



**T. C.
ULUDAĞ ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOOTEKNİ ANABİLİM DALI**

**HOLSTEIN ERKEK DANALARDA KARKAS ÖZELLİKLERİ, ET VERİMİ VE
KALİTESİNİ ETKİLEYEN GENLERİN BELİRLENMESİ VE BU GENLERİN
VERİMLER İLE İLİŞKİSİ**

Sena ARDIÇLI

(DOKTORA TEZİ)

Bursa-2015



T. C.
ULUDAĞ ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI

HOLSTEIN ERKEK DANALARDA KARKAS ÖZELLİKLERİ, ET VERİMİ VE
KALİTESİNİ ETKİLEYEN GENLERİN BELİRLENMESİ VE BU GENLERİN
VERİMLER İLE İLİŞKİSİ

Sena ARDIÇLI

(DOKTORA TEZİ)



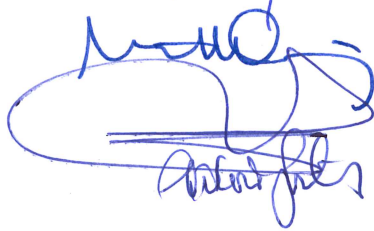
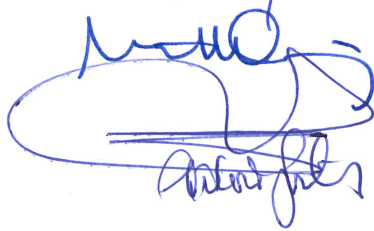
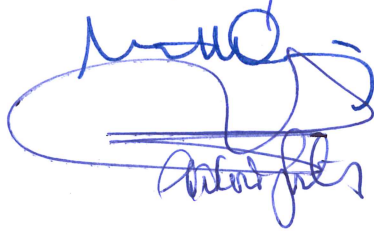
Danışman: Prof. Dr. Faruk BALCI

Bursa-2015

Bu tez, Uludağ Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Komisyon Başkanlığı tarafından UAP(V)-2011/20 numaralı proje ile desteklenmiştir.

SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ'NE

Zootekni Anabilim Dalı Doktora öğrencisi **Sena ARDIÇLI** tarafından hazırlanan "HOLSTEİN ERKEK DANALARDA KARKAS ÖZELLİKLERİ, ET VERİMİ VE KALİTESİNİ ETKİLEYEN GENLERİN BELİRLENMESİ VE BU GENLERİN VERİMLER İLE İLİŞKİSİ" konulu Doktora tezi 17/06/2015 günü, 10:00-12:00 saatleri arasında yapılan tez savunma sınavında jüri tarafından oybirliği/oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

	<u>Adı-Soyadı</u>	<u>İmza</u>
Tez Danışmanı	Prof.Dr. Faruk BALCI	
Üye	Prof.Dr.Okan ERTUĞRUL	
Üye	Prof.Dr. Mustafa OĞAN	
Üye	Prof.Dr. Metin PETEK	
Üye	Doç.Dr.Şükrü GÜRLER	

Bu tez Enstitü Yönetim Kurulu'nun tarih ve sayılı toplantısında alınan numaralı kararı ile kabul edilmiştir.

Prof.Dr. Metin PETEK

Enstitü Müdürü

İÇİNDEKİLER

TÜRKÇE ÖZET	IV
İNGİLİZCE ÖZET	V
GİRİŞ	1
GENEL BİLGİLER	7
Türkiye’deki Sığır Varlığı ve Et Üretiminin Güncel Durumu	7
Holstein Irkı	13
Kesim İşlemi	14
Etin Tanımı ve Bileşimi	15
Etin Beslenmedeki Önemi	16
Ette Kesim Sonrası Görülen Değişiklikler ve Et Kalitesine Etkileri	17
Gen Tanımı ve Moleküler Özellikleri	22
Genom Haritalama ve Populasyon Genetiği Kavramı	23
Et Endüstrisinde Moleküler Çalışmalar	25
Kantitatif Karakter Lokusları ve SNP Kavramı	30
Polimeraz Zincir Reaksiyonu	33
PCR Temel Bileşenleri	33
PCR’ın Temel Çalışma Prensipleri ve İşleyişi	35
PCR Sonuçlarının Değerlendirilmesi ve Elektroforez Yöntemi	36
Restriksiyon Parçacık Uzunluğu Polimorfizmi	36
İncelenen Gen ve Polimorfizmlere Ait Bilgiler	37
CAPN1 Geni	37
CAPN1 Geni G316A ve V530I Polimorfizmleri	38
CAST Geni	43
CAST- S20T Polimorfizmi	44
LEP Geni	46
LEP- A80V Polimorfizmi	48
GHR Geni	50
GHR- S555G Polimorfizmi	53
GEREÇ ve YÖNTEM	55
Etik Kurul İzin Belgesi	55
Hayvan Materyali	55
Kan Örnekleri	55
Et Örnekleri	56
Çalışmada Kullanılan Cihazlar	56
Çalışmada Kullanılan Kimyasallar ve Sarf Malzemeler	57
Kullanılan Solüsyon ve Tamponların Hazırlanması	59
% 2’lik Agaroz Jelin Hazırlanması	61
% 3’lük Agaroz Jelin Hazırlanması	61
Periferik Kandan DNA İzolasyonu	62
CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin PCR Koşulları	63
CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin BtgI Restriksiyon Enzim Kesimi	64
CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin PCR Koşulları	64

CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin AvalI Restriksiyon Enzim Kesimi	65
CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin PCR Koşulları	66
CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin AluI Restriksiyon Enzim Kesimi	67
LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin PCR Koşulları	68
LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin HphI Restriksiyon Enzim Kesimi	69
GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin PCR Koşulları	69
GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin AluI Restriksiyon Enzim Kesimi	70
Kesim ve Karkas Özelliklerinin Belirlenmesi	71
İstatistiksel Analizler	77
BULGULAR	80
PCR-RFLP Metodu ile Belirlenen Polimorfizimler	80
CAPN1- G316A Polimorfizmi	80
CAPN1- V530I Polimorfizmi	81
CAST- S20T Polimorfizmi	82
LEP- A80V Polimorfizmi	83
GHR- S555G Polimorfizmi	84
Genotip ve Allel Frekansları	86
Fenotipik Verilerin Değerlendirilmesi	88
Canlı Ağırlık	88
Sıcak Karkas	89
Soğuk Karkas	90
Karkas Randımanı	92
Kabuk Yağı Kalınlığı	93
MLD Alanı	95
Mermerleşme Derecesi	96
pH	97
Karkas Uzunluğu	99
But Uzunluğu	100
But Çevresi	101
Göğüs Çevresi	104
İç Göğüs Derinliği	105
L* Değeri	106
a* Değeri	107
b* Değeri	108
Tekstür Analizi	110
Pişirme Kaybı	112
Su Tutma Kapasitesi	113
TARTIŞMA ve SONUÇ	114
Genotip ve Allel Frekansları	114
Fenotipik Özellikler	124
Canlı Ağırlık	124
Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıkları	129
Karkas Randımanı	133
Kabuk Yağı Kalınlığı	136
MLD Alanı	139
Mermerleşme Derecesi	142
pH	146

Karkas Uzunluđu	149
But Uzunluđu	151
But Çevresi	153
Göğüs Çevresi	156
İç Göğüs Derinliđi	157
L* Deđeri	159
a* Deđeri	162
b* Deđeri	165
Tekstür Analizi	167
Piřirme Kaybı	172
Su Tutma Kapasitesi	175
Sonuç	177
EKLER	181
Varyans analizi tabloları	181
Simge ve Kısaltmalar Dizini	191
KAYNAKLAR	193
TEŐEKKÜR	209
ÖZGEÇMİŐ	210

ÖZET

Bu çalışma, Holstein ırkı erkek sığırlarda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST-S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin frekanslarının belirlenmesi ve bu polimorfizmlerin bireysel ve/veya ikili interaksiyonlarının canlı ağırlık, karkas özellikleri ve et kalitesi özelliklerine etkilerinin ortaya konulması amacıyla yapılmıştır.

Çalışmada 14-21 aylık yaşlarda kesilen 400 baş Holstein ırkı erkek dana kullanılmıştır. Alınan kan örneklerinden PCR-RFLP yöntemi ile genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir. Canlı ağırlık, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları, karkas randımanı, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı, mermerleşme derecesi, pH, et rengi ve karkas ölçüleri kaydedilmiştir. Rastgele örnekleme metodu ile seçilen 50 hayvanda et kalitesi parametreleri incelenmiştir.

CAPN1- G316A polimorfizminin; canlı ağırlık, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları ($p<0,001$), karkas randımanı, kabuk yağı kalınlığı, iç göğüs derinliği, but uzunluğu ($p<0,05$), MLD alanı, karkas uzunluğu, but çevresi ve et tekstürü özelliklerini ($p<0,01$); CAPN1- V530I polimorfizminin ise L^* değeri ve pişirme kaybı ($p<0,05$) ile tekstür özelliğini ($p<0,001$) etkilediği belirlenmiştir. CAST- S20T polimorfizminin; canlı ağırlık, iç göğüs derinliği ve b^* değeri üzerinde etkilidir ($p<0,05$). GHR- S555G polimorfizmi; pH, a^* değeri ve pişirme kaybı değerlerini etkilemiştir ($p<0,01$). LEP- A80V polimorfizmi ile incelenen özellikler arasında istatistiksel düzeyde ilişki gözlenmemiştir. CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonu karkas randımanını; CAPN1- V530I x GHR- S555G ve LEP- A80V x GHR- S555G interaksiyonları pH değerini; CAPN1- G316A x CAPN1- V530I ile CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonlarının ise but çevresini istatistiki düzeyde etkilediği belirlenmiştir ($p<0,01$).

Bu çalışmada etkileri belirlenen polimorfizmlerin et verimi ve kalitesinin ıslahında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Anahtar kelimeler: Polimorfizm, PCR-RFLP, Karkas özellikleri, Et kalitesi, Holstein

SUMMARY

ASSESSMENT OF THE GENES THAT AFFECT CARCASS CHARACTERISTICS, MEAT YIELD AND QUALITY AND THE ASSOCIATION OF THE GENES WITH YIELDS IN HOLSTEIN BULLS

The aim of this study was to investigate the bovine CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V and GHR- S555G polymorphisms frequencies and to identify individual and/or interaction effects of these polymorphisms on the live weight, carcass characteristics and meat quality of Holstein bulls.

In this study 400 Holstein bulls slaughtered at age 14-21 months were used. PCR-RFLP method was carried out from blood samples for genotyping. Live weight, hot and chilled carcass weight, dressing percentage, back fat thickness, MLD area, marbling score, pH, meat color and carcass measurements. Meat quality parameters were determined from 50 bulls that was randomly selected.

CAPN1- G316A polymorphism significantly affected live weight, hot and chilled carcass weight, dressing percentage, back fat thickness, inner chest depth, rump height ($p < 0.05$), MLD area, carcass length, rump width and meat texture ($p < 0.01$); CAPN1- V530I polymorphism significantly affected L^* value and cooking loss ($p < 0.05$) and meat texture ($p < 0.001$). CAST- S20T polymorphism was significantly associated with live weight, inner chest depth and b^* value ($p < 0.05$). GHR- S555G polymorphism was significantly affected pH, a^* value and cooking loss ($p < 0.01$). CAST- S20T x LEP- A80V interaction was significantly associated with dressing percentage; CAPN1- V530I x GHR- S555G and LEP- A80V x GHR- S555G interactions were significantly associated with pH and CAPN1- G316A x CAPN1- V530I and CAPN1- V530I x CAST- S20T interactions were significantly associated with rump width ($p < 0.01$).

Consequently, the polymorphism effects that were inspected may be used for selection programmes.

Keywords: Polymorphism, PCR-RFLP, Carcass characteristics, Meat quality, Holstein

GİRİŞ

Türkiye’de et sanayisi, ekonomik açıdan oldukça büyük bir öneme sahiptir ve gün geçtikçe yeni açılan kuruluşlar ve mevcut girişimcilerin bu yöndeki yatırımlarıyla genişlemektedir. Moleküler düzeyde yapılan çalışmaların, et verimi ve kalitesi konularında yararları birçok ülkede ortaya konulmuş olup, ülkemizde ise yetersiz kalmıştır. Klasik seleksiyon metodlarıyla kesim sonrası saptanabilen özelliklerin belirlenmesi, hem uzun süre gerektirmekte hem de ekonomik açıdan kayıplara yol açabilmektedir. Bu nedenle moleküler genetik çalışmalar, birçok özelliğin hayvan daha canlıyken ortaya konulabilmesine ve bu verilerin erken seleksiyonda kullanılabilmesine olanak sağlamaktadır (1). Gelişmiş ülkeler moleküler genetikteki ilerlemelerden hayvan ıslahında yararlanmakta ve bu alanda büyük yatırımlar yapmaktadır. Bu ülkeler çalışmaları, bakanlık, üniversite, özel sektör ve yetiştirici birlikleri ile ortaklaşa gerçekleştirmektedirler. Bu amacın gerçekleşmesi için ellerinde bulunan çiftlik hayvanlarının genetik karakterlerini ortaya koymakta, geliştirilen ürünlerin patentlerini almakta ve bu genlerin korunmasına yardımcı olmaktadır.

Yeterli olgunluğa ulaşmış sağlıklı hayvanlardan uygun teknikler kullanılarak elde edilen yenilebilir hayvansal gıdaya et adı verilmektedir. Et, yüksek biyolojik değeri, doyuruculuğu ve içerdiği proteinler açısından beslenmede çok önemli bir yere sahiptir (2). Dünya nüfusunun hızla artması ve kentlerde yoğunlaşması sonucu, et üretimi dünyanın önde gelen sanayileri arasına girmiştir. Günümüz et endüstrisinde hem et veriminin artırılması hem de daha kaliteli et ve et ürünlerinin elde edilmesi amaçlanmaktadır. Türkiye’de son yıllarda kişi başına düşen milli gelirin artmasına bağlı olarak sığır etine olan talep de giderek artmıştır. Hayvan sayısındaki artışa rağmen et sektöründeki organizasyon ve uygulamalardaki eksiklikler, et arzının talebi karşılayamaması ve dolayısıyla et fiyatlarının artmasına yol açmıştır. Bu durumda birim hayvandan elde edilen et miktarının artırılarak, et talebinin dışalım ile karşılanması yerine milli kaynaklardan sağlanması politikaları ön plana çıkmıştır. Öte yandan son yıllarda moleküler genetik alanındaki gelişmeler, hayvancılığı ileri ülkelerde işaretleyici yardımcı ile seleksiyon alanında önemli gelişmelere yol açmıştır. Birçok ülke, ellerinde bulunan genetik kaynakların, genetik yapılarını ortaya çıkarmakta, verimleri etkileyen genleri belirlemekte ve bu genlerden yararlanarak ıslah çalışmalarına hız vermektedir. Ülkemiz ise bu alanda oldukça geç kalmış, laboratuvar, sarf malzemesi ve yetişmiş insan kaynaklarındaki sorunları

çözmede yeterince başarılı olamamıştır. Bu tür uygulamalar ülkemiz için artık kaçınılmaz hale gelmiştir.

Birim hayvandan elde edilen et verimini artırmak için başvurulan seleksiyon yöntemlerinin etkinliği, çevre şartlarından dolayı düşüktür. Son yıllarda, özellikle moleküler genetik alanında gelişen biyoteknolojilere paralel olarak, moleküler düzeyde daha ayrıntılı araştırmalar yapabilme imkanı, yeni yöntemlerin geliştirilmesine ve kullanılabilirliğinin artmasına olanak sağlamıştır. Sığır eti üretiminde; et veriminin yanı sıra, önem kazanan bir diğer unsur da karkas ve et kalitesidir. Değişik populasyonlarda moleküler düzeyde yapılan çalışmalar, et kalitesinin artırılmasında beslenme özelliklerinin yanı sıra genotip kaynaklı unsurların da etkisinin önemli olduğunu ortaya koymuştur. Sığır eti tüketicileri giderek artan bir şekilde yüksek ve istikrarlı bir et kalitesi aramaktadırlar. Bunun sonucunda et endüstrisi, kalite özelliklerini kontrol amacıyla araştırmalarda kalite özelliklerini tanımlamayı, kas biyolojilerini ve genotipik özellikleri anlamayı hedeflemektedir. Sığır etinde, et ve yağ rengi, mermerleşme derecesi, tekstür, duysal ölçütler önemli kalite özellikleri olarak kabul edilmektedir. Moleküler düzeyde yapılan çalışmalar, genetik yapının, et verimi ve kalitesi konusunda çok önemli olduğunu ortaya koymuştur. Bu sayede et kalitesi gibi genellikle kesim sonrası saptanabilen özelliklerin önceden belirlenmesine ve mevcut potansiyelin ortaya konulmasına da imkan sağlamıştır. Son yıllarda büyüme oranı, karkas ağırlığı, yağsız et verimi, mozaik yağ dağılımı ve tekstür gibi özelliklerle ilişkilendirilen birçok gen belirlenmiştir (3-5). Et üretimine ilişkin özelliklerin geliştirilmesinde geleneksel yöntem, fenotipik verilerin istatistiksel analizlerinin yapılması esasına dayanmaktadır. Bu seleksiyon metodu, yüksek kalıtıma sahip özellikler için etkilidir. Ancak et endüstrisinde özellikle de kaliteye ilişkin veriler genellikle kesim sonrası elde edilmektedir. Bu nedenle bu özelliklerin analizinin önceden yapılması zordur. Genetik işaretleyici destekli seleksiyon ise bu özellikler için genetik ilerlemede çok yüksek bir potansiyele sahiptir (6).

Kasaplık hayvanların kesilerek baş, ayaklar (ön bacaklar *articulatio carpi*, arka bacaklar da *articulatio tarsi*'den), deri, kuyruk (4. kuyruk omurundan kesilir), bütün iç organlar (göğüs, karın ve pelvis boşluğunda bulunan iç organlar) ayrıldıktan sonra geriye kalan bütün gövdeye karkas denir. Bazı ülkelerde böbrek ve böbrek yağları karkasa dahil edilmekte birlikte Türkiye'de karkasa dahil edilmemektedir (7). Kesimi takiben karkası oluşturan kasların ete dönüşüm olayı postmortem değişiklikler adı verilen biyokimyasal ve

fiziksel deęişikliklerin tamamını kapsayan karmaşık bir süreçte gerçekleşmekte ve bu süreci kapsayan yönetim ve organizasyon sağlıklı ve kaliteli et üretiminde büyük önem taşımaktadır. Hayvanların uygun koşullarda kesim işleminin gerçekleştięi durumlarda rigor mortis normal şekilde oluşur ve et kalitesinde optimum düzeyler yakalanabilir. Kesim öncesi yüksek düzeyde stres yaşayan hayvanlarda pH'nın yükselmesine ve et kalitesinde arzu edilmeyen durumların ortaya çıkmasına neden olmaktadır. Bu durumların elimine edilmesinde uygulanan bazı uygulamalar bulunmaktadır. Bunlardan birisi kesim öncesinde hayvanlara uygulanan bayıltma işlemidir. Hayvan refahı açısından birçok ülkede zorunlu kılınan bayıltma işleminin aynı zamanda kesim öncesi oluşan stresi engelleyerek kaslardaki glikojen rezervlerini düşürmek ve ölüm sertliğinin (rigor mortis) daha iyi şekillenmesi yoluyla et kalitesini arttırdığı da bildirilmektedir (8). Et kalitesini arttırmak amacıyla yapılan bir dięer işlem de karkaslara doğrusal akım ile uygulanan elektrik stimülasyonudur. Bu işlem ile rigor mortis öncesinde meydana gelen doğal süreç hızlandırılarak etteki renk, tekstür ve lezzet gibi kalite özelliklerinin iyileştirilmesi amaçlanmaktadır (9). Ayrıca elektrik stimülasyonunun mikrobiyal yükü azaltarak sağlıklı et üretimine de katkısı olduğu bildirilmektedir (10). Kaslarda meydana gelen postmortem deęişikliklerin en önemlilerinden birisi pH değerleridir. Kesimden hemen sonra etin normal pH değeri 7,0-7,3 değerlerinde görülürken ilerleyen süreçte enzimatik faaliyetlerin etkisiyle 5,5 ve altına düşmesi beklenmektedir. Bu deęişimler normal koşullarda kesimi gerçekleştiren sığırlarda 18-40 saat arasında görülmektedir. Kesim öncesi yeterince dinlendirilmemiş ve hasta hayvanlarda ise arzu edilen pH değerlerine ulaşamaz (11, 12). Normal koşullarda gerçekleşmeyen pH deęişimleri etlerde gevreklik, su tutma kapasitesi ve renk gibi kalite özelliklerinin düşmesine ve tüketiciler tarafından tercih edilmeyen üretimlerin oluşmasına neden olarak ciddi ekonomik kayıplara yol açmaktadır (12). Bununla birlikte etlerin uygun depolama koşulları ile birlikte optimum olgunlaşma evresine ulaşmaması sektörde karşılaşılan sorunların büyük bir nedeni olarak değerlendirilmektedir. Optimum olgunlaşma sığır kaslarında 10-15 günde gerçekleşmektedir (7). Kesim işlemini takiben etlerin oksijen ile temasının uygun koşullarda sağlanması gerekmektedir. Bu durum etlerde istenmeyen bir pigment olan metmyoglobin yerine oksimyoglobin oluşumunu ve hedeflenen et rengi değerlerine ulaşılmasını sağlamaktadır. Bununla birlikte kesime sevk edilen hayvanların ırkı, yaşı ve beslenme özellikleri gibi çevresel faktörler de et verimi ve kalitesinde belirleyici etkenler olarak değerlendirilmektedir (13).

'BovMap' olarak da bilinen sığır genom haritası projesi ile sığır genomunun anlaşılmasına yönelik birçok gelişmeler sağlanmıştır. Genetik işaretleyiciler ve mikrosatellit uygulamaları da özellikle kantitatif özelliklerin belirlenmesine olanak sağlamıştır. Et verimi ve kalitesinin belirlenmesinde de günümüzde moleküler çalışmalardan giderek artan düzeyde faydalanılmaktadır (1). Et verimi ve kalitesi gibi farklı ırklarda ve aynı ırkın farklı bireyleri arasında çok değişiklik gösteren kantitatif özelliklerin belirlenmesinde doğru seleksiyon modellerinin belirlenmesi ve bu modellerin moleküler çalışmalarla desteklenmesi daha da büyük önem kazanmaktadır. Bu amaçla fenotipik verilere istatistiksel düzeyde anlamlı etkileri bulunan birçok gen polimorfizmi belirlenmiştir. Bu genlerden birisi olan Calpain 1 (CAPN1), mikromolar kalsiyum-aktif nötral proteaz geni olarak bilinir ve postmortem koşullarda myofibrillar proteinleri indirgeyen sistin proteaz yani μ -calpain' i indirger (14). Kesim sonrası süreçte önemli derecede rol oynamaktadır. μ -calpain aktivasyonunun regülasyonu, et gevrekliği ile ilişkilendirilmiştir (15). Sığır CAPN1 geni, BTA29 (Bovine chromosome-Sığır kromozomu)' un telomerik ucunda haritalanmıştır (16). CAPN1 geni ekzon 9'da yer alan G316A ve ekzon 14'te yer alan V530I polimorfizmleri et verimi ve kalitesinde potansiyeli yüksek güçlü markırlar olarak bildirilmektedir (4, 14, 17-20). Calpastatin geni (CAST) ise calpainlerin spesifik bir inhibitörüdür. Calpain sistemi, myoblast migrasyonu ve füzyonu, protein dönüşümü ve kas gelişimi regülasyonunu kapsamaktadır. CAST, çiftlik hayvanlarında karkas özellikleri ve büyüme kontrolü konusunda oldukça etkili bir genidir (4, 21-23). CAST geninde ekzon 1C/1D ve kodlayan sekans pozisyonu 61'de yer alan S20T polimorfizminin et kalitesi özelliklerinde etkili olduğu bildirilmektedir (22). Leptin geni (LEP), enerji metabolizmasının düzenlenmesinde büyük rol oynar ve hipotalamustaki Ob-Rb reseptörlerini stimüle eder. Leptinin sentezi ve ekspresyonu adipoz doku ile ilişkilendirilmiştir (24). Obezite geni (OB) olarak da bilinen leptinin, iştahın düzenlenmesi, enerji kullanımı ve büyüme oranı gibi konularda önemli bir rol oynadığı tanımlanmıştır (25). Ekzon 3 pozisyon 239'da yer alan A80V polimorfizminin et verimi ve kalitesi ile süt verimi özelliklerinde etkili olduğu bildirilmektedir (26, 27). Büyüme hormonu reseptör geni (Growth Hormone Receptor Gene: GHR), sığır kromozomu 20'de bulunan, büyüme oranı ve metabolizması konularında önemli rol oynadığı için et sığırcılığında karkas özellikleri bakımından belirleyici özellikte bir gen olduğu bildirilmiştir (28, 29). Ekzon 10'da yer alan S555G polimorfizminin süt yağ kompozisyonu ve et kalitesine etkileri bulunmaktadır (30-32).

Bu tez çalışmasında Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen kültür ırklarından biri olan Holstein ırkı erkek danalarda; et verimi ve kalitesini etkileyen önemli genlerden olan CAPN1, CAST, LEP ve GHR genlerinin G316A, V530I, S20T, A80V ve S555G polimorfizmleri ve ikili interaksiyonlarının kas ve yağ metabolizmasındaki rolleri ve bunun ışığında et verimi ve kalitesi üzerine etkilerinin incelenmesi hedeflenmiştir. TÜBİTAK tarafından hazırlanan VİZYON 2023 “Ulusal Bilim ve Teknoloji Politikaları 2003-2023 Strateji Belgesi”nde konunun önemi “ekonomik önemi olan, ırklara ve türlere özel karakterleri kontrol eden genlerin moleküler düzeyde belirlenmesi, moleküler ıslah yöntemlerinin kullanılması ve bu alanda çalışan insan kaynaklarının geliştirilmesi ve desteklenmesi” olarak belirtilmiştir (33).

Çiftlik hayvanlarında verim özelliklerini determine eden genlerin tanımlanması ve bu verilerin seleksiyonda kullanılabilmesi üzerine çalışmalar son yıllarda büyük önem kazanmıştır. Bu amaçla yurtdışında özellikle gelişmiş ülkelerde çok sayıda çalışmalar yapılmakta ve desteklenmektedir. Et verimi ve kalitesini etkileyen özelliklerin genetik anlamda incelenmesi, ekonomik önemi olan ırklara özel karakterleri kontrol eden genlerin moleküler düzeyde belirlenmesi ve moleküler ıslah yöntemlerinin kullanılması özellikle kesim sonrası tespit edilebilen özelliklerin ortaya konulmasında büyük önem taşımaktadır.

Et verimi ve kalitesinin artırılması; yetiştiricilere daha karlı bir besicilik yapma şansı verecek ve aynı zamanda etkileri belirlenen genlerin damızlık sürülerde frekanslarının artırılması ile her generasyonda genetik ilerlemelerin kesin bir şekilde sağlanmasına yardımcı olacaktır. Türkiye’de sığır besiciliği yapan işletmeler daha çok sütçü ve kombine verimli ırklar ile bunların yerli ırklardan elde edilmiş melezlerini besiye almakta; etçi ırklardan daha az yararlanmaktadırlar. Holstein, sütçü bir kültür ırkı olarak yetiştirilmekle birlikte bu ırkın erkek danaları ve sürü dışı edilen dişileri en önemli besi materyali olarak ilgi çekmektedir. Biyoteknolojik çalışmalara paralel olarak bu ırkın besi potansiyelinin moleküler düzeyde ele alınması, Türkiye et sektöründeki açıklar göz önüne alındığında son derece önemli bir ihtiyaç haline gelmiştir. Major etkili genlerin bireysel ve birbirleriyle olan interaksiyonlarının, erken seleksiyonda kullanılabilmesi ve bu verilerin popülasyon genetiği ile ilişkilendirilmesi ırklarda bulunan genetik potansiyellerin ortaya konulup, hem randıman hem de kalite yönleriyle belirlenmesine olanak sağlayacaktır.

Bu çalışma; Türkiye'nin en yaygın yetiştirilen kültür ırkı olan Holstein erkek danaların et verimi, karkas özellikleri ve karkas kalitesi üzerine etkileri bildirilen CAPN1-G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin etkilerini belirlemek amacı ile yapılmıştır. Ayrıca, et verimi ve kalitesi arasındaki ilişkiler belirlenmeye çalışılmıştır. Bu çalışmadan elde edilen bilgilerin daha geniş sığır popülasyonlarında doğrulanması ve geliştirilmesi kar-zarar ve pazarlama dinamikleri açısından büyük önem taşımaktadır. Aynı zamanda elde edilen sonuçlara göre, etkisi önemli bulunan genlerin damızlık sürülerde frekanslarının hesaplanarak bu genleri taşıyan bireylerin işaretlenmesine olanak sağlayacaktır. Damızlık sürülerde uygulanan seleksiyon programlarında bu genlerin varlığı önemli bir kriter olarak seleksiyon indeksine yansıtılarak belirlenen genlerin frekanslarının artırılmasına imkan sağlayacaktır. Saf yetiştirme veya melezlemelerde bu genleri taşıyan babalara öncelik verilecektir. Ayrıca CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin süt verimi ve kompozisyonuna olumlu etkilerinin bulunduğu bildirilmektedir (26, 34-37). Kantitatif özelliklerdeki moleküler düzeyde önemli interaksiyonların ve pozitif korelasyonların saptanması en yüksek düzeyde verim elde edilmesine olanak sağlayacaktır. Elde edilen sonuçlar aynı zamanda erken dönemde sığırların seçilebilmesine, yüksek düzeyde ve kaliteli et üretimine katkıda bulunacaktır.

GENEL BİLGİLER

Türkiye’ de kırmızı et sektöründe önemli bir yere sahip olan Holstein ırkında, CAPN1-G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin et verimi ve kalitesine etkilerinin moleküler düzeyde ortaya konulması amacıyla gerçekleştirilen ‘Holstein Erkek Danalarda Karkas Özellikleri, Et Verimi ve Kalitesini Etkileyen Genlerin Belirlenmesi ve Bu Genlerin Verimler ile İlişkisi’ adlı araştırmaya ait genel bilgiler aşağıda sunulmuştur.

Türkiye’deki Sığır Varlığı ve Et Üretiminin Güncel Durumu

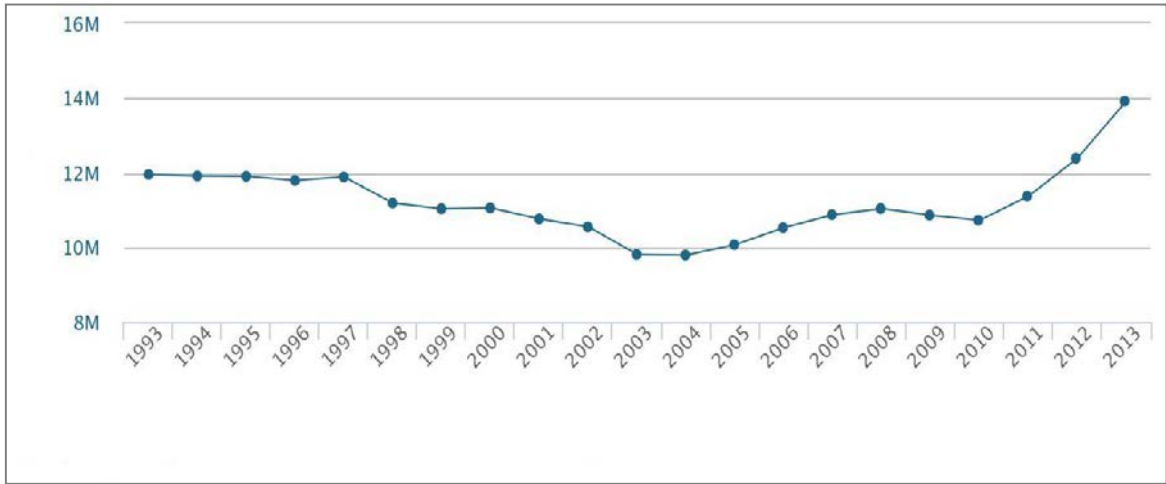
Türkiye, hayvan varlığı bakımından dünyanın sayılı ülkeleri arasında yer almasına rağmen, et ve süt üretimi bakımından gelişmiş ülkelerin oldukça gerisinde kalmıştır. Hayvan başına elde edilen üretimi yükseltmek amacıyla Cumhuriyet’in ilk yıllarından beri hayvan ıslahı çalışmalarına yönelme olmuş ancak istenilen düzeye ulaşılamamıştır. Ayrıca Türkiye’de işletme başına düşen hayvan sayısı düşük olmakla birlikte bunların birçoğu pazara yönelik üretim konusunda başarı sağlayamamaktadır. Son yıllarda tavukçuluk sektöründe gelişmelere paralel olarak beyaz et üretiminde büyük ilerleme kaydedilmiş ve gelişmiş ülkeler düzeyine yaklaşılmıştır. Ancak söz konusu başarılar kırmızı et üretiminde sağlanamamış ve üretim-tüketim dengesindeki açık hayvan ithalatı ve damızlık hayvanların et materyali olarak kullanılması gibi olumsuz durumlara yol açmıştır. Bununla birlikte et üretimini artırmayı hedefleyen ulusal projelerde yerli ırkların verim performanslarının belirlenmesini takiben Esmer x Boz ırk, Esmer x Doğu Anadolu Kırmızısı, Simmental x Doğu Anadolu Kırmızısı, Jersey x Yerli Kara ve Güney Anadolu Kırmızısı x Holstein melezlerinin verim performansını belirlemek ve kırmızı et sektöründe kullanım alanlarının incelenmesini sağlayan birçok çalışma gerçekleştirilmiştir (38). Ayrıca ithal edilen saf kültür ırklarının ve melezlerinin Türkiye şartlarında gösterdikleri besi performansı belirlenerek kırmızı et üretimindeki potansiyelleri ortaya konulmaya çalışılmıştır. Genotipin daha yüksek et verimi elde edilmesi amacıyla geliştirilmesine yönelik çalışmaların yanı sıra hayvan besleme ve sürü yönetimi tekniklerindeki gelişmelerin bir sonucu olarak 1963 yılında 70 kg olan karkas ağırlığı ortalaması; 2003 yılında 173 kg’a yükselmiştir. Sığır eti üretimi de artış göstermiş ve 359.000 tona yükselmiştir (38). 2014 yılı verileri incelendiğinde ise sığır eti üretiminin 881.999 tona ulaşmasına rağmen

nüfus ve kişi başına düşen gelir seviyesindeki artışlar kırmızı ete olan talebi büyük ölçüde artırmış ve pazarda açıklar oluşmasına neden olmuştur. Miktar ve çeşit olarak oldukça artış gösteren hayvancılık destekleri ve yürütülen melezleme çalışmalarının da et sektöründe istenilen düzeye ulaşılmasında yetersiz kaldığı görülmektedir. Bu nedenle birim hayvandan elde edilen et miktarının artırılabilmesi için hayvan ıslahı çalışmalarının yapılması ve başarılı seleksiyon programlarının uygulanması gerekmektedir. Gelişmiş ülkelerde bu programların moleküler çalışmalarla desteklendiği ve amaca yönelik üretimin gerçekleştirildiği görülmektedir. Türkiye sığır varlığı bakımından yüksek bir potansiyele sahiptir. Son yıllarda yerli sığır ırklarının sayısının azalmasına rağmen kültür ırkı ve melezlerindeki artışla birlikte toplam sığır varlığının 14 milyon baş düzeyine yükseldiği görülmektedir (Tablo-1). 2014 verilerine göre Türkiye'nin 6.139.810 baş kültür ırkı, 6.005.089 baş kültür melezi ve 1.977.948 baş yerli ırk olmak üzere 14.122.126 baş sığır varlığına sahip olduğu bildirilmektedir (39). 2008 yılında 11.036.753 başa yükselen sığır varlığı 2009 ve 2010 yıllarında sırasıyla 10.859.942 ve 10.723.958 başa gerilemiş ancak 2011 yılından itibaren yeniden hızlı bir şekilde yükselişe geçmiştir (40). Bu yükselişte hayvan ithalatının payı büyüktür.

Türkiye'de sığır varlığının 1997-2003 yılları arasında belirgin şekilde düşüş yaşadığı ve 2004-2008 yılları arasında tekrar yükselişe geçtiği görülmektedir. Ancak 2009 ve 2010 yıllarında görülen düşüşün ardından, 2011 yılından itibaren kültür ırkı sığır ve melezlerindeki artış ile birlikte toplam sığır varlığının da 2.752.326 baş arttığı gözlenmektedir (Şekil-1).

Tablo-1. Türkiye’de 1991-2014 yılları arasında kültür, kültür melezi ve yerli ırklar olmak üzere sığır varlığı (39)

Yıl	Kültür Sığır Irkları	Kültür Melezi	Yerli Irklar
1991	1.253.865	4.033.375	6.685.683
1992	1.337.410	4.131.507	6.481.990
1993	1.442.000	4.342.000	6.126.000
1994	1.512.000	4.543.000	5.846.000
1995	1.702.000	4.776.000	5.311.000
1996	1.795.000	4.909.000	5.182.000
1997	1.715.000	4.690.000	4.780.000
1998	1.733.000	4.695.000	4.603.000
1999	1.782.000	4.826.000	4.446.000
2000	1.806.000	4.738.000	4.217.000
2001	1.854.000	4.620.000	4.074.000
2002	1.859.786	4.357.549	3.586.163
2003	1.940.506	4.284.890	3.562.706
2004	2.109.393	4.395.090	3.564.863
2005	2.354.957	4.537.998	3.633.485
2006	2.771.818	4.694.197	3.405.349
2007	3.295.678	4.465.350	3.275.725
2008	3.554.585	4.454.647	2.850.710
2009	3.723.583	4.406.041	2.594.334
2010	4.197.890	4.707.188	2.464.722
2011	4.836.547	5.120.621	2.429.169
2012	5.679.484	5.776.028	2.459.400
2013	5.954.333	6.112.437	2.348.487
2014	6.139.810	6.005.089	1.977.948



Şekil-1. Türkiye’de toplam sığır varlığının yıllara göre değişimi M: milyon baş (40)

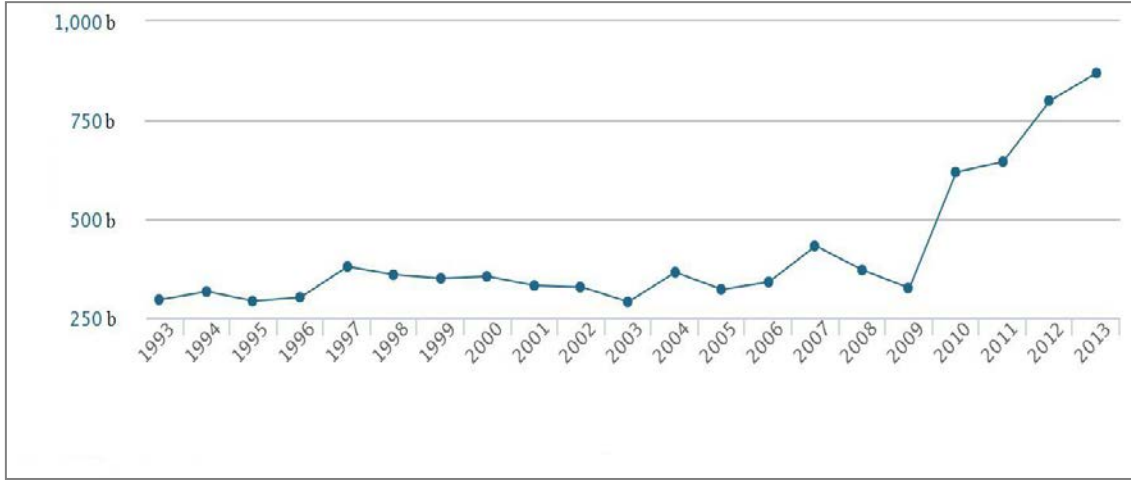
Türkiye'nin sahip olduğu toplam sığır varlığı incelendiğinde populasyonun büyük bir kısmını kültür sığır ırkları ve melezlerinin oluşturduğu dikkati çekmektedir. 2000 yılında 4.217.000 baş olan yerli sığır ırkı sayısı 2014 yılında 1.977.948 başa gerilemiş buna karşın 6.544.000 baş olan kültür ırkı sığır ırkları ve melezlerinin sayısı ise 12.144.899 başa yükselmiştir. Bununla birlikte saf kültür ırklarının sayısının melezlerine oranla daha hızlı bir şekilde arttığı görülmektedir. 2000-2014 yılları arasında kültür ırkı sığırlarının sayısı 4.333.810 baş artarken melezlerin sayısı ise aynı yıllar arasında yalnızca 1.267.089 baş artış göstermiştir (39). Bu bilgiler Türkiye'de son yıllarda kültür ırklarının saf olarak yetiştirilme eğiliminde olduğunu ve melezleme yöntemlerinin daha az tercih edildiğini açıkça göstermektedir. Bu kültür ırkları ve melezlerinin ise erkek danaları ve sürü dışı edilmiş inekleri Türkiye'de önemli bir et üretim kaynağı olarak dikkate değerdir. Kültür ırkları arasında en yoğun olarak yetiştirilen ırk ise Holstein'dir. 2015 verilerine göre Türkiye'de saf olarak yetiştirilen toplam Holstein sayısı 5.430.780 başa ulaşmıştır. Holstein melezlerinin ise sayısı 855.668 başa yükselmiştir. Holstein ırkını Simmental ve Esmer ırkları takip etmektedir (41). Bu veriler Holstein ırkının erkekleri ve ayıklama yoluyla sürü dışı edilen inekleri göz önüne alındığında Türkiye'de et sektöründe ne kadar büyük bir payı olduğunu göstermektedir. Bu nedenle Holstein ırkında et verimi ve kalitesinin artırılmasına yönelik çalışmaların önemi giderek artmaktadır. Japonya, Kore ve birçok Avrupa ülkesinde Holstein ırkı benzer şekilde önemli bir et materyali olarak değerlendirilmekte ve bu ırktaki et verimi ve kalitesi konusundaki moleküler çalışmaların yoğunluğunun gün geçtikçe arttığı dikkati çekmektedir. Ayrıca saf olarak yetiştirilen Holstein ırkının ve melezlerinin yerli ırklar ve Jersey gibi diğer sütçü ırklardan daha yüksek besi performansına sahip olduğu bildirilmektedir. Bu nedenle Türkiye'de et üretiminin artırılması için kültür ırkı sığırlardan yararlanma olanağı göz önünde bulundurulmalıdır (38, 42).

Tablo-2. Türkiye’de 1991-2014 yılları arasında kesilen sığır sayısı/et üretim miktarı (39)

Yıl	Kesilen Sığır Sayısı (baş)	Et Üretim Miktarı (ton)
1991	2.162.860	309.563
1992	2.064.982	300.652
1993	2.085.350	296.066
1994	2.249.483	316.654
1995	1.820.770	292.447
1996	1.816.000	301.828
1997	2.382.346	379.541
1998	2.200.475	359.273
1999	2.006.758	349.681
2000	2.101.583	354.636
2001	1.843.320	331.589
2002	1.774.107	327.629
2003	1.591.045	290.455
2004	1.856.549	364.999
2005	1.630.471	321.681
2006	1.750.997	340.705
2007	2.003.991	431.963
2008	1.736.107	370.619
2009	1.502.073	325.286
2010	2.602.246	618.584
2011	2.571.765	644.906
2012	2.791.034	799.344
2013	3.430.723	869.292
2014	3.712.281	881.999

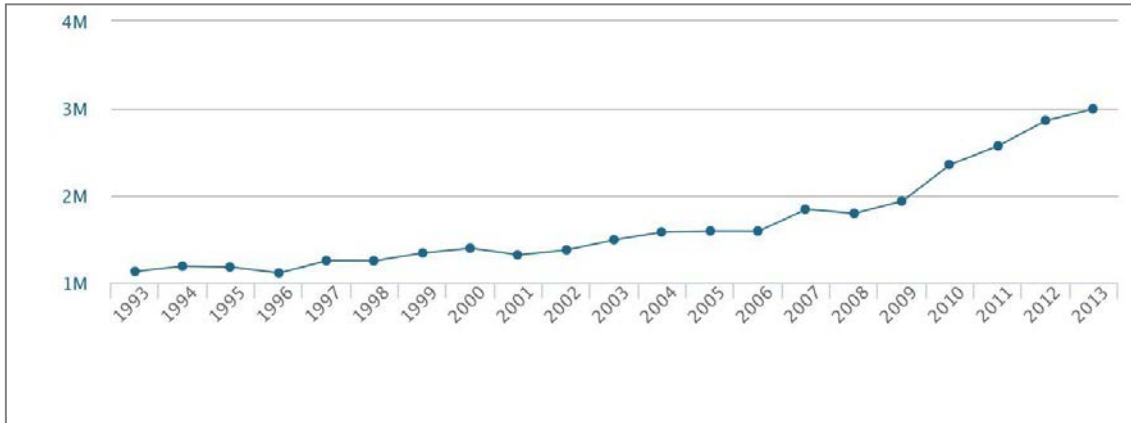
Türkiye’de mevcut kırmızı et talebinin ithalat dışındaki yollarla karşılanmasında bu olanakların değerlendirilmesi et üretiminde alternatif bir yöntem olarak önem kazanmaktadır. Türkiye hayvan varlığı bakımından dünyanın sayılı ülkeleri arasında yer almasına rağmen bu potansiyeli üretim başarısına yansıtamamıştır. 2014 verilerine göre kesilen sığır sayısının 3.712.281 baş, et üretim miktarının ise 881.999 ton olduğu görülmektedir (Tablo-2).

Türkiye’de sığır eti üretiminin toplam sığır varlığındaki değişime benzer şekilde 2009 yılından itibaren yükselişe geçtiği (Şekil-2) ve son 5 yılda 556.773 ton arttığı görülmektedir. 2014 yılında elde edilen karkas ağırlıkları (Sığır veya dana karkasları, yarım veya çeyrek kemikli karkasları, taze veya soğutulmuş) ise toplam 4 dönemde sırasıyla 163.913 ton, 189.848 ton, 175.353 ton ve 352.886 tondur (39).



Şekil-2. Türkiye’de sığır eti üretiminin yıllara göre değişimi b: bin ton (40)

2013 yılı verilerine göre Türkiye’de 2.995.427 ton olan toplam et miktarında sığır etinin oranı %29’dur. Toplam et miktarının yıllara göre değişimi incelendiğinde 2009 yılı itibariyle sürekli olarak gerçekleşen bir artış gözlenmektedir (Şekil-3). Bu yükselişte beyaz et sektöründeki ilerleme ve gelişmelerin de büyük katkısı olmuştur. Sığır eti üretiminin bu yılda toplam et üretimine oranı %17 olmakla birlikte son 5 yılda bu oran yükselmeye devam etmiştir.



Şekil-3. Türkiye’de toplam et üretiminin yıllara göre değişimi M: milyon ton (40)

Hayvan sayısındaki artışa rağmen seleksiyon uygulamalarındaki eksiklikler, et arzının talebi karşılayamaması ve dolayısıyla et fiyatlarının artmasına yol açmıştır. Bu durumda

birim hayvandan elde edilen et miktarının artırılarak, et talebinin dışalım ile karşılanması yerine ulusal kaynaklardan sağlanması politikaları ön plana çıkmıştır.

Holstein Irkı

Anavatanı Hollanda'nın Friesland bölgesi olan ve *Bos taurus primigenus*'dan kök alan bu ırka yoğun olarak yetiştirildiği Almanya'nın Holstein bölgesi de ismini vermiştir. Bu nedenle genel olarak Holstein-Friesian olarak adlandırılmaktadır. Amerika ve Kanada'da resmi olarak bu adla anılmaktadır. Sütçü bir ırk olan Holstein, birçok ülkede yoğun şekilde yetiştirilmektedir. Hollandalı yetiştiricilerin genel olarak erkek danasını besiye alarak değerlendirmesinden dolayı bu bölgede etçi özellikleri de dikkati çekmektedir. Amerika'da ise uzun yıllar boyunca süt verimi yönünden seleksiyona tabi tutulduğu için sütçü tipi daha fazla gelişmiştir. Alçak arazi sığır ırklarından birisi olan bu ırk ülkemizde de "siyah alaca" olarak bilinmektedir. Türkiye'de sistemli bir şekilde Holstein yetiştiriciliği 1958 yılında 30 dişi ve 17 erkek dananın Amerika'dan ithal edilerek Karacabey Harasında oluşturulan sürü ile başlamıştır. Holstein ırkında renk siyah beyaz olup bu renkler bedenin her tarafında keskin sınırlara ayrılmak suretiyle dağılmıştır. Irk olarak tam bir sütçü kapasiteye sahiptir ve sütçü ırk özelliklerini tamamiyle gösterir (43). Türkiye'nin farklı bölgelerinde yetiştirilen Holstein sığırların süt ve döl verimi özelliklerinin belirlenmesi, bu özellikler üzerine bazı çevresel faktörlerin etkilerinin araştırılması amacıyla yapılan çalışmada en küçük kareler ortalamaları 305 günlük süt verimi için 7.395,35 kg, ilk buzağılama yaşı için 809,32 gün, servis periyodu için 127,43 gün ve buzağılama aralığı için 395,86 gün olarak bulunmuştur (44). Özçelik ve arkadaşlarının (45) laktasyon sayısının süt ve döl verimine etkisinin ortaya konulması amacıyla yaptıkları bir başka çalışmada ise birinci laktasyondan beşinci laktasyona kadar sırasıyla süt verimi; 4.653,97, 4.785,40, 5.003,65, 5.520,65 ve 5.354,69 kg olarak belirlenmiştir. Türkiye'de 3000-4000 kg olan süt verimi ortalamasının Avrupa ve Amerika'da 6000-7000 kg ı aştığı görülmektedir(43).

Holstein, sütçü yönde geliştirilen kültür sığır ırklarının arasında en iri yapılı olanlarından birisidir. Buzağularının doğumda iri yapılı olmaları, hızlı gelişim göstermeleri ve erkeklerinin 17-18 ay kadar süren besilerinde günlük canlı ağırlık artışlarının 1000-1100 g arasında olması gibi özelliklerinden dolayı Holstein ve melezlerinin et üretimindeki

potansiyellerinin değerlendirilmesi ve Türkiye’de et üretiminin artırılması için büyük önem taşıdığına göz ardı edilmemesi gerekmektedir (38, 43, 46-51).

Kesim İşlemi

Avrupa Birliği ülkelerinde et endüstrisi uygulamalarında kesim işlemi öncesi hayvanlarda beyin fonksiyonlarının tamamıyla ortadan kalmadan önce oluşan stres ve acı çekmeyi önlemek amacıyla bayıltma işlemlerinin uygulanmasını zorunlu kılan yasal düzenlemeler mevcuttur. Türkiye de dahil olmak üzere birçok ülkede ise bazı mezbahalar dışında kesim işlemi geleneksel yöntemler kullanılarak yapılmakta herhangi bir bayıltma işlemi uygulanmamaktadır (52). Bayıltma işleminin aynı zamanda kesim öncesi oluşan stresi engelleyerek kaslardaki glikojen rezervlerini düşürmek ve ölüm sertliğinin (rigor mortis) daha iyi şekillenmesi yoluyla et kalitesini arttırdığına dair çalışmalar da mevcuttur. Bu konudaki temel neden stresten kaynaklanan ve ette kalite özellikleriyle yakından ilişkili olan yüksek pH değerleridir (8, 11, 53). Çırtlık hayvanlarında kesim öncesi elektro şok ile bayıltma, karbondioksit ile (CO₂) ile bayıltma ve pnömatik tabanca ile bayıltma gibi yöntemler kullanılmaktadır. Elektro şok yöntemiyle bayıltma domuz, piliç, koyun ve tavşanlarda kullanılır iken sığılarda genellikle tabanca ile bayıltma yöntemi tercih edilmektedir (52, 54). En uygun bayıltma yönteminin seçiminde kesim öncesi tamamen beyin fonksiyonlarına ait duyarlılığın ortadan kaldırılarak hayvan refahına uygun olması önemlidir (8, 52, 55).

Et kalitesini arttırmak amacıyla yapılan bir diğer işlem de karkaslara doğrusal akım ile uygulanan elektrik stimülasyonudur. Elektrik akımının şiddeti, süresi ve karkas üzerindeki uygulanma yerleri ülkeler ve hatta işletmeler arasında farklılıklar gösterebilmektedir. Bu işlem ile rigor mortis öncesinde meydana gelen doğal süreç hızlandırılarak etteki renk, tekstür ve lezzet gibi kalite özelliklerinin iyileştirilmesi amaçlanmaktadır (9, 56). Elektrik akımı uygulaması ile, rigor mortis öncesinde glikolizisin hızlandırılarak karkas soğutulması sonucu kas fibrillerinde oluşan aşırı kasılma ve ani ekstansiyon nedeni ile oluşan ve soğuma kısılığı adı verilen durum önlenmektedir (2, 10, 57). Elektrik stimülasyonunun bildirilen bir diğer avantajı ise etlerdeki mikrobiyel yükü düşürerek raf ömrünü uzatmasıdır (2, 10).

Etin Tanımı ve Bileşimi

Genel anlamda yeterli olgunluğa ulaşmış sağlıklı hayvanlardan uygun teknikler kullanılarak elde edilen yenilebilir hayvansal gıdaya et adı verilmektedir. Bir başka deyişle büyük çoğunluğu kas dokudan oluşan bağ doku, epitelyum, yağ, kemik, sinir doku ve kandan oluşan hayvansal gıdaya et denir (2). Türk Gıda Kodeksi Çiğ Kırmızı Et ve Hazırlanmış Kırmızı Et Karışımları Tebliğine göre kırmızı et, kasaplık hayvanların karkaslarından elde edilen insan tüketimi için uygun tüm parçaları olarak tanımlanmaktadır (58).

Etin bileşimi incelendiğinde %70-75 su, %22 protein, yaklaşık %2-4 arasında intramusküler yağ (kas fibrilleri arasında), yaklaşık %2 oranında fosfatlar ve mineraller içerir (59). Fazla yağlarından arındırılmış taze et ise ortalama %75 su, %18 protein, %1,5 NPN (non protein nitrojen), %3 yağ, %1 karbonhidrat ve %1 inorganik madde içermektedir. Etin bileşiminde en fazla bulunan öge sudur. Suyun, etin besleyici değeri, rengi, tekstürü, olgunluğu, lezzeti ve mikrobiyal üreme konularında önemli etkileri bulunmaktadır. Bu nedenle raf ömrünün belirlenmesinde suyun etkisi önemli rol oynamaktadır. Ette bulunan su, bağlı (hidratasyon suyu), immobilize (hareketsiz) ve serbest olmak üzere üç farklı şekilde bulunur. Toplam su miktarının %70'i myofibriller, %20'si sarkoplazmik ve %10'u da bağ doku proteinlerinde yer almaktadır (60). Etteki toplam suyun aktif kısmını serbest su oluşturmaktadır. Serbest su hücreler arasında bulunmakta ve çok zayıf şekilde bağlandığı için kendiliğinden dışarı sızabilmektedir. Bu özelliklerinden dolayı et teknolojisinde stratejik öneme sahiptir. Serbest su oranının %20-40 arasında olması önerilmektedir (61). Etin yaklaşık %22'sini oluşturan et proteinleri yüksek kaliteli proteinler olarak kabul edilmekte ve esansiyel aminoasitleri yeterli ve dengeli bir şekilde içermesi bakımından önem taşımaktadır. Ette yaklaşık %2-4 oranında bulunan yağlar nötral lipidler, fosfolipidler, serebrositler ve kolesterol şeklinde bulunur. İntramusküler yağın fazla olması bulunduğu kasta mozaik görünümünü (mermerleşme) oluşturması bakımından büyük önem taşımaktadır (2). Ette %0,5-1,5 arasında bulunan karbonhidatların en önemlisi yaklaşık %0,8-1 bulunma oranıyla glikojendir. Geri kalan kısmını mono ve disakkaritler ile mukopolisakkaritler oluşturmaktadır. Kasaplık hayvanlarda bulunan karbonhidratlar özellikle etin olgunlaşması sırasında asiditeyi sağlayarak önemli görevler üstlenmektedir. Yeni kesilmiş sığır etinde yaklaşık 3 mg/g miktarında glikojen bulunmaktadır. Ette bulunan glikojen miktarı büyük oranda kesim

öncesi hayvana yapılan muameleye bağlı olup kesimden önce dinlendirilmiş hayvanların etinde daha fazla karbonhidrat bulunmaktadır. Ette bulunan mineral maddelerin büyük çoğunluğu meydana gelen spesifik reaksiyonlara katılmaktadır. Kalsiyum ve magnezyum kas reaksiyonlarında görev yapmaktadır. Organik fosfor içeren bileşikler, rigor mortiste rol alarak etlerin olgunlaşmasında ve etin su tutma özelliğinde rol oynamaktadır (62).

Etin Beslenmedeki Önemi

Et, yüksek biyolojik değeri, doyuruculuğu ve içerdiği proteinler açısından beslenmede çok önemli bir yere sahiptir. İçeriğindeki esansiyel amino asitlerden ötürü günlük protein tüketiminin %50'sinin hayvansal kökenli olması önerilmektedir. 100g besin proteininden, vücut proteini yapımının g cinsinden ifade edilmesi anlamına gelen biyolojik değer bakımından sığır eti yüksek değere sahiptir. Yumurta akı proteinin 100 olarak kabul edildiği biyolojik değer hesaplanmasında sığır etinin ortalaması 75'tir. Et çeşitleri içerisinde ise en yüksek biyolojik değere sahip olan bonfile (80) iken en düşük değere ise baş eti (54) sahiptir (2). Ayrıca hayvansal proteinlerin sindirilebilirliği oldukça yüksek olduğu için organizma tarafından yüksek oranda kullanılabilme olanağına sahiptir. Bu oran et ve et ürünlerinde %95'in üzerinde iken bitkisel proteinlerden organizmanın yararlanabilme oranı %65-75 civarındadır. Günde yaklaşık 200 g et tüketimi hayvansal protein ihtiyacını, 400 g et tüketimi ise günlük protein ihtiyacını karşılamaktadır (63). Et; bakır, çinko ve selenyum gibi mineraller ile B₁ (thiamin), niacin (nicotinic acide), B₂ (riboflavine), B₆ ve B₁₂ (cyanocobalamine) gibi vitaminler bakımından zengindir (2). Ayrıca ette bulunan demirin fizyolojik açıdan değerlendirilebilme oranı, bitkisel besinlere göre oldukça yüksektir. Bitkisel besinlerde bulunan demirden organizma yaklaşık %10 oranında yararlanabilir iken bu oran ette %35 düzeyine çıkmaktadır (64).

Ette Kesim Sonrası Görülen Değişiklikler ve Et Kalitesine Etkileri

Kesim sonrasında kasın ete dönüşümü, kaslarda meydana gelen biyokimyasal ve fiziksel değişikliklerin bir bütünü olarak oluşan karmaşık bir süreçtir. Postmortem değişiklikler olarak da adlandırılan bu dönüşüm olayı, ilk birkaç dakika ile 30 dakika arasında meydana gelen 'Prerigor faz', Adenozin trifosfat (ATP) yıkımı ve glikolizisin meydana gelerek kasların elastikiyetinin azalarak rigor mortisle birlikte maksimum sertliğe ulaştığı 'Rigor fazı' ve enzimatik reaksiyonlarla olgunlaşmanın meydana geldiği 'Olgunlaşma fazı' olmak üzere 3 aşamada gerçekleşir. Postmortem değişiklikler, hayvanların kesim öncesi fizyolojik durumu ve kan akıtma işlemi ile doğrudan ilişkilidir. Optimum olgunlaşma sığır kaslarında 10-15 günde gerçekleşmektedir (7). Bu değişimler, et ve et ürünlerinde kaliteyi dolayısıyla tüketici seçimlerini doğrudan etkilediği için oldukça önemlidir. Et rengi, gevreklik (tekstür) ve lezzet gibi özellikler, tüketiciler tarafından satın almada direkt tercih sebeplerini oluşturmakta ve bu özelliklerdeki istenmeyen durumlar pazarlamada büyük sorunlar yaratarak ekonomik kayıplara neden olmaktadır (65, 66).

Kaslarda oluşan postmortem değişikliklerin en önemlilerinden biri olan pH, hidrojen konsantrasyonu olarak da adlandırılmaktadır. Kesimden hemen sonra etin pH değeri 7,0-7,3 arasındadır. İlerleyen süreçte enzimatik reaksiyonların durması nedeniyle pH, 5,5 veya daha düşük değerlere iner (67). Bunun nedeni glikojenin anaerob glikolizis yolu ile yıkılması sonucu meydana gelen laktik asit oluşumudur. pH değerlerindeki düşmenin diğer bir nedeni ise fosforilasyon siklusunun ölüm sonrasında gerçekleşmemesidir. Karbonik asit oluşumu da pH değerinin düşmesine neden olan diğer bir faktördür. Kesim sırasında kaslarda bulunan glikojen konsantrasyonu etin kalitesini etkileyen en önemli faktörlerden birisidir. Kesim sırasında kaslarda glikojen konsantrasyonu ne kadar yüksekse, postmortem fazda da o oranda laktik asit meydana gelir. Normal olarak pH değerlerindeki düşme sığır etlerinde genellikle 18-40 saat içerisinde şekillenmektedir (7). Postmortem dönemde arzu edilen pH değerlerine ulaşılamamasının en önemli etkenlerinden birisi strestir. Kesim öncesi yeterince dinlendirilmemiş ve hasta hayvanlarda yetersiz glikojen seviyelerinden dolayı arzu edilen pH değerlerine ulaşılamaz (11, 12). Ette pH'nın düşmesine bağlı olarak et proteinlerinin su tutma kapasiteleri de düşmektedir, pH'nın 5,3-5,6 seviyelerine düşmesi etin su tutma kapasitesinin de önemli miktarda düşmesine yol açar (68).

Postmortem deęişimler incelendięinde en önemli mekanizmalardan birisi kasların kontraksiyonu ile karakterize olan rigor mortis'tir. İlk olarak kalp kasında řekillenip, diyafram, boyun, dil, bař, ön ekstremiteler, arka ekstremiteler ve gövde kasları sırasıyla takip eden rigor mortis ATP'nin azalması sonucu aktin ve myozin filamentleri arasında meydana gelen aktinomyozin köprücüklerinin kalıcı olarak řekillenmesi sonucu oluşur. Fizyolojik olarak canlı organizmadaki kasılmayla benzer olmasına rağmen aktinomyozin oluşumunun rigor mortiste %90 oranına ulaşması ve kalıcı olmasıyla sebebiyle ayrılmaktadır. Fiziksel olarak kaslarda elastikiyet özelliklerini kaybetme ve boylarında kısalma ve kalınlıklarının artması gibi deęişimler görülür (7). Kesimi takiben sığır kaslarında 0.,2. ve 4. günlerdeki glikojen konsantrasyonu $\mu\text{mol/g}$ kas cinsinden sırasıyla 20,5, 15,6 ve 14,1 olarak belirlenmiştir. Laktik asit düzeyleri ise aynı günlerde 49,0, 104,5 ve 94,5 $\mu\text{mol/g}$ kas'dır (69). Rigor mortis, alkali, normal ve asidik rigor mortis olmak üzere 3 şekilde meydana gelir. Kaslarda glikojen seviyesinin yetersiz olduğu ve buna baęlı olarak pH'da çok az bir düşüşün meydana geldięi şekli alkali rigor mortis'tir. Bu durumda etler, koyu renkli, sert ve kuru olur (DFD: Dark, Firm, Dry). Hayvanların uygun kořullarda kesim işleminin gerçekleştięi durumlarda rigor mortis normal şekilde oluşur ve et kalitesinde optimum düzeyler yakalanabilir. Normal rigor mortis sığırlarda 6-12 saatte oluşur. Asidik rigor mortis ise kesim öncesinde yeterli glikojen seviyesinin bulunmasına rağmen kesim esnasında glikolizisin çok hızlı gerçekleştięi durumlarda oluşur. Strese duyarlı hayvanlarda özellikle domuzlarda řekillenmektedir. Bu durumda etler, soluk renkli, yumuřak ve sulu bir özellik gösterir (PSE: Pale, Soft, Exudative). DFD ve PSE etler düşük deęerli etler olarak kabul edilmekte ve işletmelere önemli ekonomik sorunlar yaratmaktadır (2, 7, 69).

