



## Detection of *Akirin 2* Gene Polymorphism with PCR-RFLP Method in Some Cattle Breeds Reared in Turkey

Güray COŞKUN<sup>1</sup> Bilal AKYÜZ<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Ministry of Environment and Urbanization, Kayseri Provincial Directorate of Environment and Urbanism, Kayseri, Turkey

<sup>2</sup> Erciyes University, Faculty of Veterinary Medicine, Department of Genetics, Kayseri, Turkey

Received: 26.02.2016

Accepted: 02.05.2016

### SUMMARY

The purpose of this study was to determine a single nucleotide polymorphism (SNP) *c.\*188G>A* at *Akirin 2* gene in the Simmental (n=75), Brown Swiss (n=75), Holstein (n=100), East Anatolian Red (EAR) (n=40) and Turkish Grey (n=40) cattle breeds in Turkey. In order to determine the *c.\*188G>A* polymorphism, polymerase chain reaction and restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) method was performed in this study. Target region of *Akirin 2* gene was amplified using PCR method and the PCR products were digested using by *FoKI* endonuclease enzyme. In this study, two types of alleles (A and G) for *c.\*188G>A* polymorphism of *Akirin 2* gene were observed. The G allele frequency was found the highest in EAR cattle breed (0.93) and the A allele frequency was found the highest in Simmental cattle breed (0.27). Furthermore, the AA and AG genotype frequencies were found to be highest in Simmental breed (0.07 and 0.39 respectively), while the highest frequency of GG genotype was found in EAR (0.85) breed. According to the results of the chi-square test, it was showed that the investigated five breeds were in Hardy-Weinberg equilibrium for the *c.\*188G>A* polymorphism. The present study is the first attempt that investigates *c.\*188G>A* polymorphism at *Akirin 2* gene in these cattle breeds (Simmental, Brown Swiss, Holstein, EAR and Turkish Grey) raised in Turkey. In conclusion, it is considered that the *c.\*188G>A* polymorphism in *Akirin 2* gene can be used in order to improve meat quality traits such as marbling score of Turkish native and European origin cattle breeds reared in Turkey.

**Key Words:** *Akirin 2*, Genetic Marker, RFLP, Cattle

### ÖZET

## Türkiye’de Yetiştirilen Bazı Sığır Irklarında *Akirin 2* Gen Polimorfizminin PCR-RFLP Yöntemi ile Belirlenmesi\*

Bu çalışmada Türkiye’de yetiştirilen Simental (n=75), İsviçre Esmeri (n=75), Holstein (n=100), Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK) (n=40) ve Boz Irk (n=40) sığırlarında *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* tek nokta polimorfizminin (SNP) belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu çalışmada, *c.\*188G>A* polimorfizmi yönünden genotipleme için polimeraz zincir reaksiyonunu takiben yapılan restriksiyon parçacık büyüklük polimorfizmi (PCR-RFLP) yöntemi kullanılmıştır. *Akirin 2* genindeki hedef bölge, PCR ile çoğaltıldıktan sonra elde edilen PCR ürünleri *FoKI* endonükleaz enzimi ile kesilmiştir. Çalışmada *c.\*188G>A* tek nokta polimorfizmi için A ve G olarak adlandırılan iki allel belirlenmiştir. En yüksek A allel frekansı Simental ırkında (0.27), en yüksek G allel frekansının ise DAK ırkında (0.93) olduğu görülmüştür. Ayrıca, en yüksek AA ve AG frekansı Simental ırkında (0.07 ve 0.39), en yüksek GG genotip frekansı ise DAK ırkında (0.85) belirlenmiştir. Yapılan Ki-kare analiz sonuçlarına göre incelenen beş ırkında *c.\*188G>A* polimorfizmi yönünden Hardy-Weinberd dengesinde (HWE) oldukları gözlenmiştir. Bu çalışma Türkiye’de yetiştirilen Simental, İsviçre Esmeri, Holstein, DAK ve Boz Irk sığırlarında *Akirin 2* geninden bulunan *c.\*188G>A* polimorfizmi yönünden genotiplendirilmelerinin yapıldığı ilk çalışmadır. Sonuç olarak, Türkiye’de yetiştirilen yerli ve Avrupa orijinli sığır ırklarında mermerleşme skoru gibi et kalite özelliklerinin iyileştirilmesinde *Akirin 2* genindeki *c.\*188G>A* polimorfizminin kullanılabilceği düşünülmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** *Akirin 2*, Genetik Belirteç, RFLP, Sığır

