



**MORKARAMAN VE TUJ KOYUN IRKLARINDA
DGAT1 GENİ POLİMORFİZMİ**

İremnur AYDIN

**Yüksek Lisans Tezi
Zootekni Ana Bilim Dalı
Doç. Dr. Sinan KOPUZLU
2021
(Her hakkı saklıdır.)**

T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ ANA BİLİM DALI

MORKARAMAN VE TUJ KOYUN IRKLARINDA DGAT1 GENİ POLİMORFİZMİ
(DGAT1 Gene Polymorphism in Morkaraman and Tushin Sheep)

YÜKSEK LİSANS TEZİ

İremnur AYDIN

Danışman: Doç. Dr. Sinan KOPUZLU

Erzurum
Aralık, 2021



FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Graduate School of Natural and
Applied Sciences

T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü
TEZ KABUL VE ONAY TUTANAĞI

MORKARAMAN VE TUJ KOYUN IRKLARINDA DGAT1 GENİ POLİMORFİZMİ

Doç. Dr. Sinan KOPUZLU danışmanlığında, İremnur AYDIN tarafından hazırlanan bu çalışma, 27/12/2022 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Zootehni Anabilim Dalı Biyometri ve Genetik Bilim Dalı'nda Yüksek Lisans tezi olarak **oybirliği / oy çokluğu (3/3)** ile kabul edilmiştir.

Jüri Başkanı: Prof.Dr.Memiş ÖZDEMİR

Atatürk Üniversitesi

Aslı ıslak imzalıdır

Danışman: Doç.Dr.Sinan KOPUZLU

Atatürk Üniversitesi

Aslı ıslak imzalıdır

Jüri Üyesi: Doç.Dr.Selçuk ÖZYÜREK

Erzincan Binali Yıldırım Üniversitesi

Aslı ıslak imzalıdır

Enstitü Yönetim
Kurulunun .../.../.... tarih
ve sayılı kararı.

Bu tezin Atatürk Üniversitesi Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili maddelerinde belirtilen şartları yerine getirdiğini onaylarım.

Prof.Dr. Saltuk Buğrahan CEYHUN

Enstitü Müdürü

Aslı ıslak imzalıdır



FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
Graduate School of Natural and
Applied Sciences

T.C.
ATATÜRK ÜNİVERSİTESİ REKTÖRLÜĞÜ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ

ETİK BİLDİRİM VE İNTİHAL BEYAN FORMU

Yüksek Lisans Tezi olarak Doç. Dr. Sinan KOPUZLU danışmanlığında sunulan “Morkaraman ve Tuj Koyun Irklarında DGAT1 Geni Polimorfizmi” başlıklı çalışmanın tarafımızdan bilimsel etik ilkelere uyularak yazıldığını, yararlanılan eserlerin kaynakçada gösterildiğini, Fen Bilimleri Enstitüsü tarafından belirlenmiş olan Turnitin Programı benzerlik oranlarının aşılmadığını ve aşağıdaki oranlarda olduğunu beyan ederiz.

Tez Bölümleri	Tezin Benzerlik Oranı (%)	Maksimum Oran (%)
Giriş	16	30
Kuramsal Temeller	22	30
Materyal ve Yöntem	21	35
Bulgular	11	20
Tartışma	11	20
Tezin Geneli	20	25

Not: Yedi kelimeye kadar benzerlikler ile Başlık, Kaynakça, İçindekiler, Teşekkür, Dizin ve Ekler kısımları tarama dışı bırakılabilir. Yukarıdaki azami benzerlik oranları yanında tek bir kaynaktan olan benzerlik oranlarının %5'den büyük olmaması gerekir.

Sunulan bilgilerin doğru olduğunu, aksi halde doğacak hukuki sorumlulukları kabul ettiğimizi beyan ederiz.

Tez Yazarı (Öğrenci)	Tez Danışmanı
İremnur AYDIN	Doç. Dr. Sinan KOPUZLU
27.12.2021	27.12.2021
İmza: Aslı ıslak imzalıdır	İmza: Aslı ıslak imzalıdır

* Tez ile ilgili YÖKTEZ'de yayınlamasına ilişkin bir engelleme var ise aşağıdaki alanı doldurunuz.

☐ Tezle ilgili patent başvurusu yapılması / patent alma sürecinin devam etmesi sebebiyle Enstitü Yönetim Kurulunun/....../.... tarih ve sayılı kararı ile teze erişim 2 (iki) yıl süreyle engellenmiştir.

☐ Enstitü Yönetim Kurulunun/....../.... tarih ve sayılı kararı ile teze erişim 6 (altı) ay süreyle engellenmiştir.

TEŞEKKÜR

Çalışmamın her aşamasında engin bilgi birikimleri ve tecrübeleriyle bana yol gösteren, hoşgörü ve sabırlarıyla beni destekleyen, bilime olan tutkularıyla motivasyonumu her daim yüksek tutan değerli hocam Doç. Dr. Sinan KOPUZLU'ya,

Laboratuvar çalışmalarında yanımda olup, yardımlarını esirgemeyen Prof. Dr. Memiş ÖZDEMİR ve Dr. Öğr. Üyesi Zeynep SÖNMEZ'e,

Çalışmalarım boyunca her türlü yardımı sağlayan arkadaşım Hamiye ÜNAL'a,

Hayatımın her döneminde, maddi ve manevi desteğini hiçbir zaman esirgemeyen AİLEME çok teşekkür ederim.

İremnur AYDIN

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MORKARAMAN VE TUJ KOYUN IRKLARINDA DGAT1 GENİ POLİMORFİZMİ

İremnur AYDIN

Danışman: Doç. Dr. Sinan KOPUZLU

Amaç: Bu çalışmada amaç Atatürk Üniversitesi Gıda ve Hayvancılık Uygulama ve Araştırma Merkezi Çiftliğinde yetiştirilen Morkaraman ve Tuj koyunlarında Diacylglycerol acyltransferase1 (DGAT1) gen lokusu bakımından göstermiş oldukları polimorfizmi araştırmak ve ilgili genler bakımından koyunlara ait genotip ve alel frekansların dağılımını belirlemektir.

Yöntem: Çalışmada kullanılan 124 baş Morkaraman ve 100 baş Tuj Koyun ırklarından alınan kıl örneklerinden izole edilmiş DNA'larda, *PCR-RFLP* yöntemi kullanılarak *DGAT1/AluI* gen polimorfizmleri tanımlanmıştır. *PCR-RFLP* ürünleri elektroforez ortamında yürütülerek sonuçlar ultraviyole (UV) cihazında bantlar halinde görüntülenmiştir. Araştırmada popülasyonlara ait genotip ve alel gen frekans dağılımları hesaplanmış ve popülasyonların Hardy-Weinberg genetik denge testine uyup uymadıkları test edilmiştir.

Bulgular: Hardy-Weinberg genetik denge testine göre çalışılan popülasyonlarda genotip frekansları dağılımının dengede olduğu ($P>0,05$) gözlenmiştir. Popülasyondaki DGAT1 genine ait CC, CT ve TT genotip frekansları sırasıyla Morkaraman koyun ırkında %50, %38 ve %11,3; Tuj koyun ırkında %53, %38 ve %9 olduğu tespit edilmiştir. Popülasyon alel frekansları bakımından incelendiğinde Morkaraman koyun ırkında C allelinin 0,69 ve T allelinin 0,31, Tuj koyun ırkında C allelinin 0,72 ve T allelinin 0,28 olduğu belirlenmiştir.

Sonuç: Morkaraman ve Tuj ırkı koyunlardan alınan kıl örneklerinden *PCR-RFLP* yöntemi kullanılarak DGAT1 genotipleri tespit edilmiştir. İncelenen koyun ırkları popülasyonunda DGAT1 gen lokusu dağılımının Hardy-Weinberg genetik denge testine göre dengede olduğu gözlenmiştir. DGAT1 gen polimorfizmi açısından belirlenen genotip ve alel frekansları, ırkların genotip çeşitliliğini ortaya koymada yeterli olduğu tespit edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: DGAT1, Tuj, Morkaraman, polimorfizm, *PCR-RFLP*

Aralık 2021, 47 sayfa

ABSTRACT

MASTER THESIS

DGAT1 GENE POLYMORPHISM IN MORKARAMAN AND TUSHIN SHEEP BREEDS

İremnur AYDIN

Advisor: Doç. Dr. Sinan KOPUZLU

Purpose: The aim of this study is to investigate the polymorphism of Diacylglycerol acyltransferase1 (DGAT1) gene locus in Morkaraman and Tushin sheep raised at Atatürk University Food and Livestock Application and Research Center Farm and to determine the distribution of genotype and allele frequencies of sheep in terms of related genes.

Method: DGAT1/Alu1 genes polymorphism were defined by using the PCR-RFLP method in the DNAs isolated from hair samples taken from 124 Morkaraman and 100 Tuj sheep used in this study. PCR- RFLP products were run in electrophoresis medium and the results were visualized as bands in an ultraviolet (UV) device. In the study, distributions of the genotype and allele gene frequency of the population were calculated and it was tested whether the populations comply with the Hardy-Weinberg genetic equilibrium test.

Findings: According to the Hardy-Weinberg genetic equilibrium test, it was observed that the distribution of genotype frequencies was in balance ($P>0,05$) in the population studied. The CC, CT and TT genotype frequencies of the DGAT1 gene in the population were found to be 50%, 38% and 11.3% for Morkaraman sheep breed, 53%, 38% and 9% for Tuj sheep breed, respectively. When the population was examined in terms of allele frequencies, it was defined that the C allele and the T allele were 0.69 and 0.31 for Morkaraman sheep, 0.72 and 0.28 for the Tuj sheep, respectively.

Results: DGAT1 genotypes were determined using the PCR-RFLP method from hair samples taken from Morkaraman and Tushin sheep. It was observed that the distribution of the DGAT1 gene locus in the examined sheep breed population was in balance according to the Hardy-Weinberg genetic equilibrium test. The genotype and allele frequencies determined in terms of DGAT1 gene polymorphism were found to be sufficient to reveal the genotype diversity of the breeds.

Keywords: DGAT1, Tuj, Morkaraman, polymorphism, PCR-RFLP

December 2021, 47 pages

İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY TUTANAĞI.....	i
TEŞEKKÜR	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	v
İÇİNDEKİLER.....	vi
TABLolar DİZİNİ.....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	x
GİRİŞ.....	1
KURAMSAL TEMELLER VE İLGİLİ ARAŞTIRMALAR	5
Morkaraman Koyun Irkı	5
Morkaraman Koyununun Morfolojik Özellikleri	5
Vücut Özellikleri.....	6
Tuj Koyun Irkı	6
Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	11
RFLP (Restriksiyon Fragment Length Polymorphism/Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi)	12
Literatür Özetleri	13
MATERYAL VE YÖNTEM	19
Materyal	19
Yararlanılan alet ve cihazlar.....	19
Yöntem.....	19
Hayvanlardan kıl alımı	19
Kullanılan çözeltiler	19
Genomik DNA izolasyonu.....	20
PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) işlemi	20
PCR ürünlerinin gözlenmesi	21
Restriksiyon enzimiyle DNA'ların kesimi	21
Örneklerin yüklenmesi ve yürütme işlemi	22
Verilerin analizi.....	22
ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	24
DNA'nın Kantitatif Tayini	24
PCR sonuçlarının gözlenmesi	24

PCR-RFLP Sonuları.....	25
Gen ve Genotip Frekansları ile Genetik Denge Testi Sonuları.....	25
SONULAR VE NERİLER	29
KAYNAKA	30
ZGEMİŞ.....	34



TABLÖLAR DİZİNİ

Tablo 1. Türkiye Koyun Varlığı	2
Tablo 2. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri	7
Tablo 3. DGAT1 Genine Ait Primer Dizilimi	21
Tablo 4. Morkaraman ve Tuj Koyununda DGAT1 Gen Bölgesi İçin PCR Programı	21
Tablo 5. Restriksiyon Enzimi, Tanıma Bölgesi ve Beklenen Bant Uzunluğu.....	22
Tablo 6. Bazı Genomik DNA Örneklerine Ait Kantitatif Sonuçlar	24
Tablo 7. Morkaraman ve Tuj Irkı DGAT1 Geni Genotip ve Allel Gen Frekansları	25
Tablo 8. Hardy-Weinberg Genetik Denge Testi Sonuçları.....	27



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1. Türkiye’de yıllara göre koyun varlığı	3
Şekil 2. Morkaraman ırkı koyunu	5
Şekil 3. Tuj koyun ırkı.....	7
Şekil 4. PCR basamakları.....	12
Şekil 5. PCR ürünlerinin agaroz jel görünümü	24
Şekil 6. DGAT1 genine ait PCR-RFLP jel görüntüsü	25
Şekil 7. Morkaraman ve Tuj koyun ırkı DGAT1 geni <i>AluI</i> polimorfizmine ait genotip frekansları.....	27
Şekil 8. Morkaraman ve Tuj koyun ırkı DGAT1 geni <i>AluI</i> polimorfizmine ait allel gen frekansları.....	27

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

%	: Yüzde
<	: Küçüktür
>	: Büyüktür
°C	: Santigrat Derece
A	: Adenin
Bç	: Baz Çifti
C	: Sitozin
cm	: Santimetre
DGAT1	: Diacylglycerol Acyltransferase1
dH₂O	: Double-Distilled Water
dk	: Dakika
dNTP_s	: Deoksinukleosid Trifosfat
EDTA	: Ethylene Diamine Tetra Acetic Acid (Etilendiamin Tetra Asetik Asit)
EtBr	: Ethydium Bromide (Etidyum Bromid)
g	: Gram
G	: Guanin
He	: Expected Heterozygosity (Beklenen Heterozigotluk)
Ho	: Observed Heterozygosity (Gözlenen Heterozigotluk)
H-W	: Hardy Weinberg
Kg	: Kilogram
M	: Markör
MAS	: Marker Asisted Selection (Markör Destekli Seleksiyon)
MgCl₂	: Magnezyum Klorür
ml	: Mililitre
ng	: Nanogram
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
QTL	: Kantitatif Özellikli Lokus
RBC	: Red Blood Cell
RE	: Restriksiyon Enzimi
RFLP	: Restriction Fragment Lenght Polymorphism (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizm)
rpm	: Rotor Per Minute (Bir Dakikadaki Rotor Devir Sayısı)
sn	: Saniye

T	: Timin
TBE	: Tris Borik Asit EDTA
UV	: Ultra Violet (Ultra Viole)
V	: Volt
μl	: Mikrolitre
χ²	: Ki-kare



GİRİŞ

Dünya nüfusu yıllar boyunca sürekli artmakta ve günümüzde de artmaya devam etmektedir. Dünya nüfusu yaklaşık 10-12 bin yıl önce 80 milyon, 1650'li yıllarda 500 milyon, 1750'lerde 750 milyon ve 1950'lerde 2,5 milyar olduğu belirlenmiştir (Çamurcu 2005). Dünya nüfustaki artış her yıl ortalama 97 milyon kadar olduğu ve bu artışın paralelinde birleşmiş milletler nüfus tahminlerine göre 2020 yılında dünya nüfusunun 7,8 milyara yaklaştığı bildirilmiştir (TUİK 2021). Dünya bankası verilerine göre son 20 yılda dünya nüfusu artış hızı yaklaşık %1,2 civarında olmuştur (Anonymous, 2021). Gelişmekte olan ülkelerde giderek artış gösteren nüfusun kalkınma hızlarının yavaşlamasına, kaynakların azalmasına, sosyal ve ekonomik sorunların artmasına neden olacağı tahmin edilmektedir (Çamurcu 2005).