Rigor mortis evresindeki taze et, sert, kuru ve aromasızdır. Gevreklięi düşük olup, lezzetsizdir. Enzimatik aktivasyon sonucu rigor mortisin çözülmesi sonucu önce etin saydam yapısı bozularak renk kırmızı-kahverengine dönüşür daha sonra bu saydam yapı geri gelir. Bu evreye etin olgunlaşması adı verilmektedir. Olgunlaşma evresi, et aroması, lezzet ve gevreklik gibi kalite özellikleri bakımından önemlidir. Sığır eti için bu evre optimum olarak yaklaşık 14 gündür (2, 7, 62).

Postmortem deęişiklikler, etin tekstür ve su tutma kapasitesi gibi özelliklerini doğrudan etkilemektedir. Etlerin gevrek hal almasında önemli olan glikolizis ile pH deęerinin 5,5 düzeyine düşmesi gevreklięi arttırırken, tekrar yükselmesi gevreklięin

azalmasına neden olur (62). Etin gevrekliği, miyofibriler (kas) yapı ve bağ doku (kollajen) yapılarından direk olarak etkilenmektedir. Kas liflerinin büyüklüğü yaşla birlikte artmaktadır. Kollajen lifler hayvan yaşlandıkça önemli ölçüde artarken eriyebilir formu ise oldukça azalmaktadır. Bu durum etin gevrekliğini yakından etkilemektedir. Ayrıca kasların vücutta bulunma bölgelerine ve işlevlerine göre kollajen yapısı da farklılık göstermektedir. *Semitendinosus* kasları daha yüksek kollajen miktarına sahip olduğu için hayvanın yaşıyla önemli ölçüde ilişkilidir. *Longissimus dorsi* kası ise kollajen içeriği düşük olduğu için yaş etmeninden daha az oranda etkilenir (70, 71).

Et kalitesinin belirlenmesinde önemli parametrelerden birisi de kaslar arasında yer alan yağ dağılımının oranı ve kompozisyonudur. Intramuscular yağ (Intramuscular fat: IMF) oranı organizmanın yağ depolama metabolizmasının regülasyonu ile yakından ilişkili olup bu depolama mekanizmalarının aktivasyonu büyüme evlerinde farklı düzeylerde gerçekleşmektedir. Yağ depolama mekanizmasının temel oluşumu puberta döneminden etkilenir ve bu nedenle IMF oranları hayvanların seksüel olgunluğa ulaşma zamanlarıyla büyük ölçüde bağlantılıdır. Pubertaya ulaşmada ise ırk ve besleme faktörleri etkili olmaktadır. Örnek olarak aynı yaşta olan Limousin, Simmental ve Charolais ırkları Angus ve Hereford ırkı sığırlara göre daha az yağ depolama eğiliminde olup daha yüksek miktarda yağsız et üretmektedir. Bunun nedeni Angus ve Hereford sığırların diğer ırklara göre daha erken olgunluğa ulaşmasıdır (72). Yağ depolama regülasyonunda etkili olan diğer faktörler ise cinsiyet ve kastrasyondur. Hormon düzeylerinin kas gelişimindeki anabolik etkileri kas-yağ oranlarının düzenlenmesinde önemli rol oynamaktadır (73). IMF oranı ve kompozisyonu yağın kas lifleri arasında dağılımı ete mozaik ya da mermer manzarası vermesi anlamına gelen mermerleşme (marbling) ile yakından ilişkilidir. Mermerleşme derecesinin belirlenmesinde etteki IMF oranlarının saptanması oldukça önemlidir. Her ne kadar bu işlem için tam olarak standardize edilmiş bir yöntem bulunmasa da ette dağılmış olarak bulunan yağ, organik solventler yardımıyla izole edilebilmektedir. Bu yöntem ile IMF değerlerinin hesaplanması ekonomik olmaması ve zaman alması nedeniyle tercih edilmemekte bunun yerine alternatif metotlar uygulanmaktadır (73). Daha yaygın uygulama alanı bulan tekniklerden biri görüntü analizidir. Dijital görüntüleme sistemi yardımıyla yağ partiküllerinin dağılımı belirlenmekte ve mermerleşme derecesi bilgisayar programları desteğiyle kantitatif bir şekilde ortaya koyulabilmektedir (74). Besi sığırcılığında mermerleşme konusunda dünya çapında kabul gören standart bir derecelendirme sistemi bulunmamaktadır. Ancak

Amerika, Kanada ve Japonya gibi ülkeler bu konuda özgün görsel derecelendirme sistemlerini kullanmaktadır (75). Gerçekleştirilen bu görsel derecelendirme genellikle karkas üzerinde parçalamayı takiben *M. longissimus*'da 10-12. costalar arasındaki bölgeden yapılmaktadır. IMF düzeyi ve mermerleşme derecesinin objektif olarak dünya genelinde kabul gören değerlendirilmesini sağlayacak çalışmalar yapılmasına rağmen henüz böyle bir metot geliştirilmemiştir. Bununla birlikte Amerika Tarım Departmanı (United States Department of Agriculture: USDA) tarafından kabul edilen görsel derecelendirme sistemleri bilimsel çalışmalarda yaygın olarak kullanılmaktadır (73, 75). IMF seviyeleri etin lezzeti ile yakından ilişkilidir. Düşük IMF düzeyi et kalitesinde azalmaya neden olmakla birlikte et gevrekliği ve sululuk parametrelerinde de negatif bir etki yaratmaktadır. Genetik yapı ile mermerleşme derecesi arasındaki korelasyonların ortaya konulması genetik yapı ile gevreklik düzeylerinin arasındaki ilişkilerin belirlenmesinden daha komplike bir özellik göstermektedir. Bunun en önemli nedeni ise mermerleşme derecesinin ölçülmesinde kullanılan subjektif metotlardır. Bu nedenle polimorfizmlerin mermerleşmeye etkisinin güvenilir sonuçlarla desteklenerek ortaya konması için geniş popülasyonlarda çevresel ve genetik faktörlerin birlikte ele alınarak gerçekleştirildiği bilimsel çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır (76).

Etin doğal olarak yapısında bulunan suyu tutabilme yeteneğine su tutma kapasitesi adı verilmektedir. Su tutma kapasitesi pH ile doğrudan ilişkili olup pH'ın düşmesine bağlı olarak et proteinlerinin su tutma kapasiteleri de düşmektedir. Su tutma kapasitesi, net yük etkisi gibi fiziksel etkiler, kalpein sistem, calpastatin, protein oksidasyonunu içeren postmortem proteoliz reaksiyonları ve genetik faktörlerden etkilenmektedir. Su tutma kapasitesi yüksek etler değerli etler olarak kabul edilir (68, 69, 77).

İşletmelerde pazarlama ve rekabet dinamikleri ile tüketici seçimleri göz önüne alındığında et kalitesi özelliklerinden en önemlilerinden birisi de et rengidir. Et rengi kas yapısında bulunan myogloblin düzeyi ile yakından ilişkilidir. Kesim sonrasında myogloblin oksidasyonuna bağlı olarak parlak kırmızı renk görülmektedir. Bu renk devam eden havayla temasla birlikte kanverengine dönüşür. Myogloblinin yanı sıra kan pigmenti olan hemoglobin de et renginde rol oynamaktadır. 'Heme' de bulunan demirin oksidasyonuna bağlı olarak et rengi değiştiği için protein özellikte olmayan bu kısım önemlidir. Kan akıtma işlemi uygun şekilde yapılmış kesimlerde karkasta rengi veren pigment yaklaşık %80-90 oranında myoglobindir. Myoglobinden zengin etler koyu kırmızı renkte, fakir

etler ise soluk kırmızı olur. Ayrıca kesim öncesi yüksek düzeyde stres yaşayan hayvanlarda pH'ın yükselmesine bağlı olarak koyu renkli sığır karkasları görülmektedir (2, 65, 77-80). Etin hava ile temasında kendiliğinden şekillenen oksimiyoglobin, ete özgü kırmızı rengin oluşmasından sorumludur. Normal koşullar altında bu kırmızı renk 72 saat boyunca korunabilir. Optimum renk oluşumunun meydana gelmesinde önemli olan diğer bir unsur da kesim işleminden sonra etin havadaki oksijen ile yeterince temasta bulunmasıdır. Bu durumda myoglobin havadaki oksijen ile yeterince reaksiyona giremeyerek et yüzeyinde istenmeyen bir pigment olan metmyoglobin oluşmasına neden olur. Bu nedenle kesim işlemi takiben etler direk kapalı kutulara ya da yeterince hava geçişini önleyen malzemelerle paketlenmemeli ve en az 35-40 dakika oksijenle temas etmesi sağlanmalıdır. Metmyoglobin, kahverengi bir pigment olduğu için etin hedeflenen kendine özgü kırmızı rengi almasına engel olur ve renk bozulur. Yeterince hava ile temas eden etlerde ise metmyoglobin yerine oksimiyoglobin oluşur. Etin olması gerekenden fazla süre açıkta bırakılarak hava ile temasında ise et kuruyarak koyu bir renk alır (2, 78).

Et sektöründe tüketicilerin seçimi ve pazarlama dinamikleri göz önüne alındığında gevreklik düzeyi önemli bir faktör olarak değerlendirilmektedir. Gevreklik Warner-Bratzler Kesme Kuvveti (Warner-Bratzler Shear Force: WBSF) testleri ile sayısal olarak objektif bir şekilde ölçülebilmektedir. Tüketiciler ise ette belirlenen bu farklılıkları sert-yumuşak olarak değerlendirmekte ve sert etleri tercih etmekten kaçınmaktadır (81, 82). Gevrekliği etkileyen faktörler arasında etin elde edildiği kasın vücuttaki fonksiyonu ve yapısı, yaş, beslenme, kesim prosedürü, ırk ve genetik faktörler önemli rol oynamaktadır. Kas grubunun yaşamsal faaliyetlerde üstlendiği görev ve hareketliliği, aynı hayvanda bile gevreklik değerlerinde oluşan varyasyonların temel nedenlerinden birisi olarak görülmektedir. Örneğin bacak kasları hayvanın hareketini sağlayan yapılar olması ve bu nedenle daha yüksek bağ doku içermeleri nedeniyle daha sert et oluşumuna neden olmakla birlikte sırt bölümünün stabilizasyonunda görevi olan ve direk olarak hareketi sağlamayan *M. psoas major* ise büyük oranda daha gevrek et oluşumuyla kendini göstermektedir. Bunun yanı sıra gevreklik yaş ile birlikte azalmaktadır. Bu nedenle genç sığırlardan elde edilen et daha gevrek (83). Kesim öncesinde hayvanlardaki stres durumu da önemli bir faktör olarak değerlendirilmektedir. Aynı yaş, ırk ve kesim özelliklerine sahip sığırlarda belirlenen gevreklik düzeylerindeki farklılıklar genetik faktörlerin bir sonucu olarak değerlendirilmekte ve son yıllarda gevrekliğe etkili aday genlerin etkisinin ortaya

konulması amacıyla gerçekleştirilen bilimsel çalışmaların yoğunluğu hızla artmaktadır (84-87).

Pişirme işlemi etin doğal yapısında yüksek miktarda bulundurduğu suyu kaybetmesine ve dolayısıyla et gevrekliğinin ve sululuğunun azalmasına neden olur. Buna paralel olarak lezzetliliği de azalır. Pişirme kaybına, hayvanın yaşı ve kas yapısı, cinsiyeti, etin pişirilme şekli ve süresi gibi faktörler etki etmektedir. Pişirme kaybında en önemli etmenlerden birisi de pişirme işlemi sırasında etin iç sıcaklığının düzeyidir. Pişirme yöntemi fark etmeksizin etin iç sıcaklığının 70 °C'ye ulaşması pişirme ölçütü olarak kabul edilmektedir. İç sıcaklığın 70 °C'nin üzerine çıkması pişirme kaybının artması ile sonuçlanmaktadır (88).

Et verimi ve kalitesi özelliklerinin belirlenmesinde ırk, yaş, cinsiyet, bakım ve beslenme koşulları, hayvanların kesime sevk edilme koşulları, mezbaha organizasyonu, kesim ve depolama koşulları, etlerin olgunlaştırılma süreleri, paketleme işlemi ve hijyen koşulları gibi pekçok çevresel faktör önemli bir rol oynamaktadır. Bu çevresel etmenlerin yanı sıra hayvanlarda meydana gelen bireysel farklılıkların ortaya konmasında genetik faktörlerin de oldukça etkili olduğu bildirilmektedir (13).

Gen Tanımı ve Moleküler Özellikleri

Gen, ölçülebilen bir özelliğin (kantitatif karakter) ya da bir niteliğin (kalitatif karakter) kalıtımını sağlayan, polipeptit zincirlerinin amino asit sırasını belirleyen ve ekspresyonda gerekli olan regülatör dizileri taşıyan bir deoksiribonükleik asit (DNA) parçasıdır. Bir organizmanın sahip olduğu kalıtsal bilginin tamamı anlamına gelen genomdaki polipeptidleri şifreleyen genler, yapısal gen bölgeleri ve gen kontrol bölgeleri olmak üzere iki temel kısımdan oluşmaktadır (89). Gen kontrol bölgeleri, protein sentezini meydana getiren aşamalarda transkripsiyon, ribonükleik asit (RNA) işlenmesi ve translasyon için gerekli enhancer, silencer gibi özgün dizilimleri içerir. Enhancer, 7-12 baz çifti (bç) uzunluğunda doku/hücre veya gelişim evresine özgün olarak transkripsiyon faktörlerinin ya da aktivatör proteinlerin bağlandığı ve özgün genlerin transkripsiyonunun artırıldığı küçük kontrol bölgeleri olarak tanımlanmaktadır. Silencer ise distal transkripsiyonal düzenleyici bölgesi içinde enhancer dizilerinin tam tersi uygun düzenleyici proteinler bağlandığında gen ekspresyonunu engelleyen bölgelerdir. Yapısal gen bölgeleri prokaryot ve ökaryot canlılarda farklılıklar göstermektedir. Prokaryotlarda ve bazı basit yapılı

ökaryotlarda (bira mayası) tek parça yapıya sahip genler bulunmasına karşın ökaryotlarda genin yapısal kısmı parçalı gen yapısına sahiptir (89, 90). Ökaryotik genlerde bu parçalı yapı, kodlayıcı sekanslar (eksprese olan sekanslar) olan ekzon ve kodlayıcı olmayan ve genellikle daha uzun sekanslar olan (aracı sekanslar) intronlardan meydana gelmektedir. Ekzon ve intron sekansları RNA'ya birlikte transkribe olur. Ekzonlar gene ait üçlü nükleotid birimleri olan kodonları içermektedir (90). İtronlar ise mRNA olgunlaşması aşamasında kesilip atılır. Bu işleme RNA splicing mekanizması adı verilmektedir. Ekzon ve intron sayıları ve uzunlukları genler arasında farklılık göstermektedir. Ancak genellikle gen yapısında intronlar ekzonlardan daha büyük DNA bölgeleri olarak bulunmaktadır. İtronlar, hem 5' hem de 3' ucunda bulunabilen ve translasyona uğramayan bölgelerdir. İtron tanıma-kesme bölgesindeki mutasyonlar, pre-mRNA'nın intronlarının kesilmesini etkileyebilir. En yaygın görülen mRNA splicing mutasyonları ise intronların kesim-tanıma bölgesindeki AG ve GT ikili nükleotidlerinde meydana gelenlerdir (89).

Ökaryotik genlerde ayrıca mRNA'da yararlanılan 3' uçta poliadenilasyon (PoliA) bölgesi, intronların her iki ucunda akseptör adı verilen tanıma ve kesme-çıkarma bölgesi, ribozom tanıma ve bağlanma bölgesi gibi özgün diziler de yer almaktadır (89). Genlerin fenotipik özelliklere olan etki mekanizmalarının anlaşılabilmesi için intron-ekzon yapılarının incelenmesi gerekmektedir (91).

Genom Haritalama ve Populasyon Genetiği Kavramı

Gen ya da genom haritalama, belirli bir genin kromozom üzerinde yerleştiği özgün bölgeler anlamına gelen lokusların (loci) ve kromozom üzerindeki genlerin göreceli uzaklıklarını göstermektedir. Genom haritalama, tüm genomun; gen haritalama ise belirli bir veya birkaç genin kromozom üzerindeki yerine ait bilgiyi kapsar. Genetik uzaklığın birimi santiMorgandır (cM). Bu gen ve genom haritalarında kullanılan bir birim olup; 1 cM, iki gen lokusu arasındaki rekombinasyonun %1 olduğunu gösterir. Genetik uzaklık tam anlamıyla fiziksel olarak ifade edilen uzaklık değildir. 1cM yaklaşık 0,7-1 Mb DNA'ya (yaklaşık 1 milyon baz çifti) karşılık gelmektedir. Genetik uzaklık, bir kromozom üzerindeki gen lokusları arasındaki crossing over sıklığıyla ölçülür ve iki gen birbirinden ne kadar uzaksa o kadar fazla crossing over oluşmaktadır. Genom haritalama, genetik bağlantı haritası ve fiziksel harita olmak üzere ikiye ayrılır. Genetik bağlantı haritası,

kromozomda yer alan genlerin ve birlikte aktarıldıkları genetik belirteçlerin (markır) düzenlenmesini ve rekombinasyon sıklıklarını belirleyerek göreceli uzaklıklarını, fiziksel harita ise kromozom üzerinde nükleotid bazlarıyla ölçülen genler arası fiziksel uzaklığı göstermektedir. Fiziksel harita, kromozomal/sitogenetik harita, radyasyon hibrit haritası ve dizilim haritası olmak üzere 3 şekilde oluşturulmaktadır. Genetik bağlantı haritalarının ayrıtması fiziksel haritalara göre çok daha sınırlı olmakla birlikte genetik bağlantı haritaları ile fiziksel haritalar her zaman birbirleriyle tam olarak uygun olmayabilir (89).

Bireylerin sahip olduğu genetik farklılıkların yol açtığı fenotipik farklılıkların belirlenmesi genetik yapının popülasyon düzeyinde ele alınmasıyla gerçekleşmektedir. Birbiriyle çiftleşebilen bireylerden oluşan grup olarak tanımlanan popülasyonda bir genin ya da özelliğin birden fazla formunun bulunması o genin ya da fenotipik özelliğin polimorfik özellik gösterdiği anlamına gelmektedir. Popülasyon genetiği, gen ve genotip frekansları ve popülasyonları bu frekansları değiştiren ya da sabit tutan faktörleri inceler. Rastgele çiftleşmelerin olduğu bir popülasyonda bir bireyin belirli bir genotipe sahip başka bir bireyle çiftleşme olasılığı, popülasyondaki genotip frekansına eşittir. Yeterli büyüklüğe sahip ve eşleşmelerin (çiftleşmelerin) rastgele yapıldığı, herhangi bir ayıklama ya da seleksiyon işleminin uygulanmadığı, frekansları değiştirebilecek mutasyon, gen akışı ve göçlerin meydana gelmediği bir popülasyonda gen frekansının sabit kalacağı kabul edilir. Ayrıca erkek ve dişilerin benzer allel sıklıklarına sahip olması ve allellerin otozomal lokusta bulunması gerekmektedir. Bu koşulların sağlandığı popülasyonlar dengede ve Hardy-Weinberg yasasına uygun olarak kabul edilmektedir. Hardy-Weinberg formülleri, bir diploid Mendelyan toplumundaki allel sıklıklarını kullanarak beklenen genotip frekanslarını ortaya koymaktadır. Gözlenen frekanslar ile beklenen frekanslar arasında önemli farklar bulunmadığı durumlarda popülasyonun Hardy-Weinberg yasasına uygun olduğu kabul edilir (89, 92).

Et Endüstrisinde Moleküler Çalışmalar

Et verimi ve kalitesinin yüksek düzeylere ulaşmasını hedefleyen et endüstrisinde, çiftlik koşulları, kesim öncesi ve sonrası yönetim gibi çevre etkilerinin önemi büyük olmakla birlikte, ırklar arası ve ırk içinde bireyler arası fenotipik farklılıkların ortaya konulmasında genetik varyasyonların belirlenmesi anahtar rol oynamaktadır (93). Evcil hayvan türlerinde ekonomik olarak önemli gen lokuslarının belirlenmesine yönelik moleküler çalışmalar, son yıllarda hayvan ıslahı araştırmalarında giderek yoğunluğunu arttırmış ve araştırmacıların önemli hedeflerinden biri haline gelmiştir (13). Sığırlarda genom analizlerine yönelik moleküler çalışmalar, BovMap olarak bilinen ‘Avrupa Sığır Genom Haritası Projesi’ ile hız kazanmıştır (1). Fenotipik veriler ve pedigriler kullanılarak yapılan geleneksel seleksiyon modellerinde başarılı sonuçlar alınmasına rağmen; sürecin uzun olması ve kesim sonrası saptanan özelliklerde yaşanan zorluklar araştırmacıların fenotipik seleksiyondan genomik seleksiyona yönelmelerine zemin hazırlamıştır. Yakın zamanda kompleks kantitatif karakterlerin varyasyonlarına ait moleküler çalışmalarda iki önemli yaklaşım dikkati çekmektedir. Bunlardan ilki bu karakterlerde fizyolojik düzeyde etkili aday genlerin belirlenmesi (örnek olarak süt proteinlerinin ekspresyon düzeyleri) diğeri ise markırlar yardımıyla özelliklere etkili genlerin kromozomdaki yerleşim bölgelerinin (lokus) haritalanmasıdır (94).

Moleküler genetik alanında gelişen biyoteknolojilere paralel olarak, moleküler düzeyde daha ayrıntılı araştırmalar yapabilme imkanı, yeni yöntemlerin geliştirilmesine ve kullanılabilirliğinin artmasına olanak sağlamıştır. Sığır eti üretiminde, et veriminin yanı sıra, önem kazanan bir diğer unsur da karkas ve et kalitesidir. Değişik populasyonlarda moleküler düzeyde yapılan çalışmalar, et kalitesinin artırılmasında beslenme özelliklerinin yanı sıra genetik yapının da etkisinin önemli olduğunu ortaya koymuştur. Et endüstrisinde verim ve kalite unsurları konusunda fenotipik özelliklere etkileri istatistiksel düzeyde anlamlı bulunan genlere ait araştırmalar, hızlı sonuçların alınması ve bu sonuçların seleksiyon modellerinde uygulanabilmesi açısından önem kazanmaktadır (13).

İrklar arası genetik varyasyonlar, karkas ve et kalitesi bakımından oldukça belirleyici ve geniştir. Heterozisin, karkas ve et kalitesine etkisi düşüktür (yaklaşık %3). Karkas ağırlığı, kabuk yağı kalınlığı ve mermerleşme derecesi gibi karkas kompozisyonuna ait özelliklerde kalıtım derecesi, orta ve yüksek düzeydedir. Et verimi, yüksek kalıtım derecesi göstermesi nedeniyle ırklar arası seleksiyonda potansiyele sahip olmakla birlikte;

mermerleşme derecesi gibi özellikler arasında antogonistik etkileri mevcuttur. Bu nedenle seleksiyon programlarında et verimi ve kalitesi arasındaki ilişki göz önünde bulundurulmalıdır. Bununla birlikte et gevrekliği gibi tekstür özellikleri *Bos taurus* kökenli ırklarda düşük, *Bos indicus* kökenli ırklarda ise orta kalıtım derecesine sahiptir. Irklar arasındaki 24 saatlik kalpastain aktiviteleri ile tekstür analizi değerleri arasında yüksek genetik korelasyon bulunmasına rağmen bu veriler arasındaki fenotipik korelasyon düşüktür. Et kalitesi özelliklerinin ırklar arası, ırk içinde bireyler arası ve hatta kas yapılarının anatomik lokalizasyonlarına bağlı olarak değişmesi genotip-fenotip ilişkisinin ve çevre etkilerinin kompleks bir biçimde ele alınması gerektiğini ortaya koymaktadır (95).

Et sığırcılığında kullanılan boğa seleksiyonu yöntemleri, süt sığırı yetiştiriciliğindeki yöntemlerden farklıdır. Et endüstrisinde çok sayıda ve farklı sığır ırkları et materyali olarak kullanılmaktadır. Süt sığırcılığında gibi yoğun seleksiyon et endüstrisinde kullanılan ırklarda uygulanmamıştır. Ayrıca birçok ülkede et üretimine ilişkin büyüme, yağ miktarı, kalite özellikleri, konformasyon skorları ve pedigri bilgileri gibi veriler yetersiz düzeyde kayıt altına alınmaktadır. Bu nedenle moleküler çalışmalara altyapı oluşturacak popülasyon bilgileri yetersiz kalabilmektedir. Moleküler araştırmalardan elde edilen temel bilgiler çoğunlukla optimum bakım ve standart sürü yönetiminin uygulandığı ve verilerin düzenli kayıt altına alındığı yüksek sayıda bireyin oluşturduğu araştırma hedefli popülasyonlardan elde edilmekte ve bu verilerin ticari işletmelerde takibi zor olmaktadır. Bu bilgiler ışığında elde edilen sonuçların et endüstrisinde uygulanabilirliğinin mümkün kılınması, birey ve sürü başına düşen et verimi ve kalite unsurlarının iyileştirilmesi moleküler çalışmaların başlıca hedeflerinden birisidir (96).

Et tercihleri konusu da ülkeler arasında oldukça farklılık göstermektedir. Örneğin Avrupa ülkelerinde düşük yağ oranına sahip etler tercih edilirken Japonya'da yüksek düzeyde yağ oranı tercih edilmektedir. Bu nedenle uygulanacak olan seleksiyon kriterlerinin pazar talepleri göz önünde bulundurularak seçilmesi diğer önemli bir noktadır. Belgian Blue, Charolais ve Limousin gibi hızlı büyüme özellikleri gösteren ve yağsız karkas üreten sığır ırkları Avrupa ülkelerinde, Wagyu ırkı gibi intramuscular yağ oranı yüksek olan ırklar ise Japonya ve benzeri yağlı et tercih eden ülkelerde et endüstrisinde önemli yer tutmaktadır (96). Sütçü kültür ırklarının ise erkekleri ve sürü dışı edilen dişiler birçok ülkede et endüstrisinde önemli yer tutmaktadır.

Genetik ilerlemenin hedeflendiği populasyonlarda, moleküler çalışmalar uzun yıllar boyunca ekonomik özelliklerin iyileştirilmesi üzerine eğilmiştir. Bunun bir nedeni de evcil hayvanlardaki bu kantitatif karakterlerin, hastalıklara karşı direnç, hayvan refahı ve fertilité gibi daha zor belirlenebilen özelliklere göre daha kolay ortaya konulması ve fenotipik veri setlerinin daha objektif olarak oluşturulabilme imkanıdır. Hedeflenen özellikleri kontrol eden genlerin belirlenmesi, seleksiyon modellerinde hayvana ait genotipik yapının kullanılabilme potansiyelini arttırmakta ve bu da daha isabetli sonuçların elde edilmesine olanak sağlamaktadır (13, 96).

Et sığırıcılığında son yıllarda et kalitesi özelliklerinin belirlenmesinde şirketler tarafından ticari amaçla geliştirilmiş gen markır panelleri kullanılmaktadır. Bu markır panelleri özellikle yemden yararlanma ve ette mermerleşme ile gevreklik gibi kalite özelliklerinin saptanmasında etkilidir. Genetic Solution adlı şirket tarafından ‘GeneSTAR marbling’ ve ‘GeneSTAR tenderness’ gen markır panelleri etteki mermerleşme ve gevreklik özelliklerinin belirlenebilmesi için Thyroglobulin (TG) ve Calpastatin (CAST) genleri temel alınarak geliştirilmiştir. Igenity PROFILE DNA testleri ise GeneSTAR’a göre daha fazla sayıda özellik için bir profil oluşturmaktadır. Günlük canlı ağırlık artışı, et verimi, kabuk yağı kalınlığı, doğum oranı, doğum kolaylığı ve davranış gibi özellikler için geliştirilen bu panelde 1-10 arasında değişen skorlar yer almaktadır. Skor 1 yem tüketimi ve et verimi ile ilişkilendirilirken skor 10 ise diğer özelliklerde etkilidir (97).

Mermerleşme için Quantum Genetix adlı şirket tarafından geliştirilen bir diğer panelde ise Leptin (LEP) geni temel alınmıştır (97, 98). GeneSTAR markırlarının, gevreklik, yemden yararlanma ve mermerleşmeye olan etkisinin belirlenmesi amacıyla 12.330 baş sığırda (Fenotipik data: 9.414) gerçekleştirilen çalışmada gen frekansları ve fenotipik veriler ile ilişkisi belirlenmiştir. Gen markırlarının belirlenen özellikler ve sığır ırkına göre oldukça geniş düzeyde farklılıklar göstermesine rağmen yemden yararlanma, gevreklik ve mermerleşmeye önemli etkileri olduğu bildirilmiştir (87).

GeneSTAR Quality Grade, GeneSTAR Tenderness ve Igenity TenderGENE panellerinin etkinliğinin 400 baş Charolais x Angus melezlerinde ve 1.000 baş *Bos taurus* ve *Bos indicus* sığırda incelendiği çalışmada mermerleşme ile olan ilişkisi istatistiksel olarak önemli düzeyde bulunmamasına rağmen GeneSTAR Tenderness ve Igenity TenderGENE panellerinde bu ilişkinin gevreklik için oldukça yüksek olduğu belirlenmiştir (99). Ayrıca enerji metabolizmasını düzenleme, yem tüketiminin regülasyonu ve yemden

yararlanma, renk gibi birçok özellik için ticari olarak kullanılan markır panelleri mevcuttur (Tablo-3).

Tablo-3. Besi sığırcılığında genetik seleksiyonda kullanılan ticari DNA markırları (97-100)

Üretici Şirket	Markırlar	İlgili Genler ve Lokalizasyonu	Özellik
Zoetis (Pfizer)	GeneSTAR Tenderness	Calpastatin- BTA7	Et gevrekliği
	GeneSTAR Tenderness 2	Calpastatin- BTA7 Calpain1-BTA29	Et gevrekliği
	GeneSTAR Marbling	Thyroglobin-BTA14	Et kalitesi
Igenity	TenderGENE	Calpain1-BTA29 Calpastatin-BTA7	Et gevrekliği
	DoubleBLACK	-	Siyah beden rengi
Genmark	Coat Color	-	Siyah beden rengi
	Myostatin- Piemontese	Myostatin- BTA2	Et verimi / Et gevrekliği
Quantum Genetix	LEP testing	Leptin- BTA4	Yem tüketiminin regülasyonu / Enerji metabolizması

* BTA: Bos taurus autosomes

CAPN1 ve CAST genlerindeki farklı genotipik kombinasyonlar et gevrekliğinde önemli bir parametre olarak değerlendirilmekte ve ticari olarak sunulan markır panellerinde belirlenen gevreklik skorlarında temel etkenlerden biri olarak sunulmaktadır. CAPN1- G316A, CAPN1- 4751 (AF248054.2:g.6545C>T) ve UoG-CAST1 (AY008267.1:g.282C>G) polimorfizmlerindeki tercih edilen genotip kombinasyonlarının varlığı daha gevrek et oluşumuyla ilişkilendirilmektedir. Bu amaçla TenderGENE isimli DNA markır testinde 1 ile 10 arasında genotip skorları verilmekte ve seleksiyonun amaca uygun şekilde gerçekleştirilmesi hedeflenmektedir. Genotip skoru 10, genotip skoru 1'e oranla daha düşük WBSF değerleri ve dolayısıyla daha gevrek et oluşumu ile karakterizedir. G316A polimorfizmindeki CC, CG ve GG genotipleri, 4751

polimorfizmindeki CC, CT ve TT genotipleri ve UoG-CAST1 polimorfizmindeki CC, CG ve GG genotipleri arasındaki kombinasyonların WBSF değerlerinde önemli farklılıklar meydana getirdiği bildirilmektedir (Tablo-4). Ancak DNA markır testlerinin kullanımında popülasyona ait genotipik frekanslar, uygulanacak seleksiyon yöntemleri ve muhtemel antagonistik etkiler de göz önünde bulundurulmalıdır (100).

Tablo-4. Igenity TenderGENE markır testinde CAPN1 ve CAST gen polimorfizmlerindeki genotip kombinasyonlarına ait gevreklik skorları

Skor	UoG-CAST1	CAPN1-G316A	CAPN1-4751
10	CC	CC	CC
9	CC	CG	CC
8	CG	CC	CC
7	CC	GG	CC
7	CC	CC	CT
7	CC	CG	CT
7	CG	CG	CC
7	GG	CC	CC
6	CC	CG	CT
6	CG	GG	CC
5	CG	CC	CT
5	CG	CG	CT
5	GG	CG	CC
4	CC	CC	TT
4	CC	CG	TT
4	CC	GG	TT
4	CC	GG	CT
4	GG	GG	CC
4	GG	CC	CT
4	GG	CG	CT
3	CG	CC	TT
3	CG	CG	TT
3	CG	GG	TT
3	GG	GG	CT
1	GG	CC	TT
1	GG	CG	TT
1	GG	GG	TT

Kaynak: www.igenity.com/beef/profile/IgenityProfile.aspx (Erişim tarihi: 17.05.2015)

Hedeflenen özelliğe ait damızlık değerinin belirlenmesi ıslah ve seleksiyon çalışmalarının temelini oluşturmaktadır. Popülasyonda belirli bir özelliğe ait ortalamanın geçmiş yıllardaki ortalamaları arasındaki fark olarak da tanımlanan genetik ilerleme uygulanan seleksiyon ve ıslah programlarının başarısı ile doğrudan etkilidir. Holstein gibi uzun yıllar boyunca seleksiyona tabi tutulmuş ırklarda genetik yönelim süt verimi gibi başlıca fenotipik özelliklerde meydana gelmiştir. Bunun yanında allelik ve allel olmayan

genler arasında meydana gelen interaksiyonların farklı verim özellikleri üzerine etkili olabilmektedir. Bu tür gen etkilerinin ortaya konulması ve genetik ilerlemenin tahmini populasyon büyüklüğü ile yakından ilişkilidir. Populasyonu meydana getiren birey sayısı ne kadar fazla ise elde edilen sonuçların o oranda güvenilirliği artmaktadır. Verim özelliklerine etkili genlerin ekspresyon düzeylerine ait bilgiler, araştırmacılara hedeflenen ekonomik özelliğe yönelik yeni kombinasyonlar yaparak en etkili veya kullanılabilir allellerin seçilmesine olanak sağlamaktadır. Yetiştirme programları da bu bilgiler göz önünde bulundurularak yeniden dizayn edilebilir. Protein yapısını değiştirerek fenotipik varyasyonlara olanak sağlayan kodlayan gen bölgelerine (ekzon) ait fonksiyonel farklılıkların ya da DNA sekanslarındaki gen ekspresyonu düzeylerini kontrol eden değişimlerin belirlenmesi ve bu yapıların ekonomik özelliklere etkilerinin ortaya konulması kodlamayan bölgelerdeki (intron) durumun anlaşılmasına göre çok daha kolaydır. Genomdaki intron-ekzon yapılarının karşılaştırılması ve bu bilgilerin fonksiyonel varyasyonların belirlenmesinde kullanımı verim özelliklerini determine eden genlerin etki mekanizmasının ortaya konulmasında büyük yarar sağlayacaktır(91, 96, 101).

Kantitatif Karakter Lokusları ve SNP Kavramı

Son yıllarda çiftlik hayvanları ıslahı konusunda büyük gelişmeler sağlanmıştır. Bu gelişmeler özellikle moleküler markırların yetiştirme programlarında yaygın olarak kullanılma olanağı ile birlikte hız kazanmıştır (102). Et verimi ve kalitesi, süt ile yapağı verimi gibi ölçüme dayalı özellikler anlamına gelen kantitatif karakterler, etkileri küçük olan birçok genin ve çevresel faktörlerin büyük ölçüde etkisi altındadır. Bu karakterleri etkileyen genler ise kantitatif karakter lokusları (Quantitative trait loci: QTL) olarak adlandırılmaktadır. Ekonomik yönden önemli verim özelliklerini belirleyen kantitatif karakter lokuslarının ıslah programlarında kullanılması fenotipik verilere dayanarak yapılan seleksiyonun yerini genotipik verilere ve genomik profillere dayanan daha etkili seleksiyon modellerinin almasını hedeflemektedir (103). Et kalitesi gibi farklı ırklarda ve aynı ırkın farklı bireyleri arasında çok değişiklik gösteren kantitatif özelliklerin belirlenmesinde doğru seleksiyon modellerinin ve bu modellerin moleküler düzeyde gerçekleştirilmesi daha da büyük önem kazanmaktadır. Uzun yıllar boyunca birçok ülkede seleksiyona dayalı yetiştirme programları uygulanmış ve bunun sonucu olarak da fenotipik etkileri belirlenmiş olan birçok yeni mutasyon saptanmıştır (104). Irklar ya da bireyler

arasındaki fenotipik farklılıkların genetik temellerinin ortaya konulması generasyonlar boyunca populasyonlarda görülen genetik ilerlemenin belirlenmesi ve başarılı bir ıslah programının kullanımıyla mümkün olmaktadır (105). Moleküler düzeyde yapılan bu çalışmaların etkili olabilmesi için fenotipik varyasyonları kontrol eden gen markırlarının tanımlanması gerekmektedir. Bu amaçla iki farklı markır çeşidinin değerlendirilmesi gerekmektedir. Bu markırlardan ilki, kromozomda fenotipik özelliği determine eden gene oldukça yakın bulunan ve bir çok durumda markır ve verimi etkileyen gendeki allellerin kalıtımının birlikte gerçekleştiği ‘bağlı markırlar’ diğeri ise verim özelliğine ait varyasyonu kontrol eden fonksiyonel gen polimorfizmi olarak tanımlanan ‘direk markır’lardır (106). Bu markırların et sığırcılığında daha yaygın kullanım alanı bulunmaktadır. Bağlı markırlarda fenotip, markırdaki alleller ve özelliği determine eden gen allelleri arasındaki ilişki bilinmediği sürece önceden tahmin edilememektedir. Direk markırlarda ise fonksiyonel polimorfizm tanımlandığında allellerin belirli özellikleri populasyondaki bütün bireylerde önceden tahmin edilebilmektedir(96). Bu nedenle fenotipik varyasyonun önceden belirlenebilmesi için direk markır kullanımı populasyon düzeyinde bağlı markırlara göre daha faydalı olabilmektedir (106). Moleküler markırlar DNA’nın aktif bölgelerinden veya herhangi bir genetik kodlama fonksiyonuna sahip olmayan DNA dizilerinden geliştirilebilirler (107).

Seleksiyon programlarındaki gelişmeler ve özellikle DNA-tabanlı teknolojilerin ve seleksiyonda genetik markır kullanımı yetiştirme metotlarında hızlı ve etkili sonuçların alınmasında büyük rol oynamıştır. Bu sayede fenotipik seleksiyondaki yetersiz genetik ilerlemenin yol açtığı kayıplar da önlenmektedir. Et üretimine ilişkin özelliklerin geliştirilmesinde geleneksel yöntem, fenotipik verilerin istatistiksel analizlerinin yapılması esasına dayanmaktadır. Bu seleksiyon metodu, yüksek kalıtıma sahip özellikler için etkilidir. Ancak et endüstrisinde özellikle de kaliteye ilişkin veriler genellikle kesim sonrası elde edilmekte, analiz ve hedeflerin belirlenmesinde sorunlar yaşanmaktadır (101). Genotipik seleksiyon sayesinde bu ve benzeri özelliklerin kesim öncesi hatta fötal dönemde bile belirlenebilmesi ve genotipik etkinin ortaya konulması mümkün olabilmektedir (96). Markır yardımcı seleksiyon (Marker Assisted Selection: MAS), et verimi ve kalitesine etkili spesifik DNA varyasyonlarının etkili bir şekilde seleksiyonunu mümkün kılmıştır. Markır profilleri, verim özellikleri ile pozitif etkileri bulunan markırların populasyonda frekanslarının arttırılması şeklinde kullanılabileceği gibi istenmeyen özelliklerin eliminasyonuna da olanak sağlamıştır (108). Bu sayede daha

sonraki nesillerin genotiplerinin daha önceden belirlenebilmesi ve verim özellikleri bakımından direkt seleksiyonla sadece istenilen genotipi gösteren bireylerin sürüde tutularak arzu edilen allelerin frekanslarının artış göstermesi sağlanabilecektir (109-111).

Kalıtım derecesi düşük karakterlerde, karakterler arasındaki negatif korelasyonlar, eklemeli olmayan genetik varyasyon, gizli genetik varyasyonlar, seleksiyon indeksinin istenen etkiyi göstermediği durumlar olarak tanımlanırlar. Genetik değerlendirmede isabet derecesinin arttırılması, artan seleksiyon üstünlüğü ve generasyon aralığının azalması gibi etkileri nedeniyle genetik ilerlemeyi arttırmak amacıyla işaretleyiciler yardımı ile seleksiyon yöntemi son yıllarda yaygın olarak üzerinde durulan bir konudur. Karkas özellikleri gibi ekonomik yönden önem taşıyan kantitatif özellikler ile DNA polimorfizmleri arasında dikkat çekici ilişkiler bildirilmektedir (5, 112-115). İşaretleyiciler yardımıyla seleksiyon ile beklenen genetik ilerleme yaklaşık olarak %20 arttırılabilir (116).

Son yıllarda damızlık değerinin hesaplanmasında genom değişikliklerinin en yaygın şekli olan tek nükleotid polimorfizminden (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) artan bir şekilde yararlanılmaktadır. Polimorfizm; bir popülasyonda %1'den daha fazla rastlanan genetik değişiklik veya iki ya da daha fazla sayıda birbirinden ayrılmış farklı fenotiplerin varlığı olarak tanımlanabilir. Polimorfizmler genel olarak; tek nükleotid polimorfizmleri, mikrosatellit tekrarları ve insersiyon-delesyonlar olarak 3 grupta incelenir (117).

En sık rastlanan polimorfizm tek nükleotid polimorfizmidir. Belirli bir baz pozisyonunda meydana gelen tek nükleotid değişiklikleridir. Başka bir ifadeyle SNP, canlıların DNA sekansında meydana gelen küçük genetik değişiklikler ya da varyasyonlardır. Tüm genetik varyasyonların %90'ını oluşturur. SNP'ler transisyonlar (bir pürin bazın diğer bir pürin bazına veya bir pirimidin bazın diğer pirimidin bazına değişmesi) ya da transversiyonlar (bir pürin bazının bir pirimidin bazına değişimi veya tersi) gibi baz değişimleri şeklinde olabilir (107).

Tek nükleotid pozisyonundaki varyasyon terminolojisi allel frekansı ile açıklanmaktadır. Bir popülasyondaki tek baz değişiminin frekansı %1'den büyükse bu değişim SNP, %1'den küçük ise mutasyon olarak adlandırılır. Meydana gelen SNP'ler hayvanlarda verim kabiliyetlerinde ve elde edilen ürün kompozisyonunda değişim meydana getirebilir

(117). Ortalama her 1.000 bç'de bir adet SNP bulunmaktadır. SNP etkileri, sessiz, protein fonksiyonunu deęiřtiren veya bir aminoasit sekansını deęiřtiren yada regülatör sekansın fonksiyonunu deęiřtiren řeklinde olabilir. Gen kodlayan bölgelerde görülen SNP varyantları, bir proteinin aminoasit sekansını deęiřtirmekte ve protein fonksiyonunu doğrudan etkilemektedir. Bazı polimorfizmler regülatör sekansları deęiřtirmekte ve gen ekspresyonunu dolaylı yoldan etkilemektedir. Aday genlerde bulunan SNP'ler, mikrosatellitlere göre daha az polimorfik olmasına raęmen; protein sentezinde oynadıkları rol nedeniyle verim özellikleri üzerine direkt etkilerinin olduęu düşünölmektedir. SNP'ler, genetik çalıřmalarda hassasiyet ve tekrarlanabilirlik düzeylerindeki gösterdikleri olumlu sonuçlar nedeniyle tercih edilmektedirler (107).

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction: PCR)

Moleküler genetik çalıřmalar, PCR'ın 1986 yılında geliştirilmesiyle önemli derecede ilerleme kaydetmiştir (118). PCR, DNA'nın ortamda polimeraz enzimi ve reaksiyon için uygun maddelerin bulunması halinde in vitro olarak kısa sürede dizilimin karřıt sıralarını sentezlemesine olanak saęlayan ve DNA klonlamasını kolaylařtırarak rekombinant DNA arařtırmalarını etkin hale getiren bir yöntemdir (119-121). PCR ile DNA dizilerinin kopyalanması, gen yapılarına uygun özğün primerler kullanılarak özel bir DNA parçasının seçilip sadece bu bölgenin çoęaltılmasını ve bu sayede dizinin belirlenmesini kolaylařtırarak DNA'nın analiz edilmesini saęlamaktadır (120-122).

PCR Temel Bileřenleri

1. Matris veya Kalıp DNA

PCR iřlemi için bařlangıç materyali oluřturacak olan temel baz dizilimini oluřturan genetik materyal olarak tanımlanmaktadır. Kalıp DNA olarak genomik DNA, bakteri, faj ve plazmid DNA'ları, çeřitli gen bölgelerine ait DNA parçaları kullanılabilir. Kalıp DNA'yı oluřturacak olan bölge tek ya da çift zincir řeklinde reaksiyona katılabilir. Hedef bölge RNA'dan seçilecekse öncelikle reverse transkriptaz enzimi yardımıyla cDNA'ya (RNA komplementer DNA) çevrilerek kalıp olarak kullanılmalıdır. Kalıp DNA üzerindeki

hedef dizinlerin konsantrasyonu reaksiyonun durumuna göre deđiřmektedir. Kalıp olarak seilecek olan blgenin fonksiyonel olması gerekmektedir(119, 121-123).

2. DNA Polimeraz (DNA Polymerase)

DNA polimeraz enzimleri, kalıp DNA'ya tamamlayıcı ipliđi meydana getirmek üzere drt eřit deoksiribonkleotid trifosfattan polinkleotid zincirinin oluřmasını sađlayan reaksiyonu katalize ederler. PCR'da en yaygın olarak kullanılan polimeraz *Thermus aquaticus* adlı bakteriden elde edilen Taq DNA polimerazdır (124). Taq DNA polimerazın sıcađa direnli olma zelliđinden dolayı her denatrasyon siklusunda enzim ilavesi olmaksızın reaksiyonun sorunsuz řekilde devamı sađlanabilmektedir (119-122, 125).

3. Primerler

PCR iřlemi iin basamak oluřturan DNA'nın in vitro ortamda ođaltılmasına olanak veren 16-30 oligonkleotidden oluřmuř sekanslara primer adı verilmektedir (119-122, 125). PCR'da kullanılacak olan primerlerin kalıp DNA'ya zg olması reaksiyonun sorunsuz iřleyiři bakımından nemlidir (126).

4. Deoksiribonkleotid Trifosfat (dNTP) Karıřımı

Kalıp DNA'dan tamamlayıcı ipliđin sentezinin gerekleřmesi iin dATP, dTTP, dGTP, dCTP olarak bilinen drt tip deoksiribonkleozid karıřımına ihtiya vardır. Sentezlenecek hedef DNA'nın uzunluđu, sayısı, dngnn ka kez tekrarlanacađı dNTPs miktarı ile yakından ilgili olduđu iin uygun konsantrasyonların seimi nemlidir (118, 119, 121, 126).

5. Tampon Solüsyonlar

10 mM Tris (pH: 8,4), 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂, jelatin, %0,01 NP₄₀ ve Tween 20' dir (121). MgCl₂'nin PCR'in başarısı ve özgülüğü üzerinde büyük etkisi bulunmaktadır (126). MgCl₂ konantrasyonu denatürasyon, primerlerin bağlanması, enzim aktivitesi ve primer-dimer yapısı üzerine etkileri bulunmaktadır (119-122, 126).

PCR'in Temel Çalışma Prensipleri ve İşleyişi

PCR işlemi, denatürasyon, bağlanma ve uzamadan oluşan üç temel basamaktan meydana gelir. Reaksiyonun gerçekleşmesi sıcaklık, döngü ve zaman değerlerinin spesifik olarak ayarlanabildiği Thermal Cycler adı verilen cihazlarda meydana gelmektedir.

DNA sekanslarının tek iplikçikli hale geldiği basamak olan denatürasyon için kullanılan sıcaklık değerleri 92-95 °C arasında değişmektedir. Reaksiyon yaklaşık 3-5 dakika sürmektedir (119).

Denatürasyonu takiben tek iplikçikli hale dönüşen DNA parçalarının her birinin 3'-uçlarındaki (terminus) nükleotidlere primerlerin bağlanması uygun sıcaklık sağlanarak bu aşamada gerçekleşir. Bu işleme primer annealing adı verilmektedir. Bu aşamada sıcaklık 50-60 °C düzeyindedir. Reaksiyon yaklaşık 2-5 dakika sürmektedir. Annealing sıcaklığının hesaplanmasında oligonükleotid dizisindeki bazların sayısı temel alınmaktadır. Bu amaçla yaygın olarak (Adenin + Timin sayısı) x 2 + (Guanin + Sitozin sayısı) x 4 formülünden yararlanılmaktadır (119-121).

Uzama basamağında Taq DNA polimeraz enziminin optimum sıcaklık değeri olan 72°C kullanılmaktadır. Bu aşama ortamdaki tek iplikçikli DNA'dan tekrar çift iplikçiklerin in vitro koşullarda sentezlendiği aşamadır. Polimerizasyon işlemi 5' ucundan 3' ucuna doğru gerçekleşmektedir. Aşama süresi yaklaşık 5-15 dakika olarak uygulanmaktadır (119, 120).

PCR Sonuçlarının Değerlendirilmesi ve Elektroforez Yöntemi

PCR işlemi ile elde edilen PCR ürünü belli uzunluklardaki DNA sekanslarını içermektedir. Elde edilen sonuçların değerlendirilebilmesi için agaroz veya poliakrilamid jel elektroforez işlemi gerçekleştirilmelidir. Bu işlem, yüklü moleküllerin bir elektriksel alan uygulandığında, sıvı içeren bir ortamda hareket hızlarının ölçüldüğü bir yöntemdir. Eksi yüklü moleküller (anyonlar), artı yüklü elektroda; artı yüklü moleküller (katyonlar), eksi yüklü elektroda hareket ederler. Proteinler ve nükleik asitler elektriksel yük taşıdıkları için, elektroforez ile bu moleküllerin büyüklüğü, konformasyonu ve net yükleri belirlenmiş olur. Elektroforezde tampon sistemi kullanılır ve bir ortam (kağıt, selüloz asetat, nişasta jeli, agaroz jel veya poliakrilamid) ile bir doğru akım kaynağı gereklidir. Örnekler seçilen jeldeki kuyucuklara mikropipet yardımıyla uygulandıktan sonra, sisteme uygun bir süre için akım verilir. Moleküllerin yol almasından sonra, jel üzerinde ayrılmış olan bileşenler ethidium bromide, gümüş boyama gibi seçici bir boya ile görüntülenir (127).

Restriksiyon Parçacık Uzunluğu Polimorfizmi

Restriksiyon parçacık uzunluğu polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphisms: RFLP), bilinen mutasyonların saptanmasında kullanılan bir yöntemdir. Bu uygulamanın temelinde DNA'nın restriksiyon endonükleaz adı verilen enzimlerle özgül bölgelerden kesilmesi yer almaktadır. Moleküler çalışmalarda RFLP kullanımı ilk kez 1974 yılında adenovirüsler üzerinde yapılan mutasyon çalışmalarında olmuştur (128). Bazı özel bölgelerdeki nükleotid değişiklikleri (özellikle kodlayıcı olmayan bölgelerdeki) tek bir nükleotid çiftinde değişiklik veya birden fazla nükleotid çiftinin çıkarılması (delesyonu) veya araya sokulması (insersiyonu) şeklinde görülür ve bir restriksiyon enziminin kesim noktasını ortadan kaldırabilir ya da yeni bir kesim noktası yaratabilir. Bu şekilde yaratılan bir restriksiyon bölgesi, bir kromozomda bulunur fakat diğer kromozomda bulunmazsa, bu iki kromozom, restriksiyon parçalarının membrana aktarılan profillerinin analizi ile birbirinden ayırt edilebilir. Restriksiyon enzim kesimleri ile oluşturulan bu parça uzunluklarındaki farklılıklar RFLP olarak adlandırılır (22, 129-131). Bunlar kodominant alleller olarak kalıtılır. DNA'nın restriksiyon enzimlerinden bir veya birkaçı ile kesilmesi işleminin ardından ortaya çıkan parçacıklar, jel elektroforez yöntemi kullanılarak görüntülenebilmektedir (107, 128).

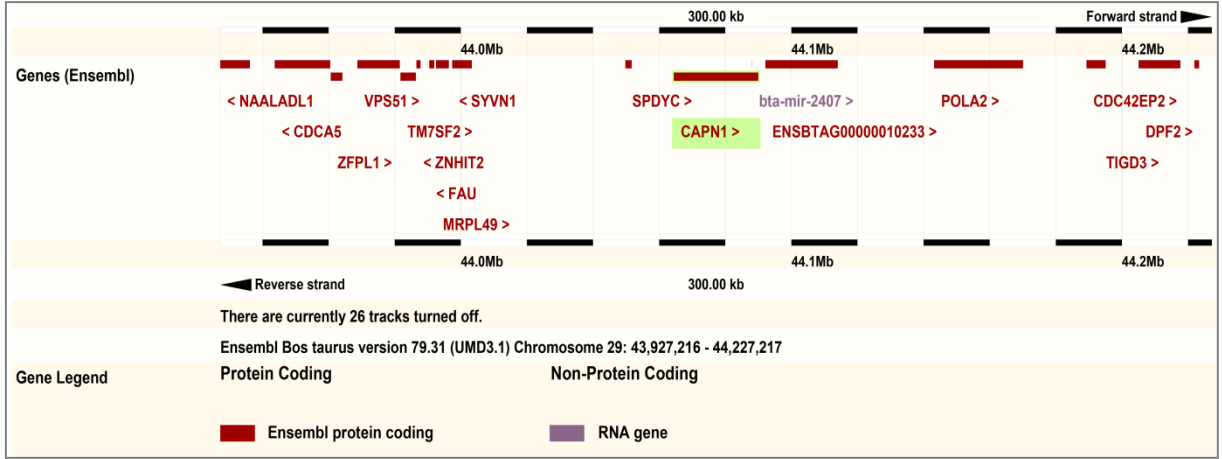
İncelenen Gen ve Polimorfizmlere Ait Bilgiler

Et verimi ve kalitesine önemli etkileri bulunan CAPN1, CAST, LEP, GHR genlerine ait genel bilgiler aşağıda sunulmuştur. Bu genlerde yer alan CAPN1- G316A, CAPN1-V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin lokalizasyonları Tablo 5’te yer almaktadır.

CAPN1 Geni

CAPN1 geni, mikromolar kalsiyum–aktive nötral proteaz geni olarak bilinir ve postmortem koşullarda myofibrillar proteinleri indirgeyen sistin proteaz (calcium-dependent cysteine protease) yani μ -calpain’ i indirger (GenBank No: AF252504 ve AF248054). Calpain aktivitesinin regülasyonu in vivo ortamda hücre içi (intracellular) kalsiyum (Ca^{+2}) konsantrasyonu ve endojen bir inhibitör olan calpastatinin etkisindedir (132). Postmortem gevreklik mekanizmasında en önemli genlerden birisi olarak tanımlanmaktadır (3, 14, 84, 86). CAPN1 geni bu enzimin büyük bir alt ünitesini (28-kDa) kodlamaktadır.

Sığır CAPN1 geni, kromozom 29’un telomerik ucunda 44,06-44,08 Mb arasında bulunmaktadır (16) (Şekil-4). Sığır populasyonlarında postmortem et gevrekliğine etkili olduğu bilinmektedir (133-135). Kromozom 29’da bulunan CAPN1 geninin etkisi kas metabolizması ve gelişimi açısından incelenmiş ve önemli genetik etkilerinin insan kromozomu ile benzerlikler gösterdiği saptanmıştır (136-138). Et gevrekliğindeki etkisini Z-bantlarının yakınında yer alan miyofibril proteinlerinin indirgenmesi ve parçalanması şeklinde gösterdiği bildirilmektedir (139). CAPN1 geninde yer alan 22 ekzon ve 21 intronun sekanslanarak incelendiği bir araştırmada birçok SNP belirlenmiştir. Bunların birçoğu intronik bölgelerde yer almakta ve aminoasit değişikliğine neden olmamaktadır (14).



Şekil-4. CAPN1 geninin sığır kromozomu 29'daki lokalizasyonu
Kaynak: www.ensembl.org/Bos_taurus/Location (Erişim tarihi: 10.05.2015)

CAPN1 Geni G316A ve V530I Polimorfizmleri

CAPN1 geni ekzon 9 pozisyon 947'de sitozin/guanin (C/G) ve amino asit pozisyonu 316'da glisin/alanin değişikliğine neden olan CAPN1- G316A (CAPN1: c.947 G>C) polimorfizmi ile ekzon 14 pozisyon 1588'de guanin/adenin (G/A) ve amino asit pozisyonu 530'da valin/izolöysin değişikliğine neden olan CAPN1- V530I (CAPN1: c.1588 G>A) polimorfizmleri meydana getirdikleri aminoasit değişimleri ile protein sentezinde etkili olmaktadır (140). CAPN1 geni G316A polimorfizmi 9. ekzonda 18. nükleotid değişimi ile V530I polimorfizmi ise 14. ekzonda 17. nükleotidin değişimi ile karakterizedir. Bu SNP'ler, *Bos taurus* kökenli sığır ırklarında et gevrekliğinde tespit edilen değişikliklerle ilişkilendirilmiştir (141). CAPN1 geninde *Bos taurus* ve *Bos indicus* sığır ırklarında sayısı 100'ü aşan SNP tespit edilmiştir (3, 142, 143). SNP G316A'da CC, CG ve GG olmak üzere 3 genotip; SNP 530'da ise AA, AG ve GG olmak üzere 3 genotip görülmektedir.

Corva ve arkadaşlarının (18) CAPN1 geni polimorfizmlerinin Angus ve Hereford ırklarında et gevrekliğine etkilerinin belirlenmesine yönelik yaptıkları araştırmada G316A polimorfizminin etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu görülmüştür. CAPN1- G316A polimorfizminde WBSF değerleri CC genotipinde CG genotipine göre %10, GG genotipine göre ise %14,6 daha düşük düzeyde bulunmuştur. CAPN1- V530I polimorfizminde ise GG genotipinin GA genotipine göre %11,5 daha yüksek WBSF değerlere sahip olduğu belirlenmiştir. Chung ve Davis (144) 94 baş Angus sığırın oluşturduğu popülasyonda benzer şekilde CAPN1 gen polimorfizmlerinin WBSF

değerlerine etkilerinin istatistiksel olarak anlamlı olduğunu bildirmektedir. Cheong ve arkadaşları (145) da Kore sığır ırkında (Hanwoo) CAPN1 geninin et kalitesine etkilerini belirlemek amacıyla DNA sekanslama yöntemi kullanarak yaptıkları çalışmada CAPN1 geninin önemli bir genetik faktör olduğu sonucuna varmışlardır. Soria ve arkadaşları (141) Brangus, Angus ve Brahman ırklarında CAPN1 gen polimorfizmlerinin populasyon genetiği çalışmalarında ve fenotipik verilerle ilişkilendirme analizlerinde önemli bir yer tuttuğuna dikkat çekmektedir. Tait ve arkadaşları (146) CAPN1, CAST ve Diaçilgliserol O-açiltransferaz 1 (Diacylglycerol O-acyltransferase 1: DGAT1 gen etkilerinin karkas kalite özelliklerine etkilerini araştırdıkları çalışmada ise et gevrekliğinde CAPN1 ve CAST genlerinin interaksiyon analizinde anlamlı sonuçlar bulunmamasına rağmen bu genlerin bireysel etkilerinin et gevrekliğinde belirleyici olduğu ve seleksiyon programlarında kullanılabileceğini bildirmektedirler. Lee ve arkadaşları (147) ise et gevrekliği, sululuk, aroma ve intramuscular yağ oranlarının Hanwoo sığır ırkında CAPN1 ve CAST genleriyle ilişkilerinin belirlenmesine yönelik gerçekleştirdikleri araştırmada CAPN1 gen etkisinin önemli düzeyde postmortem gevrekliği etkilediğini belirlemişlerdir. Li ve arkadaşları (4) Angus, Charolais, Hereford, Limousin ve Simmental ırkı olmak üzere toplam 243 baş sığırdan oluşan populasyonda DGAT1, LEP, Stearoyl CoA desaturaz 1 (Stearoyl-CoA Desaturase 1: SCD1), CAPN1 ve CAST gen etkilerinin pH, et rengi, mermerleşme derecesi ve su tutma kapasitesi ile ilişkisini belirlemiş ve CAPN1 gen etkisi ile 6. gündeki et rengi değerlerinin analizinde istatistiksel düzeyde anlamlı sonuçlar elde edildiğini bildirmişlerdir. Ribeca ve arkadaşları (148) ise Piemontese ırkı sığırlarda CAPN1- V530I polimorfizminde A allel etkisinin karkas randımanı ve a* (ette kırmızılık) değerinin yükselmesine neden olduğunu bildirmektedir. Bununla birlikte Pinto ve arkadaşları (149) Nellore ırkı sığırlarda CAPN-4751 polimorfizminin a* ve b* değerlerine toplamalı (additive) etkilerinin bulunduğunu ve T allelinin et rengi ile pozitif korelasyona sahip olduğunu belirlemişlerdir. Ancak G316A polimorfizminde benzer etki görülmemiştir. Pintos ve Corva (150) ise Arjantin’de Angus ırkı sığırlarda büyüme ve gelişme özellikleri ile CAPN1 ve CAST gen etkileri ilişkisini belirlemeyi amaçladıkları araştırmada hedeflenen gen markırlarının, doğum ağırlığı, ağırlık kazancı, 18 aylık yaştaki ağırlık ve bel gözü kası alanına pozitif etkileri olduğunu bildirmiştir. Aynı zamanda büyüme özellikleri ile et gevrekliği arasında da negatif korelasyon bulunduğu sonucu dikkati çekmektedir. Allais ve arkadaşları (84) ise Fransa’da 2011 yılında CAPN1 gen markırlarının 1114 baş Charolais, 1254 Limousin ve 981 baş Blonde d’Aquitaine ırklarında et gevrekliğine etkisini incelemiş ve CAPN1- G316A polimorfizminin etkisi Charolais

ırkında istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur. Limousin ırkında aynı polimorfizm gevreklik skorunda anlamlı bulunurken WBSF değerlerinde aynı sonuca ulaşamamıştır. Haplotip analizinde CAPN1 gen polimorfizmlerinin WBSF'ye etkilerinde anlamlı sonuçlar elde edilmiştir. CAPN1- G316A polimorfizminde C allelinin et gevrekliğini artırdığı belirlenmiştir. CAPN1- V530I polimorfizminde ise bu 3 sığır ırkında et gevrekliği bakımından istatistiksel düzeyde önemli etkiler saptanmamıştır. Lisa ve Di Stasio (151) ise Piemontese ve Belgian Blue ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin gözlenen düşük gen frekanslarından dolayı seleksiyon programlarında kullanımının ırk özellikleri göz önünde bulundurularak yapılması gerektiği rapor edilmiştir. Curi ve arkadaşları (152) da CAPN1- G316A polimorfizminin karkas ve et kalitesi özelliklerine etkisinin *Bos indicus* ve *Bos taurus*-*Bos indicus* melezlerinde pozitif sonuçlar vermesine rağmen genotipik frekansların yetersiz dağılım göstermesinden dolayı yetiştirme programlarında kullanımının sınırlı olabileceğini bildirmektedir. Buna karşılık Miquel ve arkadaşlarının (19) 2009 yılında 59 baş Brangus ve 20 baş Angus sığır ırkında büyüme özellikleri ve et kalitesinin CAPN1- G316A polimorfizmi ile ilişkisini araştırdıkları çalışmada ise bu markır, WBSF değerleri, canlı ağırlık ve günlük canlı ağırlık artışında çok önemli farklar meydana getirmiş ve belirlenen fenotipik özellikler bakımından CAPN1- G316A potansiyel markır olarak kullanılabilirliği rapor edilmiştir. GG genotipi taşıyan hayvanların CC hayvanlara göre 39 kg daha fazla canlı ağırlığa ve 1,88 kg daha yüksek WBSF değerlerine sahip olduğu belirlenmiştir. Bonilla ve arkadaşları (17) tarafından Meksika'da 2010 yılında yapılan bir başka çalışmada *Bos indicus* ve *Bos taurus* sığır ırkları ile bunların ticari olarak kullanılan melezlerinden oluşan populasyonda intramuscular yağ oranı ve WBSF değerleri göz önüne alındığında CAPN1- G316A polimorfizminin istatistiksel düzeyde önemli farklar yarattığı ve yetiştirme programlarında geniş populasyonlarda moleküler düzeyde incelenmesi gerektiği belirlenmiştir. CG genotipinin GG'ye göre daha yumuşak et oluşumuna neden olduğu saptanmıştır. Page ve arkadaşlarının (14) CAPN1 geni polimorfizmlerinin inceledikleri araştırmada intron bölgesindeki 38 SNP ve ekzon bölgesinde aminoasit değişikliğine neden olan CAPN1- G316A ve CAPN1- V530I polimorfizmleri düşük et gevrekliği (yüksek WBSF değerleri) ile ilişkilendirilmiştir. CAPN1 geninin QTL çalışmalarında et kalitesi özellikleri açısından değerli bir markır olduğu ve farklı akrabalık düzeylerindeki geniş populasyonlarda araştırılması gerektiği sonucuna varılmıştır. Benzer sonuçlar, Aviles ve arkadaşları (153) tarafından 2009 yılında İspanya'da et endüstrisinde kullanılan yerli sığır ırklarında (Retinta, Avilena ve Morucha) yapılan araştırmada da elde edilmiştir. Kaneda ve

arkadařlarının (154) ekonomik zelliklere etkili gen polimorfizmlerini *Bos indicus* ve *Bos taurus* sığır ırklarında inceledikleri bir alıřmada, Angus, Hereford, Holstein, Japonya'ya ait yerel ırklar ve Kore sığırı olmak zere toplam 8 ırk ele alınmıř ve *Bos indicus* kkenli ırklarda CAPN1 geni C allelinin bulunmadığı, bununla birlikte CAPN1- G316A polimorfizminin et kalitesi konusunda nemli bir belirleyici olarak kabul edildiğı bildirilmektedir.