### GİRİŞ

Nüfus artışına bağlı olarak gıda talebindeki artış, düşük

verimli yerli ırkların üretim dışı bırakılmasına neden olmuştur. Bu durum ise popülasyon büyüklüğünde azalma ve kan yakınlığı artışına neden olarak yerli ırkları yok olma

tehlikesi ile karşı karşıya bırakmıştır (Çitek ve ark., 2006). Ancak Dünya Gıda ve Tarım Örgütü (FAO), sahip oldukları yüksek adaptasyon kabiliyeti ve hastalıklara direnç özellikleri nedeniyle, gelecekte daha da artacak olan gıda ihtiyaçlarının karşılanmasında gen kaynağı olarak yerli ırklara ihtiyaç duyulacağını bildirmiştir (Dybus ve ark., 2005).

Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) verilerine göre, 2000 yılında Türkiye'deki yerli sığır varlığı 4.2 milyon baş iken, 2015 yılında yaklaşık %50 azalarak 1.8 milyon başa düştüğü, aynı dönemde kültür ırkı sığırların sayısının ise 1.8 milyondan, 6.3 milyon başa yükseldiği, yerli melezlerinin sayısının da 4.7 milyon baştan 5.7 milyon başa yükseldiği görülmektedir (Anonim, 2015). Bu da göstermektedir ki ülkemiz yerli sığır ırkları sahip oldukları düşük verim özellikleri nedeniyle hızla yok olmaya doğru gitmektedir. Bu nedenle, yerli sığır ırklarının varlıklarını ve popülasyon büyüklüklerini devam ettirebilmeleri için verimlerinin ve ürün kalitelerinin artırılması gerekmektedir. Ancak çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde ekonomik değeri olan verimlerle ilgili karakterlerin hemen hepsi küçük etkili çok sayıda additif gen tarafından kontrol edilen ve çevresel faktörlerden etkilenen kantitatif karakterlerdir.

Hayvan ıslahında, kantitatif karakterler yönünden yüksek genetik kapasiteye sahip bireylerin damızlık olarak seçilmesi önemli bir sorundur (Dybus ve ark., 2005). Bu amaçla yapılan klasik seleksiyon yöntemleri uzun zaman, yoğun emek ve yüksek maliyet gerektirmelerine karşılık yavaş bir genetik ilerleme sağlar. Ancak, moleküler genetik alanında son 20-30 yılda elde edilen gelişmeler, üzerinde durulan verim özelliği ile yüksek bir korelasyon gösteren, bunun yanında genç yaşlarda ve cinsiyete bağlı kalmadan yüksek verimli damızlıkların belirlenmesine imkan veren genetik markörlerden yararlanmayı mümkün hale getirmiştir (Kabasakal ve ark., 2015). Son yıllarda, hayvan yetiştiriciliğinde önemli verim özellikleri yönünden eldeki popülasyonun iyileştirilmesinde moleküler belirteçler ve bu belirteçlerdeki polimorfizmler ile farklı verim özellikleri arasındaki ilişkilerin araştırıldığı çalışmalar önem kazanmıştır (Çitek ve ark., 2006).

Özellikle sığır, koyun ve domuz gibi çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde et kalitesi, ekonomik değeri olan önemli bir verim özelliğidir. Kas lifi tipleri ve mermerleşme skoru, et kalitesini etkileyen önemli faktörlerdendir (Sasaki ve ark., 2009). Longissimus dorsi kasında, intramusküler yağ dağılımı ve yağ miktarı olarak tanımlanan mermerleşme lezzet ve tenderness olarak da adlandırılan çiğneme kolaylığını artırarak daha kaliteli et elde edilmesini sağlar (Sasaki ve ark., 2009; Kim ve ark., 2013; Sukegawa ve ark., 2014). En iyi kalitede et, yüksek oranda yavaş kasılan kas lifi içeren ve yüksek mermerleşme skoruna sahip kaslardan elde edilir (Ryu ve Kim, 2005).

