



## Türkiye’de Yetiştirilen Kasaplık İsviçre Esmeri ve Simental Irkı Sığırlarda *Myosin Heavy Chain 8 (MyH8)* Gen Ekspresyon Düzeyi ile Canlı Ağırlığı Arasındaki İlişkinin Araştırılması\*

Korhan ARSLAN<sup>1a</sup>✉, Fadime DALDABAN<sup>1b</sup>, Aytaç AKÇAY<sup>2c</sup>, Bilal AKYÜZ<sup>1d</sup>

1. Erciyes Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Genetik Anabilim Dalı, Kayseri, TÜRKİYE.

2. Erciyes Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Biyometri Anabilim Dalı, Kayseri, TÜRKİYE.

ORCID: 0000-0002-2440-884X<sup>a</sup>, 0000-0001-5795-8859<sup>b</sup>, 0000-0001-6263-5181<sup>c</sup>, 0000-0001-7548-9830<sup>d</sup>

Geliş Tarihi/Received	Kabul Tarihi/Accepted	Yayın Tarihi/Published
14.03.2018	24.02.2019	28.04.2019

**Bu makaleye atıfta bulunmak için/To cite this article:**

**Arslan K, Daldaban F, Akçay A, Akyüz B:** Türkiye’de Yetiştirilen Kasaplık İsviçre Esmeri ve Simental Irkı Sığırlarda *Myosin Heavy Chain 8 (MyH8)* Gen Ekspresyon Düzeyi ile Canlı Ağırlığı Arasındaki İlişkinin Araştırılması. Atatürk Üniversitesi Vet. Bil. Derg., 14(1): 78-84, 2019. DOI: 10.17094/ataunivbd.406053

**Öz:** Bu çalışmada, Simental ve İsviçre Esmeri sığırlarda karaciğer ve kas dokusu *MyH8* gen ekspresyonu ile canlı ağırlık ilişkisinin araştırılması amaçlanmıştır. Çalışmada Simental (n=40) ve İsviçre Esmeri (n=40) erkek sığırlar kullanılmıştır. Kesimden önce canlı ağırlık ölçümleri yapılmış, kas ve karaciğer dokusu alınarak sıvı azotta dondurulmuştur. Sırası ile dokulardan Trizol ile RNA izolasyonu, RNA’lardan c-DNA sentezi ve SYBR Green yöntemi ile ekspresyon analizi yapılmıştır. Canlı ağırlıklar ile kas ve karaciğerde *MyH8* gen ekspresyonu arasında önemli bir korrelasyon bulunmamıştır (P>0.05). Simental ve İsviçre Esmeri arasında kas *MyH8* gen ekspresyonu bakımından farklılık bulunmamıştır (P>0.05). Ancak karaciğer *MyH8* gen ekspresyonu iki ırktada önemli bulunmuştur (P<0.001). İsviçre Esmeri karaciğer *MyH8* ekspresyonu Simentale göre yüksek bulunmuştur. Sonuç olarak, çalışmada elde edilen veriler Simental ve İsviçre Esmeri *MyH8* geni ekspresyonu ile canlı ağırlığı arasında anlamlı bir ilişkinin olmadığını ancak *MyH8* geninin bu ırklarda farklı ekspresyon profili taşıma potansiyeli olduğunu ortaya koymaktadır.

**Anahtar Kelimeler:** Canlı Ağırlık, Gen Ekspresyonu, *MyH8* gen, Sığır.

## The Relationship of *Myosin Heavy Chain 8 (MyH8)* Gene Expression Profile of Live Weight in Slaughtered the Simmental and Brown Swiss Cattle Breeds which Reared in Turkey

**Abstract:** The aim of this study was to investigate, the relationship between of *MyH8* gene expression profile of the liver and muscle tissue with the live weight, in the Simmental and Brown Swiss cattle. Simental (n = 40) and Brown Swiss (n = 40) male cattle were used in this study. Before slaughter, live weight measurements, muscle and liver tissue were taken and tissues were frozen in liquid nitrogen. It was made respectively RNA isolation by Trizol from tissue, c-DNA synthesis from RNAs and expression analysis by SYBR Green method. There was no significant correlation between live weights and *MyH8* gene expression in muscle and liver (P>0.05). There was no significant difference in muscle *MyH8* gene expression between Simmental and Brown Swiss (P>0.05). However, the difference in *MyH8* gene expression in the liver was significant for two breeds (P<0.001). *MyH8* gene expression level in Brown Swiss liver was significantly higher than the Simmental. As a result, the data obtained from study indicate that there is no significant relationship between the expression level of the *MyH8* gene and live weight in the Simmental and Brown Swiss, but the *MyH8* gene has the potential to carry a different expression profile in these breeds.