Dünya'da Gıda Güvenliği ve Beslenme Durumu raporunda, 2019 yılında 690 milyona yakın insanın açlıkla karşı karşıya geldiği tahmin edilmektedir. Ürünlerin yüksek maliyet ve insanların düşük satın alma gücü, milyarlarca kişinin sağlıklı beslenemediğini göstermektedir. Bu problemin çözülmesinde tüketicilere daha kaliteli protein, üreticilere ise daha düzenli bir gelir imkanı sunan hayvancılık sektörü son derece önemli etkilere sahiptir. İnsan beslenmesinde en kıymetli ürün kolunu hayvansal orijinli ürünler oluşturmaktadır. İnsanların sağlıklı ve dengeli beslenmelerinde büyük katkısı olan bu ürünlerden sağlanan hayvansal proteinlerin yerini farklı bir tarımsal ürün alamamaktadır (Gürer ve Ören 2013).

İnsanların yeterli ve dengeli beslenmesinde hayvansal ürünler büyük bir rol oynar. Sağlıklı beslenmede vücudun temel gereksinimi olan karbonhidrat, protein, yağ gibi besin maddelerinin oranlı bir şekilde tüketilmesi gerekmektedir. Tüketilen toplam protein miktarının %40'ının hayvansal kaynaklı olması gerekmektedir. Kırmızı et, hayvansal proteinin en temel kaynaklarından biridir. Türkiye'de kırmızı etin kaynağını sığır, koyun, keçi ve manda oluşturmaktadır (Turhan vd 2010). Türkiye'de kişi başı kırmızı et tüketim miktarını gelişmiş ülkelerle karşılaştırdığımızda daha düşüktür. 2018 yılı itibariyle son 5 yılda kırmızı et tüketimi incelendiğinde kişi başı yıllık tüketimi 2012 yılında 12,4 kg, 2014 yılında 12,9 kg, 2017 yılında 14,1 kg ve 2018 yılında ise 14,84 kg civarında olmuştur. Tüketilen kırmızı etin miktarının yaklaşık 13,3 kg'ını dana eti ve 1,5 kg'ı ise küçükbaş eti oluşturmuştur. Kişi başı küçükbaş et tüketim ortalaması Dünyada 1,7 kg civarında olup bu değer bakımından 8,5 kg ile Avusturalya ve 6,6 kg ile Uruguay dünyada en yüksek değere sahiptir (TEPGE 2021).

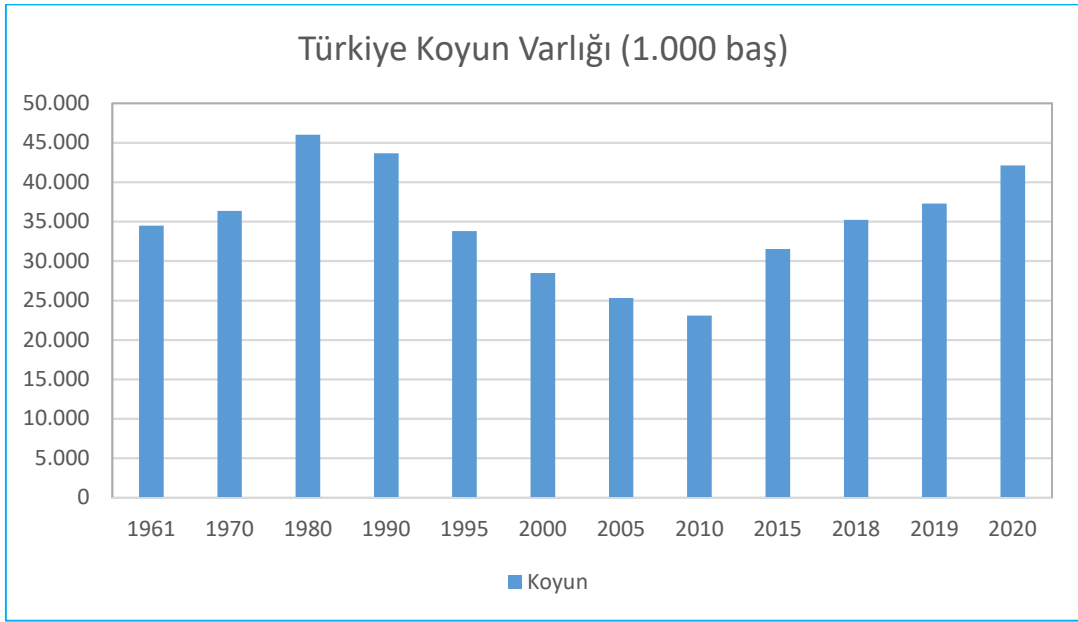
Günümüzde ülkelerin gelişmişlik göstergesi olarak hayvansal ürünlere ihtiyaç duyulma düzeyi dikkate alınmaktadır. Bunun sebebi et, süt ve yumurta gibi hayvansal proteinli gıdaların insan beslenmesinde büyük öneme sahip olmasıdır. Gelişmekte olan ülkelerde ekonomik ve sosyal gelişimine paralel olarak hayvansal ürünlerin tüketim şekillerinin değişimi ile tüketim miktarlarının da gün geçtikçe artış gösterdiği görülmektedir (Yılmaz ve Yılmaz 2012).

Hayvancılık sektörü, yeterli ve dengeli beslenmede önemli role sahip olmasının yanı sıra ulusal geliri ve istihdamı artıran, et, süt, tekstil, deri, kozmetik ve ilaç sanayi dallarına hammadde sağlayan, kalkınmaya katkıda bulunan ve ihracat yoluyla döviz gelirlerini artırma gibi kayda değer ekonomik ve sosyal özelliklere de sahiptir. Ayrıca hayvancılık sektörü bugün ilgili sanayi dallarında yeni istihdam alanlarının genişlemesi ve üretimde hayvansal orjinli ürünlerin işlenerek ekonomiye ilave katkısı oluşturması bakımından da büyük öneme sahiptir (TİGEM 2020).

2019 yılı istatistiklerine göre dünyada küçükbaş popülasyonu yaklaşık 2,3 milyar varlığa sahiptir. Geçmiş yıllara bakılarak bir ölçümleme yapıldığında, dünyada 1970 yılından 2019 yılına kadar geçen 50 yıllık süreçte koyun ve keçi varlığında yaklaşık %62 oranında bir artış olduğu gözlenmiştir (TİGEM 2020). TÜİK verilerine göre (Tablo 1; Şekil 1) Türkiye’de koyun varlığında 1961 yılından 1990 yılına kadar yaklaşık %27 oranında artış, 1990 yılından 2010 yılına kadar yaklaşık %47 oranında azalış ve 2020 yılı itibariyle son 10 yılda ise %83 oranında bir artış olduğu anlaşılmaktadır (Anonim 2021).

Tablo 1. Türkiye Koyun Varlığı (Baş) (TÜİK 2020)

Yıllar	Koyun
1961	34.463
1970	36.351
1980	46.026
1990	43.647
1995	33.791
2000	28.492
2005	25.304
2010	23.090
2015	31.508
2018	35.195
2019	37.276
2020	42.127



Şekil 1. Türkiye’de yıllara göre koyun varlığı (1.000 Baş)

Türkiye’de belli bölgelere uyum sağlamış ya da hemen hemen her bölgede yetiştiriciliği yapılabilen koyun ırkları mevcuttur. Hayvansal ürün ihtiyaçlarından et üretiminin %13’ü, süt üretiminin de %8’i koyun ve keçiden karşılanmaktadır. Et tüketiminin giderek arttığı ülkemizde koyun-kuzu etine olan talep de giderek artmaktadır (Gözyuman 2018).

Hayvansal kökenli proteinler insanın büyümesi, gelişmesi ve sağlıklı kalabilmesi ile birlikte beyin gelişimi açısından da önemli olan sekiz aminoasidi bünyesinde barındırmaktadır. Hayvansal kökenli besinlerdeki protein miktarları ette ve sütte sırasıyla %15–20 ve %3-4 oranındadır. Dünya Sağlık Örgütü (WHO) verdiği veriye göre sağlıklı bir insanın vücut ağırlığının her kilogramına karşılık günde 1 gr protein tüketmesi gerektiğini toplam tüketilen proteinin ise %42’sinin hayvansal kaynaklı olmasını önermektedir (TİGEM 2020). Et üretiminin dünyada yaklaşık olarak %64’ü kırmızı et tüketiminden oluşmakta ve bu oranın %4’ünün koyun eti oluşturmaktadır. Kırmızı et tüketiminde koyun eti, sığır eti tüketiminin alternatifi olarak birinci sıradadır. (Kocaman 2015).

Koyunculuk ülkemiz çiftçisinin geçmişten günümüze kadar geçim sağladığı en değerli hayvan yetiştiriciliği kollarından biridir. Ülke ekonomisinde koyun yetiştiriciliği et, süt, yün ve deri üretimi açısından önemli rol oynamaktadır. Özellikle Doğu ve Güney Doğu Anadolu Bölgeleri’nde yaşayan halkın temel gelir kaynağını koyunculuk oluşturmaktadır (TİGEM 2020). Erzurum ilinde rakımın yüksekliği, ekolojik şartlar ve iklimin bitkisel tarım üretimini sınırlaması, doğal su kaynakları, geniş çayır-mera alanları ve bitki florasının zenginliği, yem bitkisi üretiminin yapılması, hayvancılık kültürünün varlığı, çoğunlukla mera hayvancılığının yapılması ve bunun sosyo-ekonomik duruma etkisine bakıldığında genel olarak hayvancılık ve hayvancılıkta da küçükbaş hayvancılığı ön plana çıkarmıştır (Kopuzlu vd 2016). Erzurum’da

yetiřtirilen koyun ırklarından Morkaraman koyunu en fazla yetiřtiricilięi yapılan ırktır. Nitekim 2020 yılı verilerine gre Erzurum’da koyun varlıęı 799,154 bař ve bu varlıęın 361,453 bařı Morkaraman (%45,2) ırkı koyunu 408.551 bařı melez Morkaraman koyunu (%51,1) ve geri kalan kısmı 29150 bařı (3,7) ise dięer koyun ırklarından oluřmaktadır Aynı yıl itibariyle ilin toplam koyun varlıęı oranı iinde olduęu Kuzey Doęu Anadolu Blgesi’ne gre %18,1 civarında belirlenmiřtir (TUIK 2020).



KURAMSAL TEMELLER VE İLGİLİ ARAŞTIRMALAR

Morkaraman Koyun Irkı

Morkaraman ırkı Doğu Anadolu Bölgesi'nin genelinde özellikle Erzurum, Kars, Ağrı, Muş ve Van illerinde yetiştirilmektedir. Bulunduğu yerin çevre şartlarına adapte olabilen, dayanıklı, yaşam gücü yüksek olan Morkaraman ırkı ülke koyun sıralamasında Akkaraman ırkından sonra ikinci sırada bulunur. Morkaraman koyununun analık içgüdüğü, yürüme ve otlama yeteneği oldukça iyi aynı zamanda sevk ve idaresi kolaydır. Eğimi yüksek yerleri oldukça iyi değerlendirir (Soysal 2010).



Şekil 2. Morkaraman ırkı koyunu (Anonim 2009)

Morkaraman Koyununun Morfolojik Özellikleri

Morkaraman Koyun ırkı sağlam ve iri vücut yapısına sahiptir. Genel olarak göğüs yapısı dar, düşük sağırlı ve uzun bacaklı görünümündedir. Sağrı yüksekliği cidago yüksekliğinden biraz daha yüksektir. Yüz ve baş kısmı genel olarak yapağısız, karın ve boyun kısmı ile bacak kısmı bilekden bukaliğe kadar çıplaktır. Irkta yüksek bacak yapısı değişiklik göstermektedir. Morkaraman ırkının sahip olduğu belirgin özelliklerinden biri olan vücut örtü rengi kıızıdan mora kadar değişmekle birlikte göz, ağız ve burun etrafı daha açık, baş ve ayaklar vücuda göre daha koyu renklidir. Irkın kuzuları doğumda mordan siyaha kadar değişen ve bazen de daha açık renkle doğarlar. Morkaraman koyunlarında baş , vücuda nazaran daha uzun ve öne doğru incelmış bir yapı gösterirler. Burun dişilerde az veya çok erkeklerde belirgin şekilde dışbükeydir. Koçlar genellikle tipik koçbaşlıdır. Bu ırkın erkekleri çoğunlukla boynuzlu olup

boynuzlar büyük helezoni, dişileri ise çoğunlukla küçük boynuzlu olup boynuzsuzlukta görünmektedir. Morkaraman Koyunu yağlı kuyruklu koyun ırkları sınıfında olup büyük bir kuyruk yapısına sahiptir. Kuyruk omurları iki defa bükülme yaptığından kuyruk dışardan bakıldığında yatık S şeklinde görülmektedir. Bükülmeler genellikle 3. ve 8. omurlarda olmaktadır. Kuyruğun şekli ve topladığı yağ miktarı bölgeye ve bakım besleme durumuna göre değişiklik göstermektedir (Köprücü 1975; Geliyi ve İlaslan 1978; Ulusan ve Aksoy 1996; Macit ve Aksoy 1996; Esenbuğa ve ark. 1998).