Omurgalılarda yapılan çalışmalarda *Akirin* gen ailesinin kas hücrelerinde büyüme ve katabolizma arasındaki dengenin sağlanmasında görev aldığı bildirilmiştir (Macqueen ve ark., 2010). Ayrıca *Akirin* geninin kas hücrelerinde bulunan miyotübüllerin büyümesini ve farklılaşmasını teşvik ettiği de belirlenmiştir (Marshall ve ark., 2008). Korunmuş bir gen tarafından kodlanana *akirin*, 180-204 amino asit içeren ve yaklaşık 20-25 kDa ağırlığında bir proteindir. Bu proteini kodlayan *Akirin* geni 1 ve 2 olarak adlandırılan iki homologa sahiptir. Memeliler ve amfibianlarda *Akirin* geninin her iki homologu da bulunurken, kuşlarda ve sürüngenlerde sadece *Akirin 2* bulunmaktadır (Macqueen ve Johnston, 2009).

Sığırlarda *Akirin 2* geninin aktivitesinin araştırıldığı çalışmalarda, longissimus dorsi kasında belirli zamanlarda aktivite gösterdiğini ve bu sayede sığırlarda et kalitesinde rol oynadığı bildirilmiştir (Sasaki ve ark., 2009; Kim ve ark., 2013; Sukegawa ve ark., 2014). Çiftlik hayvanlarında yapılan çalışmalar sonunda *Akirin 2* geninin direk mermerleşmeden sorumlu gen olmamasına rağmen mermerleşmeden sorumlu genler için pozisyonel fonsiyonel bir aday gen olabileceği ileri sürülmüştür (Sasaki ve ark., 2009; Ma ve ark., 2015).

Sığır karyotipinin otozomal 9. kromozomunda (BTA9) bulunan *Akirin 2* geninin 3'-untranslated bölgesinde (UTR) bulunan bir *c.\*188G>A* tek nükleotid polimorfizmi ile mermerleşme skoru arasında ilişkili olduğu bildirilmiştir (Goto ve ark., 2008; Sasaki ve ark., 2009; Kim ve ark., 2013; Sukegawa ve ark., 2014). Bazı çalışma sonuçları bu SNP'nin, sığırlarda mermerleşme skoru için fonksiyonel bir aday gen olarak kabul edilebileceğini ve yapılacak belirteç destekli seleksiyon çalışmalarında kullanılabilceğini göstermiştir (Goto ve ark., 2008; Sasaki ve ark., 2009; Watanabe ve ark., 2011; Kim ve ark., 2013; Ma ve ark., 2015; Sukegawa ve ark., 2014).

Yapılan literatür taramalarında, gerek Türkiye yerli sığır ırklarında gerekse Türkiye'de yetiştirilen kültür ırkı sığırlarda *c.\*188G>A* tek nükleotid polimorfizmi yönünden allelik yapılarının belirlenmesine yönelik bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Bu çalışmada Türkiye yerli sığır ırklarından DAK ve Boz Irk ile Türkiye'de yetiştirilen kültür ırklarından Holstein, Simental ve İsviçre Esmerlerinde *Akirin 2* geninin 3'-UTR bölgesinde bulunan *c.\*188G>A* SNP'si yönünden allelik yapılarının belirlenmesi amaçlanmıştır.

## MATERYAL ve METOT

Çalışmada canlı hayvan kullanılmamıştır. Bu amaçla, dişi-erkek ayrımı gözetmeksizin aralarında akrabalık bulunmayan 75 baş Simental, 75 baş İsviçre Esmeri, 100 baş Holstein ile Türkiye yerli sığır ırklarından 40 baş DAK ve 40 baş Boz Irk olmak üzere toplam 330 hayvandan daha önce alınmış kanlar kullanılmıştır. Çalışma Erciyes Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulunun 11.06.2014 tarih ve 14/103 sayılı izni ile yapıldı.

