önemli ($p>0,05$) olmadığı görülmüştür. Bununla beraber n-3 yağ asidi yüzdesi bakımından BB genotipi (%0,33) ve AB genotipi (%0,31) ile AA genotipi (%0,10) arasında $p=0,059$ önem seviyesinde bir fark olduğu görülmüştür. Aynı zamanda kas içi toplam yağ miktarı bakımından AB genotipinin 5,16 g/100 g'lık miktar ile en yüksek değeri, AA genotipinin ise 2,95 g/100 g ile en düşük değeri gösterdiği bulunmuştur.

Çizelge 4.14. Angus ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	BB(n=11)		AB (n=27)		AA (n=8)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	4,08	0,40	5,16	0,57	2,95	0,71	F=2,375	0,105	ns
SFA	54,61	0,59	54,77	0,68	54,99	1,22	F=0,024	0,976	ns
MUFA	37,95	0,98	38,07	1,28	36,77	2,13	F=0,113	0,893	ns
PUFA	7,43	0,85	7,17	1,02	8,24	2,28	F=0,097	0,908	ns
UFA	45,39	0,59	45,24	0,68	45,01	1,22	F=0,024	0,976	ns
PUFA/SFA	0,14	0,02	0,13	0,02	0,15	0,04	F=0,101	0,905	ns
n-3	0,33	0,06	0,31	0,04	0,10	0,07	F=3,067	0,059	ns ⁺
n-6	7,00	0,84	6,79	1,01	8,14	2,19	F=0,160	0,853	ns
n-9	37,62	0,97	37,63	1,26	36,68	2,13	F=0,065	0,937	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; +: $p < 0,10$; \bar{x} : Ortalama; s_x : Standart hata.

Charolais ırkında IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin kas içi toplam yağ miktarı (g/100 g) ile yağ asidi kompozisyonu üzerine etkileri Çizelge 4.15'te özetlenmiştir. İstatistiksel analiz sonuçlarına göre IGF-1/*SnaBI* genotiplerinin Charolais ırkındaki incelenen yağ özellikleri üzerine etkileri bakımından önemli ($p > 0,05$) bir farklılık bulunamamıştır. Ancak UFA yüzdesi bakımından BB genotipi (%46,09) ve AB genotipi (%46,25) ile AA genotipi (%40,82) arasında $p = 0,097$ seviyesinde bir farklılığın olduğu tespit edilmiştir. Aynı şekilde SFA yüzdesi bakımından en yüksek oran AA genotipinde (%59,18) tespit edilmiş olup BB (%53,91) ve AB (%53,75) genotipleri ile AA genotipi arasında $p = 0,097$ önem seviyesinde bir farklılık bulunmuştur.

Çizelge 4.15. Charolais ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	BB(n=6)		AB (n=27)		AA (n=3)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	2,66	0,40	3,24	0,38	2,68	0,14	KW=0,243	0,886	ns
SFA	53,91	2,05	53,75	0,93	59,18	1,05	KW=4,671	0,097	ns ⁺
MUFA	34,96	4,24	32,94	1,41	31,61	0,75	KW=1,122	0,543	ns
PUFA	11,13	4,41	13,31	2,03	9,22	0,37	KW=0,707	0,702	ns
UFA	46,09	2,05	46,25	0,93	40,82	1,05	KW=4,671	0,097	ns ⁺
PUFA/SFA	0,21	0,09	0,26	0,05	0,16	0,01	KW=0,776	0,678	ns
n-3	0,24	0,10	0,32	0,08	0,00	0,00	KW=2,627	0,269	ns
n-6	10,89	4,36	13,00	2,00	9,22	0,37	KW=0,778	0,678	ns
n-9	34,72	4,19	32,81	1,40	31,47	0,82	KW=1,283	0,526	ns

KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemsiz; +: $p < 0,10$; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

Hereford ırkında IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin kas içi toplam yağ miktarı (g/100g) ile yağ asidi kompozisyonu üzerine etkileri Çizelge 4.16'da gösterilmiştir. IGF-1/*SnaBI* genotiplerinin Herefordlarda incelenen yağ özellikleri üzerine etkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistik analizlerde genotipler arasında istatistiksel olarak önemli ($p > 0,05$) bir fark gözlenmemiştir. Toplam yağ bakımından en yüksek oransal ortalamayı AA genotipi 7,00 g/100 g ile gösterirken diğer iki genotip ise birbirine yakın değerler göstermiştir (AB=4,57 g/100 g, BB=4,34 g/100 g). Kas içi toplam yağ miktarı ile ilgili göze çarpan bu farklar $p=0,067$ önem düzeyinde (marjinal önemli $p < 0,10$) kalmıştır.

Çizelge 4.16. Hereford ırkı hayvanlarda kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için IGF-1/*SnaBI* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler						Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	BB(n=9)		AB (n=13)		AA (n=7)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	4,34	0,78	4,57	0,58	7,00	0,81	KW=5,419	0,067	ns ⁺
SFA	49,12	2,60	52,60	1,68	53,58	1,06	KW=1,914	0,384	ns
MUFA	43,39	3,87	40,43	1,85	40,74	1,55	KW=0,467	0,792	ns
PUFA	7,49	1,84	6,97	1,60	5,67	0,87	KW=0,306	0,858	ns
UFA	50,88	2,60	47,40	1,68	46,42	1,06	KW=1,914	0,384	ns
PUFA/SFA	0,15	0,03	0,14	0,03	0,11	0,02	KW=1,034	0,596	ns
n-3	0,37	0,12	0,37	0,07	0,43	0,10	KW=0,444	0,801	ns
n-6	7,08	1,78	6,51	1,53	5,24	0,80	KW=0,286	0,867	ns
n-9	42,29	3,62	39,35	1,72	39,46	1,39	KW=0,542	0,763	ns

KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemsiz; +: $p < 0,10$ \bar{x} : Ortalama; s_x : Standart hata.

4.3.6. Ghrelin/*BfaI* polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu üzerine etkisi

Yaş faktörüne göre düzeltilmiş kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonlarına ait analiz sonuçları Çizelge 4.17’de özetlenmiştir. Ghrelin/*BfaI* gen polimorfizmlerinin kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonlarına etkilerinin istatistiksel olarak önemli olmadığı tespit edilmiştir. İstatistiksel fark olmamakla birlikte AG genotipinin PUFA yüzdesi (%10,19) AA genotipinin (%8,50) yüzdesine göre yüksek, SFA yüzdesinin ise birbirine oldukça yakın olduğu görülmüştür (AA=%54,45, AG=%54,82). Bu durumun bir sonucu olarak PUFA/SFA oranının AG genotipinde 0,21 ile AA genotipine (0,16) üstünlük sağladığı görülmüştür. Ancak tüm bu farklılıklar istatistiksel olarak önemli değildir.

Çizelge 4.17. Kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Ghrelin/*Bfal* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler				Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	AA(n=86)		AG (n=13)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	4,42	0,27	3,65	0,70	F=1,066	0,304	ns
SFA	54,45	0,48	54,82	1,24	F=0,078	0,780	ns
MUFA	37,06	0,68	34,99	1,77	F=1,188	0,279	ns
PUFA	8,50	0,79	10,19	2,05	F=0,596	0,442	ns
UFA	45,55	0,48	45,18	1,24	F=0,078	0,780	ns
PUFA/SFA	0,16	0,02	0,20	0,04	F=0,716	0,399	ns
n-3	0,25	0,03	0,23	0,08	F=0,098	0,755	ns
n-6	8,21	0,77	9,96	2,01	F=0,658	0,419	ns
n-9	36,63	0,66	34,72	1,72	F=1,068	0,304	ns

F: Varyans analizi F değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

Angus ve Charolais ırklarında Ghrelin/*Bfal* polimorfizmlerinin etkisi yine ayrı ayrı incelenmiş Angus ırkına ait sonuçlar Çizelge 4.18’de, Charolais ırkına ait sonuçlar Çizelge 4.19’da sunulmuştur. Ghrelin/*Bfal* genotiplerinin Angus ırkında incelenen yağ özellikleri üzerine etkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistik analizlerde genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamıştır. Bu sonuçlarla birlikte AA genotipinde kas içi toplam yağ miktarının AG genotipinden daha yüksek değerde olduğu (AA=4,84 g/100 g, AG=3,80 g/100 g), n-9 yüzdesi bakımından ise yine AA genotipinin AG genotipinden daha yüksek değer aldığı görülmüştür (AA=%38,22, AG=%36,88).

Çizelge 4.18. Angus ırkında kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Ghrelin/*Bfal* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler				Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	AA(n=37)		AG (n=10)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	4,84	0,47	3,80	0,44	t=1,616	0,115	ns
SFA	54,46	0,55	55,57	1,63	t=-0,824	0,414	ns
MUFA	38,61	0,76	37,06	2,18	t=0,671	0,516	ns
PUFA	6,93	0,79	7,37	1,72	t=-0,253	0,801	ns
UFA	45,54	0,55	44,43	1,63	t=0,824	0,414	ns
PUFA/SFA	0,13	0,02	0,14	0,03	t=-0,160	0,873	ns
n-3	0,20	0,04	0,21	0,08	t=-0,117	0,908	ns
n-6	6,68	0,78	7,16	1,71	t=-0,275	0,785	ns
n-9	38,22	0,74	36,88	2,17	t=0,586	0,569	ns

t: Bağımsız örneklem t testi değeri; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; $S_{\bar{x}}$: Standart hata.

Charolais ırkında IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasında yapılan istatistik analizler sonucunda da yine genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamıştır. İstatistiksel olarak anlamlı fark bulunmamakla birlikte AA genotipi kas içi toplam yağ miktarı aldığı 3,09 g/100 g'lık değer ile AG genotipinden (2,70 g/100 g) daha yüksek değerde bulunmuştur. Et kalitesini belirten özelliklerden olan PUFA/SFA oranı AA genotipinde 0,24 iken AG genotipinde 0,48 olarak tespit edilmiştir. Ayrıca MUFA yüzdesi AA genotipinde %32,97, AG genotipinde ise %25,62, PUFA yüzdesi ise AG genotipinde %22,18, AA genotipinde ise %12,57'dir.

Çizelge 4.19. Charolais ırkında kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonları için Ghrelin/*Bfal* genotiplerine ait ortalamalar (%) ve istatistik analiz sonuçları

Özellikler	Genotipler				Test İstatistiği	p-Değeri	Önem Durumu
	AA(n=25)		AG (n=3)				
	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$	\bar{x}	$\pm S_{\bar{x}}$			
Toplam Yağ	3,09	0,36	2,70	0,39	KW=0,085	0,771	ns
SFA	54,46	0,96	52,20	5,09	KW=0,167	0,683	ns
MUFA	32,97	1,26	25,62	6,02	KW=1,888	0,169	ns
PUFA	12,57	1,80	22,18	10,91	KW=1,326	0,250	ns
UFA	45,54	0,96	47,80	5,09	KW=0,167	0,683	ns
PUFA/SFA	0,24	0,04	0,48	0,28	KW=1,326	0,250	ns
n-3	0,25	0,07	0,24	0,24	KW=0,002	0,967	ns
n-6	12,32	1,74	21,94	11,00	KW=1,326	0,250	ns
n-9	32,85	1,26	25,47	5,95	KW=1,888	0,169	ns

KW: Kruksal-Wallis analizi; ns: Önemsiz; \bar{x} : Ortalama; S_x : Standart hata.

4.4. Etçi Sığır Irklarında İncelenen Özellikler Arasındaki Korelasyonlar

Kesim ve karkas özellikleri arasındaki ilişkileri ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiksel analizler Çizelge 4.20 ve 4.21’de gösterilmiştir. Çizelge 4.20’de sunulan analiz sonuçları değişkenler arasındaki basit korelasyon analizi sonuçlarıdır. Bu sonuçlar incelendiğinde hayvanların yaş artışı ile kas içi toplam yağ (0,587), MLD alanı (0,364), kabuk yağı kalınlığı (0,253), karkas ağırlığı (0,665) ve canlı ağırlık (0,668) arasında $p < 0,01$ düzeyinde pozitif bir korelasyon tespit edilmiştir. Günlük canlı ağırlık artışı (-0,326) ile hayvanların kesim yaşı arasında ise $p < 0,01$ düzeyinde negatif bir korelasyon mevcuttur. Bunların dışında en yüksek pozitif korelasyon canlı ağırlık ile karkas ağırlığı arasında bulunmuş olup (0,963) bu ilişki $p < 0,01$ düzeyinde önemli çıkmıştır. Bir diğer önemli bulgu ise kas içi toplam yağ ile günlük canlı ağırlık artışı arasındaki negatif korelasyon (-0,359) olmuştur. Kas içi toplam yağ ile yaş, canlı ağırlık, karkas ağırlığı ve kabuk yağı kalınlığı arasında görülen pozitif ve önemli ($p < 0,01$) korelasyonlar ise araştırmanın diğer önemli bulgularıdır.

Çizelge 4.20. Etçi sığır ırklarında kesim ve karkas özellikleri arasındaki korelasyonlar

	Yaş	CA	KA	GCAA	KYK	MLD
CA	0,668**					
KA	0,665**	0,963**				
GCAA	-0,326**	0,380**	0,349**			
KYK	0,253**	0,269**	0,217**	0,017		
MLD	0,364**	0,470**	0,528**	0,035	0,160*	
TOP. YAĞ	0,587**	0,250**	0,198**	-0,359**	0,307**	0,162

CA: Canlı ağırlık (kg), KA: Karkas ağırlığı (kg), GCAA: Günlük canlı ağırlık artışı (g), KYK: Kabuk yağı kalınlığı (mm), MLD: *Musculus longissimus dorsi* alanı (cm²), TOP. YAĞ: Kas içi toplam yağ miktarı (g/100g), *:p<0,05, **: p<0,01.