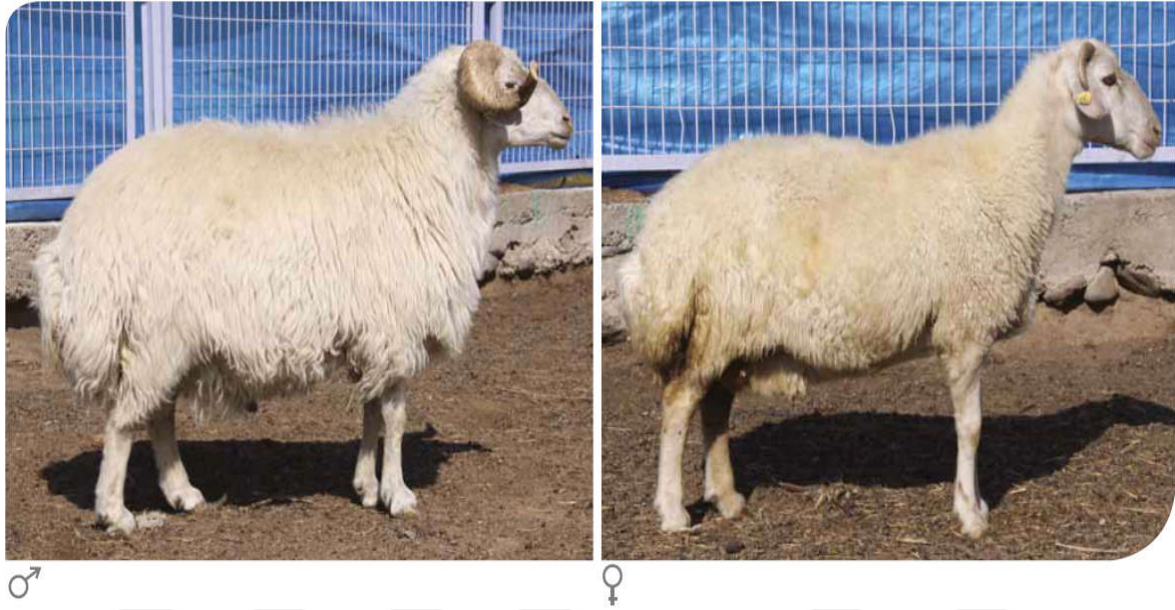
Vücut Özellikleri

Tellioğlu ve Sezer (1976), Ulusan ve Aksoy (1996), Macit ve Aksoy (1996), Esenbuğa ve ark. (1998) ve Kopuzlu ve ark. (2014) bu ırkın erkek ve dişilerindeki vücut ölçü ortalama değerleri sırasıyla sağrı yüksekliği için 77 ve 71 cm, cidago yüksekliği için 75 ve 68 cm, vücut uzunluğu için 72 ve 67 cm, sırt yüksekliği için 75 ve 73 cm, göğüs derinliği için 36 ve 34 cm, göğüs çevresi için 107 ve 91 cm, ön incik çevresi için 10 ve 8 cm ve kürekler arkası göğüs genişliği için 26 ve 22 cm olarak bildirilmiştir. Morkaraman koyunlarda eşeyssel olgunluk yaşı 7-8 ay olup 18 aylık yaşta damızlıkta kullanılmaktadır. Sürülerde ikizlik oranı %4-8, ortalama doğum oranı %90, döl verimi 1,02-1,20 arası ve süttten kesim dönemine kadar yaşama gücü oranı %91,3 olarak bildirilmiştir. Kuzuların ortalama doğum ağırlığı 3-4 kg iken, 90 günde süttten kesilen kuzularda canlı ağırlık 20 kg'dır. Ergin canlı ağırlık ortalaması koçlarda 50 ile 60 kg arasında iken koyunlarda 40 ile 60 kg aralığındadır. Süt verimi 130-150 günlük sağım süresinde ortalama 50 ile 80 kg arasında süt vermektedirler. Bu ırkın yapağı tipi incelendiğinde kaba karışık halı tipinde olduğu bildirilmektedir. Kirli gömlek ağırlığı ortalaması 1,5-2,0 kg arasındadır. Yapağılarda ortalama randıman %63-72, incelik 29-34,5 mikron, lüle uzunluğu 9,97 cm ve sortıman 50-36'S arasındadır. Bölgede yetiştiriciler, meraya dayalı olarak koyun yetiştiriciliği ve kuzu besiciliği yapmaktadırlar. Mevcut şartlarda beside ortalama günlük canlı ağırlık artışı yaklaşık 200 gr, ortalama sıcak karkas ağırlığı 21 kg ve sıcak karkas randımanı ise %49 civarında tespit edilmiştir.

Tuj Koyun ırkı

Tuj koyunu, daha çok kuzeydoğu illeri olan Kars, Çıldır ilçesi, Ardahan ve Iğdır illerinde yetiştiriciliği yapılan ırktır. Genellikle küçük yapılı olan bu ırkta vücut yapağı örtüsü parlak ve beyaz rentedir. Yapağı örtüsü, alnın göze kısmına kadar devam etmektedir. Burun, göz ve ağız etrafı ile ayaklarında siyah pigment bulunmaktadır. Erkekler boynuzlu olup boynuzlar öne doğru helezonik bir yapı gösterirler. Dişiler ise boynuzluluk görünmez, azda olsa boynuzluğa da rastlanmaktadır. Oyluğu yağlı koyun ırkları arasında yer alır. Kuyruğu oldukça

kısa ve kuyruk omurları orta kısımda yukarıya doğru bükülmüş, ince ve yağsız kuyruk ucu aşağıya doğru yönelmiş görünümündedir. Bu özelliğinden dolayı kuyruğu yapağısız ve çıplaktır. Bu ırk sürü halinde birlikte otlatılmakta olup analık içgüdüğü iyi olması yanı sıra uzun yol yürüme yeteneğide oldukça iyidir. Yapağısı incelik ve uzunluk bakımından bir örneklik gösterir. Dağlık, yüksek rakımlı ve engebeli arazi şartlarına sahip bölgelerde yetiştiriciliği yapılabildiği için meraları iyi değerlendiren bir ırk olarak bilinir. Bu ırk kombine verim yönlü olup sırasıyla et, yapağı ve süt şeklindedir (Anonim 2009).



Şekil 3. Tuj koyun ırkı (Anonim 2009)

Aşağıdaki Tablo 2’de Tuj koyunlarının vücut ölçüleri ve verim özelliklerine ait değerler verilmiştir.

Tablo 2. Vücut Ölçüleri ve Verim Özellikleri (Anonim 2009)

	Erkek	Dişi		Dişi
Cidago Yüksekliği (cm)		61	Laktasyon Süt Verimi (kg)	45
Vücut Uzunluğu (cm)		71	Laktasyon Süresi (gün)	124
Doğum Ağırlığı (kg)	3.8	3.7	Yapağı Verimi (kg)	2.0-2.5
18 aylık Canlı Ağırlık (kg)	50-55	45-50	Karkas Ağırlığı (kg)	20
Günlük Canlı Ağırlık Artışı (g)	190		Kuzu Verimi	1.2

Koyun yetiştiriciliğinde verimliliği artırmak için temel iki yöntem sırasıyla koyunlara iyi çevre şartları sağlamak ve genetik değerini yükseltmek diğer bir ifade ile genotipi ıslah etmektir. Genotip ıslahı kalıcı ve sürekli olması özelliğinden dolayı hayvan ıslahında öneme sahiptir. Türkiye’de koyun varlığının genetik ıslahı çalışmaları Merinoslaştırma çalışmaları ile Cumhuriyet’in kuruluşu ile başladığı söylenebilir. Daha sonraki dönemlerde ise koyun

ırklarımızın kuzu, et ve süt verim bakımından da ıslah uygulamaları başlatılmıştır. Bu çalışmalar kapsamında devlet eliyle çoğunlukla melezleme çalışmaları yürütülürken diğer taraftan bu melezlemelerde temel genetik materyal olarak yerli koyun ırklarının verimlerinin saf yetiştirme ve seleksiyon çalışmaların yapıldığı çeşitli yayınlarla ortaya konmuştur (Sönmez vd 2009). Türkiye’de koyun ırklarının genetik ıslahı çalışmalarında, araştırmacılar başlıca iki temel husus dikkate almışlardır. İlki doğa ve iklim şartları, işletme yapıları ve pazar taleplerinin farklı oluşu, koyunculuk işletmelerinde aynı ırkın ya da aynı tipin yetiştirilmesine uygun olmayışı gerçeği nedeniyle ıslah çalışmalarında, çeşitli genetik yapılarda damızlık hayvan üretimine gidilmiştir. İkincisi ise, işletmelerde mevcut koyun varlığının verimliliği dikkate alınmasıyla durumlarının değerlendirilmesidir. Bir takım çalışmalarda Türkiye’nin farklı bölgelerinde, hangi verim tipinde ve ne miktarlarda damızlık gereksinim duyulduğunu ortaya koyan araştırmalar yapılmaya çalışılmıştır (Kaymakçı ve Taşkın 2008).

Çalışmalarda moleküler genetik ile birlikte fenotipik verileri kullanarak hayvanların performansını artırmak mümkün olmuştur. Evcil hayvanlarda kantitatif özellikler, her birinin minor etkileri olan birçok gen tarafından kontrol edilir, ancak bazı genlerin özel bir performansındaki önemli tesiri olan major etkileri vardır. Bu genlerdeki mutasyonlar bazen fenotipin ifadesinde bir değişikliğe yol açabilir. Bu nedenle, hayvan popülasyonundaki aday genlerin ve mutasyonların tanımlanmasında performans özelliklerini iyileştirmede önemli bir adım olabilir (Nanekarani *et al.* 2016).

Koyunlar üzerinde yapılan nicel genetik araştırmalar, kuzuların doğum ağırlığı üzerinde bazı genetik faktörlerin etkili olduğunu gösterilmektedir. Çeşitli koyun ırklarında kuzu doğum ağırlığının kalıtsallığının 0,15 ile 0,24 arasında olduğu bildirilmektedir (Safari 2005). Bu nedenle, genomik seçimin uygulanması, kuzu doğum ağırlıklarının iyileştirilmesi için başarılı bir yaklaşım olarak kabul edilir. Besi hayvanı yetiştiriciliğindeki küçük etkiye rağmen, koyun da dahil olmak üzere farklı besi hayvan türlerinin genetik değerinin doğru tahmin edilmesine yardımcı olmak için büyüme gibi bazı poligenik özelliklerin iyileştirilmesinde kullanılacak bazı aday genlerin yardımcı olduğu bildirilmektedir (Dekkers 2004; Ranjbari *et al.* 2012).

Moleküler genetik teknikleri QTL (Quantitative Trait Locus-Kantitatif özellikli lokus)’deki çeşitlilikle verim özellikleri arasındaki ilişkilerin belirlenmesine ve çeşitli lokuslardaki genetik varyasyonun tanımlanmasına imkan sağlar. Seleksiyonda amaç hayvanın genetik değerini daha fazla doğrulukta tahminleme ve dolayısıyla seleksiyon sonucu oluşan genetik kazancı yükseltmektir. Araştırmalarda fenotiple ilgili fizyolojik olayları etkileyen genlerdeki varyasyonlar söz konusu fenotipteki kantitatif varyasyonlara etkili olabileceği söylenmiştir (Tambasco vd. 2003).

Çiftlik hayvanlarında gelişen moleküler genetik teknolojileri ile verimi etkileyen genetik yapıyı tanımlamada moleküler düzeyde kullanılan belirteçler markör olarak adlandırılır. Markörler genetik kaynak olarak kullanılabilen popülasyonların belirlenebilmesi, kimliklendirilmesi ve koruma programları için avantaj sağlar. Markörlerin tanımlanmasıyla MAS (Markör Destekli Seleksiyon = Marker Assisted Selection) programlarında kullanılmak üzere çeşitli moleküler belirteçler ve her bir belirtecin moleküler düzeyde tanımlanmasını sağlayan farklı moleküler genetik yöntemler geliştirilmiştir (Öner vd. 2011). MAS ile ıslah edilmesi istenilen ırkta elde edilmesi amaçlanan genetik ilerleme, klasik seleksiyon yöntemlerine göre daha hızlıdır (Reis *et al.* 2001). Ayrıca istenilen belirteç alleline sahip bireylerin seçimi ile damızlık seçiminde daha çok doğruluk ve isabet sağlanabilmiştir (Unanian *et al.* 2002).

MAS'ın yaygınlaşmasıyla klasik ıslah programlarında çalışılacak hayvan miktarını, işçiliğini, süreyi ve bakım masrafını azaltarak maliyeti de düşüreceğinden işletmelerin daha fazla kar elde etmesini sağlayacaktır. Bu uygulanada temel amaç değişik belirteç genleri kapsayarak yapılacak seleksiyon sonucunda daha hızlı bir genetik gelişme sağlamak ve birim hayvandan elde edilmesi beklenen verim seviyesini yükseltmektir. MAS ile çiftlik hayvanlarında sağlanacak genetik ilerleme hız oranının %15-30 civarında artış sağlayabileceği ifade edilmiştir. Çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde, moleküler belirteçlerdeki polimorfizmlerle çeşitli verim özellikleri arasındaki ilişkilerin incelendiği çalışmalarda önemli rol oynamaya başlamıştır. Diğer taraftan fenotipik özellikler ve belirteç genlerdeki polimorfizimler ırkların karakterizasyonunda da yararlanılmaktadır. Bunun yanı sıra genetik seçim ve farklı ırklar arasındaki evrimsel ilişkilerin belirtilmesinde de aday genlerdeki genetik polimorfizimler önemli bir araştırma konusu olmuştur. Bu genlerden birisi de Diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1) genidir (Bal ve Akyüz 2014).

DGAT1, adipositlerde trigliseritlerin sentezinde görev alan bir enzimdir. Bu enzimi kodlayan DGAT1 geni birçok dokuda bulunur, ancak ağırlıklı olarak yağ dokusunda ve ince bağırsakta bulunur (Buhman *et al.* 2002). Yapılan çalışmalarda, koyun ve sığır karkaslarında DGAT1 geni ile yağ birikimi arasında bir ilişki olduğunu ifade edilmiştir. Koyunlarda süt yağı içeriği için varsayılan bir seçenek gen olarak DGAT1 geni gösterilmiştir (Curi *et al.* 2011; Mohammadi *et al.* 2013). Ancak, DGAT1 genindeki SNP'ler ile koyun eti verimliliği arasındaki ilişkiyi araştıran çalışmalar azdır. Mogan İran koyun ırkı ile yapılan çalışmalardan birinde, DGAT1 geninin 17. ekzonundaki polimorfizm ile karkas ağırlığı arasında bir bağ olduğu bildirilmiştir (Noshahr and Rafat, 2014). DGAT1, yağ metabolizmasındaki önemli

görevi nedeniyle, sütü koyun ve keçilerinde süt yağı içeriği ve karkas özelliklerinden dolayı aday bir gendir (Sadeghi *et al.* 2020).

Farelerde DGAT1 geninin süt verimi üzerinde etkisinin incelendiği bir çalışmada, genin her iki kopyasının çıkarıldığı farelerde laktasyonun olmadığı gözlenmiş ve bunun sebebinin meme bezinde trigliserid sentez yetmezliğinden veya sentez reaksiyonunun bozulmasından kaynaklanmış olabileceği bildirilmiştir. Bu araştırma sonunda DGAT1 geninin memeli canlılarda süt verim özellikleri için fonksiyonel bir belirteç gen olabileceği belirtilmektedir (Winter *et al.* 2002).

DGAT1 hücrel gliserolipidlerin metabolizmasında merkezi bir rol oynar (Cases *et al.* 1998) ve aynı zamanda hayvan ırklarının yağ birikiminde anahtar bir modulator görevi görür. DGAT1'in aşırı ekspresyonu, beyaz yağ dokusunda, iskelet kasında ve karaciğerde dokuya özgü bir şekilde hücrel triasilgliserid depolamasının artmasına neden olur ve böylece hücre içi diasilgliserol (DAG) ve serbest yağ asitlerinin miktarlarını sınırlar (Mahrous *et al.* 2015).