CAPN1 geni yapılan arařtırmalarda et kalitesi zelliklerinde nemli bir yere sahiptir. Farklı populasyonlarda gen etkileri ile ekonomik zellikler arasında iliřkiler belirlenmiř ve CAPN1'in zellikle et gevrekliğı bařta olmak zere kalite zelliklerinde belirleyici bir markır olarak kabul edildiğı ve ıřlah programlarında kullanımının yararlı olacağı bildirilmektedir. CAPN1 geninin Holstein populasyonlarında et verimi ve kalitesine etkilerini konu alan arařtırmalar yetersizdir. Trkiye gibi st ırkların erkeklerinin nemli bir besi materyali olarak dikkati ektiğı lkelerde CAPN1 geni ve ekonomik zellikler arasındaki iliřki arařtırılmaya deęer bir konu olarak grlmektedir.

Tablo-5. Genotiplendirilen SNP'lere ait bilgiler

Gen	Kromozom	SNP	Gen Bank Acc. No	SNP Lokalizasyonu	SNP ID	Transkript Pozisyonu	Kodlayan Sekans Pozisyonu	Protein Pozisyonu	Amino asit	Kodon
CAPN1	29	CAPN1-G316A	AF252504	Ekzon 9	rs17872000	947	947	316	G/A	GGC/GCC
		CAPN1-V530I	AF248054	Ekzon 14	rs17871051	1588	1588	530	V/I	GTC/ATC
CAST	7	CAST-S20T	AF117813	Ekzon 1C/1D	rs459238462	189	61	20	S/T	AGC/ACC
LEP	4	LEP-A80V	AF536174.1	Ekzon 3	rs29004508	286	239	80	A/V	GCG/GTG
GHR	20	GHR-S555G	AF140284	Ekzon 10	rs109300983	1700	1663	555	S/G	AGC/GGC

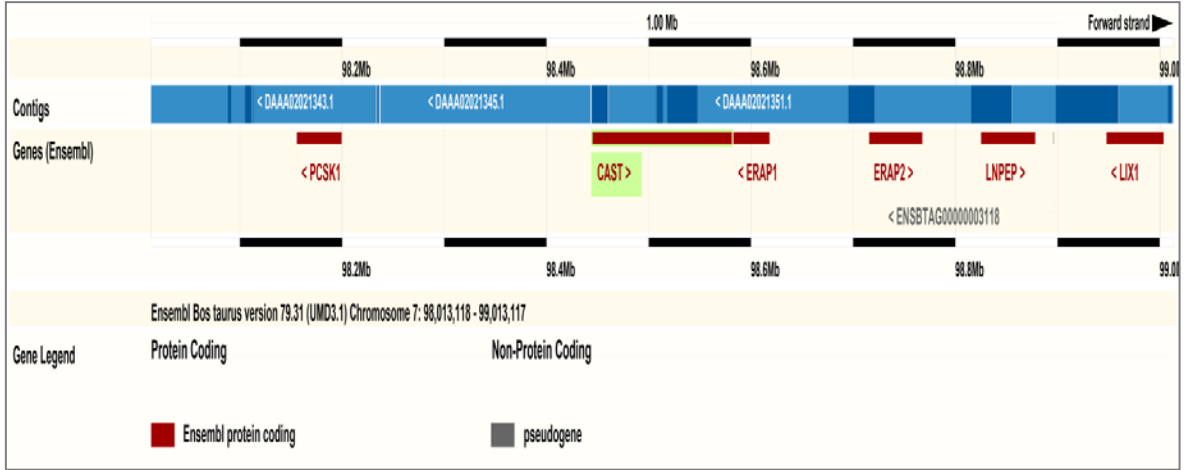
Kaynak: www.ensembl.org/Bos_taurus/Location (Erişim tarihi: 10.05.2015)

CAST Geni

Calpastatin (CAST) geni, calpainlerin spesifik bir inhibitörüdür. Calpain sistemi, myoblast migrasyonu ve füzyonu, protein dönüşümü ve kas gelişimi regülasyonunu kapsamaktadır (23, 155). CAST geni, postmortem dönemde myofibrillerin proteolizisini calpain aktivitesinin regülasyonunu sağlayarak meydana getirmektedir (139). Sığır CAST geni, kromozom 7'de 117,8 cM pozisyonunda haritalanmıştır (137). 98,44-98, 58 Mb arasında yer almaktadır (Şekil-5). Bu gen, sığır iskelet kaslarının farklı 5 bölgesi köken alınarak dizi analizi yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. Sığır populasyonlarında yapılan araştırmalar CAST geninin et kalitesi özelliklerinde aday gen olarak değerlendirildiğini göstermektedir (4). Yükselen postmortem CAST aktivitesi, et gevrekliğinin azalması ile yakından ilişkilidir. Bu nedenle CAST geni et verimi ve kalitesi özelliklerinin belirlenmesinde potansiyeli yüksek bir gen olarak tanımlanmaktadır (4, 84, 156).

Calpain gen ailesi ve inhibitörleri olan calpastatin, protein-protein interaksiyonlarına sahip olmaları nedeniyle epistatik etkilerin incelenmesi konusunda iyi bir örnek teşkil etmektedir. Bu gen ailesi geniş düzeyde fenotipik etkiler ile ilişkilendirilmektedir (157). Bu fenotipik varyasyonlara örnek olarak insanlarda diabet, egzersiz kaynaklı kas hasarı, dejeneratif nörolojik hastalıkların patolojisi ile çiftlik hayvanlarında fertilité ve kesim sonrası görülen postmortem deęişiklere baęlı olarak gelişen gevreklik düzeylerindeki farklılıklar gösterilebilir (15, 132, 158-161).

Et gevreklięi gibi kalite özellikleri tüketicinin seçiminde büyük rol oynamakta ve et endüstrisinde önemli bir yer tutmaktadır. Et gevrekliğindeki farklılıklar genetik yapının yanı sıra kesim koşulları ve kesim sonrası depolama işleminin optimum koşullarda gerçekleşmesini de içine alan sürecin bir bütünü olarak tanımlanmaktadır. Kesim işlemini takiben ette meydana gelen sertlięin kas yapısında sarkomer uzunluęu ile yakından ilişkisi bulunmaktadır (15). Sarkomer uzunluęundaki azalma ette sertlięin artmasıyla sonuçlanmaktadır. Rigor mortis oluşumu ile birlikte meydana gelen postmortem deęişiklikler etteki tekstür özellikleri ve kalite parametrelerini etkilemektedir. Bu nedenle CAST aktivitesinin düzeyleri, kesim sonrası dönemde ve depolanma sürecinde önem kazanmaktadır (15, 156). Myofibrillerin proteolizisini postmortem dönemde sağlayarak kalite unsurlarını büyük ölçüde etkileyen CAST geni, seleksiyon programlarında kullanılma potansiyeli yüksek bir markır olarak dikkati çekmektedir (22, 84, 155, 162).



Şekil-5. CAST geninin sığır kromozomu 7’deki lokalizasyonu
Kaynak: www.ensembl.org/Bos_taurus/Location (Erişim tarihi: 10.05.2015)

CAST- S20T Polimorfizmi

CAST geninde ekzon 1C/1D ve kodlayan sekans pozisyonu 61’de yer alan guanin/sitozin değişimi (G/C), 20. amino asit pozisyonunda Serin-Treonin (S/T) değişikliğine neden olmaktadır (Gen Bank No: AF117813). Sığır CAST sekansı %89 oranında koyun, %82 oranında da insan sekansı ile benzerlik göstermektedir (22, 84). Aminoasit değişimine neden olarak protein sentezinde farklılık yaratan bu polimorfizmin et kalitesine etkileri farklı sığır populasyonlarında araştırılmaya devam edilmektedir. CAST- S20T polimorfizminde GG, GC ve CC genotipleri bulunmaktadır.

CAST geninin et gevrekliği, su tutma kapasitesi, renk, sululuk ve yağ asidi profillerinde etkili olduğu saptanmıştır (32, 86, 163, 164). Juszczuk-Kubiak ve arkadaşlarının (22) CAST- S20T polimorfizminin Angus, Charolaise, Limousin, Simmental, Hereford ve Holstein sığır ırklarında et kalitesiyle ilişkisini inceledikleri çalışmada polimorfizmin pişirme kaybı, renk parametreleri, total hem pigmenti içeriği ve gevrekliğe etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olduğu sonucuna varılmıştır. Sevane ve arkadaşları ise (163) Avrupa sığır ırklarında büyüme, kas-yağ profili ve et kalitesi özelliklerinin aday genlerle ilişkisinin araştırıldığı çalışmada CAST geni etkisinin karkas yağ skorunda önemli olduğunu saptamışlardır. Lee ve arkadaşları (147) Hanwoo sığır ırkında CAST geni 182 A>G polimorfizminin etteki sululuğa etkisinin istatistiksel anlamda önemli olduğunu bildirmişlerdir. Diğer polimorfizmler ile et kalitesi özellikleri arasında herhangi bir ilişkiye rastlanmamıştır. Li ve arkadaşları (165) Hanwoo ırkına

büyük oranda benzerlik taşıyan Çin'in Yanbian sığır ırkında CAST geninin gevreklik, pişirme kaybı ve renk parametrelerine etkisinin anlamlı olduğunu bildirmektedir. Tait ve arkadaşları (5) ise Angus ırkında CAST gen etkisini gevreklik, ette kırmızı renk oluşumu ve düşük yağ oranı ile ilişkilendirmişlerdir. Bununla birlikte Li ve arkadaşlarının (4) Angus, Charolais, Hereford, Limousin ve Simmental ırkı olmak üzere toplam 243 baş sığırdan oluşan popülasyonda DGAT1, LEP, SCD1, CAPN1 ve CAST gen etkilerinin pH, et rengi, mermerleşme derecesi ve su tutma kapasitesi ile ilişkisini belirledikleri çalışmada CAST geni ile fenotipik veriler arasında herhangi bir korelasyona rastlanmamıştır. Tait ve arkadaşlarının (146) CAPN1, CAST ve DGAT1 genlerinin karkas kalite özelliklerine etkilerini araştırdıkları çalışmada et gevrekliğinde CAPN1 ve CAST genlerinin interksiyon analizinde anlamlı sonuçlar bulunamamasına rağmen bu genlerin bireysel etkilerinin et gevrekliğinde belirleyici olduğu ve seleksiyon programlarında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır. Curi ve arkadaşları (152) *Bos indicus* ve *Bos taurus-Bos indicus* melezlerinde MLD alanı, kabuk yağı kalınlığı, intramuscular yağ oranı, WBSF ve Myofibrillar Fragmentation Index (MFI) analizlerinde fenotipik veriler ile incelenen CAST geni polimorfizmleri arasında istatistiksel düzeyde anlamlı sonuçlar elde edilmemesine rağmen gevrekliğin MFI değerleriyle birlikte ele alınmasında pozitif korelasyona dikkati çekmektedirler (152). Pinto ve arkadaşları (166) CAST geni ile 7, 14 ve 21. günlerdeki WBSF değerleri arasında ilişkinin bulunduğunu, CAPN-4751 polimorfizmi ile CAST arasında additif ve epistatik interaksiyonların bulunduğunu ve yetiştirme programlarında bu markırların değerlendirilmesi gerektiğini bildirmişlerdir. Schenkel ve arkadaşları (156) CAST geninin karkas ve et kalitesi ile ilişkisinin ticari sürülerde incelendiği araştırmada CAST geninin postmortem olgunlaşma sürecinde gevrekliği önemli derecede etkilediğini saptamışlardır. Lisa ve Di Stasio (151) Piemontese ve Holstein ırklarında CAPN1 ve CAST gen varyasyonları açısından önemli farklar olduğunu ve daha geniş popülasyonlarda verilerin doğrulandığı takdirde seleksiyon programlarında markır olarak kullanılabileceğini belirtmektedir.

Holstein ırkında CAST geninin süt verimi, fertilitite ve yaşam boyu verim özelliklerine istatistiksel düzeyde anlamlı olarak saptanan çalışmalar bulunmasına rağmen Holstein ırkında et verimi ve kalitesi özelliklerine ait yeterli sayıda çalışma bulunmamaktadır (159, 167). CAST, et kalitesi üzerine etkileri nedeniyle seleksiyon programlarında potansiyeli yüksek bir gen olarak bildirilmektedir (21).

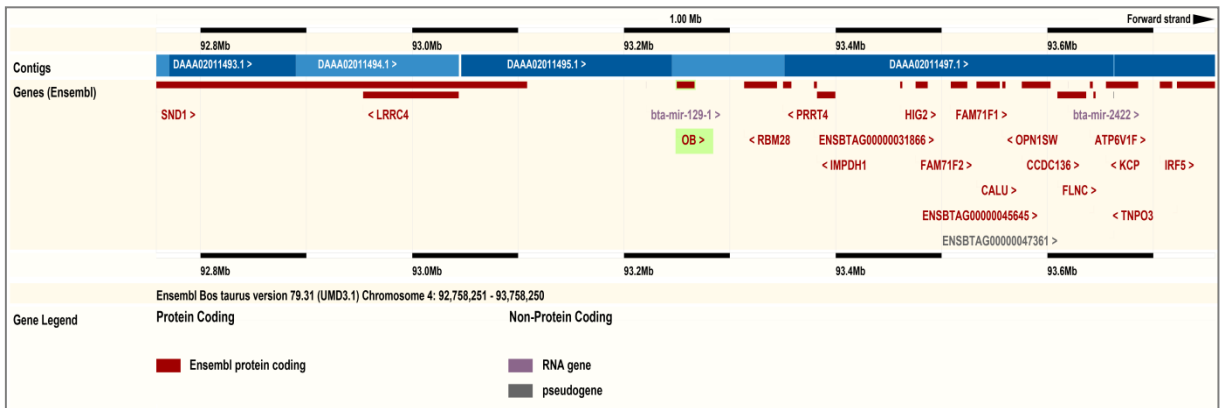
LEP Geni

Leptin, ismini Yunanca 'leptos' (ince, zayıf) kelimesinden köken almaktadır. İsminden de anlaşılacağı üzere vücut ağırlığının düzenlenmesi ile yakından ilişkilidir(168). Memeli leptini 14-16 kDa ağırlığında peptid yapıda bir hormondur. Etkisini LEP reseptörleri aracılığıyla gerçekleştirir. LEP geni, 1994 yılında LEP reseptörü ise 1995 yılında bulunmuştur. 1994 yılında yüksek düzeyde obezite ve infertilite fenotipi gösteren obez (ob/ob) farelerde görülen mutasyon, pozisyonel klonlama yöntemi kullanılarak belirlenmiştir(169). Obezite geni (Obese gene: Ob) memelilerde oldukça konservatif bir yapı göstermektedir. Sığır ve domuz LEP geni yaklaşık %89 oranında insanla benzerlik göstermektedir (170). LEP reseptörü, sitokin reseptör ailesinin bir üyesidir. Toplam 6 adet reseptör tanımlanmıştır (Ra, Rb, Rc, Rd, Re, Rf). Bu reseptörlerden, beyin, yağ doku ve plasentada bulunan Ob-Ra, LEP'i kan-beyin bariyerinden ve plasentadan geçirmekte; hipotalamus ve plasentada bulunan Ob-Rb, sinyal dönüştürücüsü olarak; beyin ve yağ dokuda bulunan Ob-Rc, LEP için bağlayıcı proteinler olarak görev yapmaktadır. Ob-Rc, ayrıca fötusa LEP aktarımını sağlamaktadır. Kalp, yağ doku ve plasentada bulunan Ob-Re ve beyinde düşük düzeylerde bulunan Ob-Rf'nin etkileri halen araştırılmaya devam etmektedir (168). İnsanlarda da, fare obezite genleri ile homolog genlerde ya da aynı metabolik yolda etkili genlerde mutasyon tanımlanmıştır. Bunlar, LEP ve LEP reseptörü, proopiomelanokortin (POMC), melanokortin-4 reseptör (MC4R), ve prokonvertaz 1 enzimini (PC1) kodlayan genlerdir. Bu genler tarafından kodlanan proteinler, besin alımını regülasyon yolağındadır (171-173). Ayrıca büyüme hormonunun (Growth Hormone: GH), yağ dokuda LEP reseptörlerini arttırdığı belirlenmiştir. LEP, sentezi ve ekspresyonu adipoz doku ile ilişkilendirilmiştir. LEP'in, iştahın düzenlenmesi, enerji kullanımı ve büyüme oranı gibi konularda önemli bir rol oynadığı tanımlanmıştır (25). LEP, etkisini gıda alımını azaltarak vücut ağırlığının artışını sınırlama yoluyla göstermektedir. Ayrıca plazma düzeylerinin vücut yağ dokusunu yakından etkilediği ve reproduktif özelliklerde de önemli bir rol oynadığı belirtilmektedir (24).

Sığır LEP geni, kromozom 4'te 93,24-93,26 Mb arasında yer almaktadır (Şekil-6). Bu kromozom bölgesinde oldukça yüksek polimorfik mikrosatellit markırlarının bulunduğu belirlenmiştir (174, 175). Sığır LEP geni, 3 ekzon ve 2 intron içermektedir (176). Sadece 2 ekzon protein oluşumuna katılmaktadır. Genin 501 nükleotidden oluşan kodlayan

bölgesi, 2 kb'lik bir intron tarafından ayrılan ekzon 2 ve 3 arasında yer almaktadır. Genin promoter bölgesi ise yaklaşık 3 kb'den oluşmaktadır (177, 178).

Vücut ağırlığının düzenlenmesi, yağ doku gelişimi ve enerji metabolizmasında önemli bir rol oynayan LEP geni etkilerinin moleküler düzeyde araştırılmasının, insanlarda obezite sorununun önlenmesi, çiftlik hayvanlarında ise ekonomik yönden önem taşıyan karakterlerin mekanizmalarının anlaşılması konusunda yararlı olacağı belirtilmektedir (179). LEP düzeyi ile çiftlik hayvanlarında üretim özellikleri arasında ilişkilerin ortaya koyulduğu çok sayıda çalışma dikkati çekmektedir. Serum LEP düzeyleri ile etçi sığırlarda kabuk yağı kalınlığı, koyun ve domuzlarda leptin seviyeleri ile yem tüketimi ve büyüme oranı arasındaki pozitif korelasyonlar rapor edilmiştir (180-182). LEP geni, aynı zamanda süt verimi ve bileşimini de etkilemektedir (183). BM1500 mikrosatelliti varyantları ile sığırlarda yağ oranı arasındaki ilişki dikkat çekicidir. Bunun yanı sıra sığır LEP geninde intron ve ekzonlarda çok sayıda SNP rapor edilmektedir (177, 184). Ekzon 2 pozisyon 305'te yer alan yer alan C/T değişimi ile karakterize olan SNP sistein-arjinin şeklinde belirlenen aminoasit değişimine neden olmaktadır (184). Aynı ekzon bölgesinde pozisyon 252'de yer alan A/T değişimi ile karakterize SNP ise fenilalanin-tirosin değişimine sebep olmaktadır (179).



Şekil-6. LEP (OB) geninin sığır kromozomu 4'teki lokalizasyonu
Kaynak: www.ensembl.org/Bos_taurus/Location (Erişim tarihi: 10.05.2015)

LEP- A80V Polimorfizmi

Ekzon 3 pozisyon 239'da yer alan ve sitozin/timin (C/T) deęişimiyle karakterize olan LEP- A80V (LEP c.239C>T) polimorfizmi (Gen Bank No: AF536174.1), protein pozisyonu 80'de alanin/valin şeklinde belirlenmiş olan aminoasit deęişikliğine neden olmaktadır (185). Bu polimorfizm sekrese edilen proteine göre yapılan adlandırmada A59V olarak da tanımlanmaktadır.

Doran ve arkadaşlarının (51) karkas performansı ile ilişkilendirilen sığır genom bölgelerinin incelenmesine yönelik 5.705 baş Holstein sığır ırkında 54.001 SNP'den oluşan panel kullanarak gerçekleştirdikleri ve aday genler ile biyolojik ve metabolik yolların belirlenen verim karakterleriyle birlikte ele alındığı çalışmada LEP geninin yağ metabolizması-depolanması ve büyüme konusunda önemli bir rol oynadığı bildirilmiştir. Clempson ve arkadaşları (26) LEP geni ile büyüme, fertilitite ve süt verimi arasındaki ilişkiyi saptamak amacıyla kullanılan 509 baş Holstein sığırdan oluşan populasyonda A1457G ve A80V polimorfizmlerinin iskelet gelişimine, UASMS1, UASMS2, A1457G polimorfizmlerinin fertilititeye ve A80V polimorfizminin ise süt ve et verimine etkili olduğunu belirlemişlerdir. Silva ve arkadaşları (27) tarafından 2014 yılında LEP gen etkilerinin büyüme ve karkas özelliklerine etkisinin belirlenmesi amacıyla 100 baş Nellore sığır ırkında yapılan bir başka çalışmada ise LEP- A80V polimorfizminin but yağ kalınlığı ve kesim sonrası et rengi değerleriyle ilişkisi istatistiksel düzeyde önemli bulunmuştur. Pinto ve arkadaşları (149) ise aynı ırkta ekzon 2'de yer alan C/T deęişimi ile karakterize olan E2FB polimorfizminin sızıntı su kaybına (Drip loss: DL) etkisinin 7 gün boyunca olgulaşmaya bırakılmış etlerde anlamlı olduğunu saptamışlardır. Öztabak ve arkadaşları (186) LEP gen polimorfizmlerini 40 baş Güney Anadolu Kırmızısı, 40 baş Doęu Anadolu Kırmızısı ve 40 baş Boz ırktan oluşan Türkiye yerli sığır ırkları populasyonunda ekzon 2, ekzon 3 ve intron 2'de yer alan hedef bölgelerini PCR-RFLP yöntemiyle incelenmiştir. Canlı ağırlık artışı ve süt verimi özellikleriyle ilişkilendirilen LEP- A80V polimorfizmi için yerli sığır ırkları arasında T allel frekansı oldukça yüksek bulunmuştur. Lagonigro ve arkadaşları (179) ise Holstein, Angus, Hereford, Highland ve Charolais ırkı sığırlardan oluşturulan deneysel populasyonda LEP geni ekzon 2 pozisyon 252'de yer alan A/T deęişimiyle karakterize polimorfizm için AT genotipine sahip hayvanların yem tüketiminin AA genotipine sahip hayvanlardan %19 daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Tian ve arkadaşları (187) Simmental melezlerinde LEP gen polimorfizmlerinin karkas verimi ve et

kalitesine etkisinin istatistiksel olarak önemli olduğunu ve seleksiyon programlarında değerlendirilmesi gerektiğini bildirmişlerdir. Fortes ve arkadaşlarının (188) 2009 yılında yağ depolanması ve et gevrekliğine etkili gen polimorfizmlerinin 147 baş *Bos taurus* ve *Bos indicus* kökenli sığır ırkında ve bunların melezlerinde belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada LEP geni ile MLD alanı arasında herhangi bir korelasyona rastlanmazken bu veriyle serum LEP düzeyleri arasında negatif korelasyon belirlenmiştir. *Bos taurus* melezlerinde (1/2 Angus + 1/4 Charolais + 1/4 Tarentaise), LEP serum konsantrasyonlarıyla karkas kompozisyonu (mermerleşme, kabuk yağı kalınlığı, böbrek-kalp yağı ve pelvik yağlar) arasında istatistiksel düzeyde anlamlı sonuçlar bildirilmiştir. Nkrumah ve arkadaşları (189) serum LEP konsantrasyonlarının karkas özellikleri ve performansa fenotipik ve genotipik etkilerini 464 baş sığırdan (fenotipik verileri alınamayan hayvanlar ile birlikte toplam 813) incelemiş ve kabuk yağı kalınlığı, mermerleşme derecesi, MLD alanı değerleri ve yağsız et verimi değerlerinde genetik korelasyonlar saptamışlardır. Fenotipik korelasyonda da benzer sonuçlar elde edilmiştir.

LEP geni promotor bölge polimorfizmlerinin et verimi ve kalitesinde önemli etkileri olduğu bildirilmektedir. Nkrumah ve arkadaşları (190), LEP geni promotor bölge polimorfizmleri serum leptin düzeyleri, büyüme, canlı ağırlık, yem tüketimi, beslenme davranışı ve karkas özellikleri ile ilişkisinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları araştırmada, promotor bölge pozisyon 528'de bulunan C/T ile karakterize UASMS2 polimorfizminin serum leptin düzeyi, kabuk yağı kalınlığı ve mermerleşmeye, pozisyon 1759'da C/G ile karakterize UASMS3 polimorfizminin ise yem tüketimi, büyüme oranı ve canlı ağırlığa etkili olduğunu ve her iki polimorfizmin de beslenme süresinin artışına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu bildirmişlerdir. Li ve arkadaşları (4) Angus, Charolais, Hereford, Limousin ve Simmental ırkı olmak üzere toplam 243 baş sığırdan oluşan populasyonda DGAT1, LEP, SCD1, CAPN1 ve CAST gen etkileri ile pH, et rengi, mermerleşme derecesi ve su tutma kapasitesi arasındaki ilişkisini incelemiş ve LEP geni UASMS2 polimorfizminin 6. gündeki et rengi değerlerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu bildirmişlerdir.

De Vuyst ve arkadaşları (191) 2008 yılında Amerika'da yaptıkları çalışmada LEP geni ekzon 2 pozisyon 305'te yer alan C/T polimorfizmi ile buzağuların sütten kesme ağırlığı arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişkinin bulunduğunu bildirmişlerdir. Sonuçlar CT ve TT genotipe sahip ineklerin buzağularını CC genotipe sahip olanlara göre daha

yüksek ağırlıklarda süttten kestiklerini göstermektedir. Ancak benzer etkiler A80V polimorfizminde belirlenmemiştir.

Araştırmalar LEP geninin canlı ağırlık artış regülasyonu, yağ depolama mekanizmasına etkileri sayesinde et kalitesi ve karkas özellikleri açısından önemli rol oynadığının ve seleksiyon programlarında değerlendirilmesi gerektiğini bildirmektedir (176). LEP gen varyasyonları ırklar arasında hatta coğrafi bölgelerde değişiklik göstermekte olduğu için etkilerinin farklı populasyonlarda değerlendirilmesi gerekmektedir. Ayrıca süt verimi ve bileşimi üzerine Holstein ırkında LEP gen etkisinin araştırıldığı çok sayıda çalışma bulunmasına rağmen karkas özellikleri ve et kalitesi ile ilişkisi konusunda bu sayı oldukça azdır. Holstein ırkının sütçü özelliklerinin yanında önemli bir et kaynağı olarak kullanılan ülkelerde bu araştırmalar daha da değer kazanmaktadır (51).

GHR Geni

Büyüme hormonu (Growth Hormone: GH), metabolizmanın düzenlenmesi ve memelilerde büyüme ile gelişme kontrolünü sağlayan; büyüme hormonu salgılatıcı hormon (GHRH), insülin benzeri büyüme faktörü I ve II (IGF-I ve II) ve bu hormonların reseptörlerinden oluşan ve ‘somatotropik eksen’ adı verilen reaksiyonlar zincirinin en önemli unsurlarından birisidir (192). Hipofizeal GH sekresyonu, hipotalamustan salgılanan iki adet nöropeptid tarafından düzenlenmekte, GH salgılatıcı hormon sekresyonu uyarırken, somatostatin ise GH üzerinde inhibe edici bir özellik göstermektedir. Hipofizden salınımının ardından GH, öncelikle hepatik GH reseptörüyle uyumlu proteine; daha sonra özellikle karaciğerde bulunan hücre yüzeyindeki büyüme hormonu reseptörüne (GHR) bağlanır. GHR, tirokin kinaz JAK2 (Janus Kinase) sistemini uyararak etkisini metabolik yollar üzerinde göstermektedir (193, 194). GH, büyüme ve gelişimin kontrolünü hücre metabolizması ve farklılaşması, hücre bölünmesi ve protein sentezi gibi anabolik reaksiyonlar zincirinde düzenleyici olarak görev yaparak gerçekleşmektedir. GH, sığırlarda 191 aminoasitten oluşan tek zincirden oluşan bir polipeptittir (194). Lipid, karbonhidrat azot ve mineral metabolizmasına GH’nin etkileri lipogenez, glikoz ve aminoasit mekanizmalarını düzenleyerek glikozun hücre içinde glikojen halinde depolanması şeklinde kendini gösteren insülin benzeri etkiler ve lipolizisi

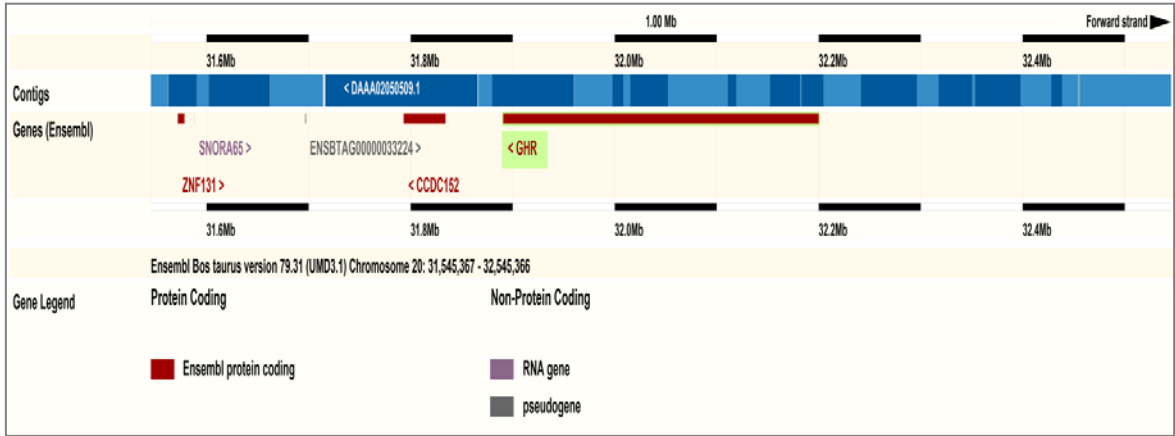
uyararak hiperglisemi ve hiperinsülinemiye neden olarak yağsız kas miktarını arttırmak şeklinde gerçekleşen insülin karşıtı etkiler olarak tanımlanmaktadır (192). GH'nin ayrıca kemik ve kıkırdak yapısı, kalp gelişimi, immun sistem ve stres kontrolü üzerine etkileri olduğu bildirilmiştir (195-197).

GHR, hedef hücrelerde myogenik-stimülasyon sinyalinin hücre membranı boyunca iletilmesini ve IGF-I gibi birçok genin transkripsiyonunu arttırması şeklinde biyolojik aktivitelerini gerçekleştiren GH'ye reseptör olarak yapmaktadır (198). Sığır GHR geni, kromozom 20'de 33,90-34,20 Mb arasında bulunmaktadır (199) (Şekil-7). Kodlamaya katılan ve ekzon 2-10 olarak adlandırılan 9 adet ekzon içermektedir. Ayrıca 5' bölgesinde 1A-II olmak üzere kodlamaya katılmayan 9 ekzon tanımlanmaktadır (200). Kodlamaya katılmayan bölgedeki ekzonlar, alternatif splicing mekanizmasına sahip olup her biri kendine özgü transkripsiyon başlama bölgesine sahiptir. Bu ekzonlardan 1A, 1B ve 1C'nin özellikleri iyi bir şekilde tanımlanmış, 1D-II arasında yer alan ekzonlar ise ancak 'Rapid amplification of cDNA end'(RACE) analizleri ile tespit edilebilmiştir (201). Sığır GHR geninde ekzon 1A'nın aksi yönünde 1,2 kb uzunluğunda retrotranspozonal LINE-1 bulunmaktadır. LINE-1, Avrupa sığır ırklarında tipik bir özellik olarak dikkati çekerken Bos indicus kökenli ırklarda benzer durum görülmemektedir (202). Ekspresyonu özellikle karaciğer olmak üzere tüm vücutta gerçekleşen GHR geninin transkripsiyonu sığırlarda ekzon 1A, 1B ve 1C'de bulunan 3 ana promoter bölge ile başlatılmaktadır (200). Genin ekspresyonu farklı dokularda değişiklik göstermekte ve GHR düzeyleri gelişme, beslenme ve hormon aktiviteleri ile yakından ilişkilendirilmektedir (203-205). GHR geninin fenotipik etkileri incelendiğinde farklı türlerde vücut gelişimi ve büyüklüğünün regülasyonunun sağlanmasında önemli bir rol oynadığı anlaşılmaktadır. Fertilite üzerine etkileri de belirlenmiştir. Rekombinasyon aracılığıyla etkinliği engellenmiş olan GHR genine sahip farelerde, postnatal dönemde büyüme geriliği ve cücelik gözlemlenmiştir (192). İnsanlarda kısa boyluluk ve obezite ile karakterize Laron sendromu ve idiyopatik kısa boyluluk (idiopathic short stature) GHR geninde meydana gelen mutasyonların bir sonucu olarak tanımlanmaktadır (206, 207). Benzer şekilde tavuklardaki GHR genindeki mutasyonlar da cüce fenotip oluşumuyla sonuçlanmaktadır (208). Bu özellikleri göz önünde bulundurularak GHR geni, çiftlik hayvanlarında büyüme, karkas ve süt verimi özellikleri için önemli bir aday gen olarak tanımlanmaktadır (198, 209).

Sığır GHR geninde verim özellikleriyle ilişkilendirilen birçok polimorfizm ve mutasyon belirlenmiştir. Genin 5'-regülatör bölgesinde, pozisyon 1182'de A/T değişiminin gerçekleştiği transversiyon, pozisyon 892'de C/T ile karakterize transisyon ve pozisyon 232'de ise C/T mutasyonu saptanmıştır. Promotor bölge pozisyon 154'te A/G değişimi ve yine aynı bölge pozisyon 1104'te T/C ile karakterize olmak üzere toplam 5 nükleotid değişimi belirtilmektedir (34). GHR-1182 A/T, süt verimi ve bileşiminin yanı sıra canlı ağırlık artışı ile ilişkilendirilmiştir (210, 211). GHR-892 C/T'nin süt verimi ile kompozisyonu, yağsız et oranı ve günlük canlı ağırlık artışına etkileri istatistiksel düzeyde anlamlı olarak belirlenmiştir (210, 212). GHR-232 C/T mutasyonu ise sütte yağ ve protein oranı ile ilişkilendirilmiştir (34). GHR-154 A/G polimorfizminin değerli etlerde yağsız et oranı ile ilişkili olduğu tespit edilmiş ve farklı GHR genotiplerinin yem tüketimi, karkas ağırlıkları ve ölçülerine etkileri anlamlı bulunmuştur. GHR-1104 T/C mutasyonunun ise yem tüketimi, büyüme oranı ve karkas özellikleri bakımından önemli bir role sahip olduğu belirtilmektedir (212). Ekzon 10'da GHR'nin sitoplazmik bölümünü kodlayan 4 adet polimorfizm tespit edilmiştir. Bu polimorfizmlerin lokalizasyonları pozisyon 76'da T/C, pozisyon 200'de G/A, pozisyon 229'da T/C ve pozisyon 257'de A/G şeklindedir (213). GHR-200 G/A polimorfizmi Alanin/Tirozin şeklinde belirlenmiş olan aminoasit değişikliğine neden olmaktadır.

Tait ve arkadaşları (5) Angus ırkı sığırlarda CAPN1, CAST ve GHR genlerinin süttan kesim performansı, karkas kalitesi özellikleri ve gevrekliğe etkilerini incelemiş ve fenotipik özellikler ile GHR Fenilalanin/Tirozin şeklinde belirlenmiş olan 279. aminoasit değişimine neden olan T/A polimorfizmi arasında ilişki bulunamamıştır. Ancak Sherman ve arkadaşları (214) GHR geni intron 4'te yer alan A/G polimorfizminin canlı ağırlık ve yemden yararlanma oranına dominant etkilerinin bulunduğunu bildirmektedir. Gomes ve arkadaşları (215) da Nellore ırkı sığırlarda aynı gen bölgesi için benzer sonuçlara ulaşmışlardır. Baeza ve arkadaşları (30) ise Brangus ırkı sığırlarda GHR gen etkisinin intramuscular yağ oranı ve ultrason kabuk yağı kalınlığı için istatistiksel düzeyde önemli olduğunu bildirmişlerdir. Gill ve arkadaşları (6) CAPN1, CAST, LEP, GHR ve DGAT1 gen polimorfizmlerinin gevreklik, yağ oranı, karkas kompozisyonu ve süt verimi özelliklerine etkisini Aberdeen Angus melezlerinde incelemiş ve GHR geninin ekzon 8'de yer alan A/T değişimi şeklinde belirlenmiş olan F279Y polimorfizminin etkisinin panel yönteminde aroma ve aroma skoru bakımından anlamlı olduğu belirlenmiştir. Hale ve arkadaşları (216) ise Angus ırkı sığırlarda GHR geni transkripsiyon başlatıcı bölgede

polimorfik özellik gösteren bir TG tekrarı belirlemişlerdir. Düşük sayıda TG tekrarı bulunan bireylerde süttan kesim ağırlığı ve karkas ağırlığının daha düşük olduğu görülmüştür. Han ve arkadaşları (217) Hanwoo ırkı sığırlarda LINE-1 polimorfizmi ile karkas özellikleri arasındaki ilişkiyi inceledikleri çalışmada A allelinin (Genotipler I/I, I/A ve A/A) kesim öncesi ağırlık, bel gözü kası alanı, mermerleşme skoru ve yağ rengine olan etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olduğunu saptamışlardır.



Şekil-7. GHR geninin sığır kromozomu 20'deki lokalizasyonu
Kaynak: www.ensembl.org/Bos_taurus/Location (Erişim tarihi: 10.05.2015)

GHR- S555G Polimorfizmi

Sitoplazmik GHR pozisyon 257'de bulunan GHR- S555G (Gen Bank No: AF140284) polimorfizminin ekzon 10'da yer aldığı ve protein pozisyonu 555'de Serin/Glisin (S/G) değişimine neden olduğu belirlenmiştir (28). Bu polimorfizm kodlayan sekans pozisyonu 1663'de Adenin/Guanin değişimi ile karakterizedir (GHR c.1663A>G). Ayrıca bu polimorfizm, ekzon pozisyonu 730'da yer almaktadır (213).

Di Stasio ve arkadaşlarının (28) Piemontese ırkı sığırlarda GHR gen polimorfizmlerinin et verimi ve kalitesine etkilerinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada GHR- S555G polimorfizminin 3. gündeki DL'ye olan dominant etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiş; ancak in vivo özellikler ve et karakteristiğine herhangi bir etki bulunamamıştır. Reardon ve arkadaşları (32) ise belirlenen aday genlerin *M. longissimus* ve *M. semimembranosus* kaslarında renk, su tutma

kapasitesi ve kompozisyon özellikleriyle ilişkisini incelemiş ve GHR- S555G polimorfizminin *M. semimembranosus*'da intramuscular yağ oranı ve sululuğa, her iki kasda ise protein oranına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu belirlemişlerdir. Ancak Sherman ve arkadaşları (214) 464 baş Angus, Charolais ve Angus x Charolais sığırlarda GHR gen polimorfizmlerinin karkas özelliklerine etkilerini araştırmış ve S555G polimorfizminin incelenen 19 özellikten hiçbirine anlamlı etkisinin bulunmadığını saptanmışlardır. Bununla birlikte Waters ve arkadaşları (218) Holstein ırkı ineklerde GHR- S555G polimorfizminin büyüme özellikleri ve beden ölçülerine önemli etkisinin bulunduğunu bildirmektedir. Baeza ve arkadaşları (30) Brangus ırkı sığırlarda GHR- S555G polimorfizmi bakımından genotipik gruplar arasında oluşan farklılıkların IMF değerlerine anlamlı etkileri olduğunu bildirmişlerdir.

Olenski ve arkadaşlarının (31) Polonya'da Holstein ırkı 477 baş boğa ve 395 baş inekten oluşan popülasyonda gerçekleştirdikleri çalışmada GG genotipinin boğalarda ineklere oranla daha düşük olduğu belirlenmiştir. Boğalarda bu genotipin frekansı 0,006; ineklerde ise 0,03 olarak hesaplanmıştır. Aynı zamanda GHR- S555G polimorfizminin süt yağı kompozisyonuna istatistiksel düzeyde anlamlı etkileri olduğu bildirilmektedir.

GHR- S555G polimorfizminin süt yağı ile ilgili özelliklerde etkilerinin bulunduğu bildirilmekle birlikte bu polimorfizmin et verimi ve karkas özelliklerine etkisini konu alan araştırmalar oldukça yetersiz düzeydedir (31, 35, 219). GHR geni, çiftlik hayvanlarında büyüme, karkas ve süt verimi özellikleri için önemli bir aday gen olarak gösterilmektedir (198, 213). Bu nedenle GHR- S555G polimorfizminin et verimi ve kalitesine etkilerinin farklı sığır popülasyonlarında ele alınması gerekmektedir.

GEREÇ ve YÖNTEM

Etik Kurul İzin Belgesi

'Holstein Erkek Danalarda Karkas Özellikleri, Et Verimi ve Kalitesini Etkileyen Genlerin Belirlenmesi ve Bu Genlerin Verimler ile İlişkisi' isimli bu tezin çalışmalarına başlanmadan önce, hayvanlardan alınacak kan örnekleri için 'Uludağ Üniversitesi Hayvan Denepleri Yerel Etik Kurulu'ndan (HADYEK) onay alınmıştır (05.09.2012 tarih ve 74 sayılı yazı).

Hayvan Materyali

Araştırmanın hayvan materyalini Marmara bölgesinde özel çiftliklerde yetiştirilen 14-21 aylık yaşlarda olan 400 baş Holstein ırkı erkek dana oluşturmaktadır. Danaların bakım besleme koşulları özel işletmenin rutin programına uygun olarak devam etmiş olup herhangi özel bir bakım ve besleme uygulanmamıştır. Hayvanlar saman, arpa, mısır, buğday kepeği, ayçiçeği küspesi, mısır silajı, vitamin-mineral karışımı premiksten oluşan rasyon ile yaş dönemlerine göre değişen miktarlarda kaba ve konsantre yemler ile beslenmişlerdir. Hayvanların önünde sürekli olarak taze su bulundurulmuştur. Hayvanlar yarı açık padoklarda, serbest olarak gezinmişlerdir. Hayvanlar kesim öncesinde 12 saat aç bırakılmış, canlı ağırlıkları 100 grama hassas terazide kaydedilmiş ve kesim sonrasında karkas özellikleri belirlenmiştir.

Kan Örnekleri

Araştırma kapsamında bulunan 400 baş dananın vena jugularislerinden DNA izolasyonu işlemi için 4 ml kan EDTA'lı tüplere alınmıştır.

Et Örnekleri

400 baş Holstein dana arasından rastgele 50 hayvan seçilerek 12-13 inter-costal bölge, *M. longissimus dorsi*'den (MLD) 5 cm kalınlığında örnekler alınmıştır. Canlı ağırlık, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları, karkas randımanı, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı, mermerleşme derecesi, pH, karkas ve but uzunluğu, but ve göğüs çevresi, iç göğüs derinliği, L*, a* ve b* ölçümleri 400 hayvanda gerçekleştirilmiş; et örnekleri alınan hayvanlarda ise tekstür, pişirme kaybı ve su tutma kapasitesi parametreleri incelenmiştir. Tekstür, pişirme kaybı ve su tutma kapasitesi analizleri İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı Karkas ve Et Kalite Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

Çalışmada Kullanılan Cihazlar

- Hassas terazi (Shimadzu AUX320)
- Mikro santrifüj (Labogene Scan Speed D-78532, Heathrow Scientific Sprout)
- Hot plate (Techne FDB02DD)
- pH metre (Jenco microcomputer pH meter conductivity temperature meter 6307)
- Spektrofotometre (Thermo Scientific NanoDrop 2000C)
- Termal cycler (Corbett Reseach Palm Cyclers GC1-96, Bioneer My Genie 96)
- Thermo shaker (Lab 4 You TS-100)
- Vorteks (Stuart SA8)
- Çeker ocak (Nüve LN 120)
- Ultra saf su cihazı (Millipore Mili-Q Q-Gard1)
- Otoklav (Nüve OT4060V)
- Etüv (Binder KB-115)
- Mikropipetler (Eppendorf, Nichipet) (1-10 µl, 10-100 µl, 20-200 µl ve 100-1000 µl)
- Yatay elektroforez tankı (Clever Scientific)
- Güç kaynağı (Wealtec Elite 300)
- Jel görüntüleme sistemi (DNR Bio imaging System Mini Lumi 9200217)
- Buzdolabı (Arçelik)
- Derin dondurucu (-20⁰C) (Arçelik)
- Derin dondurucu (-80⁰C) (Sanyo MDF-U7386S)

- Mikrodalga fırın (Moulinex Compact)
- Su banyosu (Nüve)
- Planimetre (Ushikata X–Plan 380d III)
- Spektrokolorimetre (Konica Minolta CM508d)
- Et pH metresi (Testo 205)
- Tekstür analiz cihazına bağlı Warner-Bratzler bıçağı (Instron 3343)
- Ölçü bastonu ve pergeli

Çalışmada Kullanılan Kimyasallar ve Sarf Malzemeler

TE Buffer

SDS

NaCl

Proteinaz-K (Vivantis)

Fenol-Kloroform (Sigma Aldrich)

Etil Alkol (Sigma Aldrich)

CAPN1- G316A polimorfizmi için primerler (Alpha DNA) (151)

F: 5'- GACTGGGGTCTCTGGACTT – 3'

R: 5'- GGAACCTCTGGCTCTTGA – 3'

CAPN1- V530I polimorfizmi için primerler (Alpha DNA) (141)

F: 5'- AGCGCAGGGACCCAGTGA– 3'

R: 5'- TCCCCTGCCAGTTGTCTGAAG– 3'

CAST- S20T polimorfizmi için primerler (Alpha DNA) (22)

F: 5'- TGGGGCCCAATGACGCCATCGATG – 3'

R: 5'- GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC – 3'

LEP- A80V polimorfizmi için primerler (Alpha DNA) (186)

F: 5'- GGGAAAGGGCAGAAAGATAG – 3'

R: 5'- CCAAGCTCTCCAAGCTCTC – 3'

GHR- S555G polimorfizmi için primerler (Alpha DNA) (28)

F: 5'- GCTAACTTCATCGTGGACAAC – 3'

R: 5'- CTATGGCATGATTTTGTTCAG – 3'

BtgI restriksiyon enzimi (NEB-New England Biolabs)

AvaII restriksiyon enzimi (NEB-New England Biolabs)

AluI restriksiyon enzimi (NEB-New England Biolabs)

HphI restriksiyon enzimi (NEB-New England Biolabs)

Tag DNA polimeraz (Biomatik)

MgCl₂ (Biomatik)

PCR tamponu (Biomatik)

dNTP mix, 10 mM (NEB-New England Biolabs)

DNA marker (Vivantis 50bp, 100bp DNA Ladder 50 µl)

dH₂O

Absolut ethanol (Sigma Aldrich)

Agaroz (Sigma Aldrich)

10X TBE buffer (Fisher Bioreagents)

Etidyum bromür (Fisher Bioreagents)

Bromphenol blue (NEB-New England Biolabs)

Steril sarı, beyaz ve mavi pipet ucu (Eppendorf)

0,5-1,5 ml'lik Ependorf tüpleri (Thermo Scientific Finnzymes)

0,2 µl lik PCR tüpleri (Thermo Scientific Finnzymes)

Kullanılan Solüsyon ve Tamponların Hazırlanması

1X TE Buffer

10 ml 1M Tris-HCl'ye (pH:8), 2 ml 0,5M EDTA (pH:8) ve 988 ml dH₂O kullanılarak hazırlanmıştır.

1 M Tris (ph:7,5-8)

121,1 g Tris base ve 700 ml dH₂O kullanılarak hazırlanmıştır.

0,5 M EDTA (ph:8)

186,1 g EDTA ve 800 ml dH₂O kullanılarak hazırlanmıştır.

SDS

10 g SDS'e 100 ml dH₂O eklenerek hazırlanmıştır.

1 M NaCl

5,844 g NaCl'ye 100 ml dH₂O eklenerek hazırlanmıştır.

Proteinaz K

4,5 ml distile suda çözülerek hazırlanmıştır.

CAPN1- G316A polimorfizmi için Forward Primer

Liyofilize içeriğe 1567 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

CAPN1- G316A polimorfizmi için Reverse Primer

Liyofilize içeriğe 1639 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

CAPN1- V530I polimorfizmi için Forward Primer

Liyofilize içeriğe 1065 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

CAPN1- V530I polimorfizmi için Reverse Primer

Liyofilize içeriğe 1554 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

CAST- S20T polimorfizmi için Forward Primer

Liyofilize içeriğe 1520 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

CAST- S20T polimorfizmi için Reverse Primer

Liyofilize içeriğe 1426 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

LEP- A80V polimorfizmi için Forward Primer

Liyofilize içeriğe 1683 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

LEP- A80V polimorfizmi için Reverse Primer

Liyofilize içeriğe 1387 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

GHR- S555G polimorfizmi için Forward Primer

Liyofilize içeriğe 1545 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

GHR- S555G polimorfizmi için Reverse Primer

Liyofilize içeriğe 1785 µl steril dH₂O eklenerek, 10 pmol primer konsantrasyonu hazırlanmıştır.

%2'lik Agaroz Jelin Hazırlanması

PCR sonunda, amplifikasyon ürünlerinin kontrol edilmesi için %2'lik agaroz jel hazırlanmıştır. 150 ml 0,5X TBE içine 3 g agaroz eklenerek mikrodalga fırında saydamlaşınca kadar kaynatılıp, içerisine çeker ocak altında 12 µl EtBr ilave edilmiş ve toplam volüm jel dökme setine dökülerek tarak yerleştirilmiştir. Jel donduktan sonra tarak çıkarılarak, hazırlanan %2'lik agaroz jel, içinde 0,5 X TBE bulunan elektroforez tankına alınmıştır. Jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 100 voltta 1 saat yürütülüp sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir.

%3'lük Agaroz Jelin Hazırlanması

PCR-FRLP işlemi sonunda, sonuçların kontrol edilmesi için daha net görüntü elde etmek amacıyla %3'lük agaroz jel hazırlanmıştır. 150 ml 0,5 X TBE içine 4,5 g agaroz eklenerek mikrodalga fırında saydamlaşınca kadar kaynatılıp, içerisine çeker ocak altında 12 µl etidyum bromür ilave edilmiş ve toplam volüm jel dökme setine dökülerek tarak yerleştirilmiştir. Jel donduktan sonra tarak çıkarılarak, hazırlanan %3'lük agaroz jel, içinde 0,5X TBE bulunan elektroforez tankına alınmıştır. Jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülüp sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir.

Periferik Kandan DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu fenol-kloroform yöntemi ile gerçekleştirilmiştir. Öncelikle 1,5'lik eppendorf tüpe 750 µl periferik kan konulmuştur. Üzerine 750 µl TE buffer ilave edilip 13000 rpm de 1 dakika santrifüj edildikten sonra süpernatant atılmıştır. Toplam hacim 1 ml olacak şekilde TE buffer eklenerek vorteks yardımıyla iyice homojenize edilmiştir. Bu işlem 3 kez tekrarlanmak suretiyle renk açılana kadar devam edilmiştir. Son yıkamadan sonra üst faz uzaklaştırılmıştır. Pellet üzerine 80 µl SDS, 90 µl 1M NaCl ve 30 µl Proteinaz K ilave edilmiştir. Son hacim TE buffer konularak 500 µl'ye tamamlanmıştır. Örnek 56⁰C'de 12 saat çalkalamalı inkübatörde bırakılmıştır. İnkübasyonu takiben örneği üzerine 500 µl fenol-kloroform konulmuştur. 500 rpm de 2 dakika santrifüj edildikten sonra üstte kalan DNA içeren kısım yeni tüpe aktarılmıştır. Çökmesi için saf etil alkol, 1,5 ml'ye tamamlanacak şekilde ilave edilmiştir. DNA gözleninceye kadar alt üst edilmesi gerekmektedir. DNA santrifüj edilip çöktürüldükten sonra alkol tamamen uzaklaştırılmıştır. 500 µl %70'lik etil alkol ilave edilerek vortekslenmiştir. 12000 rpm de 1 dakika santrifüj edildikten sonra süpernatant atılmıştır. Santrifüj edilerek DNA çöktürülmüş ve alkol uzaklaştırılarak tamamen kuruma sağlanmıştır. 500 µl 10 mM Tris tamponunda 60⁰C'de 1 saat bekletilerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır (220).

İzole edilen DNA'ların miktarı (ng/µl olarak) ve saflığı (260/280 nm dalga boyundaki absorban değerleri) spektrofotometre ile ölçülerek belirlenmiştir.

CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin PCR Koşulları

CAPN1 geninin 9. ekzonunda yer alan G316A SNP'sini RFLP analiziyle tespit etmek amacıyla PCR gerçekleştirildi. Bunun için toplam 50 µl'lik PCR mixi hazırlanmıştır.

CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin Hazırlanan 50 µl'lik PCR Mixi

➤ 10X PCR Buffer	5 µl
➤ MgCl ₂ (25mM)	5 µl
➤ dNTP mix (25mM)	1 µl
➤ F primer (10 pmol)	1 µl
➤ R primer (10 pmol)	1 µl
➤ Taq DNA polimeraz	0,5 µl
➤ dH ₂ O	33,5 µl
➤ Kalıp DNA	3 µl

Eppendorf tüpler içinde hazırlanan mix, ısı döngüsü aşağıdaki şekilde hazırlanmış olan Thermal Cycler'a pipetaj ve santrifüj işlemlerini takiben yerleştirilmiştir.

CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin Hazırlanan Thermal Cycler ısı döngüsü

➤ 95 °C	5 dk	} 35 Döngü
➤ 95 °C	45 sn	
➤ 63 °C	45 sn	
➤ 72 °C	45 sn	
➤ 72 °C	5 dk	
➤ 4 °C	Saklama	

CAPN1 Geni G316A Polimorfizmi İçin *BtgI* Restriksiyon Enzim Kesimi

PCR'dan sonra elektroforezde kontrol edilen ve amplifiye olan örnekler *BtgI* restriksiyon enzimi ile kesim işlemi uygulanmıştır. Kesim işlemi için hazırlanmış olan mix aşağıda sunulmuştur.

- 10X Buffer R 5 µl
- *BtgI* 0,3 µl
- dH₂O 15 µl
- PCR ürünü 10 µl

Eppendorf tüp içerisinde hazırlanan enzim karışımı hafifçe vortekslenerek 0,2'lik strip tüplere mikropipet yardımıyla dağıtılmıştır. Daha sonra üzerine PCR ürününden 10 µl ilave edilerek 37⁰C'de 6 saat inkübasyona bırakılmıştır. Sürenin sonunda elde edilen ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bu işlem için jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülmüştür. Sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir. RFLP analizi sonucunda elde edilen bantlara göre genotipleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin PCR Koşulları

CAPN1 geninin 14. ekzonunda yer alan V530I SNP'sini RFLP analiziyle tespit etmek amacıyla PCR gerçekleştirildi. Bunun için toplam 50 µl'lik PCR mixi hazırlanmıştır.

CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin Hazırlanan 50 µl'lik PCR Mixi

- 10X PCR Buffer 5 µl
- MgCl₂ (25mM) 5 µl
- dNTP mix (25mM) 1 µl
- F primer (10 pmol) 1 µl
- R primer (10 pmol) 1 µl
- Taq DNA polimeraz 0,5 µl
- dH₂O 31,5 µl
- Kalıp DNA 5 µl

Eppendorf tüpler içinde hazırlanan mix, ısı döngüsü aşağıdaki şekilde hazırlanmış olan Thermal Cycler'a pipetaj ve santrifüj işlemlerini takiben yerleştirilmiştir.

CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin Hazırlanan Thermal Cycler Isı Döngüsü

- 95 °C 5 dk
 - 95 °C 1 dk
 - 63 °C 1 dk
 - 72 °C 1 dk
 - 72 °C 5 dk
 - 4 °C Saklama
- } 35 Döngü

CAPN1 Geni V530I Polimorfizmi İçin *AvaII* Restriksiyon Enzim Kesimi

PCR'dan sonra elektroforezde kontrol edilen ve amplifiye olan örneklere *AvaII* restriksiyon enzimi ile kesim işlemi uygulanmıştır. Kesim işlemi için hazırlanmış olan mix aşağıda sunulmuştur.

- 10X Buffer R 5 µl
- *AvaII* 1 µl
- dH₂O 15 µl
- PCR ürünü 10 µl

Eppendorf tüp içerisinde hazırlanan enzim karışımı hafifçe vortekslenerek 0,2'lik strip tüplere mikropipet yardımıyla dağıtılmıştır. Daha sonra üzerine PCR ürününden 10 µl ilave edilerek 37⁰C'de 6 saat inkübasyona bırakılmıştır. Sürenin sonunda elde edilen ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bu işlem için jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülmüştür. Sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir. RFLP analizi sonucunda elde edilen bantlara göre genotipleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin PCR Koşulları

CAST geni ekzon 1C/D'de yer alan S20T SNP'sini RFLP analiziyle tespit etmek amacıyla PCR gerçekleştirildi. Bunun için toplam 50 µl'lik PCR mixi hazırlanmıştır.

CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin Hazırlanan 50 µl'lik PCR Mixi

➤ 10X PCR Buffer	5 µl
➤ MgCl ₂ (25mM)	5 µl
➤ dNTP mix (25mM)	1 µl
➤ F primer (10 pmol)	1 µl
➤ R primer (10 pmol)	1 µl
➤ Taq DNA polimeraz	0,5 µl
➤ dH ₂ O	33,5 µl
➤ Kalıp DNA	3 µl

Eppendorf tüpler içinde hazırlanan mix, ısı döngüsü aşağıdaki şekilde hazırlanmış olan Thermal Cycler'a pipetaj ve santrifüj işlemlerini takiben yerleştirilmiştir.

CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin Hazırlanan Thermal Cyclus Isı Döngüsü

➤ 94 °C	5 dk	
➤ 94 °C	30 sn	} 32 Döngü
➤ 62 °C	45 sn	
➤ 72 °C	45 sn	
➤ 72 °C	5 dk	
➤ 4 °C	Saklama	

CAST Geni S20T Polimorfizmi İçin *AluI* Restriksiyon Enzim Kesimi

PCR'dan sonra elektroforezde kontrol edilen ve amplifiye olan örnekler *AluI* restriksiyon enzimi ile kesim işlemi uygulanmıştır. Kesim işlemi için hazırlanmış olan mix aşağıda sunulmuştur.

➤ 10X Buffer R	5 µl
➤ <i>AluI</i>	1 µl
➤ dH ₂ O	15 µl
➤ PCR ürünü	10 µl

Eppendorf tüp içerisinde hazırlanan enzim karışımı hafifçe vortekslenerek 0,2'lik strip tüplere mikropipet yardımıyla dağıtılmıştır. Daha sonra üzerine PCR ürününden 10 µl ilave edilerek 37°C'de 6 saat inkübasyona bırakılmıştır. Sürenin sonunda elde edilen ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bu işlem için jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülmüştür. Sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir. RFLP analizi sonucunda elde edilen bantlara göre genotipleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin PCR Koşulları

LEP geninin 3. ekzonunda yer alan A80V SNP'sini RFLP analiziyle tespit etmek amacıyla PCR gerçekleştirildi. Bunun için toplam 50 µl'lik PCR mixi hazırlanmıştır.

LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin Hazırlanan 50 µl'lik PCR Mixi

➤ 10X PCR Buffer	5 µl
➤ MgCl ₂ (25mM)	5 µl
➤ dNTP mix (25mM)	1 µl
➤ F primer (10 pmol)	1 µl
➤ R primer (10 pmol)	1 µl
➤ Taq DNA polimeraz	0,5 µl
➤ dH ₂ O	31,5 µl
➤ Kalıp DNA	5 µl

Eppendorf tüpler içinde hazırlanan mix, ısı döngüsü aşağıdaki şekilde hazırlanmış olan Thermal Cycler'a pipetaj ve santrifüj işlemlerini takiben yerleştirilmiştir.

LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin Hazırlanan Thermal Cycler Isı Döngüsü

➤ 94 °C	2 dk	
➤ 94 °C	30 sn	} 35 Döngü
➤ 57 °C	1 dk	
➤ 72 °C	30 sn	
➤ 72 °C	15 dk	
➤ 4 °C	Saklama	

LEP Geni A80V Polimorfizmi İçin *HphI* Restriksiyon Enzim Kesimi

PCR'dan sonra elektroforezde kontrol edilen ve amplifiye olan örnekler *HphI* restriksiyon enzimi ile kesim işlemi uygulanmıştır. Kesim işlemi için hazırlanmış olan mix aşağıda sunulmuştur.