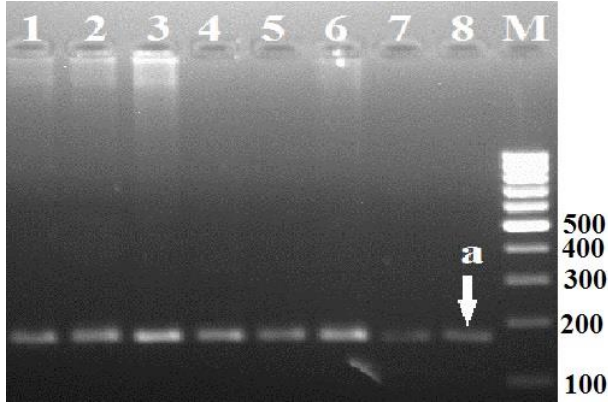
Çalışmada incelenen hayvanlara ait DNA'lar fenol-kloroform-izoamil alkol yöntemi ile izole edilmiştir (Sambrook ve ark., 1989). İncelenen sığır örneklerinin *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* SNP'si yönünden genotiplendirilmesi için yapılan PCR işleminde forward: 5'- TCT TAG GCA GCA ACC GGA TT -3'; reverse: 5'- GAA GGG CAT GTT CTT AGA ATA CCA G -3' (GenBank accession numarası: NC\_007329) olan bir primer seti kullanılmıştır (Kim ve ark., 2013). PCR karışımı; 1.5 µl DNA (100 ng/µl), 0.1 µl Taq polimeraz (5 U/µl), 50 µM dNTP, 0.2 µM her bir primerden konulduktan sonra karışıma ddH<sub>2</sub>O eklenerek toplam reaksiyon hacmi 25 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Hazırlanan karışımın bulunduğu tüpler, PCR cihazında 94 °C'de 4 dakika tutulduktan sonra bir döngüsü; 94 °C'de 30 saniye, 56 °C'de 30 saniye ve 72 °C'de 30 saniye olacak şekilde 35 döngü yapılmıştır. Son döngüyü takiben 72 °C'de 4 dakika tutularak PCR işlemi sonlandırılmıştır. İşlem sonunda elde edilen PCR ürünleri her bir örnek için 10 U *FoKI* (Thermo Scientific) restriksiyon endonükleaz enzimi ile kesilmiştir.

Bireylerin genotipik yapıları ve allel frekansları gen sayımı ile belirlenmiştir. İncelenen ırklara ait örneklerin allel, genotip frekansları ve Ki-kare analizleri, online hesaplama

yapan "http://www.oege.org/software/hwe-mr-calc.shtml" adresinde hesaplanmıştır.

## BULGULAR

Yapılan PCR sonunda elde edilen 170 bç'lik ürünler %3'lük agaroz jel elektroforezleri ile başarılı bir şekilde görüntülenmiştir (Şekil 1).