Çizelge 4.21. Etçi sığır ırklarında kesim yaşına göre düzeltilmiş kesim ve karkas özellikleri arasındaki kısmi korelasyonlar

	CA	KA	GCAA	KYK	MLD
KA	0,946**				
GCAA	0,863**	0,803**			
KYK	0,170	0,094	0,194*		
MLD	0,311**	0,380**	0,157	0,077	
TOP. YAĞ	0,067	0,003	-0,064	0,222*	-0,025

CA: Canlı ağırlık (kg), KA: Karkas ağırlığı (kg), GCAA: Günlük canlı ağırlık artışı (g), KYK: Kabuk yağı kalınlığı (mm), MLD: *Musculus longissimus dorsi* alanı (cm²), TOP. YAĞ: Kas içi toplam yağ (g/100g), *:p<0,05, **: p<0,01.

Kesim yaşına göre düzeltilmiş kesim ve karkas özellikleri arasındaki kısmi korelasyonlar Çizelge 4.21’de gösterilmiştir. Bu kısmi korelasyon analiz sonuçlarına göre canlı ağırlık ile karkas ağırlığı (0,946), günlük canlı ağırlık artışı (0,863) ve MLD alanı (0,311) arasında p<0,01 düzeyinde önemli pozitif korelasyonlar belirlenmiştir. Bunların dışında karkas ağırlığı ile günlük canlı ağırlık artışı (0,803) ve MLD alanı (0,380) arasında p<0,01 düzeyinde önemli ilişkiler tespit edilmiştir. Günlük canlı ağırlık artışı ile kabuk yağı kalınlığı arasında (0,194) ve kabuk yağı kalınlığı ile kas içi toplam

yağ arasında (0,222) ise $p<0,05$ düzeyinde önemli pozitif korelasyonlar olduğu görülmüştür.

Her iki çizelge incelendiğinde ilişkinin (Çizelge 4.20 ve 4.21) en zayıf olarak canlı ağırlık ile kabuk yağı kalınlığı (0,170), karkas ağırlığı ile kas içi toplam yağ miktarı (0,003) arasında tespit edilmiştir. Buna göre düzeltme öncesi canlı ağırlık ile kabuk yağı kalınlığı arasındaki ve canlı ağırlık ile kas içi toplam yağ miktarı arasındaki önemli ($p<0,01$) pozitif korelasyonlar kesim yaşına göre kısmi korelasyon durumunda önemini kaybetmişlerdir. Bunun dışında karkas ağırlığı ile kabuk yağı kalınlığı ve kas içi toplam yağ miktarı arasında da benzer bir ilişki olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca düzeltme öncesi günlük canlı ağırlık artışı ile kabuk yağı kalınlığı arasında önemsiz görünen korelasyonun, kesim yaşına göre kısmi korelasyon durumunda $p<0,05$ düzeyinde önemli bir pozitif korelasyona dönüştüğü tespit edilmiştir.

Kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki ilişkileri ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiksel analizler Çizelge 4.22 ve 4.23'te gösterilmiştir. Çizelge 4.22'de gösterilen ilişkiler herhangi bir düzeltme faktörü uygulamaksızın elde edilen istatistiksel sonuçlardır. Bu sonuçlar incelendiğinde hayvanların kabuk yağı kalınlığı ile MUFA (Tekli doymamış yağ asitleri) (0,201), PUFA (0,249) ve n-9 (0,198) arasında önemli ($p<0,05$) pozitif korelasyonlar ve yine kabuk yağı kalınlığı ile PUFA/SFA (-0,226) ve n-6 (-0,250) arasında ise önemli ($p<0,05$) negatif korelasyonlar olduğu tespit edilmiştir. Çizelge 4.22'de kas içi toplam yağ miktarı ile MUFA (0,453) ve n-9 (0,427) arasında önemli pozitif korelasyonlar ($p<0,01$) ve PUFA (-0,494), PUFA/SFA (-0,449) ve n-6 (-0,499) ise önemli negatif korelasyonlar ($p<0,01$) olduğu tespit edilmiştir. n-3 yağ asitleri ile PUFA (0,368), UFA (Doymamış yağ asitleri) (0,337) ve PUFA/SFA (0,362) arasında önemli pozitif korelasyonlar tespit edilmiştir ($p<0,01$).

Çizelge 4.22. Etçi sığır ırklarında kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki korelasyonlar

	KYK	MLD	TOP. YAĞ	SFA	MUFA	PUFA	UFA	PUFA/SFA	n-3	n-6
MLD	0,160*									
TOP. YAĞ	0,307**	0,162								
SFA	0,113	-0,023	0,049							
MUFA	0,201*	-0,050	0,453**	-0,356**						
PUFA	0,249*	0,059	-0,494**	-0,333**	-0,763**					
UFA	-0,113	0,023	-0,049	-1,000**	0,356**	0,333**				
PUFA/SFA	-0,226*	0,087	-0,449**	-0,409**	-0,701**	0,991**	0,409**			
n-3	-0,051	-0,071	-0,089	-0,337**	-0,134	0,368**	0,337**	0,362**		
n-6	-0,250*	0,062	-0,499**	-0,323**	-0,769**	0,999**	0,323**	0,990**	0,326**	
n-9	0,198*	-0,052	0,427**	-0,346**	0,997**	-0,767**	0,346**	-0,706**	-0,159	-0,771**

TOP. YAĞ: Kas içi toplam yağ miktarı (g/100g), SFA: Doymuş yağ asidi yüzdesi, MUFA; Tekli doymamış yağ asidi yüzdesi, PUFA: Çoklu doymamış yağ asidi yüzdesi, UFA: Doymamış yağ asidi yüzdesi, PUFA/SFA: Çoklu doymamış yağ asitlerinin doymuş yağ asitlerine oranı, n-3: Omega 3 yağ asidi yüzdesi, n-6: Omega 6 yağ asidi yüzdesi, n-9: Omega 9 yağ asidi yüzdesi, KYK: Kabuk yağı kalınlığı (mm), MLD: Musculus longissimus dorsi alanı (cm²), *:p<0,05, **: p<0,01.

Çizelge 4.23. Etçi sığır ırklarında kesim yaşına göre düzeltilmiş kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki kısmi korelasyonlar

	TOP. YAĞ	SFA	MUFA	PUFA	UFA	PUFA/SFA	n-3	n-6	n-9	KYK
SFA	0,185									
MUFA	0,387**	-0,206*								
PUFA	0,472**	-0,434**	-0,792**							
UFA	-0,185	-1,000**	0,206*	0,434**						
PUFA/SFA	-0,428**	-0,503**	-0,735**	0,990**	0,503**					
n-3	-0,105	-0,338**	-0,218*	0,411**	0,338**	0,392**				
n-6	-0,476**	-0,427**	-0,796**	0,999**	0,427**	0,990**	0,374**			
n-9	0,379**	-0,201*	0,998**	-0,793**	0,201*	-0,736**	-0,241*	-0,796**		
KYK	0,230*	0,065	0,142	-0,172	-0,065	-0,148	-0,09	-0,170	0,149	
MLD	-0,008	-0,038	-0,084	0,102	0,038	0,129	-0,084	0,107	-0,077	0,128

TOP. YAĞ: Kas içi toplam yağ miktarı (g/100g), SFA: Doymuş yağ asidi yüzdesi, MUFA: Tekli doymamış yağ asidi yüzdesi, PUFA: Çoklu doymamış yağ asidi yüzdesi, UFA: Doymamış yağ asidi yüzdesi, PUFA/SFA: Çoklu doymamış yağ asitlerinin doymuş yağ asitlerine oranı, n-3: Omega 3 yağ asidi yüzdesi, n-6: Omega 6 yağ asidi yüzdesi, n-9: Omega 9 yağ asidi yüzdesi, KYK: Kabuk yağı kalınlığı (mm), MLD: Musculus longissimus dorsi alanı (cm²), *:p<0,05, **: p<0,01.

Kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki kesim yaşına göre kısmi korelasyonlar Çizelge 4.23'te gösterilmiştir. Buna göre kas içi toplam yağ ile MUFA (0,387), PUFA (0,472) ve n-9 (0,379) arasında önemli (p<0,01) pozitif, yine kas içi toplam yağ ile PUFA/SFA (-0,428) ve n-6 (-0,476) arasında önemli (p<0,01) negatif korelasyonların olduğu görülmüştür. Ayrıca n-3 yağ asitleri yüzdesi ile PUFA (0,411),UFA (0,338) ve PUFA/SFA (0,392) arasında önemli (p<0,01) pozitif korelasyonlar ve yine n-3 yüzdesi ile SFA yüzdesi (-0,338) arasında p<0,01 düzeyinde ve n-3 yüzdesi ile MUFA yüzdesi (-0,218) yüzdesi arasında ise p<0,05 düzeyinde önemli negatif korelasyonların olduğu görülmüştür. KYK ve MLD alanının diğer toplam yağ ve yağ asitleri ile olan korelasyonları düşük ve istatistiksel olarak önemli değildir. En yüksek negatif korelasyonlar n-9 ile PUFA, PUFA/SFA ve n-6 yüzdeleri arasında tespit edilmiştir. En yüksek pozitif korelasyonlar ise n-6 ile PUFA, PUFA/SFA oranı arasında ve PUFA ile PUFA/SFA arasında şekillenmiştir.

Çizelge 4.22 ve 4.23'teki sonuçlara bakıldığında kesim yaşı düzeltme faktörü öncesi kabuk yağı kalınlığı ile MUFA, PUFA ve n-9 arasında görülen önemli ($p<0,05$) pozitif korelasyonlar ve yine kabuk yağı kalınlığı ile PUFA/SFA ve n-6 arasında görülen önemli ($p<0,05$) negatif korelasyonlar kısmi korelasyon durumunda bu önemlerini kaybetmişlerdir. Yine kısmi korelasyon durumunda kas içi toplam yağ miktarı ile MUFA yüzdesi ve n-9 yüzdesi arasında görülen önemli pozitif korelasyonların önemini koruduğu tespit edilmiştir.



5. TARTIŞMA ve SONUÇ

Şanlıurfa Harranova Tarım İşletmesi'nde bulunan Angus, Charolais ve Hereford ırkı besi sığırlarında leptin, IGF-1 ve ghrelin geni polimorfizmlerinin belirlenmesi ve bunların canlı ağırlık ile karkas özellikleri üzerine etkilerinin ortaya çıkarılması amacıyla yapılan bu çalışmadan elde edilen sonuçlar konu ile ilgili yapılan diğer çalışmalar ile karşılaştırılarak değerlendirilmiştir.

5.1. Genotip ve Allel Frekansları

Bu çalışmada kullanılan besi sığırı sürüsünde IGF-1/*SnaBI* ve Leptin/*PstI* lokusları yönünden üç farklı genotipin bulunduğu, Ghrelin/*BfaI* lokusu yönünden ise AA ve AG şeklinde iki genotip gözlemediği GG genotipinin gözlenmediği tespit edilmiştir (Çizelge 4.2).

Leptin/*PstI* polimorfizmi yönünden belirlenen genotipler incelendiğinde tüm ırklarda CC, CT ve TT genotipleri tespit edilmiştir (Çizelge 4.2 ve 4.3). Genotip frekansları ile doğru orantılı olarak C allelinin tüm ırklarda T allele göre yüksek frekansta olduğu görülmüştür. C allelinin en yüksek frekansı Hereford ırkında, en düşük Angus ırkında gözlenmiştir (Çizelge 4.3). Angus ırkında bulunan C=0,513 ve T=0,487 allel frekansları (Çizelge 4.3), Trujillo *et al.* (2012) tarafından yapılan bir çalışmanın 2 (C=0,536, T=0,464) ve 3 (C=0,517, T=0,483) numaralı damızlık çiftliklerindeki verilerle benzerlik göstermekle birlikte, Buchanan *et al.* (2002) tarafından bildirilen C=0,420, T=0,580; Nkrumah *et al.* (2004b) tarafından bildirilen C=0,290, T=0,710; Schenkel *et al.* (2005) tarafından bildirilen C=0,454, T=0,546 allel frekansları ile farklılık göstermiştir. Hereford ırkında bulunan C=0,743 ve T=0,257 allel frekansları (Çizelge 4.3) ise, Buchanan *et al.* (2002) tarafından bildirilen C=0,450, T=0,550; Nkrumah *et al.* (2004b) tarafından bildirilen C=0,450, T=0,550 ve Melucci *et al.* (2012) tarafından bildirilen C=0,271, T=0,729 ile farklılık göstermiş, Kononof *et al.* (2005) tarafından bildirilen C=0,502, T=0,498 allel frekansları ile benzerlik göstermiştir. Angus ve Hereford

ırklarındaki bu farklılığın sığırların farklı kaynaklardan temin edildiği varsayımını düşündürmektedir. Charolais ırkında bulunan C=0,618, T=0,382 allel frekansları (Çizelge 4.3), Buchanan *et al.* (2002) tarafından bildirilen C=0,660, T=0,340; Nkrumah *et al.* (2004b) tarafından bildirilen C=0,580, T=0,420; Schenkel *et al.* (2005) tarafından bildirilen C=0,546, T=0,454 allel frekansları ile benzer bulunmuştur.