- 10X Buffer R 2,5 µl
- *HphI* 0,7 µl
- dH₂O 15 µl
- PCR ürünü 12 µl

Eppendorf tüp içerisinde hazırlanan enzim karışımı hafifçe vortekslenerek 0,2'lik strip tüplere mikropipet yardımıyla dağıtılmıştır. Daha sonra üzerine PCR ürününden 10 µl ilave edilerek 37⁰C'de 16 saat inkübasyona bırakılmıştır. Sürenin sonunda elde edilen ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bu işlem için jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülmüştür. Sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir. RFLP analizi sonucunda elde edilen bantlara göre genotipleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin PCR Koşulları

GHR geninin 10. ekzonunda yer alan S555G SNP'sini RFLP analiziyle tespit etmek amacıyla PCR gerçekleştirildi. Bunun için toplam 50 µl'lik PCR mixi hazırlanmıştır.

GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin Hazırlanan 50 µl'lik PCR Mixi

➤ 10X PCR Buffer	5 µl
➤ MgCl ₂ (25mM)	5 µl
➤ dNTP mix (25mM)	1 µl
➤ F primer (10 pmol)	1 µl
➤ R primer (10 pmol)	1 µl
➤ Taq DNA polimeraz	0,7 µl
➤ dH ₂ O	33,3 µl
➤ Kalıp DNA	3 µl

Eppendorf tüpler içinde hazırlanan mix, ısı döngüsü aşağıdaki şekilde hazırlanmış olan Thermal Cycler'a pipetaj ve santrifüj işlemlerini takiben yerleştirilmiştir.

GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin Hazırlanan Thermal Cycler Isı Döngüsü

➤ 95 °C	5 dk	} 35 Döngü
➤ 94 °C	45 sn	
➤ 53 °C	30 sn	
➤ 72 °C	50 sn	
➤ 72 °C	5 dk	
➤ 4 °C	Saklama	

GHR Geni S555G Polimorfizmi İçin *AluI* Restriksiyon Enzim Kesimi

PCR'dan sonra elektroforezde kontrol edilen ve amplifiye olan örneklere *AluI* restriksiyon enzimi ile kesim işlemi uygulanmıştır. Kesim işlemi için hazırlanmış olan mix aşağıda sunulmuştur.

- 10X Buffer R 2 µl
- *AluI* 0,5 µl
- dH₂O 7,5 µl
- PCR ürünü 10 µl

Eppendorf tüp içerisinde hazırlanan enzim karışımı hafifçe vortekslenerek 0,2'lik strip tüplere mikropipet yardımıyla dağıtılmıştır. Daha sonra üzerine PCR ürününden 10 µl ilave edilerek 37 °C'de 16 saat inkübasyona bırakılmıştır. Sürenin sonunda elde edilen ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilmiştir. Bu işlem için jel tarağının oluşturduğu kuyulardan ilkinde 1 µl 6X yükleme boya solüsyonu, 2 µl marker DNA, 3 µl dH₂O karışımı; diğer kuyulara ise 5 µl yükleme tamponu bromphenol blue ile birlikte 10 µl amplifikasyon ürünüyle yüklenmiştir. 80 voltta 1,5 saat yürütülmüştür. Sonuçlar jel görüntüleme sisteminde değerlendirilmiştir. RFLP analizi sonucunda elde edilen bantlara göre genotipleme işlemi gerçekleştirilmiştir.

Kesim ve Karkas Özelliklerinin Belirlenmesi

Kesim, Bandırma'da Banvit A.Ş. kırmızı et mezbahasında yapılmıştır. Kesim öncesinde hayvanlar kesim alanına doğru daralan bir koridordan geçerek gelmişler ve stresi ve acıyı önlemek amacıyla pnömatik bayılma tabancası kullanılarak kesim işlemi gerçekleştirilmiştir. Hayvanların os frontale bölgesine 17 bar basınçla uygulanarak gerçekleştirilmiş bayılma işleminin ardından yapılan kesimden sonra 3-5 dakika asılı bırakılarak ölümün ve kan akıtma işleminin oluşması sağlanmıştır. Hayvanlara et kalitesi parametrelerinin iyileştirilmesi amacıyla 30 saniye süreyle 60 voltluk doğrusal elektrik akımı uygulanmış ve daha sonra yüzme ve parçalama işlemleri yapılmıştır.

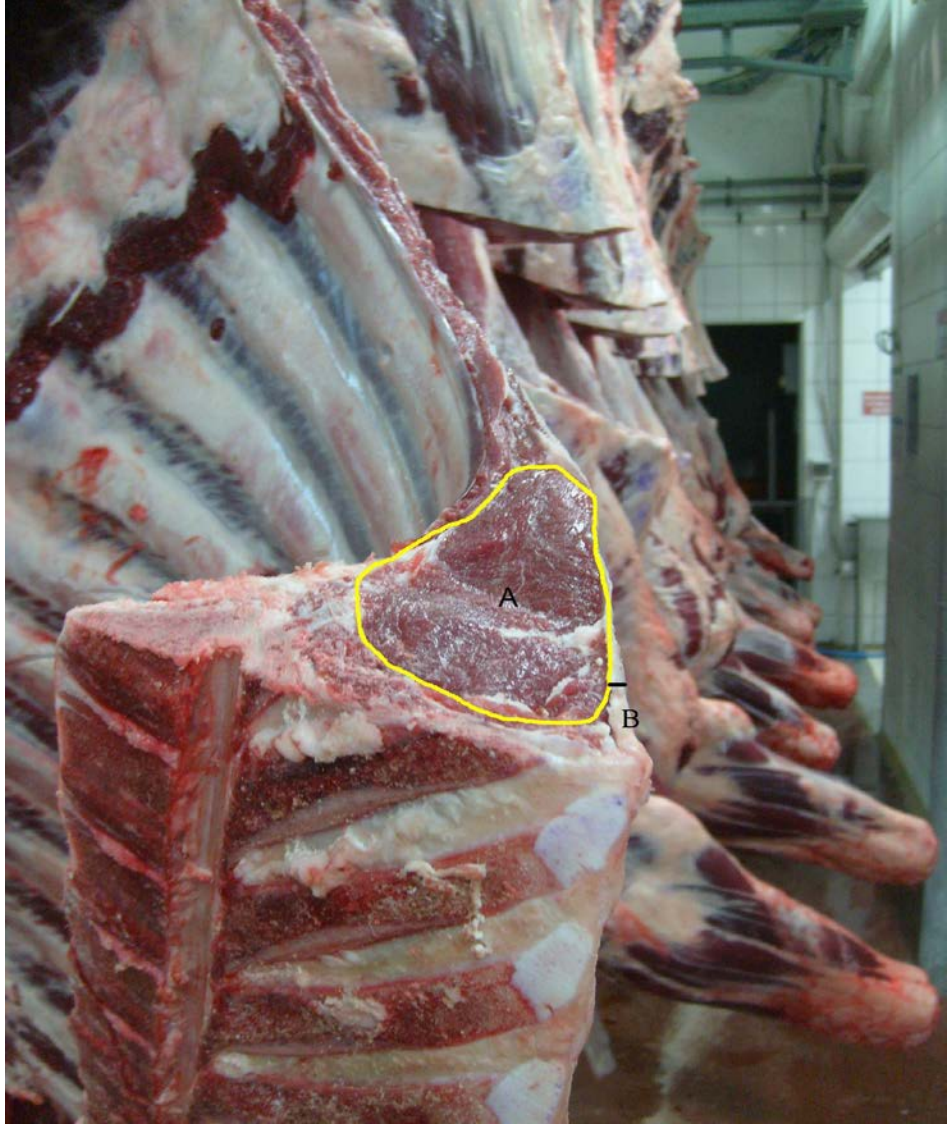
Karkas Ağırlıkları, Ölçülerinin Alınması ve Et Kalitesinin Belirlenmesi

1. **Sıcak Karkas Ağırlığı:** Hayvanların kesilerek baş, ayaklar (ön bacaklar *Articulatio carpi*, arka bacaklar da *Articulatio tarsi*'den), deri, kuyruk (4. Kuyruk omurundan kesilir), bütün iç organlar (göğüs, karın ve pelvis boşluğunda bulunan iç organlar) ayrıldıktan sonra geriye kalan bütün gövdenin ağırlığıdır.
2. **Sıcak Karkas Randımanı:** Sıcak karkas ağırlığının canlı ağırlığa olan % oranıdır.
3. **Soğuk Karkas Ağırlığı:** Karkasın +4°C'de 24 saat bekletildikten sonra kg cinsinden ağırlığıdır.
4. **Kabuk Yağı Kalınlığı:** Kabuk yağı kalınlığı ölçümü, *M. longissimus dorsi* kasının 12. kaburga hizasındaki lateralinden $\frac{3}{4}$ 'üne denk gelen yerden ölçülmüştür (Şekil-8).
5. **Musculus Longissimus Dorsi (MLD) Kesit Alanı:** 12. ve 13. kaburgalar arasından enine kesildikten sonra 12. kaburga hizasındaki yüzeyi önce asetatlı kağıda çizilmiş ve alan hesaplaması planimetre kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Şekil-8). Planimetre kullanılarak yapılan kesit alanı ölçümü 3 kez tekrarlanmış ve elde edilen alanların ortalaması son değer olarak kabul edilmiştir.
6. **Mermerleşme Derecesi (marbling score):** *M. longissimus dorsi* alanındaki kas lifleri arasında bulunan yağ dağılımına göre en düşüğü 1, en yükseği 6 olan cetvelde USDA sistemi referans alınarak değerlendirilmiştir.
7. **Karkas pH'si:** Kesimden 24 saat sonra, 12-13. kaburgalar arasından *M. longissimus thoracis* üzerinden pH metre kullanılarak ölçümler yapılmıştır (77).
8. **Karkas Ölçülerinin Alınması:** Soğuk hava deposunda asılı şekilde bulunan karkaslarından karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi, göğüs çevresi ve iç göğüs derinliği ölçüleri alınmıştır (221). Bu ölçülerin alınmasında izlenen anatomik yöntem aşağıda sunulduğu şekildedir:
 - a) **Karkas Uzunluğu:** Çatı kemiğinden (*Os pubis*) 1. kaburganın ucuna kadar olan mesafedir.
 - b) **But Uzunluğu:** Arka bacak ucundan (*Os calcaneus*) çatı kemiği (*Os pubis*) ortasına kadar olan mesafedir.
 - c) **But Çevresi:** Arka bacak (*Os calcaneus*) ve çatı kemiği (*Os pubis*) ortasını birleştiren hattın et kesiti ile çakıştığı noktadan başlamak üzere but çevresinden alınan ölçüdür.

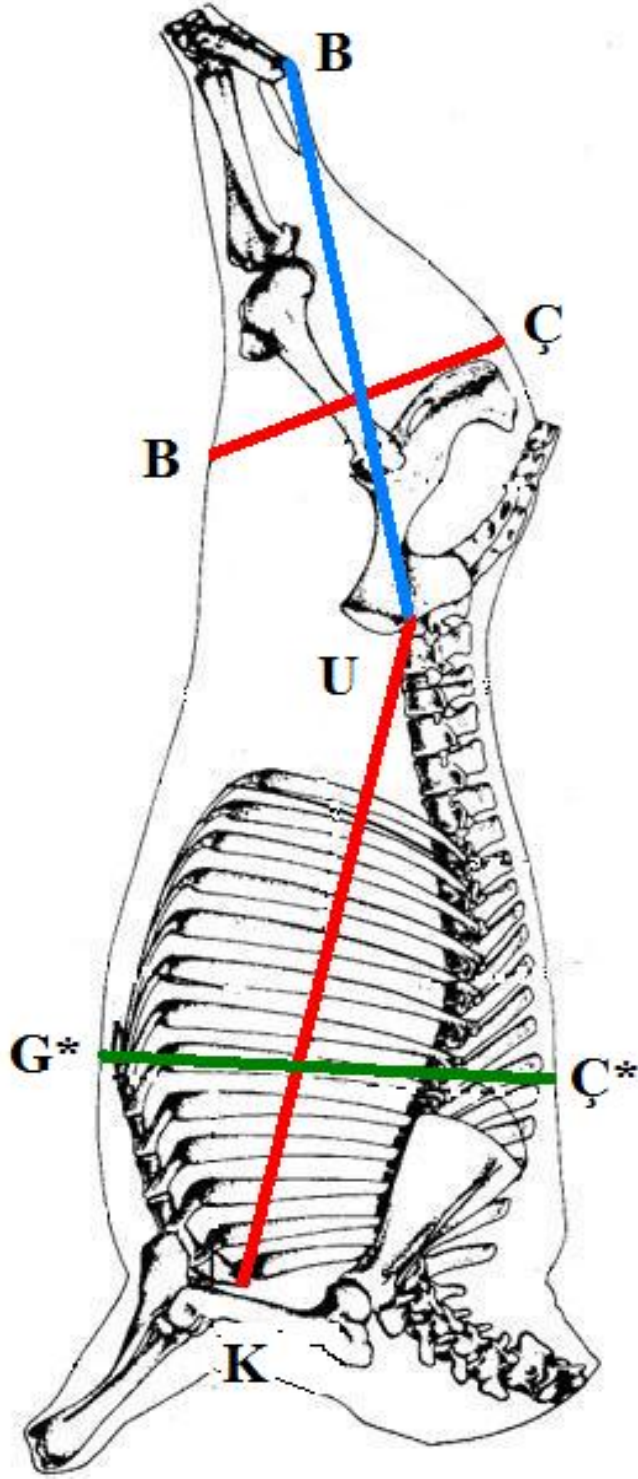
- d) **Göğüs Çevresi:** 6. kaburga ucundaki karkas yarım kesitinden 6. omur üzerindeki karkas yarım kesitine kadar dış taraftan alınan ölçüdür.
- e) **İç Göğüs Derinliği:** 6. kaburga ucundan 6. omura kadar iç taraftan alınan ölçüdür.

Karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi, göğüs çevresi ve iç göğüs derinliği ölçülerinin sığır karkası üzerindeki lokalizasyonları Şekil-9'da yer almaktadır.

9. Et Renginin Belirlenmesi: Et rengi, etin içermekte olduğu pigmentlerin belirli dalga boyundaki ışığı absorbe etmesi ve yansıtmasından kaynaklanmaktadır. Et rengi ölçümü için L^* , a^* , b^* koordinat sistemi ile ölçüm yapan spektrokolorimetre kullanılmıştır. Bu sistemde üç temel renk parametresi (L^* = parlaklık, a^* = kırmızı renk indeksi, b^* = sarı renk indeksi) rakamsal olarak belirlenmektedir. Işık kaynağı D65 seçilmiştir. Ölçüm öncesinde standart beyaz plakaya göre cihazın kalibrasyonu yapılmıştır. Cihaz her komutta 3 ölçüm yapmaya ve bunların ortalamasını almaya ayarlanmıştır. Kesim sonrası $+4^{\circ}\text{C}$ 'de 24 saat bekleyen et örneklerinden *M. longissimus dorsi* üzerinden 3 tekrarlı ölçüm yapılmış ve bunların ortalaması son değer olarak değerlendirilmiştir. Parlaklık (L^*) için ölçüm aralığı 0 ile 100 arasında değişmekte olup 0 değeri siyahı, 100 değeri ise beyazı karşılamaktadır. Kırmızı renk indeksi (a^*) ve sarı renk indeksi (b^*) için ise ölçüm aralığı -60 ile $+60$ arasında değişmektedir. Kırmızı renk indeksinde düşük değerler daha yeşili, yüksek değerler daha kırmızıyı ifade ederken sarı renk indeksinde düşük değerler daha maviyi, yüksek değerler ise daha sarıyı karşılamaktadır (222, 223).



Şekil-8. MLD alanı ve kabuk yağının belirlenmesi, A: MLD kesit alanı, B: Kabuk yağı kalınlığı



Şekil-9. Karkas ölçüm bölgeleri, K-U: Karkas uzunluğu, B-U: But uzunluğu, B-Ç: But çevresi, G-Ç: Göğüs çevresi

*: 6. kaburga ucundan 6. omura kadar iç taraftan iç göğüs derinliği ölçülmüştür

- 10. Tekstür Analizi:** Kesme kuvveti, Warner-Bratzler bıçağı kullanılarak ölçülmüştür. Ete uygulanan kuvvet 50 kg'a, bıçak hızı 150 mm/dk'ya ayarlanmıştır. Bu analizde pişirme kaybı ölçümü için 75⁰C'deki su banyosunda 60 dakika pişirilen etler kullanılmıştır. Bu etlerden kas liflerine paralel olacak şekilde 1 x 1 cm kesitinde ve 3 cm uzunluğunda altışar örnek alınmış ve her bir örnek için Warner-Bratzler bıçağının kesmesi sırasında uygulanan en yüksek kuvvet (kg/cm²) ve kuvvet x zaman grafiğı bilgisayaraya kaydedilmiştir. Bir örneğe ait pik kesme kuvveti değeri (peak shear force) ve ilk direnç noktası, 6 örnekten elde edilen ölçümlerin ortalaması alınarak belirlenmiştir (222).
- 11. Pişirme Kaybı:** Pişirme kaybı ölçümü için *M. longissimus dorsi*'den alınan örnekler önce tartılmış daha sonra vakumla paketlenerek olgunlaşmaya bırakılmıştır. Olgunlaşma sonrası örnekler 75⁰C'deki su banyosunda 60 dakika bekletilmiş, sonrasında su altında yine 60 dakika boyunca soğutulmuştur. Örnekler paketlerinden çıkarılıp kurulandıktan sonra tartılarak ağırlıkları belirlenmiştir. Pişirme kaybı, pişirme öncesi ve sonrası ağırlıklar değerlendirilerek hesaplanmıştır. (Pişirme öncesi ağırlık – Pişirme sonrası ağırlık) / Pişirme öncesi ağırlık x 100 formülünden yararlanılmıştır (224).
- 12. Su Tutma Kapasitesi:** Su tutma kapasitesi için 'Modifiye Grau ve Hamm' yöntemi uygulanmıştır (225). Et örneğinin yağsız bölümünden kas liflerine paralel olacak şekilde 6-8 tanesi yaklaşık 5 g gelen ince şerit parçalar kıyılmıştır. Analizde kullanılan 2 adet filtre kağıdının ağırlıkları belirlenmiştir. Kıyılmış ince şerit parçalardan 5 g analiz için tartılarak iki filtre kağıdı arasına yerleştirilmiştir. Filtre kağıtları ise iki cam petri kabı arasına konulmuş ve üzerine 5 dakika süre ile 2,250 kg ağırlık bırakılmıştır. Süre sonunda ağırlık et örnekleri üzerinden kaldırılmış ve filtre kağıtları tartılmıştır. İşlem sonucunda su tutma kapasitesi (WHC): (Filtre son ağırlığı-Filtre ilk ağırlığı) / Et örneği ağırlığı x 100 formülüyle hesaplanmıştır (225).

İstatistiksel Analizler

Elde edilen verilen değerlendirilmesinde MINITAB 15 istatistik paket programı kullanılmıştır (226). HWE uygunluk değerlerinin incelenmesinde, Court Lab-HW Calculator programından yararlanılmıştır (227). Hayvanlar kesim mevsimine göre sonbahar, kış, ilkbahar ve kesim yaşına göre 14-21 aylık olmak üzere gruplandırılmıştır. Belirlenen genlerin incelenen özelliklere bireysel ya da interaksiyon etkilerini ortaya koymak amacı ile genel linear modelde (GLM) en küçük kareler varyans analizi kullanılmıştır (228). Karkas özellikleri ve et kalitesini belirlemek amacıyla kullanılan istatistiksel modeller aşağıda sunulmuştur.

Canlı Ağırlık ve Karkas Özellikleri İçin Kullanılan Model

Canlı ağırlık, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları, karkas randımanı, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı, mermerleşme derecesi, pH, karkas ve but uzunluğu, but ve göğüs çevresi, iç göğüs derinliği, L^* , a^* ve b^* 'nin belirlenmesinde aşağıdaki doğrusal denklem modeli kullanılmıştır.

$$Y_{ijklmnop} = \mu + S_i + W_j + AG_k + BG_l + CG_m + DG_n + EG_o + e_{ijklmnop}$$

Bu modelde;

$Y_{ijklmnop}$ = İncelenen fenotipik özellikler (Canlı ağırlık, sıcak ve soğuk karkas ağırlıkları, karkas randımanı, kabuk yağı kalınlığı, MLD alanı, mermerleşme derecesi, pH, karkas ve but uzunluğu, but ve göğüs çevresi, iç göğüs derinliği, L^* , a^* ve b^*)

μ = Genel (beklenen) ortalama,

S_i = Kesim mevsiminin etkisi (i = sonbahar, kış, ilkbahar),

W_j = Kesim yaşının etkisi (j = ≤14, 15, ...,20, ≤21),

AG_k = CAPN1- G316A polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (k =CC, CG, GG),

BG_l = CAPN1- V530I polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (l =AA, AG, GG),

CG_m = CAST- S20T polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (m =CC, CG, GG),

DG_n = LEP- A80V polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (n=CC, CT, TT),

EG_o = GHR- S555G polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (o=AA, AG, GG),

$e_{ijklmnop}$ = Normal, bağımsız, şansa bağlı hatayı göstermektedir.

Bu modele, faktör ekleme-eme yöntemi ile ikili interaksiyonlar eklenmiş; $p < 0,05$ düzeyinde önemli olan ikili interaksiyonlar modele dahil edilmiştir.

Et Kalitesi Özellikleri İçin Kullanılan Model

Et tekstürü, pişirme kaybı ve su tutma kapasitesinin belirlenmesinde aşağıdaki mix model kullanılmıştır.

$$Y_{ijklmnop} = \mu + \beta.KA + S_i + W_j + AG_k + BG_l + CG_m + DG_n + EG_o + e_{ijklmnop}$$

Bu modelde;

$Y_{ijklmno}$ = İncelenen fenotipik özellikler (tekstür, pişirme kaybı ve su tutma kapasitesi)

μ = Genel (beklenen) ortalama,

β = Herhangi bir verimin kesim ağırlığına kısmi regresyon katsayısı

KA = Kesim ağırlığı

S_i = Kesim mevsiminin etkisi (i= sonbahar, kış, ilkbahar),

W_j = Kesim yaşının etkisi (j= ≤ 14 , 15, ..., 20, ≤ 21),

AG_k = CAPN1- G316A polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (k=CC, CG, GG),

BG_l = CAPN1- V530I polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (l=AA, AG, GG),

CG_m = CAST- S20T polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (m=CC, CG, GG),

DG_n = LEP- A80V polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (n=CC, CT, TT),

EG_o = GHR- S555G polimorfizmine ait genotiplerin etkisi (o=AA, AG, GG),

$e_{ijklmnop}$ = Normal, bağımsız, şansa bağlı hatayı göstermektedir.

Bu analizler sonucunda istatistiki düzeyde anlamlı bulunan gruplar arasındaki önem kontrolü 'en küçük önemli fark yöntemi' ile saptanmıştır (229).

BULGULAR

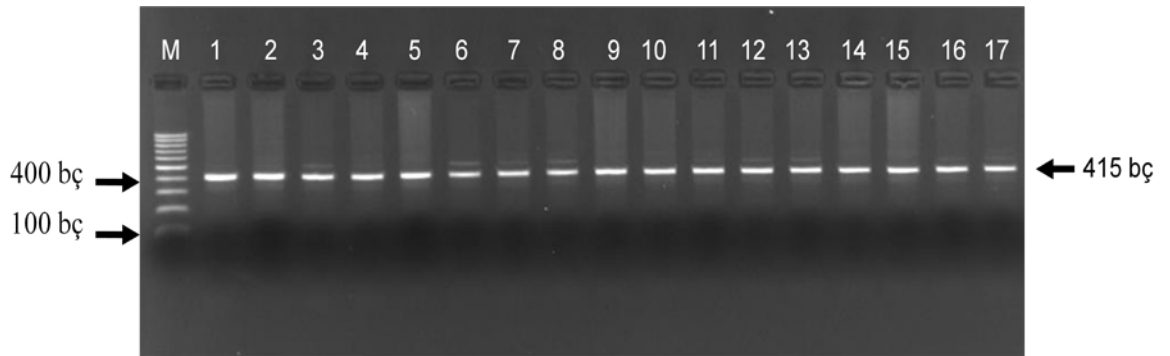
PCR-RFLP Metodu ile Belirlenen Polimorfizmler

Araştırma kapsamında yer alan 400 baş Holstein ırkı erkek dananın oluşturduğu popülasyonda incelenen CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri, PCR-RFLP metodu ile belirlenerek agaroz jel görüntüleri UV görüntüleme cihazı kullanılarak fotoğraflanmıştır.

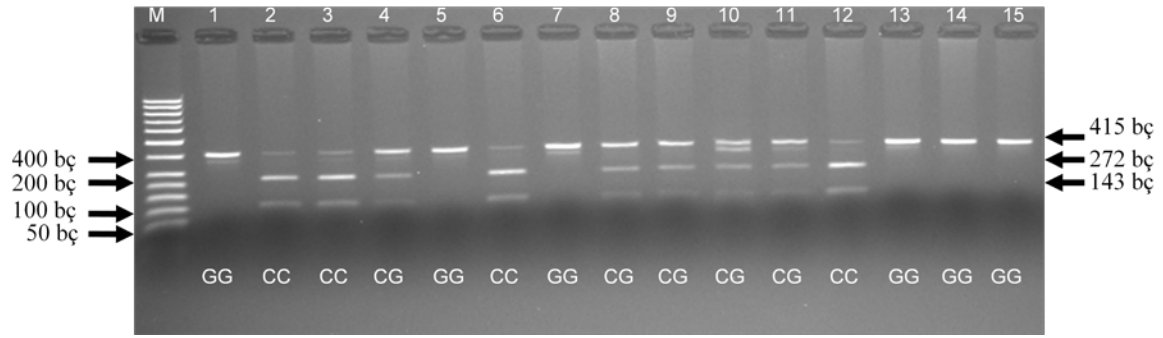
CAPN1- G316A Polimorfizmi

CAPN1 geni ekzon 9'da yer alan G316A polimorfizminin tespiti için PCR uygulaması sonucu 415 bç'lik ilk ürünün kontrolü %2'lik agaroz jelde yapılmış ve bazı olgulara ait agaroz jel görüntüsü verilmiştir (Şekil-10). PCR işleminden sonra kontrol edilen ve amplifikasyon ürünü olan örnekler *BtgI* enzim kesimi uygulanmıştır. Ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilerek genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir (Şekil-11).

Homozigot CC	: 272 bç, 143 bç büyüklüğünde 2 bant
Homozigot GG	: 415 bç büyüklüğünde tek bant
Heterozigot CG	: 415 bç, 272 bç, 143 bç büyüklüğünde 3 bant



Şekil-10. CAPN1 geni G316A polimorfizmi, 415 bç'lik amplifikasyon ürününün %2'lik agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (100bç) 1-17: Olgulara ait amplifikasyon ürünü

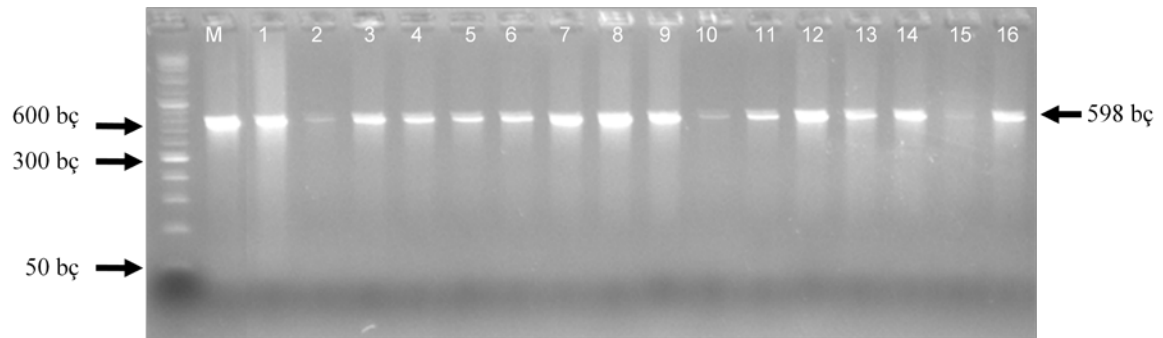


Şekil-11. CAPN1 geni G316A polimorfizmi, 415 bç'lik amplifikasyon ürününün *BtgI* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50 bç), 1-15: Olgulara ait *BtgI* enzim kesim ürünleri, homozigot CC: 272 bç, 143 bç büyüklüğünde 2 bant; homozigot GG: 415 bç büyüklüğünde tek bant; heterozigot CG: 415 bç, 272 bç, 143 bç büyüklüğünde 3 bant, 1: GG, 2: CC, 3: CC, 4:CG, 5: GG, 6: CC, 7: GG, 8-11: CG, 12: CC, 13-15: GG

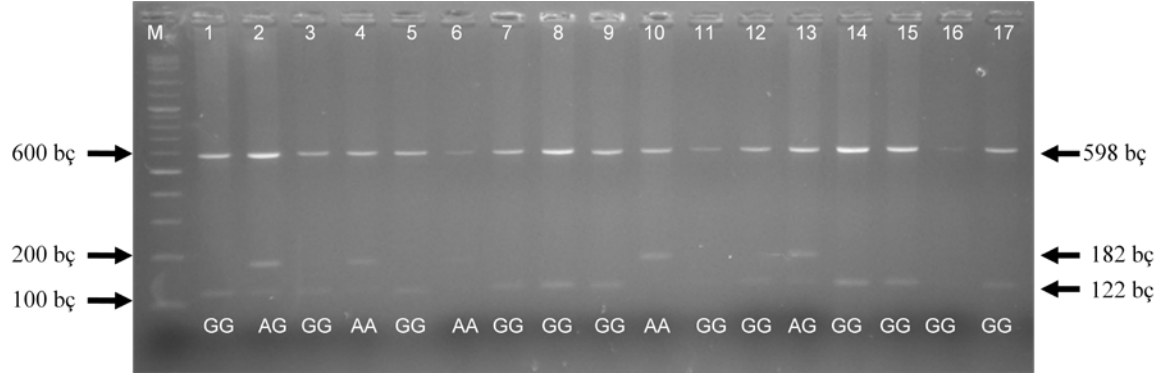
CAPN1- V530I Polimorfizmi

CAPN1 geni ekzon 14'te yer alan V530I polimorfizminin tespiti için PCR uygulaması sonucu 787 bç'lik ilk ürünün kontrolü %2'lik agaroz jelde yapılmış ve bazı olgulara ait agaroz jel görüntüsü verilmiştir (Şekil-12). PCR işleminden sonra kontrol edilen ve amplifikasyon ürünü olan örnekler *AvaII* enzim kesimi uygulanmıştır. Ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilerek genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir. (Şekil-13).

Homozigot GG : 598bç, 122 bç, 60 bç, 7 bç büyüklüğünde 4 bant
 Homozigot AA : 598 bç, 182 bç, 7 bç büyüklüğünde 3 bant
 Heterozigot GA : 598bç, 182 bç, 122 bç, 60 bç, 7 bç büyüklüğünde 5 bant



Şekil-12. CAPN1 geni V530I polimorfizmi, 598 bç'lik amplifikasyon ürününün %2'lik agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50bç) 1-16: Olgulara ait amplifikasyon ürünü

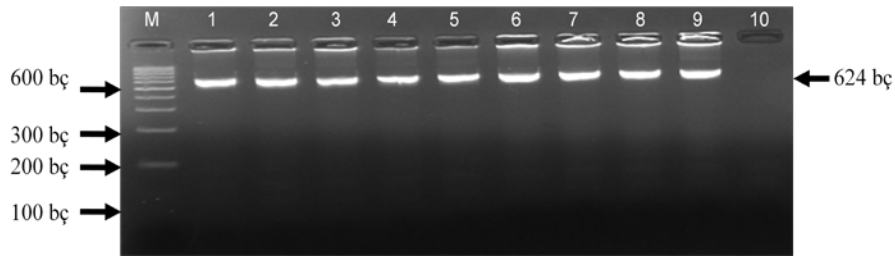


Şekil-13. CAPN1 geni V530I polimorfizmi, 598 bç'lik amplifikasyon ürününün *AvaII* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (100 bç), 1-17: Olgulara ait *AvaII* enzim kesim ürünleri, homozigot GG: 598 bç, 122 bç, 60 bç, 7 bç büyüklüğünde 4 bant; homozigot AA: 598 bç, 182 bç, 7 bç büyüklüğünde 3 bant; heterozigot GA: 598 bç, 182 bç, 122 bç, 60 bç, 7 bç büyüklüğünde 5 bant, 1:GG, 2: AG, 3: GG, 4: AA, 5: GG, 6: AA, 7-9: GG, 10: AA, 11: GG, 12: GG, 13: AG, 14-17: GG

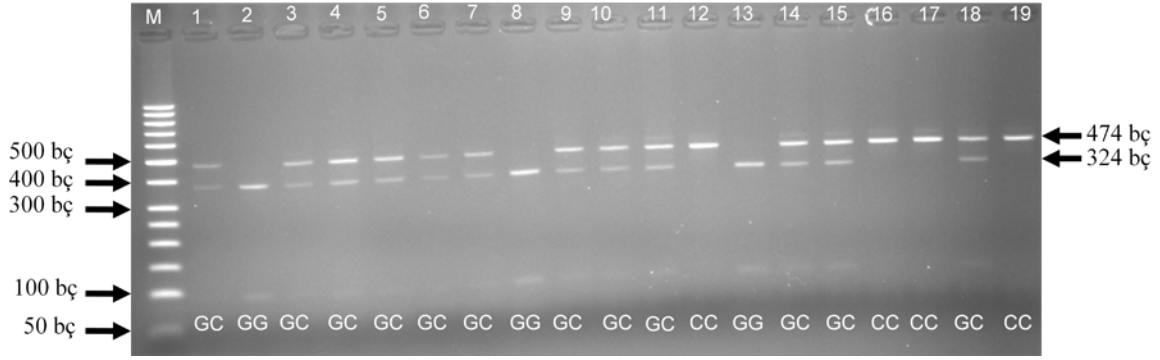
CAST- S20T Polimorfizmi

CAST geni ekzon 1C'de yer alan S20T polimorfizminin tespiti için PCR uygulaması sonucu 624 bç'lik ilk ürünün kontrolü %2'lik agaroz jelde yapılmış ve bazı olgulara ait agaroz jel görüntüsü verilmiştir (Şekil-14). PCR işleminden sonra kontrol edilen ve amplifikasyon ürünü olan örnekler *AluI* enzim kesimi uygulanmıştır. Ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilerek genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir. (Şekil-15).

- Homozigot GG : 324 bç büyüklüğünde 1 bant
- Homozigot CC : 474 bç büyüklüğünde 1 bant
- Heterozigot GC : 474 bç, 324 bç büyüklüğünde 2 bant



Şekil-14. CAST geni S20T polimorfizmi, 624 bç'lik amplifikasyon ürününün %2'lik agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (100bç) 1-10: Olgulara ait amplifikasyon ürünü

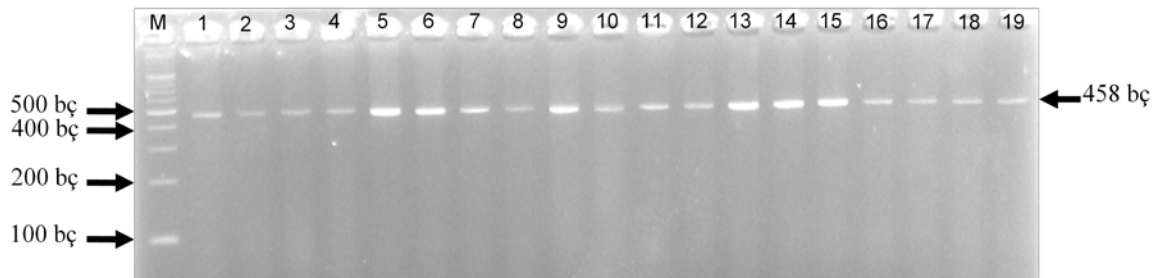


Şekil-15. CAST geni S20T polimorfizmi, 624 bç'lik amplifikasyon ürününün *AluI* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50 bç), 1-19: Olgulara ait *AluI* enzim kesim ürünleri, homozigot GG: 324 bç büyüklüğünde 1 bant; homozigot CC: 474 bç büyüklüğünde 1 bant; heterozigot GC: 474 bç, 324 bç büyüklüğünde 2 bant, 1: GC, 2: GG, 3-7: GC, 8: GG, 9-11: GC, 12: CC, 13: GG, 14. GC, 15: GC, 16: CC, 17: CC, 18: GC, 19: CC

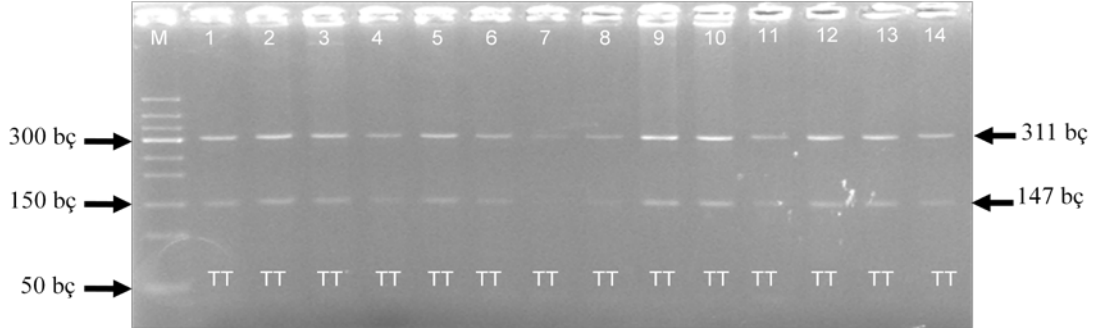
LEP- A80V Polimorfizmi

LEP geni ekzon 3'te yer alan 140-C/T polimorfizminin tespiti için PCR uygulaması sonucu 458 bç'lik ilk ürünün kontrolü %2'lik agaroz jelde yapılmış ve bazı olgulara ait agaroz jel görüntüsü verilmiştir (Şekil-16). PCR işleminden sonra kontrol edilen ve amplifikasyon ürünü olan örnekler *HphI* enzim kesimi uygulanmıştır. Ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilerek genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir (Şekil-17, 18).

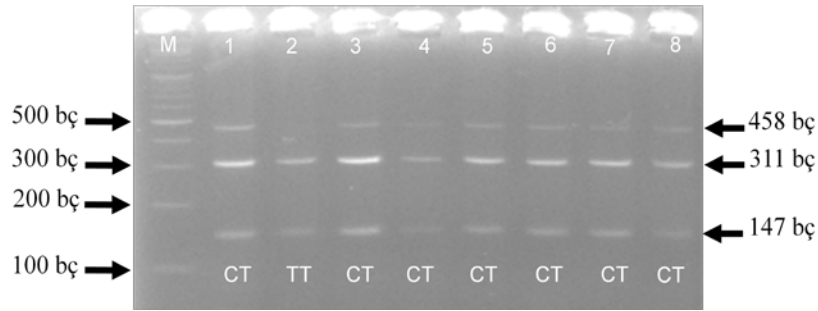
- Homozigot CC : 458 bç büyüklüğünde 1 bant
 Homozigot TT : 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 2 bant
 Heterozigot CG : 458 bç, 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 3 bant



Şekil-16. LEP geni A80V polimorfizmi, 458 bç'lik amplifikasyon ürününün %2'lik agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (100bç) 1-19: Olgulara ait amplifikasyon ürünü



Şekil-17. LEP geni A80V polimorfizmi, 458 bç'lik amplifikasyon ürününün *HphI* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50 bç), 1-14: Olgulara ait *HphI* enzim kesim ürünleri, homozigot CC : 458 bç büyüklüğünde 1 bant; homozigot TT: 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 2 bant; heterozigot CG: 458 bç, 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 3 bant, 1-14: homozigot TT

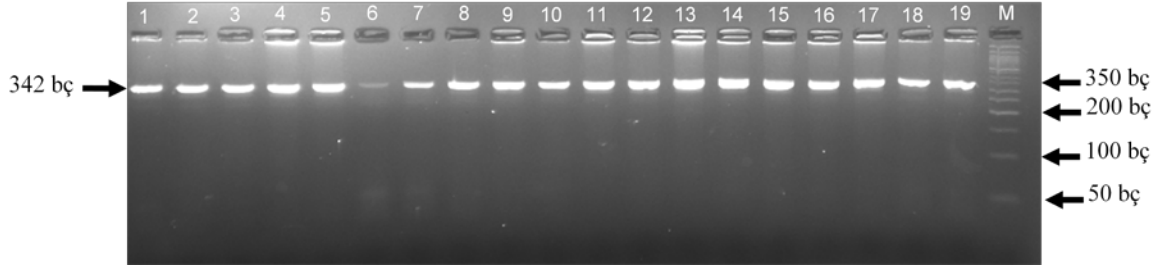


Şekil-18. LEP geni A80V polimorfizmi, 458 bç'lik amplifikasyon ürününün *HphI* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (100 bç), 1-8: Olgulara ait *HphI* enzim kesim ürünleri, homozigot CC : 458 bç büyüklüğünde 1 bant; homozigot TT: 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 2 bant; heterozigot CG: 458 bç, 311 bç, 147 bç büyüklüğünde 3 bant, 1: CT, 2: TT, 3-8: homozigot CT

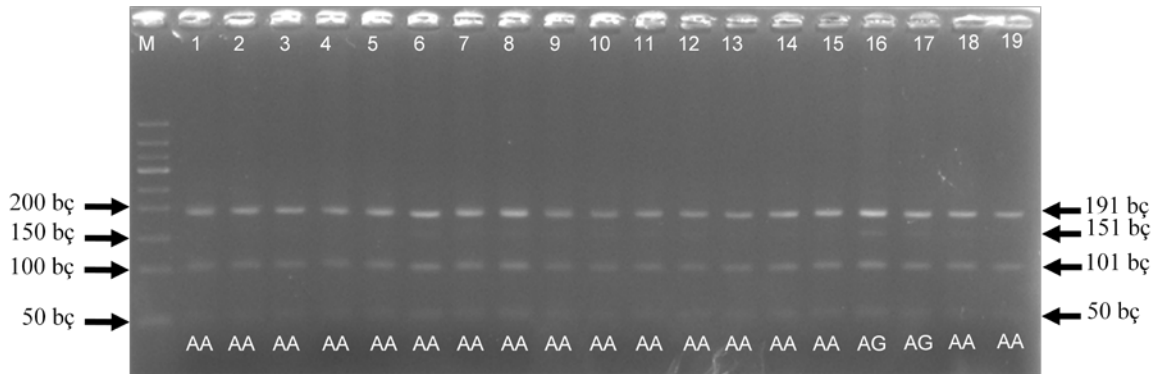
GHR- S555G Polimorfizmi

GHR geni ekzon 10'da yer alan S555G polimorfizminin tespiti için PCR uygulaması sonucu 342 bç'lik ilk ürünün kontrolü %2'lik agaroz jelde yapılmış ve bazı olgulara ait agaroz jel görüntüsü verilmiştir (Şekil-19). PCR işleminden sonra kontrol edilen ve amplifikasyon ürünü olan örnekler *AluI* enzim kesimi uygulanmıştır. Ürünler %3'lük agaroz jelde kontrol edilerek genotiplendirme işlemi gerçekleştirilmiştir (Şekil-20).

Homozigot AA : 191 bç, 101 bç, 50 bç büyüklüğünde 3 bant
Homozigot GG : 191 bç, 151 bç büyüklüğünde 2 bant
Heterozigot AG : 191 bç, 151 bç, 101 bç, 50 bç büyüklüğünde 4 bant



Şekil-19. GHR geni S555G polimorfizmi, 342 bç'lik amplifikasyon ürününün %2'lik agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50bç) 1-19: Olgulara ait amplifikasyon ürünü



Şekil-20. GHR geni S555G polimorfizmi, 342 bç'lik amplifikasyon ürününün *AluI* enzimi ile yapılan RFLP sonuçlarının %3'lük agaroz jelde görüntülenmesi, M: Marker DNA (50 bç), 1-19: Olgulara ait *AluI* enzim kesim ürünleri, homozigot AA: 191 bç, 101 bç, 50 bç büyüklüğünde 3 bant; homozigot GG: 191 bç, 151 bç büyüklüğünde 2 bant; heterozigot AG: 191 bç, 151 bç, 101 bç, 50 bç büyüklüğünde 4 bant, 1-15: AA, 16: AG, 17: AG, 18: AA, 19: AA

Genotip ve Allel Frekansları

Araştırma kapsamında yer alan 400 baş Holstein ırkı erkek dananın oluşturduğu populasyonda incelenen CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerine ait genotip ve allellerin frekansları ile Hardy-Weinberg dengesine uyumluluğu ve bu değerlerin istatistiki önemleri Tablo-6' da sunulmuştur.

CAPN1- G316A polimorfizminde CC, CG ve GG genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,065, 0,423 ve 0,512 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizme ait C ve G allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,28 ve 0,72'dir. CAPN1- G316A polimorfizmine ait genotip frekansları Hardy-Weinberg dengesine uyum göstermektedir ($p>0,05$).

CAPN1- V530I polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,030, 0,297 ve 0,673 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizme ait A ve G allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,18 ve 0,82'dir. CAPN1- V530I polimorfizmine ait genotip frekansları Hardy-Weinberg dengesine uyum göstermektedir ($p>0,05$).

CAST- S20T polimorfizminde GG, GC ve CC genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,168, 0,520 ve 0,312 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizme ait G ve C allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,43 ve 0,57'dir. CAST- S20T polimorfizmine ait genotip frekansları Hardy-Weinberg dengesine uyum göstermektedir ($p>0,05$).

LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,148, 0,202 ve 0,650 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizme ait C ve T allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,25 ve 0,75'dir. LEP- A80V polimorfizmine ait genotip frekansları Hardy-Weinberg dengesine uyum göstermemektedir ($p<0,05$).

GHR- S555G polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,635, 0,250 ve 0,115 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizme ait A ve G allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,76 ve 0,24'dir. GHR- S555G polimorfizmine ait genotip frekansları Hardy-Weinberg dengesine uyum göstermemektedir ($p<0,05$).

Tablo-6. CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerine ait genotip ve allellerin frekansları ile Hardy-Weinberg dengesine uyumluluğu ve bu değerlerin istatistikî önemleri

Genotipler	CAPN1- G316A			CAPN1- V530I			CAST S20T			LEP- A80V			GHR- S555G		
	CC	CG	GG	AA	AG	GG	GG	GC	CC	CC	CT	TT	AA	AG	GG
N(Gözlenen)	26	169	205	12	119	269	67	208	125	59	81	260	254	100	46
Frekans	0,065	0,423	0,512	0,030	0,297	0,673	0,168	0,520	0,312	0,148	0,202	0,650	0,635	0,250	0,115
N(Beklenen)	30,5	159,9	209,5	12,8	117,4	269,8	73,1	195,8	131,1	24,8	149,5	225,8	231,0	145,9	23,0
HWE¹	p= 0,25			p= 0,79			p= 0,21			p= 0,00			p= 0,00		
χ^2	1,28			0,07			1,55			83,97***			39,61***		
Allel	C		G	A		G	G		C	C		T	A		G
Frekansları	0,28		0,72	0,18		0,82	0,43		0,57	0,25		0,75	0,76		0,24

¹: Hardy-Weinberg dengesi, ***: p<0,001

Fenotipik Verilerin Değerlendirilmesi

Araştırma kapsamında yer alan 400 baş Holstein ırkı erkek dananın oluşturduğu populasyonda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin canlı ağırlık, karkas özellikleri ve et kalitesine etkileri en küçük kareler varyans analizi ile belirlenmiştir.

Canlı Ağırlık

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş canlı ağırlık ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-7’de; canlı ağırlık ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-1’de sunulmuştur. Genel canlı ağırlık ortalaması 470,90 kg olarak belirlenmiştir.

Tablo-7. İncelenen polimorfizmlere ait canlı ağırlıkların en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Canlı ağırlık (kg)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	437,8 ^b	12,07	-33,12	0,001
	CG	481,5 ^a	7,61	10,56	
	GG	493,5 ^a	7,64	22,56	
CAPN1- V530I	AA	464,9	15,80	-6,0	0,771
	AG	475,3	7,15	4,37	
	GG	472,6	6,58	1,67	
CAST- S20T	GG	482,9 ^a	9,54	11,93	0,038
	GC	464,7 ^b	7,97	-6,23	
	CC	465,2 ^b	8,16	-5,70	
LEP- A80V	CC	471,8	9,63	0,86	0,894
	CT	472,0	8,92	1,05	
	TT	469,0	8,06	-1,92	
GHR- S555G	AA	473,9	7,48	3,00	0,113
	AG	461,9	8,59	-9,06	
	GG	477,0	10,40	6,06	
Genel		470,90	7,53		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir (p<0,05)

En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A ve CAST- S20T polimorfizmlerinin canlı ağırlık üzerine etkileri istatistiksel olarak sırasıyla $p<0,001$ ve $p<0,05$ düzeylerinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların canlı ağırlık ortalaması 437,8 kg olarak belirlenmiştir. Buna karşın GG genotipine sahip homozigot hayvanların canlı ağırlık ortalamasının ise 493,5 kg olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise canlı ağırlık ortalaması 481,5 kg'dır. CAST- S20T polimorfizminde CC genotipe sahip hayvanların canlı ağırlık ortalaması 465,2 kg olarak belirlenmesine karşın GG genotipli hayvanlar ise 482,9 kg canlı ağırlığa sahiptir. Bu polimorfizmde heterozigot yapılı hayvanların canlı ağırlık ortalaması ise 464,7 kg'dır. CAPN1- V530I, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise canlı ağırlık bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılammıştır. Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir.

Sıcak Karkas

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş sıcak karkas ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-8'de; sıcak karkas ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-2'de sunulmuştur. Genel sıcak karkas ağırlık ortalaması 250,80 kg olarak belirlenmiştir. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin sıcak karkas ağırlığı üzerine etkisi istatistiksel düzeyde önemli bulunmuştur ($p<0,001$). CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların sıcak karkas ağırlık ortalaması 229,6 kg olarak belirlenmiştir. Buna karşın GG genotipine sahip homozigot hayvanların sıcak karkas ağırlık ortalamasının ise 264 kg olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise ortalaması 259 kg'dır. CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise sıcak karkas ağırlıkları bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılammış ancak varyans analizinde CAST- S20T polimorfizminin etkisinin $p<0,05$ önem düzeyine yaklaştığı görülmüştür ($p=0,09$). CAST- S20T polimorfizminde CC genotipe sahip hayvanların sıcak karkas ağırlık ortalaması 249 kg olarak belirlenmesine karşın GG genotipli hayvanlar ise 256 kg sıcak karkas ağırlığına sahiptir. Bu polimorfizmde heterozigot yapılı hayvanların ortalaması ise 247,3 kg'dır.

Modele eklenen ikili gen interaksiyonların istatistiksel düzeyde etkili olmadığı görülmüştür ($p>0,05$).

Tablo-8. İncelenen polimorfizmlere ait sıcak karkas ağırlıklarının en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Sıcak karkas (kg)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	229,6 ^b	6,83	-21,28	0,001
	CG	259,0 ^a	4,30	8,10	
	GG	264,0 ^a	4,32	13,18	
CAPN1- V530I	AA	248,0	8,9	-2,84	0,867
	AG	252,7	4,0	1,84	
	GG	251,9	3,7	1,01	
CAST- S20T	GG	256,4	5,40	5,51	0,090
	GC	247,3	4,51	-3,61	
	CC	249,0	4,62	-1,90	
LEP- A80V	CC	251,8	5,45	0,88	0,851
	CT	251,3	5,05	0,43	
	TT	249,6	4,56	-1,32	
GHR- S555G	AA	252,5	4,23	1,64	0,186
	AG	246,4	4,86	-4,45	
	GG	253,7	5,88	2,81	
Genel		250,80	4,26		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p<0,05$)

Soğuk Karkas

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş soğuk karkas ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-9'da; soğuk karkas ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-3'te sunulmuştur. Genel soğuk karkas ağırlık ortalaması 246,64 kg olarak belirlenmiştir. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin soğuk karkas ağırlığı üzerine etkisi istatistiksel düzeyde önemli bulunmuştur ($p<0,001$). CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların soğuk karkas ağırlık

ortalaması 225,6 kg olarak belirlenmiştir. GG genotipine sahip homozigot hayvanların soğuk karkas ağırlık ortalamasının ise 259,7 kg olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise ortalaması 254,7 kg'dır. CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise sıcak karkas ağırlıkları bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılmamıştır ancak varyans analizinde CAST- S20T polimorfizminin etkisinin sıcak karkas verilerinde olduğu gibi $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmüştür ($p=0,08$). CAST- S20T polimorfizminde CC genotipe sahip hayvanların soğuk karkas ağırlık ortalaması 244,7 kg olarak belirlenmesine karşın GG genotipli hayvanlar ise 252,2 kg sıcak karkas ağırlığına sahiptir. Bu polimorfizmde heterozigot yapılı hayvanların ortalaması ise 243,1 kg'dır. Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir.

Tablo-9. İncelenen polimorfizmlere ait soğuk karkas ağırlıklarının en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Soğuk karkas (kg)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	225,6 ^b	6,75	-21,07	0,001
	CG	254,7 ^a	4,26	8,03	
	GG	259,7 ^a	4,28	13,04	
CAPN1- V530I	AA	243,8	8,84	-2,83	0,865
	AG	248,5	4,00	1,83	
	GG	247,7	3,68	1,01	
CAST- S20T	GG	252,2	5,34	5,53	0,085
	GC	243,1	4,46	-3,58	
	CC	244,7	4,57	-1,95	
LEP- A80V	CC	247,6	5,39	0,90	0,844
	CT	247,1	4,99	0,43	
	TT	245,3	4,51	-1,33	
GHR- S555G	AA	248,3	4,18	1,63	0,185
	AG	242,2	4,81	-4,40	
	GG	249,4	5,82	2,78	
Genel		246,64	4,21		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

Karkas Randımanı

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş karkas randımanı ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-10'da; karkas randımanı ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-4'te sunulmuştur. Genel karkas randımanı ortalaması %53,14 olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A ve CAST- S20T polimorfizmlerinin karkas randımanı üzerine etkileri istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($p < 0,05$). CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların karkas randımanı ortalaması %52,39 olarak belirlenmiştir. GG genotipine sahip homozigot hayvanların karkas randımanı ortalamasının ise %53,39 olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise ortalaması %53,65'tür. CAST- S20T polimorfizminde GG genotipe sahip hayvanların karkas randımanı ortalaması %52,44 olarak hesaplanmıştır. GC genotipli heterozigot hayvanların ortalama karkas randımanı %53,16'dır. Bu ortalama CC genotipe sahip hayvanlarda ise %53,83'tür.

Tablo- 10. İncelenen polimorfizmlere ait karkas randımanlarının en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Karkas randımanı (%)		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	S \bar{x}		
CAPN1- G316A	CC	52,39 ^b	0,48	-0,75 0,50 0,24 0,016
	CG	53,65 ^a	0,30	
	GG	53,39 ^a	0,30	
CAPN1- V530I	AA	53,30	0,63	0,16 -0,16 0,00 0,725
	AG	52,98	0,29	
	GG	53,15	0,26	
CAST- S20T	GG	52,44 ^b	0,42	-0,70 0,01 0,68 0,002
	GC	53,16 ^a	0,32	
	CC	53,83 ^a	0,34	
LEP- A80V	CC	53,20	0,40	0,05 -0,19 0,13 0,623
	CT	52,95	0,38	
	TT	53,28	0,32	
GHR- S555G	AA	53,18	0,30	0,03 0,08 -0,12 0,853
	AG	53,23	0,34	
	GG	53,02	0,41	
Genel		53,14	0,30	

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

CAPN1- V530I, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise karkas randımanı bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılmamıştır. Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde sadece CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonunda anlamlı sonuçlar elde edilmiştir ($p < 0,05$). İnteraksiyon analizinde CCCC ve CCCT genotipe sahip hayvanların karkas randımanı ortalaması sırasıyla %54,33 ve %54,02'dir. GGCT genotipli hayvanların ortalaması ise %51,75 olarak belirlenmiştir (Tablo-11).

Tablo-11. İstatistiksel olarak anlamlı bulunan CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonuna ait en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Karkas randımanı (%)		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	S \bar{x}		
CAST- S20T x LEP- A80V				
CCCC	54,33	0,53	0,45	0,008
CCCT	54,02	0,48	0,39	
CCTT	53,13	0,35	-0,84	
GCCC	53,07	0,46	-0,15	
GCCT	53,08	0,40	0,10	
GCTT	53,34	0,35	0,04	
GGCC	52,20	0,72	-0,29	
GGCT	51,75	0,75	-0,49	
GGTT	53,38	0,42	0,79	

Kabuk Yağı Kalınlığı

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş kabuk yağı kalınlığı ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-12'de; kabuk yağı kalınlığı ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-5'de sunulmuştur. Genel kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,68 mm olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisi istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($p < 0,05$). CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,27 mm olarak belirlenmiştir. GG genotipine sahip

homozigot hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalamasının ise 2,98 mm olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise ortalaması 2,81 mm olarak belirlenmiştir. CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise kabuk yağı kalınlığı bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılmamıştır. Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir.

Tablo-12. İncelenen polimorfizmlere ait kabuk yağı kalınlıklarının en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Kabuk yağı kalınlığı (mm)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	2,27 ^b	0,22	-0,41 0,12 0,29	0,021
	CG	2,81 ^a	0,14		
	GG	2,98 ^a	0,14		
CAPN1- V530I	AA	2,57	0,29	-0,11 0,05 0,05	0,840
	AG	2,74	0,13		
	GG	2,74	0,12		
CAST- S20T	GG	2,77	0,17	0,08 -0,02 -0,05	0,642
	GC	2,66	0,14		
	CC	2,63	0,15		
LEP- A80V	CC	2,63	0,17	-0,05 0,05 -0,00	0,816
	CT	2,74	0,16		
	TT	2,68	0,14		
GHR- S555G	AA	2,62	0,13	-0,06 0,05 0,01	0,585
	AG	2,74	0,15		
	GG	2,70	0,19		
Genel		2,68	0,13		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

MLD Alanı

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş MLD alanı ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-13’de; MLD alanı ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-6’da sunulmuştur. Genel MLD alan ortalaması 98,42 cm² olarak hesaplanmıştır. İncelenen polimorfizmler arasından sadece CAPN1- G316A polimorfizmi istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur. CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların MLD alanı ortalaması 90,89 cm² olarak belirlenmiştir. GG genotipine sahip homozigot hayvanların MLD alanı ortalamasının ise 102,47 cm² olduğu görülmüştür. CG genotipine sahip heterozigot hayvanların ise ortalaması 101,92 cm² olarak belirlenmiştir. CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmleri incelendiğinde ise MLD alanı bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılamamıştır. Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir.

Tablo-13. İncelenen polimorfizmlere ait MLD (*musculus longissimus dorsi*) alanlarının en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	MLD alanı (cm ²)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	90,89 ^b	3,01	-7,54	0,006
	CG	101,92 ^a	1,92	3,49	
	GG	102,47 ^a	1,94	4,05	
CAPN1- V530I	AA	100,98	4,08	2,55	0,342
	AG	97,92	1,79	-0,50	
	GG	96,37	1,64	-2,05	
CAST- S20T	GG	97,83	2,41	-0,59	0,646
	GC	98,08	2,02	-0,347	
	CC	99,36	2,06	0,94	
LEP- A80V	CC	97,61	2,42	-0,81	0,760
	CT	98,56	2,27	0,13	
	TT	99,10	2,02	0,68	
GHR- S555G	AA	98,06	1,89	-0,36	0,401
	AG	99,94	2,16	1,51	
	GG	97,27	2,60	-1,15	
Genel		98,42	1,90		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir (p<0,05)

Mermerleşme Derecesi

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş mermerleşme derecesi ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo 14'te; mermerleşme derecesi ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-7'de sunulmuştur. Genel mermerleşme derecesi ortalaması 2,69 olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin MLD alanı üzerine etkilerinde herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılmamıştır.

Tablo-14. İncelenen polimorfizmlere ait mermerleşme derecesi değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Mermerleşme derecesi (1-6)		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	$S \bar{x}$		
CAPN1- G316A	CC	2,76	0,22	0,566
	CG	2,70	0,13	
	GG	2,61	0,13	
CAPN1- V530I	AA	2,59	0,28	0,741
	AG	2,71	0,12	
	GG	2,76	0,11	
CAST- S20T	GG	2,75	0,16	0,755
	GC	2,65	0,13	
	CC	2,66	0,14	
LEP- A80V	CC	2,66	0,16	0,289
	CT	2,80	0,15	
	TT	2,60	0,14	
GHR- S555G	AA	2,68	0,13	0,575
	AG	2,77	0,14	
	GG	2,62	0,17	
Genel		2,69	0,13	

pH

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş pH ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-15'te; pH ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-8'de sunulmuştur. Genel pH ortalaması 2,69 olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- V530I ve GHR- S555G polimorfizmleri istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($p < 0,001$). CAPN1- V530I polimorfizminde GG genotipe sahip hayvanların pH ortalaması 5,59 olarak belirlenmiştir. AA genotipli hayvanlarda bu ortalama 5,89, GA genotipli hayvanlarda ise 5,63'tür. GHR- S555G polimorfizminde AA genotipe sahip hayvanların pH ortalaması 5,60 iken GG genotipe sahip hayvanlarda bu ortalama 5,71 olarak belirlenmiştir. GA heterozigot yapılı hayvanlarda ise pH ortalaması 5,6'dır.

Tablo-15. İncelenen polimorfizmlere ait pH değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	pH		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	S \bar{x}		
CAPN1- G316A	CC	5,70	0,04	0,884
	CG	5,70	0,03	
	GG	5,71	0,03	
CAPN1- V530I	AA	5,89 ^a	0,07	0,000
	AG	5,63 ^b	0,02	
	GG	5,59 ^b	0,02	
CAST- S20T	GG	5,71	0,03	0,784
	GC	5,70	0,03	
	CC	5,69	0,03	
LEP- A80V	CC	5,66	0,03	0,084
	CT	5,73	0,03	
	TT	5,72	0,03	
GHR- S555G	AA	5,57 ^b	0,02	0,000
	AG	5,58 ^b	0,04	
	GG	5,97 ^a	0,06	
Genel	5,70	0,02		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

CAPN1- G316A, CAST- S20T ve LEP- A80V polimorfizmleri incelendiğinde pH değerleri bakımından herhangi bir istatistiksel anlamlı sonuca ulaşılamamıştır. Ancak LEP- A80V polimorfizmi incelendiğinde elde edilen istatistik sonucun $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,084$).

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde CAPN1- V530I x GHR- S555G ve LEP- A80V x GHR- S555G interaksiyonları istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar göstermiştir (sırasıyla $p < 0,001$ ve $p < 0,05$). CAPN1- V530I x GHR- S555G interaksiyonunda AAGA genotipe sahip hayvanlara ait pH ortalaması 5,54 olarak belirlenmiştir. Bununla birlikte AAGG genotipli hayvanlar ise en yüksek pH değerlerine sahip grup olmuştur (6,56). LEP- A80V x GHR- S555G interaksiyonunda ise CTAA genotipe sahip hayvanların pH ortalaması 5,52, CTGG genotipli hayvanların ortalaması ise 6,09 olarak belirlenmiştir (Tablo-16).