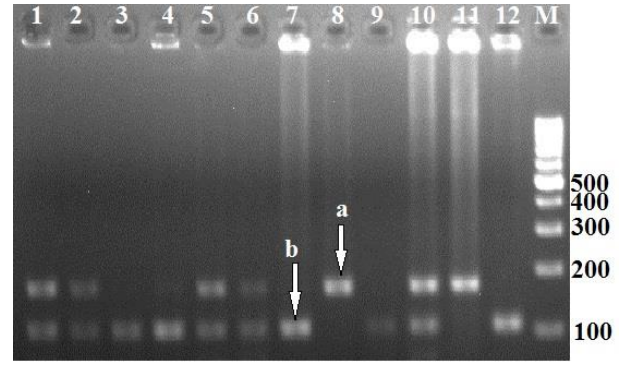


**Şekil 1.** PCR ürünleri (a: 170 bç'lik bant), M: 100 bç'lik DNA merdiveni

**Figure 1.** PCR products (a: 170 bp band), M: 100 bp DNA ladder

Elde edilen PCR 170 bç'lik ürünlerinin *FoKI* restriksiyon endonükleaz ile kesilmesi sonunda AA genotipindeki bireylerde 170 bç'lik tek bant, AG genotipindeki heterozigot bireylerde 170, 105 ve 65 bç'lik üç bant, GG genotipindeki bireylerde ise 105 ve 65 bç'lik iki bant görülmesi beklenmiştir. Ancak, kesim ürünlerinin koşturulduğu %4'lük agaroz jel elektroforezinde bant büyüklüğü 65 bç olan en küçük bant görülememiştir. Buna rağmen 170 ve 105 bç'lik bantların bir arada veya ayrı ayrı görülmesi bireylerin genotiplerinin belirlenmesinde yeterli olduğu görülmüş ve 65 bç'lik bantın

görüntülenmesi için jel yoğunluğunun artırılmasına gerek duyulmamıştır (Şekil 2).



**Şekil 2.** *FoKI* enzim kesimi sonucu elde edilen farklı *Akirin 2* genotipleri. 8 ve 11: AA genotipli bireyler; 1, 2, 5, 6 ve 10: AG genotipli bireyler; 3, 4, 7, 9 ve 12: GG genotipli bireyler; M; 100 bç'lik DNA merdiveni

**Figure 2.** *FoKI* enzyme digestion products of different *Akirin 2* genotypes. 8 and 11: individuals of the AA genotype; 1, 2, 5, 6 and 10 individuals of the AG genotype; 3, 4, 7, 9 and 12: individuals of the GG genotype; M: 100 bp DNA ladder

Elde edilen PCR ürünlerinin *FoKI* endonükleaz enzim kesimleri sonucuna göre en yüksek AA (0.07) ve AG (0.39) genotip frekansları Simental ırkında bulunmuşken, en yüksek GG genotip frekansı (0.85) DAK ırkında bulunmuştur. Ki-kare test sonuçlarına göre *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* SNP'si yönünden incelenen ırkların hepsinin Hardy-Weinberg dengesinde (HWE) oldukları belirlenmiştir. Çalışmada incelenen ırklarda en yüksek A allel frekansı (0.27) Simental ırkında bulunmuşken, en yüksek G allel frekansı (0.93) ise DAK ırkında bulunmuştur. İncelenen ırklara ait genotip ve allel frekansları Tablo 1'de verilmiştir.

**Tablo 1.** *Akirin 2* geni yönünden incelenen sığır ırklarının genotip ve allel frekansları

**Table 1.** Genotype and allele frequencies of *Akirin 2* gene of studies cattle breeds

İrk	<i>Akirin 2</i>					Ki-kare ( $X^2$ ) HWE	
	Genotip Frekansı			Allel Frekansı			
	AA	AG	GG	A	G		
SİM	Gözlenen	8 (0.07)	24 (0.39)	43 (0.54)	0.27	0.73	$X^2 = 2.48$ ns P= 0.1157 (SD=1)
	Beklenen	5.33	29.33	40.33			
ES	Gözlenen	4 (0.07)	31 (0.38)	40 (0.55)	0.26	0.74	$X^2 = 0.41$ ns P= 0.5208 (SD=1)
	Beklenen	5.07	28.86	41.07			
HL	Gözlenen	3 (0.03)	27 (0.27)	70 (0.70)	0.17	0.83	$X^2 = 0.04$ ns P= 0.8404 (SD=1)
	Beklenen	2.72	27.56	69.72			
BI	Gözlenen	2 (0.02)	8 (0.26)	30 (0.72)	0.15	0.85	$X^2 = 1.86$ ns P= 0.1725 (SD=1)
	Beklenen	0.9	10.2	28.9			
DAK	Gözlenen	1 (0.01)	4 (0.14)	35 (0.85)	0.07	0.93	$X^2 = 3.12$ ns P= 0.0773 (SD=1)
	Beklenen	0.22	5.55	34.23			

SİM: Simental; ES: İsviçre Esmeri; HL: Holstein; BI: Boz Irk; ns: İstatistiksel olarak önemsiz; SD: Serbestlik Derecesi

## TARTIŞMA ve SONUÇ

Sığırlarda *Akirin 2* geni ve et kalitesi arasındaki ilişkilerin araştırıldığı çalışmalarda en çok bu genin 3' ürüne dönüşmeyen bölgesinde (untranslated region, UTR) bulunan *c.\*188G>A* SNP'si kullanılmıştır (Sasaki ve ark., 2009; Kim ve ark., 2013; Sukegawa ve ark., 2014).