IGF-1/*SnaBI* genotipleri incelendiğinde (Çizelge 4.2 ve 4.3) tüm ırklarda AA, AB, BB genotipleri tespit edilmiştir. Angus ve Charolais ırklarında genotip frekansı AB>BB>AA şeklinde bulunurken, Hereford ırkında BB>AB>AA olarak tespit edilmiştir. Tüm ırklarda B alleli daha yüksek frekansta bulunurken, B alleli bakımından en yüksek frekans Hereford ırkında gözlemlenmiştir. Angus ırkında bulunan A=0,405, B=0,595 allel frekansları, Rogberg-Muñoz *et al.* (2013) tarafından bildirilen A=0,445, B=0,555 ile benzerlik, Ge *et al.* (2001) tarafından bildirilen A=0,639, B=0,361 ile farklılık göstermektedir. Hereford ırkında görülen A=0,335, B=0,665 allel frekansları Curi *et al.* (2005)'in besi sığırlarında bulunduğu A=0,249, B=0,751 frekans değerleriyle örtüşmekle beraber sadece Hereford ırkında bu polimorfizmin allel frekanslarının araştırıldığı bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Charolais ırkında görülen A=0,467 ve B=0,533 allel frekansları, Jeanmas *et al.* (2014) tarafından bildirilen ve içlerinde Charolais ırkında bulunduğu besi sığırı melezlerindeki allel frekanslarıyla (A=0,180, B=0,820) ve De la Rosa Reyna *et al.* (2010) tarafından bildirilen ve iki farklı yerden temin edilen Charolais ırklarının allel frekansları ile benzerlik göstermektedir. Bahsedilen çalışmada belirtilen iki ırkın allel frekansları ise şöyledir: Charolais (Coahuila) A=0,260, B=0,740; Charolais (Nuevo León) A=0,460, B=0,540. Bu frekanslar bu çalışmadaki (B=0,533, A=0,467) ile karşılaştırıldığında Nuevo León sürüsüne benzer, Coahuila sürüsü ile farklıdır.

Ghrelin/*Bfal* polimorfizmi yönünden genotiplere bakıldığında (Çizelge 4.2 ve 4.3) incelen ırklar arasında GG genotipine hiç rastlanmamış, AG genotipinin frekansı ise oldukça düşük tespit edilmiştir. Angus, Charolais ve Hereford ırkında allel frekansları sırasıyla A=0,929-G=0,071, A=0,955-G=0,045, A=0,940-G=0,060 olarak bulunmuştur. GG genotipinin çalışılan ırklara arasında tespit edilememesi ve G allelinin oldukça

düşük çıkması, hem allel frekansları arası verimli istatistiksel analizlerin, hem de genotipler arası kıyaslamayı imkansız hale getirmiştir. Ghrelin gen lokusu ile besi sığırları ve süt sığırları üzerinde yapılan çalışmalar incelendiğinde Sherman *et al.* (2007) tarafından bildirilen ve allel frekansları A=0,880, G=0,120 tespit edilen ile Kowalewska-Łuczak *et al.* (2011) tarafından bildirilen ve allel frekansları A=0,930, G=0,070 tespit edilen araştırmalar göze çarpmaktadır. Bu bilgiler ışığında Ghrelin gen lokusu ile ilgili çalışmaların büyükbaş hayvan ıslahı ve yetiştiriciliğinde yeterince çalışılmadığı ve G allelinin besi sığırlarında oldukça düşük frekansta olduğu söylenebilir.

Hardy-Weinberg denge durumu açısından ırklar bir bütün olarak incelendiğinde leptin lokusu yönünden dengeden sapma ($p=0,001$) tespit edilmiştir (Çizelge 4.2). Irk içindeki denge durumlarının görüldüğü Çizelge 4.3'e baktığımızda Hereford ırkında ($p=0,027$) leptin lokusu yönünden Hereford ($p=0,008$) ve Charolais ($p=0,0228$) ırklarında IGF-1 lokusu yönünden Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlenmiştir. Bu sapmaların sebebi çalışmada kullanılan örneklemin sınırlı sayıda olmasının yanında leptin lokusunun C ve T allellerinin (Kononoff *et al.* 2005; Cheong *et al.* 2006; Lusk 2007; Schenkel *et al.* 2009) ve IGF-1 lokusunun A ve B allellerinin (Johnston *et al.* 2001; Ge *et al.* 2004; Curi *et al.* 2005) çeşitli verim özellikleriyle ilişkileri nedeniyle yürütülmüş olan seleksiyon olabilir.

5.2. Leptin Gen Polimorfizmleri ile Karkas ve Verim Özellikleri

İncelenen etçi sığır ırklarına ait besi sığırlarında Leptin/*PstI* polimorfizmi nedeniyle oluşan genotiplerin besi sığırlarındaki incelenen verim özellikleri üzerine etkilerini ortaya çıkarmak amacıyla yapılan istatistiksel analizler sonucunda, canlı ağırlık bakımından genotipler arasında CC=463,3 kg, CT= 447,8 kg ve TT=440,0 kg şeklinde sıralanmıştır. Ancak gruplar arasındaki fark önemsiz ($p>0,05$) bulunmuştur (Çizelge 4.4). Benzer şekilde, aynı bölgeyi inceleyen Shin ve Chung (2007) Kore sığırları üzerinde yaptıkları çalışmalarında, CC genotipli hayvanlarda canlı ağırlığı 549,9 kg, CT genotiplilerde 543,1 kg ve TT genotipli hayvanlarda ise 530,0 kg olarak tespit

etmelerine rağmen genotipler arasında herhangi bir fark bulamamışlardır ($p>0,05$). Corva *et al.* (2009) da Brangus ırkı sığırlarda merada otlatma sonrası hayvanların canlı ağırlıklarını genotiplere göre değerlendirdikleri araştırmalarında CC genotipli hayvanların en yüksek canlı ağırlığa sahip olduğunu belirtmişlerdir. Bununla beraber yine gruplar arasında herhangi bir fark görememişlerdir ($p>0,05$). Sunulan çalışmadan farklı olarak Woronuk *et al.* (2012) 53 189 adet hayvanın canlı ağırlık verisini inceledikleri çalışmalarında, C1180T polimorfizminin hayvanların canlı ağırlığı için önemli olduğunu ve canlı ağırlığın CC ve CT genotipli hayvanlarda TT genotiplilere oranla daha yüksek ($p<0,05$) olduğunu bildirmişlerdir. Souza *et al.* (2009) Nellore sığırlarında doğum ağırlığı, 220 gün ve 550 gün ağırlığında MLD alanı ile leptin genotipleri arasındaki farklılıkları inceledikleri araştırmada sunulan bu araştırma bulgularından farklı olarak 550 gün ağırlığının TT genotipinde 297,3 kg ile en yüksek değeri teşkil ettiğini belirtmişlerdir. Bu genotipi sırasıyla CC ve CT genotiplerinin 294,9 kg ve 287,5 kg olarak izlediğini ve gruplar arası farkın $p<0,1$ önem düzeyinde farklı olduğunu belirtmişlerdir. Shin and Chung (2007), Corva *et al.* (2009) ve Souza *et al.* (2009) çalışmalarını destekler nitelikte CC genotipinin canlı ağırlık üzerine etkisini önemsiz bulurken, Woronuk *et al.* (2012) ise CC genotipinin canlı ağırlık için önemli bir markör olduğunu bildirmiştir ($p<0,05$). Bildirilen araştırma sonuçları arasındaki farklılık incelenen ırkların genetik yapıları ve kullanılan hayvan sayılarındaki farklılıktan kaynaklanabilir.

Karkas ağırlığı genotipler arasında CC=259,5 kg, CT= 250,2 kg ve TT=244,1 kg şeklinde sıralanarak gruplar arasındaki fark önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.4). Nkrumah *et al.* (2007) yaptığı araştırmada karkas ağırlığının genotipler arasında önemli bir farklılık göstermediğini ($p>0,05$) ve genotiplerin, sunulan çalışmanın aksine karkas ağırlıklarına göre TT>CT>CC şeklinde sıralandığını bildirmiştir. Literatürde $p<0,05$ önem seviyesinde genotipler arası anlamlı farklılıklar içeren ve sunulan çalışma ile farklı sonuçlar veren herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu yönüyle çalışma literatür ile tam örtüşmektedir. Bununla birlikte Cheong *et al.* (2006), Kononoff *et al.* (2005) ve Shin and Chung (2007)'ın yaptığı çalışmalarda karkas ağırlığının

genotiplerde CC>CT>TT şeklinde sıralandığı ve bu durumun sunulan çalışmada elde edilen genotip sıralamasıyla uyumlu olduğu tespit edilmiştir.

Günlük canlı ağırlık artışı bakımından CC, CT ve TT genotipli bireylerin ortalamaları sırasıyla 1,337 kg, 1,290 kg ve 1,249 kg olarak bulunmuştur. Bu sıralamaya göre gruplar arasındaki fark önemsiz ($p<0,05$) çıkmıştır (Çizelge 4.4). Günlük canlı ağırlık artışı özelliği ve leptin C1180T genotipleri arasında yapılan çalışmalar ile ilgili De Oliveira *et al.* (2013)'in farklı besleme periyotları uyguladığı toplam 100 adet Nellore sığırında yaptığı çalışma ve Corva *et al.* (2009)'nın 253 adet Brangus sığırında yaptığı iki adet çalışma bulunmaktadır. Bu araştırmalar da sunulan çalışma ile benzer olarak genotipler arası fark önemsiz ($p>0,05$) bulunmuştur.

Sunulan çalışmada kabuk yağı kalınlığı ve MLD alanı bakımından genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunmamıştır (Çizelge 4.4). Kabuk yağı kalınlığı bulguları Fortes *et al.* (2009)'in çalışmasıyla benzer, Kong *et al.* (2006) ve Souza *et al.* (2009)'in çalışmalarıyla farklılık göstermektedir. MLD alanı bakımından ise Schenkel *et al.* (2005), Fortes *et al.* (2009) ve Souza *et al.* (2009)'in araştırmalarıyla benzer sonuçlar göstermesine rağmen, Kong *et al.* (2006)'ın yaptığı çalışma ile farklılık göstermiştir. Sunulan çalışmanın bulguları ile literatürde bildirilen araştırma sonuçları arasındaki farklılık incelenen ırklar, kullanılan sürülerin yaş ve cinsiyet kompozisyonundaki farklılıklardan kaynaklanmış olabilir.

Leptin/*PstI* polimorfizminin Angus, Hereford ve Charolais ırkları bazında karkas ve verim özellikleriyle ilişkisini ortaya koyan istatistiksel analizler Çizelge 4.5'te sunulmuştur. Yapılan istatistiksel analizler sonucunda Leptin/*PstI* polimorfizminin, bu ırklarda, incelenen verim özellikleri bakımından önemli sayılabilecek bir etkisinin olmadığı görülmüştür. Yapılan çalışmalara bakıldığında Angus, Hereford ve Charolais ırklarının tek başına çalışıldığı herhangi bir araştırma göze çarpmamıştır. Genelde yapılan araştırmalar bu ırklardan köken alan melez (Schenkel *et al.* 2005; Nkrumah *et al.* 2007; MacNeil *et al.* 2010) veya yerel ırklar (Shin and Chung 2007; Fortes *et al.* 2009) üzerinedir. Genotipler arası verim özelliklerine göre karşılaştırma yapılacak

olursa, Angus, Hereford ve CCharolais ırklarında günlük canlı ağırlık artışı yönünden genotiplerin CC>CT>TT şeklinde sıralandığı tespit edilmiştir. Bu duruma benzer olarak Nkrumah *et al.* (2007)'in yaptığı çalışmada TT genotipi en düşük günlük canlı ağırlık artışı göstermiştir. Ayrıca bu çalışmada genotipler bakımından Charolais ırkının canlı ağırlığının da benzer şekilde sıralandığı tespit edilmiştir. Charolais ırkındaki canlı ağırlıkların genotiplerdeki sıralamasına benzer olarak Shin and Chung (2007) ve De Oliveira *et al.* (2013)'nın da çalışmalarında CC genotipli hayvanların canlı ağırlığının en yüksek olduğu bildirilmiştir. MLD alanı yönünden Angus ve Hereford ırkı sığırlarda genotiplerin CT>CC>TT olarak sıralandığı ve Shin and Chung (2007)'nin yaptığı çalışma ile bu özellik yönünden uyumlu olduğu görülmüştür.

İncelenen verim ve karkas özellikleri ile Leptin/*PstI* genotipleri arasında literatürde bu kadar çeşitli sonuçların çıkmasının nedenleri olarak incelenen ırkların farklı olması, çalışmanın yapıldığı bölge ve coğrafi konumun farklılık göstermesi ve sürüleri oluşturan bireylerin yaş aralıklarının farklı olması gösterilebilir.

5.3. IGF-1 Gen Polimorfizmleri ile Karkas ve Verim Özellikleri

İncelenen etçi sığır ırklarına ait besi sığırlarında IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi sonucu oluşan genotiplerin verim özellikleriyle olan ilişkisini açıklamak üzere istatistiki analizler yapılarak sonuçlar değerlendirilmiştir. Buna göre MLD alanı yönünden genotipler BB=67,13 cm², AB=61,62 cm² ve AA=61,37 cm² şeklinde sıralandı. BB genotipi ile AB ve AA genotipleri arasındaki fark istatistiksel olarak önemli (p<0,01) bulunmuştur (Çizelge 4.6). Sunulan çalışmaya benzer olarak Curi *et al.* (2012) B allelinin melez hayvanlardan oluşan besi sığırı sürüsünde MLD alanını 3,78 cm² kadar arttırdığını belirtmiş ve bu artışın p=0,0078 düzeyinde önemli olduğunu bildirmiştir. Bu çalışmanın dışında Islam *et al.* (2009) ve Curi *et al.* (2005) yaptıkları çalışmalarda BB genotipinin diğer genotiplere oranla daha geniş MLD alanı içerdiğini belirtmelerine rağmen genotipler arası farkın önemsiz (p>0,05) olduğunu bildirmişlerdir. Yine Jenmans *et al.* (2014) yaptıkları çalışmalarında genotipler arasında önemli bir farklılık görmemişlerdir.