Tablo-16. İstatistiksel olarak anlamlı bulunan CAPN1- V530I x GHR- S555G ve LEP- A80V x GHR- S555G interaksiyonuna ait en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	pH		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	$S \bar{x}$		
CAPN1- V530I x GHR- S555G				
AAAA	5,57	0,06	-0,18	0,004
AAGA	5,54	0,10	-0,21	
AAGG	6,56	0,17	0,40	
GAAA	5,57	0,03	0,07	
GAGA	5,63	0,03	0,13	
GAGG	5,68	0,04	-0,21	
GGAA	5,56	0,02	0,10	
GGGA	5,55	0,03	0,08	
GGGG	5,67	0,04	-0,18	
LEP- A80V x GHR- S555G				
CCAA	5,59	0,03	0,07	0,006
CCGA	5,55	0,05	0,02	
CCGG	5,83	0,08	-0,09	
CTAA	5,52	0,03	-0,08	
CTGA	5,60	0,04	-0,00	
CTGG	6,09	0,09	0,08	
TTAA	5,59	0,03	0,00	
TTGA	5,57	0,04	-0,01	
TTGG	5,99	0,06	0,00	

Karkas Uzunluđu

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yařına gre dzltilmiř karkas uzunluđu ortalamaları genotiplere gre sınıflandırılarak Tablo-17’de; karkas uzunluđu ve incelenen genetik/evre faktrlerine iliřkin en kk kareler varyans analizleri Ek Tablo-9’da sunulmuřtur. Genel karkas uzunluđu ortalaması 139,84 cm olarak hesaplanmıřtır. En kk kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin karkas uzunluđu zerine etkisi $p < 0,01$ dzeyinde anlamlı bulunmuřtur. CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların karkas uzunluđu ortalaması 138,7 cm, CG genotipli heterozigot hayvanların karkas uzunluđu ortalaması ise 139,9 cm olarak belirlenmiřtir. GG genotipe sahip hayvanlarda bu ortalama 140,9 cm’ye ykselmiřtir.

Tablo-17. İncelenen polimorfizmlere ait karkas uzunluđu deđerlerinin en kk kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p deđerleri

Genotip	Karkas uzunluđu (cm)		Etki payı	p deđer	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	138,7 ^c	0,72	-1,19	0,004
	CG	139,9 ^b	0,43	0,09	
	GG	140,9 ^a	0,43	1,09	
CAPN1- V530I	AA	140,0	0,92	0,14	0,679
	AG	139,6	0,40	-0,21	
	GG	139,9	0,37	0,07	
CAST- S20T	GG	140,0	0,53	0,11	0,877
	GC	139,8	0,45	-0,007	
	CC	139,7	0,46	-0,11	
LEP- A80V	CC	140,0	0,54	0,17	0,493
	CT	139,5	0,50	-0,31	
	TT	140,0	0,46	0,13	
GHR- S555G	AA	139,8	0,43	-0,019	0,645
	AG	139,6	0,48	-0,227	
	GG	140,1	0,58	0,246	
Genel		139,84	0,42		

a, b: Aynı stunda deđiřik harfler ile gsterilen gruplar arasındaki fark nemlidir ($p < 0,05$)

CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin karkas uzunluđuna etkileri istatistiksel düzeyde önemli deđildir.

Modele eklenen ikili interaksiyonların karkas uzunluđuna etkileri önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$).

But Uzunluđu

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş but uzunluđu ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-18'de; but uzunluđu ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-10'da sunulmuştur. Genel but uzunluđu ortalaması 63,93 cm olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin but uzunluđu üzerine etkisi $p<0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipine sahip homozigot hayvanların but uzunluđu ortalaması 63,67 cm, CG genotipli heterozigot hayvanların but uzunluđu ortalaması ise 63,83 cm olarak belirlenmiştir. GG genotipe sahip hayvanlarda bu ortalama 64,31 cm'ye yükselmiştir.

CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin but uzunluđuna etkileri istatistiksel düzeyde önemli deđildir ancak LEP- A80V polimorfizminin etkisinin $p<0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p=0,093$).

Tablo-18. İncelenen polimorfizmlere ait but uzunluğu değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	But uzunluğu (cm)		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	$S \bar{x}$		
CAPN1- G316A				
CC	63,67 ^b	0,42	-0,27	0,022
CG	63,83 ^b	0,25	-0,10	
GG	64,31 ^a	0,25	0,37	
CAPN1- V530I				
AA	64,11	0,54	0,17	0,742
AG	63,79	0,23	-0,14	
GG	63,91	0,22	-0,02	
CAST- S20T				
GG	64,10	0,31	0,16	0,564
GC	63,87	0,26	-0,06	
CC	63,84	0,27	-0,10	
LEP- A80V				
CC	64,28	0,31	0,34	0,093
CT	63,82	0,29	-0,11	
TT	63,71	0,27	-0,22	
GHR- S555G				
AA	63,76	0,25	-0,18	0,255
AG	63,84	0,28	-0,09	
GG	64,22	0,33	0,28	
Genel	63,93	0,25		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

Modele eklenen ikili interaksiyonların but uzunluğuna etkileri önemsiz bulunmuştur ($p > 0,05$). Ancak CAST- S20T x GHR- S555G interaksiyonunun $p < 0,05$ değerine yaklaştığı dikkati çekmektedir ($p = 0,09$).

But Çevresi

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş but çevresi ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-19'da; but çevresi ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-11'de sunulmuştur. Genel but çevresi ortalaması 99,72 cm olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A ve CAST- S20T polimorfizmlerinin but çevresi üzerine etkisi $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- G316A

polimorfizmde CC genotipine sahip homozigot hayvanların but çevresi ortalaması 98,16 cm, GG genotipli hayvanların ise but çevresi ortalaması 100,89 cm olarak belirlenmiştir. CG genotipli heterozigot hayvanlarda ise bu ortalama 100,12 cm'dir. CAST- S20T polimorfizmde CC genotipine sahip homozigot hayvanların but çevresi ortalaması 98,33 cm, GG genotipine sahip hayvanların ise ortalaması 100,22 cm olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizmde GC genotipli heterozigot hayvanların 100,62 cm ortalamaıyla en yüksek değere ulaştığı görülmüştür.

Tablo-19. İncelenen polimorfizmlere ait but çevresi değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	But çevresi (cm)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	98,16 ^b	0,61	-1,56	0,005
	CG	100,12 ^a	0,43	0,39	
	GG	100,89 ^a	0,40	1,16	
CAPN1- V530I	AA	98,63	0,68	-1,09	0,066
	AG	100,33	0,35	0,61	
	GG	100,20	0,29	0,47	
CAST- S20T	GG	100,22 ^a	0,51	0,49	0,007
	GC	100,62 ^a	0,40	0,89	
	CC	98,33 ^b	0,48	-1,39	
LEP- A80V	CC	99,72	0,38	-0,003	0,176
	CT	99,45	0,35	-0,26	
	TT	99,99	0,33	0,27	
GHR- S555G	AA	99,80	0,31	0,07	0,881
	AG	99,72	0,34	-0,002	
	GG	99,65	0,41	-0,07	
Genel		99,72	0,30		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

CAPN1- V530I, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin but çevresine etkileri istatistiksel düzeyde önemli değildir ($p > 0,05$). Ancak CAPN1- V530I polimorfizminin but çevresine etkisinin $p < 0,05$ değerine oldukça yaklaştığı görülmüştür ($p = 0,06$). Bu polimorfizmde AA genotipli hayvanlar 98,63 cm, GG genotipli hayvanlar ise 100,20 cm but çevresi ortalamasına sahiptir. AG genotipine sahip heterozigot

hayvanların but çevresi ortalaması 100,33 cm olarak hesaplanmıştır. Modele eklenen ikili interaksiyonlardan CAPN1- G316A x CAPN1- V530I ve CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonlarının but çevresine etkisi istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu görülmüştür ($p < 0,05$). CAPN1- G316A x CAPN1- V530I interaksiyonunda CCAA genotipine sahip hayvanların but çevresi ortalaması 94,86 cm, GGAA genotipine sahip hayvanların ise but çevresi ortalaması 102,16 cm olarak hesaplanmıştır. CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonunda AACC genotipine sahip hayvanların but çevresi ortalaması 94,74 cm olarak belirlenirken AAGC genotipli hayvanlarda ise bu ortalama 101,13 cm' ye yükselmiştir (Tablo-20).

Tablo-20. İstatistiksel olarak anlamlı bulunan CAPN1- G316A x CAPN1- V530I ve CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonlarına ait en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	But çevresi (cm)		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	S \bar{x}		
CAPN1- G316A x CAPN1- V530I				
CCAA	94,86	1,49	-2,21	0,004
CCGA	100,19	0,79	1,41	
CCGG	99,44	0,65	0,80	
GCAA	98,89	1,15	-0,13	
GCGA	100,66	0,33	-0,06	
GCGG	100,80	0,28	0,20	
GGAA	102,16	1,04	2,35	
GGGA	100,15	0,36	-1,34	
GGGG	100,36	0,25	-1,00	
CAPN1- V530I x CAST- S20T				
AACC	94,74	1,28	-2,49	0,006
AAGC	101,13	1,03	1,59	
AAGG	100,04	1,33	0,90	
GACC	100,42	0,39	1,47	
GAGC	100,50	0,36	-0,73	
GAGG	100,09	0,66	-0,74	
GGCC	99,83	0,33	1,02	
GGGC	100,23	0,31	-0,86	
GGGG	100,53	0,40	-0,16	

Göğüs Çevresi

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş göğüs çevresi ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-21’de; göğüs çevresi ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-12’de sunulmuştur. Genel göğüs çevresi ortalaması 81,16 cm olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin göğüs çevresine etkileri istatistiksel düzeyde önemli değildir. Modele eklenen ikili interaksiyonların göğüs çevresine etkileri önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$).

Tablo-21. İncelenen polimorfizmlere ait göğüs çevresi değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Göğüs çevresi (cm)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	80,53	0,75	-0,63 0,09 0,53	0,163
	CG	81,26	0,45		
	GG	81,70	0,45		
CAPN1- V530I	AA	81,49	0,96	0,33 -0,25 -0,07	0,781
	AG	80,91	0,41		
	GG	81,09	0,39		
CAST- S20T	GG	81,57	0,56	0,40 -0,22 -0,17	0,333
	GC	80,94	0,47		
	CC	80,98	0,48		
LEP- A80V	CC	81,19	0,56	0,02 0,07 -0,09	0,912
	CT	81,24	0,52		
	TT	81,07	0,48		
GHR- S555G	AA	81,38	0,45	0,21 0,16 -0,37	0,481
	AG	81,32	0,50		
	GG	80,79	0,60		
Genel		81,16	0,44		

İç Göğüs Derinliği

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş iç göğüs derinliği ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-22’de; iç göğüs derinliği ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-13’te sunulmuştur. Genel iç göğüs derinliği ortalaması 59,24 cm olarak hesaplanmıştır. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A polimorfizminin iç göğüs derinliği üzerine etkisi $p<0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- G316A polimorfizminde CC genotipe sahip hayvanların iç göğüs derinliği ortalaması 58,58 cm, GG genotipe sahip hayvanda ise bu ortalama 59,86 cm olarak belirlenmiştir. CG genotipli heterozigot hayvanlar ise 59,30 cm ortalamaya sahiptir. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAST- S20T polimorfizminin iç göğüs derinliği üzerine etkisi $p<0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAST- S20T polimorfizminde CC genotipe sahip hayvanların iç göğüs derinliği ortalaması 58,95 cm, GG genotipe sahip hayvanlar ise 59,83 cm olarak belirlenmiştir. GC genotipli heterozigot hayvanlarda ise bu ortalama 58,96 cm’dir.

Tablo-22. İncelenen polimorfizmlere ait iç göğüs derinliği değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	İç göğüs derinliği (cm)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	58,58 ^b	0,57	-0,66	0,014
	CG	59,30 ^a	0,34	0,05	
	GG	59,86 ^a	0,34	0,61	
CAPN1- V530I	AA	59,52	0,73	0,27	0,712
	AG	59,03	0,31	-0,22	
	GG	59,20	0,29	-0,05	
CAST- S20T	GG	59,83 ^a	0,42	0,58	0,021
	GC	58,96 ^b	0,36	-0,28	
	CC	58,95 ^b	0,37	-0,30	
LEP- A80V	CC	59,13	0,42	-0,11	0,818
	CT	59,26	0,39	0,01	
	TT	59,35	0,36	0,10	
GHR- S555G	AA	59,34	0,34	0,08	0,224
	AG	59,56	0,38	0,31	
	GG	58,85	0,45	-0,39	
Genel		59,24	0,33		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p<0,05$)

En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- V530I, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin iç göğüs derinliğine etkileri istatistiksel düzeyde önemli değildir. Modele eklenen ikili interaksiyonların iç göğüs derinliğine etkileri önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$).

L* Değeri (Parlaklık)

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş L* değeri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-23'te; L* değeri ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-14'te sunulmuştur. Genel L* değeri ortalaması 34,27'dir.

Tablo-23. İncelenen polimorfizmlere ait L* değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri.

Genotip	L*		Etki payı	p değeri
	\bar{x}	S \bar{x}		
CAPN1- G316A				
CC	35,15	0,94	0,87	0,241
CG	33,69	0,59	-0,58	
GG	33,98	0,60	-0,29	
CAPN1- V530I				
AA	32,47 ^b	1,24	-1,80	0,049
AG	34,99 ^a	0,56	0,71	
GG	35,37 ^a	0,51	1,09	
CAST- S20T				
GG	34,14	0,74	-0,13	0,083
GC	33,82	0,62	-0,45	
CC	34,87	0,64	0,59	
LEP- A80V				
CC	34,15	0,75	-0,12	0,086
CT	34,97	0,70	0,69	
TT	33,70	0,63	-0,57	
GHR- S555G				
AA	34,50	0,58	0,23	0,752
AG	34,30	0,67	0,02	
GG	34,02	0,81	-0,25	
Genel	34,27	0,59		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p<0,05$)

En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- V530I polimorfizminin L* değerine etkisi $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- V530I polimorfizminde AA ve AG genotipine sahip hayvanlara ait L*değeri ortalaması sırasıyla 32,47 ve 34,99'dur. Homozigot GG hayvanlarda ise bu ortalama 35,37'ye yükselmiştir. En küçük kareler varyans analizi, CAPN1- G316A, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin L* değerine etkilerinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığını göstermiştir. Ancak CAST- S20T ve LEP- A80V polimorfizmlerinin L* değerine etkilerinin $p < 0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p = 0,08$).

Modele eklenen ikili interaksiyonların L* değerine etkileri önemsiz bulunmuştur ($p > 0,05$).

a* Değeri

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş a* değeri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-24'te; a* ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-15'te sunulmuştur. Genel a* değeri ortalaması 10,78'dir. En küçük kareler varyans analizi sonucunda GHR- S555G polimorfizminin a* değerine etkisi $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olarak belirlenmiştir. Bu polimorfizmde GG genotipine sahip hayvanların a* değeri ortalaması 10,38 olarak hesaplanırken AA genotipli hayvanların ortalaması ise 11,47 değerine yükselmiştir. GA genotipli heterozigot hayvanların ortalaması ise 10,49'dur. CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T ve LEP- A80V polimorfizmlerinin a* değerine etkisi istatistiksel düzeyde önemli değildir ($p > 0,05$). Ancak LEP- A80V polimorfizm etkisinin $p < 0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p = 0,08$).

Modele eklenen ikili interaksiyonların a* değerine etkileri istatistiksel düzeyde önemsiz bulunmasına rağmen CAST- S20T x GHR- S555G interaksiyonunun $p < 0,05$ değerine yaklaştığı dikkati çekmektedir ($p = 0,085$).

Tablo-24. İncelenen polimorfizmlere ait a* değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	a*		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	10,55	0,68	-0,22	0,371
	CG	11,10	0,43	0,31	
	GG	10,69	0,43	-0,09	
CAPN1- V530I	AA	10,78	0,89	-0,004	0,805
	AG	10,89	0,40	0,11	
	GG	10,67	0,37	0,10	
CAST- S20T	GG	10,98	0,54	0,20	0,690
	GC	10,76	0,45	-0,02	
	CC	10,60	0,46	-0,18	
LEP- A80V	CC	10,17	0,54	0,61	0,085
	CT	11,32	0,50	0,54	
	TT	10,85	0,45	0,07	
GHR- S555G	AA	11,47 ^a	0,42	0,69	0,006
	AG	10,49 ^b	0,48	-0,29	
	GG	10,38 ^b	0,58	-0,39	
Genel		10,78	0,42		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir (p<0,05)

b* Değeri

Holstein ırkı erkek danaların mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş b* değeri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-25'te; b* değeri ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-16'da sunulmuştur. Genel b* değeri ortalaması 9,19'dur. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAST- S20T polimorfizm etkisinin istatistiksel olarak p<0,05 düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. Bu polimorfizmde GG ve CC genotipine sahip hayvanların b* değeri ortalaması sırasıyla 8,80 ve 9,08'dir. GC genotipli heterozigot hayvanlarda bu ortalamanın 9,70'e yükseldiği görülmüştür. Varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin b* değerine etkilerinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmüştür (p>0,05). Ancak GHR- S555G

etkisinin $p < 0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p = 0,06$). Bu poliformizmde AA genotipine sahip hayvanların b^* değeri ortalamasının 8,71 olarak hesaplanmasına karşın GA ve GG genotipli hayvanlarda bu ortalamanın sırasıyla 9,42 ve 9,46'ya yükseldiği dikkati çekmektedir.

Modele eklenen ikili interaksiyonların b^* değerine etkilerinin önemsiz olduğu bulunmuştur ($p > 0,05$).

Tablo-25. İncelenen polimorfizmlere ait b^* değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	b^*		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	9,15	0,66	-0,04	0,871
	CG	9,14	0,42	-0,05	
	GG	9,29	0,42	0,10	
CAPN1- V530I	AA	9,18	0,87	-0,01	0,301
	AG	8,95	0,39	-0,24	
	GG	9,45	0,36	0,25	
CAST- S20T	GG	8,80 ^b	0,52	-0,39	0,041
	GC	9,70 ^a	0,44	0,50	
	CC	9,08 ^a	0,45	-0,10	
LEP- A80V	CC	8,86	0,53	-0,33	0,222
	CT	9,15	0,49	-0,04	
	TT	9,58	0,44	0,38	
GHR- S555G	AA	8,71	0,41	-0,48	0,066
	AG	9,42	0,47	0,22	
	GG	9,46	0,57	0,26	
Genel		9,19	0,41		

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

Tekstür Analizi

Holstein ırkı erkek danaların mevsim, canlı ağırlık ve kesim yaşına göre düzeltilmiş tekstür değerleri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-26 ve Tablo-27’de; tekstür analizi ve incelenen genetik/çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-17 ve Tablo-18’de sunulmuştur. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A ve CAPN1- V530I polimorfizmlerinin WBSF değerlerine etkisinin istatistiksel olarak sırasıyla $p < 0,01$ ve $p < 0,001$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir (Tablo-26). CAPN1- G316A polimorfizminde CC ve CG genotipine sahip hayvanların ortalamaları sırasıyla 2,30 ve 3,96 kg/cm^2 olarak hesaplanmıştır. GG genotipli hayvanlarda ise bu ortalamaların 5,46 kg/cm^2 ’ye yükseldiği dikkati çekmektedir. CAPN1- V530I polimorfizminde ise AA ve AG genotipli hayvanların bu ortalamalar sırasıyla 2,16 ve 3,36 kg/cm^2 olarak hesaplanırken GG genotipli hayvanlarda bu ortalama 6,20 kg/cm^2 ’ye yükselmiştir. CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin WBSF değerlerine etkileri istatistiksel düzeyde önemsiz bulunmuştur ($p > 0,05$). Ancak GHR- S555G polimorfizm etkisinin $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmüştür ($p = 0,07$).

Tablo-26. İncelenen polimorfizmlere ait Warner-Bratzler kesme kuvveti değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	WBSF* (kg/cm^2)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	2,30 ^b	1,12	-1,60	0,004
	CG	3,96 ^{ab}	0,57	0,05	
	GG	5,46 ^a	0,63	1,55	
CAPN1- V530I	AA	2,16 ^c	0,83	-1,74	0,000
	AG	3,36 ^b	0,47	-0,54	
	GG	6,20 ^a	0,63	2,29	
CAST- S20T	GG	3,53	0,67	-0,37	0,596
	GC	4,19	0,36	0,28	
	CC	4,00	0,46	0,09	
LEP- A80V	CC	3,36	0,57	-0,54	0,165
	CT	3,98	0,52	0,08	
	TT	4,37	0,49	0,46	
GHR- S555G	AA	3,85	0,45	-0,05	0,078
	AG	3,32	0,50	-0,58	
	GG	4,55	0,51	0,64	

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

*: WBSF: Warner-Bratzler kesme kuvveti (Warner-Bratzler shear force)

CAPN1- G316A ve CAPN1- V530I polimorfizmlerinin ilk basınç direncine (First Compressive Stress: FCS) etkilerinin de aynı şekilde sırasıyla $p<0,01$ ve $p<0,001$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir (Tablo-27). En küçük kareler varyans analizinde, GHR- S555G polimorfizm etkisine ait p değerinin de 0,052 olduğu dikkati çekmektedir. CAST- S20T ve LEP- A80V polimorfizmlerinin FCS değerlerine etkileri ise istatistiksel düzeyde önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$).

Tablo-27. İncelenen polimorfizmlere ait FCS değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	FCS* (kgf/cm ²)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	21,20 ^b	12,0	-16,8	0,004
	CG	38,33 ^{ab}	6,21	0,34	
	GG	54,48 ^a	6,76	16,49	
CAPN1- V530I	AA	20,57 ^b	8,94	-17,42	0,000
	AG	32,59 ^b	5,05	-5,40	
	GG	60,81 ^a	6,76	22,82	
CAST- S20T	GG	33,13	7,28	-4,87	0,433
	GC	42,04	3,92	4,05	
	CC	38,81	5,02	0,82	
LEP- A80V	CC	31,74	6,19	-6,25	0,138
	CT	39,26	5,60	1,27	
	TT	42,97	5,31	4,98	
GHR- S555G	AA	37,15	4,91	-0,84	0,052
	AG	31,32	5,45	-6,67	
	GG	45,50	5,47	7,51	

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p<0,05$)

*: FCS: İlk basınç direnci (First compressive stres)

Piştirme Kaybı

Holstein ırkı erkek danaların mevsim, canlı ağırlık ve kesim yaşına göre düzeltilmiş piştirme kaybı değerleri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-28'de; piştirme kaybı ve incelenen çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-19'da sunulmuştur. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- V530I ve GHR- S555G polimorfizmlerinin piştirme kaybına etkileri istatistiksel olarak sırasıyla $p < 0,05$ ve $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CAPN1- V530I polimorfizminde AA genotipine sahip hayvanlara ait piştirme kaybı ortalaması %14,82 olarak belirlenmiştir. AG ve GG genotipli hayvanlarda ise bu ortalama sırasıyla %23,77 ve %24,63'tür. GHR- S555G polimorfizminde AG genotipli heterozigot hayvanların piştirme kaybı ortalaması %18,78 olarak hesaplanmıştır. AA ve GG genotipli homozigot hayvanlarda ise bu ortalama sırasıyla %19,93 ve %24,50'dir. CAPN1- G316A, LEP- A80V ve CAST- S20T polimorfizmlerinin piştirme kaybına etkilerinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığı belirlenmiştir ($p > 0,05$).

Tablo-28. İncelenen polimorfizmlere ait piştirme kaybı değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Piştirme kaybı (%)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	S \bar{x}			
CAPN1- G316A	CC	19,87	3,68	-1,21	0,414
	CG	20,72	1,91	-0,35	
	GG	22,63	2,08	1,56	
CAPN1- V530I	AA	14,82 ^b	2,74	-6,25	0,035
	AG	23,77 ^a	1,55	2,70	
	GG	24,63 ^a	2,08	3,55	
CAST- S20T	GG	18,19	2,23	-2,88	0,115
	GC	22,36	1,20	1,29	
	CC	22,66	1,54	1,58	
LEP- A80V	CC	19,86	1,90	-1,21	0,321
	CT	20,69	1,72	-0,38	
	TT	22,67	1,63	1,59	
GHR- S555G	AA	19,93 ^b	1,51	-1,14	0,004
	AG	18,78 ^b	1,67	-2,29	
	GG	24,50 ^a	1,68	3,43	

a, b: Aynı sütunda değişik harfler ile gösterilen gruplar arasındaki fark önemlidir ($p < 0,05$)

Su Tutma Kapasitesi

Holstein ırkı erkek danaların mevsim canlı ağırlık ve kesim yaşına göre düzeltilmiş pişirme kaybı değerleri ortalamaları genotiplere göre sınıflandırılarak Tablo-29'da; su tutma kapasitesi ve incelenen çevre faktörlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizleri Ek Tablo-20'de sunulmuştur. En küçük kareler varyans analizi sonucunda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, LEP- A80V, CAST- S20T ve GHR- S555G polimorfizmlerinin su tutma kapasitesine etkilerinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$).

Tablo-29. İncelenen polimorfizmlere ait su tutma kapasitesi değerlerinin en küçük kareler ortalamaları, standart hataları, etki payları ve p değerleri

Genotip	Su tutma kapasitesi (%)		Etki payı	p değeri	
	\bar{x}	$S \bar{x}$			
CAPN1- G316A	CC	10,43	2,15	-1,14	0,503
	CG	11,68	1,11	0,11	
	GG	12,60	1,21	1,03	
CAPN1- V530I	AA	9,37	1,60	-2,20	0,257
	AG	12,63	0,90	1,06	
	GG	12,70	1,21	1,13	
CAST- S20T	GG	10,79	1,31	-0,77	0,544
	GC	12,17	0,70	0,60	
	CC	11,73	0,90	0,17	
LEP- A80V	CC	11,40	1,11	-0,16	0,831
	CT	11,30	1,01	-0,26	
	TT	12,00	0,95	0,43	
GHR- S555G	AA	11,36	0,88	-0,20	0,202
	AG	10,78	0,97	-0,78	
	GG	12,56	0,98	0,99	

TARTIŞMA ve SONUÇ

Genotip ve Allel Frekansları

Bu çalışmada CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin genotip ve allel frekansları, 400 baş Holstein ırkı erkek danadan oluşan popülasyonda belirlenmiştir. Her bir polimorfizme ilişkin genotipik ve allelik frekanslar aşağıda ayrı bölümler halinde değerlendirilmiştir.

CAPN1- G316A Polimorfizmi

Bu çalışmada CAPN1 geni ekzon 9'da yer alan G316A polimorfizminde CC, CG ve GG genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,065, 0,423 ve 0,512 olarak belirlenmiştir. Analizler sonucunda CC genotip frekansının oldukça düşük olduğu dikkat çekmektedir. GG genotipi frekansının ise en yüksek olduğu hesaplanmıştır. C ve G alellerinin frekansları ise sırasıyla 0,28 ve 0,72'dir. Lisa ve Di Stasio (151) da bu frekansları Holstein ırkında benzer şekilde 0,19 ve 0,81 olarak belirlemişlerdir. Bununla birlikte Sevane ve arkadaşları (230) ise C ve G allel frekanslarının birbirine yakın frekanslara sahip olmasına rağmen C allelinin daha düşük frekansa (0,48) sahip olduğunu bildirmişlerdir. Farklı sığır ırklarından oluşan popülasyonlarda gerçekleştirilen çalışmalarda, bu çalışmadan elde edilen bulgulara paralel sonuçlar elde edilmiş ve CC genotipinin genellikle düşük; GG genotipinin ise yüksek frekansa sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo-30).

Tablo-30. Bu çalışmada elde edilen CAPN1- G316A polimorfizmine ait genotip ve allel frekanslarının benzer bilimsel yayınlar ile karşılaştırılması

İncelenen ırklar	N	Genotip frekansları			Allel frekansları		Referans
		CC	CG	GG	C	G	
Holstein	400	0,065	0,423	0,512	0,28	0,72	Bu tez çalışması
Holstein	42	-	-	-	0,19	0,81	Lisa ve Di Stasio (151)
Holstein	26	-	-	-	0,48	0,52	Sevane ve arkadaşları (230)
Hereford	35	0	0,06	0,94	0,03	0,97	Li ve arkadaşları (4)
Charolais	109	0,04	0,21	0,75	0,14	0,86	
Limousin	35	0	0,31	0,69	0,16	0,84	
Simmental	21	0	0,33	0,67	0,17	0,83	
Angus	43	0,11	0,49	0,40	0,36	0,64	
Angus (%75) x Hereford (%25)	174	0,18	0,57	0,25	0,46	0,54	Corva ve arkadaşları (18)
Angus (%50) x Hereford (%50)	35	0,14	0,54	0,32	0,41	0,59	
Angus (%25) x Hereford (%75)	68	0,02	0,49	0,49	0,27	0,73	
Limousin x Hereford-Angus	36	0,08	0,42	0,50	0,29	0,71	
Angus	20	0,10	0,50	0,40	-	-	Miquel ve arkadaşları (19)
Brangus	59	0,03	0,36	0,61	-	-	
Blonde d'Aquitaine	981	0,003	0,08	0,91	0,04	0,96	Allais ve arkadaşları (84)
Charolais	1114	0,03	0,16	0,81	0,09	0,91	
Limousin	1254	0,07	0,39	0,51	0,27	0,73	
Brahman	10	0	0	1	0	1	Soria ve arkadaşları (141)
Angus	11	0	0,18	0,82	0,09	0,91	
Brangus	43	0,05	0,28	0,67	0,19	0,81	
Nellore	114	0	0,018	0,982	0,009	0,991	Curi ve arkadaşları (152)
Angus x Nellore	67	0	0,254	0,746	0,126	0,874	
Hereford	206	-	-	-	0,13	0,87	Melucci ve arkadaşları (231)

CAPN1- V530I Polimorfizmi

Bu çalışmada CAPN1 geni ekzon 14'te yer alan V530I polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerinin frekansları sırasıyla 0,030, 0,297 ve 0,673 olarak belirlenmiştir. Bu polimorfizmde AA genotipinin frekansının oldukça düşük olduğu ve popülasyonda sadece 12 hayvanın bu genotipe sahip olduğu görülmüştür. En yüksek frekansa sahip genotipin GG olduğu ve 269 hayvanın bu genotipi taşıdığı belirlenmiştir. A ve G alellerinin frekansı ise sırasıyla 0,18 ve 0,82'dir. Farklı sığır ırklarından oluşan popülasyonlarda gerçekleştirilen çalışmalarda (3, 18, 84,141), bu çalışmada elde edilen bulgulara paralel sonuçlar elde edilmiş ve G allelinin yüksek frekansa sahip olduğu belirlenmiştir (Tablo-31). Bununla birlikte, incelenen çalışmalardan yalnızca Sevane ve arkadaşları (230) Simmental ırkında A allelinin daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Tablo-31. Bu çalışmada elde edilen CAPN1- V530I polimorfizmine ait genotip ve allel frekanslarının benzer bilimsel yayınlar ile karşılaştırılması

İncelenen ırklar	N	Genotip frekansları			Allel frekansları		Referans
		AA	AG	GG	A	G	
Holstein	400	0,030	0,297	0,673	0,18	0,82	Bu tez çalışması
Holstein	26	-	-	-	0,17	0,83	Sevane ve arkadaşları (230)
Simmental	18	-	-	-	0,67	0,33	
Angus (%75) x Hereford (%25)	174	0,02	0,26	0,72	0,15	0,85	Corva ve arkadaşları (18)
Angus (%50) x Hereford (%50)	35	0,03	0,11	0,86	0,09	0,91	
Angus (%25) x Hereford (%75)	68	0	0,04	0,96	0,02	0,98	
Limousin x Hereford-Angus	36	0	0,36	0,64	0,18	0,82	
Charolais	1114	0,05	0,37	0,58	0,24	0,76	Allais ve arkadaşları (84)
Limousin	1254	0,12	0,47	0,41	0,36	0,64	
Blonde d'Aquitaine	981	0,15	0,45	0,40	0,36	0,64	
Brangus	43	0	0,02	0,98	0,02	0,98	Soria ve arkadaşları (141)
Angus	11	0	0,09	0,91	0,09	0,91	
Brahman	10	0	0,10	0,90	0,10	0,90	
Brahman	504	0	0	1	0	1	Casas ve arkadaşları (3)

CAST- S20T Polimorfizmi

Bu çalışmada CAST geni ekzon 1C/D'de yer alan S20T polimorfizminde GG, GC ve CC genotiplerinin frekansları sırasıyla 0,168, 0,520 ve 0,312 olarak belirlenmiştir. En düşük frekansa sahip olan GG genotipini taşıyan hayvanların sayısı 67'dir. Bu polimorfizmde en yüksek frekansa sahip olan heterozigot hayvanlardır. Bu hayvanların popülasyondaki sayısı ise 208 olarak belirlenmiştir. G ve C allel frekanslarının sırasıyla 0,43 ve 0,57 olduğu görülmüştür. Juszczuk-Kubiak ve arkadaşları (22) da Holstein ırkında oldukça benzer allel frekanslarına ulaşmışlar ve C allelinin tüm ırklarda daha yüksek frekansa sahip olduğunu bildirmişlerdir. Ancak aynı çalışmada Angus, Charolais ve Polish Red ırklarında bu çalışmadan farklı olarak CC genotipinin en yüksek frekansa sahip olduğu bildirilmiştir. Yousefi ve Azari (232) ise Holstein ırkında bu çalışmadaki sonuçlardan farklı olarak CAST- S20T polimorfizminde GG genotipinin bulunmadığını bildirmişlerdir. Ancak bu iki çalışmada da popülasyonu oluşturan sığır sayılarının oldukça düşük olduğu görülmekte ve genotipik frekanslarda meydana gelen farklılıkların bu nedenle oluşabileceği düşünülmektedir. Farklı sığır ırklarından oluşan popülasyonlarında gerçekleştirilen çalışmalarda, bu çalışmadan elde edilen bulgulara paralel sonuçlar elde edilmiş ve C allel frekansının genellikle yüksek olduğu bildirilmiştir. Yalnızca Schenkel ve arkadaşları (156) Simmental ırkında bu bilginin aksine G allel frekansının daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir (Tablo-32). Bununla birlikte CAST-S20T polimorfizminin incelendiği bilimsel çalışma sayısının oldukça sınırlı olduğu ve daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için daha geniş sığır popülasyonlarında değerlendirilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Tablo-32. Bu çalışmada elde edilen CAST- S20T polimorfizmine ait genotip ve allel frekanslarının benzer bilimsel yayınlar ile karşılaştırılması

İncelenen ırklar	N	Genotip frekansları			Allel frekansları		Referans
		GG	GC	CC	G	C	
Holstein	400	0,168	0,520	0,312	0,43	0,57	Bu tez çalışması
Holstein	50	0	0,54	0,46	0,23	0,77	Yousefi ve Azari (232)
Holstein	84	0,21	0,42	0,37	0,42	0,58	Juszczuk-Kubiak ve arkadaşları (22)
Angus	9	-	0,11	0,89	0,07	0,93	
Hereford	8	-	0,50	0,50	0,25	0,75	
Limousin	10	0,10	0,30	0,60	0,25	0,75	
Polish Red	7	0,29	0,14	0,57	0,36	0,64	
Simmental	9	0,11	0,56	0,33	0,39	0,61	
Charolais	12	-	0,13	0,83	0,42	0,58	
Limousin	28	-	-	-	0,27	0,73	Schenkel ve arkadaşları (156)
Charolais	8	-	-	-	0,31	0,69	
Angus	12	-	-	-	0,38	0,62	
Simmental	33	-	-	-	0,64	0,36	

LEP- A80V Polimorfizmi

Bu çalışmada LEP geni ekzon 3'de yer alan A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,148, 0,202 ve 0,650 olarak hesaplanmıştır. Bu polimorfizmde TT genotip frekansının oldukça yüksek olduğu görülmüştür. CC genotip frekansının ise düşük olarak belirlenmesi dikkat çekicidir. İncelenen 400 baş Holstein ırkı erkek danadan oluşan populasyonda 260 hayvanın TT genotipini taşıdığı, CC genotipe sahip hayvanların sayısının ise yalnızca 59 olduğu hesaplanmıştır. Bununla birlikte CT genotipi taşıyan heterozigot hayvan sayısı 81 olarak belirlenmiştir. LEP genindeki bu polimorfizme ait C ve T allellerinin frekansları ise sırasıyla 0,25 ve 0,75'dir. Bu populasyonda T allel frekansının oldukça yüksek olarak hesaplanması dikkat çekicidir. Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar Silva ve arkadaşlarının (27) Nellore sığır ırkında gerçekleştirdiği çalışma ile Öztapak ve arkadaşlarının (186) Türkiye'deki yerli sığır ırklarından Güney Anadolu Kırmızısı, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Boz ırkta yaptıkları çalışma ile benzerlik göstermektedir. Buna karşın farklı sığır ırklarında gerçekleştirilen birçok çalışmada (36, 179, 233-239) ise elde edilen bu sonuçların aksine LEP- A80V polimorfizminde C allel frekansının yüksek olduğu görülmektedir (Tablo-33). Frekanslarda meydana gelen bu farklılıkların ırk faktörlerinin yanı sıra sığırların yetiştirildikleri coğrafi konumların ve yetiştirme metotlarının da etkili olduğu düşünülmektedir.

Tablo-33. Bu çalışmada elde edilen LEP- A80V polimorfizmine ait genotip ve allel frekanslarının benzer bilimsel yayınlar ile karşılaştırılması

İncelenen ırklar	N	Genotip frekansları			Allel frekansları		Referans
		CC	CT	TT	C	T	
Holstein	400	0,148	0,202	0,650	0,25	0,75	Bu tez çalışması
Holstein	323	0,58	0,34	0,08	-	-	Liefers ve arkadaşları (233)
Holstein	255	0,59	0,39	0,02	0,78	0,22	Yazdani ve arkadaşları (236)
Holstein	845	0,49	0,44	0,07	-	-	Giblin ve arkadaşları (238)
Holstein	860	-	-	-	0,76	0,24	Kulig (234)
Holstein x Charolais	169	0,22	0,59	0,19	0,53	0,47	Lagonigro ve arkadaşları (179)
Jersey	181	0,52	0,40	0,08	0,73	0,27	Kulig ve arkadaşları (36)
Limousin	129	0,54	0,39	0,07	-	-	Kulig ve Kmiec (235)
Nellore	2162	-	-	-	0,999	0,001	Da Silva ve arkadaşları (237)
Kore Sığırtı	434	-	-	-	0,94	0,06	Cheong ve arkadaşları (239)
GAK*	40	0,05	0,12	0,83	0,11	0,89	Öztabak ve arkadaşları (186)
Boz İrk	40	0,03	0,17	0,80	0,11	0,89	
DAK*	40	0,05	0,17	0,78	0,14	0,86	
Nellore	100	0	0,30	0,70	0,15	0,85	Silva ve arkadaşları (27)

*: GAK: Güney Anadolu Kırmızısı, DAK: Doğu Anadolu Kırmızı

GHR- S555G Polimorfizmi

Bu çalışmada GHR geni ekzon 10'da yer alan S555G polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait frekanslar sırasıyla 0,635, 0,250 ve 0,115 olarak hesaplanmıştır. Populasyonda GG genotipine sahip hayvan sayısının yalnızca 46 olduğu görülmektedir. 254 hayvan ise AA genotipini taşımaktadır. Bu polimorfizme ait A ve G allelleri frekanslarının sırasıyla 0,76 ve 0,24 olduğu ve A allel frekansının G'ye göre oldukça yüksek olduğu görülmektedir. Ancak Viitala ve arkadaşlarının (240) Ayrshire ırkında yaptıkları çalışma ile Ribeca ve arkadaşlarının (241) Piemontese ırkında gerçekleştirdikleri çalışmada ise bu çalışmadan elde edilen sonuçların aksine A allel frekansının daha düşük frekansa sahip olduğu bildirilmiştir. Frekanslarda gözlenen bu farklar ırk ve yetiştirme faktörlerinden kaynaklanabilmektedir. Bununla birlikte farklı sığır populasyonlarında gerçekleştirilen birçok çalışmada (28, 32,35, 214, 218, 242) ise GHR-S555G polimorfizmine ait frekansların bu çalışmadan elde edilen verilere benzer olduğu görülmektedir (Tablo-34).

Tablo-34. Bu çalışmada elde edilen GHR- S555G polimorfizmine ait genotip ve allel frekanslarının benzer bilimsel yayınlar ile karşılaştırılması

İncelenen ırklar	N	Genotip frekansları			Allel frekansları		Referans
		AA	AG	GG	A	G	
Holstein	400	0,635	0,250	0,115	0,76	0,24	Bu tez çalışması
Holstein	848	0,78	0,21	0,01	-	-	Waters ve arkadaşları (218)
Holstein	315	0,92	0,07	0,01	0,95	0,05	Hradecka ve arkadaşları (242)
Simmental	477	-	-	-	0,58	0,42	Chessa ve arkadaşları (35)
Bos taurus melezleri	130	-	-	-	0,58	0,42	Reardon ve arkadaşları (32)
Piemontese	213	-	-	-	0,49	0,51	Di Stasio ve arkadaşları (28)
Charolais	464	-	-	-	0,65	0,35	Sherman ve arkadaşları (214)
Charolais x Angus		-	-	-	0,65	0,35	
Angus		-	-	-	0,80	0,20	
Ayrshire	1528	-	-	-	0,13	0,87	Viitala ve arkadaşları (240)
Piemontese	1208	-	-	-	0,38	0,62	Ribeca ve arkadaşları (241)

Fenotipik Özellikler

Bu çalışmada, 400 baş Holstein ırkı erkek danadan oluşan populasyonda CAPN1-G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin canlı ağırlık, et verimi ve kalitesine etkilerine ilişkin değerler bulgular bölümünde ayrıntılı şekilde verilmiştir. Her bir polimorfizmin et verimi ve kalitesine etkileri aşağıda ayrı bölümler halinde tartışılmıştır.

Canlı Ağırlık

Canlı Ağırlığa CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisi $p<0,001$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CC genotipe sahip hayvanlar 437,8 kg, CG genotipe sahip hayvanlar ise 481,5 kg canlı ağırlığa sahiptir. GG genotipli hayvanlarda ise bu ortalama 493,5 kg a yükselmiştir. GG genotipli hayvanların CC genotipli hayvanlara göre +55,7 kg daha fazla canlı ağırlığa sahip olduğu görülmüştür. GG genotipli hayvanlar 470,90 kg olan genel ortalamadan +22,56 kg fazla canlı ağırlığa sahiptir. CAPN1- G316A polimorfizminin karkas ölçülerine etkileri incelendiğinde karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi ve iç göğüs derinliği özelliklerinde istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmiştir ($p<0,05$). Karkas ölçülerine CAPN1- G316A polimorfizminin etkisi incelendiğinde GG genotipe sahip hayvanlar CC genotipe sahip hayvanlara göre karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi, iç göğüs derinliği için sırasıyla 2,2, 0,64, 2,73 ve 1,28 cm olmak üzere daha yüksek değerlere sahip olduğu görülmektedir. Bu sonuçlar, GG hayvanların diğer genotiplere göre daha yüksek canlı ağırlığa sahip olmalarının nedeninin genel vücut kütlelerini artırması yönünde olabileceğini düşündürmektedir. Kabuk yağı kalınlıkları da aynı şekilde GG hayvanlarda CC ve heterozigot hayvanlara göre yüksek olduğu görülmüştür. Yağlanmada artış ile birlikte genellikle yüksek canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına ulaşıldığı bildirilmektedir (243). İncelenen populasyonda düşük canlı ağırlık, düşük karkas ağırlığı ve düşük kabuk yağı kalınlığına neden olduğu belirlenen CC genotipi frekansı oldukça düşük hesaplanmıştır (% 6,50). Belirtilen feneotiplerde artışa yol açan GG genotip frekansı ise oldukça yüksektir (% 51,25). Miquel ve arkadaşları (19) Brangus ve Angus sığır ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin $p<0,05$

düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğunu bildirmişlerdir. GG genotipe sahip hayvanların kesim öncesi ağırlıklarının diğer genotiplere göre daha fazla olduğu; CC genotipli hayvanlara göre +39 kg, CG genotipli hayvanlara göre ise +17,89 kg fazla canlı ağırlığa sahip olduğu hesaplanmıştır. Ancak benzer şekilde CC genotipinin frekansının oldukça düşük olduğu görülmüştür (0,05). Bu çalışmadan elde edilen bulgular da Miquel ve arkadaşlarının (19) elde ettiği sonuçlar ile benzerlik göstermektedir. Pintos ve Corva, (150) Angus ırkı sığırlarda CAPN1- G316A polimorfizminin, doğum ağırlığı, ağırlık kazancı, 18 aylık yaş canlı ağırlığını istatistiksel düzeyde etkilediğini, büyüme-gelişme ile ağırlık kazancı özelliklerinde önemli bir markır olabileceğini bildirmiştir. Aynı çalışmada gevreklik için tercih edilen allel olan C'nin düşük doğum ağırlığına neden olduğunun belirlenmesine dikkat çekilmektedir. CC genotipe sahip buzağılar CG genotipe sahip buzağılardan 0,227 kg daha düşük doğum ağırlığına sahip olduğu bildirilmektedir. Aynı şekilde CC hayvanların ağırlık kazancının daha düşük olduğunun belirlenmesi, tekstür analizinde tercih edilen C allelinin erken dönemde canlı ağırlık kazancını negatif yönde etkilediğini düşündürmektedir. Ancak büyüme ve gelişmenin kontrolü çok sayıda gen tarafından kontrol edilmekte ve allelik olmayan genler arasındaki etkileşimler bu sürece dahil olmaktadır (150). Bu çalışmada C alleli için elde edilen canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında gözlenen negatif sonuçların bu yönden de değerlendirilmesi gerekmektedir. Buna karşın Corva ve arkadaşları (18) ise Angus ve Hereford ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını bildirmektedir. Benzer şekilde Tait ve arkadaşları (146) da 2014 yılında CAPN1, CAST ve DGAT1 gen etkilerinin performans ve karkas kalite özelliklerine etkilerinin araştırıldığı çalışmada CAPN1 geninin kesim öncesi ağırlık ve ağırlık kazancına istatistiksel düzeyde önemli bir etkisinin bulunmadığını bildirmektedir. Yapılan diğer çalışmalarda da genellikle CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel düzeyde olmadığı bildirilmektedir (17, 18, 146, 152). Bu çalışmada elde edilen bulgular diğer çalışmaların aksine CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiki düzeyde önemli olduğu yönündedir ($p < 0,01$). G allelini taşıyan hayvanların daha yüksek canlı ağırlığa sahip olduğu belirlenmiştir. Birçok çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin et kalitesine olan olumlu etkilerinden dolayı seleksiyon programlarında değerlendirilmesi gerektiği bildirilmektedir. Ancak CAPN1- G316A polimorfizminde C alleli ette gevreklik bakımından tercih edilen allel olarak bildirilmektedir. Bu çalışmada ise bu bilginin yanı sıra C allelinin canlı ağırlığa negatif etkisinin bulunduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlıktaki etkileri bakımından da

incelenmesi gerektiğini göstermektedir. Ancak veriler, meydana gelen bu etkinin dengesiz genotip dağılımlarından ve ırk faktörlerinden de kaynaklanabileceğini ve daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için daha geniş populasyonlarda CAPN1- G316A polimorfizminin etkisinin incelenmesi gerektiğini işaret etmektedir. Bununla birlikte Türkiye'nin mevcut durumu incelendiğinde et pazarında bulunan açığın ancak daha fazla et üretimiyle giderilebileceği; bu nedenle öncelikli hedefin et kalitesinden çok et üretimi olduğu anlaşılmaktadır. Bu çalışmada seleksiyon programlarında ve yapılacak gelecek moleküler çalışmalarda CAPN1- G316A polimorfizminin etkilerinin bu yönlerden de ele alınması gerektiği sonucuna varılmıştır.

Canlı Ağırlığa CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmüştür ($p>0,05$). GG genotipli hayvanlar 472,6 kg, AG genotipli hayvanlar ise 475,3 kg canlı ağırlığa sahiptir. GG genotipine sahip hayvanlarda ise canlı ağırlık ortalaması 472,6 kg olarak hesaplanmıştır. Heterozigot genotipe sahip hayvanların daha yüksek canlı ağırlığa sahip olmasına rağmen polimorfizm etkisi istatistiksel düzeyde anlam ifade etmemektedir. CAPN1- V530I polimorfizminin et kalitesi özelliklerine önemli etkileri bildirilmesine rağmen, birçok çalışmada bizim çalışmamızda elde edilen bulgulara benzer şekilde canlı ağırlık ile CAPN1- V530I polimorfizminin herhangi bir ilişki saptanmamıştır (18, 84, 152).

Canlı Ağırlığa CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p<0,05$). CC genotipe sahip hayvanların canlı ağırlık ortalaması 465,2 kg olarak hesaplanmıştır. GC genotipli heterozigot hayvanların ortalaması da CC hayvanlara yakın bir değer olan 464,7 kg olarak görülmektedir. GG genotipine sahip homozigot hayvanlarda ise bu ortalama 482,9 kg'a yükselmiştir. Bu sonuçlar GG genotipli hayvanların heterozigot hayvanlara göre 18,2 kg ve genel ortalamadan ise 11,93 kg daha fazla canlı ağırlığa sahip olduğunu göstermektedir. CC ve GC genotipe sahip hayvanlar ise 470,90 kg olan genel ortalamadan sırasıyla 5,70 ve 6,23

kg daha az canlı ağırlığa sahiptir. Ancak çalışmanın gerçekleştirildiği populasyonda heterozigot ve CC genotiplerinin frekansları oldukça yüksektir. Yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahip olan GG genotipinin frekansı ise % 16,75 olarak hesaplanmıştır. CAST- S20T polimorfizminin karkas ağırlıkları ve karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi, göğüs çevresi gibi karkas ölçülerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı ancak canlı ağırlığa olan etkisinin $p<0,05$ düzeyinde etkili olarak belirlenmesi dikkat çekicidir. İç göğüs derinliği incelendiğinde ise CAST- S20T polimorfizm etkisinin önemli olduğu görülmektedir ($p<0,05$). CAST gen etkisinin göğüs çevresine etkili bulunmamasına rağmen iç göğüs derinliğine ve canlı ağırlığa olan etkisinin anlamlı olması iç organ ve yağ ağırlıklarının değerlendirilmesi gerektiğini işaret etmektedir. CAST, et kalitesi üzerine etkileri nedeniyle seleksiyon programlarında potansiyeli yüksek bir gen olarak bildirilmekle beraber canlı ağırlığa olan pozitif etkisi saptanmamıştır (5, 18, 21, 22). Bu polimorfizm ile et verimi ve kalitesi arasındaki ilişkilerin belirlenmesine yönelik çalışmalar yetersiz düzeydedir.

Canlı Ağırlığa LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin canlı ağırlığa istatistiksel düzeyde önemli bir etkisinin bulunmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). Canlı ağırlık ortalamaları, CC, CT ve TT genotipine sahip hayvanlar için sırasıyla 471,8, 472 ve 469 kg olduğu belirlenmiştir. Clempson ve arkadaşlarının (26) LEP geni ile büyüme, fertilité ve süt verimi arasındaki ilişkiyi saptamak amacıyla 509 baş Holstein sığırdan oluşan populasyonda gerçekleştirdikleri çalışmada LEP- A80V polimorfizminin iskelet gelişimine etkili olduğu bildirilmektedir. Ancak bu çalışmada elde edilen verileri destekler şekilde canlı ağırlığa istatistiksel düzeyde anlamlı bir etkisi saptanmamıştır. Doran ve arkadaşları (51) ise, karkas performansı ile ilişkilendirilen sığır genom bölgelerinin incelenmesine yönelik 5.705 baş Holstein sığır ırkında 54.001 SNP'den oluşan panel kullanılarak gerçekleştirilen ve aday genler ile biyolojik ve metabolik yolların belirlenen verim karakterleriyle birlikte ele alındığı çalışmada, LEP geninin yağ metabolizması-depolanması ve büyüme konusunda önemli bir rol oynadığını bildirmişlerdir. Ancak benzer şekilde bu polimorfizmin canlı ağırlıkla bir pozitif korelasyonu belirlenememiştir. Silva ve arkadaşları (27) da Nellore ırkında LEP- A80V polimorfizmi ile canlı ağırlık arasında bir ilişki saptamamışlardır. Aynı şekilde Nkrumah ve arkadaşları (190) Angus ve Charolais

melezlerinde LEP- A80V polimorfizmi ile canlı ağırlık arasında herhangi bir ilişki belirlememişlerdir. Bununla birlikte Kulig ve Kmiec (235) LEP-A80V polimorfizminin Limousin ırkında 210 günlük yaştaki canlı ağırlık ve günlük canlı ağırlık artışına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu belirlemiştir. LEP- A80V polimorfizminin canlı ağırlığa etkileri farklı sığır populasyonlarında incelenmiş ve genellikle bu çalışmadan elde edilen sonuçları destekler şekilde istatistiksel olarak önemli bir etkisi gözlenmemiştir. Ancak Kulig ve Kmiec (235)'in Limousin ırkında LEP- A80V polimorfizminin canlı ağırlığa anlamlı etkisini belirlemesi, sonuçların ırklar arasında farklılıklar gösterebileceğini ve planlanacak gelecek çalışmalarda bu olasılığın göz önünde bulundurulması gerektiğini göstermektedir.

Canlı Ağırlığa GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). AA, AG ve GG genotipine sahip hayvanlarda canlı ağırlıklar sırasıyla 473,9, 461,9 ve 477 kg olarak bulunmuştur. Heterozigot yapılı hayvanlarda canlı ağırlıkların homozigot yapılı hayvanlara oranla daha düşük düzeyde olduğu belirlenmesine rağmen bu farkın istatistiksel düzeyde önem teşkil etmediği görülmüştür. GHR geninin 5' regülatör bölgesinde bulunan polimorfizmler ile et verim özellikleri arasında korelasyonlar bildirilmesine rağmen ekzon 10 pozisyon 555'de bulunan A/G polimorfizmi için benzer veriler elde edilememiştir (211, 212). Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar Di Stasio ve arkadaşlarının (28) 2005 yılında Piemontese ırkı sığırlarda GHR gen polimorfizmleri ile et verimi ve kalitesi arasındaki ilişkinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışma ile benzerlik göstermektedir. GHR geni çiftlik hayvanlarında büyüme-gelişme ve dolayısıyla karkas özellikleri bakımından önemli bir genetik faktör olarak değerlendirilmektedir (198). Ancak bu çalışmada GHR geni S555G polimorfizminde incelenen Holstein populasyonu için bu yönde bir etki gözlenmemiştir. Ancak uzun yıllar boyunca süt özellikleri bakımından seleksiyona tabi tutulan Holstein ırkında GHR gen polimorfizmlerinin moleküler düzeyde araştırılmasında epistaz-hipostaz ilişkilerinin ve potansiyel negatif korelasyonların gelecek çalışmalarda göz önünde bulundurulması gerekmektedir.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde canlı ağırlık ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının Holstein ırkı sığırlarda canlı ağırlığa etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır. Canlı ağırlık gibi çok sayıda genetik ve çevresel faktörler tarafından belirlenen kantitatif özelliklerdeki varyasyonların değerlendirilmesinde ve seleksiyon programlarında genetik interaksiyonların göz önünde bulundurulması gerekmektedir (13).

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıkları

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıklarına CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlığına etkisi $p < 0,001$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. CC genotipine sahip hayvanlar 229,6 kg, CG genotipine sahip hayvanlar 259,0 kg sıcak karkas ağırlığına sahiptir. GG genotipli homozigot hayvanların ise sıcak karkas ağırlığının 264,0 kg'ye yükseldiği belirlenmiştir. GG genotipli hayvanlar CC hayvanlara göre +34,4 kg daha fazla sıcak karkas ağırlığına sahiptir. Analizler C allelinin canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında negatif etki gösterdiğini belirtmektedir. CC genotipine sahip hayvanlar 250,80 kg olan genel sıcak karkas ortalamasından 21,28 kg daha az sıcak karkas ağırlığına sahiptir. CAPN1- G316A polimorfizmi ile soğuk karkas ağırlıkları arasındaki ilişki incelendiğinde benzer sonuçlar görülmektedir. CC genotipine sahip hayvanlar GG genotipli homozigot ve heterozigot hayvanlardan daha düşük soğuk karkas ağırlıklarına sahiptir. CG ve GG hayvanlarda soğuk karkas ağırlıkları sırasıyla 254,7 kg ve 259,7 kg olarak belirlenmiştir. CC genotipli hayvanlarda ise soğuk karkas ağırlığının GG hayvanlara göre 34,1 kg daha az olduğu hesaplanmıştır. Bu genotipe sahip homozigot hayvanlar 246,64 kg olan genel soğuk karkas ortalamasından 21,07 kg daha az soğuk karkas verimine sahiptir. Heterozigot yapıları hayvanlar ile GG genotipli hayvanlar arasında soğuk karkas ağırlıkları bakımından 5 kg fark olduğu hesaplanmıştır. CAPN1- G316A polimorfizmi ile karkas ölçüleri arasındaki ilişki incelenecek olursa; GG genotipe sahip hayvanlar CC genotipe sahip hayvanlara göre karkas uzunluğu, but uzunluğu, but çevresi, iç göğüs derinliği için sırasıyla 2,2, 0,64, 2,73 ve 1,28 cm olmak üzere daha yüksek değerlere sahip olduğu

görülmektedir. Bu sonuçlar GG hayvanların diğer genotipe sahip hayvanlara göre daha yüksek karkas ölçülerine sahip olduğunu göstermektedir. Bu nedenle canlı ağırlığa paralel olarak karkas ağırlıklarında da benzer sonuçlar elde edilmiştir. GG genotipli hayvanların kabuk yağı kalınlıklarının da diğer genotiplere göre daha fazla olduğu görülmektedir. Bu sonuçlar kesim öncesi canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında oluşan farkın bir kısmının bireye ait genel yağ oranına bağlı olduğunu göstermektedir. Ancak incelenen popülasyonda CC genotipi frekansının oldukça düşük olduğu hesaplanmıştır (%6,50). 400 baş Holstein sığırdan sadece 26 hayvanın bu genotipe sahip olduğu görülmüştür. CG ve GG genotipli hayvanların ise frekansı %42,25 ve %51,25 olarak belirlenmiştir. Çalışmanın gerçekleştirildiği popülasyonda G allel frekansı oldukça yüksek bulunmuştur. CAPN1 geninin Holstein popülasyonlarında canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarının karkas ölçüleri ile birlikte değerlendirildiği çalışma bulunmamaktadır. Miquel ve arkadaşları (19) Brangus ve Angus sığır ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğunu belirlemiş ancak karkas ağırlıklarını incelememişlerdir. Farklı sığır ırklarından oluşan popülasyonlarda CAPN1- G316A polimorfizminde C allelinin frekansının düşük olduğu ya da hiç bulunmadığı bildirilmiştir (19, 84, 152). CAPN1 geninin et kalitesine önemli etkileri bulunmasına rağmen canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına olan pozitif etkileri bulunmamıştır (5, 17, 18, 84, 152). Bu nedenle bu çalışmada elde edilen verileri desteklememekle birlikte, sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarında meydana gelen bu etki için dengesiz genotip dağılımlarının ve ırk faktörlerinin göz önünde bulundurulması gerektiğini ve daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için daha geniş popülasyonlarda CAPN1- G316A polimorfizminin etkisinin incelenmesi gerektiğini işaret etmektedir. Bununla birlikte bu çalışmada elde edilen sonuçlar C allelinin Holstein ırkında canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında negatif bir etki yarattığını göstermektedir. GG hayvanların CC hayvanlara göre 34 kg daha fazla sıcak karkas ağırlığına sahip olması Türkiye gibi et sektöründe yetersizliklerin gözleendiği bir ülkede oldukça önemli bir sonuç olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu nedenle et kalitesinde güçlü bir markır olan CAPN1- G316A polimorfizminin fenotipik verilerle desteklenen moleküler çalışmalarda bu yönüyle de ele alınmasının stratejik bir öneme sahip olduğu sonucuna varılmıştır.

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıklarına CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmüştür ($p>0,05$). AA, AG ve GG genotipine sahip hayvanlarda sıcak karkas ağırlıkları sırasıyla 248,0 kg, 252,7 kg ve 251,9 kg olarak; soğuk karkas ağırlıkları ise 243,8 kg, 248,5 kg ve 247,7 kg olarak belirlenmiştir. Genel ortalamalar ise 250,80 kg ve 246,64 kg olarak hesaplanmıştır. CAPN1- V530I polimorfizminde heterozigot yapılı hayvanların diğer genotiplerle karşılaştırıldığında daha yüksek karkas ağırlıklarına sahip olduğu belirlenmesine karşın bu etkinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığı saptanmıştır. Benzer çalışmalar da bu sonuçları doğrulamaktadır (18, 19, 84, 152).

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıklarına CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin sıcak karkas ağırlığına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı ancak $p<0,05$ düzeyine yaklaştığı belirlenmiştir ($p=0,09$). GG genotipine sahip hayvanların sıcak karkas ağırlık ortalaması 256,4 kg olarak belirlenmiştir. GC ve CC hayvanlarda ise bu ortalamadan 247,3 kg ve 249,0 kg olduğu görülmüştür. GG genotipli hayvanların sıcak karkas ağırlığı genel ortalamadan 5,40 kg daha fazla olmasına karşın analizler meydana gelen bu farkın istatistiksel olarak anlamlı olmadığını göstermektedir. CAST- S20T polimorfizminin soğuk karkas ağırlığına etkisinin de benzer şekilde istatistiksel olarak anlamlı olmadığı ancak $p<0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p=0,08$). GG, GC ve CC genotipine sahip hayvanlarda soğuk karkas ağırlıkları ortalamaları sırasıyla 252,2 kg, 243,1 kg ve 244,7 kg olarak hesaplanmıştır. GC genotipe sahip hayvanların en düşük soğuk karkas ağırlığına sahip olduğu ve 246,64 olan genel ortalamadan -3,58 kg daha az soğuk karkas verimine sahip olduğu görülmektedir. CAST- S20T polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmesine karşın aynı etki sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarında saptanmamıştır. Gerçekleştirilen en küçük kareler varyans analizinde CAST- S20T polimorfizmi ile karkas ölçülerinden yalnızca iç göğüs derinliği arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmiştir ($p<0,05$). Canlı ağırlığa etkinin önemli

bulunmasına rağmen sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarında görülen farkın istatistiksel düzeyde anlamsız bulunması ve iç göğüs derinliğinde elde edilen anlamlı sonuçlar CAST-S20T polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinde olduğu gibi iç organ ve yağ ağırlıklarının değerlendirilmesi gerektiğini işaret etmektedir. Bununla birlikte incelenen Holstein ırkı sığırlardan oluşan populasyonda heterozigot genotipin frekansı oldukça yüksek bulunmuştur (%52). Yüksek sıcak karkas ve soğuk karkas ortalamalarına sahip olan GG genotipinin frekansı ise yalnızca %16,75 olması yapılan çalışmanın daha geniş Holstein populasyonlarında geliştirilmesi gerektiğini göstermektedir. Bununla birlikte CAST geninin et verimi ve karkas özelliklerine etkilerinin Holstein populasyonlarında incelendiği çalışma sayısı oldukça azdır. Farklı sığır ırklarından oluşan populasyonlarda CAST geninin et kalitesine etkilerinin önemli olarak değerlendirilmesine rağmen sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıkları üzerine herhangi bir etkisi saptanmamıştır (4, 18, 22, 84, 152, 165).

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıklarına LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarına istatistiksel düzeyde önemli bir etkisinin bulunmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). Genotiplere göre sınıflandırılmış, mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş ortalamalarda hem sıcak karkas ağırlıkları hem de soğuk karkas ağırlıkları için elde edilen sonuçların birbirine oldukça yakın olduğu gözlenmiş olup polimorfizm etkilerinin istatistiksel düzeyde anlamlı değerlere uzak olduğu belirlenmiştir ($p=0,85$ ve $p=0,84$). Canlı ağırlık kazancı, büyüme-gelişme ve yem tüketimi özelliklerine etkileri bildirilen LEP- A80V polimorfizminin karkas ağırlıklarında bu çalışmada elde edilen verileri destekler nitelikte, diğer bilimsel çalışmalarda da istatistiksel düzeyde anlamlı bir etkisi görülmemektedir (51, 190, 235, 244).