Yapılan literatür taramasında sığırlarda *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* polimorfizminin araştırıldığı çalışmaların az olduğu ve çalışmaların da çoğunlukla Uzak Doğu kökenli sığır ırklarında yapıldığı görülmüştür (Sasaki ve ark., 2009; Watanabe ve ark., 2011; Kim ve ark., 2013).

Bu çalışmaların birinde, Yerli Japon Siyah sığırlarına ait boğalar incelenmiş ve çalışma sonunda, incelenen örneklerde AG (0.48) genotip frekansının en yüksek, AA (0.26) ve GG (0.26) genotip frekanslarının ise birbirine eşit olduğu görülmüştür (Sasaki ve ark. 2009). Yine Japon yerli Siyah sığır ırkının, ancak besi amacıyla yetiştirilen bir sürünün incelendiği bir başka çalışmada da AG genotip frekansının (0.53) diğer iki genotipten yüksek olduğu, ancak damızlık boğalardan farklı olarak, AA genotip frekansının (0.17) GG genotipinden düşük olduğu, G allel frekansının da (0.57), A allelinden yüksek olduğu görülmüştür (Sukegawa ve ark., 2014). Yinede Japon yerli Siyah sığırlarında AA genotip ve A allel frekanslarının Türkiye yerli sığır ırklarından yüksek olduğu görülmektedir. Türkiye yerli sığır ırklarından DAK ve Boz Irkın incelendiği bu çalışmada, AA genotip frekansı DAK ırkında 0.01, Boz Irk'ta ise 0.02 olarak bulunmuştur. Bunun sebebinin Japon yerli Siyah sığırlarında, Japonya'da yağlı, kas lifleri az ve yumuşak olan ünlü "Kobe bifteği" olarak adlandırılan (Babür ve Gürbüz, 2015) etin elde edilmesi için uzun yıllardır seleksiyon yapılmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Çünkü Japon yerli Siyah sığırlarında *c.\*188G>A* polimorfizmi ve et kalitesi arasındaki ilişkinin araştırıldığı çalışmalarda, AA genotipi ve A alleli ile mermerleşme arasında pozitif ilişki olduğu bildirilmiştir (Sasaki ve ark., 2009; Sukegawa ve ark., 2014).

Diğer taraftan, herhangi bir seleksiyon çalışması yapılmamış olan Kore yerli sığırlarında *c.\*188G>A* polimorfizminin araştırıldığı bir çalışmada AA genotip frekansının (0.07) diğer iki genotipten düşük olduğu belirlenmiştir (Kim ve ark., 2013). Benzer şekilde, mermerleşme yönünden herhangi bir ıslah çalışması yapılmayan Türkiye'de yetiştirilen Avrupa orijinli ve yerli sığır ırklarında *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* polimorfizminin araştırıldığı bu çalışmada da AA genotip frekansı DAK ırkında (0.01), Boz Irk'ta (0.02), Holstein ırkında (0.03), Simental ve İsviçre Esmeri ırklarında (0.07) diğer genotiplerden oldukça düşük olduğu görülmüştür.

Bu düşünceyi destekler şekilde, Japonya'da elli yıl boyunca mermerleşme skoru yönünden sıkı seleksiyon yapılan Japon Siyah sığırları ve uzun yıllardır Japonya'da yetiştirilen İsviçre Esmerleri ile mermerleşme skoru yönünden herhangi bir seleksiyon uygulaması yapılmayan Holstein ve İsviçre Esmeri ırkı sığırlarda *c.\*188G>A* polimorfizmi araştırılmıştır (Watanabe ve ark., 2011). Çalışma sonunda seleksiyon yapılan İsviçre Esmerlerinde A allel frekansının 0.57 olduğu, seleksiyon çalışması yapılmamış İsviçre Esmerlerinde ise A allel frekansının 0.21 olduğu bildirilmiştir (Watanabe ve ark., 2011). Bu çalışma ile uyumlu olarak bizim çalışmamızda da A allel frekansının Simental ırkında 0.27 ve İsviçre Esmeri ırkı sığırlarda ise 0.26 olduğu görülmüştür.