DGAT1, trigliserit sentezinin son aşamasını katalize eden mikrozomal bir enzimdir (Winter *et al.* 2002). Triasilgliserol sentezi ve enerji depolamasındaki rolü nedeniyle, DGAT1 ayrıca bağırsak yağ emiliminde, lipoprotein düzenleğinde ve plazma triasilgliserol konsantrasyonlarının düzenlenmesinde, adipositlerde yağ depolanmasında, kaslarda enerji metabolizmasında ve memeli oositleri de dahil olmak üzere süt üretiminde rol oynar (Cases *et al.* 1998). DGAT1 geni, yağ dokusu ve ince bağırsakta en yüksek ekspresyon seviyelerine sahip birçok dokuda yaygın olarak bulunur (Chen and Farese 2000; Buhman *et al.* 2002).

DGAT, hücrel triasilgliserollerin biyosentezinde merkezi bir rol oynayan mikrozomal bir enzimdir. Substrat olarak diasilgliserol ve yağlı acyl koenzim A kullanarak triasilgliserol sentezinde terminal ve sadece kararlı adımı katalize eder (Cases *et al.* 1998). DGAT1, memeli trigliserit sentezindeki son adımı katalize ederek bilinen iki DGAT enziminden biridir. Koyun DGAT1 geni, 9. kromozom üzerinde yer alır ve koyunlarda et kalite özelliklerini geliştirmeye aday genlerden biridir (Nanekarani *et al.* 2016). Bu gen, 489 amino asitli bir polipeptidi kodlayan yaklaşık 1470 nükleotid içerir (Xu *et al.* 2008).

Et gevrekliği, et üretiminde kritik bir konudur çünkü tüketici memnuniyeti üzerinde büyük bir etkiye sahiptir. Gevreklik, karkasın hem deri altı hem de kas içi yağ içeriği ile

ilişkilidir. Bu nedenle, yağ asidi metabolizmasına içinde olan genler, et hassasiyeti için potansiyel aday genler olarak kabul edilir. Trigliserid sentezinde son aşamayı katalizleyen anahtar enzim olarak acyl-asetil koenzim A DGAT1, trigliserolipidlerin metabolizmasında

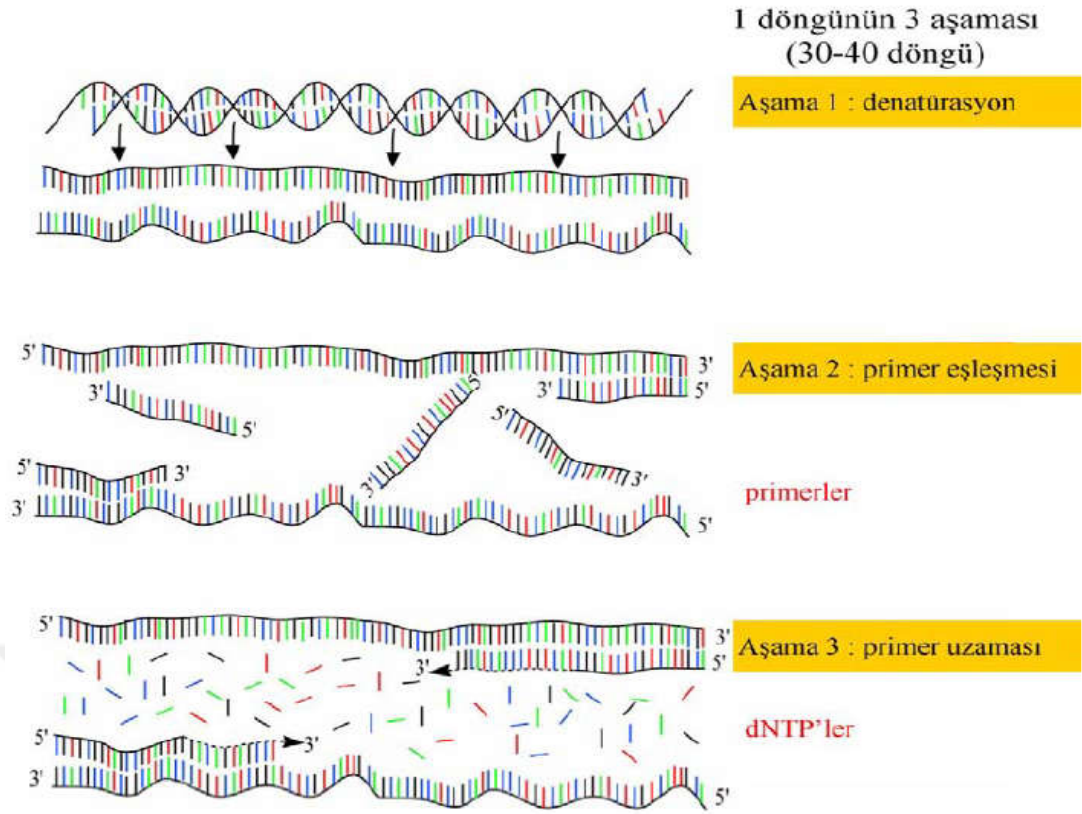
önemli bir rol oynar. DGAT1 transkripti sadece meme bezi ve yağ dokusunda değil, aynı zamanda iskelet kası dokusunda da tespit edilmiştir (Xu *et al.* 2008).

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

PCR, DNA ya da RNA üzerinde seçilen bir veya daha fazla bölgenin otomatik thermocycle sistem vasıtasıyla in vitro koşullarda çoğaltılma yöntemidir. PCR yönteminde amaç, dizilimi bilinen iki bölge arasında bulunan bir DNA parçasını çoğaltmaktır (Devrim ve Kaya 2004). Bu yöntemde bir döngü 3 basamakta gerçekleşir bunlar;

Denaturasyon: DNA moleküllerinin sıcaklıkla birbirinden ayrılmasıdır. G+C'ce sayısı fazla dizilerde denaturasyon ısısı yükselebilir. Denaturasyonun tam gerçekleşmemesi durumda verim düşer. DNA' nın uzun süre yüksek sıcaklıklarda bekletilmesi ise DNA polimeraz aktivitesini düşürür (Devrim ve Kaya 2004). Denatürasyon işlemi genellikle 94°C -97°C sıcaklığı arasında 15-60 sn kadar sürede gerçekleştirilir. İlk denaturasyon tek döngü olarak 5-15 dakika olarak uygulanır (Genç 2007).

Primer Yapışması (Annealing): Reaksiyonun bu aşamasında primerler bağlanır. Yapışma sıcaklığı, PCR'ın gerçekleşmesi için önemli bir değişkendir. Her oligonükleotid için karakteristik olan yapışma sıcaklığının tespit edilmesinde, oligonükleotidin uzunluğu ve reaksiyon buffer'ının iyonik gücü kadar primerin baz kompozisyonu da elzemdir. PCR karışımında var olan 5'→3' ve 3'→5' yönündeki iki primer, denaturasyon sonrası birbirinden ayrılan iplikçiklerdeki kendi komplementer alanlarına spesifik olarak bağlanır. Bu işlem 50°C-65°C arasında 30-60 sn sürede tamamlanır. Bağlanma sıcaklığının çok yüksek olduğu hallerde primer bağlanması şekillenmezken, sıcaklığın çok düşük olduğu durumlarda da primerler yanlış yerlere bağlanabilir veya primer dimerleri oluşabilir (Caner ve Çarlı 2001).



Şekil 4. PCR basamakları (Vierstraete 1999)

Primer Uzaması (Extension): Primer uzaması 5'→3' yönünde olup, uzama hızı 35-100 nükleotid/saniyedir. Uzama zamanı; hedef dizinin derişimine, uzunluğuna ve ısıya bağlıdır. En uygun sıcaklık 72 °C de 1 dakikadır. 1 dakikada 2 kb' a kadar uzama sağlanabilir (Devrim ve Kaya 2004). Bu aşamada Taq polimeraz enzimi 5'→3' yönünde aktivite göstererek, primerlerin 3' uçlarından başlamak üzere ortamdaki nükleotidleri de kullanarak hedef DNA diziliminin kopyasını yapar. Reaksiyon ısısı tekrar yükseltilerek final ekstensiyon sıcaklığı 94°C'ye çıkarılır. Böylece 1 siklus tamamlanmış olur ve her siklуста DNA miktarı bir kat artar (Caner ve Çarlı 2001).

RFLP (Restriksiyon Fragment Length Polymorphism/Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi)

DNA molekülünü belirli nükleotid sıralarından kesen bakteriyel kökenli restriksiyon enzimlerinin (restriction endonuclease) keşfedilmesi ile moleküler biyoloji alanında önemli gelişmeler yaşanmıştır. Bu yöntem DNA düzeyinde polimorfizm belirlemek amacıyla günümüzde oldukça tercih edilmektedir (Özdil 2007). RFLP, Restriksiyon enzimleri kullanılarak DNA molekülünün farklı boyutlara ayrılması ve elde edilen DNA parçalarının jel elektroforez tekniği vasıtasıyla görüntü alma yöntemidir. Rekombinat DNA'nın belirlenmesinde restriksiyon haritalarının oluşturulmasında, popülasyona ait

polimorfizmlerinin tespit edilmesinde ve genetik hastalıkların belirlenmesinde genel olarak başvurulan bir yöntemdir (Kolören vd 2017).

Literatür Özetleri

Bayraktar and Shoshin (2021) tarafından yapılan çalışmada 150 baş Irak İvesi koyununda büyüme özellikleri ile DGAT1 gen polimorfizmi arasındaki ilişkiyi üç istatistiksel yöntemle belirlemeyi amaçlamışlardır. Çalışmada polimorfizmi, PCR-RFLP yöntemi ile analiz etmişlerdir. DGAT1 gen lokusu için CC, CT ve TT gibi 3 genotip belirlemiş olup CC genotipi 309 bç, CT genotipi 309 bç ve 272 bç, TT genotipi ise 272 ve 37 bç tespit etmişlerdir. Genotip frekansları C alleli için 0,58 ve T alleli için 0,42 ve genotip oranları ise CC, CT ve TT için sırasıyla 0,47, 0,23 ve 0,30 olarak belirlemişlerdir. DGAT1 geninin Hardy-Weinberg dengesi ile uyumlu olduğunu ($P>0,05$) bulmuşlardır. Çalışmada büyüme özellikleri ile gen polimorfizmi arasındaki ilişki de incelenmiş olup DGAT1 lokusu ile kuyruk uzunluğu arasında bir ilişkinin bulunduğunu bildirmişlerdir.

Malpura koyun ırkında DGAT1 genindeki tek nükleotid polimorfizmi ile ilgili bir çalışma yürütülmüş ve incelenen popülasyonda 146 baş Malpura koyununda polimorfizm gözlenmiştir. Çalışmada CC (309 bç), TC (309 bç, 272 bç ve 37 bç) ve TT (272 bç ve 37 bç) olmak üzere 3 genotipi belirlenmiş olup bu genotiplerin oranları sırasıyla 0,86, 0,02 ve 0,12 olarak tespit etmişlerdir. Çalışmanın sonucunda TT genotipine kıyasla CC genotipi baskın olduğunu bulmuşlardır. Malpura koyunlarında gözlenen C allelinin (0,92) T alleleline (0,08) göre daha yüksek değer aldığını saptamışlardır. Araştırmacılar C allelinin karkas özellikleri üzerindeki etkisinin detaylı olarak araştırılması gerektiği sonucuna varmışlardır. Allelik ve genotipik frekanslar, DGAT1 geninin genetik varyantları doğrudan sayma yöntemiyle tahmin edilmiştir, ancak bunlar Hardy-Weinberg dengesi için test edilmemiştir. (Meena *et al.* 2016).

Kumar *et al.* (2016) yaptıkları çalışmada, 342 baş yerli Hint koyun ırklarında (Jaisalmeri, Deccani, Muzaffarnagri, Mandya, Nali, Nellore, Ganjam ve Magra) DGAT-1 geninin ekzon 17'sindeki polimorfizmini incelemişlerdir. İncelenen koyun ırklarında CC (309 bç), CT (309 bç, 272 bç ve 37 bç) ve TT (272 ve 37 bç) genotipleri tespit edilmiş; ancak Deccani, Mandya ve Ganjam koyunlarında TT genotipi gözlenmemiştir. Bu yüzden, DGAT-1 lokusunda en yaygın genotip, sekiz yerli koyun ırkının hepsinde baskın olan genotip CC genotipidir. Allel C'nin frekansı 0,75 ile 0,99 arasında ve lokusun ortalama heterozigotluğu ise 0,2188 olarak belirlenmiştir. Genotiplerin gözlenen ve beklenen değerleri önemli ölçüde farklı olmadığı belirlenmiş, bu nedenden dolayı DGAT-1 geninin ekzon 17 lokusunun allel dağılımı, sekiz popülasyonun tamamında Hardy-Weinberg dengesi ile uyumlu bulunmuştur. Çalışma

sonucunda tespit ettikleri polimorfizmin karkas ağırlığı ve koyun eti üzerine önemli bir etkisi olduğu sonucuna varmışlardır.

Xu *et al.* (2008), çeşitli ırk 286 baş koyunda DGAT1 geninin tek nükleotid polimorfizmleri ile koyun eti kalite özellikleri arasındaki ilişkiyi araştırmışlardır. PCR-RFLP tekniği aracılığıyla TT (272 ve 37 bç), TC (309, 272 ve 37 bç) ve CC(309 bç) olmak üzere üç genotip gözlenmiştir. CC, CT, TT genotip frekansları sırasıyla Küçük kuyruklu Han koyunlarında 0,34, 0,09, 0,57; Tan koyunlarında 0,36, 0,11, 0,53; İç Moğolistan koyunlarında 0,25, 0,02, 0,73 olarak tespit etmişlerdir. C ve T allel frekans değerleri sırasıyla Küçük kuyruklu Han koyunlarında 0,38 ve 0,62, Tan koyunlarında 0,41 ve 0,59, İç Moğolistan koyunlarında 0,26 ve 0,74 olarak bulunmuştur. Bu çalışmayla DGAT1 geninin Hardy-Weinberg denge testine göre dengede olmadığı ($P<0,01$) saptanmıştır. TT genotipinin, daha yüksek kas mozaik yağ yapısı seviyesine ($P<0,05$) ve kas içi yağ (IMF) içeriğine ($P<0,05$), daha düşük kesme kuvvetine ($P<0,05$) ve sızma kaybına oranı ($P<0,01$) belirlenmiştir. Çalışmanın sonucunda araştırmacılar DGAT1 TT genotipinin koyunlarda et hassasiyeti ve IMF içeriği için bir moleküler belirteç olarak kabul edilebileceğini düşünmüşlerdir.