Sıcak Karkas ve Soğuk Karkas Ağırlıklarına GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlıklarına etkisi değerlendirildiğinde heterozigot yapılı hayvanların diğer genotiplere göre daha düşük karkas ağırlıklarına sahip olduğu görülmektedir. AA, AG ve GG genotipine sahip hayvanların sıcak karkas ortalamaları sırasıyla 252,5 kg, 246,4 kg ve 253,7 kg; soğuk karkas ortalamaları ise 248,3 kg, 242,2 kg ve 249,4 kg olarak belirlenmiştir. Mevsim ve kesim yaşına göre düzeltilmiş ve genotiplere göre sınıflandırılmış sıcak karkas ve soğuk karkas ortalamalarının birbirine yakın değerler gösterdiği ve istatistiksel olarak önemli bir genetik etkinin bulunmadığı saptanmıştır ($p>0,05$). Benzer çalışmalar da bu sonuçları doğrulamaktadır (28, 32).

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde gruplar arasında sıcak karkas ve soğuk karkas ağırlık ortalamaları bakımından istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının Holstein ırkı sığırlarda karkas ağırlıklarına etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır. Sıcak ve soğuk karkas ağırlıklarında gözlenen farklılıklar et sektöründe ekonomik yönden büyük önem teşkil etmektedir. Büyüme ve gelişme regülasyonunun karkas ağırlıkları gibi kantitatif özelliklerde direk etkileri bulunmaktadır (13,150). Çok sayıda gen tarafından kontrol edilen bu özelliklerin belirlenmesinde genetik faktörler arası interaksiyonların geniş popülasyonlarda değerlendirilmesi gerekmektedir.

Karkas Randımanı

Karkas Randımanına CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin karkas randımanına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p<0,05$). En küçük kareler varyans analizinde bu polimorfizmin canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına etkisinin önemli olduğu saptanmış ve bu sonuçlara paralel olarak karkas randımanının da istatistiksel olarak anlamlı olduğu görülmüştür. CC genotipine sahip hayvanların karkas randımanı %52,39 olarak belirlenirken, CG ve GG genotipli hayvanlarda bu değerlerin %53,65 ve %53,39'a yükseldiği saptanmıştır. CAPN1- G316A polimorfizminde GG hayvanların canlı ağırlık

ve karkas ağırlıklarının diğer genotiplere göre daha yüksek olduğu belirlenmesine rağmen karkas randımanında en yüksek değerlere heterozigot hayvanların sahip olması dikkat çekicidir. CG genotipli heterozigot hayvanlar %53,14 olan genel ortalamadan %0,30 daha yüksek karkas randımanına sahiptir. CC hayvanlarda ise bu değer en düşük düzeyde olması canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında belirlenen C allelinin negatif etkisinin bir sonucu olarak değerlendirilmiştir. Cheong ve arkadaşları (145) da Kore sığırlarında soğuk karkas randımanına G316A polimorfizminin etkisinin olmadığını belirlemişlerdir. Miquel ve arkadaşları (19) ise Brangus ve Angus sığır ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğunu belirlemiş ancak benzer sonuçlara karkas randımanında ulaşmamıştır.

Karkas Randımanına CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin karkas randımanına etkisinin canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarındaki sonuçlara paralel olarak istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p > 0,05$). Bu polimorfizmde AA, AG ve GG genotipe sahip hayvanların karkas randımanları sırasıyla %53,30, %52,98 ve %53,15 olarak hesaplanmıştır. Heterozigot genotipe sahip hayvanlar daha yüksek canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına sahip olmalarına rağmen en düşük karkas randımanı değerlerine sahiptir. Benzer çalışmalar da bu sonucu desteklemektedir (18, 145).

Karkas Randımanına CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin karkas randımanına etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olduğu belirlenmiştir ($p < 0,05$). Analizler bu polimorfizmin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel olarak anlamlı olduğunu karkas ağırlıklarında ise $p < 0,05$ düzeyine oldukça yaklaştığını göstermektedir. GG, GC ve CC genotipe sahip hayvanların kesim yaşı ve mevsime göre düzenlenmiş karkas randımanı ortalamaları sırasıyla %52,44, %53,16 ve %53,83 olarak belirlenmiştir. En düşük canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına sahip CC genotipli hayvanların karkas randımanının en yüksek olduğu görülmüştür. Bu polimorfizmin ette tekstür ve kompozisyon özelliklerine etkisinin bulunduğu bildirilmesine karşın karkas randımanında benzer sonuçlar elde edilmemiştir (22).

Karkas Randımına LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin karkas randımına etkisi önemsiz bulunmuştur ($p>0,05$). En düşük karkas randımının CT genotipe sahip heterozigot hayvanlarda olduğu belirlenmiştir. Bu genotipe sahip hayvanların genel ortalamadan %0,19 daha düşük karkas randımına sahip olduğu belirlenmiş ancak genotipler arasında anlamlı herhangi bir sonuca ulaşılmamıştır. Karkas kalitesi özelliklerinde önemli etkileri bulunan bu polimorfizmin karkas randımıyla istatistiksel düzeyde anlamlı ilişkisi belirlenmemiştir (27, 244).

Karkas Randımına GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin karkas randımına etkisinin önemsiz olduğu belirlenmiştir. AA, AG ve GG genotipe sahip hayvanların karkas randımanları sırasıyla %53,18, %53,23 ve %53,02 olarak hesaplanmış ancak meydana gelen etkinin istatistiksel düzeye uzak olduğu görülmüştür ($p=0,85$). Benzer çalışmalardan elde edilen sonuçlar bu verileri desteklemektedir (28, 201, 218).

Genler arasındaki ikili interaksiyon etkilerinin etken ekleme-eme yöntemi ile gerçekleştirilen analizinde CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonunun $p<0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. CCCC ve CCCT genotiplerini taşıyan hayvanların %54,33 ve %54,02 ortalamalarıyla en yüksek karkas randımına sahip olduğu saptanmıştır. GGCT ve GGCC genotipli hayvanların ise en düşük karkas randımına sahip olduğu görülmektedir. Bu genotipleri taşıyan hayvanların karkas randım ortalamaları sırasıyla %51,75 ve %52,20 olarak hesaplanmıştır. İnteraksiyon analizinde GGC- genotipinin karkas randımında istatistiksel olarak anlamlı bir düşüşe neden olduğu görülmektedir. CCCC genotipi ile GGCT genotipinin karkas randımanları yönünden karşılaştırılmasında GGCT genotipli hayvanların %2,58 daha düşük karkas randımına sahip olduğu belirlenmiştir. İnteraksiyon analizi CCC- genotipinin ise karkas randımı yönünden istenen genotipi oluşturduğunu ortaya koymaktadır. CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonunun karkas randımına etkisinin incelendiği bir başka çalışmaya rastlanmamıştır. Benzer gen interaksiyonlarının farklı sığır popülasyonlarında moleküler düzeyde anlaşılması uygulanacak en etkili seleksiyon programının oluşturulmasında

stratejik bir öneme sahiptir. Bu nedenle bu çalışmadan elde edilen verilerin geniş sığır popülasyonlarında doğrulanması gerekmektedir.

Kabuk Yağı Kalınlığı

Kabuk Yağı Kalınlığına CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğu belirlenmiştir. Bu polimorfizmde GG genotipi taşıyan hayvanların en yüksek kabuk yağı kalınlığı ortalamasına sahip olduğu görülmektedir. Bu hayvanların kesim yaşı ve mevsime göre düzeltilmiş kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,98 mm olarak hesaplanmıştır. CC genotipine sahip hayvanların ortalaması ise 2,27 mm'dir. CC genotipinin GG genotipine göre 0,71 mm ve genel ortalamaya göre 0,41 mm daha az kabuk yağı kalınlığına sahip olduğu görülmektedir. Heterozigot genotipi taşıyan bireylerde bu ortalama 2,81 mm olarak belirlenmiştir. CAPN1 geni G316A polimorfizminin canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu görülmektedir. Canlı ağırlığın artması ile yağlanma düzeylerinin arasında pozitif korelasyon olduğu bildirilmektedir (243). Bu sonuçlar canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarında oluşan farkın bir kısmının bireye ait genel yağ oranına bağlı olduğunu göstermektedir. Miquel ve arkadaşlarının (19) Brangus ve Angus sığır ırklarında gerçekleştirdikleri bir çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde istatistiksel olarak anlamlı olduğu ve benzer şekilde CC genotipe sahip hayvanların kabuk yağı kalınlıklarının düşük olduğu görülmüştür. Aynı çalışmada heterozigot yapılı hayvanların en yüksek kabuk yağı kalınlığına sahip olduğu belirlenmesine rağmen istatistiksel düzeyde anlamlı bir sonuç elde edilememiştir. Curi ve arkadaşları (152) ise CAPN1 gen polimorfizmlerinin *Bos indicus* ve *Bos taurus* x *Bos indicus* melezlerinde karkas ve et özelliklerine etkisini incelemiş ve CG ile GG genotiplerinin kabuk yağı kalınlığı ortalamalarının 4,28 mm ve 4,23 mm olmak üzere birbirine yakın değerler aldığını ve istatistiksel düzeyde bir önem göstermediğini belirlemişlerdir. Tait ve arkadaşları (5) da Angus ırkı sığırlarda benzer şekilde G316A polimorfizminin etkisinin kabuk yağı kalınlığına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını bildirmişlerdir. Yapılan çalışmalarda G316A polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına önemli bir etkisinin bulunmadığı görülmesine karşın oldukça yüksek frekansa

sahip GG genotipini taşıyan hayvanların daha yüksek canlı ağırlığa ve dolayısıyla daha yüksek kabuk yağı kalınlığına sahip olduğu görülmektedir (18, 19). Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar ise G316A polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu göstermektedir ($p<0,05$).

Kabuk Yağı Kalınlığına CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisi istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). AA genotipi taşıyan hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,57 mm olarak saptanmıştır. AG ve GG genotipli hayvanların ise kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,75 ve 2,74 olarak hesaplanmıştır. AA genotipli hayvanlar genel ortalamadan 0,11 mm daha az kabuk yağı kalınlığına sahiptir. AG ve GG hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalamalarının birbirine çok yakın ve genel ortalamadan 0,04 mm daha yüksek olduğu görülmektedir. Ancak belirlenen bu farklar istatistiksel düzeyde anlamlı bulunmamıştır. CAPN1- V530I polimorfizminin incelendiği benzer çalışmalarda da kabuk yağı kalınlığına etkisi saptanmamıştır (14, 17, 18).

Kabuk Yağı Kalınlığına CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). En yüksek kabuk yağı kalınlığına sahip hayvanların GG genotipi taşıyanlar olduğu görülmüştür. Bu hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalaması 2,77 mm 'dir. GC ve CC genotipli hayvanların ise ortalamaları sırasıyla 2,66 mm ve 2,63 mm olarak belirlenmiştir. GG hayvanların genel ortalamadan 0,08 mm; CC hayvanlara göre 0,14 mm daha yüksek ortalamaya sahip olduğu görülmektedir. En düşük kabuk yağı kalınlığı ortalaması CC genotipini taşıyanlardır. Ancak analizler belirlenen bu farkların istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını göstermektedir. Benzer çalışmalar da bu sonuçları desteklemektedir (18, 22, 152).

Kabuk Yağı Kalınlığına LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP geni A80V polimorfizmi için CC, CT ve TT genotiplerine ait kabuk yağı kalınlığı ortalamaları arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir fark bulunmamıştır. CC genotipli hayvanlarda bu ortalama 2,63 mm, TT genotipli hayvanlarda 2,68 mm olarak hesaplanmıştır. Analizler kabuk yağı kalınlıkları bakımından en yüksek ortalamaya heterozigot hayvanların sahip olduğunu göstermektedir. CT genotipli heterozigot hayvanlar CC hayvanlardan 0,12 mm; genel ortalamadan 0,05 mm daha yüksek kabuk yağı kalınlığına sahiptir. Ancak meydana gelen bu farklar istatistiksel düzeyde anlamlı değildir ($p>0,05$). Bu yönleriyle bu çalışmadan elde edilen bulgular Corva ve arkadaşlarının (244) Brangus sığırlarda elde ettiği sonuçlara benzerlik göstermektedir. Domuzlarda bu polimorfizmin kabuk yağı kalınlıklarına etkisinin önemli olduğu bildirilmektedir (245). Silva ve arkadaşları (27) Nellore ırkı sığırlarda A80V polimorfizminin kabuk yağı kalınlığı ve but yağı kalınlığına etkisinin anlamlı olduğunu belirlemişlerdir. Aynı çalışmada CT ve TT genotiplerine sahip hayvanların kabuk yağı kalınlıkları ortalamaları arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu görülmüştür. Farklı sığır ırklarında karkas özelliklerinin belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmalarda (239, 244) genellikle A80V polimorfizminin kabuk yağına kalınlığına etkisinin bu çalışmadan elde edilen sonuçları destekler şekilde istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmüştür. Karkas özellikleriyle LEP- A80V polimorfizmi ilişkisinin belirlenmesi amacıyla yapılan bazı çalışmalarda ise minor allel frekanslarının çok düşük düzeyde olması nedeniyle analizlere dahil edilmemiştir (237).

Kabuk Yağı Kalınlığına GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin kabuk yağı kalınlığına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). AA ve GG genotipli hayvanların kabuk yağı kalınlığı ortalamaları sırasıyla 2,62 mm ve 2,70 mm olarak hesaplanmıştır. Heterozigot genotipe sahip hayvanlarda ise bu ortalamanın daha yüksek olduğu belirlenmiştir (2,74 mm). Ancak belirlenen bu farkların istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmektedir. Sherman ve arkadaşlarının (214) Angus, Charolais ve Angus x Charolais sığırlarda GHR gen polimorfizmlerinin karkas özelliklerine etkisinin incelendiği çalışmada da S555G polimorfizmi ile kabuk yağı kalınlığı arasındaki ilişki

bakımından benzer sonuçlar elde edilmiştir (214). GHR- S555G polimorfizmi ile kabuk yağı kalınlığı arasındaki ilişkinin belirlendiği yeterli düzeyde çalışma bulunmamaktadır.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde kabuk yağı kalınlığı ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının Holstein ırkı sığırlarda kabuk yağı kalınlığına etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

MLD Alanı

MLD Alanına CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p < 0,01$). CC genotipi taşıyan hayvanların diğer iki genotipe göre daha düşük MLD alanına sahip olduğu belirlenmiştir. GG ve CG genotipli hayvanların MLD alan ortalamaları sırasıyla $102,47 \text{ cm}^2$ ve $101,92 \text{ cm}^2$ olarak hesaplanmıştır. CC genotipi taşıyan hayvanlarda ise bu ortalama $90,89 \text{ cm}^2$ olarak belirlenmiştir. GG hayvanların CC hayvanlara göre $11,58 \text{ cm}^2$; genel ortalamadan ise $4,05 \text{ cm}^2$ daha yüksek MLD alanına sahip olduğu görülmektedir. CC genotipi taşıyan hayvanlarda ise bu ortalama genel ortalamanın $7,54 \text{ cm}^2$ altında kalmıştır. Bu çalışmada GG genotipinin hayvanların daha yüksek canlı ağırlık ve karkas ölçülerine sahip olmasına neden olduğu ve genel vücut büyüklüğünü olumlu yönde etkilediği görülmektedir. MLD alanı ortalamaları incelendiğinde benzer sonuçlar dikkati çekmektedir. Yüksek canlı ağırlık ve karkas ölçülerine sahip GG genotipli hayvanların MLD alan ortalamalarının da diğer iki genotipe göre yüksek olduğu belirlenmiştir. Buna karşın Gill ve arkadaşları (6) ise CAPN1, CAST, LEP, GHR ve DGAT1 gen polimorfizmlerinin gevreklik, yağ oranı, karkas kompozisyonu ve süt verimi özelliklerine etkisinin Aberdeen Angus melezlerinde belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını bildirmektedir. Miquel ve arkadaşları (19) Brangus ve Angus sığır ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin önemsiz olmasına rağmen CC hayvanlarda bu ortalamanın diğer iki genotipe göre daha düşük olduğunu belirlemişlerdir. Ancak çalışmada heterozigot yapılı hayvanların en yüksek MLD alanına sahip olduğu dikkati çekmektedir. Smith ve arkadaşlarının (246) Brahman sığırlarda CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisini inceledikleri

çalışmada da benzer sonuçlar elde edilmiştir. Casas ve arkadaşları (3) tarafından 479 baş Brahman sığırdı kromozom 14 ve 29'da bulunan gen polimorfizmlerinin karkas kompozisyon özelliklerine etkisini incelemek amacıyla yapılan çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminde GG genotipe sahip hayvanların heterozigot hayvanlara göre daha yüksek MLD alanına sahip olduğu görülmektedir. Ancak bu farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. Ayrıca çalışmada CC genotip frekansının 0 olduğu için analizlerde yer almadığı görülmektedir. Curi ve arkadaşları (152) da benzer şekilde CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin *Bos indicus* ve *Bos taurus* x *Bos indicus* melezlerinde bulunmadığını bildirmişlerdir. Farklı sığır popülasyonlarında GG genotipinin daha yüksek MLD alanı değerlerine sahip olmasına rağmen CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı bildirilmektedir. Bununla birlikte incelenen birçok çalışmada (3, 19, 152) C allel frekansının çok düşük olduğu ve CC genotipi taşıyan hayvan bulunmadığı görülmektedir. Hedeflenen etkilerin belirlenmemesinde bu faktörün de göz önünde bulundurulması gerekmektedir. Bu çalışmada ise benzer genotipik dağılımlar elde edilmekle birlikte CC genotip frekansı analizlere dahil edilmesine olanak sağlayacak bir değer almıştır (0,065). Aynı zamanda CAPN1- G316A polimorfizminin MLD alanına etkisinin $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olması dikkate değer bir sonuç olarak değerlendirilmelidir. Bu polimorfizm için elde edilen genotipik gruplara göre sınıflandırılmış canlı ağırlık ortalamaları da bu sonucu desteklemektedir. Yüksek canlı ağırlığa sahip GG hayvanların aynı zamanda yüksek MLD alanına sahip olduğu belirlenmiştir. Moleküler markır çalışmaları ve seleksiyon programlarında CAPN1- G316A polimorfizminin potansiyelinin bu yönüyle değerlendirilmesi olumlu sonuçlar yaratabilecektir.

MLD Alanına CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p > 0,05$). AA, AG ve GG genotiplerini taşıyan hayvanların MLD alanı ortalamaları sırasıyla $100,98 \text{ cm}^2$, $97,92 \text{ cm}^2$ ve $96,37 \text{ cm}^2$ olarak hesaplanmıştır. En yüksek MLD alanına AA hayvanların sahip olduğu belirlenmiştir. Bu genotipe sahip hayvanların aynı zamanda en düşük canlı ağırlık ortalamasına sahip olması dikkat çekicidir. Ancak genotipler arasında istatistiksel düzeyde bir fark bulunmamaktadır. Benzer çalışmalar da bu sonuçları desteklemektedir (3, 144).

MLD Alanına CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin MLD alanına etkisi istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). GG, GC ve CC genotiplerini taşıyan hayvanların MLD alan ortalamaları sırasıyla 97,83 cm², 98,08 cm² ve 99,36 cm² olmak üzere birbirine yakın değerler göstermiş ve gruplar arasında önemli bir fark bulunmamıştır. Etkilerini postmortem gevreklik mekanizmasında gösterdiği bildirilen (22, 164) CAST- S20T polimorfizminin MLD alanı ile ilişkisinin önemli bulunduğu çalışmaya rastlanmamıştır.

MLD Alanına LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizmi için CC, CT ve TT genotiplerine ait MLD alanı ortalamaları arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir fark bulunmamıştır. CC ve CT genotipli hayvanların MLD alan ortalamaları sırasıyla 97,61 cm² ve 98,56 cm² olarak hesaplanmıştır. TT hayvanlarda ise bu ortalamanın 99,10 cm² olduğu belirlenmiştir. TT genotipe sahip hayvanların CC hayvanlara göre 1,49 cm² daha fazla MLD alanına sahip olduğu görülmektedir. Ancak meydana gelen bu fark istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). Silva ve arkadaşları (27) da Nellore ırkı sığırlarda A80V polimorfizminin MLD alanına anlamlı etkisinin olmadığını bildirmişlerdir. Benzer şekilde Cheong ve arkadaşları (239) da Kore sığırlarında bu polimorfizmin MLD alanına istatistiksel düzeyde anlamlı etkisinin bulunmadığını belirlemişlerdir. Bu bilgiler ışığında bu çalışmadan elde edilen bulgular benzer bilimsel araştırmalardan elde edilen verilerle benzerlik göstermektedir.

MLD Alanına GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). Bu polimorfizmde AG genotipe sahip hayvanların MLD alanı ortalamasının en yüksek olduğu görülmüştür. GG ve AA genotipli hayvanların MLD alan ortalamaları sırasıyla 97,27 cm² ve 98,06 cm² olarak hesaplanmıştır. Bu ortalama heterozigot hayvanlarda 99,94 cm²'ye yükselmiş olmasına karşın meydana gelen farklar $p<0,05$ düzeyinde anlamlı değildir. Sherman ve arkadaşları (214) Angus, Charolais ve Angus x Charolais sığırlarda bu çalışmanın sonuçlarına benzer şekilde S555G polimorfizminin MLD alanına etkisinin istatistiksel düzeyde önemsiz

olduğunu belirlemişlerdir. Gill ve arkadaşları (6) Aberdeen Angus melezlerinde, GHR gen polimorfizmlerinin gevreklik, yağ oranı, karkas kompozisyonu ve süt verimi özellikleri üzerine etkisini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada genel MLD alanı ortalamasını 108,70 cm² olarak hesaplamış ve MLD alanı bakımından S555G polimorfizmine ait AA, AG ve GG genotipleri arasındaki farkın istatistiksel açıdan önemsiz olduğunu bildirmişlerdir. Ribeca ve arkadaşları (241) tarafından 1208 baş Piemontese ırkı genç boğada et kalitesi özelliklerinin aday genlerle ilişkisinin belirlenmesi amacıyla gerçekleştirilen bir çalışmada aynı şekilde GHR- S555G polimorfizminin etkisi önemsiz bulunmuştur. Bu polimorfizmin Holstein ırkı sığırlarda karkas özelliklerine etkisinin araştırıldığı çalışmalar kısıtlı sayıda olmakla birlikte farklı ırklarda gerçekleştirilen benzer çalışmalar GHR- S555G MLD alanına istatistiksel düzeyde önemli bir etkisinin bulunmadığını göstermekte ve bu çalışmadan elde edilen sonuçları desteklemektedir.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde MLD alanı ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının Holstein ırkı sığırlarda MLD alanına etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır. Çiftlik hayvanlarında ekonomik yönden büyük önem taşıyan et verimi ve karkas özellikleri çok sayıda genetik ve çevre faktörlerinin etkisi altındadır (13). MLD ise vücuttaki lokalizasyonu dolayısıyla hareket dinamikleri ve düşük kollajen içeriği göz önüne alındığında yaş etmeni ve çevresel faktörlerden daha az etkilenmektedir (70-71). Bu nedenle MLD alanında etkili gen polimorfizmlerinin bireysel etkilerinin yanı sıra interaksiyonlarının da geniş sığır populasyonlarında araştırılması daha da büyük önem kazanmaktadır.

Mermerleşme Derecesi

Bu çalışmada mermerleşme derecesi ile incelenen genlere ait polimorfizmler arasında istatistiksel düzeyde önemli herhangi bir ilişki gözlenmemiştir.

Mermerleşme Derecesine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminde CC, CG ve GG genotipi taşıyan hayvanların mermerleşme derecesi ortalamaları sırasıyla 2,76, 2,70 ve 2,61 olarak belirlenmiştir. GG hayvanların en düşük mermerleşme derecesine sahip olduğu görülmüştür. GG hayvanların en düşük mermerleşme derecesine sahip olduğu görülmesine rağmen genotipik gruplar arasındaki fark önemsizdir ($p>0,05$). Li ve arkadaşlarının Angus, Charolais, Hereford, Limousin ve Simmental ırkı olmak üzere toplam 243 baş sığırdan oluşan populasyonda DGAT1, LEP, SCD1, CAPN1 ve CAST gen etkilerinin pH, et rengi, mermerleşme derecesi ve su tutma kapasitesi ile ilişkisinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada G316A polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu bildirilmiştir ($p=0,02$). CC genotipi taşıyan hayvanların diğer iki genotipe oranla daha yüksek mermerleşme derecesine sahip olduğu belirlenmiştir. Aynı çalışmada G316A polimorfizminin IMF (%) içeriğine etkisinin de $p<0,05$ düzeyinde etkili olduğu saptanmıştır. Smith ve arkadaşları (246) ise Brahman sığır ırkında G316A polimorfizminin mermerleşmeye benzer bir etkisinin bulunmadığını bildirmişlerdir. Casas ve arkadaşları (3) da benzer şekilde Brahman sığırlarda mermerleşme derecesi ile G316A polimorfizmi arasında herhangi bir ilişki belirlememişlerdir. Tait ve arkadaşları (5) CAPN1, CAST ve DGAT1 gen etkilerinin performans ve karkas kalite özelliklerine etkilerini araştırdıkları çalışmada, CAPN1- G316A polimorfizminin mermerleşmeye istatistiksel düzeyde etkisinin bulunmadığını bildirmişlerdir. Benzer şekilde Cheong ve arkadaşları (145) Kore sığırlarında G316A polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin anlamlı olmadığını bildirmişlerdir. Ancak Melucci ve arkadaşları (231) Hereford sığır ırkında genetik ve yönetim faktörlerinin et kalitesine etkisinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin 7. gündeki mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu bildirmişlerdir ($p<0,05$). Aynı çalışmada, heterozigot genotipe sahip hayvanların GG hayvanlara göre %19 daha fazla mermerleşme düzeyine sahip olduğu belirlenmiştir. Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar ise Holstein ırkı sığırlarda CAPN1- G316A polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde önemsiz olduğunu göstermektedir ($p>0,05$).

Mermerleşme Derecesine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etki

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). En küçük kareler varyans analizinde AA genotipinin en düşük mermerleşme derecesi ortalamasına sahip olduğu belirlenmiştir. AG ve GG genotipli hayvanların mermerleşme derecesi ortalamaları sırasıyla 2,71 ve 2,76 olarak hesaplanırken AA genotipe sahip hayvanların ortalaması ise 2,59'dur. Ancak genotipik gruplar arasında belirlenen bu farkın istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu görülmektedir. Cheong ve arkadaşları (145) da benzer şekilde Kore sığırlarında V530I polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını belirlemişlerdir. CAPN1- V530I polimorfizmi etkilerini çoğunlukla tekstür analizlerinde göstermektedir. Mermerleşme derecesine ise benzer etkileri saptanmamıştır (14, 18, 152).

Mermerleşme Derecesine CAST- S20T Polimorfizminin Etki

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisi istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). GG genotipi taşıyan hayvanların en yüksek mermerleşme derecesi ortalamasına sahip olduğu görülmektedir (2,75). GC ve CC hayvanlarda ise bu ortalama sırasıyla 2,65 ve 2,66 olmak üzere birbirine yakın değerler gösterdiği ve gruplar arasındaki farkın anlamlı olmadığı belirlenmiştir. Mermerleşme derecesi ile CAST- S20T polimorfizmi arasındaki ilişkinin önemli bulunduğu çalışmaya rastlanmamıştır.

Mermerleşme Derecesine LEP- A80V Polimorfizminin Etki

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizmi için CC, CT ve TT genotiplerine ait mermerleşme derecesi ortalamaları sırasıyla 2,66, 2,80 ve 2,60 olarak belirlenmiştir. Heterozigot genotipe sahip hayvanların mermerleşme derecesi ortalamasının diğer iki genotipe göre daha yüksek olduğu görülmektedir. CT genotipi taşıyan hayvanların genel ortalamadan 0,11 daha yüksek mermerleşme derecesine sahip olduğu saptanmıştır. Ancak belirlenen bu farklar istatistiksel düzeyde anlamlı değildir ($p>0,05$). Pannier ve arkadaşları (247) Aberdeen Angus, Belgian Blue, Blonde d'Aquitaine, Charolais, Friesian, Hereford,

Limousin, Salers ve Simmental melezlerinde intramuscular yağ oranı dağılımının A80V ile ilişkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını bildirmişlerdir. Benzer sonuçlar Lagonigro ve arkadaşlarının (179) Holstein x Charolais melezlerinde gerçekleştirdikleri çalışmada da elde edilmiş ve A80V polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisi saptanmamıştır. Silva ve arkadaşları (27) da Nellore ırkında A80V polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin önemsiz olduğunu belirlemişlerdir (27). Cheong ve arkadaşları (239) Kore sığır ırkında A80V polimorfizmi ile mermerleşme derecesi arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişki saptamamışlardır (239). Gerçekleştirilen bilimsel çalışmalarda A80V polimorfizmi ile mermerleşme derecesi arasında anlamlı bir ilişki saptanmamıştır ve bu çalışmadan elde edilen sonuçları desteklemektedir. Ancak LEP geninin enerji ve yağ metabolizmasında önemli bir faktör olduğu bilinmektedir (180-182). Bu nedenle A80V polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin farklı sığır popülasyonlarında incelenmesi yararlı olacaktır.

Mermerleşme Derecesine GHR- S555G Polimorfizminin Etki

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). AA ve GG homozigot genotipe sahip hayvanlarda mermerleşme derecesi ortalamaları sırasıyla 2,68 ve 2,62 olarak hesaplanmıştır. Heterozigot hayvanların bu iki genotipe göre daha yüksek mermerleşme derecesine sahip olduğu belirlenmesine karşın analizler bu farkın önemsiz olduğunu göstermiştir. Benzer şekilde Sherman ve arkadaşları (214) da Angus, Charolais ve Angus x Charolais sığırlarda S555G polimorfizminin mermerleşme derecesine etkisinin önemsiz olduğunu bildirmişlerdir. Buna karşın Reardon ve arkadaşlarının (32) belirlenen aday genlerin *M. longissimus* ve *M. semimembranosus* kaslarında renk, su tutma kapasitesi ve kompozisyon özellikleriyle ilişkisini belirlemek amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada GHR- S555G polimorfizminin mermerleşme ile yüksek korelasyona sahip olduğu bildirilen IMF (%) içeriğine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir. Ancak çalışma melez sığırlarda gerçekleştirilmiş olup ırk faktörleri göz önünde bulundurulmalıdır. Bununla birlikte lipogenez, glikoz ve aminoasit mekanizmalarını düzenleyerek glikozun hücre içinde glikojen halinde depolanması şeklinde kendini gösteren etkileri (192) bulunan GHR genine ait polimorfizmlerin mermerleşme derecesi

gibi kaslar arası yağ dağılımıyla yakından ilişkili özelliklerde farklı sığır populasyonlarında değerlendirilmesi gerekmektedir.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde mermerleşme derecesi ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının Holstein ırkı sığırlarda mermerleşme derecesine etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamakla birlikte mermerleşme derecesinin değerlendirilmesi için kabul gören global bir metodun bulunmayışı ve genellikle subjektif yöntemlerin kullanılması, bu parametre için gerçekleştirilen polimorfizm çalışmalarını ve dolayısıyla interaksiyon analizlerini de olumsuz yönde etkilemektedir.

pH

pH Değerlerine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizmi için CC, CG ve GG genotipi taşıyan hayvanların 24. saatteki pH ortalamaları sırasıyla 5,70, 5,70 ve 5,71 olarak belirlenmiştir. GG hayvanlar daha yüksek pH ortalamasına sahip olmakla birlikte belirlenen fark istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). Gill ve arkadaşları (6) da Aberdeen Angus melezlerinde benzer şekilde G316A polimorfizmin 24. saatteki pH değerlerine etkisinin olmadığını belirlemişlerdir. Buna karşın Kaplanova ve arkadaşları (248) Fleckvieh, Charolais, Simmental, Galloway, Blonde d'Aquitaine melezlerinde GG hayvanların CG hayvanlara göre daha yüksek pH değerlerine sahip olduğunu ve G316A polimorfizminin 24. saatteki pH'ye etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu belirlemişlerdir. Ancak çalışmada CC genotip frekansının (0,006) çok düşük olması nedeniyle analizlerden çıkarıldığı görülmektedir. Bununla birlikte Li ve arkadaşları (4) ise Angus, Charolais, Hereford, Limousin ve Simmental ırklarından oluşan populasyonda 48. saatteki pH değerleri ile G316A polimorfizmi arasında bir ilişki belirlememişlerdir.

pH Değerlerine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin 24. saatteki pH değerlerine etkisinin $p < 0,001$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. En yüksek pH değerlerine sahip olan AA hayvanların ortalaması 5,89 olarak hesaplanmıştır. AG ve GG genotipli hayvanlarda ise bu ortalamanın sırasıyla 5,63 ve 5,59 olduğu görülmektedir. Buna karşın Ribeca ve arkadaşları (148) Piemontese ırkı genç boğalarda et kalitesi özelliklerinin aday genlerle ilişkisinin belirlenmesi amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada V530I polimorfizminin 24. saatteki pH değerlerine etkisinin bulunmadığını bildirmişlerdir. Xin ve arkadaşları da (249) benzer şekilde Yanbian ırkı sığırlarda bu polimorfizmin pH değerlerine anlamlı bir etkisinin bulunmadığını bildirmişlerdir. Corva ve arkadaşları (18) da V530I polimorfizminin Angus, Limousin ve Hereford ırkı melezlerinden oluşan popülasyonda pH değerlerine istatistiksel düzeyde önemli bir etkisinin olmadığını belirlemişlerdir. Bu çalışmada ise, yukarıda verilen bilgilerin aksine A allelini taşıyan hayvanların daha yüksek pH değerlerine sahip olduğu saptanmıştır. Postmortem dönemde belirleyici bir etmen olan pH genetik yapının yanı sıra kesime sevk edilen hayvanların sağlık ve stres durumu, mezbaha koşulları, uygulanan kesim işlemi gibi birçok faktörden etkilenmektedir (2, 8, 11, 12). Bu nedenle elde edilen farklı sonuçların değerlendirilmesinde bu faktörlerin de göz önünde bulundurulması gerekmektedir.

pH Değerlerine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin pH değerlerine etkisi istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p > 0,05$). Bu polimorfizmde GG, GC ve CC genotiplerini taşıyan hayvanların 24. saatteki pH değerleri ortalamalarının sırasıyla 5,71, 5,70 ve 5,69 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler aldığı ve istatistiksel olarak anlam ifade etmediği görülmektedir. Juszczyk-Kubiak ve arkadaşlarının (22) CAST- S20T polimorfizmi etkilerini Angus, Charolais, Limousin, Simmental, Hereford, Holstein ve Polish Red sığır ırklarında inceledikleri çalışmadan elde edilen sonuçlar da bu verileri desteklemektedir. GG, GC ve CC hayvanların pH değerleri sırasıyla 5,57, 5,53 ve 5,55 olarak ölçülmüş ve istatistiksel düzeyde anlamsız olduğu belirlenmiştir.

pH Değerlerine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizmi için CC, CT ve TT genotiplerine ait pH değerleri sırasıyla 5,66, 5,73 ve 5,72 olarak belirlenmiştir. Bu polimorfizmde heterozigot hayvanların en yüksek pH değerlerine sahip olmakla birlikte, TT genotipini taşıyan hayvanların da bu ortalamaya yakın değerler aldığı görülmektedir. CC hayvanların ise pH değerleri ortalaması diğer iki genotipe göre oldukça düşüktür. En küçük kareler varyans analizi sonucunda istatistiksel düzeyde anlamlı olarak belirlenmemesine rağmen A80V polimorfizminin 24. saatteki pH değerlerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyine yaklaştığı dikkati çekmektedir ($p = 0,08$). Silva ve arkadaşları (27) da Nellore ırkında A80V polimorfizmi ile pH değerleri arasında istatistiksel olarak anlamlı bir ilişki belirlememişlerdir. Bu çalışmada ise heterozigot hayvanlarda pH değerlerinin yüksek olduğu ve genotipik gruplar arasındaki belirlenen farkın $p < 0,05$ değerine yaklaştığı ve gen etkilerinin daha geniş popülasyonlarda incelenmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

pH Değerlerine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin 24. saatteki pH değerlerine etkisinin $p < 0,001$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. GG genotipi taşıyan hayvanların pH ortalamalarının diğer iki genotipe göre oldukça yüksek olduğu saptanmıştır. AA ve AG hayvanların ise pH değerleri ortalamalarının birbirine oldukça yakın olduğu görülmektedir (5,57 ve 5,58). GG hayvanlarda ise bu ortalama 5,97'ye yükselmiştir. GG hayvanlar genel ortalamadan 0,26; en düşük ortalamaya sahip olan AA hayvanlara göre ise 0,40 daha yüksek pH değerlerine sahiptir. Buna karşın Reardon ve arkadaşları (32) S555G polimorfizminin pH değerlerine benzer bir etkisinin bulunmadığını bildirmektedir. Ribeca ve arkadaşları (241) da Piemontese ırkı genç boğalarda S555G polimorfizminin pH değerlerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını belirlemişlerdir. GHR geni S555G polimorfizminin pH değerleriyle ilişkisini konu alan araştırmalar yetersiz düzeydedir. Et kalitesini etkileyen başlıca faktörlerden biri olan pH değişimlerinin moleküler düzeyde daha ayrıntılı bir şekilde incelenmesi gerekmektedir.

Bu çalışmada genler arasındaki ikili interaksiyon etkilerinin etken ekleme-eleme yöntemi kullanılarak gerçekleştirilen analizinde CAPN1- V530I x GHR- S555G ve LEP- A80V x GHR- S555G interaksiyonlarının $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir.

CAPN1- V530I x GHR- S555G interaksyonunda AAGG genotipini taşıyan hayvanların pH ortalamasının en yüksek değer olarak belirlenen 6,56 olduğu görülmektedir. AAGA genotipi ise en düşük pH ortalamasına sahip genotipik grup olarak belirlenmiştir. AAGG hayvanlar AAGA hayvanlara göre 1,02 daha yüksek pH ortalamasına sahiptir. Analizler A_GG genotipinin karkaslarda daha yüksek pH (24. saat) ortalamasına neden olduğunu göstermektedir. Postmortem değişimler ve et kalitesindeki etkileri göz önüne alındığında bu oldukça önemli bir fark olarak dikkate değerdir. Bu çalışmada elde edilen veriler GHR- S555G polimorfizminden kaynaklanan güçlü etkinin CAPN1- V530I x GHR- S555G interaksyonunda kendini overdominans şeklinde gösterdiğini işaret etmektedir. CAPN1- V530I polimorfizminde yüksek pH değerlerine sahip olan A allelinin interaksyonda da belirleyici rol oynadığı bununla birlikte G_GG genotipinin de genel ortalamadan daha yüksek değerler aldığı görülmektedir.

Bu çalışmada LEP- A80V x GHR- S555G interaksyonunda en yüksek pH ortalamasına sahip genotipin CTGG olduğu belirlenmiştir. Bu genotipi taşıyan hayvanların pH ortalaması 6,09 olarak hesaplanmıştır. CTAA genotipinde ise bu ortalama 5,52'dir. CTGG hayvanların CTAA hayvanlara göre 0,57 daha düşük pH ortalamasına sahip olduğu görülmektedir. En küçük kareler varyans analizinde LEP- A80V etkisinin $p < 0,05$ değerine yaklaşmakla birlikte istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. İnteraksiyon analizinde genotipik gruplar arasında meydana gelen bu anlamlı farkın GHR- S555G polimorfizminin etkisinden olabileceği düşünülmektedir. Ancak daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi ve genetik etkilerin tam anlamıyla ortaya konulabilmesi için daha geniş populasyonlarda bu interaksyonların incelenmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Karkas Uzunluğu

Karkas Uzunluğuna CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin karkas uzunluğuna etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p < 0,01$). GG genotipi taşıyan hayvanların diğer iki genotipi taşıyanlara göre daha uzun karkasa sahip oldukları saptanmıştır. Bu genotipe sahip hayvanların karkas uzunluğu ortalaması 140,9 cm olarak belirlenmiştir. CC genotipi taşıyan hayvanların karkas uzunluğu ortalamasının en düşük

olduğu görülmektedir. CC ve CG hayvanların karkas uzunluğu ortalaması sırasıyla 138,7 cm ve 139,9 cm olarak belirlenmiştir. GG hayvanlar CC hayvanlara göre 2,2 cm; 139,84 cm olarak hesaplanan genel ortalamadan ise 1,09 cm daha fazla karkas uzunluğu ortalamasına sahiptir. Bu genotipleri taşıyan hayvanların canlı ağırlık ve karkas ağırlıkları incelendiğinde bu verileri destekleyen sonuçlar dikkati çekmektedir. Yüksek karkas uzunluğu ortalamasına sahip olan GG genotipinin aynı zamanda daha yüksek canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına sahip olduğu belirlenmiştir. Bu veriler canlı ağırlıklar bakımından genotipik gruplar arasındaki farkın bir sebebinin de karkas ölçülerinde elde edilen istatistiksel düzeyde önemli sonuçlardan ileri gelebileceğini göstermektedir. CAPN1 geni G316A polimorfizminin karkas uzunluğuna etkisinin belirlendiği çalışmaya rastlanmamıştır.

Karkas Uzunluğuna CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin karkas uzunluğuna etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir ($p>0,05$). En küçük kareler varyans analizinde AA genotipinin en yüksek karkas uzunluğu ortalamasına sahip olduğu görülmektedir (140,0 cm). AG ve GG genotiplerinde ise bu ortalama sırasıyla 139,6 cm ve 139,9 cm olarak hesaplanmıştır. AA genotipi taşıyan hayvanlar genel ortalamadan ancak 0,14 cm daha fazla karkas uzunluğuna sahip olup elde edilen sonuçlar istatistiksel düzeyde önem taşımamaktadır.

Karkas Uzunluğuna CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminde GG, GC ve CC genotipi taşıyan hayvanların karkas uzunluğu ortalamaları sırasıyla 140,0 cm, 139,8 cm ve 139,7 cm olarak belirlenmiştir. Bu polimorfizmde canlı ağırlık bakımından genotipik gruplar arasındaki farkın $p<0,05$ düzeyinde önemli olduğu belirlenmiş olup benzer şekilde yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahip olan GG genotipli hayvanların aynı zamanda daha uzun karkas ortalamasına sahip olduğu görülmektedir. Ancak canlı ağırlıkta elde edilen anlamlı sonuçlar karkas uzunluğunda desteklenememiştir.

Karkas Uzunluđuna LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada LEP- A80V polimorfizminde CC ve TT genotipli hayvanların karkas uzunluđu ortalamalarının birbirine olduka yakın olduđu ve heterozigot hayvanların daha dűřük ortalamaya sahip olduđu belirlenmiřtir. CT genotipli heterozigot hayvanların karkas uzunluđu ortalaması 139,5 cm'dir. Ancak oluřan bu fark istatistiksel dűzeyde anlam ifade etmemektedir ($p>0,05$). Silva ve arkadaşları (27) da Nellore ırkı sıđırlarda bu polimorfizmin karkas uzunluđuna etkisinin nemsiz olduđunu belirlemiřlerdir.

Karkas Uzunluđuna GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada GHR- S555G polimorfizminin karkas uzunluđuna etkisinin istatistiksel dűzeyde nemsiz olduđu belirlenmiřtir ($p>0,05$). Bu polimorfizmde genotipik gruplara gre sınıflandırılmıř karkas uzunluđu ortalamalarının birbirine olduka yakın deđerler aldıđı grűlmektedir (139,6 cm, 139,8 cm ve 140,1 cm). Di Stasio ve arkadaşları (28) da benzer şekilde S555G polimorfizminin karkas uzunluđuna etkisinin nemsiz olduđunu belirlemiřlerdir.

But Uzunluđu

But Uzunluđuna CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAPN1- G316A polimorfizminin but uzunluđuna etkisinin istatistiksel dűzeyde anlamlı olduđu belirlenmiřtir ($p<0,05$). GG genotipi tařıyan hayvanların diđer iki genotipe gre daha yűksek but uzunluđu ortalamasına sahip olduđu saptanmıřtır. CC ve CG hayvanlar sırasıyla 63,67 cm ve 63,83 cm but uzunluđuna sahipken GG hayvanlarda bu ortalamanın 64,31 cm'ye yűkseldiđi grűlmektedir. GG genotipli hayvanlar CC genotipli hayvanlardan 0,64 cm daha yűksek but uzunluđu ortalamasına sahiptir. Bu alıřmada aynı zamanda CAPN1 geni G316A polimorfizmi iin GG genotipini tařıyan hayvanların daha yűksek canlı ađırlık ve karkas lűlerine sahip olduđu belirlenmiřtir.

But Uzunluđuna CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAPN1- V530I polimorfizminin but uzunluđuna etkisinin istatistiksel dzeyde anlamlı olmadıđı belirlenmiřtir ($p>0,05$). En kk kareler varyans analizinde AA genotipinin en yksek but uzunluđuna ortalamasına sahip olduđu grlmektedir (64,11 cm). AG ve GG hayvanlarda ise bu ortalama sırasıyla 63,79 cm ve 63,91 cm olarak hesaplanmıř ancak meydana gelen farkın istatistiksel dzeyde nem tařımadıđı belirlenmiřtir.

But Uzunluđuna CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAST- S20T polimorfizminde GG genotipi tařıyan hayvanların en yksek but uzunluđu ortalamasına sahip olduđu grlmektedir (64,10 cm). GC ve CC hayvanlarda bu ortalamalar sırasıyla 63,87 cm ve 63,84 cm olarak hesaplanmıřtır. But uzunluđu ortalamalarının birbirine olduka yakın olduđu ve istatistiksel dzeyde anlam tařımadıđı belirlenmiřtir ($p>0,05$). CAST- S20T polimorfizminin but uzunluđuna etkisinin incelendiđi benzer bir alıřmaya rastlanmamıřtır.

But Uzunluđuna LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada LEP- A80V polimorfizminin but uzunluđuna etkisinin istatistiksel dzeyde nemsiz olduđu belirlenmiřtir ($p>0,05$). CC genotipi tařıyan hayvanların TT genotipli hayvanlara gre 0,57 cm ve genel ortalamadan 0,34 cm daha yksek but uzunluđu ortalamasına sahip olduđu grlmektedir. CC, CT ve TT hayvanların but uzunluđu ortalamaları sırasıyla 64,28 cm, 63,82 cm ve 63,71 cm olarak hesaplanmıřtır. TT genotipi tařıyan hayvanların genel ortalamadan 0,22 cm daha dřk but uzunluđuna sahip olduđu grlmektedir. Analizler belirlenen bu farkların istatistiksel olarak anlamlı olmadıđını gstermekle birlikte $p<0,05$ deđerine yaklařtıđı dikkati ekmektedir.

But Uzunluđuna GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada GHR- S555G polimorfizminin but uzunluđuna etkisinin istatistiksel dzeyde nemsiz olduđu belirlenmiřtir ($p>0,05$). Bu polimorfizmde genotipik gruplara gre sınıflandırılmıř but uzunluđu ortalamalarının birbirine olduka yakın (63,76 cm, 63,84 cm ve 64,22 cm) deđerler aldıđı grlmektedir.

Gerekleřtirilen interaksiyon analizinde but uzunluđu ortalamaları bakımından genotip grupları arasındaki karřılıklı etkileřimin istatistiksel aıdan nemsiz olduđu belirlenmiřtir ($p>0,05$). CAPN1, CAST, LEP ve GHR genlerinin but uzunluđuna etkilerinin arařtırıldıđı bilimsel alıřmaya rastlanmamıřtır. Dolayısıyla bu alıřma but uzunluđu ile belirlenen aday gen interaksiyonları arasındaki iliřkinin molekler dzeyde incelendiđi ilk alıřmadır.

But evresi

But evresine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAPN1- G316A polimorfizminin but evresine etkisinin istatistiksel dzeyde anlamlı olduđu belirlenmiřtir ($p<0,01$). GG genotipini tařıyan hayvanların but evresi ortalaması 100,89 cm olarak hesaplanmıřtır. Karkas uzunluđu ve but uzunluđu llerinde olduđu gibi bu genotipe sahip hayvanların en yksek but evresine sahip olduđu grlmektedir. CC ve CG genotipli hayvanlarda ise bu ortalamalar sırasıyla 98,16 cm ve 100,12 cm olarak hesaplanmıřtır. GG hayvanların 99,72 cm olan genel ortalamadan 1,16 cm en dřk ortalamaya sahip olan grup olan CC genotipine gre ise 2,73 cm daha yksek but evresi ortalamasına sahip olduđu saptanmıřtır. CAPN1- G316A polimorfizminin but evresine etkisinin arařtırıldıđı benzer bir alıřmaya rastlanmamıřtır.

But evresine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAPN1- V530I polimorfizminin but evresine etkisinin istatistiksel dzeyde anlamlı olmadıđı belirlenmiřtir ($p>0,05$). En kk kareler varyans analizinde GG genotipinin en yksek but evresi ortalamasına sahip olduđu grlmektedir (100,20 cm). AA ve AG genotipi tařıyan hayvanlarda ise bu ortalamaların sırasıyla 98,63 cm ve

100,33 cm olduğu görülmektedir. Analizler belirlenen bu farkların istatistiksel olarak anlamlı olmadığını göstermekle birlikte $p < 0,05$ değerine yaklaşması dikkat çekicidir ($p = 0,06$). CAPN1- V530I polimorfizminin but çevresine etkisinin araştırıldığı benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

But Çevresine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin but çevresine etkisinin $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. En yüksek but çevresi ortalamasına sahip genotipin GC olduğu görülmektedir (100,62 cm). CC ve GG genotipi taşıyan hayvanlarda bu ortalama sırasıyla 98,33 cm ve 100,22 cm olarak hesaplanmıştır. GC hayvanlar genel ortalamadan 0,89 cm; CC hayvanlardan ise 2,29 cm daha yüksek but çevresi ortalamasına sahiptir. But uzunluğunda GG hayvanların en yüksek ortalamaya sahip olmasına rağmen but çevresinde yüksek ortalamaya sahip olan genotipin GC olduğu belirlenmiştir. CAST- S20T polimorfizminin but çevresine etkisinin araştırıldığı benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

But Çevresine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerini taşıyan hayvanların but çevresi ortalamalarının 99,72 cm, 99,45 cm ve 99,99 cm olarak birbirine oldukça yakın değerler aldığı ve aralarındaki farkın istatistiksel açıdan önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p > 0,05$). LEP- A80V polimorfizminin but çevresine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

But Çevresine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait but çevresi ortalamalarının 99,80 cm, 99,72 cm ve 99,65 cm olarak birbirine çok yakın değerler aldığı ve istatistiksel düzeyde anlamlı sonuçlara uzak olduğu belirlenmiştir. Waters ve arkadaşları (218) da benzer şekilde GHR gen polimorfizmlerinin performans özelliklerine etkisini Holstein ırkı ineklerde inceledikleri çalışmada S555G polimorfizminin but çevresine etkisinin önemsiz olduğunu bildirmektedir.

Bu çalışmada genler arasındaki ikili interaksiyon etkilerinin etken ekleme-eme yöntemi kullanılarak gerçekleştirilen analizinde CAPN1- G316A x CAPN1- V530I ve CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonlarının $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. CAPN1- G316A x CAPN1- V530I interaksiyonunda en düşük ortalamaya sahip olan CCAA genotipine sahip hayvanların but çevresi ortalaması 94,86 cm; en yüksek ortalamaya sahip olan GGAA genotipine sahip hayvanlarda ise bu ortalama 102,16 cm olarak hesaplanmıştır. Bu iki genotip arasında but çevresi ortalamaları bakımından 7,3 cm fark olduğu görülmektedir. GGAA genotipine sahip hayvanlar genel ortalamadan 2,35 cm daha yüksek but çevresi ortalamasına sahiptir. CAPN1- G316A x CAPN1- V530I interaksiyonunda G_G_ genotipinin but çevresi ortalamaları bakımından diğer genotiplere göre istatistiksel düzeyde önemli farklar yarattığı belirlenmiştir. İnteraksiyon analizinde elde edilen veriler polimorfizmlere ait bireysel genotipik farkları desteklemektedir. Bununla birlikte interaksiyon analizi G316A ve V530I polimorfizmlerinin bireysel etkilerinin yanı sıra additif faktörlerin de but çevresinde oldukça önemli olduğunu göstermektedir. Ancak daha güvenilir sonuçların moleküler düzeyde elde edilebilmesi için daha geniş Holstein populasyonlarında interaksiyon analizlerinin gerçekleştirilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonunda AACC genotipine sahip hayvanların but çevresi ortalaması 94,74 cm; AAGC genotipli hayvanlarda ise bu ortalama 101,13 cm olarak hesaplanmıştır. En yüksek but çevresi ortalamasına sahip olan AAGC genotipi taşıyan hayvanların genel ortalamaya göre 1,59 cm; AACC genotipli hayvanlara göre ise 6,39 cm daha geniş but yapısına sahip olduğu saptanmıştır. CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonunda G_G_ genotipinin yüksek but çevresi ortalamasına sahip olduğu görülmektedir. Polimorfizmlerin bireysel düzeyde etkilerinin incelenmesinden elde edilen sonuçlar da mevcut verileri desteklemektedir. AACC genotipinin interaksiyon analizinde en düşük ortalamaya sahip olması additif etkilerin bir sonucu olduğunu düşündürmektedir.

Göğüs Çevresi

En küçük kareler varyans analizi sonucunda göğüs çevresi ile incelenen genlere ait polimorfizmler arasında istatistiksel açıdan önemli herhangi bir ilişki gözlenmemiştir.

Göğüs Çevresine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminde GG genotipi taşıyan hayvanların diğer karkas ölçülerinde olduğu gibi göğüs çevresinde de en yüksek ortalamaya sahip olduğu görülmektedir (81,70 cm). CC ve CG genotipli hayvanlarda ise bu ortalamalar sırasıyla 81,26 cm ve 81,70 cm olarak hesaplanmıştır. Ancak göğüs çevresi ortalamalarında görülen bu farkların istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). CAPN1- G316A polimorfizminin göğüs çevresine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Göğüs Çevresine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait göğüs çevresi ortalamalarının sırasıyla 81,49 cm, 80,91 cm ve 81,09 cm olarak hesaplanan birbirine oldukça yakın değerler aldığı ve gruplar arasındaki farkın istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). CAPN1- V530I polimorfizminin göğüs çevresine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Göğüs Çevresine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminde GG genotipi taşıyan hayvanların en yüksek göğüs çevresi ortalamasına sahip olduğu görülmektedir (81,57 cm). GC ve CC hayvanlarda bu ortalamalar sırasıyla 80,94 cm ve 80,98 cm olarak hesaplanmıştır. Ancak göğüs çevresi ortalamaları açısından genotipik gruplar arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlam taşımadığı belirlenmiştir ($p>0,05$).). CAST- S20T polimorfizminin göğüs çevresine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Göğüs Çevresine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerini taşıyan hayvanların göğüs çevresi ortalamalarının 81,19 cm, 81,24 cm ve 81,07 cm olarak birbirine oldukça yakın değerler aldığı ve aralarındaki farkın istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). LEP- A80V polimorfizminin göğüs çevresine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Göğüs Çevresine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminde GG genotipi taşıyan hayvanların göğüs çevresi ortalamasının diğer iki genotipe göre daha düşük olduğu belirlenmiştir (80,79 cm). AA ve AG hayvanların ise sırasıyla 81,38 cm ve 81,32 cm olmak üzere birbirine oldukça yakın ortalamalara sahip olduğu görülmektedir. Sonuç olarak S555G polimorfizminin göğüs çevresine etkisi $p<0,05$ düzeyinde önemsizdir. Di Stasio ve arkadaşları (28) da benzer şekilde Piemontese ırkı sığırlarda S555G polimorfizminin göğüs çevresine etkisinin önemsiz olduğunu belirlemişlerdir. Waters ve arkadaşları (218) tarafından GHR gen polimorfizmlerinin performans özelliklerine etkisinin Holstein ırkı ineklerde incelenmesi amacıyla yapılan çalışmada da benzer şekilde S555G polimorfizmi ile göğüs çevresi arasında ilişki gözlenmemiştir.

İç Göğüs Derinliği

İç Göğüs Derinliğine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p<0,05$). GG genotipini taşıyan hayvanların iç göğüs derinliği ortalamasının en yüksek olduğu görülmektedir (59,86 cm). CC genotipli hayvanların heterozigot hayvanlara göre daha düşük ortalamaya sahip olması diğer fenotipik verilerden elde edilen sonuçları desteklemektedir. CC genotipli hayvanlar genel ortalamadan 0,66 cm; GG genotipli hayvanlara göre ise 1,28 cm daha düşük iç göğüs derinliğine sahiptir. Bununla birlikte GG hayvanların ise 59,24 cm olarak belirlenen genel ortalamadan 0,61 cm daha yüksek ortalamaya sahip olduğu görülmektedir. Elde edilen

değerler bu çalışmada belirlenen diğer fenotipik verilerle uyum göstermektedir. C allelinin canlı ağırlık ve karkas ölçülerinde negatif etki yarattığı sonucuna varılmıştır. CAPN1-G316A polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

İç Göğüs Derinliğine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkisi istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). AA, AG ve GG genotiplerine ait iç göğüs derinliği ortalamaları sırasıyla 59,52 cm, 59,03 cm ve 59,20 cm olarak birbirine oldukça yakın değerler almıştır. CAPN1- V530I polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

İç Göğüs Derinliğine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin but çevresine etkisinin $p<0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. GC ve CC genotipi taşıyan hayvanların iç göğüs derinliği ortalamaları sırasıyla 58,96 cm ve 58,95 cm olarak belirlenmiş olup, birbirine oldukça yakın değerler almasına rağmen GG genotipinde bu ortalamanın 59,83 cm'ye yükseldiği görülmektedir. GG genotipli hayvanlar genel ortalamadan 0,58 cm; CC hayvanlara göre ise 0,88 cm daha fazla iç göğüs derinliğine sahiptir. Elde edilen bu sonuç CAST- S20T polimorfizminin canlı ağırlık ile ilişkisindeki verilerle uyum göstermektedir. Yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahip olan GG hayvanların aynı zamanda yüksek iç göğüs derinliği ortalamasına sahip olduğu belirlenmiştir. Ancak benzer sonuçların göğüs çevresi ortalamalarında bulunmaması G allelinin göğüs kafesi genişliğini artırabileceğini düşündürmektedir. CAST- S20T polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

İç Göğüs Derinliğine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerini taşıyan hayvanların iç göğüs derinliği ortalamalarının 59,13 cm, 59,26 cm ve 59,35 cm olarak birbirine oldukça yakın değerler aldığı ve aralarındaki farkın istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). LEP- A80V polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkilerinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

İç Göğüs Derinliğine GHR geni S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR geni S555G polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait iç göğüs derinliği ortalamaları sırasıyla 59,34 cm, 59,56 cm ve 58,85 cm olarak belirlenmiş ve gruplar arasında istatistiksel düzeyde önemli bir fark saptanmamıştır ($p>0,05$). GHR-S555G polimorfizminin iç göğüs derinliğine etkisinin incelendiği benzer bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde iç göğüs derinliği ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR genlerinin iç göğüs derinliğine etkilerinin araştırıldığı bilimsel çalışma bulunmamaktadır. Bu nedenle bu çalışma iç göğüs derinliği ile belirlenen aday gen interaksiyonları arasındaki ilişkinin moleküler düzeyde incelendiği ilk çalışmadır.

L* Değeri (Parlaklık)

L* Değerine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminde GG ve CG genotiplerinin L* ortalamaları 33,98 ve 33,69 olarak belirlenmiştir. CC hayvanlarda ise bu ortalama 35,15'tir. CC hayvanların diğer iki genotipe göre daha parlak et rengine sahip olduğu görülmektedir. L* değerinin CC genotipi taşıyan hayvanlarda genel ortalamadan 0,87; en düşük ortalamaya sahip olan heterozigot hayvanlardan ise 1,46 daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Ancak gruplar arasındaki bu fark istatistiksel düzeyde önemsizdir ($p>0,05$). Benzer şekilde Li ve arkadaşlarının (4) Angus, Charolais, Herford, Limousin ve Simmental

ırklarından oluşan populasyonda et kalitesi özelliklerinin belirlenen gen polimorfizmleriyle ilişkisinin saptanması amacıyla yaptıkları çalışmada G316A polimorfizminin 0. ve 6. günlerdeki L* değerine etkisinin benzer şekilde istatistiksel düzeyde önemsiz olduğu görülmektedir. Ancak bu polimorfizmin 6. gündeki renk varyasyonları ve H* (tan-1 b*/a*) değeri ile ilişkisinin anlamlı olduğu bildirilmektedir. Kaplanova ve arkadaşları (248) Fleckvieh, Charolais, Simmental, Galloway, Blonde d'Aquitaine melezlerinde L* değerleri ortalamalarının GC ve GG genotipli hayvanlarda sırasıyla 37,42 ve 37,29 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler aldığını ve aradaki farkın istatistiksel düzeyde önemli olmadığını belirlemişlerdir. Bu çalışmadan elde edilen bulgular bu iki araştırmayla benzerlik göstermektedir. Buna karşın Mazzucco ve arkadaşlarının (250) 247 baş Brangus sığırdı μ-calpain markırlarının et kalitesine etkisinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada ise genotiplere göre sınıflandırılmış L* ortalamaları arasındaki farkın p<0,05 düzeyinde anlamlı olduğu saptanmıştır. Aynı çalışmada CC, CG ve GG genotiplerini taşıyan hayvanların L* ortalamaları sırasıyla 39,37, 39,41 ve 38,49 olarak belirlenmiştir. Melucci ve arkadaşları da (231) Hereford sığırlarda CG ve GG hayvanların L* ortalamalarını sırasıyla 32,22 ve 30,51 olarak hesaplamış ve iki genotip arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu bildirmişlerdir. İncelenen çalışmalarda analizlerin birbirinden oldukça farklı sığır populasyonlarında gerçekleştirildiği görülmektedir. Bununla birlikte sığırların farklı yetiştirme metotlarına (saf yetiştirme/melezleme) tabi tutuldukları da unutulmamalıdır. Bu nedenle karşılaşılan farklı sonuçların bu yönleriyle de ele alınması gerekmektedir.

L* Değerine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin L* değerine etkisinin p<0,05 düzeyinde önemli olduğu belirlenmiştir. GG genotipe sahip hayvanların en yüksek L* değeri ortalamasına sahip olduğu görülmektedir (35,37). AA ve AG genotipli hayvanlarda ise bu ortalama sırasıyla 32,47 ve 34,99 olarak hesaplanmıştır. AA hayvanlar heterozigot hayvanlardan 2,52; GG hayvanlardan ise 2,9 daha düşük L* değeri ortalamasına sahiptir. AA hayvanlar aynı zamanda 34,27 olarak belirlenen genel ortalamadan 1,8 daha az parlaklığa sahiptir. Buna karşın Dunner ve arkadaşları (164) V530I polimorfizminin L* değerine etkisinin önemsiz olduğunu bildirmişlerdir. Ribeca ve arkadaşları (148) da Piemontese ırkı sığırlarda V530I polimorfizminin L* değerine anlamlı bir etkisinin

bulunmadığını bildirmektedir. Tekstür analizlerindeki etkileri belirlenmiş olan bu polimorfizm ile 24. saatteki L* değeri arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bulunan bir ilişki bildirilmemiştir (18). Ancak analizlerin gerçekleştirildiği sığır populasyonları genellikle etçi sığırlardan oluşmaktadır. Bu nedenle bu çalışmadan elde edilen farklı sonuçların ırk faktöründen ileri gelmiş olabileceği düşünülmektedir.