Çizelge 4.6'da belirtilen karkas ağırlığı, AA genotipinde 276,2 kg, BB genotipinde 271,7 ve AB genotipinde 268,1 olacak şekilde büyükten küçüğe doğru sıralanmıştır. Genotipler arasında karkas ağırlığı bakımından fark önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$). Sunulan çalışmadan farklı olarak Curi *et al.* (2005)'in yaptıkları bir çalışmada BB genotipi (265,1 kg) ile AB genotipi (257,8 kg) arasında sıcak karkas ağırlığı bakımından istatistiksel olarak önemli bir fark ($p<0,05$) olduğunu bildirmişlerdir. Sunulan çalışmada genotipler arasında önemli bir fark bulunmamasına karşın BB genotipinin AB genotipine oranla daha ağır bir karkasa sahip olduğu görülmektedir. Curi *et al.* (2005)'nin araştırması dışında Siadkowska *et al.* (2006) ve Jenmans *et al.* (2014) karkas ağırlığı ile IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasındaki ilişkileri araştırmışlardır. Bu araştırmalar da Curi *et al.* (2005)'in çalışmalarının aksine sunulan çalışmayı destekler nitelikte genotipler arasında önemli ($p>0,05$) bir fark bulunamamıştır.

Günlük canlı ağırlık artışı (Çizelge 4.6) açısından AB genotipi (1,222 kg) ile BB (1,229 kg) ve AA (1,256 kg) genotipleri arasındaki fark istatistiksel olarak önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$). AA ve BB genotipleri arasındaki günlük canlı ağırlık artışı ilişkisine baktıldığında sunulan çalışmanın sonuçları, De la Rosa Reyna *et al.* (2010), Li *et al.* (2004) ve Siadkowska *et al.* (2006)'ın çalışmalarının bulguları ile benzer görülmektedir. Yine bu çalışma ile benzer şekilde Curi *et al.* (2005) günlük canlı ağırlık artışı bakımından BB ve AB genotip grupları arasındaki farkı önemsiz bulduklarından, günlük canlı ağırlık artışı özelliği yönünden sunulan çalışmanın literatür ile tam bir uyum gösterdiği görülmüştür.

Bu çalışmada kesim günü canlı ağırlık ve kabuk yağı kalınlığı gibi verim özellikleri açısından genotipler arasında önemli ($p<0,05$) sayılabilecek bir fark gözlenmemiştir (Çizelge 4.6). Bu sonuçlara benzer olarak canlı ağırlık için, De la Rosa Reyna *et al.* (2010) ve Siadkowska *et al.* (2006)'ın araştırmaları, kabuk yağı kalınlığı için, Jeanmans *et al.* (2014)'in yaptıkları çalışma mevcuttur. Bu araştırmalarda da sunulan araştırma bulgularıyla benzer sonuçlar elde edilmiş ve genotipler arasında herhangi bir fark bulunamamıştır.

Angus, Charolais ve Hereford ırklarında IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin verim özellikleri üzerine etkisini tespit etmek amacıyla yapılan istatistiksel analizlerde, Angus ırkında IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin MLD alanı üzerine etkisi önemli ($p<0,05$) bulunurken, Hereford ırkında ise genotipler arasındaki fark $p<0,1$ düzeyinde kalmıştır (Çizelge 4,7). Bununla birlikte karkas özellikleri bakımından bu çalışmada kullanılan ırkların IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasındaki ilişkileri inceleyen sınırlı sayıda çalışma mevcuttur. Bahsi geçen besi sığırlarıyla ilgili az sayıdaki çalışmaların birinde Curi *et al.* (2005) IGF-1, IGF-IR, GHRH polimorfizmlerinin besi sığırlarında karkas ve büyüme özellikleri ile ilişkilerini incelemişler, IGF-1 genotipleri ile içlerinde MLD alanının olduğu karkas özellikleri arasında anlamlı bir ilişki bulamamışlardır. Bir diğer çalışmada ise Curi *et al.* (2012) başka gen lokuslarıyla beraber IGF-1 genotiplerini incelemiş ve MLD alanı ile bu genotipler arasında yine anlamlı bir ilişki bulamamışlardır. Benzer sonuçlar Jeanmas *et al.* (2014) tarafından yapılan çalışmada da gözlenmiştir. Angus ve Hereford ırkında ortaya çıkardığımız MLD alanı ile IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasındaki bu ilişki, yapılacak yeni ve daha detaylı çalışmalar ile desteklenmeye muhtaç görülmektedir. Ayrıca çalışmamızdaki IGF-1 genotiplerinin verim özelliklerine göre karşılaştırma yapılacak olursa, tüm ırklarda MLD alanı yönünden, Angus ve Hereford ırklarında ise canlı ağırlık ve karkas ağırlığı yönünden BB genotipinin en yüksek değerlere sahip olduğu tespit edilmiştir. Benzer şekilde Curi *et al.* (2005) kesim günü canlı ağırlık özelliğinin, De la Rosa Reyna *et al.* (2010) ise 600 günlük canlı ağırlığın BB genotipinde en yüksek olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca Charolais ırkının canlı ağırlık, karkas ağırlığı ve günlük canlı ağırlık artışı özelliklerinin IGF-1/*SnaBI*-AB genotipinin en yüksek değerleri teşkil ettiği görülmüştür. Buna paralel olarak Jeanmas *et al.* (2014)'da karkas ağırlığının AB genotipinde en yüksek değerleri gösterdiğini belirtmişlerdir.

5.4. Genetik Polimorfizmler ve Kas İçi Toplam Yağ ile Yağ Asitleri Kompozisyonu

Sığır etlerinde önemli bir özellik olan kas içi yağlanma veya mermerleşme, etin lezzetini ve olgunluğunu ifade eden göstergelerden biridir. İyi bir mermerleşme yapısı gösteren etler genelde yumuşak, kolay çiğnenebilir, kolay parçalanabilir ve sulu bir

yapıdadır (Yaralı 2010; Newlacil *et al.* 2013). Kırmızı etteki göstergelerden bir diğeri de içerdiği yağ asidi kompozisyonudur (Konca vd 2010). Yağ asidi profili etin kalite özellikleri olan sertlik, sululuk, raf ömrü ve aromasını etkilemektedir. Ayrıca sağlıklı hayvansal gıdalarda omega-3 (n-3) yağ asitleri miktarının yüksek olması, buna bağlı olarak PUFA/SFA (çoklu doymamış yağ asitleri/doymuş yağ asitleri) oranının yüksek olması istenen özelliklerdir (Yaralı 2010).

Hayvanlarda pek çok üretim özellikleri ve yağ asidi profili genetik ve çevresel faktörlerden etkilenmektedir. Genetik faktörler arasında yer alan polimorfizmler ile kas içi toplam yağ ve yağ asitleri kompozisyonu arasındaki ilişkiyi bazı araştırmacılar yaptıkları çalışmalar ile ortaya koymuşlardır (Buchanan *et al.* 2002; Nkrumah *et al.* 2004b; Schenkel *et al.* 2005; Fortes *et al.* 2009; Pannier *et al.* 2009; Orrù *et al.* 2011).

5.4.1. Leptin/*PstI* polimorfizmi ve kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu

İncelenen sürüde Leptin/*PstI* polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asidi profili üzerine etkileri istatistiksel olarak değerlendirilmiş, genotipler ile bu özellikler arasında önemli bir fark bulunamamıştır (Çizelge 4.10). Kas içi toplam yağ ile ilgili olarak elde ettiğimiz sonuç, literatürde bulunan Nkrumah *et al.* (2004b), Schenkel *et al.* (2005), Fortes *et al.* (2009), Pannier *et al.* (2009), Orrù *et al.* (2011) ve Anton *et al.* (2011) çalışmalarıyla uyumludur. Buchanan *et al.* (2002)'ın da belirttiği gibi bu polimorfizmin karkas yağ düzeyi ile ortaya koyduğu ilişki, yağ asidi kompozisyonunun da etkilenebileceğini düşündürmektedir. Orrù *et al.* (2011) Simmental boğalarında yapmış olduğu çalışmada leptin lokusunda içinde C1180T polimorfizminin de içinde bulunduğu 10 adet polimorfik nükleotidi incelemiştir. Sonuç olarak araştırmacılar C1180T polimorfizmi ile yağ asitleri profili arasında önemli bir ilişki bulamamışlardır. Araştırma bu yönüyle çalışmamızı destekler niteliktedir. C1180T polimorfizmi ile yağ asidi kompozisyonu arasındaki ilişkiyi değerlendirdiğimiz çalışmamız literatüre bu alandaki ikinci çalışma olarak yer alacaktır. Bu bağlamda yağ asidi kompozisyonu ile leptin genotipleri arasındaki ilişki yeni araştırmalarla desteklenmeye muhtaç görülmektedir.

Nkrumah *et al.* (2004b) leptin genotipleri ile besi sığırlarının karkas parametreleri arasındaki ilişkiyi incelemişlerdir. Bu çalışmalarında kas içi toplam yağ ile genotipler arası istatistiksel olarak önemli bir fark bulmamalarına rağmen CC genotipine sahip bireylerin (CC=21,93 g/kg), CT=24,18 g/kg ve TT=23,32 g/kg genotiplerine oranla daha düşük kas içi toplam yağ oranı göstermişlerdir. Benzer bir durum Schenkel *et al.* (2005) tarafından yapılan ve yağ verimi ile genotipler arası ilişkilerde de görülmüştür. Nkrumah *et al.* (2004b) ve Schenkel *et al.* (2005)'nin yaptıkları çalışmalar bu yönüyle sunulan çalışma ile benzerlik göstermektedir. Bu araştırmaların dışında Fortes *et al.* (2009), Pannier *et al.* (2009) ve Orrù *et al.* (2011)'da leptin genotipleri ile kas içi toplam yağ miktarı arasında istatistiksel olarak önemli bir ilişki bulamamışlardır.

Yağ asidi kompozisyonu ile leptin genotipleri arasındaki ilişki ırk bazlı incelendiğinde Angus (Çizelge 4.11), Charolais (Çizelge 4.12) ve Hereford ırkı hayvanlar ile incelenen yağ asidi özellikleri arasında önemli ($p < 0,05$) bir fark bulunmamıştır. Bu ırklarda yağ asidi kompozisyonu üzerine yapılan çalışmalar (May *et al.* 1993; Bureš *et al.* 2006; Barton *et al.* 2007) mevcut ise de genetik polimorfizmler ile ilişkilendirilen herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu yönüyle çalışmamız ileride yapılacak leptin geni polimorfizmleri ile Angus, Charolais ve Hereford ırkı hayvanların yağ asidi ilişkileri açısından referans olacaktır.

5.4.2. IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi ve kas içi toplam yağ ile yağ asitleri kompozisyonu

İncelenen materyalde IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin kas içi toplam yağ ile yağ asidi profili üzerine etkileri istatistiksel olarak değerlendirilmiş, genotipler ile bu özellikler arasında önemli ($p < 0,05$) bir fark bulunamamıştır (Çizelge 4.13). Sunulan çalışma bulgularına benzer olarak Curi *et al.* (2012) Angus, Nellore, Canchim, Brangus, Rubia Gallega ve Braunvieh melezleri ile yaptıkları çalışmalarında IGF-1, MYOD1 ve MYF5 gen lokuslarıyla kas içi toplam yağ miktarı arasında önemli ($p > 0,05$) bir fark bulamamışlardır.

Angus (Çizelge 4.14), Charolais (Çizelge 4.15) ve Hereford (Çizelge 4.16) ırklarının kendi içlerinde IGF-1/*SnaBI* genotipleri ile kas içi toplam yağ özelliği arasındaki ilişkilerini incelediğimizde Angus ve Charolais ırklarında genotipler arasında önemli bir fark bulunmazken, Hereford ırkında marjinal düzeyde bir farklılık ($p<0,1$) görülmüştür. Hereford ırkında genotipler sırasıyla BB=4,34 g/100 g, AB=4,57 g/100 g ve AA=7,00 g/100 g olarak sıralanmışlardır. Literatürde Angus, Charolais ve Hereford ırkının kas içi toplam yağ ile IGF-1 genotipleri arasındaki ilişkiyi inceleyen herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Kas içi yağlanma veya mermerleşme durumu hakkında fikir sahibi olmamızı sağlayan toplam yağ miktarını genetik ıslah çalışmalarının bir parçası haline getirmek bu bağlamda önemlidir. Sunulan çalışma belirtilen ırklarda ileride yapılacak araştırmalara bu yönüyle katkı sağlayacaktır.