**Keywords:** Cattle, Gene Expression, Live Weight, *MyH8* gene.

✉ Korhan Arslan

Erciyes Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Genetik Anabilim Dalı, Kayseri, TÜRKİYE.

e-posta: korhanarslan@erciyes.edu.tr

\*Yapılan çalışma Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi (BAP) tarafından TYL-2014-5115 kodlu proje ile desteklenmiştir.

## GİRİŞ

**K**ırmızı et dünyada, yapısında bulunan protein, mineral, aminoasit ve özellikle B vitamini açısından beslenmede hayvansal ürün sıralamasında önemli hayvansal kaynaklı ürünlerden biri olarak kabul edilmektedir (1-3). Tüm Dünya’da kırmızı et ihtiyacı başta sığır ve domuz olmak üzere koyun, keçi ve manda gibi çiftlik hayvanlarından karşılanmaktadır. Et, insan beslenmesindeki önemi yanında ülkemiz beslenme kültür yapısı açısından da ayrı bir önem taşımaktadır (4). Türkiye’de ise kırmızı et ihtiyacının büyük bir kısmı sığırdan karşılanmaktadır. TÜİK verilerine göre, ülkemizde toplam kırmızı et üretimi Kurban Bayramının gerçekleştiği III. çeyrekte bir önceki çeyreğe göre %27.4, bir önceki yılın aynı çeyreğine göre %0.4 oranında artmıştır. Toplam kırmızı et üretimi içinde sadece kesimhanelerde üretilen kırmızı et miktarı ise 145 bin 173 ton olarak gerçekleşirken, sığır eti üretimi bir önceki çeyreğe göre %30, bir önceki yılın aynı çeyreğine göre %5.6 oranında artmıştır (5). Buna rağmen ülkemizde sürekli bir kırmızı et açığı bulunmaktadır. Bunda en önemli faktörlerden birinin Türkiye’de besi sonu birim hayvan başına elde edilen karkas ağırlığının düşük olması olduğu söylenebilir. Çünkü Türkiye’de ortalama sığır karkas ağırlığı 216 kg/baş iken bu rakam AB ülkelerinde 283 kg/baş, ABD’de ise 341 kg/baş’tır (6). Bu nedenle eldeki sığır varlığında, hayvan başına karkas ağırlığının artırılması için ıslah çalışmalarının yapılması gerekmektedir. Diğer taraftan süt/yem paritesinin düşük seyretmesi, süt fiyatındaki dalgalanmalar ve artan kırmızı et talebinin büyük ölçüde sığırlardan karşılanması Türkiye’de yetiştiricileri Simental (SIM) ve İsviçre Esmeri (İE) gibi kombine verimli sığır ırklarını yetiştirmeye yönelmektedir (7).

Ekonomik olarak yavruların verim yönlerinin erken dönemde tespit edilme ihtiyacı klasik ıslah yöntemlerinin yanında moleküler ıslah yöntemlerinin üretim programları içindeki önemini gün geçtikçe arttırmaktadır (8,9). Bu bağlamda son yıllarda çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde et, süt ve döl verimi,

hastalıklara direnç gibi ekonomik açıdan önemli olan özelliklerle ilişkili olan genler yönünden damızlık adaylarında genotip analizinde kullanılan özgün moleküler yöntemlerin geliştirilmesi, araştırmacıların önemli hedeflerinden biri haline gelmiştir (10,11). Moleküler tekniklerin gelişmesi ile DNA da bulunan genetik bilginin aminoaside aktarımının yapıldığı mekanizma olan, transkripsiyon basamağının incelenmesine imkân veren fonksiyonel genomik (RNA ekspresyon) çalışmaları çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde etkili bir şekilde kullanılabileceği düşünülmektedir (12). Genlerin, farklı dokulardaki ifade güçlerinin analizi temeline dayanan ekspresyon yöntemi Dünyada önemli bir moleküler ıslah yöntemi olarak kabul edilmektedir (13).