Ala Noshahr and Rafat (2014) DGAT1 geninin ekzon 17 bölgesindeki polimorfizminin karkas ağırlığı ve karkas randımanı ile ilişkisinin incelediği çalışmada, 150 baş Moghani koyunun kan numunelerinden DNA'lar elde edilmiştir. PCR-RFLP tekniğiyle C (309 bç) ve T (272 ve 27 bp) gibi iki allele ve TT (272 ve 37 bç), TC (309, 272 ve 37 bç) ve CC (309 bç) gibi üç genotipine sahip olduğu gözlenmiştir. Bu gene ait CC, TC ve TT genotip frekansları sırasıyla 0,689, 0,262 ve 0,04 olarak belirlenirken T ve C allellerinin frekansları sırasıyla 0,829 ve 0,171 olarak belirlenmiştir. Bu Çalışmayla DGAT1 geninin genotip frekans dağılımının Hardy-Weinberg denge testine göre dengede ($P<0,01$) olmadığı ve CC genotipinin ortalama karkas ağırlığı ve karkas randımanı TT genotipinden daha yüksek olduğu tespit edilmiştir ($P<0,05$). Ayrıca belirlenen polimorfizmin ıslah programlarında, üstün genotiplerin seleksiyon yoluyla karkas ağırlığını ve karkas randımanını iyileştirmek için gelişmelerin kullanılabileceği de gözlemlenmiştir.

Türkiye'de yetiştirilen 60 baş Gökçeada ve 52 baş Sakız ırkı koyunlarla yapılan çalışmada DGAT1 geni PCR-RFLP yöntemi kullanılarak araştırılmıştır. AA (272 ve 37 bç), KK (309 bç) ve KA (309, 272 ve 37 bç) olmak üzere üç genotip gözlenmiştir. Bu çalışmadaki iki koyun ırkında DGAT1 geninin allel frekanslarının önemli derecede farklı olduğu belirlenmiştir. AA genotip frekansının en yüksek (%11,538) Sakız koyun ırkında, KK genotip frekansının en yüksek (%68,333) Gökçeada koyun ırkında ve KA genotip frekansının ise benzer bir şekilde en yüksek (%36,538) Gökçeada koyun ırkında belirlenmiştir. İncelenen koyun

ırklarından Gökçeada koyunlarında A allel frekansı (0,702) K allel frekansından (0,298) daha yüksek bulunmuştur. Sakız koyunda ise K allel frekansı (0,817) A allel frekansından (0,183) yüksek bulunmuştur. Sakız ve İmroz koyun ırkları için Hardy-Weinberg Dengesi sırasıyla 0,360 ve 0,397 olarak belirlenmiş olup sonuçta her iki ırkın da dengede olduğu ($P>0,05$) tespit edilmiştir. Bu koyun ırklarında süt verim yeteneğinin arttırılması için DGAT1 benzeri lokus sayısının da arttırılması ile bu lokuslardan elde edilecek sonuçların hayvanlara ait verim ve pedigree kayıtları ile birleştirilmesi daha verimli sonuçlar sağlayacağı kanısına varılmıştır (Cerit ve Demir 2016).

Bayram *et al.* (2019), yaptıkları çalışmada Akkaraman ırkı kuzularda DGAT1-AluI polimorfizmin bazı canlı ağırlıklar arasındaki ilişkisi incelemişlerdir. PCR-RFLP yöntemi kullanarak toplam 374 baş kuzu DGAT1-AluI polimorfizmi yönünden genotiplendirilmiş ve bu genotipler CC (309 bç) ve CT (309, 272, 37 bç) olmak üzere iki genotipe sahip olduğunu tespit etmişlerdir. CC ve CT genotiplere ait frekanslar sırasıyla 0,91, 0,09; C ve T allelere ait frekanslar sırasıyla 0,96 ve 0,04 olarak hesaplanmıştır. Akkaraman kuzularında DGAT1-AluI polimorfizmi açısından en yaygın genotipin (0,91) CC genotipi olduğunu ve TT genotipinin bulunmadığı çalışmayla ortaya koyulmuştur. C allel frekansının T allel frekansından daha yüksek olduğu gözlenmiş ve incelenen örneklerin Hardy Weingberg dengesinde olduğu görülmüştür. DGAT1 lokusu yönünden TC genotipli kuzular, diğer genotiplilerle karşılaştırıldığında bu genotipteki kuzuların daha yüksek doğum ağırlığına ($P<0,05$) sahip olduğunu bundan dolayı Akkaraman koyun ırkında TC genotipinin doğum ağırlığı üzerine pozitif etkisinin olduğunu bildirmişlerdir.

Mısır'a ait üç farklı koyun ırkında (Barki, Rahmani ve Osseimi) et üretimi ile ilgili bazı genlerin genetik polimorfizmi incelenmiştir. Çalışmada, CC (309 bç) ve CT (309, 272, 37 bç) olmak üzere iki genotip gözlenmiştir. CC ve CT genotiplere ait frekanslar sırasıyla Barki koyunlarında 0,75 ve 0,25, Rahmani koyunlarında 0,60 ve 0,40, Osseimi koyunlarında 0,50 ve 0,50 olarak belirlemişlerdir. C ve T allellere ait frekanslar ise sırasıyla Barki koyunlarında 0,88 ve 0,12, Rahmani koyunlarında 0,80 ve 0,20, Osseimi koyunlarında 0,75 ve 0,25 olarak hesaplanmıştır. Araştırmada bu genlerden DGAT1 geninde genotipleri gözlemlendiği ve en yüksek allel frekansın ise C alleli olduğu belirlenmiştir. Bu koyun ırklarından Barki ve Rahmani koyun ırkında CC genotipi CT genotipinden daha yüksek ve Osseimi ırkında ise CC ve CT genotipleri eşit bulunduğu, buna karşılık TT genotipi üç ırkta da gözlemlenmediği bildirilmiştir. Çalışma sonucunda CT genotipinin bu Mısır koyun ırklarında orta derecede kas içi yağ içeriği ve kas mozaik yağ yapısına etkili olduğu belirtilmiştir. Ki-kare analizinin sonucuna göre, üç Mısır

koyun ırklarına ait genotip frekans dağılımının Hardy-Weinberg dengesinde olduğu bildirilmiştir (Mahrous *et al.* 2015).

Yapılan çalışmada Barki, Najdi ve Harri koyun ırklarında DGAT1 geni polimorfizminin et üretimi ile olan ilişkisi araştırılmıştır. Araştırmacılar DGAT1 lokusunda CC (309 bç) ve CT (309, 272 ve 37 bç) olmak üzere iki genotipi gözlemişlerdir. Barki, Najdi ve Harri koyun ırklarında sırasıyla CC genotip frekansı 0,75, 0,65 ve 0,50; CT genotip frekansı 0,22, 0,35 ve 0,50; C allel frekansı 0,89, 0,83 ve 0,75 ve T allel frekansları 0,11, 0,17 ve 0,25 olarak tespit etmişlerdir. Allel C için en yüksek frekans 0,88 değeri ile Barki ırkında ve en düşük frekans ise 0,75 değeri ile Harri ırkında elde edilmiştir. Tespit edilen CT genotipli Barki koyun ırkında orta derecede kas içi yağ içeriği ve kas mozaik yapısı bakımından üstün performans gösterdiği bildirilmiştir (Altwaty *et al.* 2020).

Çalışmada İran'da yetiştirilen 152 baş Lori-Bakhtiari ve 157 baş Zel koyun ırklarında, DGAT1 genindeki tek nükleotitli polimorfizm ile karkas özellikleri arasındaki ilişki incelenmiştir. PCR-RFLP tekniğiyle TT (272 ve 37 bç), TC (309, 272 ve 37 bç) ve CC(309 bç) olmak üzere üç genotip gözlenmiştir. Lori-Bakhtiari koyunlarında ve Zel koyunlarında araştırmacılar sırasıyla TT genotip frekanslarını 0,65 ve 0,69; CC genotip frekanslarını 0,16 ve 0,07; T allel frekanslarını 0,746 ve 0,81; C allel frekanslarını 0,254 ve 0,19 bulmuşlardır. İki koyun popülasyonunun allel dağılımları Ki-kare testi ile Hardy-Weinberg dengesi ile uyumlu olmadığı ($P<0,001$) ve gen frekans analizi Ki-kare testi ile iki popülasyon arasında anlamlı bir farkın olduğunu tespit etmişlerdir ($P<0,05$). Lori-Bakhtiari ve Zel koyun ırklarında TT baskın genotip ve T alleli baskın allel olduğu sonucuna varılmıştır. DGAT1 lokusunda, CC genotipli koyunların anlamlı derecede daha fazla kuyruk yağı ağırlığı ($P<0,05$) ve sırt yağı kalınlığına ($P<0,01$) sahip olduklarını belirlemişlerdir. Bu çalışmanın sonuçlarında C allelinin yağ kuyruklu koyunlarda kuyruk yağı ağırlığı ve sırt yağı kalınlığı üzerinde pozitif bir yönde bir ilişkinin varlığını bildirmişlerdir (Mohammadi *et al.* 2013).

Yapılan çalışmada dört Çin yerli koyun ırkında DGAT1 geninin 16-17 ekzonunun tek nükleotid polimorfizmi incelenmiştir. Araştırmada 167 koyun (58 Tan koyunu, 36 Ganjia koyunu, 39 Oula koyunu ve 34 Qiaoke Koyunu) kullanılmıştır. PCR-RFLP analizinin sonuçları değerlendirildiğinde polimorfizmin TT (272 ve 37 bç), TC (309, 272 ve 37 bç), CC (309 bç) olmak üzere üç genotip olduğu ayrıca 4 koyun ırkında baskın genotip CC ve baskın allel C allel olduğu sonucuna varılmıştır. Baskın genotip olan CC'nin genotip frekansları Tan, Ganjia, Oula ve Qiaoke koyunlarında sırasıyla 0,586, 0,583, 0,513 ve 0,500 ve baskın olan allel C'nin frekansları sırasıyla 0,776, 0,694, 0,654 ve 0,618 olarak bulunmuştur. Tan ve Oula koyunlarında DGAT1 geninin ekzon 17 lokusunun allel dağılımı Ki-kare testi ile Hardy-

Weinberg dengesi ile uyum içinde ($p>0,05$), buna karşılık Ganjia ve Qiaoke koyunlarında Hardy-Weinberg dengesi ile uyum içinde olmadığı ($0,01<P<0,05$) tespit edilmiştir. Bu sonuçlar, 4 Çin yerli koyun ırkının orta derecede polimorfizm olduğunu göstermiştir (Yang *et al.* 2011).

Nanekarani *et al.* (2016) İran'da yetiştirilen 118 baş Lori koyun ırkı ile yaptıkları çalışmada 16-17 ekzonlarını DGAT1 gen polimorfizmini belirlemek için bir çalışma yürütmüşlerdir. Bu çalışmada PCR-RFLP yöntemi kullanılarak DGAT1 geninin TT (272 ve 37 bç), TC (309, 272 ve 37 bç) ve CC (309 bç) olmak üzere üç genotipini gözlemlemişlerdir. TT, TC ve CC genotiplerinin frekansları sırasıyla 0,309, 0,258 ve 0,433; T ve C allelleri için frekanslar sırasıyla 0,438 ve 0,562 olarak hesaplamışlardır. Bu lokus için ortalama heterozigotluk değerini uygun bir değer (0,49) olarak bulunduğunu ifade etmişlerdir. Popülasyondaki SNP genotipi Hardy-Weinberg dengesi ile uyumlu olmadığı sonucuna varmışlardır ($P<0,01$). Bu çalışma yerli koyun ırkının uygun polimorfizm olduğunu ve bu polimorfizm ile karkas özellikleri arasındaki ilişkilendirme çalışmalarına rehberlik etmek için kullanılabileceğini göstermiştir.

Küçükbaş hayvanlarla yürütülen başka bir çalışmada, DGAT1 genindeki tek nükleotid polimorfizmlerinin genotip frekanslarını ve sütçü koyun ırklarında süt özellikleri ile olası ilişkisi araştırılmıştır. Üzerinde çalışılan Sakız ($n=150$), Akkaraman ($n=150$) ve İvesi ($n=150$) gibi koyun ırklarında alınan örneklerden PCR-RFLP yöntemi kullanılarak TT(372-57 bç), TC (429, 372, 57 bç) ve CC (429) olmak üzere üç genotip belirlenmiştir. Sakız, Akkaraman ve İvesi ırkı koyular arasında belirlenen allel frekans oranları farklı olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Sakız koyun ırkında TT ve TC genotipleri görülmemiş ve ekzon 17 bölgesinde DGAT1 geni ise monomorfik bulunmuştur. Baskın genotip olan CC'nin genotip oranı Akkaraman ve İvesi koyunlarda sırasıyla %76 ve %80 bulunmuştur. Akkaraman ve İvesi koyunlarında sırasıyla C allel frekansları 0,87 ve 0,89, T allel frekansları 0,13 ve 0,11 olarak hesaplanmıştır. Üzerinde çalışılan tüm koyun ırklarında DGAT1 gen ekzon 17 bölgesinin allel dağılımı için Ki-kare testi uygulanmış ve sonuç olarak Hardy-Weinberg dengesi ile uyumlu olduğu ortaya konmuştur (Ozmen ve Kul 2016).

Çalışma, Transilvanya dağlık bölgesinde yetiştirilen Turcana ırkı 50 koyun üzerinde yürütülmüştür. Çalışılan popülasyonda DGAT1 ekzon 17 bölgesinde TT (272 bç), CC (309 bç) ve CT (309 ve 272 bç) olmak üzere üç genotip tespit edilmiştir. CC genotipi %86 ($n=43$) ve TT genotipi %2 ($n=1$) oranında bulunmuştur. Örneklerin geri kalanı ise ($n=6$), heterozigot genotip olan CT genotipi olduğu belirlenmiştir. Çalışmada, genotip frekans ve allelik frekanslar arasında önemli farklılıkların varlığı ortaya konmuştur ($P<0,05$). Yapılan ilişkilendirme ile

sütteki yağ yüzdesi ile ilgili olarak üç genotip arasında istatistiksel olarak anlamlı bir farkın olmadığı bulunmuştur (Täbäran et. al 2014).

Şahin (2017), Antalya çevresinde yetiştirilen 517 baş Siyah Alaca ırkı üzerinde yaptığı çalışmada, DGAT1 geninin genetik çeşitliliği ve polimorfizmi ile süt verimleri arasındaki ilişkileri araştırmıştır. DGAT1 geninde süt verimliliği arasında istatistikli olarak önemli bir ilişki tespit edilmemiştir.

Şahin (2010), DGAT1 geninin K232A polimorfizmi çalışmasında farklı ırklarda 122 baş sığır kullanılarak PCR-RFLP yöntemi uygulamıştır. Yürütölen bu çalışmayla elde edilen verilerin, bu sığır ırklarında süt özelliği ile DGAT1 gen polimorfizmi arasındaki korelasyonla ilgili çalışmalarda faydalı olacağı, hayvan yetiştiriciliği ve ıslah çalışmalarda süt verimi açısından seleksiyona katkı sağlayacağı düşöncesine varılmıştır.