IGF-1 polimorfizmleri ile yağ asidi profilleri arasındaki ilişkiler incelendiğinde koyunlarda yapılan iki adet çalışma (Crisà *et al.* 2010 ve Ghazikhani Shad *et al.* 2013) görülmektedir. Yapılan bu çalışmalarda yağ asidi kompozisyonu ile IGF-1 genotipleri arasında önemli bir ilişki bulunamamışlardır. Besi sığırlarında ise IGF-1 ile etteki yağ asitleri miktarı arasındaki ilişkiyi ortaya koyan herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Buna rağmen sunulan çalışma ile yukarıda bahsi geçen araştırmalar, elde edilen sonuçlar bakımından örtüşmektedir (Çizelge 4.13-4.16). Angus ırkında bulunan omega-3 (n-3) yağ asidi yüzdesi ile IGF-1/*SnaBI* genotipleri arasındaki ilişki marjinal düzeyde anlamlı ($p<0,1$) bulunmuş olup genotipler arası ilişki eğilimli olarak ifade edilebilir (Çizelge 4.14). Buna göre n-3 yağ asidi yüzdesi bakımından BB genotipi %0,33, AB genotipi %0,31 ve AA genotipi ise %0,10'luk değerler almıştır. AA genotipi ile BB ve AB genotipleri birbirinden farklı, AB ve BB genotipleri ise birbiri ile benzer yüzdeler göstermişlerdir. Buna göre Angus etlerinde B allelinin omega-3 yağ asidi yüzdesini artırmaya eğilimli olduğu söylenebilir.

Sığır etleri, insan beslenmesinde önemli bir enerji ve yağ kaynağı olup, yüksek doymuş yağ asitleri içeriği nedeniyle çeşitli hastalıklarla ilişkili olmaktadır. Bu hastalıkların başında bazı kanser tipleri, otoimmün hastalıklar ve özellikle koroner kalp rahatsızlıkları gelmektedir. Belirtilen hastalıkların önlenmesinde omega-3 yağ asitleri

oranı yüksek besinlerle beslenmenin gerekliliğinin anlaşılması üzerine, bu yağ asitlerini içeren etlerin önemi de artmıştır. (Yaralı 2010; Çakmakçı ve Tahmas Kahyaoğlu 2012; Štoković *et al.* 2013). Omega-3 yağ asitleri insan sağlığı için bu kadar önemliyken, sunulan çalışmada bulunan Angus etlerinin yağ asidi profili ile IGF-1 genotipleri arasındaki ilişki, bu alanda yapılacak başka araştırmaları tetikleyecek, araştırmacılara yol gösterici ve genetik ıslah çalışmalarında kullanılabilecek bir araç olacaktır.

5.5. Etçi Sığır Irklarında İncelenen Özellikler Arasında Fenotipik Kısmi Korelasyonlar

Kesim ve karkas özellikleri arasındaki korelasyonlar Çizelge 4.20, kesim yaşına göre kısmi korelasyonlar ise Çizelge 4.21’de gösterilmiştir.

Canlı ağırlık ile karkas ağırlığı arasındaki korelasyon katsayısı $p < 0,01$ önem düzeyinde 0,946 olarak bulunmuş bu bulgu Gregory *et al.* (1995) besi sığırlarında yaptığı çalışmada geçen 0,920’lik, Nephawe *et al* (2004)’ün besi sığırlarında yaptığı araştırma bulgularında geçen 0,820’lik ve Cantet *et al.*(2003)’ün Angus sığırları ve bunların ticari melezlerinde yaptığı araştırmada geçen 0.791’lik korelasyon katsayıları ile benzerlik göstermiştir. Kesim günü canlı ağırlık ile günlük canlı ağırlık artışı arasındaki korelasyon katsayısı $p < 0,01$ önem düzeyinde 0,863 olarak bulunmuş bu bulgu Mader *et al* (2009)’ün 0,390’lık ve Nkrumah *et al.* (2004a)’ün metabolik orta ağırlık ile günlük canlı ağırlık arasındaki 0,490’lık korelasyon katsayılarından yüksek, Oikawa *et al* (2006)’ün 0,860’lık korelasyon katsayısı ile benzer bulunmuştur. Ayrıca canlı ağırlık ile MLD alanı arasındaki korelasyon katsayısı 0,311 ve $p < 0,01$ önem düzeyinde anlamlı olarak tespit edilmiştir. MLD alanı ile ilgili olarak elde edilen bu katsayının Nephawe *et al* (2004)’ün elde ettiği 0,34’lük, Gregory *et al.* (1995)’ün elde ettiği 0,360’lık ve Koch *et al.* (2004)’ün elde ettiği 0,380 korelasyon katsayıları ile benzer, Nkrumah *et al* (2004a)’ün elde ettiği 0,440’lık katsayıya ise yakın bir değer olduğu görülmüştür. Bunların dışında karkas ağırlığı ile günlük canlı ağırlık artışı arasındaki korelasyon katsayısı $p < 0,01$ önem düzeyinde 0,803 olarak bulunmuş bu bulgu Nkrumah *et al* (2004a)’ün Angus, Charolais ve Alberta Üniversitesi hibrit sığırlarında bu özellikler

arasında elde ettiği 0,490'lık korelasyon katsayısından, Mader *et al* (2009)'ün Angus ve Simmental melezi buzağılarda aynı özellikler arasında elde ettiği 0,310'luk korelasyon katsayısından ve Crews and Kemp (1999)'in melez buzağılarda yürüttüğü çalışmadan elde ettiği -0,150'lik korelasyon katsayısından yüksek, Devitt and Wilton (2001)'ün melez boğalarda elde ettiği 0,650'lik korelasyon katsayısına ise yakın bir değerde tespit edilmiştir. MLD alanı ile karkas ağırlığı arasındaki korelasyon katsayısına bakıldığında $p < 0,01$ önem düzeyinde anlamlı 0,380'lik bir değer tespit edilmiştir. Çalışmada elde ettiğimiz bu değer Crews and Kemp (1998)'in bulduğu 0,100'lük, Devitt and Wilton (2001)'ün tespit ettiği 0,630'luk ve Cardin (2011) elde ettiği 0,600'lük korelasyon katsayılarıyla farklı, Gregory *et al.* (1995)'ün elde ettiği 0,400'lük, Miar *et al.* (2014)'ün bulduğu 0,390'lık korelasyon katsayılarıyla benzer bulunmuştur. Ayrıca kabuk yağı kalınlığı ile kas içi toplam yağ arasında (0,222) $p < 0,05$ düzeyinde önemli pozitif korelasyonlar olduğu tespit edilmiştir. Bu duruma benzer olarak literatürde Devitt and Wilton (2001)'in kabuk yağı kalınlığı ile kas içi toplam yağ arasında tespit ettiği 0,130'luk korelasyon katsayısından yüksektir.

Kabuk yağı kalınlığı, MLD, kas içi toplam yağ ve yağ asidi kompozisyonu arasındaki kesim yaşına göre kısmi korelasyonlar Çizelge 4.23'te gösterilmiştir.

Kas içi toplam yağ miktarı ile MUFA arasında görülen korelasyon katsayısı (0,387) literatürde Dinh *et al.* (2010)'ün 0,540 olarak bildirdiği değerden düşük, Hoehne *et al.* (2012)'ün 0,250 olarak bildirdiği korelasyon katsayısından yüksektir. Kas içi toplam yağ ile PUFA arasındaki korelasyon katsayısına (-0,472) baktığımızda ise aralarında negatif önemli ($p < 0,01$) ilişkinin varlığı göze çarpmaktadır. Bu ilişkiye benzer olarak Hoehne *et al.* (2012)'ün 157 baş hayvan kullandığı çalışmalarında tespit ettikleri -0,400'lük korelasyon katsayısı bu çalışmada elde edilen değer ile benzerdir. Bu sonuçlardan daha yüksek bir korelasyon katsayısı gösteren Dinh *et al.* (2010)'ün (-0,811) çalışmaları da literatürde mevcut olan bir başka çalışmadır. Dinh *et al.* (2010) bu çalışmada 3 farklı ırkta toplam 27 baş hayvan kullanmıştır. Son zamanlarda önemli bir et kalite parametresi olarak görülen PUFA/SFA oranı ile kas içi toplam yağ miktarı arasındaki ilişkiyi ortaya koyan çalışmalar farklı hayvan türlerinde yapılmakla beraber

(Yang *et al.* 2010; Štoković *et al.* 2013;) besi sığırlarında bu ilişkiyi ortaya koyan herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Çalışmamızda elde ettiğimiz kas içi toplam yağ ile PUFA/SFA oranı arasındaki önemli ($p<0,01$) negatif korelasyon (-0,428) ileride besi sığırlarında yapılacak bu yönlü çalışmalara ışık tutacaktır. Ayrıca insan sağlığı açısından önemli olan sığır etlerinde ki n-3 yağ asitleri yüzdesi ile PUFA (0,411), UFA (0,338), SFA (-0,338) ve PUFA/SFA oranı (0,392) arasında tespit edilen önemli ($p<0,01$) korelasyonlar ve yine n-3 yüzdesi ile MUFA yüzdesi (-0,218) yüzdesi arasında $p<0,05$ düzeyinde tespit edilen korelasyonlar yapılacak yeni bilimsel çalışmalara temel teşkil edecektir.

Kas içi toplam yağ miktarı ve kabuk yağı kalınlığı ile PUFA yüzdesi ve PUFA/SFA oranı arasındaki negatif korelasyon kas içi toplam yağ miktarı artarken doymuş yağ asitlerinin daha yüksek bir oranda biriktiğini göstermektedir. Bunun nedeni araştırmada kullanılan sığırların arpa içeren konsantre yemle beslenmeleri olabilir. Çeşitli araştırmacılar arpa içeren konsantre yemle beslenen besi sığırlarındaki kas içi PUFA/SFA yüzdesinin merada beslenenlerden daha düşük olduğunu bildirmiştir (French *et al.* 2000; Nuernberg *et al.* 2005).

5.6. Sonuç

Bu çalışma ile Türkiye’de ve dünyada sığır eti üretiminin büyük bir kısmını karşılayan kültür ırkı besi sığırlarından Angus, Charolais ve Hereford ırklarında leptin, ghrelin ve IGF-1 genlerinin polimorfizmleri belirlenmiştir. Bu ırkların söz konusu genler açısından sahip oldukları genotip ve allel frekansları tespit edilmiş ve genotiplerin canlı ağırlık, karkas ağırlığı, günlük canlı ağırlık artışı, kabuk yağı kalınlığı, *musculus longissimus dorsi* alanı, toplam yağ ve yağ asitleri kompozisyonu özellikleri üzerindeki etkileri incelenmiştir.

Türkiye’de yetiştirilen kültür ırkı besi sığırlarından olan Angus, Charolais ve Hereford ırklarında, belirtilen üç farklı gen lokusu yönünden genetik polimorfizmler ile genotip ve allel frekansları ilk kez bu çalışma ile ortaya konmuştur. Ayrıca ilk defa Türkiye’de

aynı beslenme ve çevre şartlarında ırk spesifik genotipler ve bu genotiplerin ırktan ırka göre farklılık arzedecek verim özelliklerinin kıyaslanması imkanı bulunmuştur. Elde edilen veriler yerli ve yabancı literatürdeki boşlukların doldurulmasının yanında genetik çeşitliliğin araştırılması konusuna da önemli katkılar sağlayacaktır.

İncelenen etçi ırklara ait besi sığırlarında *Leptin/PstI* polimorfizmi yönünden genotip frekansı CT>CC>TT olarak sıralanmış, C allelinin frekansı 0,571 bulunurken T allelinin frekansı 0,429 olarak tespit edilmiştir. Buna paralel olarak besi sığırlarını oluşturan tüm ırklarda C allelinin T alleleline göre yüksek frekansta olduğu, C allelinin en yüksek frekansını 0,743 ile Hereford ırkında, en düşük frekansını ise 0,513 ile Angus ırkında gösterdiği tespit edilmiştir. *IGF-1/SnaBI* polimorfizmi yönünden ise B allelinin frekansı 0,600 bulunurken A allelinin frekansı 0,400 bulunmuş, benzer şekilde ırklar arasında B alleli en yüksek frekans dağılımını Hereford ırkında 0,665 değeri ile göstermiştir. Ayrıca *IGF-1/SnaBI* polimorfizmi yönünden Herefordların allel frekansları B=0,665 ve A=0,335 şeklinde bulunmuş, bu polimorfizm ile Herefordların allel frekanslarının araştırıldığı bu çalışma literatürde bir ilk olmuştur. Bunun dışında *Ghrelin/BfaI* polimorfizmi ile ilgili çalışmaların büyükbaş hayvan ıslahı ve yetiştiriciliğinde yeterince çalışılmadığı ve G allelinin besi sığırlarında oldukça düşük frekansta (G=0,062) olduğu belirlenmiştir.

Leptin, *ghrelin* ve *IGF-1* lokusları yönünden sürülerin Hardy-Weinberg denge durumu incelenmiş, *leptin* lokusu yönünden besi sığırı sürüsünde dengeden sapma ($p=0,001$) tespit edilmiştir. Irkların kendi içindeki denge durumlarına bakıldığında *leptin* gen lokusunun Hereford ırkında ($p=0,0274$), *IGF-1* gen lokusunun Hereford ırkında ($p=0,0081$) ve Charolais ($p=0,0228$) ırklarında Hardy-Weinberg dengesinden saptığı görülmüştür. Gen ve genotip yapılarının Hardy-Weinberg dengesinden sapmasının üç kaynağı vardır. Bunlar; seleksiyon, göç ve mutasyondur. Mutasyonlar uzun zamanlı bir süreçtir. Sürünün oluşturulduğu ana sürüdeki göç durumu ise bilinmemektedir. Burada söz konusu sapmaların sebebi olarak; çalışmada kullanılan sürüdeki ırkların besi öncesinde besi performansları öngörülerek seçilmiş olmalarından kaynaklanabileceği kanısına varılmıştır.