*Miyozin (MyH)* proteini, iskelet kası hücrelerinin kasılmasında görev alan sarkomerleri oluşturan kalın filamentlerinin en önemli yapı taşı olup, birbirine eşit iki ağır zincir (*Myosin Heavy Chain, MyHC*) ve birbirine eşit olmayan dört hafif zincirden (*Myosin Light Chain, MLC*) oluşmaktadır (14). Lif tipi ve kompozisyonu ile ilişkili olan kasın kontraksiyon hızı ve gücü açısından miyozinin ağır zincirleri çok önemlidir (14,15). Miyozin ağır zincir izoformları kas lifi türünün belirteci olarak düşünülmektedir (16). Kasların yapısal proteini olması açısından memeli kas oluşumunda önemli rolü olan *MyHC* geninin memelilerde belirlenmiş olan izomerleri mevcuttur (17). Bunlardan ikisinin gelişimsel izoformlar olduğu (embriyonik ve yeni doğan döneminde aktif olduğu), dördünün ise erişkin izoformları (birinin kalp kası izoformu, ikisinin ise göz kası ve çiğneme kasına özgü) olduğu bildirilmiştir (16). Sığır kaslarında *Miyozin ağır zincir 1, 2, 3, 4, 7 ve 8 (MyH1, MyH2, MyH3, MyH4, MyH7 ve MyH8)* gibi bir dizi izoformu belirlenmiş ve incelenmiştir (15,16). Perinatal izoform olarak adlandırılan (18) *MyH8* proteini sığırlarda, 5934 bç uzunluğunda ve sığır karyotipinin 19. kromozomunda bulunan bir gen tarafından kodlanmaktadır (19).

Miyozinin *MyH8* izoformu, kalp ve iskelet kası gelişiminde önemli rolü bulunan bir proteindir (19).

*MyH8* geninin doğum sonrası iskelet kaslarındaki ekspresyon düzeyinin arttığı bildirilmektedir (20). Ayrıca bu izoformu kodlayan genin lipid metabolizması ile ilgili enzimlerin ekspresyonun da etkili olabileceği bildirilmiştir (13,21). Bu durumda, *MyH8*'i kodlayan genin çiftlik hayvanlarında hem et kalitesi hem de et verimi ile ilgili çalışmalarda kullanılabileceği düşünülmektedir. Karaciğer, beyinden sonra en fazla genin eksprese olduğu ve birçok farklı metabolizmaya katılan bir doku olması (22,23) nedeniyle, *MyH8* ekspresyon düzeyinin incelendiği bu çalışmada seçilmiştir.

Yapılan literatür taraması sonucunda ülkemizde yetiştirilen SIM ve İE ırkı sığırlarda *MyHC* izoformu olan *MyH8* genin ekspresyon profilini ortaya koyan bir araştırmaya rastlanamamıştır. Yapılan çalışmada kasların yapısal bileşeni olan *MyHC* gen ailesinin bir izoformu olan *MyH8* geni, Simental (SIM) ve İsviçre Esmeri (İE) ırkı sığırlarda *musculus longissimus dorsi* (MLD) kası ve önemli bir metabolizma organı olan karaciğer (KRC) dokusunda ekspresyon profili ve canlı ağırlık ilişkisinin araştırılması amaçlanmıştır.

#### MATERYAL ve METOT

Yapılan çalışma için gerekli etik kurul izni Erciyes Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulundan 15.01.2014 tarih ve 14/104 karar numarası ile alınmıştır. Çalışmanın hayvan materyalini 40 baş SIM ve 40 baş İE ırkı erkek sığır oluşturmuştur. Hayvanlar kesime girmeden önce canlı ağırlık tartımları yapılarak kaydedilmiştir. RNA izolasyonu için incelenecek hayvanlara ait MLD ve KRC örnekleri, kesim günü pens ve bisturi yardımıyla taze olarak kriyoviyal tüpler içerisine alınarak sıvı azotta dondurulmuş ve laboratuara getirilmiştir. RNA izolasyonu yapılanaya kadar doku örnekleri -80°C’de muhafaza edilmiştir.

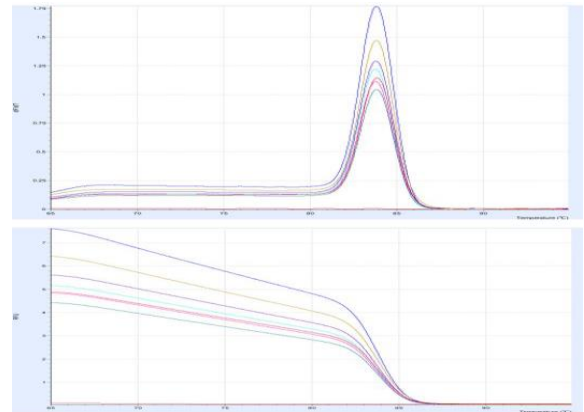
MLD ve KRC örneklerinden Trizol (Cat. No. 11 667 165 001 Roche, İsviçre) ile RNA izolasyonu yapılmıştır. İzole edilen RNA örneklerine ait konsantrasyon ölçümleri Synergy H1Hybrid Multi-Mode Microplate Reader cihazında belirlenmiştir. İzole edilen RNA'lardan c-DNA sentezi, Transcriptor