L* Değerine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin L* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmesine karşın $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,08$). GG ve CC genotipi taşıyan homozigot hayvanlarda L* ortalamaları sırasıyla 34,14 ve 34,87 olarak belirlenmiş; heterozigot hayvanlarda ise bu ortalamanın 33,82 olduğu görülmektedir. GC genotipli hayvanlar genel ortalamadan 0,45 daha düşük ortalamaya sahiptir. Juszczuk-Kubiak ve arkadaşları (22) Angus, Charolais, Limousin, Simmental, Hereford, Holstein ve Polish Red ırkı sığırlarda CC, GC ve GG genotipli hayvanların L* değeri ortalamalarını sırasıyla 38,90, 40,48 ve 38,80 olarak hesaplanmış ve oluşan farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını bildirmişlerdir. Ancak bu çalışmadan elde edilen sonuçların aksine heterozigot hayvanların daha yüksek L* değerine ve daha koyu renkli ete sahip olduğu belirlenmiştir. Meydana gelen bu farkların ırk faktörünün yanı sıra ette görülen pH değişimlerinden de ileri gelebileceği düşünülmektedir. Kesim sonrası optimum pH değerlerine ulaşamamanın ette tercih edilmeyen renk özelliklerine neden olduğu bilinmektedir (2,11). Bu nedenle renk özelliklerinde görülen farklılıkların pH düzeyini etkileyen faktörler açısından da değerlendirilmesi gerekmektedir.

L* Değerine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerini taşıyan hayvanların L* ortalamaları sırasıyla 34,15, 34,97 ve 33,70 olarak belirlenmiştir. Bu polimorfizmde TT hayvanların en düşük L* değerine sahip olduğu görülmektedir. Bu genotipi taşıyan hayvanlar genel ortalamadan 0,57 daha düşük L* ortalamasına sahiptir. Belirlenen bu farkların istatistiksel düzeyde anlamlı bulunmamasına karşın $p < 0,05$ değerine yaklaştığı belirlenmiştir ($p = 0,08$). Silva ve arkadaşları (27) da benzer sonuçlara

ulaşmış ve Nellore ırkında A80V polimorfizminin L* değerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olmadığını belirlemişlerdir.

L* Değerine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait L* ortalamaları 34,50, 34,30 ve 34,02 olarak belirlenmiş ve genotipik gruplar arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı görülmüştür ($p > 0,05$). Buna karşın Reardon ve arkadaşları (32) GHR geni S555G polimorfizminin *longissimus* ve *semimembranosus* kaslarında L* değerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde etkili olduğunu bildirmişlerdir. Aynı çalışmada kesim sonrası 2. günde belirlenen L* ortalamaları *M. longissimus*'da 27,44, 29,81 ve 26,09; *M. semimembranosus*'da ise 25,86, 29,17 ve 24,94 olarak bildirilmektedir. Bu çalışmada ise kesim sonrası 24. saatte L* ortalamaları arasındaki farkın önemsiz olduğu belirlenmiştir. Elde edilen bu farklı sonuçların değerlendirilmesinde, ırk faktörünün yanı sıra mezbaha koşulları, sevk ve idare özelliklerinden büyük ölçüde etkilenen ve ette tercih edilen renk oluşumunu sağlayan pH düzeyi değişimleri de göz önünde bulundurulmalıdır. Bununla birlikte farklı sığır popülasyonlarında GHR- S555G polimorfizminin et rengi ile ilişkisini konu alan çalışmalar yetersiz düzeydedir ve güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için geniş popülasyonlarda bu etkilerin araştırılması gerektiği sonucuna varılmıştır.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde L* değeri ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı farklar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR gen interaksiyonlarının etteki renk parametrelerine (L*, a* ve b* değerleri) etkilerinin incelendiği moleküler düzeyde çalışmaya rastlanmamıştır.

a* Değeri (Kırmızılık)

a* Değerine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin a* değerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde önemli olmadığı belirlenmiştir. CC, CG ve GG genotiplerine ait a* ortalamalarının sırasıyla 10,55, 11,10 ve 10,69 olduğu görülmektedir. En yüksek a* değerine heterozigot hayvanların sahip olduğu belirlenmesine rağmen genotipik gruplar

arasındaki fark istatistiksel düzeyde anlam ifade etmemektedir. Li ve arkadaşları (4) da Angus, Charolais, Herford, Limousin ve Simmental ırklarından oluşan populasyonda benzer şekilde G316A polimorfizmi ile a* değeri arasında kesim sonrası ve 6. günde yapılan ölçümler arasında anlamlı bir ilişki saptamamışlardır. Ancak aynı çalışmada bu polimorfizmin 6. gündeki renk varyasyonları ve H* ($\tan^{-1} b^*/a^*$) değerine etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olduğu bildirilmektedir. Kaplanova ve arkadaşlarının (248) Çek Cumhuriyeti'nde gerçekleştirdikleri çalışmada da CG ve GG genotipi taşıyan hayvanların a* değeri ortalamaları sırasıyla 11,66 ve 11,57 olarak belirlenmiş ve gruplar arasındaki farklılık önemsiz bulunmuştur. Mazzucco ve arkadaşları (250) da Brangus sığırlarda CAPN1-G316A polimorfizmi için CC, CG ve GG genotiplerine ait a* değeri ortalamalarının sırasıyla 20,93, 21,33 ve 21,22 olmak üzere birbirine yakın değerler aldığını ve görülen farkın istatistiksel düzeyde önemli olmadığını bildirmişlerdir. Buna karşın Melucci ve arkadaşları (231) ise Hereford sığırlarda CG ve GG genotipi taşıyan hayvanların a* değeri ortalamalarının sırasıyla 12,16 ve 10,79 olduğunu belirlemiş ve gruplar arasındaki bu farkın $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu sonucuna ulaşmışlardır. Araştırmalardan elde edilen sonuçlar arasındaki farklılıkların, yetiştirme metotları (saf yetiştirme/melezleme) ve/veya kesim koşullarındaki farklılıklardan ileri gelebileceği de göz önünde bulundurulmalıdır.

a* Değerine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin a* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde etkili olmadığı belirlenmiştir. AA, AG ve GG genotiplerinin a* ortalamalarının 10,78, 10,89 ve 10,67 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler aldığı görülmektedir. Benzer çalışmalardan (148, 164) elde edilen veriler bu sonucu desteklemektedir.

a* Değerine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin a* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. En düşük a* değerine CC genotipli hayvanların sahip olduğu görülmektedir (10,60). GG ve GC hayvanların a* ortalamaları sırasıyla 10,98 ve 10,76 olarak belirlenmesine karşın genotipik gruplara göre sınıflandırılmış olan ortalamalar

arasındaki farkın önemsiz olduğu saptanmıştır. Juszcuk-Kubiak ve arkadaşları (22) Angus, Charolais, Limousin, Simmental, Hereford, Holstein ve Polish Red ırkı sığırlarda CC, GC ve GG genotipli hayvanların a* değeri ortalamalarını sırasıyla 16,71, 16,52 ve 16,20 olarak belirlemişlerdir. S20T polimorfizminin a* değerine etkisinin benzer şekilde istatistiksel olarak önemsiz olduğu görülmektedir.

a* Değerine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin a* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmesine karşın $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,08$). CC ve TT genotipi taşıyan hayvanların a* ortalamaları sırasıyla 10,17 ve 10,85 olarak belirlenmiştir. Heterozigot hayvanlarda ise bu ortalamanın 11,32 olduğu görülmektedir. Bununla birlikte Silva ve arkadaşları (27) Nellore ırkında A80V polimorfizminin a* değerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde etkili olduğunu bildirmektedir. Bu çalışmadan elde edilen bulgular ise Holstein ırkında LEP- A80V polimorfizminin a* değerine etkisinin istatistiksel olarak önemsiz olmasına rağmen $p < 0,05$ düzeyine yaklaşması nedeniyle, etkinin daha geniş Holstein populasyonlarında incelenmesi gerektiğini işaret etmektedir.

a* Değerine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin a* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu belirlenmiştir ($p < 0,01$). GG ve AG genotipi taşıyan hayvanların a* ortalamaları sırasıyla 10,38 ve 10,49 olarak hesaplanmıştır. AA hayvanlarda ise bu ortalamanın 11,47'ye yükseldiği görülmektedir. AA hayvanlar genel ortalamadan 0,69; GG hayvanlara göre ise 1,09 daha yüksek a* değerlerine sahiptir. Buna karşın Reardon ve arkadaşları (32) ise melez sığırlarda *longissimus* ve *semimembranosus* kaslarında benzer bir polimorfizm etkisinin bulunmadığını bildirmektedir. Ancak elde edilen bu farklı sonuçların değerlendirilmesinde ırk ve yetiştirme faktörleri de göz önünde bulundurulmalıdır. Bununla birlikte GHR- S555G polimorfizminin et rengi ile ilişkisini konu alan çalışmalar yetersiz düzeydedir ve güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için geniş populasyonlarda bu etkilerin araştırılması gerekmektedir.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde a* değeri ortalamaları bakımından genotipik gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı bir ilişki elde saptanmamıştır. CAPN1, CAST, LEP ve GHR geninteraksiyonlarının etteki renk parametrelerine (L*,a* ve b* değerleri) etkilerinin incelendiği moleküler düzeyde çalışmaya rastlanmamıştır.

b* Değeri (Sarılık)

b* Değerine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin b* değerine etkisinin önemsiz olduğu belirlenmiştir ($p>0,05$). CC, CG ve GG genotiplerine ait b* ortalamalarının sırasıyla 9,15, 9,14 ve 9,29 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler gösterdiği ve meydana gelen farkların önemsiz olduğu görülmektedir. Kaplanová ve arkadaşlarının (248) yaptığı çalışma da bu sonucu desteklemektedir. Aynı çalışmada CG ve GG genotiplerine ait b* değeri ortalamaları sırasıyla 9,69 ve 9,61 olarak hesaplanmış ve istatistiksel düzeyde anlamlı bulunmamıştır. Li ve arkadaşları (4) ise G316A polimorfizmi ile b* değeri arasında kesim sonrası ve 6. günde yapılan ölçümler arasında anlamlı bir ilişki olmadığını ancak bu polimorfizmin 6. gündeki $\tan^{-1} b^*/a^*$ formülüyle hesaplanan H* değerine etkisinin $p<0,05$ düzeyinde anlamlı olduğunu bildirmiştir. Mazzucco ve arkadaşları (250) da Brangus sığırlarda CC, CG ve GG genotiplerine ait b* değeri ortalamalarını sırasıyla 11,86, 12,09 ve 11,93 olarak hesaplanmış; ancak belirlenen farkların $p<0,05$ düzeyinde önemsiz olduğunu saptamışlardır. Buna karşın Melucci ve arkadaşları (231) ise Hereford sığırlarda CG ve GG hayvanlarda b* değeri ortalamalarını sırasıyla 11,58 ve 10,51 olarak belirlemiş ve oluşan farkın istatistiksel düzeyde önemli ($p<0,05$) olduğunu bildirmişlerdir.

b* Değerine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin b* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde etkili olmadığı belirlenmiştir. AA, AG ve GG genotiplerinin b* ortalamalarının 9,18, 8,95 ve 9,45 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler aldığı görülmektedir. Dunner ve arkadaşları (164) da benzer şekilde V530I polimorfizmi ile b* arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişki saptamamışlardır. Buna karşın Ribeca ve arkadaşları

(148) ise Piemontese ırkı sığırlarda V530I polimorfizminde A alleli ile yüksek b* değerleri arasında $p<0,05$ düzeyinde anlamlı bir ilişki olduğunu bildirmişlerdir.

b* Değerine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin b* değerine etkisinin $p<0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. GG genotipi taşıyan hayvanların en düşük b* değeri ortalamasına sahip olduğu saptanmıştır (8,80). CC hayvanlarda ise bu ortalama 0,28 daha yüksek bir değer olan 9,08'dir. En küçük kareler varyans analizi sonucunda heterozigot hayvanların b* değeri ortalamasının 9,70'e yükseldiği görülmektedir. Bu genotipi taşıyan hayvanların genel ortalamadan 0,50; GG hayvanlardan ise 0,90 daha yüksek b* değerine sahip olduğu belirlenmiştir. Juszczuk-Kubiak ve arkadaşları (22) Angus, Charolais, Limousin, Simmental, Hereford, Holstein ve Polish Red ırkı sığırlarda benzer şekilde GC genotipli hayvanların en yüksek b* değerine sahip olduğunu ve genotipik gruplar arasındaki farkın $p<0,05$ düzeyinde önemli olduğunu belirlemiştir. Elde edilen sonuçlar bu çalışmaya ait bulgularla benzerlik göstermektedir.

b* Değerine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin b* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. CC, CT ve TT genotiplerine ait b* ortalamaları sırasıyla 8,86, 9,15 ve 9,58 olarak hesaplanmıştır. TT hayvanların genel ortalamadan 0,38 daha yüksek ortalamaya sahip olduğu ve en yüksek b* değerini taşıdığı belirlenmesine karşın genotipik gruplar arasındaki fark $p<0,05$ düzeyinde önemsiz olduğu saptanmıştır. Buna karşın Silva ve arkadaşlarının (27) Nellore ırkı sığırlarda gerçekleştirdiği çalışmada ise bu verilerin aksine A80V polimorfizminin b* değerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu bildirilmektedir.

b* Değerine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin b* değerine etkisi istatistiksel düzeyde anlamlı olmamakla birlikte en küçük kareler varyans analizi sonucunda $p < 0,05$ düzeyine yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,06$). AG ve GG genotipi taşıyan hayvanların b* değeri ortalamaları sırasıyla 9,42 ve 9,46 olarak hesaplanmıştır. AA hayvanlarda ise bu ortalamanın diğer iki genotipe göre oldukça düşük bir değer aldığı belirlenmiştir (8,71). Bu genotipe sahip hayvanlar genel ortalamadan 0,48; GG hayvanlara göre ise 0,75 daha düşük b* değerine sahiptir. Reardon ve arkadaşlarının (32) 130 baş *Bos taurus* melezinde yaptıkları çalışmada benzer şekilde *longissimus* ve *semimembranosus* kaslarında S555G polimorfizminin b* değerine etkisinin anlamlı bulunmadığı bildirilmektedir.

Gerçekleştirilen interaksiyon analizinde b* değeri ortalamaları bakımından gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar elde edilmemiştir. CAPN1, CAST, LEP ve GHR geninteraksiyonlarının etteki renk parametrelerine (L*,a* ve b* değerleri) etkilerinin incelendiği moleküler düzeyde çalışmaya rastlanmamıştır.

Tekstür Analizi

Tekstür Analizine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. CC ve CG genotipli hayvanlarda WBSF ortalamaları sırasıyla 2,30 ve 3,96 kg/cm² olarak hesaplanmıştır. GG hayvanlarda ise bu ortalamanın 5,46 kg/cm² olduğu görülmüştür. Bu genotipe sahip hayvanlar CC genotipe sahip hayvanlardan 3,16 kg/cm²; heterozigot hayvanlardan 1,5 kg/cm² daha yüksek ortalamaya sahiptir. G316A polimorfizminin FCS değerlerine etkisinin $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. CC ve CG genotipli hayvanlarda FCS ortalamaları sırasıyla 21,20 kgf/cm² ve 38,33 kgf/cm² olarak hesaplanmıştır. GG hayvanlarda ise bu ortalamanın 54,48 kgf/cm²'ye yükseldiği görülmektedir. GG hayvanlar CC hayvanlara göre 33,28 kgf/cm² daha yüksek FCS değerlerine sahiptir. Elde edilen veriler GG hayvanların diğer iki genotipe göre daha sert ete sahip olduğunu göstermektedir. Corva ve arkadaşlarının (18) CAPN1- G316A polimorfizminin et gevrekliğine etkilerini Angus, Limousin ve Hereford ırkı melezlerinden oluşan populasyonda incelediği çalışmada bu verileri

destekleyen sonuçlara ulaşılmıştır. CC, CG ve GG genotiplerine ait WBSF (kg) ortalamaları sırasıyla 7,86, 8,73 ve 9,21 olarak hesaplanmış ve G316A polimorfizminin etkisi $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Aynı çalışmada da benzer şekilde en yüksek WBSF değerlerine sahip genotip olarak GG görülmektedir. CC hayvanlar ise en düşük değerleri taşımaktadır. Miquel ve arkadaşları (19) da Brangus ve Angus sığır ırklarında CAPN1- G316A polimorfizminin gevrekliğe etkisinin anlamlı olduğunu belirlemiş ve benzer şekilde en yüksek WBSF değerlerine sahip genotipik grubu GG olarak saptamışlardır. Aynı çalışmada CC, CG ve GG genotiplerine ait WBSF ortalamaları sırasıyla 4,41 kg, 5,58 kg ve 6,29 kg olarak hesaplanmıştır. Curi ve arkadaşları (152) Nellore ve Angus melezlerinde aynı şekilde G316A polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu belirlemişlerdir. WBSF ortalamasının heterozigot hayvanlarda 3,03 kg; GG hayvanlarda ise 3,39 kg olduğu görülmektedir. Bu polimorfizmin WBSF değerlerine istatistiksel düzeyde anlamlı etkileri ve et gevrekliği için önemli bir markır olduğu Page ve arkadaşlarının (14, 140) gerçekleştirdikleri araştırmalarda da bildirilmektedir. Tait ve arkadaşları (146), et gevrekliğinde CAPN1 geni G316A polimorfizmi ve CAST geni rs109221039 polimorfizminin interaksiyon analizinde anlamlı sonuçlar bulunamamasına rağmen bu genlerin bireysel etkilerinin et gevrekliğinde belirleyici olduğunu ve seleksiyon programlarında kullanılabileceğini bildirmektedir. Gill ve arkadaşları (6) ise Aberdeen Angus melezlerinde CAPN1- G316A polimorfizminin gevrekliğe istatistiksel düzeyde önemli etkisinin bulunduğunu Tendrometer (MIRINZ-AgResearch, Hamilton, New Zealand) ile yapılan ölçümler ve panel yöntemi kullanarak doğrulamışlardır. Aynı çalışmada CC, CG ve GG genotiplerini taşıyan hayvanların gevreklik ortalamaları (kilopascal= kPa) sırasıyla 22,25 kPa, 24,24 kPa ve 25,18 kPa olarak ölçülmüş ve en yüksek değere benzer şekilde GG genotipinin sahip olduğu belirlenmiştir. Smith ve arkadaşları (246) Brahman sığırlarda CAPN1- G316A polimorfizminin olgunlaşmaya bırakılan etlerde 14. gündeki WBSF değerlerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğunu bildirmektedir. CG ve GG genotiplerine ait 14. gündeki bu değerler sırasıyla 3,50 kg ve 3,87 kg olarak belirlenmiştir. Aynı çalışmada 7. gündeki değerler arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olmamasına rağmen $p < 0,05$ değerine yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,06$). Ancak CC genotipi taşıyan hayvan bulunmadığı için analizlerde yer almamaktadır. G316A polimorfizminin 14 gün olgunlaşmaya bırakılan etlerde panel yöntemi ile belirlenen gevrekliğe etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu Casas ve arkadaşları (3) tarafından da bildirilmektedir. Mazzucco ve arkadaşlarının (250) Brangus sığırlarda μ -calpain markırlarının et kalitesine

etkisinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları çalışmada ise genotiplere göre sınıflandırılmış WBSF ortalamaları 1., 7. ve 14. günde incelenmiş ve analizlerde G316A polimorfizm etkisinin gevrekliğe $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu saptanmıştır. Etkinin belirlenebilmesi için gen interaksiyonlarının modele eklendiği analiz (Analiz I) ve bireysel polimorfizm etkilerinin incelendiği analiz (Analiz II) olmak üzere iki farklı analiz gerçekleştirilmiştir. Analiz I’de GG genotipi taşıyan hayvanların CC hayvanlara göre % 5,37 daha yüksek WBSF değerlerine sahip olduğu belirlenmiş ancak heterozigot hayvanlara göre anlamlı bir fark bulunmadığı görülmüştür. Analiz II’de ise GG hayvanların CC hayvanlara göre % 8,65; heterozigot hayvanlara göre ise % 5,72 daha yüksek değerlere sahip olduğu belirlenmiştir. Bununla birlikte farklı populasyonlarda yapılan bazı çalışmalarda ise CAPN1- G316A polimorfizmi ile WBSF değerleri arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişki gözlenmemiştir. Kaplanova ve arkadaşları (248) Fleckvieh, Charolais, Simmental, Galloway, Blonde d’Aquitaine melezlerinde CAPN1- G316A polimorfizmi için CG ve GG genotipleri arasında WBSF ortalamaları bakımından anlamlı bir fark bulunmadığını bildirmişlerdir. Benzer şekilde Melucci ve arkadaşları (231) da Hereford sığırlarda CAPN1- G316A polimorfizmi için CG ve GG hayvanların WBSF ortalamalarının sırasıyla 5,24 kg ve 5,17 kg olmak üzere birbirine yakın değerler aldığını ve istatistiksel düzeyde önemsiz olduğunu belirlemişlerdir. İncelenilen çalışmaların birçoğunda CAPN1- G316A polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu ve bu polimorfizmin et gevrekliği için potansiyeli yüksek bir markır olarak seleksiyon programlarında kullanılabileceği sonucuna varılmaktadır. Bu çalışmadan elde edilen veriler de bu sonucu doğrulamaktadır. C allelinin tekstür analizlerinde daha düşük WBSF ve FCS değerlerine neden olması dolayısıyla daha yumuşak et oluşumu ile karakterize olduğu belirlenmiştir. CAPN1- G316A polimorfizmindeki bu durum beklenen bir etki olup; bu polimorfizm değerlendirilen bu özelliğinden dolayı ticari markır panellerinde de yerini almaktadır. Bununla birlikte bu çalışmada C allelinin, beklenen et tekstürü etkilerinin yanı sıra; temelde tercih edilmeyen bir durum olan düşük canlı ağırlık ve karkas ağırlıkları ile de istatistiksel olarak anlamlı bir ilişkisinin bulunduğu saptanmıştır. Amerika ve Kanada gibi et sektöründe yeterli düzeye ulaşmış ve pazar dinamikleri açısından eksikliklerin daha az gözlemlendiği ülkelerde CAPN1- G316A polimorfizmi seleksiyon programlarında et gevrekliğine etkileri bakımından ele alınmakta ve canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına etkileri takdir edileceği üzere göz ardı edilmektedir. Türkiye’deki et sektörünün güncel durumu irdelendiğinde ise yüksek miktarda et üretiminin et kalitesinin önüne geçtiği

görülmektedir. Bu nedenle CAPN1- G316A polimorfizminin gelecek dönemde gerçekleşecek et verimi ve kalitesi konusundaki moleküler çalışmalarda ve planlanan seleksiyon programlarında, bu polimorfizmin mevcut özellikleriyle de değerlendirilmesinin faydalı olabileceği düşünülmektedir.

Tekstür Analizine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin $p < 0,001$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. AA ve AG genotiplerini taşıyan hayvanların WBSF ortalamalarının sırasıyla $2,16 \text{ kg/cm}^2$ ve $3,36 \text{ kg/cm}^2$ olduğu görülmektedir. GG hayvanlarda ise bu ortalama $6,20 \text{ kg/cm}^2$ 'ye yükselmiştir. GG hayvanların AA hayvanlara göre $4,04 \text{ kg/cm}^2$; heterozigot hayvanlara göre ise $2,84 \text{ kg/cm}^2$ daha yüksek WBSF ortalamasına sahip olduğu belirlenmiştir. GG genotipi taşıyan hayvanların aynı şekilde FCS ortalamalarının da diğer iki genotipe göre oldukça yüksek olduğu görülmektedir. AA ve AG hayvanlarda bu ortalama sırasıyla $20,57 \text{ kgf/cm}^2$ ve $32,59 \text{ kgf/cm}^2$ olarak belirlenmiş; GG hayvanlarda ise $60,81 \text{ kgf/cm}^2$ 'ye yükselmiştir. Bu çalışmadan elde edilen verileri destekler şekilde, Corva ve arkadaşları (18) da CAPN1- V530I polimorfizminin Angus, Limousin ve Hereford ırkı melezlerinden oluşan populasyonda AG ve GG genotipi taşıyan hayvanların WBSF ortalamalarını sırasıyla $7,98 \text{ kg}$ ve $8,90 \text{ kg}$ olarak hesaplamış ve iki genotip arasındaki farkın istatistiksel düzeyde anlamlı olduğunu belirlemişlerdir. Bununla birlikte Page ve arkadaşları (14) ise V530I polimorfizminin 3. gündeki WBSF değerlerine etkisinin önemsiz olduğunu bildirmekte birlikte 14. gündeki değerlere etkisini ise $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı bulmuşlardır. Buna karşın Allais ve arkadaşları (84) ise Charolais, Limousin ve Blonde d'Aquitaine ırklarında V530I polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin önemsiz olduğunu bildirmektedir. Benzer şekilde Ribeca ve arkadaşları (148) da Piemontese ırkı sığırlarda da bu polimorfizmin WBSF değerlerine istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığını belirlemişlerdir. Casas ve arkadaşlarının (3) Brahman ırkı sığırlarda gerçekleştirdikleri çalışmada ise A alleleine rastlanmamış ve GG genotipinin sabit olduğu belirlenmemiş; bu nedenle analizlere dahil edilmemiştir. Etkinin saptanmamasında bu durumun da etkisinin olabileceği düşünülmektedir. CAPN1- V530I polimorfizmi birçok çalışmada (14,18) et gevrekliğinde önemli bir markır olarak değerlendirilmektedir. Ancak bu polimorfizmin etkilerinin incelendiği çalışmaların G316A polimorfizmi kadar yoğun olmadığı görülmüştür. Bu

çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin et tekstürüne olan etkisi $p<0.001$ düzeyinde anlamlı bulunmuştur. Ancak incelenen çalışmalarda analizleri gerçekleştirilen populasyonların hayli farklı sığır ırklarından oluştuğu görülmüştür. Elde edilen sonuçlardaki farklılıkların bir kısmının da bu yüzden kaynaklanabileceği düşünülmektedir. Bu nedenle CAPN1 geni V530I polimorfizminin et tekstürü analizlerine etkisinin farklı sığır populasyonlarında gerçekleştirilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Tekstür Analizine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin $p<0,05$ düzeyinde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. GG, GC ve CC genotipi taşıyan hayvanların WBSF ortalamalarının sırasıyla $3,53 \text{ kg/cm}^2$, $4,19 \text{ kg/cm}^2$ ve $4,00 \text{ kg/cm}^2$ olarak hesaplanmıştır. Ancak gruplar arasındaki fark istatistiksel düzeyde önemsizdir. FCS ortalamaları bakımından da benzer şekilde gruplar arasında anlamlı bir fark gözlenmemiştir. Juszczuk-Kubiak ve arkadaşlarının (22) yaptığı çalışmada da benzer sonuçlar elde edilmiştir. CC, GC ve GG genotiplerine ait $79,34 \text{ N/cm}^2$, $63,65 \text{ N/cm}^2$ ve $58,48 \text{ N/cm}^2$ olarak hesaplanmış ve tekstür analiz sonuçları bakımından gruplar arasında istatistiksel düzeyde anlamlı fark bulunmamıştır.

Tekstür Analizine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminin WBSF değerlerine etkisi $p<0,05$ düzeyinde önemsizdir. TT hayvanlarda bu değer diğer iki genotipe göre daha yüksek olduğu görülmüştür. CC genotipi taşıyan hayvanlar TT hayvanlara göre 1,01; heterozigot hayvanlara göre ise 0,62 daha düşük WBSF ortalamasına sahiptir. Ancak gruplar arasındaki oluşan bu farkların istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. FCS ortalamaları bakımından da benzer şekilde gruplar arasında anlamlı bir fark gözlenmemiştir. Silva ve arkadaşları (27) da benzer şekilde Nellore ırkında LEP- A80V polimorfizmi için genotipik gruplar arasında tekstür analizi sonuçları bakımından önemli bir fark belirlememişlerdir. Ekzon 2'de yer alan Ex2FB ve E2JW polimorfizmlerinin intramuscular yağ kompozisyonuna etki ederek tekstür analizlerinde istatistiksel düzeyde anlamlı farklılıklar meydana getirdiği ve gevreklik için önemli markırlar oldukları

bildirilmekle beraber benzer etkiler ekzon 3'te yer alan A80V polimorfizmi için belirlenmemiştir (114).

Tekstür Analizine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olmadığı ancak genotipik gruplar arasında oluşan farkların $p < 0,05$ düzeyine yaklaştığı belirlenmiştir (0,07). AA ve AG hayvanlarda WBSF ortalamalarının sırasıyla $3,85 \text{ kg/cm}^2$ ve $3,32 \text{ kg/cm}^2$ olmak üzere birbirine yakın değerler aldığı ancak GG hayvanlarda bu ortalamanın $4,55 \text{ kg/cm}^2$ 'ye yükseldiği görülmüştür. Genotiplere göre sınıflandırılmış FCS ortalamaları incelendiğinde ise GG genotipe sahip hayvanların diğer iki genotipe göre belirgin şekilde yüksek ortalamaya sahip olduğu görülmüştür. AA ve AG hayvanlarda bu ortalamaların sırasıyla 37,15 ve 31,32 olduğu belirlenmiştir. GG hayvanlarda bu değer 45,50 yükseldiği saptanmıştır. Genotipik gruplar arasındaki farkın istatistiksel önem düzeyine oldukça yaklaştığı görülmektedir ($p = 0,052$). Benzer şekilde Di Stasio ve arkadaşları (28) Piemontese ırkı sığırlarda et verimi ve kalitesine ait özelliklerden yalnızca DL ortalamaları bakımından anlamlı sonuçların elde edildiğini ve S555G polimorfizminin WBSF'ye etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığını bildirmişlerdir. Reardon ve arkadaşları (32) da *longissimus* ve *semimembranosus* kaslarında S555G polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin bulunmadığını belirlemişlerdir. Bu çalışmadan elde edilen veriler ise, S555G polimorfizminin WBSF değerlerine etkisinin istatistiksel düzeyde önemli olmadığı sonucunu desteklemekle birlikte $p < 0,05$ düzeyine yaklaştığı ve geniş populasyonlarda incelenmesi gerektiğini işaret etmektedir.

Pişirme Kaybı

Pişirme Kaybına CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminin pişirme kaybına etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olmadığı belirlenmiştir. GG hayvanlarda pişirme kaybı ortalamasının %22,63 olduğu ve en yüksek değere ulaştığı görülmüştür. CC hayvanlarda bu ortalama

GG hayvanlara %2,76 daha düşüktür. Benzer şekilde Dunner ve arkadaşlarının (164) 15 farklı Avrupa sığır ırkında karkas ve et kalitesine etkili genlerin belirlenmesi amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada G316A polimorfizminin pişirme kaybına benzer bir etkisi saptanmamıştır. Kaplanova ve arkadaşları (248) da Fleckvieh, Charolais, Simmental, Galloway, Blonde d'Aquitaine melezlerinde CG ve GG genotiplerini taşıyan hayvanlarda pişirme kaybı ortalamalarının sırasıyla %31,65 ve %31,42 olmak üzere birbirine oldukça yakın değerler aldığını ve oluşan farkın $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olmadığını belirlemişlerdir. Buna karşın Cafe ve arkadaşları (251) Brahman sığırlarda C allelinin %0,7 daha yüksek pişirme kaybına (7. gün/*semitendinosus* kası) neden olduğunu ve oluşan etkinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğunu bildirmişlerdir. Ancak çalışmada pişirme yönteminin benzer olmasına karşın (70°C 'de 60 dk) analizin Brahman ırkında gerçekleştirildiği görülmektedir. Pişirme kaybının değerlendirilmesinde pişirme yönteminin etkisi malum olmakla birlikte aynı yöntem uygulanan etlerde dahi yaş ve kasların fibriler yapısından dolayı ırklarda farklılıkların meydana geleceği bilinmektedir (70, 71). Elde edilen sonuçların bu yönüyle de değerlendirilmesi gerekmektedir.

Pişirme Kaybına CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminin pişirme kaybına etkisinin $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı olduğu belirlenmiştir. AG ve GG genotiplerine ait pişirme kaybı ortalamalarının sırasıyla %23,77 ve %24,63 olmak üzere birbirine yakın değerler aldığı ancak AA hayvanlarda bu ortalamanın %14,82 olduğu görülmektedir. AA genotipi taşıyan hayvanların pişirme kaybı ortalamasının GG hayvanlardan %9,81; heterozigot hayvanlardan ise % 8,95 daha düşük olduğu belirlenmiştir. Buna karşın Ribeca ve arkadaşları (148) Piemontese ırkı sığırlarda benzer bir etkinin olmadığını bildirmişlerdir. Pişirme kaybının etlerin elde edildiği sığırların ırk özelliklerinden dolayı myofibriler yapı kaynaklı unsurlardan etkilenebileceği bildirilmektedir (70-71). Bu nedenle bu çalışmada kullanılan Holstein ırkı sığırlardan elde edilen sonuçların Piemontese ırkından farklı olması mümkündür. Bununla birlikte V530I polimorfizminin pişirme kaybına etkisinin araştırıldığı çalışmalar yetersiz düzeydedir ve güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için farklı sığır populasyonlarında polimorfizm etkilerinin incelenmesi gerekmektedir.

Piřirme Kaybına CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada CAST- S20T polimorfizminin piřirme kaybına etkisinin istatistiksel dzeyde nemsiz olduęu belirlenmiřtir ($p < 0,05$). GG, GC ve CC genotiplerine ait piřirme kaybı ortalamaları sırasıyla %18,19, %22,36 ve %22,66 olarak hesaplanmıřtır. Bununla birlikte Juscuk-Kubiak ve arkadaşları (22) GC hayvanların dięer iki genotipe gre daha yksek piřirme kaybına sahip olduęu ve gruplar arasındaki farkın $p < 0,05$ dzeyinde anlamlı olduęunu bildirmektedir. Ancak arařtırmanın gerekleřtirildięi populasyon 138 bař sığır 7 farklı ırktan oluřmaktadır. Bu alıřmada ise 400 bař Holstein ırkı sığır lar kullanılmıřtır. Dolayısıyla ırk faktrleri ve kesim ile mezbaha kořulları gibi evresel etmenlerden olduka etkilenen et kalitesi parametrelerinin (13) deęerlendirilmesinde bu durum gz nnde bulundurulmalıdır.

Piřirme Kaybına LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerine ait piřirme kaybı ortalamaları %19,86, %20,69 ve %22,67 olarak hesaplanmış ve genotipler arasındaki farkın $p < 0,05$ dzeyinde anlamlı olmadığı belirlenmiřtir. A80V polimorfizminin piřirme kaybına etkisinin arařtırıldığı alıřmaya rastlanmamıřtır.

Piřirme Kaybına GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu alıřmada GHR- S555G polimorfizminin piřirme kaybına etkisinin $p < 0,01$ dzeyinde anlamlı olduęu belirlenmiřtir. AA ve AG genotipine sahip hayvanlarda piřirme kaybı ortalamaları sırasıyla %19,93 ve %18,78 olarak hesaplanmıřtır. GG hayvanlarda ise bu ortalama %24,50'ye ykselmiřtir. GG hayvanlar AA hayvanlara gre %4,57; heterozigot hayvanlara gre ise %5,72 daha yksek piřirme kaybına sahiptir. Buna karřın Di Stasio ve arkadaşları (28) ise S555G polimorfizminin DL deęerlerine istatistiksel dzeyde anlamlı etkisinin bulunmasına raęmen benzer sonuların piřirme kaybında elde edilmedięini bildirmektedir. Reardon ve arkadaşları (32) da benzer řekilde S555G polimorfizminin piřirme kaybına etkisinin istatistiksel dzeyde anlamlı olmadığını bildirmiřlerdir. Ancak bu iki alıřmada (28, 32) da analizlerin gerekleřtirildięi gruplarda Holstein ırkına yer verilmemiřtir. Bu alıřmada elde edilen farklı sonucun

değerlendirilmesinde ırk faktörünün de göz önünde bulundurulması gerektiği sonucuna varılmıştır.

Su Tutma Kapasitesi

En küçük kareler varyans analizi sonucunda su tutma kapasitesi ile incelenen genlere ait polimorfizmler arasında herhangi bir istatistiksel düzeyde anlamlı sonuç gözlenmemiştir.

Su Tutma Kapasitesine CAPN1- G316A Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- G316A polimorfizminde CC, CG ve GG genotiplerine ait su tutma kapasitesi ortalamalarının sırasıyla %10,43, %11,68 ve %12,60 olduğu ve genotipik gruplar arasında gözlenen farkların $p < 0,05$ düzeyinde önemli olmadığı belirlenmiştir. Farklı sığır ırklarında gerçekleştirilen benzer çalışmalarda da G316A polimorfizmi ile su tutma kapasitesi arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişki bildirilmemiştir(4, 248).

Su Tutma Kapasitesine CAPN1- V530I Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAPN1- V530I polimorfizminde AA, AG ve GG genotiplerine ait su tutma kapasitesi ortalamalarının sırasıyla %9,37, %12,63 ve %12,70 olarak hesaplanmıştır. En düşük su tutma kapasitesi ortalamasına AA genotipine sahip hayvanların olduğu gözlenmektedir. Ancak AG ve GG hayvanlar birbirine oldukça yakın ortalamalara sahip olup istatistiksel olarak bir önem teşkil etmemektedir. Ribeca ve arkadaşları (148) da benzer şekilde V530I polimorfizmi ile su tutma kapasitesi arasında $p < 0,05$ düzeyinde anlamlı bir ilişki bulunmadığını bildirmektedir.

Su Tutma Kapasitesine CAST- S20T Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada CAST- S20T polimorfizmi ile su tutma kapasitesi arasında istatistiksel düzeyde anlamlı bir ilişki belirlenmemiştir ($p>0,05$). Heterozigot genotipe sahip hayvanlarda su tutma kapasitesi ortalamasının diğer iki genotipe göre daha yüksek olduğu görülmektedir. Juscuk-Kubiak ve arkadaşlarının (22) Angus, Charolais, Limousin, Simmental, Hereford, Holstein ve Polish Red ırkı sığırlarda yaptıkları çalışmadan elde edilen veriler de bu sonucu desteklemektedir. Aynı çalışmada CC, GC ve GG genotipe sahip hayvanların su tutma kapasitesi ortalamalarının (cm^2/g) 30,13, 30,18 ve 27,65 olduğu ve bu çalışmadan elde edilen bulgulara benzer şekilde genotipik gruplar arasındaki farkın $p<0,05$ düzeyinde önemli olmadığı bildirilmiştir.

Su Tutma Kapasitesine LEP- A80V Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada LEP- A80V polimorfizminde CC, CT ve TT genotiplerine ait su tutma kapasitesi ortalamalarının %11,40, %11,30 ve %12,00 olmak üzere birbirine yakın değerler aldığı ve istatistiksel önem düzeyine uzak olduğu belirlenmiştir ($p=0,83$). A80V polimorfizminin su tutma kapasitesine etkisinin incelendiği çalışmaya rastlanmamıştır.

Su Tutma Kapasitesine GHR- S555G Polimorfizminin Etkisi

Bu çalışmada GHR- S555G polimorfizminde AA ve AG hayvanlarda su tutma kapasitesi ortalaması sırasıyla %11,36 ve %10,78 olarak hesaplanmıştır. GG hayvanlarda ise bu ortalamanın %12,56'ya yükseldiği ve bu genotipi taşıyan hayvanların heterozigot hayvanlardan %1,78 daha yüksek su tutma kapasitesine sahip olduğu belirlenmiştir. Ancak en küçük kareler varyans analizi sonucunda genotipik gruplar arasındaki farkın $p<0,05$ düzeyinde önemsiz olduğu tespit edilmiştir. Farklı sığır ırklarında gerçekleştirilen benzer çalışmalardan (5, 32) elde edilen veriler de bu sonucu desteklemektedir.

Sonuç

CAPN1 geni G316A polimorfizminin et kalitesi özelliklerinde önemli bir markır olduğu bildirilmektedir. Bu polimorfizm etkisini özellikle gevreklik değerlerinde göstermekte ve bu özelliği nedeniyle et kalitesi ile ilgili ticari markır panellerinde yer almaktadır. Yapılan çalışmalarda genellikle CC genotipinin düşük canlı ağırlık ortalamalarına sahip olmakla birlikte hedeflenen gevreklik değerlerine ulaştığı belirlenmiştir. Ancak G316A polimorfizminde C allel frekansının oldukça düşük olduğu ve hatta CC genotipinin hiç bulunmadığı tespit edilmiş ve bu nedenle birçok çalışmada bu genotipin istatistiksel analizlerden çıkarıldığı görülmüştür. Ayrıca bu polimorfizmin Holstein ırkında et verimi ve özelliklerine etkisini belirlemek için yapılan bilimsel çalışmaların son derece yetersiz olduğu dikkati çekmektedir. Bu çalışmada CAPN1 geni G316A polimorfizmi yönünden C allelinin Holstein ırkında tekstür analizleri sonuçlarına beklenen etkileri doğrulanmakla birlikte, canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarına istatistiksel açıdan önemli ölçüde olumsuz etkileri olduğu belirlenmiştir. Holstein ırkında C allel frekansı beklenen şekilde düşük olmasına rağmen (0,28) gerçekleştirilen benzer çalışmalardan oldukça yüksek olduğu dikkati çekmektedir. GG genotipi, CC genotipine göre +55,7 daha yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahiptir. Canlı ağırlık ortalamalarındaki bu fark GG genotipi taşıyan bireylerin daha yüksek karkas ölçülerine sahip olmasıyla desteklenmektedir. G316A polimorfizminin göğüs çevresi dışındaki diğer tüm karkas ölçülerinde anlamlı etkileri bulunmaktadır. GG hayvanların diğer genotipleri taşıyanlara göre karkas ve but uzunluğu, but çevresi, iç göğüs derinliği, MLD alanı ve kabuk yağı kalınlığı bakımından daha yüksek değerlere sahip olduğu belirlenmiştir. Elde edilen veriler G316A polimorfizminde G allelinin daha iri vücut yapısı ve dolayısıyla daha yüksek canlı ağırlık ve karkas ağırlıklarıyla ilişkilendirilebileceğini işaret etmektedir. Bununla birlikte C alleli ise arzu edilen gevreklik değerlerinin elde edilmesinde önem taşımaktadır. Ancak Türkiye gibi kırmızı et üretiminde açıkların görüldüğü ülkelerde daha yüksek düzeyde et elde edilmesinin et kalitesinin dolayısıyla gevreklik parametrelerinin önüne geçtiği unutulmamalıdır. Bununla birlikte daha güvenilir sonuçların elde edilebilmesi için bu çalışmada elde edilen sonuçların daha geniş Holstein popülasyonlarında test edilmesi ve doğrulanması gerekmektedir.

CAPN1 geni V530I polimorfizminin et kalite özellikleri bakımından önemli bir markır olduğu ve gevrekliğe etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu bildirilmektedir.

Ayrıca V530I polimorfizmi de G316A gibi et kalitesinde belirleyici ticari markır panellerinde yer almaktadır. Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar da bu bilgileri desteklemektedir. Bununla birlikte V530I polimorfizminin 24. saatteki pH ve L* değerleri ile pişirme kaybına etkisi bulunduğu belirlenmiştir. GG genotipinin diğer iki genotipe göre daha parlak et rengine ve daha yüksek pişirme kaybına sahip olduğu görülmektedir. AA genotipi ise en yüksek pH ortalaması göstermektedir. İncelenen diğer fenotipik özellikler bakımından bu polimorfizmin istatistiksel düzeyde anlamlı etkisi saptanmamıştır.

CAST geni S20T polimorfizminin canlı ağırlığa etkisinin istatistiksel düzeyde anlamlı olduğu ve GG genotipi taşıyan hayvanların heterozigot hayvanlara göre +18,2 kg daha yüksek canlı ağırlık ortalamasına sahip olduğu belirlenmiştir. Ancak bu polimorfizmin karkas ağırlıkları ve karkas randımanına benzer etkisinin olmadığı görülmektedir. S20T polimorfizminin iç göğüs derinliğine $p < 0,05$ düzeyinde etkisi canlı ağırlık/karkas ağırlığı dengesine ait verilerin değerlendirilmesinde iç organ, deri ve baş ağırlıklarının göz önünde bulundurulması gerektiğini işaret etmektedir. Ayrıca bu polimorfizmin 24. saatteki b* değerlerine de etkili olduğu belirlenmiştir. Et renginin değerlendirilmesinde önemli bir parametre olan b* değeri için heterozigot hayvanların en yüksek ortalamaya sahip olduğu saptanmıştır. CAST, gevreklik bakımından belirleyici bir gen olarak bildirilmesine rağmen bu çalışmada S20T polimorfizmi için benzer bir etkiye rastlanmamıştır.

LEP geni A80V polimorfizminin incelenen 20 fenotipik veriden herhangi birisi ile istatistiksel düzeyde anlamlı ilişkisi gözlenmemiştir. Ancak enerji metabolizması ve gıda tüketiminin regülasyonunda önemli bir işlevi olduğu bilinen LEP genine ait polimorfizmlerin et verimi ve kalitesine etkilerinin farklı sığır populasyonlarında incelenmesi gerekmektedir.

GHR geni S555G polimorfizminin 24. saatteki pH değerlerine $p < 0,01$ düzeyinde anlamlı etkisinin bulunduğu belirlenmiştir. pH düzeyindeki değişimler et kalitesinin değerlendirilmesinde ve istenilen parametrelerin elde edilmesinde belirleyici bir role sahiptir. Bu nedenle genotipik gruplar arasındaki pH ortalamalarına ait farklılıklar kritik önem taşımaktadır. S555G polimorfizminde GG genotipi taşıyan hayvanların diğer iki genotipe göre oldukça yüksek pH değerlerine sahip olduğu görülmektedir. Aynı sevkiyat, kesim ve depolama koşullarına sahip ortamda elde edilen bu sonuç pH değişimlerinin moleküler düzeyde genetik yapıdan etkilendiğinin en önemli kanıtıdır. Ayrıca GG genotipli hayvanlar daha düşük a* değerlerine ve yüksek pişirme kaybı ortalamasına

sahiptir. Bu sonuçların nedeninin yüksek pH değerleri olabileceği sonucuna varılmıştır. pH değerinin 5,5 düzeyine düşmesi gevrekliği arttırırken, tekrar yükselmesinin gevrekliğin azalmasına neden olduğu bilinmektedir. Ancak S555G polimorfizminin WBSF değerlerine istatistiksel düzeyde anlamlı etkisi gözlenmemiştir.

Bu çalışmada belirlenen polimorfizmlerin bireysel etkilerinin yanı sıra ikili interaksiyonlar her bir fenotipik veri için ayrıca istatistiksel modelde etken ekleme-eme yöntemi ile değerlendirilmiştir. En küçük kareler varyans analizinde CAST- S20T x LEP- A80V interaksiyonunun karkas randımanına; CAPN1- V530I x GHR- S555G ve LEP- A80V x S555G interaksiyonlarının pH değerlerine; CAPN1- G316A x CAPN1- V530I ve CAPN1- V530I x CAST- S20T interaksiyonlarının ise but çevresine etkilerinin önemli olduğu belirlenmiştir ($p<0,01$). CAPN1, CAST, LEP ve GHR genleri ve interaksiyonlarının et verimi ve kalitesine etkilerinin karkas ölçüleri ile birlikte araştırıldığı bilimsel çalışma bulunmamaktadır. Özetle, bu çalışma Holstein ırkında et verimi ve karkas özellikleri bakımından, fenotipik veriler ile belirlenen aday gen interaksiyonları arasındaki ilişkinin moleküler düzeyde incelendiği ilk çalışmadır.

Holstein ırkı erkek sığırlarda CAPN1- G316A, CAPN1- V530I, CAST- S20T, LEP- A80V ve GHR- S555G polimorfizmlerinin frekansları ve bu polimorfizmlerin bireysel ve ikili interaksiyonlarının canlı ağırlık, karkas özellikleri ve et kalitesine etkilerinin ortaya konulması amacıyla gerçekleştirilen bu çalışmada özgün sonuçlara ulaşılmış ve seleksiyon programlarında değerlendirilmesi mümkün önemli bilgiler elde edilmiştir. Günümüzde moleküler çalışmalar et sektöründe giderek yoğunluğunu artırmaktadır. Türkiye bu çalışmaların oldukça gerisinde kalmakla birlikte nüfus artışına bağlı olarak gün geçtikçe artan kırmızı et açığını milli kaynaklar yoluyla kapatmak yerine ithalat seçeneğini tercih etmektedir. Hayvan sayısındaki artışa rağmen et sektöründeki organizasyon ve uygulamalardaki eksiklikler, et arzının talebi karşılayamaması ve dolayısıyla et fiyatlarının artmasına yol açmıştır. Moleküler düzeyde yapılan çalışmalar, genetik yapının, et verimi ve kalitesi konusunda çok önemli olduğunu ortaya koymuştur. Bu sayede et verimi ve kalitesi gibi genellikle kesim sonrası saptanabilen özelliklerin önceden belirlenmesine ve mevcut potansiyelin ortaya konulmasına da imkan sağlamıştır. Bu nedenle Türkiye’de et materyali olarak değerlendirildiğinde çok önemli bir potansiyele sahip olan Holstein ırkında elde edilen bu sonuçlar sektörde stratejik önem taşımaktadır. Ayrıca bu çalışma, karkas ve but uzunluğu, but ve göğüs çevresi ve iç göğüs derinliği gibi karkas ölçülerinin

geniř Holstein populasyonunda belirlendiđi ve moleküler düzeyde deđerlendirildiđi ilk alıřma olmuřtur. Moleküler düzeyde saptanan bu önemli polimorfizm/interaksiyon etkilerinin ve pozitif korelasyonların daha geniř populasyonlarda deđerlendirilmesi elde edilen sonuçların seleksiyon programlarına dahil edilmesine olanak sađlayacak ve erken dönemde sığırların seilebilmesine dolayısıyla yüksek düzeyde ve kaliteli et üretimine katkıda bulunacaktır.

EKLER

EK-1: Varyans Analizi Tabloları

Ek Tablo-1. Canlı ağırlığa ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	110	54,8	0,02	0,979
Kesim yaşı	7	65242	9320,2	3,56	0,001
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	69881	34940,7	13,33	0,001
CAPN1- V530I	2	1366	683,2	0,26	0,771
CAST- S20T	2	17280	8640,2	3,30	0,038
LEP- A80V	2	587	293,4	0,11	0,894
GHR- S555G	2	11506	5752,8	2,19	0,113
Hata	380	996094	2621,3		
Genel	399	1291713			

Ek Tablo-2. Sıcak karkasa ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	973	486,4	0,58	0,561
Kesim yaşı	7	28089	4012,8	4,78	0,000
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	25816	12908,0	15,37	0,001
CAPN1- V530I	2	240	120,2	0,14	0,867
CAST- S20T	2	4074	2036,9	2,43	0,090
LEP- A80V	2	272	135,9	0,16	0,851
GHR- S555G	2	2839	1419,7	1,69	0,186
Hata	380	319158	839,9		
Genel	399	456364			

Ek Tablo-3. Soğuk karkasa ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	612	305,8	0,37	0,689
Kesim yaşı	7	27583	3940,5	4,80	0,000
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	25286	12643,0	15,39	0,001
CAPN1- V530I	2	238	119,1	0,14	0,865
CAST- S20T	2	4072	2036,0	2,48	0,085
LEP- A80V	2	279	139,5	0,17	0,844
GHR- S555G	2	2784	1391,8	1,69	0,185
Hata	380	312193	821,6		
Genel	399	439682			

Ek Tablo-4. Karkas randımanına ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	47,84	23,9225	5,84	0,003
Kesim yaşı	7	69,48	9,9251	2,42	0,019
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	34,27	17,1325	4,18	0,016
CAPN1- V530I	2	2,64	1,3183	0,32	0,725
CAST- S20T	2	50,83	25,4125	6,21	0,002
LEP- A80V	2	3,88	1,9406	0,47	0,623
GHR- S555G	2	1,30	0,6507	0,16	0,853
İnteraksiyon					
CAST- S20T x LEP- A80V	4	57,34	14,3338	3,50	0,008
Hata	376	1539,70	4,0950		
Genel	399	2101,67			

Ek Tablo-5. Kabuk yağı kalınlığına ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	26,115	13,0576	14,50	0,000
Kesim yaşı	7	18,531	2,6473	2,94	0,005
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	11,827	5,9136	6,57	0,021
CAPN1- V530I	2	0,313	0,1566	0,17	0,840
CAST- S20T	2	0,799	0,3995	0,44	0,642
LEP- A80V	2	0,366	0,1828	0,20	0,816
GHR- S555G	2	0,966	0,4831	0,54	0,585
Hata	380	342,272	0,9007		
Genel	399	439,897			

Ek Tablo-6. MLD alanına ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	738,5	369,26	2,29	0,103
Kesim yaşı	7	1317,9	188,28	1,17	0,322
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	2933,5	1466,73	9,08	0,006
CAPN1- V530I	2	347,3	173,66	1,07	0,342
CAST- S20T	2	141,2	70,62	0,44	0,646
LEP- A80V	2	88,9	44,43	0,27	0,760
GHR- S555G	2	295,7	147,86	0,92	0,401
Hata	364	58821,0	161,60		
Genel	383	64459,9			

Ek Tablo-7. Mermerleşme derecesine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	3,838	1,9192	2,69	0,069
Kesim yaşı	7	3,586	0,5123	0,72	0,657
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	0,814	0,4072	0,57	0,566
CAPN1- V530I	2	0,428	0,2140	0,30	0,741
CAST- S20T	2	0,402	0,2010	0,28	0,755
LEP- A80V	2	1,776	0,8881	1,24	0,289
GHR- S555G	2	0,792	0,3960	0,56	0,575
Hata	349	248,975	0,7134		
Genel	368	262,488			

Ek Tablo-8. pH değerlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	0,3272	0,163616	5,60	0,004
Kesim yaşı	7	0,7896	0,112800	3,86	0,000
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	0,0072	0,003603	0,12	0,884
CAPN1- V530I	2	0,5219	0,260945	8,93	0,000
CAST- S20T	2	0,0143	0,007128	0,24	0,784
LEP- A80V	2	0,1457	0,072830	2,49	0,084
GHR- S555G	2	0,9642	0,482077	16,49	0,000
İnteraksiyon					
CAPN1- V530I x GHR- S555G	4	0,7648	0,191198	6,54	0,004
LEP- A80V x GHR- S555G	4	0,4334	0,108343	3,71	0,006
Hata	372	10,8748	0,029233		
Genel	399	14,8654			

Ek Tablo-9. Karkas uzunluđuna ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynađı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Deđeri	p Deđeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	102,49	51,246	6,63	0,001
Kesim yaşı	7	189,67	27,096	3,51	0,001
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	131,39	65,693	8,50	0,004
CAPN1- V530I	2	5,98	2,990	0,39	0,679
CAST- S20T	2	2,03	1,013	0,13	0,877
LEP- A80V	2	10,95	5,477	0,71	0,493
GHR- S555G	2	6,79	3,396	0,44	0,645
Hata	348	2688,17	7,725		
Genel	367	3136,30			

Ek Tablo-10. But uzunluđuna ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynađı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Deđeri	p Deđeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	38,27	19,1326	7,25	0,001
Kesim yaşı	7	35,84	5,1201	1,94	0,063
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	20,48	10,2405	3,88	0,022
CAPN1- V530I	2	1,58	0,7880	0,30	0,742
CAST- S20T	2	3,03	1,5156	0,57	0,564
LEP- A80V	2	12,61	6,3036	2,39	0,093
GHR- S555G	2	7,25	3,6246	1,37	0,255
Hata	348	918,71	2,64		
Genel	367	1077,87			

Ek Tablo-11. But çevresine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	197,35	98,6762	26,32	0,000
Kesim yaşı	7	50,70	7,2431	1,93	0,064
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	60,13	30,0632	8,02	0,005
CAPN1- V530I	2	20,59	10,2948	2,75	0,066
CAST- S20T	2	57,95	28,9731	7,73	0,007
LEP- A80V	2	13,11	6,5545	1,75	0,176
GHR- S555G	2	0,95	0,4749	0,13	0,881
İnteraksiyon					
CAPN1- G316Ax CAPN1- V530I	4	59,23	14,8066	3,95	0,004
CAPN1- V530Ix CAST- S20T	4	55,67	13,9174	3,71	0,006
Hata	337	1263,43	3,7491		
Genel	364	1926,98			

Ek Tablo-12. Göğüs çevresine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	81,26	40,6301	4,84	0,008
Kesim yaşı	7	114,81	16,4008	1,95	0,061
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	30,64	15,3182	1,82	0,163
CAPN1- V530I	2	4,14	2,0724	0,25	0,781
CAST- S20T	2	18,50	9,2481	1,10	0,333
LEP- A80V	2	1,55	0,7761	0,09	0,912
GHR- S555G	2	12,30	6,1517	0,73	0,481
Hata	348	2921,34	8,3947		
Genel	367	3411,99			

Ek Tablo-13. İç göğüs derinliğine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	81,26	40,6301	4,84	0,008
Kesim yaşı	7	114,81	16,4008	1,95	0,061
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	41,78	20,8878	4,31	0,014
CAPN1- V530I	2	3,29	1,6469	0,34	0,712
CAST- S20T	2	38,06	19,0322	3,93	0,021
LEP- A80V	2	1,94	0,9705	0,20	0,818
GHR- S555G	2	14,57	7,2855	1,50	0,224
Hata	348	1685,26	4,8427		
Genel	367	1991,47			

Ek Tablo-14. L* değerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	127,58	63,789	3,94	0,020
Kesim yaşı	7	116,45	16,635	1,03	0,410
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	46,25	23,125	1,43	0,241
CAPN1- V530I	2	98,01	49,007	3,03	0,049
CAST- S20T	2	81,00	40,501	2,50	0,083
LEP- A80V	2	80,05	40,024	2,47	0,086
GHR- S555G	2	9,22	4,608	0,28	0,752
Hata	380	6145,67	16,173		
Genel	399	6872,34			

Ek Tablo-15. a* değerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	112,99	56,494	6,70	0,001
Kesim yaşı	7	83,68	11,955	1,42	0,197
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	16,77	8,384	0,99	0,371
CAPN1- V530I	2	3,66	1,831	0,22	0,805
CAST- S20T	2	6,26	3,128	0,37	0,690
LEP- A80V	2	41,88	20,941	2,48	0,085
GHR- S555G	2	86,90	43,451	5,15	0,006
Hata	380	3203,83	8,431		
Genel	399	3900,13			

Ek Tablo-16. b* değerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Mevsim	2	66,84	33,421	4,16	0,016
Kesim yaşı	7	243,7	34,818	4,33	0,000
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	2,22	1,110	0,14	0,871
CAPN1- V530I	2	19,36	9,678	1,20	0,301
CAST- S20T	2	51,85	25,925	3,23	0,041
LEP- A80V	2	24,25	12,127	1,51	0,222
GHR- S555G	2	43,88	21,941	2,73	0,066
Hata	380	3053,40	8,035		
Genel	399	3531,55			

Ek Tablo-17. WBSF* değerlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Canlı ağırlık	1	12,759	12,7595	9,66	0,004
Mevsim	2	1,380	0,6898	0,52	0,598
Kesim yaşı	5	11,354	2,2709	1,72	0,160
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	17,591	8,7954	6,66	0,004
CAPN1- V530I	2	50,421	25,2106	19,09	0,000
CAST- S20T	2	1,391	0,6956	0,53	0,596
LEP- A80V	2	5,056	2,5282	1,91	0,165
GHR- S555G	2	7,345	3,6726	2,78	0,078
Hata	31	40,948	1,3209		
Genel	49	256,859			

*WBSF: Warner Bratzler Kesme Kuvveti (Warner Bratzler Shear Force)

Ek Tablo-18. FCS* değerlerine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Canlı ağırlık	1	1390,7	1390,67	9,15	0,005
Mevsim	2	40,4	20,21	0,13	0,876
Kesim yaşı	5	1237,2	247,44	1,63	0,182
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	2014,5	1007,26	6,62	0,004
CAPN1- V530I	2	4989,3	2494,63	16,41	0,000
CAST- S20T	2	261,3	130,64	0,86	0,433
LEP- A80V	2	641,4	320,68	2,11	0,138
GHR- S555G	2	991,8	495,91	3,26	0,052
Hata	31	4713,4	152,04		
Genel	49	27279,1			

*FCS: İlk Basınç Direnci (First Compressive Stress)

Ek Tablo-19. Pişirme kaybına ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Canlı ağırlık	1	18,00	17,9982	1,26	0,271
Mevsim	2	1,59	0,7936	0,06	0,946
Kesim yaşı	5	153,03	30,6064	2,14	0,087
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	25,99	12,9941	0,91	0,414
CAPN1- V530I	2	107,17	53,5836	3,74	0,035
CAST- S20T	2	66,49	33,2454	2,32	0,115
LEP- A80V	2	33,78	16,8876	1,18	0,321
GHR- S555G	2	192,94	96,4719	6,74	0,004
Hata	31	443,95	14,3209		
Genel	49	1551,89			

Ek Tablo-20. Su tutma kapasitesine ilişkin en küçük kareler varyans analizi

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi	Düzeltilmiş Kareler Toplamı	Düzeltilmiş Kareler Ortalaması	F Değeri	p Değeri
Çevre Faktörleri					
Canlı ağırlık	1	10,816	10,8159	2,21	0,147
Mevsim	2	10,817	5,4085	1,10	0,344
Kesim yaşı	5	30,730	6,1460	1,25	0,308
Genetik Faktörler					
CAPN1- G316A	2	6,883	3,4415	0,70	0,503
CAPN1- V530I	2	13,911	6,9556	1,42	0,257
CAST- S20T	2	6,080	3,0400	0,62	0,544
LEP- A80V	2	1,826	0,9131	0,19	0,831
GHR- S555G	2	16,524	8,2622	1,69	0,202
Hata	31	151,854	4,8985		
Genel	49	298,551			

EK-2: Simgeler ve Kısaltmalar Dizini

SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi (Single nucleotide polymorphism)
CAPN1	: Calpain1
CAST	: Calpastatin
LEP	: Leptin
GH	: Büyüme hormonu (Growth hormone)
GHR	: Büyüme hormonu reseptörü (Growth hormone receptor)
GHRH	: Büyüme hormonu salgılatıcı hormon (Growth hormone releasing hormone)
POMC	: Proopiomelanokortin (Proopiomelanocortine)
MC4R	: Melanokortin-4 reseptörü (Melanocortin-4 receptor)
PC1	: Prokonvertaz 1 (Proconvertase 1)
IGF-I	: İnsülin benzeri büyüme faktörü (Insulin-like growth factor I)
DGAT1	: Diaçilgliserol O-açıltransferaz 1 (Diacylglycerol O-acyltransferase 1)
SCD1	: Stearoil CoA desaturaz 1 (Stearoyl-CoA desaturase 1)
UTR	: Translasyonu yapılmayan bölge (Untranslated region)
RACE	: Rapid amplification of cDNA end
ATP	: Adenozin trifosfat
SDS	: Sodyum Dodesil Sülfat
TE	: Tris EDTA
MgCl ₂	: Magnezyum Klorür
dNTP	: Deoksi Nükleotit Trifosfat
F primer	: Forward primer
R primer	: Reverse primer
dH ₂ O	: Distile su
CO ₂	: Karbondioksit
NaCl	: Sodyum Klorür
EtBr	: Etidyum Bromür
A	: Adenin
G	: Guanin
C	: Sitozin
T	: Timin
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase chain reaction)

DNA	: Deoksiribonükleik asit
RFLP	: Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi (Restriction fragment length polymorphism)
Bç	: Baz çifti
cM	: SantiMorgan
ml	: Mililitre
µl	: Mikrolitre
ng	: Nanogram
g	: Gram
pmol	: Pikomol
mM	: Mikromolar
kg	: Kilogram
kPa	: Kilopascal
cm	: Santimetre
sn	: Saniye
dk	: Dakika
MLD	: Musculus longissimus dorsi
IMF	: Kaslar arası yağ dağılımı (Intramuscular fat)
WHC	: Su tutma kapasitesi (Water holding capacity)
NPN	: Non protein nitrojen
WBSF	: Warner Bratzler kesme kuvveti (Warner Bratzler shear force)
FCS	: İlk basınç direnci (First compressive stres)
DL	: Sızıntı su kaybı (Drip loss)
DFD	: Koyu renkli, sert, kuru (Dark, firm, dry)
PSE	: Soluk renkli, yumuşak, sulu (Pale, soft, exudative)
HWE	: Hardy-Weinberg dengesi (Hardy-Weinberg equilibrium)
QTL	: Kantitatif özellik lokusları (Quantitative trait loci)
MAS	: Markır yardımcı seleksiyon (Marker Assisted Selection)
GLM	: Genel lineer model (General lineer model)
USDA	: Amerika Tarım Departmanı (United States Department of Agriculture)
BTA	: Bos taurus

KAYNAKLAR

1. SWITONSKI M. Molecular genetics in beef cattle breeding—a review. *Animal Science Papers and Reports*, 20 (1): 7-18, 2002.
2. ARSLAN A. Et muayenesi ve et ürünleri teknolojisi, 2. Baskı, Medipres Matbaacılık Limited Şirketi, Malatya, sayfa 39-53, 2002.
3. CASAS E, WHITE SN, RILEY DG, SMITH TP, BRENNEMAN RA, OLSON TA, JOHNSON DD, COLEMAN SW, BENNETT GL, CHASE CC. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science*, 83 (1): 13-19, 2005.
4. LI X, EKERLJUNG M, LUNDSTROM K, LUNDEN A. Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden. *Meat Science*, 94 (2):153-158, 2013.
5. TAIT RG, SHACKELFORD SD, WHEELER TL, KING DA, CASAS E, THALLMAN RM, SMITH TP, BENNEETT GL. mu-Calpain, calpastatin, and growth hormone receptor genetic effects on preweaning performance, carcass quality traits, and residual variance of tenderness in Angus cattle selected to increase minor haplotype and allele frequencies. *Journal of Animal Science*, 92 (2): 456-466, 2014.
6. GILL JL, BISHOP SC, MCCORQUODALE C, WILLIAMS JL, WIENER P. Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle. *Genetics Selection Evolution*, 41: 36-47, 2009.
7. ANAR Ş. Et ve et ürünleri teknolojisi, 2. baskı, Dora Yayıncılık, Bursa, sayfa 29, 2012.
8. VELARDE A, GISPERT M, DIESTRE A, MANTECA X. Effect of electrical stunning on meat and carcass quality in lambs. *Meat Science*, 63 (1): 35-38, 2003.
9. BRUCE H, BALL R. Postmortem interactions of muscle temperature, pH and extension on beef quality. *Journal of Animal Science*, 68 (12): 4167-4175, 1990.
10. HWANG I, DEVINE C, HOPKINS D. The biochemical and physical effects of electrical stimulation on beef and sheep meat tenderness. *Meat Science*, 65 (2): 677-691, 2003.
11. DEVINE C, GRAAFHUIS A, MUIR P, CHRYSTALL B. The effect of growth rate and ultimate pH on meat quality of lambs. *Meat Science*, 35 (1): 63-77, 1993.
12. PIPEK P, HABERL A, JELENIKOVA J. Influence of slaughterhouse handling on the quality of beef carcasses. *Czech Journal of Animal Science*, 48 (9): 371-378, 2003.
13. WARNER R, GREENWOOD P, PETHICK D, FERGUSON D. Genetic and environmental effects on meat quality. *Meat Science*, 86 (1): 171-183, 2010.
14. PAGE BT, CASAS E, HEATON MP, CULLEN NG, HYNDMAN DL, MORRIS CA. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. *Journal of Animal Science*, 80 (12): 3077-3085, 2002.
15. KOOHMARAIE M. Biochemical factors regulating the toughening and tenderization processes of meat. *Meat Science*, 43: 193-201, 1996.
16. SMITH TP, CASAS E, REXROAD CE 3rd, KAPPES SM, KEELE JW. Bovine CAPN1 maps to a region of BTA29 containing a quantitative trait locus for meat tenderness. *Journal of Animal Science*. 78 (10): 2589-2594, 2000
17. BONILLA C, RUBIO M, SIFUENTES A, PARRA-BRACAMONTE G, ARELLANO V, MÉNDEZ M, BERRUECOS JM, ORTIZ R. Association of CAPN1 316,

- CAPN1 4751 and TG5 markers with bovine meat quality traits in Mexico. *Genetics and Molecular Research*, 9 (4): 2395-2405, 2010.
18. CORVA P, SORIA L, SCHOR A, VILLARREAL E, CENCI MP, MOTTER M, MEZZADRA C, MELUCCI L, MIQUEL C, PAVAN E, DEPETRIS G, SANTINI F, NAON JG. Association of CAPN1 and CAST gene polymorphisms with meat tenderness in *Bos taurus* beef cattle from Argentina. *Genetics and Molecular Biology*, 30 (4): 1064-1069, 2007.
 19. MIQUEL MC, VILLARREAL E, MEZZADRA C, MELUCCI L, SORIA L, CORVA P, SCHOR A. The association of CAPN1 316 marker genotypes with growth and meat quality traits of steers finished on pasture. *Genetics and Molecular Biology*, 32 (3): 491-496, 2009.
 20. SMITH TP, CASAS E. Single nucleotide polymorphism markers in the bovine CAPN1 gene to identify meat tenderness. Patent application No: US 10/739.904, The United States of America as represented by the Secretary of Agriculture, Publication No: US7238479 B2, 2007.
 21. BARENDSE WJ. Using presence of calpastatin (CAST) alleles to evaluate softness and quality of beef; animal husbandry. Patent application No: US 10/467.665, The United States of America as represented by the Secretary of Agriculture, Publication No: US7625698 B2, 2009.
 22. JUSZCZUK-KUBIAK E, ROSOCHACKI SJ, WICIŃSKA K, SZREDER TS, SAKOWSKI T. A novel RFLP/AluI polymorphism of the bovine calpastatin (CAST) gene and its association with selected traits of beef. *Animal Science Papers and Reports*, 22 (2): 195-204, 2004.
 23. BYUN SO, ZHOU H, FORREST RHJ, FRAMPTON CM, HICKFORD JGH. Association of the ovine calpastatin gene with birth weight and growth rate to weaning. *Animal Genetics*, 39 (5): 572-573, 2008.
 24. FRIEDMAN JM, HALAAS JL. Leptin and the regulation of body weight in mammals. *Nature*, 395: 763-770, 1998.
 25. HOUSEKNECHT KL, BAILE CA, MATTERI RL, SPURLOCK ME. The biology of leptin: a review. *Journal of Animal Science*. 76 (5): 1405-1420, 1998.
 26. CLEMPSON AM, POLLOTT GE, BRICKELL JS, BOURNE NE, MUNCE N, WATHES DC. Evidence that leptin genotype is associated with fertility, growth, and milk production in Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 94 (7): 3618-3628, 2011.
 27. SILVA D, CRISPIM B, SILVA L, OLIVEIRA J, SIQUEIRA F, SENO L. Genetic variations in the leptin gene associated with growth and carcass traits in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 13 (2): 3002-3012, 2014.
 28. DI STASIO L, DESTEFANIS G, BRUGIAPAGLIA A, ALBERA A, ROLANDO A. Polymorphism of the GHR gene in cattle and relationships with meat production and quality. *Animal Genetics*, 36 (2): 138-140, 2005.
 29. BLOTT S, KIM J-J, MOISIO S, SCHMIDT-KÜNTZEL A, CORNET A, BERZI P, CAMBISANO N, FORD C, GRISART B, JOHNSON D, KARIM L, SIMON P, SNELL R, SPELMAN R, WONG J, VILKKI J, GEORGES M, FARNIR F, COPPIETERS W. Molecular dissection of a quantitative trait locus: a phenylalanine-to-tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition. *Genetics*, 163(1): 253-266, 2003.
 30. BAEZA MC, CORVA PM, SORIA LA, RINCON G, MEDRANO JF, PAVAN E, VILLARREAL EL, SCHOR A, MELUCCI L, MEZZADRA C, MIQUEL MC. Genetic markers of body composition and carcass quality in grazing Brangus steers. *Genetics and molecular research*, 10 (4): 3146-3156, 2011.