Bu araştırmanın bulgularına genel olarak bakıldığında, besi sığırlarında *Leptin/PstI* polimorfizminin yüksek canlı ağırlık ve karkas ağırlığı ile CC genotipi arasında önemli olmayan fakat pozitif bir ilişkinin olduğu sonucu çıkmıştır. Ayrıca *Leptin/PstI* polimorfizminin Angus, Hereford ve Charolais ırkları bazında incelenen verim özellikleri bakımından önemli sayılabilecek bir etkisinin olmadığı tespit edilmiştir. Bu bulguların nedenleri şu şekilde açıklanabilir.

- 1- Literatürde taranırken “Besi Sığırı” ırklarının hemen hemen her çalışmada farklı farklı ırklardan ve bunların melezlerinden oluşması,
- 2- Yapılan çalışmaların bölge ve coğrafi konum bakımından farklılık göstermesi,
- 3- Besi sığırı kavramını oluşturan ırklar aynı olsa bile bu ırkların çalışıldığı yaş aralıklarının farklı olması, olarak sıralanmıştır.

IGF-1/*SnaBI* polimorfizminin MLD alanı üzerine etkisi sürü genelinde ($p<0,01$) ve Angus ırkında ($p<0,05$) önemli bulunurken, Hereford ırkında ise genotipler arasındaki farkın marjinal düzeyde anlamlı ($p<0,1$) kaldığı tespit edilmiştir. Charolais ırkında incelenen özellikler ile IGF-1/*SnaBI* polimorfizmleri arasında önemli bir fark bulunmamıştır. Çalışmada bulunan tüm ırklar gözönüne alındığında B allelinin MLD alanını arttırma eğiliminde olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca çalışmada kullanılan Angus, Charolais ve Hereford ırkları ile IGF-1/*SnaBI* genotipleri ve karkas özellikleri (karkas ağırlığı, kabuk yağı kalınlığı ve MLD alanı) arasındaki ilişkileri ortaya koyan bu araştırma uluslararası alanda bir ilk olmuştur. Bu bağlamda elde edilen bilgiler literatürde önemli bir boşluğu dolduracaktır.

Ayrıca bu çalışmada besi sığırlarında *Leptin/PstI* (C1180T polimorfizmi) ve IGF-1/*SnaBI* genotipleri ile yağ asitleri kompozisyonu arasındaki ilişkiler incelenmiştir. İncelenen özelliklerde sadece Angus ırkında omega-3 (n-3) yağ asidi yüzdesi ile IGF-1 genotipleri arasında $p<0,1$ düzeyinde bir ilişki bulunmuştur. Buna göre BB genotipi %0,33, AB genotipi %0,31 ve AA genotipi ise %0,10'luk değerler almıştır. Bu araştırma, *Leptin* ve IGF-1 lokuslarındaki polimorfizmlerin etteki yağ asidi

kompozisyonu üzerine etkisi ile ilgili olarak ülkemizde yetiştirilen sığırlarda yapılan ilk çalışmadır.

Sunulan çalışmada kesim günü canlı ağırlık ile karkas ağırlığı, kesim günü canlı ağırlık ile günlük canlı ağırlık artışı ve karkas ağırlığı ile günlük canlı ağırlık artışı arasındaki korelasyon katsayıları $p < 0,01$ önem düzeyinde sırasıyla 0,946, 0,863 ve 0,803 olarak bulunmuştur. Ayrıca çalışmada elde edilen kas içi toplam yağ ile PUFA/SFA oranı arasındaki önemli ($p < 0,01$) negatif korelasyon (-0,428) ileride besi sığırlarında yapılacak bu yönlü çalışmalara ışık tutacaktır. Bunların dışında insan sağlığı açısından önemli olan sığır etlerinde ki n-3 yağ asitleri yüzdesi ile PUFA (0,411), UFA (0,338), SFA (-0,338) ve PUFA/SFA oranı (0,392) arasında tespit edilen önemli ($p < 0,01$) korelasyonlar ve yine n-3 yüzdesi ile MUFA yüzdesi (-0,218) yüzdesi arasında $p < 0,05$ düzeyinde tespit edilen korelasyonlar yapılacak yeni bilimsel çalışmalara temel teşkil edecektir.

Sonuç olarak, Leptin/*PstI* ve IGF-1/*SnaBI* polimorfizmleri ile karkas ve verim özellikleri ile yağ asidi kompozisyonu arasında ortaya çıkan ilişkiler bu gen polimorfizmlerinin genotipik seleksiyon uygulamalarında yararlı birer markör olarak kullanılabilmesini ortaya koymuştur. IGF-1/*SnaBI* polimorfizmi yönünden B allelinin MLD alanı üzerine etkisinin bilinmesi seleksiyon çalışmalarında ekonomik bir avantaj sağlayabilir. Leptin/*PstI* ve IGF-1/*SnaBI* polimorfizmlerinin markör destekli seleksiyon gibi genotipik seleksiyon uygulamalarında kullanılmasıyla insan sağlığı açısından önemli olan kırmızı etin yağ asidi kompozisyonu ile karkas ve verim özelliklerinin geliştirilmesine imkan sağlanmış olabilecektir.

KAYNAKLAR

- Akis, I., Oztabak, K., Gonulalp, I., Mengi, A., and Un, C., 2010. IGF-1 and IGF-1R gene polymorphisms in east anatolian red and South Anatolian Red cattle breeds. *Russian Journal of Genetics*, 46(4), 439-442.
- Anonymus:<http://www.had2know.com/academics/hardy-weinberg-equilibrium-calculator-2-alleles.html>, (Erişim Tarihi: 27/05/2015).
- Anton, I., Kovács, K., Holló, G., Farkas, V., Lehel, L., Hajda, Z. and Zsolnai, A., 2011. Effect of leptin, DGAT1 and TG gene polymorphisms on the intramuscular fat of Angus cattle in Hungary. *Livestock Science*, 135, 300–303.
- Aslan, K., Serdar, Z. ve Tokullugil, H. A., 2004. Multifonksiyonel Hormon: Leptin. *Uludağ Üniversitesi Tıp Fakültesi Dergisi*, 30 (2), 113-118.
- Bartoň, L., Marounek, M., Kudrna, V., Bureš, D. and Zahradkova, R., 2007. Growth performance and fatty acid profiles of intramuscular and subcutaneous fat from Limousin and Charolais heifers fed extruded linseed. *Meat science*, 76(3), 517-523.
- Bengi, Ç., 2010. Yerli Kara Sığır Irkında Leptin Geni Arg25Cys Mutasyonunun PCR-RFLP Metodu ile Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş.
- Bonakdar, E., Rahmani, H.R., Edriss, M.A. and Sayed Tabatabaei, B.E., 2010. IGF-I gene polymorphism, but not its blood concentration, is associated with milk fat and protein in Holstein dairy cows. *Genet. Mol. Res.*, 9(3), 1726-1734.
- Brandt, M. M., Keisler, D. H., Meyer, D. L., Schmidt, T. B., and Berg, E. P., 2007. Serum hormone concentrations relative to carcass composition of a random allotment of commercial-fed beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 85, 267-275.
- Buchanan, F.C., Fitzsimmons, C.J., Van Kessel, A.G., Thue, T.D., Winkelman-Sim, D.C., and Schmutz, S.M., 2002. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genet. Sel. Evol.*, 34, 105-116.
- Bures, D., Barton, L., Zahradková, R., Teslík, V. and Krejčova, M., 2006. Chemical composition, sensory characteristics, and fatty acid profile of muscle from Aberdeen Angus, Charolais, Simmental, and Hereford bulls. *Czech Journal of Animal Science*, 51(7), 279.
- Cantet, R. J. C. M., Steibel, J. P., Birchmeier, A. N., and Santa Coloma, L. F. 2003. Bayesian estimation of genetic parameters for growth and carcass traits of grass-fed beef cattle by Full Conjugate Gibbs. *ARCHIV FÜR TIERZUCHT*, 46(5), 435-444.
- Cardin, J. M. 2011. Evaluation of Gene Breed Type and Expression of Feed Efficiency Candidate Genes, and Their Associations with Carcass Traits in F2 Nellore-Angus Steers. Doctoral dissertation, Texas A&M University.
- Cardoso, S.R., Queiroz, L.B., Alonso Goulart, V., Mourão, G.B., Benedetti, E. and Goulart, L.R., 2011. Productive performance of the dairy cattle Girolando breed mediated by the fat-related genes DGAT1 and LEP and their polymorphisms. *Research in Veterinary Science*, 91, 107–112.

- Cheong, H. S., Yoon, D. H., Kim, L. H., Park, B. L., Chung, E. R., Lee, H. J., Cheong, I. C., Oh, S. J. and Shin, H. D., 2006. Leptin polymorphisms associated with carcass traits of meat in Korean cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 19 (11), 1529-1535.
- Colinet, F.G., Portetelle, D. and Renaville, R., 2009. Short Communication: Molecular characterization of the bovine *GHRL* gene. *Archiv Tierzucht*, 52 (1), 79-84.
- Corva, P.M., Fernández Macedo, G.V., Soria, L.A., Papaleo Mazzucco, J., Motter, M., Villarreal, E.L., Schor, A., Mezzadra, C.A., Melucci, L.M. and Miquel, M.C., 2009. Effect of leptin gene polymorphisms on growth, slaughter and meat quality traits of grazing Brangus steers. *Genet. Mol. Res.*, 8 (1), 105-116.
- Crews Jr, D. H., and Kemp, R. A. 1999. Contributions of preweaning growth information and maternal effects for prediction of carcass trait breeding values among crossbred beef cattle. *Canadian journal of animal science*, 79(1), 17-25.
- Crisà, A., Marchitelli, C., Pariset, L., Contarini, G., Signorelli, F., Napolitano, F., Catillo, G., Valentini, A. and Moiola, B., 2010. Exploring polymorphisms and effects of candidate genes on milk fat quality in dairy sheep. *J. Dairy Sci.*, 93, 3834-3845.
- Curi, R.A., Chardulo, L.A.L., Arrigoni, M.D.B., Silveira, A.C. and de Oliveira, H.N., 2011. Associations between LEP, DGAT1 and FABP4 gene polymorphisms and carcass and meat traits in Nelore and crossbred beef cattle. *Livestock Science*, 135, 244–250.
- Curi, R.A., de Oliveira, H.N., Silveira, A.C., and Lopes, C.R., 2005. Association between IGF-I, IGF-IR and GHRH gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle. *Livestock Production Science*, 94, 159–167.
- Curi, R.A., Krauskopf, M.M., Hadlich, J.C., Fortes, M.R.S., Vankan, D.M., Silva, J.A.II.V., de Oliveira, H.N. and da Mota, M.D.S., 2012. Candidate SNPs for carcass and meat traits in Nelore animals and in their crosses with *Bos taurus*. *Pesq. agropec. bras.*, 47(2), 294-301.
- Çakmaç, S. ve Tahmas Kahyaoğlu, D., 2012. Yağ Asitlerinin Sağlık ve Beslenme Üzerine Etkileri. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 5 (2), 133-137.
- Çiftçioğlu, G., 2015. Et Muayenesi ve Teknolojisi Dersi Notları. Veteriner Fakültesi Besin Hijyeni ve Teknolojisi Anabilim Dalı, İstanbul Üniversitesi, İstanbul.
- Dabak, D. Ö. ve Kuloğlu, T., 2008. Ghrelin ve metabolik etkileri. *Doğu Anadolu Bölgesi Araştırmaları Dergisi*, 6 (3), 105- 115.
- De la Rosa Reyna, X.F., Montoya, H.M., Castrellón, V.V., Rincón, A.M.S., Bracamonte, M.P., and Vera, W.A., 2010. Polymorphisms in the IGF1 gene and their effect on growth traits in Mexican beef cattle. *Genet. Mol. Res.*, 9 (2), 875-883.
- De Oliveira, J. A., da Cunha, C.M., do Amaral Crispim, de Oliveira Seno, B., L., Fernandes, A.R.M., de Paula Nogueira, G. and Grisolia, A.B., 2013. Association of the Leptin Gene with Carcass Characteristics in Nellore Cattle. *Animal Biotechnology*, 24, 229–242.
- Deprem, T., 2004. Japon Bildircinlerinde Çizgili Kasların Emriyonal Gelişimi Üzerinde IGF-1'in Etkileri. Yüksek Lisans Tezi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Kafkas Üniversitesi, Kars.
- Devitt, C. J., and Wilton, J. W. 2001. Genetic correlation estimates between ultrasound measurements on yearling bulls and carcass measurements on finished steers. *Journal of animal science*, 79(11), 2790-2797.