First Strand c-DNA sentez kiti (Roche Ltd., Mannheim, Germany) ile yapılmıştır. Elde edilen c-DNA'lar ¼ oranında seyreltilerek kullanılmıştır. Yapılan Real-Time PCR işlemi Light Cycler Nano (Roche Ltd., Mannheim, Germany) cihazında, FastStart SYBR Green Master Mix (Roche Ltd., Mannheim, Germany) kiti kullanılarak her iki dokudan ve her bir örnek için çift tekrarlı olarak yapılmıştır. Çalışmada kullanılan primer dizileri Tablo 1 de verilmiştir.

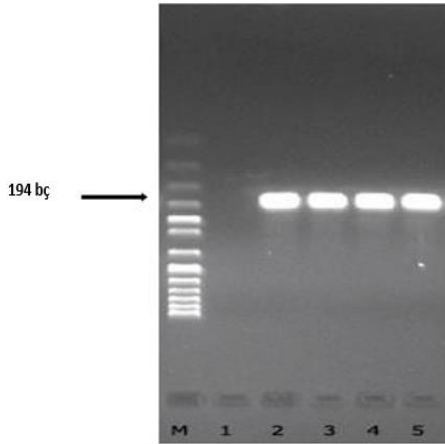
**Tablo 1.** MyH8 ve GAPDH geni primer sekansları.  
**Table 1.** MyH8 and GAPDH gene primary sequences.

Gen Adı	Primer Dizisi (5'-3')
<i>GAPDH</i>	F; ATCATCTCTGCACCTTCTGCCGAT R; TAAGTCCCTCCACGATGCCAAAGT
<i>MyH8</i>	F; GGCACCGTGGACTACAACAT R; GAGCCCTTCTTCTAGCACC

Real-Time PCR cihazı ile örnekler: 95°C’de 10 dakika; 95°C’de 10 saniye, 60°C’de 10 saniye, 72 °C’de 10 saniye ve 45 döngü, 95°C’de 30 saniye inkübe edilmiştir, erime ısı ise; 65°C ve 95°C arasındaki sıcaklıklarda, ısı miktarı saniyede 0.1 °C artırılarak ve bu süre içerisinde zamana bağlı olarak oluşan floresan miktarının erime eğrisi analizi yapılmıştır (Şekil 1). Elde edilen Real Time PCR ürünleri jel elektroforezinde görüntülenmiştir (Şekil 2).



**Şekil 1.** Eşik Döngü (Ct) ve Erime Eğrisi grafiği.  
**Figure 1.** Threshold Cycle (Ct) and Melting Curve graphic.



**Şekil 2.** *MyH8* geni Real-Time PCR agaroz jel görüntüsü (M: 50 bç Ladder, 1: Negatif Kontrol, 2-5: Çalışma örnekleri).

**Figure 2.** *MyH8* gene Real-Time PCR agarose gel image (M: 50 bp Ladder, 1: Negative Control, 2-5: Samples).

Çalışmada housekeeping gen olarak *GAPDH* geni kullanılmış ve *MyH8* genine ait veriler *GAPDH* geni ile normalize edilmiştir. Normalize edilen verilere  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  formülü uygulanmış ve veriler istatistiksel olarak analize hazır hale getirilmiştir (24).

### İstatistiksel Analiz

MLD ve KRC dokularındaki *MyH8* gen ekspresyon değerleri arasındaki farklılığın önem kontrolü Student T testi, ekspresyon değerleri ile canlı ağırlık değerleri arasındaki ilişki Pearson Korelasyon katsayısı ile test edilmiştir. İstatistik analizlerde SPSS 14.01 paket programı kullanılmıştır.

### BULGULAR

Kesim öncesi incelenecek ırklara ait sığırlar tartılmış ve ırklara ait ortalama canlı ağırlıklar, her ırkın en düşük ve en yüksek canlı ağırlıkları belirlenmiştir (Tablo 2).