Çalışma sonunda kombine verimli bu iki ırktaki A allel frekansının incelenen DAK, Boz Irk ve Holstein ırkı

sığırlardan yüksek olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan bu çalışmada incelenen yerli ırklardan, Türkiye'nin önemli sığır eti kaynağı olan DAK ırkının incelenen ırklar arasında en düşük A allel frekansına (0.07) sahip olduğu görülmüştür. Bunun, Türkiye'de yetiştirilen hiçbir tür ve ırkta et kalitesini özellikle de mermerleşme skorunun artırılmasına yönelik bir ıslah çalışması yapılmamış olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Dolayısıyla bu beş sığır ırkında A alleli ve AA genotipini arttırmaya yönelik çalışmalar ile bu ırklarda mermerleşme skorunun da iyileştirebileceği söylenebilir.

Çalışmada incelenen beş sığır ırkı içerisinde en yüksek GG genotip frekansı DAK (0.85) ve Boz Irkta (0.72) bulunmuştur. Bunun sebebinin yerli sığır ırklarımızda birçok verim özelliği gibi et kalite kriterlerinin de göz ardı edilmesinden kaynaklandığı düşünülmektedir. Çünkü bu çalışmada kullanılan kombine verimli Simental (0.54) ve İsviçre Esmeri (0.55) ırklarında GG genotip frekansının, sütçü bir ırk olan Holstein ırkı ile yerli ırklardan düşük olduğu görülmüştür. Bunun sebebinin kombine verimli Simental ve İsviçre Esmeri sığır ırklarının geliştirilmesinde, et verim ve et kalitesinin de göz önünde tutulmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu çalışmada incelenen Holstein ırkında A allel frekansının 0.17 ile yerli ırklar ile kombine verimli ırklar arasında yer aldığı görülmüştür. Bu bulgu ile uyumlu olarak Watanabe ve ark. (2011) tarafından yapılan çalışmada da incelenen sığır ırkları arasında bulunan Holstein'lerde A allel frekansının 0.21 ile kombine verimli İsviçre Esmerlerinden düşük olduğu bildirilmiştir. Her iki çalışmada da Holstein ırkında A allel frekansının kombine verimli Simental ve İsviçre Esmeri sığır ırklarından düşük olmasının, Holstein ırkında önceliğin süt verimi olduğu bu nedenle ırkın geliştirilmesinde et kalitesine daha az önem verilmesinden kaynaklandığı düşünülmüştür.

Çalışmada incelenen beş ırkının Ki-kare analizi sonuçlarına göre HW dengesinde oldukları görülmüştür. Dolayısıyla Türkiye'de yetiştirilen gerek yerli gerekse Avrupa orijinli sığır ırklarında *Akirin 2* genindeki *c.\*188G > A* polimorfizmi yönünden varyasyonun hala devam ettiği görülmektedir. Bu bulgu ise Türkiye'deki sığır ırklarında mermerleşme ve çiğneme kolaylığı yönünden yapılacak ıslah çalışmalarında bu polimorfizmin kullanılabilirliğini, AA genotip ve A allel frekanslarının arttırılmasının beş ırkta da et kalitesinin artırılmasına yönelik çalışmalarda etkili olabileceği düşünülmektedir.

Sonuç olarak, *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* polimorfizminin ile mermerleşme arasındaki ilişkinin araştırıldığı çalışmalar göstermektedir ki, özellikle düşük et kalitesine sahip yerli ırklarda mermerleşme skorunun iyileştirilmesi çalışmalarında *c.\*188G>A* polimorfizminin kullanılma potansiyeli vardır. Türkiye'de bu amaçla yapılacak çalışmalardan önce Türkiye'de yetiştirilen sığır ırklarının *Akirin 2* geninde bulunan *c.\*188G>A* SNP'si yönünden genotiplerinin belirlenmesinin gerekli olduğu sonucuna varılmıştır.