- Dhanda, J.S., Taylor, D.G., McCosker, J.E., Murray, P.J., 1999. The influence of goat genotype on the production of Capretto and Chevon carcasses. 1. Growth and carcass characteristics. *Meat Science*, 52, 355-361.
- Dhanda, J.S., Taylor, D.G., Murray, P.J., 2003. Part 1. Growth, carcass and meat quality parameters of male goats: effects of genotype and liveweight at slaughter. *Small Ruminant Research*, 50, 57-66.
- Dinh, T. T. N., Blanton, J. R., Riley, D. G., Chase, C. C., Coleman, S. W., Phillips, W. A., and Thompson, L. D. 2010. Intramuscular fat and fatty acid composition of longissimus muscle from divergent pure breeds of cattle. *Journal of animal science*, 88(2), 756-766.
- Eken, M., 2010. Güney Anadolu Kırmızısı ve Doğu Anadolu Kırmızısı Irkı Sığırlarda Büyüme Hormonu Salgılatıcı Hormonu ve Reseptörü Genlerinin Polimorfizmlerinin Belirlenmesi. Doktora Tezi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, İstanbul Üniversitesi, İstanbul.
- Esen, F., ve Özbey, O., 2001. Sakız X Akkaraman Melezi (F1 ve G1) Kuzularda Verim Özellikleri. II. Besi Performansı, Kesim ve Karkas Özellikleri. *Turk J Vet Anim Sci*, 25, 953-959.
- Folch, J., Lees, M., Sloane Stanley, G.H., 1957. A simple method for the isolation and purification of total lipides from animal tissues. *J. Biol. Chem.*, 226(1), 497-509.
- Fortes, M.R.S., Curi, R.A., Chardulo, L.A.L., Silveira, A.C., Assumpção, M.E.O.D., Visintin, J.A., and de Oliveira, H.N., 2009. Bovine gene polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. *Genetics and Molecular Biology*, 32(1), 75-82.
- French, P., Stanton, C., Lawless, F., O'riordan, E. G., Monahan, F. J., Caffrey, P. J., and Moloney, A. P. 2000. Fatty acid composition, including conjugated linoleic acid, of intramuscular fat from steers offered grazed grass, grass silage, or concentrate-based diets. *Journal of animal science*, 78(11), 2849-2855.
- Ge, W., Davis, M.E., Hines, H.C., K Irvin, M., and Simmen, R.C., 2001. Association of a genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-I concentration and growth traits in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 79, 1757-1762.
- Ghazikhani Shad, A., Moradi Shahrabak, H., Sadeghi, M. and Faraji, R., 2013. Genetic Analysis of Exon 4 in Ovine IGF-I Gene and Its Association with Carcass Traits and Fatty Acids Profiles in Zel Sheep. *Animal Science and Research Journal*, 12.
- Gil, F. M. M., de Camargo, G. M. F., Pablos de Souza, F. R., Cardoso, D. F., Fonseca, P. D. S., Zetouni, L. , Braz, C. U., Aspilcueta-Borquis, R. R. and Tonhati, H., 2013. Polymorphisms in the ghrelin gene and their associations with milk yield and quality in water buffaloes. *J. Dairy Sci.*, 96, 3326-3331.
- Gregory, K. E., Cundiff, L. V., and Koch, R. M. 1995. Genetic and phenotypic (co) variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. *Journal of animal science*, 73(7), 1920-1926.
- Gürses, M., 2010. Bazı Kültür ve Yerli Sığır Irklarında Leptin Geni Polimorfizmlerinin Belirlenmesi ve Süt Verimi ile Bileşimi Üzerine Etkileri. Doktora Tezi. Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Fırat Üniversitesi, Elazığ.
- Harbili, S., 2008. İnsülin benzeri büyüme faktörleri (IGF): Egzersiz metabolizması ve kas dokusu üzerine etkileri. *Genel Tıp Derg.*, 18(4), 177-184.

- Hoehne, A., Nuernberg, G., Kuehn, C., and Nuernberg, K. 2012. Relationships between intramuscular fat content, selected carcass traits, and fatty acid profile in bulls using a F 2-population. *Meat science*, 90(3), 629-635.
- Ichihara, K. I., Shibahara, A., Yamamoto, K. and Nakayama, T., 1996. An improved method for rapid analysis of the fatty acids of glycerolipids. *Lipids*, 31(5), 535-539.
- Islam, K.K., Vinsky, M., Crews, R.E., Okine, E., Moore, S.S., Crews Jr, D.H. and Li, C., 2009. Association analyses of a SNP in the promoter of IGF1 with fat deposition and carcass merit traits in hybrid, Angus and Charolais beef cattle. *Animal Genetics*, 40, 766-769.
- İyidoğan, Y., 2007. Grelinin yapısı ve organizmadaki fonksiyonları. *İst. Tıp Fak. Derg.*, 70 (3), 82-92.
- Jeanmas, A., Sopannarath, P., Tumwasorn, S. and Loongyai, W., 2014. Association of SNP Marker in the IGF1 Gene with Carcass Traits in Crossbred Cattle among Thai Native, Brahman and Charolais. *Kasetsart J. (Nat. Sci.)*, 48, 605- 610.
- Jin, Q.J., Fang, X.T., Zhang, C.L., Yang, L., Sun, J.J., Chen, D.X., Shi, X.Y., Du, Y., Lan, X.Y. and Chen, H., 2010. A novel SNP of the GHRL gene in goat and its association with growth traits. *Small Ruminant Research*, 90 (1-3), 150-152.
- Johnston, D.J., Herd, R., Reverter, A., and Oddy, V.H., 2001. Heritability Of Igf-I In Beef Cattle And Its Association with Growth and Carcass Traits. *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.*, 14, 163-166.
- Kaplan, S., 2010. Yerli anadolu mandalarında ve esmer sığırlarda pcr-rflp yöntemi ile prolaktin geni polimorfizminin belirlenmesi. *Yükseklisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Selçuk Üniversitesi, Konya*.
- Keleş, M. ve Türkeli, M., 2005. İnsülin Benzeri Büyüme Faktörü Sistemi ve Kanser. *Tıp Araştırma Dergisi*, 3 (2), 39- 43.
- Klok, M. D., Jakobsdottir, S. and Drent, M. L., 2007. The role of leptin and ghrelin in the regulation of food intake and body weight in humans: a review. *Obesity Reviews*, 8 (1), 21-34.
- Koch, R. M., Cundiff, L. V., Gregory, K. E., & Van Vleck, L. D. 2004. Genetic response to selection for weaning weight or yearling weight or yearling weight and muscle score in Hereford cattle: Efficiency of gain, growth, and carcass characteristics. *Journal of animal science*, 82(3), 668-682.
- Konca, Y., Büyükkılıç, S., Metin, J., Adkinson A.Y. ve Özkan, M., 2010. Organik ve Konvansiyonel Metotla Yetiştirilen Hayvanlardan Elde Edilen Ürünlerde Bazı Özelliklerin Karşılaştırılması. *Türkiye I. Organik Hayvancılık Kongresi, Kelkit/Gümüşhane*.
- Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, S. G., Hong, Y. S., Song, W. I., Lee, S. J., Kim, H. C., Yoo, B. H., Lee, H. K. and Jeon, G. J., 2006. Association of Polymorphisms in the Bovine Leptin Gene with Ultrasound Measurements for Improving in Korean Cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 19(12), 1691 – 1695.
- Kononoff, P. J., Deobald, H. M., Stewart, E. L., Laycock, A. D. and Marquess, F. L. S., 2005. The effect of a leptin single nucleotide polymorphism on quality grade, yield grade and carcass weight of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 83, 927-932.
- Kowalewska-Łuczak, I., Szembek, M. and Kulig, H., 2011. Ghrelin gene polymorphism in dairy cattle. *Journal of Central European Agriculture*, 12 (4), 737-744.

- Kulig, H. and Kmiec', M., 2009. Association between leptin gene polymorphisms and growth traits in limousin cattle. *Russian Journal of Genetics*, 45(6), 738–741.
- Lagonigro, R., Wiener, P., Pilla, F., Woolliams, J.A. and Williams, J.L., 2003. A new mutation in the coding region of the bovine leptin gene associated with feed intake. *Anim. Genet.*, 34, 371-374.
- Li, C., Basarab, J., Snelling, W. M., Benkel, B., Murdoch, B., Hansen, C. and Moore, S. S., 2004. Assessment of positional candidate genes 5 and 1 for growth on bovine chromosome 5 in commercial lines of. *Journal of animal science*, 82(1), 1-7.
- Liefers, S.C., te Pas, M.F.W., Veerkamp, R.F., Chilliard, Y., Delavaud, C., Gerritsen, R., van der Lende, T., 2003. Association of leptin gene polymorphisms with serum leptin concentration in dairy cows. *Mammalian Genome*, 14, 657–663.
- Lusk, J. L., 2007. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with body weight and backfat growth curve parameters for beef cattle. *Journal of Animal Science*, <http://www.journalofanimalscience.org/content/85/8/1865> (Erişim Tarihi 27/08/2012).
- MacNeil, M. D., Nkrumah, J. D., Woodward, B. W. and Northcutt, S. L., 2010. Genetic evaluation of Angus cattle for carcass marbling using ultrasound and genomic indicators. *Journal of animal science*, 88(2), 517-522.
- Madeja, Z., Adamowicz, T., Chmurzynska, A., Jankowski, T., Melonek, J., Switonski, M. and Strabel, T., 2004. Short Communication: Effect of Leptin Gene Polymorphisms on Breeding Value for Milk Production Traits. *J. Dairy Sci.*, 87, 3925–3927.
- Mader, C. J., Montanholi, Y. R., Wang, Y. J., Miller, S. P., Mandell, I. B., McBride, B. W., and Swanson, K. C. 2009. Relationships among measures of growth performance and efficiency with carcass traits, visceral organ mass, and pancreatic digestive enzymes in feedlot cattle. *Journal of animal science*, 87(4), 1548-1557.
- May, S. G., Sturdivant, C. A., Lunt, D. K., Miller, R. K. and Smith, S. B., 1993. Comparison of sensory characteristics and fatty acid composition between Wagyu crossbred and Angus steers. *Meat science*, 35(3), 289-298.
- Mehmannavaz, Y., Amirinia, C., Bonyadi, M. and Torshizi, R.V., 2010. Association of IGF-1 gene polymorphism with milk production traits and paternal genetic trends in Iranian Holstein bulls. *African Journal of Microbiology Research*, 4(1), 110-114.
- Melucci, L.M., Panarace, M., Feula, P., Villarreal, E.L., Grigioni, G., Carduza, F., Soria, L.A., Mezzadra, C.A., Arceo, M.E., Papaleo Mazzucco, J., Corva, P.M., Irurueta, M., Rogberg-Muñoz, A. and Miquel, M.C., 2012. Genetic and management factors affecting beef quality in grazing Hereford steers. *Meat Science*, 92, 768-774.
- Miar, Y., Plastow, G. S., Bruce, H. L., Moore, S. S., Durunna, O. N., Nkrumah, J. D., and Wang, Z. 2014. Estimation of genetic and phenotypic parameters for ultrasound and carcass merit traits in crossbred beef cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 94(2), 273-280.
- Mirzaei, A., Sharifiyazdi, H., Ahmadi, M.R., Ararooti, T., Rowshan Ghasrodashti, A., and Kadivar, A., 2012. The effect of polymorphism in gene of insulin-like growth factor-I on the serum periparturient concentration in Holstein dairy cows. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, 765-769.

- Moussavi, A. H., Ahouei, M., Nassiry M. R., and Javadmanesh, A., 2006. Association of leptin polymorphism with production, reproduction and plasma glucose level in Iranian Holstein cows. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 19(5), 627-631.
- Mullen, M. P., Berry, D. P., Howard, D. J., Diskin, M. G., Lynch, C. O., Giblin, L., Kenny, D. A., Magee, D. A., Meade, K. G., and Waters, S. M., 2011. Single nucleotide polymorphisms in the insulin-like growth factor 1 (IGF-1) gene are associated with performance in Holstein-Friesian dairy cattle. *Frontiers in Genetics*, 2, 1-9.
- Nephawe, K. A., Cundiff, L. V., Dikeman, M. E., Crouse, J. D., and Van Vleck, L. D. 2004. Genetic relationships between sex-specific traits in beef cattle: Mature weight, weight adjusted for body condition score, height and body condition score of cows, and carcass traits of their steer relatives. *Journal of animal science*, 82(3), 647-653.
- Newlacil, I., Demkowicz, M., Paczyńska, K., Kuropka, P., and Szulc, T., 2013. Factors affecting ultrasound intramuscular fat content in musculus longissimus dorsi of beef bulls estimated with BIA Pro Plus software. *Ann. Anim. Sci.*, 13(3), 633–644.
- Nie, Q., Fang, M., Xie, L., Peng, X., Xu, H., Luo, C., Zhang, D. and Zhang, X., 2009. Molecular characterization of the ghrelin and ghrelin receptor genes and effects on fat deposition in chicken and duck. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, <http://www.hindawi.com/journals/jbb/2009/567120/> Erişim Tarihi: 30.08.2012.
- Nkrumah, J. D., Basarab, J. A., Price, M. A., Okine, E. K., Ammoura, A., Guercio, S., and Moore, S. S. 2004a. Different measures of energetic efficiency and their phenotypic relationships with growth, feed intake, and ultrasound and carcass merit in hybrid cattle. *Journal of Animal Science*, 82(8), 2451-2459.
- Nkrumah, J. D., Li, C., Basarab, J. B., Guercio, S., Meng, Y., Murdoch, B., Hansen, C. and Moore, S. S., 2004b. Association of a single nucleotide polymorphism in the bovine leptin gene with feed intake, feed efficiency, growth, feeding behaviour, carcass quality and body composition. *Can. J. Anim. Sci.*, 84, 211–219.
- Nkrumah, J. D., Li, C., Yu, J., Hansen, C., Keisler, D. H., and Moore, S. S.. 2005. Polymorphisms in the bovine leptin promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *J. Anim. Sci.*, 83, 20-28.
- Nkrumah, J. D., Crews, D. H., Basarab, J. A., Price, M. A., Okine, E. K., Wang, Z., Li, C. and Moore, S. S., 2007. Genetic and phenotypic relationships of feeding behavior and temperament with performance, feed efficiency, ultrasound, and carcass merit of beef cattle. *Journal of Animal Science*, 85(10), 2382-2390.
- Nobari, K., Ghazanfari, S., Nassiry, M. R., Tahmoorespur, M. and Jorjani, E., 2010. Relationship between leptin gene polymorphism with economical traits in Iranian Sistani and Brown Swiss cows. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9 (22), 2807-2810.
- Nuernberg, K., Dannenberger, D., Nuernberg, G., Ender, K., Voigt, J., Scollan, N. D., and Richardson, R. I. 2005. Effect of a grass-based and a concentrate feeding system on meat quality characteristics and fatty acid composition of longissimus muscle in different cattle breeds. *Livestock Production Science*, 94(1), 137-147.