**Tablo 2.** Simental (SIM) ve İsviçre Esmeri (İE) ırkı sığırlara ait canlı ağırlık değerleri.

**Table 2.** Live weight values of Simental (SIM) and Brown Swiss (İE) cattle breeds.

İrk	N	Canlı Ağırlıkları		
		$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min	Maks
SİM	40	354.5± 7.1	278	505
İE	40	263.8± 3.2	220	310

$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$ : Ortalama ± Standart Hata

MLD, *MyH8* geni ekspresyon değerleri yönünden SIM ve İE ırkı sığırlarda ekspresyon düzeyleri arasında istatistiksel bir fark bulunamamıştır ( $P>0.05$ ) (Tablo 3). Ancak karaciğer örneklerinde *MyH8* geni ekspresyon değerleri arasındaki fark ırklar arasında istatistiksel olarak önemli bulunmuştur ( $P<0.001$ ) (Tablo 3).

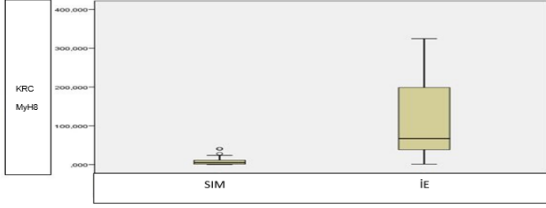
**Tablo 3.** Simental (SIM) ve İsviçre Esmeri (İE) ırkı sığırlarda Musculus longissimus dorsi (MDL) ve Karaciğer (KRC) dokularında *MyH8* geni ekspresyon değerleri.

**Table 3.** *MyH8* gene expression values in musculus longissimus dorsi (MDL) and liver (KRC) tissues in Simental (SIM) and Brown Swiss (İE) cattle.

Doku	İrk	N	Ekspresyon düzeyi		
			$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	Min	Maks
MLD	SİM	40	1.97± 0.35	0.06	8.49
	İE	40	1.14± 0.17	0.01	4.13
İstatistik önem kontrolü (Student t test)					$P>0.05$
KRC	SİM	40	10.47± 2.29	0.01	55.45
	İE	40	109.83± 14.26	1.00	324.71
İstatistik önem kontrolü (Student t test)					$P<0.001$

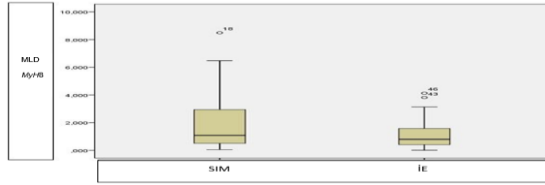
$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$ : Ortalama ± Standart Hata

SİM ve İE ırklarındaki *MLD*, *MyH8* gen ekspresyon düzeyleri birbirlerine yakın bulunmuştur (Şekil 3). Karaciğer dokusunda *MyH8* gen ekspresyon düzeyi ise İE ırkında SİM ırkına göre yüksek bulunmuştur (Şekil 4).



**Şekil 3.** Simental (SİM) ve İsviçre Esmeri (İE) *MyH8* geni musculus longissimus dorsi (MDL) ekspresyon seviyeleri.

**Figure 3.** Simental (SİM) and Brown Swiss (İE) *MyH8* gene musculus longissimus dorsi (MDL) expression levels.



**Şekil 4.** Simental (SİM) ve İsviçre Esmeri (İE) *MyH8* geni Karaciğer (KRC) ekspresyon seviyeleri.

**Figure 4.** Simental (SİM) and Brown Swiss (İE) *MyH8* gene liver (KRC) expression levels.

## TARTIŞMA ve SONUÇ

Çiftlik hayvanlarında önemli verim özellikleri ile ilgili biyolojik mekanizmaların anlaşılması ve bu mekanizmalarda görevli genlerin belirlenmesi, çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde moleküler ıslah olarak adlandırılan yeni bir alan ortaya çıkarmıştır. Günümüz çiftlik hayvanları yetiştiriciliğinde, ekonomik değeri olan verim özellikleri ve bunlarla ilgili olduğu öngörülen gen ve gen aileleri kullanılarak yapılacak ıslah çalışmaları önemli bir çalışma alanı olmuştur (11).

Kas lifleri etin sert ve yumuşak olmasına sebep olarak, etin kalitesinin önemli özellikleri olan yumuşaklık olarak tanımlanan “tenderness” ve “kesme kuvveti (shear force)” üzerine etki eden en temel unsurdur (20). Etin sertliği kas hücrelerinde

*MLD* ve KRC dokularında, *MyH8* geni ekspresyon değerleri ile kesim öncesi canlı ağırlık değerleri arasında istatistiksel olarak anlamlı bir korrelasyon bulunmamıştır ( $P>0.05$ ) (Tablo 4).