MATERYAL VE YÖNTEM

Materyal

Bu araştırmanın hayvan materyalini Atatürk Üniversitesi, Gıda ve Hayvancılık Uygulama ve Araştırma Merkezi, Koyunculuk Şubesi'nde yetiştirilen kayıtlı 100 baş Tuj ve 124 baş Morkaraman ırkı koyunlar, bireysel olarak koyunlardan alınmış kıl örnekleri ve onlardan elde edilmiş genomik DNA'lar oluşturmuştur. Çalışmanın çeşitli laboratuvar aşamaları Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Moleküler Genetik Laboratuvarı ve Tarımsal Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir.

Yararlanılan alet ve cihazlar

Çalışmada çeşitli amaçlar için kullanılan türlü cam malzemeler, Vorteks (Yellow Line), Buzdolabı (Arçelik), Hassas Terazi (Shimadzu), Elektroforez sistemi (Biogen, Apelex, France, SN 280800), Otomatik Termocycle Sistem (Bioner), Mikrodalga Jel Görüntüleme Sistemi (Bio Rad), Santrifüj (Kubota), Nanodrop (Thermo scientific), Otomatik Termocycle Sistem (Bioner), Spektrofotometre (Shimadzu), Otoklav, Saf Su Cihazı (Ateks), Fırın (Blueline) kullanılmıştır.

Yöntem

Hayvanlardan kıl alımı

Atatürk Üniversitesi, Gıda ve Hayvancılık Uygulama ve Araştırma Merkezi, Koyunculuk Şubesi'nde yetiştirilen 100 baş Tuj, ve 124 baş Morkaraman koyuna ait kıl örnekleri alınıp 10 ml'lik eppendorf tüplerine alınarak etiket numaraları tüplere kaydedilmiş ve numuneler +4°C buz kalıplarının bulunduğu numune taşıma çantaları ile işletmeden Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Genetik Laboratuvarına taşınmıştır. Kıl numunelerinin hangi hayvana ait olduğunu belirtmek için alınan her bir kıl numunesine ait tüpün üzerindeki etikete kaydedilmiştir.

Kullanılan çözeltiler

1. Cell lysis
2. Protein precipitation
3. RBC (red blood cell)
4. İzopropanol

5. Dehidrasyon solusyonu
6. Etanol
7. 1 X TBE Elektroforez / Jel Tampon Çözeltisi (10XTBE, Deiyonize ddH₂O)
8. 10 X TBE Elektroforez / Jel Stok Tampon Çözeltisi (Tris Borik Asit 0,5 M EDTA (pH 8,0) Deiyonize ddH₂O)

Genomik DNA izolasyonu

Tuj ve Morkaramanlardan elde edilen kıl örneklerinden DNA İzolasyonu Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü Moleküler Genetik Laboratuvarı'nda yapılmıştır.

1. Tüplere numara verilip her numune için 2'şer ml'lik tüpler hazırlandı.
2. Alınan kıl örnekleri (5-10 gr) her bir numune için eşit olacak şekilde tartılmış ve üzerlerine 900 µl RBC solüsyonu eklenmiştir.
3. Oda ısısında 30 dakika bekletildi.
4. 1 dakika 15.000 g de santrifüj edilip süpernatant bir pipet ile tüp dibinde 5-10 µl kalacak şekilde uzaklaştırıldı. Süpernatantın homojenizasyonunu sağlamak için vortekslendi.
5. Homojenat üzerine 300 µl Cell lysis ve 100 µl Protein Precipitation ilave edilip vortekslendi ve daha sonra 2 dakika 15.000 rpm de santrifüj edildi.
6. 2. yeni bir tüp hazırlanarak üzerlerine 300 µl izopropanol eklendi. 1. tüpteki süpernatant 2. tüpe eklenip alt üst edilerek izopropanol ile karışması sağlandı.
7. DNA olan tüpler 13.000 g de 2 dakika santrifüj yapıp süpernatant atıldı.
8. Attıktan sonra üzerine 300 µl %70'lik etanol eklendi.
9. Ardından 13.000 g de 2 dakika santrifüj edildi. Süpernatantı atıldı.
10. 5-10 dakika tüplerin ağzı açık bir şekilde açık havada kuruması için bekletildi.
11. DNA miktarına göre 100-150 µl dehidrasyon solusyonu eklendi.
12. Etüvde 65 °C de 5 dakika bekletildi.
13. DNA'nın çözünmesi sağlandıktan sonra -20 °C de spektrofotometrik ölçüm anına kadar muhafaza edildi.

PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) işlemi

PCR, DNA üzerinde istenilen, bir veya daha fazla bölgenin, kimyasal olarak sentezlenmiş primerler ve saflaştırılarak elde edilen Taq polimeraz enzimleri kullanılarak otomatik bir thermocycle sistem yardımıyla in vitro şartlarda çoğaltma yöntemidir (Devrim ve

Kaya 2004). PCR işleminde kullanılan primerler Tablo 3’de ve ilgili PCR programları Tablo 4’de gösterilmiştir.

Tablo 3. DGAT1 Genine Ait Primer Dizilimi

F: 5’-GCA TGT TCC GCC CTC TGG-3’

(Xu *et al.* 2008)

R: 5’-GGA GTC CAA CAC CCC TGA-3’

Tablo 4. Morkaraman ve Tuj Koyununda DGAT1 Gen Bölgesi İçin PCR Programı

Sıcaklık	Süre	Döngü	Basamak
96 °C	5 dk	35 Döngü	Başlangıç
96 °C	50 sn		Ayrılma
58 °C	50 sn		Bağlanma
72 °C	1 dk		Uzama
72 °C	5 dk		Son uzama

PCR işlemi için 0,2ml’lik tüplere her bir genomik DNA örneklerinden her bir tüpe ayrı ayrı 3 µl alınmış ve üzerine 3.75 µl 10x Buffer, 1 µl Primer R, 1 µl Primer F, 1 µl MgCl₂,

0,5 µl DNTPS, 2.4 µl Tag P ve 12.5 µl dH₂O mix karışımından 20 µl eklenmiştir ve tüpler flashing santrifüjleme ile santrifüj edilmiştir. Sonrasında tüpler dikkatlice PCR cihazına yerleştirilmiş ve Tablo 4’de belirtilen PCR programı PCR’a girilerek PCR işlemi uygulanmıştır.

PCR ürünlerinin gözlenmesi

PCR işleminden sonra sentezin gerçekleşip gerçekleşmediğini belirlemek için

%1’lik agaroz jelde her bir PCR ürünü yürütülmüştür. Bu amaçla 80 ml’lik 1XTBE Tamponu içerisinde 0,80 gr agaroz, 3500 Watt ’da çalışan mikrodalga fırınında 4 dakika bekletilip alınmıştır. Sonrasında içerisine 3µl EtBr (%1’lik) damlatılıp karışması sağlanmıştır ve hazırlanan taraklı jel kabinine hava kabarcığı kalmayacak şekilde dökülmüştür. Daha sonra 30 dakika polimerize olmaya bırakılmıştır. Tarakları çıkartılarak jel kuyucuklara 8 µl aldıktan sonra parafin kâğıt üzerinde bulunan yükleme tamponu ile karıştırdıktan sonra otomatik pipet aracılığı ile yükleme yapılarak 1XTBE tamponuyla dolu olan elektroforez tankına yerleştirildi ve 80 Watt ‘da 30 dakika yürümeye bırakılmıştır. Daha sonra jeldeki bantları UV ışığı ile görüntülendi. Amplifikasyonu gerçekleşmiş olanlar -20 °C’de muhafaza edilmiştir.

Restriksiyon enzimiyle DNA’ların kesimi

Restriksiyon enzimleri kullanılarak DNA moleküllerinin 4-8 baz çifti (bç) arasındaki özgün bölgeleri tanıyarak kesen enzimlerle fragmanlara ayrılması ve elde edilen DNA

parçalarının jel elektroforez yöntemi ile görüntülenmesi işlemi RFLP (Restriksiyon Fragment Length Polymorphism/Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi) olarak adlandırılmaktadır. Amplifikasyonu gerçekleşen her bir DGAT1 PCR ürününden 10 µl alınıp 0,2 ml'lik steril ependorf tüplere konularak, üzerine 5 µl AluI enzimi, 5 µl Buffer R ve 2,4 µl Buffer Tango ilave edilmiştir, daha sonra üzerini kapatacak şekilde yaklaşık 5-10 µl kadar mineral oil ekleyerek 8-10 sn. kadar 1300 rpm'de flashing santrifüj yapılmıştır. Sonrasında inkübatöre yerleştirilerek 37 °C'de 7-12 saat süreyle inkübasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Sonrasında % 2'lik agaroz jelde yürüterek UV'de görüntüsü alınmıştır.

Örneklerin yüklenmesi ve yürütme işlemi

DGAT1 enzimi ile DNA'ların kesimi bittikten sonra, sonucunu gözlemlemek için; etüvden alınan restriksiyon kesimi uygulanmış örneklerin her birine 3µl yükleme tamponu ilave edildi ve otomatik pipet yardımıyla tüm ürün tüpden alındıktan sonra parafin üzerinde gezdirildi ve daha önceden hazırlanan %2'lik agaroz jele ayrı ayrı yüklenerek 1XTBE tamponuyla doldurulmuş olan elektroforez tankına jel yerleştirildi. Daha sonra 45 volt 'da 90 dak süreyle elektroforez işlemi uygulanmıştır. Elektroforez işlemi sonrasında jel alınarak UV ışığı altında genotipleme amacıyla incelenmiştir.

Tablo 5. Restriksiyon Enzimi, Tanıma Bölgesi ve Beklenen Bant Uzunluğu

RE	PCR ürünü (bç)	Tanıma Bölgesi	Genotip ve Bant Büyüklüğü (bç)
<i>AluI</i>	309	5'-AG ⁺ CT-3'	TT: 272/37 CT: 309/272/37 CC: 309

Verilerin analizi

Hardy-Weinberg (H-W) Prensibi, evrim mekanizmalarının yokluğunda popülasyonun ulaşacağı genetik dengeyi ortaya koymaktadır. Yani H-W Dengesi, bir popülasyonda göç, mutasyon ve seleksiyonun olmadığı, popülasyonun yeterli büyüklükte ve eşleşmelerin rastgele meydana geldiği koşulların sağlandığı takdirde gen ve genotip frekanslarının nesilden nesile sabit kalacağı anlamı taşımaktadır.

Bu denge testinde ilk olarak genotip frekansları daha sonra genotip frekanslarından da allel frekansları hesaplanır. Bulunan allel frekanslar vasıtasıyla genotip frekanslar tahmin edilir. H-W denge eşitliği için genotiplerin beklenen değerleri aşağıdaki eşitliğe göre hesaplandı.

$$E(AA) = p^2n$$

$$E(AB) = 2pqn$$

$$E(BB) = q^2n$$

p: C allelinin frekansı

q: T allelinin frekansı

n: popülasyondaki birey sayısı

Gözlenen sapmaları değerlendirmek genetikte önemlidir. H_0 hipotezi başlangıçta beklenen değerler ile ölçülen değerler arasında gerçek bir fark olmadığını ifade eder. Uygun istatistiksel analizler kullanılarak H_0 hipotezi test edilir ve daha sonra hipotez kabul edilir ya da reddedilir. Eğer bu hipotez reddedilirse beklenen orandan sapma sadece şansa bağlanmaz. Dolayısıyla istatistiksel analizler, gözlenen verilerin tahmin edilen ya da beklenen verilere ne kadar uyum gösterdiğini, ondan da ne kadar farklılık gösterdiğini incelememiz için matematiksel bir temel oluşturur. Bu teste, uyumun mükemmelliği (Goodness of fit) adı verilir. Sıfır hipotezinin mükemmellik uyumuna karar vermek ve gözlenen ve beklenen değerler arasındaki farkın önemli olup olmadığını test etmek için geliştirilen en basit istatistiksel testlerden biri olan Ki-kare (χ^2) analizi çalışmada kullanıldı. Ki-kare analizi eşitliği;

$$\chi^2 = \sum \frac{(G_i - B_i)^2}{B_i}$$

Eşitlikteki,

G_i : i kategori için gözlenen değeri

B_i : i kategori için beklenen değeri

ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

DNA'nın Kantitatif Tayini

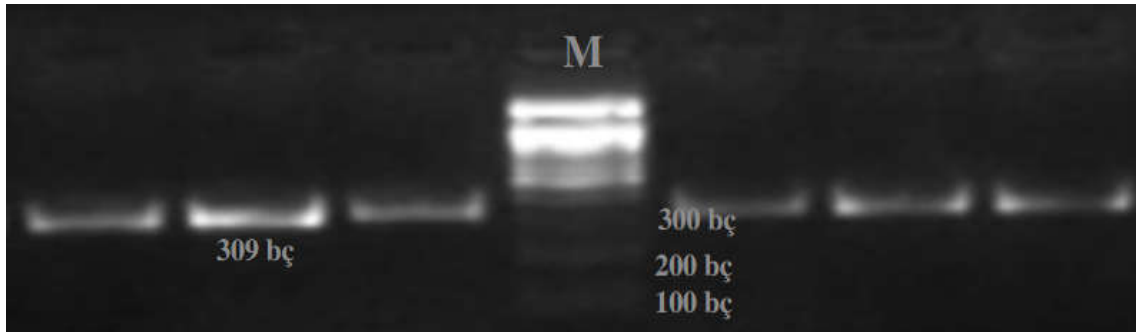
Daha önce ekstraksiyonu yapılmış olan DNA'ların yoğunlukları ve saflıkları NanoDrop ND-1000 (NanoDrop Technologies İnç.) spektrofotometrede okuma yapılarak belirlenmiştir (Tablo 6).