- Oikawa, T., Hoque, M. A., Hitomi, T., Suzuki, K., and Uchida, H. 2006. Genetic parameters for traits in performance and progeny tests and their genetic relationships in Japanese Black cattle. *Asian Australasian Journal of Animal Sciences*, 19(5), 611.
- Orrù, L., Cifuni, G.F., Piasentier, E., Corazzin, M., Bovolenta, S., and Moioli, B., 2011. Association analyses of single nucleotide polymorphisms in the LEP and SCD1 genes on the fatty acid profile of muscle fat in Simmental bulls. *Meat Science*, 87, 344–348.
- Özhan, M., Tüzemen, N. ve Yanar, M., 2011. Büyükbaş Hayvan Yetiştirme. Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları Ders Notu Yayın No: 134, 556 s, Erzurum.
- Özkaya, S., 2006. Besi Sığırlarında Sayısal Görüntü Analizi ile Canlı Ağırlık ve Karkas Performansının Tahmin Edilmesi ve Tahmin Modelleri ile Karşılaştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Süleyman Demirel Üniversitesi, Isparta.
- Özşensoy, Y., 2011. Türkiye’de Bulunan Bazı Yerli Sığır Irklarının Genetik Yapılarının Karakterizasyonu. Doktora Tezi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Selçuk Üniversitesi, Konya.
- Öztabak, K., Toker, N.Y., Ün, C., Akış, I., Mengi, A., Karadağ, O. ve Soysal, D., 2010. Leptin Gene Polymorphisms in Native Turkish Cattle Breeds. *Kafkas Univ. Vet. Fak. Derg.*, 16 (6), 921-924.
- Pannier, L., Sweeney, T., Hamill, R.M., Ipek, F., Stapleton, P.C. and Mullen, A.M., 2009. Lack of an association between single nucleotide polymorphisms in the bovine leptin gene and intramuscular fat in *Bos taurus* cattle. *Meat Science*, 81(4), 731-737.
- Pereira, A.P., de Alencar, M.M., de Oliveira, H.N. and de Almeida Regitano, L.C., 2005. Association of GH and IGF-1 polymorphisms with growth traits in a synthetic beef cattle breed. *Genetics and Molecular Biology*, 28(2), 230-236.
- Perez, P., Maino, M., Morales, M.S., Köbrich, C., Bardon, Pokniak, C., J., 2007. Gender and slaughter weight effects on carcass quality traits of suckling lambs from four different genotypes. *Small Ruminant Research*, 70, 124–130.
- Petrović, M., Wähner, M., Radović, Č., Radojković, D., Parunović, N., Savić, R. and Brkić, N., 2014. Fatty acid profile of m. longissimus dorsi of Mangalitsa and Moravka pig breeds. *Archiv Tierzucht*, 57(17), 1-12.
- Rogberg-Muñoz, A., Cantet, R.J.C., Fernández, M.E., Lirón, J.P., Prando, A., Birchmeier, A.N., Ripoli, M.V. and Giovambattista, G., 2013. Longitudinal analysis of the effects of IGF1-SnaBI genotypes on the growth curve of Angus bull calves. *Livestock Science*, 154, 55–59.
- Sadeghi, M., Moradi Shahr Babak, M., Rahimi, G. and Nejati Javaremi, A., 2008. Effect of leptin gene polymorphism on the breeding value of milk production traits in Iranian Holstein. *Animal*, 2 (7), 999–1002.
- Schenkel, F. S., Miller, S. P., Ye, X., Moore, S. S., Nkrumah, J. D., Li, C., Yu, J., Mandell, I. B., Wilton, J. W., and Williams, J. L., 2005. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 83, 2009–2020.
- Sharma, A., Dutt, G., Sivalingam, J., Singh, M.K., Pathodiya, O.P., Khadda, B.S. and Dixit, S.P., 2013. Short communication: Novel SNPs in IGF1, GHR and IGF1BP-

- 3 genes reveal significant association with growth traits in Indian goat breeds. *Small Ruminant Research*, 115, 7–14.
- Sherman, E. L., Nkrumah, J. D., Murdoch, B. M., Li, C., Wang, Z. Fu, A. and Moore, S. S., 2007. Polymorphisms and haplotypes in the bovine NPY, GHR, GHRL, IGF2, UCP2, and UCP3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency and carcass merit in beef cattle. *Journal of Animal Science*, <http://jas.fass.org/content/early/2007/09/04/jas.2006-799.citation> (06.07.2012).
- Shin, S. C. and Chung, E. R., 2007. Association of snp marker in the leptin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian- Aust. J. Anim. Sci.*, 20 (1), 1-6.
- Siadkowska, E., Zwierzchowski, L., Oprządek, J., Strzałkowska, N., Bagnicka, E., and Krzyżewski, J., 2006. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*, 24(3), 225-237.
- Skiba, G., Raj, S. and Poławska, E., 2013. Profile of fatty acids and activity of elongase and $\Delta 5$ and $\Delta 9$ desaturase of growing pigs differ in concentration of intramuscular fat in musculus longissimus dorsi. *Animal Science Papers and Reports*, 31(2), 123-137.
- Souza, F. R. P., Mercadante, M. E. Z., Fonseca, L. F. S., Ferreira, L. M. S., Regatieri, I. C., Ayres, D. R., Tonhati, H., Silva, S. L., Razook, A. G., and Albuquerque, L. G., 2010. Assessment of *DGATI* and *LEP* gene polymorphisms in three Nelore (*Bos indicus*) lines selected for growth and their relationship with growth and carcass traits. *J. Anim. Sci.*, 88, 435-441.
- Söbeli, C., ve Kayaardı, S., 2014. Et Kalitesini Belirlemede Yeni Teknikler. *GIDA*, 39 (4), 251-258.
- SPSS Inc, 2008. *SPSS Statistics for Windows, Version 17.0*. Chicago.
- Štoković, I., Starčević, K., Karadjole, I., Križanović, D., Božić, P. and Maurić, M., 2013. The chemical compositions and fatty acid profifi le of the longissimus dorsi muscle in young Simmental bulls. *Vet. Arhiv.*, 83 (2), 135-144.
- Sun, J., Jin, Q., Zhang, C., Fang, X., Gu, C., Lei, C., Wang, J. and Chen, H., 2011. Polymorphisms in the bovine ghrelin precursor (GHRL) and Syndecan-1 (SDC1) genes that are associated with growth traits in cattle. *Mol Biol Rep.*, 38 (5), 3153–3160.
- Şireli, H. D., Koncagül, S., ve Tutkun, M., 2012. Canlı Kuzularda Karkas Özelliklerinin Tahmin Yöntemleri. *MKU Ziraat Fakültesi Dergisi*, 17(1), 13-22.
- Tahmoorespur, M., Taheri, A., Valeh, M. V., Saghi, D. A. and Ansary, M., 2010. Assessment relationship between leptin and ghrelin genes polymorphisms and estimated breeding values (EBVs) of growth traits in Baluchi sheep. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9 (19), 2460-2465.
- Tizioto, P.C., Meirelles, S.L., Tulio, R.R., Rosa, A.N., Alencar, M.M., Medeiros, S.R., Siqueira, F., Feijó, G.L.D., Silva, L.O.C., Torres Junior, R.A.A. and Regitano, L.C.A., 2012. Candidate genes for production traits in Nelore beef cattle. *Genet. Mol. Res.*, 11 (4), 4138-4144.
- Tokgöz, H., 2008. Valproat kullanan epilepsili çocuklarda plazma insulin, leptin, nöropeptid y, ghrelin, adiponektin düzeyleri ve karotid arter intima media

- kalınlığı. Uzmanlık Tezi, Meram Tıp Fakültesi Çocuk Sağlığı ve Hastalıkları Anabilim Dalı, Selçuk Üniversitesi, Konya.
- Trujillo, A.I., Penagaricano, F., Grignola, M.P., Nicolini, P., Casal, A., Espasandin, A.C., Naya, H., Carriquiry, M. and Chilbroste, P., 2012. Using high resolution melting analysis to identify variation of NPY, LEP and IGF-1 genes in Angus cattle. *Livestock Science*, 146, 193-198.
- Udum, C.D., 2009. Kuzularda Farklı Besleme Uygulamalarının Ghrelin ve Büyüme Hormonları Salgılanması Üzerine Etkileri ve Bu Hormonlarla Besi Performansı Arasındaki İlişkiler. Doktora Tezi. Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Uludağ Üniversitesi, Bursa.
- Ukkola, O., Ravussin, E., Jacobson, P., Snyder, E. E., Chagnon, M., Sjöström, L. and Bouchard, C., 2001. Mutations in the preproghrelin/ghrelin gene associated with obesity in humans. *The jour. of clin. End. and metb.*, 86 (8), 3996-3999.
- Ukkola, O., Ravussin, E., Jacobson, P., Pérusse, L., Rankinen, T., Tschöp, M., Heiman, M. L., Leon, A. S., Rao, D. C., Skinner, J. S., Wilmore, J. H., Sjöström, L. and Bouchard, C., 2002. Role of ghrelin polymorphisms in obesity based on three different studies. *Obesity research*, 10 (8), 782-791.
- Vanlı, Y., Kaygısız, A. ve Orhan, H., 2008. Hayvan Islahı ve Genetiği Populasyon, İstatistik ve Biyometrik Genetik sorular ve Çözümler. Genişletilmiş V. Baskı. Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayın No:238, Tekirdağ.
- Vanlı, Y., Özsoy, M.K., Baş, S., Kaygısız, A., 2012. Populasyon ve Biyometrik Genetik. Namık Kemal Üniversitesi Yayın No: 11, Ders Kitabı No:4, Tekirdağ.
- Wojtysiak, D. and Kaczor, U., 2011. Effect of polymorphisms at the ghrelin gene locus on carcass, microstructure and physicochemical properties of longissimus lumborum muscle of Polish Landrace pigs. *Meat Science*, 89, 514-518.
- Woronuk, G. N., Marquess, F. L., James, S. T., Palmer, J., Berryere, T., Deobald, H., Howie, S. and Kononoff, P. J., 2012. Association of leptin genotypes with beef cattle characteristics. *Animal Genetics*, 43, 608-610.
- Yang, D., Chen, H., Wang, X., Tian, Z., Tang, L., Zhang, Z., Lei, C., Zhang, L. and Wang, Y., 2007. Association of Polymorphisms of Leptin Gene with Body Weight and Body Sizes Indexes in Chinese Indigenous Cattle. *Journal of Genetics and Genomics*, 34(5), 400-405.
- Yang, K. X., Ma, J. W., Guo, Y. M., Guo, T. F., Zhao, Y. G., Ding, N. S., and Huang, L. S. 2010. Correlations between fat depot traits and fatty acid composition in abdominal subcutaneous adipose tissue and longissimus muscle: Results from a White Duroc × Erhualian intercross F population. *Journal of animal science*, 88(11), 3538-3545.
- Yaralı, E., 2010. Karya Tipi Koyunlarda Farklı Yetiştirme ve Besi Koşullarında Bazı Et Verim ve Kalite Özellikleri. Doktora Tezi. Fen Bilimleri Enstitüsü, Adnan Menderes Üniversitesi, Aydın.
- Yazıcıtuğ, G., 2011. Türkiye’de bulunan bazı sığır ırklarının olr1 gen polimorfizminin araştırılması. Yüksek lisans Tezi, Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Selçuk Üniversitesi, Konya.
- Yıldız, N., Akbulut, Ö., ve Bircan, H., 2015. İstatistiğe Giriş, Uygulamalı Temel Bilgiler, Çözümlü ve Cevaplı Sorular (11. Baskı). Aktif Yayınevi, Erzurum.

- Yiř, U., Öztürk, Y., ve Büyükgebiz, B., 2005. Ghrelin: enerji metabolizmasının düzenlenmesinde yeni bir hormon. Çocuk Saęlığı ve Hastalıkları Dergisi, 48 (2), 196-201.
- Zhang, A.L., Zhang, L., Zhang, L.Z., Zhang, C.F., Lan, X.Y., Zhang ,C.L., and Chen, H., 2012. Effects of ghrelin gene genotypes on the growth traits in Chinese cattle. Mol. Biol. Rep., 39, 6981–6986.



ÖZGEÇMİŞ

1981 yılında Şanlıurfa'nın Bozova ilçesinde doğdu. İlköğretimini ve Ortaöğretimini Şanlıurfa'da tamamladı. 2000 yılında girdiği Harran Üniversitesi Veteriner Fakültesi'den 2005 yılında mezun oldu. 2005 yılında Harran Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü'de başladığı Yüksek Lisans öğrenimini 2009 yılında tamamladı. 2009 yılında Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootekni Anabilim dalında başladığı doktora eğitimini 2016 yılında bitirdi. 2005-2009 yılları arasında Harran Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü'nde Araştırma görevlisi olarak çalıştı. 2009 yılından beri Bingöl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümünde Araştırma Görevlisi olarak görev yapmaktadır.