## TEŞEKKÜR

Bu araştırma, Erciyes Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından TYL-2014-5428 nolu proje ile desteklenmiştir.

## KAYNAKLAR

Anonim (2015). Türk İstatistik Kurumu. Tarım İstatistikleri Kasım 2015, <https://biruni.tuik.gov.tr/hayvancilikapp/hayvancilik.zul/> Erişim Tarihi: 01.Kasım.2015.

- Babür TE, Gürbüz Ü (2015).** Geleneksel pişirme yöntemlerinin et kalitesine etkileri. *Journal of Tourism and Gastronomy Studies*, 3(4), 58-64.
- Čitek J, Panicke L, Řehout V, Procházková H (2006).** Study of genetic distances between cattle breeds of central Europe. *Czech J Anim Sci*, 51(10), 429-436.
- Dybus A, Grzesiak W, Kamieniecki H, et al (2005).** Association of genetic variants of bovine prolactin with milk production traits of Black-and-White and Jersey cattle. *Arch Tierz Dummerstorf*, 48(2), 149-156.
- Goto A, Matsushita K, Gesellchen V, et al (2008).** Akirins are highly conserved nuclear proteins required for NF-κB-dependent gene expression in drosophila and mice. *Nat Immunol*, 9, 97-104.
- Kabasakal A, Dündar E, Ün C, Seyrek K (2015).** Analysis of kappa-casein (κ-casein) gene of associated with milk yield on Turkish Grey cattle breed. *Van Vet J*, 26 (2), 87-91.
- Kim H, Lee SK, Hong MW, et al (2013).** Association of a single nucleotide polymorphism in the Akirin2 gene with economically important traits in Korean native cattle. *Anim Genet*, 44, 750-753.
- Ma J, Xu G, Wan L, Wang N (2015).** Molecular cloning, sequence analysis and tissue-specific expression of Akirin2 gene in Tianfu goat. *Gene*, 554, 9-15.
- Macqueen DJ, Johnston IA (2009).** Evolution of the multifaceted eukaryotic akirin gene family. *BMC Evol Biol*, 9, 34.
- Macqueen DJ, Kristjánsson BK, Johnston IA (2010).** Salmonid genomes have a remarkably expanded akirin family, co-expressed with genes from conserved pathways governing skeletal muscle growth and catabolism. *Physiol Genomics*, 42, 134-148.
- Marshall A, Salerno MS, Thomas M (2008).** Mighty is a novel promyogenic factor in skeletal myogenesis. *Exp Cell Res*, 314, 1013-1029.
- Ryu Y, Kim B (2005).** The relationship between muscle fiber characteristics, postmortem metabolic rate, and meat quality of pig longissimus dorsi muscle. *Meat Sci*, 71, 351-357.
- Sambrook J, Fritsch EF, Maniatis T (1989).** Spectrophotometric Determination of the Amount of DNA or RNA Appendix E: Commonly Used Techniques in Molecular Cloning. *Molecular Cloning: 3A Laboratory Manual*, Second Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sasaki S, Yamada T, Sukegawa S, et al (2009).** Association of a single nucleotide polymorphism in akirin2 gene with marbling in Japanese Black beef cattle. *BMC Res Notes*, 2, 131-135.
- Sukegawa S, Miyake T, Ibi T, et al (2014).** Multiple marker effects of single nucleotide polymorphisms in three genes, AKIRIN2, EDG1 and RPL27A, for marbling development in Japanese Black cattle. *Anim Sci J*, 85, 193-197.
- Watanabe N, Satoh Y, Fujita T, et al (2011).** Distribution of allele frequencies at TTN g.231054C > T, RPL27A g.3109537C > T and Akirin2 c.\*188G > A between Japanese black and four other cattle breeds with differing historical selection for marbling. *BMC Res Notes*, 4, 10.