Tablo 6. Bazı Genomik DNA Örneklerine Ait Kantitatif Sonuçlar (260-280 ng/μl)

Tarih	Örnek No	Değer (ng/μl)
12.07.2021	1	1,946
12.07.2021	2	1,619
12.07.2021	3	1,730
12.07.2021	4	1,696
12.07.2021	5	1,677
12.07.2021	6	1,583
12.07.2021	7	1,649
12.07.2021	8	1,553
12.07.2021	9	1,782
12.07.2021	10	1,778

PCR sonuçlarının gözlenmesi

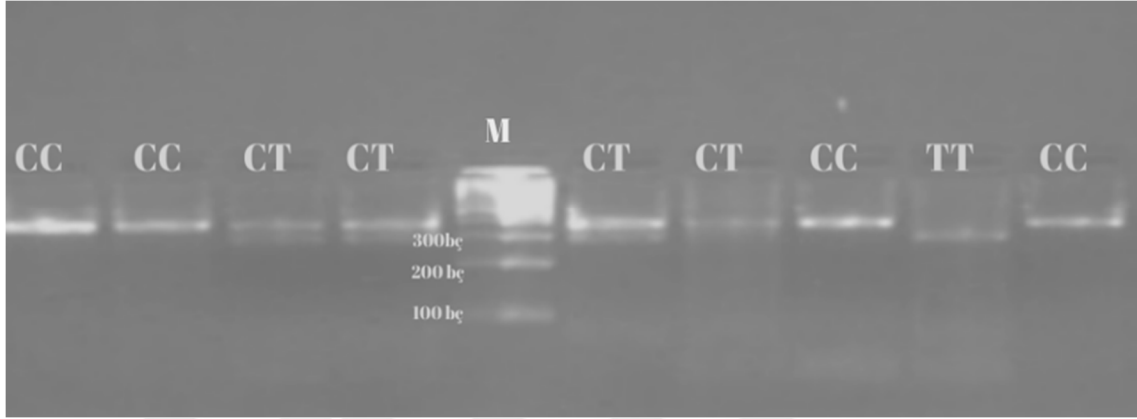
Morkaraman ve Tuj koyun kıllarından elde edilen DNA örneklerinin her birine PCR yapılarak %1'lik agaroz jelde yürütülmüş ve DNA bantları elde edilmiştir. PCR ürünlerine ait UV ışığı altındaki agaroz jel görüntüsü Şekil 5'de görülmektedir.



Şekil 5. PCR ürünlerinin agaroz jel görünümü (M: markör, *DGAT1*:309 bp)

PCR-RFLP Sonuçları

Morkaraman ve Tuj ırkı koyunlardan elde edilen DNA örnekleri PCR cihazında çoğaltılmış ve *AluI* Restriksiyon Endonükleaz enzimiyle kesilmesiyle *DGAT1* geni polimorfik bölgeleri tespit edilmiştir. Teorik olarak; CC: 309 bp, CT: 309/272/37 bp ve TT: 272/37 bp uzunluğunda bantlar vermektedir. UV ışığı altında PCR-RFLP sonucuna ait örnek bir agaroz jel görüntüsü Şekil 6'da sunulmuştur.



Şekil 6. DGAT1 genine ait PCR-RFLP jel görüntüsü (CC; 309 bp, CT; 309/272/37 bp, TT; 272/37 bp)

Gen ve Genotip Frekansları ile Genetik Denge Testi Sonuçları

Araştırmada DGAT1 geni polimorfik bölgesi üzerinde *AluI* enzimi kesim bölgesine ait 3 farklı genotip TT, TC ve CC şeklinde tanımlanmıştır. Tespit edilen genotipler ve allel gen frekansları Tablo 7'de sunulmuştur.

Popülasyon allel frekansları bakımından incelendiğinde Morkaraman koyun ırkında C allelinin 0,69 ve T allelinin 0,31 olarak tespit edilirken Tuj koyun ırkında ise C allelinin 0,72 ve T allelinin 0,28 frekansında olduğu belirlenmiştir (Tablo 7). Her iki ırkta da C allelinin diğer allele göre yüksek frekansta olduğu gözlemlenmiştir.

Tablo 7. Morkaraman ve Tuj Irkı DGAT1 Geni Genotip ve Allel Gen Frekansları

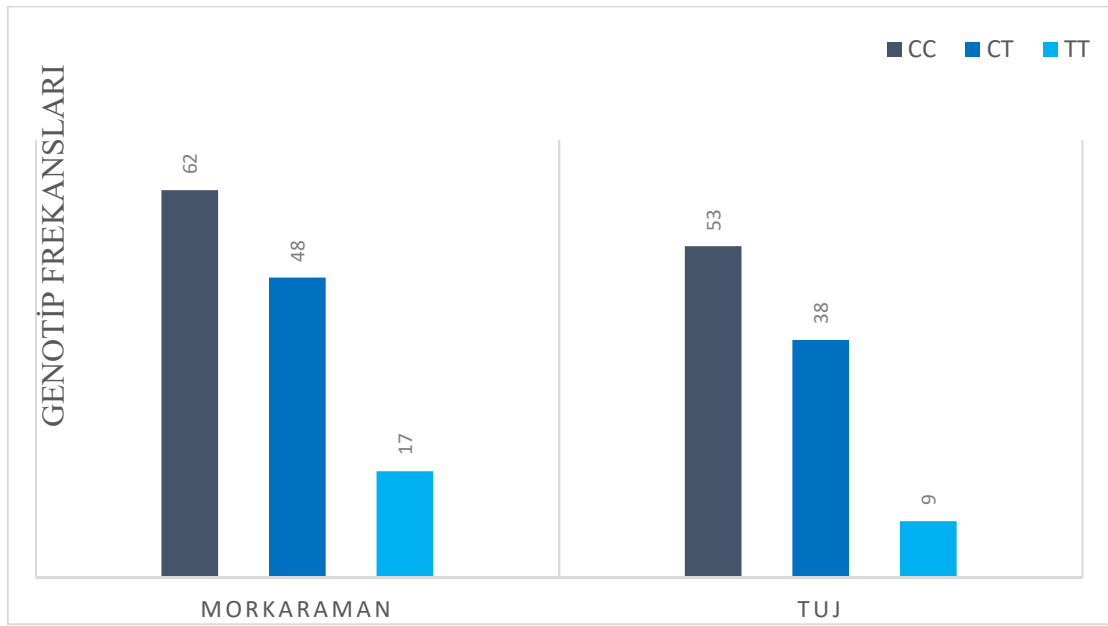
Genotip	Morkaraman		Tuj	
	n	%	n	%
CC	62	50,0	53	53
CT	48	38,7	38	38
TT	14	11,3	9	9
Allel Gen Frekansı (%)	C	T	C	T
	69	31	72	28

Morkaraman koyun ırkında 62 CC genotipi, 48 CT genotipi ve 14 TT genotipine, Tuj koyun ırkında 53 CC genotipi, 38 CT genotipi ve 28 TT genotipine sahip hayvan belirlenirken CC, CT ve TT genotip frekansları sırasıyla Morkaraman koyunlarında %50, %38.7 ve %11.3, Tuj koyunlarında %53, %38 ve %9, olarak elde edilmiştir. Her iki ırkta da CC genotip frekansları popülasyon içerisinde en yüksek, TT genotiplilerin ise en düşük frekansa sahip olduğu gözlemlenmiştir.

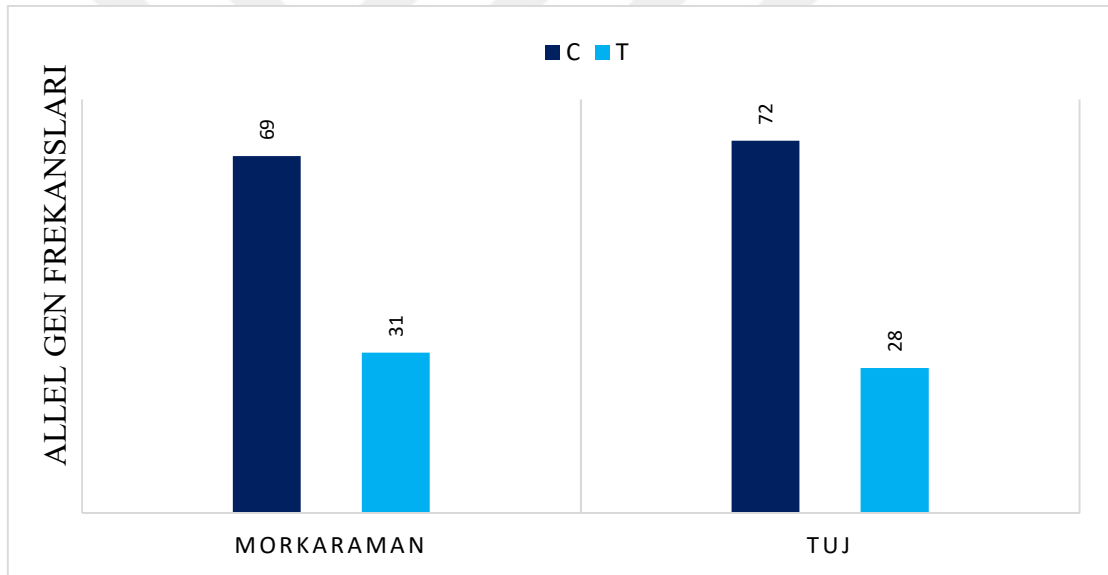
DGAT1 geni ile ilgili daha önce yapılan farklı koyun ırklarıyla yapılan çalışmalardan Barki, Rahmani ve Osseimi koyun ırklarının (Mahrous *et al.* 2015), Deccani, Mandya ve Ganjam koyun ırklarının (Kumar *et al.* 2016), Akkaraman koyun ırkının (Bayram *et al.* 2019), Barki, Najdi ve Harri koyun ırklarıyla (Altwaty *et al.* 2020) çalışmalarda çalışmamızdan farklı olarak CC ve CT genotip olmak üzere iki genotip ile polimorfik olduğu bulunmuş, bu genotiplerin frekansları ele alındığında CC genotipinin frekansının en yüksek değer alması çalışmamızla uyumlu olduğu gözlenmiştir. Diğer koyun ırklarıyla yapılan çalışmalardan Tan, Ganjia, Oula ve Qiaoke koyun ırklarının (Yang *et al.* 2011), Moghani koyun ırkının (Ala Noshahr and Rafat 2014), Turcana ırkı (Täbäran *et. al* 2014), Malpura koyun ırkında (Meena *et al.* 2016), Jaisalmeri, Muzaffarnagri, Nali, Nellore ve Magra koyun ırklarının (Kumar *et al.* 2016), Lori koyun ırkının (Nanekarani *et al.* 2016) ve İvesi koyun ırkı (Bayraktar and Shoshin 2021) ile yapılan çalışmalarda üç genotip ile polimorfik bulunması bu çalışma ile uyumlu olduğu ortaya konmuştur. Aynı zamanda DGAT1 geni polimorfizmi belirten bu çalışmalarda, CC genotipinin CT ve TT genotipinden daha yüksek frekansta olduğu bildirilmiş olup yaptığımız çalışma ile benzerlik gösterdiği görülmüştür.

Çalışmalarda, C allel gen frekansının T allel gen frekansından daha yüksek görüldüğü (Yang *et al.* 2011; Ala Noshahr and Rafat 2014; Täbäran *et. al* 2014; Mahrous *et al.* 2015; Meena *et al.* 2016; Kumar *et al.* 2016; Nanekarani *et al.* 2016; Kumar *et al.* 2016; Bayram vd 2019; Altwaty *et al.* 2020; Bayraktar and Shoshin 2021) ve çalışmamızdaki allel gen frekansları ile uyum içerisinde olduğu görülmektedir. Yapılan çalışmaların sadece ikisinde (Xu, *et al.* 2008; Mohammadi *et al.* 2013) T allel frekansının C allel gen frekansına nazaran daha yüksek bulunduğu, bu çalışmanın yürüttüğümüz çalışma ile farklılık gösterdiği sonucuna varılmıştır.

Morkaraman ve Tuj koyun ırkı DGAT1 geni Alu1 polimorfizmine ait genotip frekansları Şekil 7’de ve allel gen frekansları ise Şekil 8’de sunulmuştur.



Şekil 7. Morkaraman ve Tuj koyun ırkı DGAT1 geni *AluI* polimorfizmine ait genotip frekansları



Şekil 8. Morkaraman ve Tuj koyun ırkı DGAT1 geni *AluI* polimorfizmine ait allel gen frekansları

İrklara ait DGAT1 geni *AluI* polimorfizminin Hardy-Weinberg genetik denge test sonuçları Tablo 8’de sunulmuştur.

Tablo 8. Hardy-Weinberg Genetik Denge Testi Sonuçları

	n	Gözlenen			Beklenen			X ²	P
		CC	CT	TT	CC	CT	TT		
Morkaraman	124	62	48	14	59,6	52,7	11,6	0,99	0,32
Tuj	100	53	38	9	51,8	40,3	7,8	0,33	0,57

124 baş Morkaraman ve 100 baş Tuj koyununa ait genotip frekanslar dağılımının Hardy-Weinberg genetik denge testine göre Morkaraman ve Tuj koyuna ait genotip frekansları dağılımının dengede ($P>0,05$) olduğu tespit edilmiştir.



SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Atatürk Üniversitesi, Gıda ve Hayvancılık Uygulama ve Araştırma Merkezi, Koyunculuk Şubesi'nde yetiştirilen 124 baş Morkaraman ve 100 baş Tuj koyun ırkına ait kıl örnekleri üzerinde, *PCR-RFLP* yöntemi kullanılarak, *DGAT1* geni *AluI* polimorfizmine ait üç genotip (CC, CT ve TT) tespit edilmiştir.

Popülasyondaki *DGAT1* genine ait CC, CT ve TT genotip frekansları Morkaraman koyun ırkında sırasıyla %50, %38.7 ve %11.3, C allelinin frekansı 0,69 ve T allelinin frekansı 0,31 olarak tespit edilmiştir. Tuj koyun ırkı popülasyondaki *DGAT1* genine ait CC, CT ve TT genotip frekansları sırasıyla %53, %38 ve %9, C allelinin frekansı 0,72 ve T allelinin frekansı 0,28 olarak tespit edilmiştir.

Hardy-Weinberg genetik denge testine göre Morkaraman ve Tuj koyun ırkına ait genotip frekansları dağılımının dengede ($P>0,05$) olduğu saptanmıştır.