31. OLEŃSKI K, SUCHOCKI T, KAMIŃSKI S. Inconsistency of associations between growth hormone receptor gene polymorphism and milk performance traits in Polish Holstein-Friesian cows and bulls. *Animal Science Papers and Reports*, 28 (3): 229-234, 2010.
32. REARDON W, MULLEN A, SWEENEY T, HAMILL R. Association of polymorphisms in candidate genes with colour, water-holding capacity, and composition traits in bovine *M. longissimus* and *M. semimembranosus*. *Meat Science*, 86 (2): 270-275, 2010.
33. TÜBİTAK. Vizyon 2023 Teknoloji Öngörü Projesi. Ulusal Bilim ve Teknoloji Politikaları 2003-2023 Strateji Belgesi, 2003.
34. AGGREY S, YAO J, SABOUR M, LIN C, ZADWORNÝ D, HAYES J, KUHNLEIN U. Markers within the regulatory region of the growth hormone receptor gene and their association with milk-related traits in Holsteins. *Journal of Heredity*, 90 (1): 148-151, 1999.
35. CHESSA S, NICOLAZZI EL, NICOLOSO L, NEGRINI R, MARINO R, VICARIO D, MARSAN PA, VALENTINI A, STEFANON B. Analysis of candidate SNPs affecting milk and functional traits in the dual-purpose Italian Simmental cattle. *Livestock Science*, 173: 1-8, 2015.
36. KULIG H, KMIEĆ M, WOJDAK-MAKSYMIEC K. Associations between leptin gene polymorphisms and somatic cell count in milk of Jersey cows. *Acta Veterinaria Brno*, 79 (2): 237-242, 2010.
37. PARMENTIER I, PORTETELLE D, GENGLER N, PRANDI A, BERTOZZI C, VLEURICK L, GILSON R, RENAUVILLE R. Candidate gene markers associated with somatotrophic axis and milk selection. *Domestic Animal Endocrinology*, 17 (2-3): 139-148, 1999.
38. AKBULUT Ö, YANAR M, TÜZEMEN N, BAYRAM B. Türkiye’de et üretiminin artırılması için kültür ırkı sığırlardan yararlanma imkanları. IV. Ulusal Zootečni Bilim Kongresi, Isparta, sayfa 16-21, 2004.
39. TÜİK (Türkiye İstatistik Kurumu). 2014.
40. FAO (Food and Agriculture Organization of The United Nations). 2015.
41. TBTVBS (Tarım Bakanlığı Türk Vet Bilgi Sistemi). 2015.
42. HUUSKONEN AK, PESONEN M, KÄMÄRÄINEN H, KAUPPINEN R. A comparison of purebred Holstein-Friesian and Holstein-Friesian× beef breed bulls for beef production and carcass traits. *Agricultural and Food Science*, 22 (2): 262-271, 2013.
43. ALPAN O, AKSOY AR. Sığır yetiştiriciliği ve besiciliği, 5. Baskı, Zafer Ofset Matbaacılık Sanayi Ticaret Limited Şirketi, Erzurum, 2009.
44. GÜRSES M, BAYRAKTAR M. Türkiye’de farklı bölgelerde yetiştirilen Holştayn sığırlarda bazı süt ve döl verimi özellikleri. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 18 (2): 273-280, 2012.
45. ÖZÇELİK M, ARPACIK R. Siyah Alaca sığırlarda laktasyon sayısının süt ve döl verimine etkisi. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science*, 24: 39-44, 2000.
46. AKBULUT Ö, TÜZEMEN N. 8-12 aylık yaşlarda besiye alınan Esmer, Siyah Alaca ve Sarı Alaca tosunların besi performansı, kesim ve karkas özellikleri. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 25 (2): 134-144, 1994.
47. AKBULUT Ö, TÜZEMEN N, AYDIN R. Esmer ve siyah alaca tosunların açık ahırlarda besi performansı ve karkas özellikleri 1: besi performansı. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Science*, 19: 409-416, 1995.
48. AKCAN A, ALPAN O. Holştayn ve Holştayn X GAK melezlerinde bazı verim özellikleri. II: besi kabiliyeti ve karkas özellikleri. *Doğa Veteriner ve Hayvancılık Dergisi*, 8 (3): 228-243, 1984.

49. KOÇ A, AKMAN N. Farklı ağırlıkta besiye alınan ithal edilmiş siyah-alaca tosunların besi gücü ve karkas özellikleri. *Hayvansal Üretim*, 44 (1): 26-36, 2003.
50. NARUKAMI T, SASAZAKI S, OYAMA K, NOGI T, TANIGUCHI M, MANNEN H. Effect of DNA polymorphisms related to fatty acid composition in adipose tissue of Holstein cattle. *Animal Science Journal*, 82 (3): 406-411, 2011.
51. DORAN AG, BERRY DP, CREEVEY CJ. Whole genome association study identifies regions of the bovine genome and biological pathways involved in carcass trait performance in Holstein-Friesian cattle. *BMC genomics*, 15 :837, 2014.
52. ÖNENÇ A, KAYA A. The effects of electrical stunning and percussive captive bolt stunning on meat quality of cattle processed by Turkish slaughter procedures. *Meat Science*, 66 (4): 809-815, 2004.
53. GREGORY N, SHAW F. Penetrating captive bolt stunning and exsanguination of cattle in abattoirs. *Journal of Applied Animal Welfare Science*, 3 (3): 215-230, 2000.
54. HENCKEL P, ANDERSSON M, HOLST S. Influence of stunning method on pH-decrease and meat quality. *Proceedings 44th International Congress of Meat Science And Technology*, Barcelona, page 1068-1069, 1998.
55. RAJ A. Recent developments in stunning and slaughter of poultry. *World's Poultry Science Journal*, 62 (3): 467-484, 2006.
56. TEMELLİ S. Karkaslarda Elektriksel Stimülasyon Uygulamaları. *Uludağ Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 28 (2): 1-9, 2009.
57. HWANG I, THOMPSON J. The effect of time and type of electrical stimulation on the calpain system and meat tenderness in beef longissimus dorsi muscle. *Meat Science*, 58 (2): 135-144, 2001.
58. Türk Gıda Kodeksi, Taze Et, Hazırlanmış Et ve Hazırlanmış Et Karışımları Tebliği. *Resmi Gazete*, 23960, 2000.
59. FEINER G. *Meat products handbook: practical science and technology*, 1st edition, Woodhead Publishing, Australia, page 24-63, 2006.
60. ABERLE ED, FORREST JC, GERRARD DE, MILSS EW. *Principles of meat science*, 5th edition, Kendall/Hunt Publishing Company, Dubuque Iowa, page 14-23, 2012.
61. HUI YH, NIP WK, ROGERS RW, YOUNG OA. *Meat science and applications*, CRC Press, New York, page 6-12, 2001.
62. YILDIRIM Y. *Et endüstrisi*, 1. baskı, Kozan Ofset Matbaacılık Sanayi ve Ticaret Limited Şirketi, Ankara, sayfa 239-245, 1996.
63. TEKİNŞEN OC, DOĞRUER Y, GÜNER A. *Et ve ürünleri hijyen ve üretim teknolojisi*, 1. baskı, Selçuk Üniversitesi Basım Evi, Konya, sayfa 69-75, 2000.
64. PEARSON A, DUTSON TR. *Quality attributes and their measurement in meat, poultry and fish products*, 1th edition, Blackie Academic & Professional, London, page 1-33, 1994.
65. ÖZDOĞAN M, ÖNENÇ A, ÖNENÇ S, KÖKNAROĞLU H. Sığır eti kalitesi üzerine beslemenin etkisi. IV. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi Bildiri Kitabı, Isparta, sayfa 517-523, 2004.
66. SHIN SC, HEO JP, CHUNG ER. Genetic variants of the FABP4 gene are associated with marbling scores and meat quality grades in Hanwoo (Korean cattle). *Molecular Biology Reports*, 39 (5): 5323-5330, 2012.
67. ŠIMEK J, VORLOVÁ L, MALOTA L, STEINHAUSEROVÁ I, STEINHAUSER L. Post-mortal changes of pH value and lactic acid content in the muscle of pigs and bulls. *Czech Journal of Animal Science*, 48 (3): 295-299, 2003.
68. HUFF-LONERGAN E, LONERGAN SM. Mechanisms of water-holding capacity of meat: The role of postmortem biochemical and structural changes. *Meat Science*, 71 (1): 194-204, 2005.

69. NEATH K, DEL BARRIO A, LAPITAN R, HERRERA J, CRUZ L, FUJIHARA T, MUROYA S, CHIKUNI K, HIRABAYASHI M, KANAI Y. Difference in tenderness and pH decline between water buffalo meat and beef during postmortem aging. *Meat Science*, 75 (3): 499-505, 2007.
70. MOLONEY A, MOONEY M, KERRY J, TROY D. Producing tender and flavoursome beef with enhanced nutritional characteristics. *Proceedings of the Nutrition Society*, 60 (2): 221-229, 2001.
71. MARINO R, ALBENZIO M, DELLA MALVA A, CAROPRESE M, SANTILLO A, SEVI A. Changes in meat quality traits and sarcoplasmic proteins during aging in three different cattle breeds. *Meat Science*, 98 (2): 178-186, 2014.
72. WHEELER T, CUNDIFF L, SHACKELFORD S, KOOHMARAIE M. Characterization of biological types of cattle (cycle VII): carcass, yield, and longissimus palatability traits. *Journal of Animal Science*, 83 (1): 196-207, 2005.
73. MCNALLY P. *Meat Science: an introductory text*. *International Journal of Food Science & Technology*, 36 (4): 449-452, 2001.
74. FAUCITANO L, HUFF P, TEUSCHER F, GARIEPY C, WEGNER J. Application of computer image analysis to measure pork marbling characteristics. *Meat Science*, 69 (3): 537-543, 2005.
75. STRONG J. Differences in carcass grading schemes used in the USA, Japan and Australia. *Animal Production Science*, 44 (7): 675-680, 2004.
76. HOCQUETTE JF, LEHNERT S, BARENDSE W, CASSAR-MALEK I, PICARD B. Recent advances in cattle functional genomics and their application to beef quality. *Animal*, 1: 159-173, 2007.
77. WEGLARZ A. Meat quality defined based on pH and colour depending on cattle category and slaughter season. *Czech Journal of Animal Science*, 55: 548-556, 2010.
78. ÖNENÇ A, KAYA A. Sığır karkaslarında etlenme ve yağlanma durumunun koyu renkli karkas oluşumuna etkisinin saptanması üzerine bir araştırma. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 40 (3): 73-80, 2003.
79. NUNES J, PIQUEREZ M, PUJADAS L, ARMSTRONG E, FERNANDEZ A, LECUMBERRY F. Beef quality parameters estimation using ultrasound and color images. *BMC Bioinformatics*, 16 (4): 6-18, 2015.
80. MANCINI RA, RAMANATHAN R. Effects of postmortem storage time on color and mitochondria in beef. *Meat Science*, 98 (1): 65-70, 2014.
81. HUFFMAN K, MILLER M, HOOVER L, WU C, BRITTIN H, RAMSEY C. Effect of beef tenderness on consumer satisfaction with steaks consumed in the home and restaurant. *Journal of Animal Science*, 74 (1): 91-97, 1996.
82. DESTEFANIS G, BRUGIAPAGLIA A, BARGE M, DAL MOLIN E. Relationship between beef consumer tenderness perception and Warner–Bratzler shear force. *Meat Science*, 78 (3): 153-156, 2008.
83. SHORTHOSE WR, HARRIS PV. Effect of animal age on the tenderness of selected beef muscles. *Journal of Food Science*, 55 (1): 1-8, 1990.
84. ALLAIS S, JOURNAUX L, LEVEZIEL H, PAYET-DUPRAT N, RAYNAUD P, HOCQUETTE JF, LEPETIT J, ROUSSET S, DENOYELLE C, BERNARD-CAPEL C, RENAND G. Effects of polymorphisms in the calpastatin and mu-calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds. *Journal of animal science*. 2011;89(1):1-11.
85. BARENDSE WJ. DNA markers for meat tenderness. Patent application No: EP20020710686. World Intellectual Property Organisation, Publication No: EP1358356 A1, 2003.

86. CASAS E, WHITE SN, WHEELER TL, SHACKELFORD SD, KOOHMARAIE M, RILEY DG. Effects of calpastatin and micro-calpain markers in beef cattle on tenderness traits. *Journal of Animal Science*, 84 (3): 520-525, 2006.
87. JOHNSTON DJ, GRASER HU. Estimated gene frequencies of GeneSTAR markers and their size of effects on meat tenderness, marbling, and feed efficiency in temperate and tropical beef cattle breeds across a range of production systems. *Journal of Animal Science*, 88 (6): 1917-1935, 2010.
88. GEORGE-EVINS C, UNRUH J, WAYLAN A, MARSDEN J. Influence of quality classification, aging period, blade tenderization, and endpoint cooking temperature on cooking characteristics and tenderness of beef gluteus medius steaks. *Journal of Animal Science*, 82 (6): 1863-1867, 2004.
89. EKMEKÇİ A. *Tıbbi biyoloji ve genetik*, 1. baskı, Gazi Kitabevi, 2014, Ankara, sayfa 138-153, 2014.
90. ALBERTS B, JOHNSON A, LEWIS J, RAFF M, ROBERTS K, WALTER P. *Molecular Biology of the Cell*, 4th edition, Garland Science, New York, page 191-235, 2002.
91. DEUTSCH M, LONG M. Intron-exon structures of eukaryotic model organisms. *Nucleic Acids Research*, 27 (15): 3219-3928, 1999.
92. HARTL DL, CLARK AG. *Principles of population genetics*, 4th edition, Sinauer associates Inc. Publishers, Massachusetts, page 48-52, 1997.
93. MULLEN A, STAPLETON P, CORCORAN D, HAMILL R, WHITE A. Understanding meat quality through the application of genomic and proteomic approaches. *Meat Science*, 74 (1): 3-16, 2006.
94. GODDARD ME, HAYES BJ. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. *Nature Reviews Genetics*, 10 (6): 381-391, 2009.
95. BURROW H, MOORE S, JOHNSTON D, BARENDSE W, BINDON B. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review. *Animal Production Science*, 41 (7): 893-919, 2001.
96. WILLIAMS J. The use of marker-assisted selection in animal breeding and biotechnology. *Revue Scientifique et Technique-Office International des Epizooties*, 24 (1): 379, 2005.
97. GONDA M, PERRY G, HOLLAND B, WRIGHT C. Comparing Pfizer GeneSTAR and Igenity PROFILE DNA tests in crossbred cattle. 2012 Annual Beef Progress Report, South Dakota State University, page 20, 2013.
98. HETZEL J. Delivery of gene marker technology to the beef industry. The John M. Airy Beef Cattle Symposium, Visions for Genetics and Breeding CAB International, AgBiotechNet Proceedings, Iowa State University, page 1-4, 2004.
99. VAN EENENNAAM AL, LI J, THALLMAN RM, QUAAS RL, DIKEMAN ME, GILL CA, FRANKE DE, THOMAS MG. Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits. *Journal of Animal Science*, 85 (4): 891-900, 2007.
100. POLLAK E. Application and impact of new genetic technologies on beef cattle breeding: a'real world'perspective. *Animal Production Science*, 45 (8): 739-748, 2005.
101. LIU X, USMAN T, WANG Y, WANG Z, XU X, WU M, ZHANG Y, LI Q, LIU L, SHI W, QIN C, GENG F, WANG C, TAN R, HUANG X, LIU A, WU H, TAN S, YU Y. Polymorphisms in epigenetic and meat quality related genes in fourteen cattle breeds and association with beef quality and carcass traits. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 28 (4): 467-475, 2015.
102. GAO Y, ZHANG R, HU X, LI N. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Science*, 77 (1): 36-45, 2007.

103. CEMAL İ, KARACA O. Çiftlik hayvanlarında major genlerin belirlenmesi ve genotip ayrımı. *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21 (1): 105-115, 2006.
104. ANDERSSON L. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. *Nature Reviews Genetics*, 2 (2): 130-138, 2001.
105. SPELMAN R, GARRICK D. Utilisation of marker assisted selection in a dairy cow population. *Livestock Production Science*, 47 (2): 139-147, 1997.
106. DEKKERS JC. Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82: 313-328, 2004.
107. VIGNAL A, MILAN D, SANCRISTOBAL M, EGGEN A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*, 34 (3): 275-306, 2002.
108. ALISON V. DNA-based technologies: beef sire selection manual, National Beef Cattle Evaluation Consortium, Iowa State University, page 66-73, 2006.
109. BRASCAMP E, VAN ARENDONK J, GROEN A. Economic appraisal of the utilization of genetic markers in dairy cattle breeding. *Journal of Dairy Science*, 76 (4): 1204-1213, 1993.
110. ARRANZ JJ, COPPIETERS W, BERZI P, CAMBISANO N, GRISART B, KARIM L, MARCQ F, MOREAU L, MEZER C, RIQUET J, SIMON P, VANMANSHOVEN P, WAGENAAR D, GEORGES M. A QTL affecting milk yield and composition maps to bovine chromosome 20: a confirmation. *Animal Genetics*, 29 (2): 107-115, 1998.
111. WOMACK JE. Bovine genomics, 1st edition, John Wiley & Sons Inc., New York, page 234-243, 2012.
112. IBEAGHA-AWEMU EM, KGWATALALA P, ZHAO X. A critical analysis of production-associated DNA polymorphisms in the genes of cattle, goat, sheep, and pig. *Mammalian Genome*, 19 (9): 591-617, 2008.
113. MANNEN H, MORIMOTO M, OYAMA K, MUKAI F, TSUJI S. Identification of mitochondrial DNA substitutions related to meat quality in Japanese Black Cattle. *Journal of Animal Science*, 81 (1): 68-73, 2003.
114. SCHENKEL F, MILLER S, YE X, MOORE S, NKRUMAH J, LI C, YU J, MANDELL IB, WILTON JW, WILLIAMS JL. Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *Journal of Animal Science*, 83 (9): 2009-2020, 2005.
115. SHIN S, CHUNG E. Association of SNP marker in the leptin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 20 (1): 1-6, 2007.
116. BARUCH E, WELLER J. Incorporation of discrete genotype effects for multiple genes into animal model evaluations when only a small fraction of the population has been genotyped. *Journal of Dairy Science*, 91 (11): 4365-4371, 2008.
117. KLUG WS, CUMMINGS MR. Concepts of genetics (Genetik kavramlar). Çeviren: ÖNER C, 6. baskı, Palme Yayıncılık, Ankara, sayfa 584-586, 2009.
118. GIBBS RA. DNA amplification by the polymerase chain reaction. *Analytical Chemistry*, 62 (13): 1202-1214, 1990.
119. ERLICH HA, ARNHEIM N. Genetic analysis using the polymerase chain reaction. *Annual Review of Genetics*, 26 (1): 479-506, 1992.
120. ERLICH HA, GELFAND D, SNINSKY JJ. Recent advances in the polymerase chain reaction. *Science*, 252 (5013): 1643-1651, 1991.
121. TÜRKYILMAZ S, ESENDAL M. Polimeraz zincir reaksiyonu ve mikrobiyolojide kullanım alanları. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 8 (1): 71-76, 2002.

122. SCHOCHETMAN G, OU C-Y, JONES WK. Polymerase chain reaction. *The Journal of Infectious Diseases*, 158 (6): 1154-1157, 1988.
123. SAIKI RK, GELFAND DH, STOFFEL S, SCHARF SJ, HIGUCHI R, HORN GT, MULLIS KB, ERLICH HA. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*, 239 (4839): 487-491, 1988.
124. TINDALL KR, KUNKEL TA. Fidelity of DNA synthesis by the *Thermus aquaticus* DNA polymerase. *Biochemistry*, 27 (16): 6008-6013, 1988.
125. INNIS MA, GELFAND DH, SNINSKY JJ, WHITE TJ. PCR protocols: a guide to methods and applications, 1st edition, Academic Press, California, page 3-28, 2012.
126. KWOK SA, HIGUCHI R. Avoiding false positives with PCR. *Nature*, 339: 237-238, 1989.
127. BEJ AK, MAHBUBANI MH, ATLAS RM, SALKL RK. Amplification of nucleic acids by polymerase chain reaction (PCR) and other methods and their applications. *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology*, 26 (3-4): 301-334, 1991.
128. BOTSTEIN D, WHITE RL, SKOLNICK M, DAVIS RW. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32 (3): 314-331, 1980.
129. PALMER B, SU HY, ROBERTS N, HICKFORD J, BICKERSTAFFE R. Short communication: single nucleotide polymorphisms in an intron of the ovine calpastatin gene. *Animal Biotechnology*, 11 (1): 63-67, 2000.
130. GIRISH P, ANJANEYULU A, VISWAS K, SHIVAKUMAR B, ANAND M, PATEL M, SHARMA B. Meat species identification by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) of mitochondrial 12S rRNA gene. *Meat Science*, 70 (1): 107-112, 2005.
131. MEYER R, HÖFELEIN C, LUTHY J, CANDRIAN U. Polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis: a simple method for species identification in food. *Journal of AOAC International*, 78 (6): 1542-1551, 1994.
132. BETTS R, ANAGLI J. The β - and γ -CH₂ of B27-WT's Leu11 and Ile18 side chains play a direct role in calpain inhibition. *Biochemistry*, 43 (9): 2596-2604, 2004.
133. CASAS E, SHACKELFORD SD, KEELE JW, STONE RT, KAPPES SM, KOOHMARAIE M. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate forms of myostatin. *Journal of Animal Science*, 78 (3): 560-569, 2000.
134. KEELE JW, SHACKELFORD SD, KAPPES SM, KOOHMARAIE M, STONE RT. A region on bovine chromosome 15 influences beef longissimus tenderness in steers. *Journal of Animal Science*, 77 (6): 1364-1371, 1999.
135. WHITE SN, CASAS E, WHEELER TL, SHACKELFORD SD, KOOHMARAIE M, RILEY DG, CHASE CC, JOHNSON DD, KEELE JW, SMITH TPL. A new single nucleotide polymorphism in extends the current tenderness marker test to include cattle of and crossbred descent. *Journal of Animal Science*, 83 (9): 2001-2008, 2005.
136. BARENDSE W, VAIMAN D, KEMP SJ, SUGIMOTO Y, ARMITAGE S, WILLIAMS JL, SUN HS, EGGEN A, AGABA M, ALEYASIN SA, BAND M, BISHOP MD, BUITKAMP J, BYRNE K, COLLINS F, COOPER L, COPPTIERS W, DENYS B, DRINKWATER RD, EASTERDAY K, ELDUQUE C, ENNIS S, ERHARDT G, FERRETTI L, FLAVIN N, GAO Q, GEORGES M, GURUNG R, HARLIZIUS B, HAWKINS G, HETZEL J, HIRANO T, HULME D, JORGENSEN C, KESSLER M, KIRKPATRICK BW, KONFORTOV B, KOSTIA S, KUHN C, LENSTRA JA, LEVEZIEL H, LEWIN HA, LEYHE B, LIL L, MARTIN BURRIEL I, McGRAW RA, MILLER JR, MOODY DE, MOORE SS, NAKANE S, NIJMAN IJ, OLSAKER I, POMP D, RANDO A, RON M, SHALOM A, TEALE AJ, THIEVEN U, URQUHART BGD,

- VAGE DI, VAN DE WEGHE A, VARVIO S, VELMALA R, VILKKI J, WEIKARD R, WOODSIDE C, WOMACK JE, ZANOTTI M, ZARAGOZA P. A medium-density genetic linkage map of the bovine genome. *Mammalian Genome*, 8 (1): 21-28, 1997.
137. KAPPES SM, KEELE JW, STONE RT, MCGRAW RA, SONSTEGARD TS, SMITH TP, LOPEZ CORRALES NL, BEATTIE CW. A second-generation linkage map of the bovine genome. *Genome Research*, 7 (3): 235-249, 1997.
138. SOLINAS-TOLDO S, LENGAUER C, FRIES R. Comparative genome map of human and cattle. *Genomics*, 27 (3): 489-496, 1995.
139. GOLL DE, THOMPSON VF, TAYLOR R, CHRISTIANSEN J. Role of the calpain system in muscle growth. *Biochimie*, 74 (3): 225-237, 1992.
140. PAGE BT, CASAS E, QUAAS RL, THALLMAN RM, WHEELER TL, SHACKELFORD SD, KOOHMARAIE M, WHITE SN, BENNET GL, KEELE JW, DIKEMAN ME, SMITH TPL. Association of markers in the bovine CAPN1 gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires. *Journal of Animal Science*, 82 (12): 3474-3481, 2004.
141. SORIA LA, CORVA P, HUGUET M, MIÑO S, MIQUEL M. Bovine μ -calpain (CAPN1) gene polymorphisms in Brangus and Brahman bulls. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 21 (1): 61-69, 2010.
142. CASAS E, SHACKELFORD SD, KEELE JW, KOOHMARAIE M, SMITH TP, STONE RT. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. *Journal of Animal Science*, 81 (12): 2976-2983, 2003.
143. JUSZCZUK-KUBIAK E, SAKOWSKI T, FLISIKOWSKI K, WICINSKA K, OPRZADEK J, ROSOCHACKI SJ. Bovine μ -calpain (CAPN1) gene: new SNP within intron 14. *Journal of Applied Genetics*, 45 (4): 457-460, 2004.
144. CHUNG H, DAVIS M. Effects of calpain genotypes on meat tenderness and carcass traits of Angus bulls. *Molecular Biology Reports*, 38 (7): 4575-4581, 2011.
145. CHEONG HS, YOON DH, PARK BL, KIM LH, BAE JS, NAMGOONG S, LEE HW, HAN CS, KIM JO, CHEONG IC, SHIN HD. A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *Biomed Central Genetics*, 9: 33-40, 2008.
146. TAIT RG, JR., SHACKELFORD SD, WHEELER TL, KING DA, KEELE JW, CASAS E. CAPN1, CAST, and DGAT1 genetic effects on preweaning performance, carcass quality traits, and residual variance of tenderness in a beef cattle population selected for haplotype and allele equalization. *Journal of Animal Science*, 92 (12): 5382-5393, 2014.
147. LEE SH, KIM SC, CHAI HH, CHO SH, KIM HC, LIM D, CHOI BH, DANG CG, SHARMA A, GONDRO C, YANG BS, HONG SK. Mutations in calpastatin and μ -calpain are associated with meat tenderness, flavor and juiciness in Hanwoo (Korean cattle): molecular modeling of the effects of substitutions in the calpastatin/ μ -calpain complex. *Meat Science*, 96 (4): 1501-1508, 2014.
148. RIBECA C, BONFATTI V, CECCHINATO A, ALBERA A, MARETTO F, GALLO L, CARNIER P. Association of polymorphisms in calpain 1, (μ /I) large subunit, calpastatin, and cathepsin D genes with meat quality traits in double-musled Piemontese cattle. *Animal Genetics*, 44 (2): 193-196, 2013.
149. PINTO LF, FERRAZ JB, PEDROSA VB, ELER JP, MEIRELLES FV, BONIN MN, REZENDE FM, CARVALHO ME, CUCCO DC, SILVA RCG. Single nucleotide polymorphisms in CAPN and leptin genes associated with meat color and tenderness in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 10 (3): 2057-2064, 2011.

150. PINTOS D, CORVA PM. Association between molecular markers for beef tenderness and growth traits in Argentinian angus cattle. *Animal Genetics* 42 (3): 329-332, 2011.
151. LISA C, DI STASIO L. Variability of μ -Calpain and Calpastatin genes in cattle. *Italian Journal of Animal Science*, 8 (2): 99-101, 2010.
152. CURI RA, CHARDULO LAL, GIUSTI J, SILVEIRA AC, MARTINS CL, DE OLIVEIRA HN. Assessment of GH1, CAPN1 and CAST polymorphisms as markers of carcass and meat traits in *Bos indicus* and *Bos taurus*–*Bos indicus* cross beef cattle. *Meat Science*, 86 (4): 915-920, 2010.
153. AVILES C, AZOR PJ, PANNIER L, HAMILL RM, MEMBRILLO A, MOLINA A. New single nucleotide polymorphisms in the mu-calpain gene in Spanish maternal beef breeds. *Animal Biotechnology*, 20 (3): 161-164, 2009.
154. KANEDA M, LIN BZ, SASAZAKI S, OYAMA K, MANNEN H. Allele frequencies of gene polymorphisms related to economic traits in *Bos taurus* and *Bos indicus* cattle breeds. *Animal Science Journal*, 82 (6): 717-721, 2011.
155. OUALI A, TALMANT A. Calpains and calpastatin distribution in bovine, porcine and ovine skeletal muscles. *Meat Science*, 28 (4): 331-348, 1990.
156. SCHENKEL F, MILLER S, JIANG Z, MANDELL I, YE X, LI H, WILTON JW. Association of a single nucleotide polymorphism in the calpastatin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *Journal of Animal Science*, 84 (2): 291-299, 2006.
157. BARENDSE W, HARRISON BE, HAWKEN RJ, FERGUSON DM, THOMPSON JM, THOMAS MB, BUNCH RJ. Epistasis between calpain 1 and its inhibitor calpastatin within breeds of cattle. *Genetics*, 176 (4): 2601-2610, 2007.
158. BELCASTRO AN, SHEWCHUK LD, RAJ DA. Exercise-induced muscle injury: a calpain hypothesis. *Molecular and Cellular Biochemistry*, 179 (1-2): 135-145, 1998.
159. GARCIA M, MICHAL J, GASKINS C, REEVES J, OTT T, LIU Y, JIANG Z. Significant association of the calpastatin gene with fertility and longevity in dairy cattle. *Animal Genetics*, 37 (3): 304-305, 2006.
160. HORIKAWA Y, ODA N, COX NJ, LI X, ORHO-MELANDER M, HARA M, HINOKIO Y, LINDNER TH, MASHIMA H, SCHWARZ PEH, BOSQUE-PLATA L, HORIKAWA Y, ODA Y, YOSHIUCHI I, COLILLA S, POLONSKY KS, WEI S, CONCANNON P, IWASAKI N, SCHULZE J, BAIER LJ, BOGARDUS C, GROOP L, BOERWINKLE E, HANIS CL, BELL GI. Genetic variation in the gene encoding calpain-10 is associated with type 2 diabetes mellitus. *Nature Genetics*, 26 (2): 163-175, 2000.
161. JAMES T, MATZELLE D, BARTUS R, HOGAN E, BANIK N. New inhibitors of calpain prevent degradation of cytoskeletal and myelin proteins in spinal cord in vitro. *Journal of Neuroscience Research*, 51 (2): 218-222, 1998.
162. CURI R, CHARDULO L, MASON M, ARRIGONI M, SILVEIRA A, DE OLIVEIRA H. Effect of single nucleotide polymorphisms of CAPN1 and CAST genes on meat traits in Nellore beef cattle (*Bos indicus*) and in their crosses with *Bos taurus*. *Animal Genetics*, 40 (4): 456-462, 2009.
163. SEVANE N, ARMSTRONG E, WIENER P, PONG WONG R, DUNNER S, GEMQUAL C. Polymorphisms in twelve candidate genes are associated with growth, muscle lipid profile and meat quality traits in eleven European cattle breeds. *Molecular Biology Reports*, 41 (7): 4721-4731, 2014.
164. DUNNER S, SEVANE N, GARCÍA D, CORTÉS O, VALENTINI A, WILLIAMS JL, MANGIN B, CANON J, LEVEZIEL H. Association of genes involved in carcass and meat quality traits in 15 European bovine breeds. *Livestock Science*, 154 (1): 34-44, 2013.

165. LI YX, JIN HG, YAN CG, SEO KS, ZHANG LC, REN CY, JIN X. Association of CAST gene polymorphisms with carcass and meat quality traits in Yanbian cattle of China. *Molecular Biology Reports*, 40 (2): 1875-1881, 2013.
166. PINTO LFB, FERRAZ JB, MEIRELLES FV, ELER JP, REZENDE FM, CARVALHO ME, ALMEIDA HM, SILVA RCG. Association of SNPs on CAPN1 and CAST genes with tenderness in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 9 (3): 1431-1442, 2010.
167. COCHRAN SD, COLE JB, NULL DJ, HANSEN PJ. Discovery of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with fertility and production traits in Holstein cattle. *Biomed Central Genetics*, 14 (1): 49-72, 2013.
168. KAÇAR C, ARI U. Leptinin inek ve koyunlarda enerji metabolizması ve üreme fizyolojisi üzerine etkileri. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 13 (2): 209-213, 2007.
169. ZHANG Y, PROENCA R, MAFFEI M, BARONE M, LEOPOLD L, FRIEDMAN JM. Positional cloning of the mouse obese gene and its human homologue. *Nature*, 372 (6505): 425-432, 1994.
170. JI S, WILLIS GM, SCOTT RR, SPURLOCK ME. Partial cloning and expression of the bovine leptin gene. *Animal Biotechnology*, 9 (1): 1-14, 1998.
171. MONTAGUE CT, FAROOQI IS, WHITEHEAD JP, SOOS MA, RAU H, WAREHAM NJ, SEWTER CP, DIGBY JE, MOHAMMED SN, HURST JA, CHEETHAM CH, EARLY AR, BARNETT AH, PRINS JB, O'RAHILLY S. Congenital leptin deficiency is associated with severe early-onset obesity in humans. *Nature*, 387 (6636): 903-908, 1997.
172. MERGEN M, MERGEN H, OZATA M, ONER R, ONER C. Rapid communication: a novel melanocortin 4 receptor (MC4R) gene mutation associated with morbid obesity. *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 86 (7): 3448-3451, 2001.
173. SEMERCİ CN. Obezite ve genetik. *Gülhane Tıp Dergisi*, 46 (4): 353-359, 2004.
174. STONE R, KAPPES S, BEATTIE C. The bovine homolog of the obese gene maps to chromosome 4. *Mammalian genome*, 7 (5): 399-400, 1996.
175. STONE R, KAPPES S, BEATTIE C. Two polymorphic microsatellites within an 18 kb genomic clone containing the bovine ob gene. *Animal Genetics*, 27: 64-70, 1996.
176. TANIGUCHI Y, ITOH T, YAMADA T, SASAKI Y. Genomic structure and promoter analysis of the bovine leptin gene. *International Union of Biochemistry and Molecular Biology Life*, 53 (2): 131-135, 2002.
177. KONFORTOV BA, LICENCE VE, MILLER JR. Re-sequencing of DNA from a diverse panel of cattle reveals a high level of polymorphism in both intron and exon. *Mammalian Genome*, 10 (12): 1142-1145, 1999.
178. YOON DH, CHO BH, PARK BL, CHOI YH, CHEONG HS, LEE HK, CHUNG ER, CHEONG IC, SHIN HD. Highly polymorphic bovine leptin gene. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 18 (11): 1548-1551, 2005.
179. LAGONIGRO R, WIENER P, PILLA F, WOOLLIAMS J, WILLIAMS J. A new mutation in the coding region of the bovine leptin gene associated with feed intake. *Animal Genetics*, 34 (5): 371-374, 2003.
180. MINTON J, BINDEL D, DROUILLARD J, TITGEMEYER E, GRIEGER D, HILL C. Serum leptin is associated with carcass traits in finishing cattle. *Journal of Animal Science*, 76 (1): 231-238, 1998.
181. TOKUDA T, MATSUI T, ITO J, TORII S, YANO H. The changes in body weight and plasma metabolite levels during leptin injection are caused by the reduction of food intake in sheep. *Animal Science*, 70 (2): 343-348, 2000.

182. KENNES Y, MURPHY B, POTHIER F, PALIN MF. Characterization of swine leptin (LEP) polymorphisms and their association with production traits. *Animal Genetics*, 32 (4): 215-218, 2001.
183. MADEJA Z, ADAMOWICZ T, CHMURZYNSKA A, JANKOWSKI T, MELONEK J, SWITONSKI M, STRABEL T. Short communication: effect of leptin gene polymorphisms on breeding value for milk production traits. *Journal of Dairy Science*, 87 (11): 3925-3927, 2004.
184. BUCHANAN FC, FITZSIMMONS CJ, VAN KESSEL AG, THUE TD, WINKELMAN-SIM DC, SCHMUTZ SM. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genetics Selection Evolution*, 34 (1): 105-116, 2002.
185. HAEGEMAN A, VAN ZEVEREN A, PEELMAN L. New mutation in exon 2 of the bovine leptin gene. *Animal Genetics*, 31 (1): 79-84, 2000.
186. ÖZTABAK K, TOKER NY, ÜN C, AKIŞ I, MENĞİ A, KARADAĞ O, SOYSAL D. Leptin gene polymorphisms in native Turkish cattle breeds. *Kafkas Universitesi Veteriner Fakultesi Dergisi*, 16 (6): 921-924, 2010.
187. TIAN J, ZHAO Z, ZHANG L, ZHANG Q, YU Z, LI J, YANG R. Association of the leptin gene E2-169 T>C and E3-299 T>A mutations with carcass and meat quality traits of the Chinese Simmental-cross steers. *Gene*, 518 (2): 443-448, 2013.
188. FORTES MR, CURI RA, CHARDULO LA, SILVEIRA AC, ASSUMPCAO ME, VISINTIN JA, OLIVEIRA HN. Bovine gene polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. *Genetics and Molecular Biology*, 32 (1): 75-82, 2009.
189. NKRUMAH JD, KEISLER DH, CREWS DH, JR., BASARAB JA, WANG Z, LI C, PRICE MA, OKINE EK, MOORE SS. Genetic and phenotypic relationships of serum leptin concentration with performance, efficiency of gain, and carcass merit of feedlot cattle. *Journal of Animal Science*, 85 (9): 2147-2155, 2007.
190. NKRUMAH JD, LI C, YU J, HANSEN C, KEISLER DH, MOORE SS. Polymorphisms in the bovine leptin promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *Journal of Animal Science*, 83 (1): 20-28, 2005.
191. DEVUYST E, BAUER M, CHENG FC, MITCHELL J, LARSON D. The impact of a leptin gene SNP on beef calf weaning weights. *Animal Genetics*, 39 (3): 284-286, 2008.
192. KOPCHICK JJ, ANDRY JM. Growth hormone (GH), GH receptor, and signal transduction. *Molecular Genetics and Metabolism*, 71 (1): 293-314, 2000.
193. SØRENSEN M, CHAUDHURI S, LOUVEAU I, COLEMAN M, ETHEERTON T. Growth hormone binding proteins in pig adipose tissue: number, size and effects of pGH treatment on pGH and bGH binding. *Domestic Animal Endocrinology*, 9 (1): 13-24, 1992.
194. WOJCIK J, POSTEL-VINAY M. Signal transduction of the growth hormone (GH) receptor, and GH-binding protein. *Growth Hormone & IGF Research*, 9: 51-55, 1999.
195. MADSEN K, FRIBERG U, ROOS P, EDÉN S, ISAKSSON O. Growth hormone stimulates the proliferation of cultured chondrocytes from rabbit ear and rat rib growth cartilage. *Nature*, 304 (5926): 545-547, 1983.
196. CHEN H-T, SCHULER LA, SCHULTZ RD. Growth hormone receptor and regulation of gene expression in fetal lymphoid cells. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 137 (1): 21-29, 1998.
197. YOSHIZATO H, FUJIKAWA T, SOYA H, TANAKA M, NAKASHIMA K. The growth hormone (GH) gene is expressed in the lateral hypothalamus: enhancement by GH-releasing hormone and repression by restraint stress. *Endocrinology*, 139 (5): 2545-2451, 1998.

198. GE W, DAVIS M, HINES H, IRVIN K, SIMMEN R. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 81 (3): 641-648, 2003.
199. MOODY D, POMP D, BARENDSE W, WOMACK J. Assignment of the growth hormone receptor gene to bovine chromosome 20 using linkage analysis and somatic cell mapping. *Animal Genetics*, 26 (5): 341-343, 1995.
200. JIANG H, LUCY MC. Variants of the 5'-untranslated region of the bovine growth hormone receptor mRNA: isolation, expression and effects on translational efficiency. *Gene*, 265 (1): 45-53, 2001.
201. MAJ A, PAREEK C, KLAUZIŃSKA M, ZWIERZCHOWSKI L. Polymorphism of 5' region of the bovine growth hormone receptor gene. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122 (6): 414-417, 2005.
202. LUCY M, JOHNSON G, SHIBUYA H, BOYD C, HERRING W, WERIN M. Rapid communication: polymorphic (GT) n microsatellite in the bovine somatotropin receptor gene promoter. *Journal of Animal Science*, 76: 2209-2210, 1998.
203. ADAMS TE, BAKER L, FIDDES RJ, BRANDON MR. The sheep growth hormone receptor: molecular cloning and ontogeny of mRNA expression in the liver. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 73 (2): 135-145, 1990.
204. DAUNCEY M, BURTON K, WHITE P, HARRISON A, GILMOUR R, DUCHAMP C, CATTANEO D. Nutritional regulation of growth hormone receptor gene expression. *The Journal of the Federation of American Societies for Experimental Biology*, 8 (1): 81-88, 1994.
205. SCHWARTZBAUER G, MENON RK. Regulation of growth hormone receptor gene expression. *Molecular Genetics and Metabolism*, 63 (4): 243-253, 1998.
206. ROSENBLOOM AL, GUEVARA-AGUIRRE J. Lessons from the genetics of Laron syndrome. *Trends in Endocrinology & Metabolism*, 9 (7): 276-283, 1998.
207. BLAIR JC, SAVAGE MO. The GH-IGF-I axis in children with idiopathic short stature. *Trends in Endocrinology & Metabolism*, 13 (8): 325-330, 2002.
208. TIXIER-BOICHARD M. From phenotype to genotype: major genes in chickens. *World's Poultry Science Journal*, 58 (1): 65-75, 2002.
209. GARRETT A, RINCON G, MEDRANO J, ELZO M, SILVER G, THOMAS M. Promoter region of the bovine growth hormone receptor gene: single nucleotide polymorphism discovery in cattle and association with performance in Brangus bulls. *Journal of Animal Science*, 86 (12): 3315-3323, 2008.
210. MAJ A, STRZALKOWSKA N, SLONIEWSKI K, KRZYZEWSKI J, OPRZADEK J, ZWIERZCHOWSKI L. Single nucleotide polymorphism (SNP) in the 5'-noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene and its association with dairy production traits in Polish Black-and-White cattle. *Czech Journal of Animal Science*, 49 (10): 419-429, 2004.
211. CURI R, PALMIERI D, SUGISAWA L, FERRAZ A, DE OLIVEIRA H, FURLAN L, SILVEIRA AC, LOPES CR. Effects of GHR gene polymorphisms on growth and carcass traits in Zebu and crossbred beef cattle. *Livestock Science*, 101 (1): 94-100, 2006.
212. MAJ A, OPRZADEK J, OPRZADEK A, DYMICKI E, ZWIERZCHOWSKI L. Polymorphism in the 5' noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene and its association with meat production traits in cattle. *Animal Research*, 53 (6): 503-514, 2004.

213. GE W, DAVIS M, HINES H, IRVIN K. Rapid communication: single nucleotide polymorphisms detected in exon 10 of the bovine growth hormone receptor gene. *Journal of Animal Science*, 78 (8): 2229-2230, 2000.
214. SHERMAN E, NKRUMAH J, MURDOCH B, LI C, WANG Z, FU A, MOORE SS. Polymorphisms and haplotypes in the bovine neuropeptide Y, growth hormone receptor, ghrelin, insulin-like growth factor 2, and uncoupling proteins 2 and 3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency, and carcass merit in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 86 (1): 1-16, 2008.
215. GOMES RC, SILVA SL, CARVALHO ME, REZENDE FM, PINTO LF, SANTANA MHA, STELLA TR, MEIRELLES FV, ROSSI JUNIOR P, LEME PR, FERRAZ JBS. Protein synthesis and degradation gene SNPs related to feed intake, feed efficiency, growth, and ultrasound carcass traits in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 12 (3): 2923-2936, 2013.
216. HALE C, HERRING W, SHIBUYA H, LUCY M, LUBAHN D, KEISLER D, JOHNSON GS. Decreased growth in Angus steers with a short TG-microsatellite allele in the P1 promoter of the growth hormone receptor gene. *Journal of Animal Science*, 78 (8): 2099-2104, 2000.
217. HAN S-H, CHO I-C, KIM J-H, KO M-S, JEONG H-Y, OH H-S, LEE S-S. A GHR polymorphism and its associations with carcass traits in Harrow cattle. *Genes & Genomics*, 31 (1): 35-41, 2009.
218. WATERS SM, MCCABE MS, HOWARD DJ, GIBLIN L, MAGEE DA, MACHUGH DE, BERRY DP. Associations between newly discovered polymorphisms in the *Bos taurus* growth hormone receptor gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Animal Genetics*, 42 (1): 39-49, 2011.
219. BAUMANN G, FRANK S. Metalloproteinases and the modulation of GH signaling. *Journal of Endocrinology*, 174 (3): 361-368, 2002.
220. POWELL R, GANNON F. Purification of DNA by phenol extraction and ethanol precipitation, volume 180, Oxford University Press, United Kingdom, page 52-63, 2002.
221. SAĞSÖZ Y, ÇOBAN Ö, LAÇİN E, SABUNCUOĞLU N, YILDIZ A. Esmer ve Şarole x Esmer Buzagıların Büyüme ve Yemden Yararlanma Özellikleri. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 36 (1): 53-58, 2005.
222. YILMAZ A, EKİZ B, SOYSAL M, YILMAZ İ, YALÇINTAN H. Certain carcass and meat quality characteristics of Anatolian Water Buffalos. 8th Global Conference on the Conservation of Animal Genetic Resources, Tekirdag, page 149, 2011.
223. TOLON B, ÖNENÇ A, KAYA A, ALTAN Ö. Balla muamelenin sığır etinde bazı kalite özellikleri üzerine etkileri. *Hayvansal Üretim*, 41 (1): 38-47, 2000.
224. HONIKEL KO. Reference methods for the assessment of physical characteristics of meat. *Meat Science*, 49 (4): 447-457, 1998.
225. BERIAIN M, HORCADA A, PURROY A, LIZASO G, CHASCO J, MENDIZABAL J. Characteristics of Lacha and Rasa Aragonesa lambs slaughtered at three live weights. *Journal of Animal Science*, 78 (12): 3070-3077, 2000.
226. MINITAB. Statistical Package v. 13. Minitab Inc, USA, 2001.
227. ERKEN E, GUNESACAR R, OZER HT. Investigation of C5a receptor gene 450 C/T polymorphism in Turkish patients with familial Mediterranean fever. *Molecular Biology Reports*, 37 (1): 273-276, 2010.
228. NELDER JA, WEDDERBURN RWM. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society*, 135 (3): 370-384, 1972.
229. SÜMBÜLOĞLU K, SÜMBÜLOĞLU V. *Biyoistatistik*, 15. Baskı, Hatiboğlu Yayınevi, Ankara, sayfa 96, 2012.

230. SEVANE N, CRESPO I, CAÑÓN J, DUNNER S. A Primer-Extension Assay for simultaneous use in cattle Genotype Assisted Selection, parentage and traceability analysis. *Livestock Science*, 137 (1): 141-150, 2011.
231. MELUCCI LM, PANARACE M, FEULA P, VILLARREAL EL, GRIGIONI G, CARDUZA F, SORIA LA, MEZZADRA CA, ARCEO ME, MAZZUCO JP, CORVA PM, IRURUETAM, ROGBERG-MUNOZ A, MIQUEL MC. Genetic and management factors affecting beef quality in grazing Hereford steers. *Meat Science*, 92 (4): 768-774, 2012.
232. YOUSEFI S, AZARI MA. Study of Calpastatin Gene Polymorphism in Holstein Cattle and Buffalo. *Animal Sciences and Biotechnologies*, 45 (1): 285-288, 2012.
233. LIEFERS SC, TE PAS MF, VEERKAMP RF, CHILLIARD Y, DELAUAUD C, GERRITSEN R, VAN DER LENDE T. Association of leptin gene polymorphisms with serum leptin concentration in dairy cows. *Mammalian Genome*, 14 (9): 657-663, 2003.
234. KULIG H. Association between leptin combined genotypes and milk performance traits of Polish Black-and-White cows. *Archiv Fur Tierzucht*, 48 (6): 547-554, 2005.
235. KULIG H, KMIEĆ M. Association between leptin gene polymorphisms and growth traits in Limousin cattle. *Russian Journal of Genetics*, 45 (6): 738-741, 2009.
236. YAZDANI H, RAHMANI H, EDRIS M, DIRANDEH E. Association between A59V polymorphism in exon 3 of leptin gene and reproduction traits in cows of Iranian Holstein. *African Journal of Biotechnology*, 9 (36): 5997-6000, 2013.
237. DA SILVA R, FERRAZ J, MEIRELLES F, ELER J, BALIEIRO J, CUCCO D, MATTOS EC, REZENDE FM, SILVA SL. Association of single nucleotide polymorphisms in the bovine leptin and leptin receptor genes with growth and ultrasound carcass traits in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, 11 (4): 3721-3728, 2012.
238. GIBLIN L, BUTLER ST, KEARNEY BM, WATERS SM, CALLANAN MJ, BERRY DP. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *Biomed Central Genetics*, 11 (1): 73-82, 2010.
239. CHEONG HS, YOON D, KIM LH, PARK BL, CHUNG ER, LEE HJ, CHEONG IC, OH SJ, SHIN HD. Leptin polymorphisms associated with carcass traits of meat in Korean cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 19 (11): 1529-1535, 2006.
240. VIITALA S, SZYDA J, BLOTT S, SCHULMAN N, LIDAUER M, MÄKI-TANILA A, GEORGES M, VILKKI J. The role of the bovine growth hormone receptor and prolactin receptor genes in milk, fat and protein production in Finnish Ayrshire dairy cattle. *Genetics*, 173 (4): 2151-2164, 2006.
241. RIBECA C, BITTANTE G, ALBERA A, BONFATTI V, MARETTO F, GALLO L. Investigation on variability of candidate genes for meat quality traits in Piemontese cattle. *Italian Journal of Animal Science*, 8 (2): 132-134, 2010.
242. HRADECKÁ E, CITEK J, PANICKE L, REHOUT V, HANUSOVÁ L. The relation of GH1, GHR and DGAT1 polymorphisms with estimated breeding values for milk production traits of German Holstein sires. *Czech Journal of Animal Science*, 53 (6): 238-245, 2008.
243. KEANE M, ALLEN P. A comparison of Friesian-Holstein, Piemontese× Friesian-Holstein and Romagnola× Friesian-Holstein steers for beef production and carcass traits. *Livestock Production Science*, 78 (2): 143-158, 2002.
244. CORVA PM, FERNANDEZ MACEDO GV, SORIA LA, PAPALEO MAZZUCCO J, MOTTER M, VILLARREAL EL, SCHOR A, MEZZADRA CA, MELUCCI LM, MIQUEL MC. Effect of leptin gene polymorphisms on growth, slaughter and meat quality traits of grazing Brangus steers. *Genetics and Molecular Research*, 8 (1): 105-116, 2009.

245. GUAY F, PALIN M-F, MATTE JJ, LAFOREST J-P. Effects of breed, parity, and folic acid supplement on the expression of leptin and its receptors' genes in embryonic and endometrial tissues from pigs at day 25 of gestation. *Biology of Reproduction*, 65 (3): 921-927, 2001.
246. SMITH T, THOMAS M, BIDNER T, PASCHAL J, FRANKE D. Single nucleotide polymorphisms in Brahman steers and their association with carcass and tenderness traits. *Genetics and Molecular Research*, 8 (1): 39-46, 2009.
247. PANNIER L, SWEENEY T, HAMILL R, IPEK F, STAPLETON P, MULLEN A. 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, 2009.
248. KAPLANOVÁ K, DUFEK A, DRAČKOVÁ E, SIMEONOVÁ J, ŠUBRT J, VRTKOVÁ I, DVORAK J. The association of CAPN1, CAST, SCD, and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic. *Czech Journal of Animal Science*, 58 (11): 489-496, 2013.
249. XIN J, LI-CHUN Z, ZHAO-ZHI L, XIAO-HUI L, HAI-GUO J, CHANG-GUO Y. Association of polymorphisms in the calpain I gene with meat quality traits in Yanbian yellow cattle of China. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 24 (1): 9-16, 2011.
250. MAZZUCCO JP, MELUCCI LM, VILLARREAL EL, MEZZADRA CA, SORIA L, CORVA P, MOTTER MM, SCHOR A, MIQUEL MC. Effect of ageing and μ -calpain markers on meat quality from Brangus steers finished on pasture. *Meat Science*, 86 (3): 878-882, 2010.
251. CAFE L, MCINTYRE B, ROBINSON D, GEESINK G, BARENDSE W, PETHICK D, THOMPSON JM, GREENWOOD PL. Production and processing studies on calpain-system gene markers for tenderness in Brahman cattle: 2. objective meat quality. *Journal of Animal Science*, 88 (9): 3059-3069, 2010.

TEŞEKKÜR

Doktora eğitimime başlamamı sağlayan, bilgi ve deneyimlerini paylaşmaktan kaçınmayan ve her konuda yardım ve desteklerini esirgemeyen danışman hocam sayın Prof. Dr. Faruk BALCI başta olmak üzere laboratuvar çalışmalarını tamamlamamı sağlayan, genetik bilimindeki engin bilgi ve tecrübesini her zaman benimle paylaşmış olan ve her zaman ailemden birisi olarak göreceğim hocam sayın Prof. Dr.Hale ŞAMLI'ya et kalitesi özelliklerinin belirlenmesinde deneyimlerini paylaşan ve laboratuvar kapılarını çekinmeden açan İstanbul Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı öğretim üyeleri; sayın Prof. Dr. Alper YILMAZ ve Prof. Dr. Bülent EKİZ'e; Dr. Hülya YALÇINTAN'a, Araş. Gör. Pembe Dilara AKIN'a, desteklerini esirgemeyen hocam sayın Prof. Dr. Şahsene ANAR'a, anabilim dalımız öğretim üyelerinden hocam sayın Doç. Dr. Özden ÇOBANOĞLU'na, uzun ve zor bir süreç olan doktora eğitimimde her zaman yanımda olan ve sıkıntılarımı paylaşan iş arkadaşlarım Araş. Gör. Bahadır SOYUDAL ve Deniz DİNÇEL'e, DNA izolasyonlarında yardımcı olan Zahra KESKİN'e, her zaman yanımda olan Dokt. Öğr. Ece ÇERÇİ'ye yardımlarından dolayı teşekkürlerimi sunarım.

Bu araştırmayı finansal açıdan destekleyen Uludağ Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Komisyon Başkanlığına ve saha çalışmalarının gerçekleştirilmesine olanak sağlayan BANVİT A.Ş.'ye teşekkür ederim. Ayrıca araştırmayı destekleyen ve örneklerin temininde yardımcı olan BANVİT A.Ş. kırmızı et üretim direktörü sayın Ramazan ÇAKIR'a katkılarından dolayı teşekkür ederim.

Herkesten önce, eğitimimi sağlayarak beni bugünlere getiren, bana her zaman maddi ve manevi destek olan, zorluklar karşısında moral vererek yılmadan devam etmemi sağlayan ve benim için dünyadaki en değerli ve saygı değer insanlar olan sevgili annem Nuran ARDIÇLI, babam Ali İhsan ARDIÇLI ve ablam Seda ARDIÇLI'ya sonsuz minnetimi ve teşekkürlerimi sunarım.

Sena ARDIÇLI

ÖZGEÇMİŞ

Muğla'da 1984 yılında dünyaya gelen Sena ARDIÇLI, ilköğretimi Milas Sakarya İlkokulu, ortaöğretim ve lise öğrenimini Milas Anadolu Lisesi'nde tamamlamıştır. Uludağ Üniversitesi Veteriner Fakültesi'ni 2008 yılında dönem üçüncüsü olarak bitirerek üniversite eğitimini tamamlamış ve Veteriner Hekim ünvanını almaya hak kazanmıştır. 2009 yılında Uludağ Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootečni Anabilim Dalı doktora öğrencisi olarak eğitimine başlamıştır. Halen U.Ü. Veteriner Fakültesi Genetik Anabilim Dalı'nda araştırma görevlisi olarak çalışmaktadır.