DNA'ya dayalı olarak PCR ve RFLP gibi moleküler teknikler sayesinde cinsiyet gözetmeksizin çok erken yaşlarda genotipleri daha kolay ve doğru belirleme imkanı sağladığından hayvanların erken dönemlerde tanımlanması ve genotipler ile performans özellikleri arasında ilişkilendirme için bir araç olarak kullanılmaktadır. Bu nedenle bu tür polimorfizm çalışmalarının yanısıra çeşitli performans özellikleri ile ilişkilendirilme çalışmaları yürütülmelidir. Çeşitli polimorfik özelliklerle bu özelliklere ait fenotipik gruplar arasında performans özellikleri arasında oransal yada istatistiksel olarak ortaya çıkan bir üstünlük, ırklarda ve ırklar içerisinde de farklı sürülerde değişiklikler göstermektedir. Yapılan bu tür çalışmalarla belirlenen polimorfizmin hayvan ıslahında kullanılabilirliğini ortaya konmasında farklı ırklarda ve bu ırkların daha büyük popülasyonlarıyla çalışılarak Türkiye'de hayvancılığın tanımlanmasında ve geliştirilmesinde yeni olanaklar ortaya koyabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKÇA

- Ala Noshahr, F. and Rafat, A., 2014. Polymorphism of DGAT1 gene and its relationship with carcass weight and dressing percentage in Moghani sheep breed. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 4(2), 331-334.
- Altwaty, N. H., Salem, L. M. and Mahrous, K. F., 2020, Single nucleotide polymorphisms in the growth hormone receptor gene and Alu1 polymorphisms in the diacylglycerol acyltransferase 1 gene as related to meat production in sheep. *Veterinary World*, 13(5), 884.
- Anonim, 2009. Türkiye Evcil Hayvan Genetik Kaynakları, <https://www.tarimorman.gov.tr/TAGEM/Belgeler/yayin/Katalog%20Türkçe.pdf> (05.05.2021).
- Anonim, 2020, FAO The State of Food Security and Nutrition in the World 2020
- Anonim, 2021. TÜİK Hayvansal Üretim İstatistikleri-Aralık 2020, <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Hayvansal-Uretim-Istatistikleri-Aralik-2020-37207> (13.07.2021)
- Anonimous, 2021. <http://wdi.worldbank.org/table/2.1> (26.11.2021)
- Anonymous, 2020, World Health Organization, The state of food security and nutrition in the world 2020: transforming food systems for affordable healthy diets (Vol. 2020). Food ve Agriculture Org..
- Bal, O. ve Akyüz, B., 2014. Halk Elinde Yetiştirilen Holştayn, Doğu Anadolu Kırmızısı ve Yerli Kara Sığır Irklarında Diacylglycerol O-Acyltransferase 1 (DGAT1) Gen Polimorfizminin PCR-RFLP Yöntemi ile Belirlenmesi. *Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 11(1), 7-13.
- Barr, S., 2016. Investigation of ovine DGAT1 intron 1 variation and its association with variation in carcass traits. PhD Thesis. Lincoln University.
- Bayraktar, M. and Shoshin, O., 2021. Estimation of the associations between GH and DGAT1 genes and growth traits by using decision tree in Awassi sheep. *Animal Biotechnology*, 1-7.
- Bayram, D., AKYÜZ, B., Arslan, K., ÖZDEMİR, F., Aksel, E. G. ve ÇINAR, M. U., 2019. DGAT1, CAST and IGF-I gene polymorphisms in Akkaraman lambs and their effects on live weights up to weaning age. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 25(1), 9-15.
- Buhman, K. K., Smith, S. J., Stone, S. J., Repa, J. J., Wong, J. S., Knapp Jr, F. F. and Farese Jr, R. V., 2002. DGAT1 is not essential for intestinal triacylglycerol absorption or chylomicron synthesis. *Journal of Biological Chemistry*, 277(28), 25474-25479.
- Caner, V. ve Çarlı, K. T., 2001. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ve bazı tavuk infeksiyonlarındaki yeri. *J Fac Vet Med*, 20, 137-145.
- Cases, S., Smith, S. J., Zheng, Y. W., Myers, H. M., Lear, S. R., Sande, E. and Farese, R. V., 1998. Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(22), 13018-13023.

- Cerit, H. and Demir, H., 2016. Detection of diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1) Gene polymorphism in Imroz and Chios sheep breeds in Turkey using PCR-RFLP method. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 22(6), 847-852.
- Chen, H. C. and Farese Jr, R. V. 2000, DGAT and triglyceride synthesis: a new target for obesity treatment ?. *Trends in cardiovascular medicine*, 10(5), 188-192.
- Curi, R. A., Chardulo, L. A. L., Arrigoni, M. D. B., Silveira, A. C. and de Oliveira, H. N., 2011. Associations between LEP, DGAT1 and FABP4 gene polymorphisms and carcass and meat traits in Nelore and crossbred beef cattle. *Livestock Science*, 135(2-3), 244-250.
- Çamurcu, H., 2005. Dünya Nüfus Artışı Ve Getirdiği Sorunlar. *Balıkesir Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü Dergisi*, 8(13), 87-105.
- Dekkers, J. C., 2004. Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of animal science*, 82(13), E313-E328.
- Devrim, A. K. ve Kaya, N., 2004. Polimeraz zincir reaksiyonu. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 10(2), 209-214.
- Esenbuğa, N., Dayıoğlu H., Karaoğlu M., Kopuzlu S., ve Macit M., (1998). Morkaraman, İvesi Kuzuların Erken Damızlıkta Kullanılmasının Sürü Verimliliği Bakımından Değerlendirilmesi (2. Koçaltı koyun başına döl verim özellikleri). *Doğu Anadolu Tarım Kongresi*, 14-18 Eylül 1998. (Bildiri Kitabı) Erzurum. 894-903.
- Geliyi, C., İlaslan, M., (1978). Kars İli Karacaören Köyünde Yetiştirilen Morkaramanların Döl, Süt ve Yapağı Verimleri. *Kars Deneme ve Üretim İstasyonu Müdürlüğü Yayın No: 4*, Kars.
- Genç, Ş., 2007. Polimeraz Zincir Reaksiyonu IV. ARLAB hücresel, moleküler ve analitik teknikler kursu, 13-14 Kasım 2007, İzmir.
- Gökırmaklı, Ç. ve Bayram, M., 2018. Gıda için gelecek öngörüler: Yıl 2050, *Akademik Gıda*, 16(3), 351-360,
- Gözyuman, B., 2018. Morkaraman Ve Tuj Koyunlarında Kolostrum Kalitesinin Kuzularda Büyüme-Gelişme Ve Yaşama Gücüne Etkisi. *Y. Lisans Tezi, Atatürk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Erzurum.
- Gürer, B. ve Ören, M. N., 2013. Türkiye’de Hayvansal Ürünlerde Gıda Güvencesinin Analizi. *Ç.Ü Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi*, 29(3), 124-133.
- Kaymakçı, M. ve Taşkın, T., 2008. Türkiye koyunculuğunda melezleme çalışmaları. *Hayvansal üretim*, 49(2), 43-51.
- Kocaman, N., 2015. Kuzu Etlerinden *Listeria monocytogenes* İzolasyonu Ve Antibiyotik Dirençliliklerinin Belirlenmesi. *Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü*, Ankara.
- Kolören, Z., Elif, Ç. İ. L., Emine, A. Y. A. Z. ve Karaman, Ü., 2017. RFLP Yönteminin Parazitolojide Uygulama Alanları. *Ordu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 7(2), 215-225.
- Kopuzlu, S., Çelebi, Ş. ve Yörük, M. A., 2016. Erzurum İlinde Küçükbaş Hayvancılığın Mevcut Durumu Ve Potansiyeli/The Station and Potantial of Small Ruminant Breeding in Erzurum. *Alinteri Journal of Agriculture Science*, 30(1), 60-69.
- Kopuzlu, S., Sezgin, E., Yuksel, S., Ozluturk, A., Biberoglu, O., Esenbuga, N. ve Keskin, M., 2014. Phenotypic and genetic parameters for growth characteristics of Morkaraman sheep. *Journal of Applied Animal Research*, 42(1), 97-102.

- Köprücü E, 1975. Atatürk Üniversitesi Merinos ve Morkaraman Sürülerinde Döl Verimine Tesir Eden Faktörlerin Parametre Tahminleri. Atatürk Üniversitesi Zir. Fak. Zootekni Bölümü. (Doktora Tezi) Erzurum.
- Kumar, R., Gupta, S., Meena, A. S., Naqvi, S. M. K. and Kumar, S., 2016. Polymorphism in Exon 17 of Diacylglycerol Acyltransferase-1 {DGAT-1} Gene in Indian Sheep Breeds. *Indian Journal of Small Ruminants (The)*, 22(2), 170-173.
- Macit, M., ve Aksoy, A., (1996). Atatürk Üniversitesi Tarım İşletmesinde Yetiştirilen İvesi ve Morkaraman Koyunlarının Yarı Entansif Şartlarda Bazı Önemli Verim Özellikleri Bakımından Karşılaştırılması. *TÜBİTAK, Tr. J. of Vet. and Anim. Sci.*, 20:465-470,
- Mahrous, K. F., Hassanane, M. S., ABDEL, M. M., Shafey, H. I. and Rushdi, H. E., 2015. Polymorphism of some Genes Associated with Meat-Related Traits in Egyptian Sheep Breeds. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 5(3), 655-663.
- Meena, A. S., Bhatt, R. S., Sahoo, A. and Kumar, S. 2016. Genetic polymorphism of the diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1) gene in Malpura sheep. *Indian Journal of Small Ruminants (The)*, (1), 97-99.
- Mohammadi, H., Shahrehabak, M. M. and Sadeghi, M., 2013. Association between single nucleotide polymorphism in the ovine DGAT1 gene and carcass traits in two Iranian sheep breeds. *Animal biotechnology*, 24(3), 159-167.
- Nanekarani, S., Kolivand, M. and Goodarzi, M., 2016. Polymorphism of a mutation of DGAT1 gene in Lori sheep breed. *J Adv Agri Tech*, 3(1), 38-41.
- Ozmen, O. ve Kul, S., 2016. Identification of Novel SNPs and 10 bp Deletion of Ovine DGAT1 Gene and Their Association with Milk Production Traits. *The Thai Journal of Veterinary Medicine*, 46(2), 271-278.
- Öner, Y., Pullu, M., Akın O., Elmacı C., 2011. Bursa Bölgesinde Yetiştirilen İsviçre Esmeri ve Siyah Alaca Irkı Sığırlarda Beta Laktoglobulin (β -lg) ve Büyüme Hormonu (bGH) Gen Polimorfizmlerinin HaeIII ve MspI Restriksiyon Enzimleri Kullanılarak İncelenmesi. *Kafkas Univ Vet. Fak. Derg.* 17 (3), 371-376
- Özdil, F., 2007. Mitokondriyel Dna Pcr-Rflp (Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi) Markerleri Kullanılarak Türkiye'nin Farklı Yörelere Ait Bal Arılarının Tanımlanması Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Ranjbari, M., Hashemi, A., Mardani, K. and Darvishzadeh, R., 2012. Allelic polymorphism of Makoei sheep calpastatin gene identified by polymerase chain reaction and single strand conformation polymorphism. *J Agric Sci Technol*, 14 (3), 533-538.
- Reis, C., Navas, D., Pereira, M. and Cravador, A., 2001. Growth hormone alui polymorphism analysis in eight portuguese bovine breeds. *Archivos de zootecnia*, 50(190), 41-48.
- Sadeghi, M., Mokhber, M., Moradi-Shahrabak, M., Soltani, V. and Behroozlak, M., 2020, Study of DGAT1 Gene Polymorphisms with Carcass Traits in Iranian Zel and Lori-Bakhtiari Sheep Breeds. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 10(3), 501-507.
- Safari, E., Fogarty, N. M. and Gilmour, A. R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science*, 92(3), 271-289.
- Semerci, A. ve Çelik, A. D., 2016. Türkiye'de küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin genel durumu. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21(2), 765-793.
- Soysal, M. İ., 2010, Türkiye Yerli Evcil Genetik Kaynakları. *Tekirdağ*, 389, Türkiye.

- Sönmez, R., Kaymakçı, M., Eliçin, A., Tuncel, E., Wassmuth, R. ve Taşkın, T., 2009. Türkiye Koyun Islahı Çalışmaları. Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 23(2), 43-65.
- Şahin, E., 2017. Siyah alaca ineklerin Kappa Kazein (CSN3), β -Laktoglobulin (LGB), Prolaktin (PRL) ve DGAT1 (DIACYLGLYCEROL ACYLTRANSFERASE1) gen lokusları bakımından genotipik yapılarının ve bu özellikleriyle süt verimleri arasındaki ilişkilerin saptanması. Doktora Tezi, Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Antalya.
- Şahin, İ., 2010, Türkiye’de bulunan bazı sığır ırklarının DGAT1 ve PRNP gen polimorfizminin araştırılması. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Konya.
- Tăbăran, A., Mihaiu, M., Dan, S. D., Reget, O., Pivariu, B., Cordis, I. And Muresan, C., 2014. Identification of polymorphism in goat and sheep DGAT1 gene associated with milk production traits. Bulletin UASVM Veterinary Medicine, 71(2), 281-286.
- Tambasco, D.D., Paz, C.C.P., Pereira, AP., Alencar, MM ., Freitas, A.R., Coutinho, L.L., Packer, I.U. and Regitano, L.C.A., 2003. Candidate genes for growth traits in beef cattle crosses. J. Anim. Breed. Genet. 120, 51–56
- Tellioğlu, S. ve Sezer, S., 1976. Atatürk Üniversitesi Morkaraman Koyunlarında Vücut Ölçüleri. Atatürk Üni. Ziraat Fak. Ziraat Derg., 7 (2): 61-74.
- TEPGE, 2021. Küçükbaş Eti Haziran-2021 Tarım Ürünleri Piyasa Raporu.
- TİGEM, 2020, Hayvancılık Sektör Raporu, Ankara.
- TUİK 2021. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Dunya-Nufus-Gunu-2021-37250> (26.11.2021)
- Turhan, Ş., Erdal, B. ve Çetin, B., 2010, Türkiye’de Kırmızı Ette Fiyat Oluşumu ve Etkileyen Faktörler. Türkiye IX. Tarım Ekonomisi Kongresi, Şanlıurfa.
- Uluslan H. ve Aksoy A., 1996. Kafkas Üniv. Veteriner Fakültesi Çiftliğinde Yetiştirilen Tuj ve Morkaraman Koyunlarının Verim Performansları. II. Büyüme ve Beden Ölçüleri. Kafkas Üniv Vet. Fak. Dergisi, 2 (2): 139–146.
- Unanian, M. M., Barreto, C. C., Cordeiro, C. M. T., Freitas, A. R. and Josahkian, L. A., 2002. Possible associations between bovine growth hormone gene polymorphism and reproductive traits. Brazilian Archives of Biology and Technology, 45, 293-299.
- Winter, A., Krämer, W., Werner, F. A., Kollers, S., Kata, S., Durstewitz, G. And Fries, R., 2002. Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. Proceedings of the National Academy of Sciences, 99(14), 9300-9305.
- Xu, Q. L., Chen, Y. L., Ma, R. X. and Xue, P., 2008. Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. Journal of the Science of Food and Agriculture, 89(2), 232-237.
- Yang, J. T., Zang, R. X., Liu, W. J., Xu, H. W., Bai, J. L., Lu, J. X. and Wu, J. P., 2011. Polymorphism of a mutation of DGAT1 gene in four Chinese indigenous sheep breeds. Asian Journal of Animal and Veterinary Advances, 6(5), 460-468.
- Yılmaz, İ. ve Yılmaz, E., 2012. Türkiye’de Hayvansal Gıda Tüketimi ve Sorunlar. 10, Ulusal Tarım Ekonomisi Kongresi, Konya.

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler	
Adı Soyadı:	İremnur AYDIN
Eğitim	
Lise:	Erzurum Anadolu Ticaret Meslek Lisesi
Lisans:	Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Gıda Mühendisliği Bölümü
Yüksek lisans:	Atatürk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Zootečni Anabilim Dalı, Biyometri ve Genetik Bilim Dalı
Yabancı Dil Bilgisi	
İngilizce:	Orta