**Tablo 4.** Simental (SİM) ve İsviçre Esmeri (İE) ırkı sığırlarda Musculus longissimus dorsi (MDL) ve Karaciğer (KRC) dokularında *MyH8* geni ekspresyon değerleri ile canlı ağırlık değerleri ilişkisi.

**Table 4.** Simental (SİM) and Brown Swiss (İE) musculus longissimus dorsi (MDL) and liver (KRC) *MyH8* gene expression values and their relationship with live weight values.

İrk		MLD <i>MyH8</i>	KRC <i>MyH8</i>
SİM	Canlı Ağırlık	0.107	-0.048
	MLD <i>MyH8</i>	1	-0.079
	KRC <i>MyH8</i>		1
İE	Canlı Ağırlık	0.046	-0.316
	MLD <i>MyH8</i>	1	0.213
	KRC <i>MyH8</i>		1

sarkomer uzunluğu, bağ doku içeriği ve kaslarda bulunan yapısal proteinlerin hidrolize duyarlılığı gibi çeşitli etkenlerden etkilenir (25). Bu nedenle sarkomeri oluşturan en önemli protein olan miyozin proteinlerini kodlayan *MyHC* geninin izoformları ile et kalitesi arasında ilişki olabileceği bildirilmiştir (26). Etin yumuşaklığı ile kas lifleri arasında ilişki olmasına rağmen, miyozin ağır zinciri ve etin kalitesi arasındaki pozitif ilişki henüz kesin olarak ortaya konamamıştır (27). Buna rağmen bu konuyla ilgili çalışmalar artarak devam etmektedir.

Bu çalışmada Türkiye’de yetiştirilen etçi-sütçü kombine verimli bir ırk olan SİM ırkı ile sütçü-etçi kombine verimli bir ırk olan İE sığır ırklarında kas hücrelerinin gelişmesinde ve işlevinde önemli rolü olan *MyH8* gen ekspresyon düzeyinin ırklar arasında ve kesim ağırlıklar arasında farklılık gösterip

göstermediğinin araştırılması amaçlanmıştır. Ancak çalışma sonunda ırklar arasında incelenen kas örneklerinde *MyH8* gen ekspresyon düzeyleri arasında bir fark bulunamamıştır. Bunun *MyH8* gen ekspresyon düzeyine ırkın etki etmediği, buna karşılık çalışmalarında ortaya konduğu gibi cinsiyet (20) ve yumuşaklık ile kesme kuvveti (13) gibi et kalite özellikleri ile ilişkili olabileceği, bu nedenle et kalite özellikleri yönünden ayrılan gruplarda *MyH8* gen ekspresyon düzeylerinin karşılaştırılarak, özellikle yerli sığır ırklarımızda et kalite özelliklerinin artırılmasında *MyH8* geninin kullanılma olanaklarının araştırılmasının faydalı olacağı düşünülmektedir.

Çalışma planlanırken, kas hücrelerinin gelişmesinde ve işlevinde önemli rolü olan *MyH8* gen ekspresyon düzeyi ile SIM ve İE ırkı sığırların kesim ağırlıkları arasında bir ilişki olabileceği düşünülmüştür. Ancak çalışma sonunda *MyH8* gen ekspresyon düzeyi ile kesim ağırlıkları arasında ilişki olmadığı görülmüştür. Bununla birlikte *MyH8* geninin fetal ve yeni doğan döneminde aktif olması (16,22) ve çalışmada kesim olgunluğuna ulaşmış erkek hayvanlar kullanılmış olması nedeniyle ırklar ve canlı ağırlıklar ile MLD kasındaki ekspresyon düzeyi arasında ilişki bulunmadığı düşünülmüştür.

İncelenen doku örneklerinden MLD dokusunda ırklar arasında bir fark bulunmamışken, KRC örneklerinde *MyH8* ekspresyon düzeyinin İE ırkında SIM ırkından yüksek olduğu görülmüştür. Bununla birlikte ırklar arası et kalite özellikleri ile ilişkili olabileceğinden düşünülmüştür. Diğer taraftan, *MyH8* proteini kas liflerinin oluşumundaki görevi yanında ATP'nin hidrolizi ile kimyasal enerjinin fiziksel enerjiye çevrilmesinde görev alır (18). Bu nedenle KRC dokusundaki *MyH8* ekspresyon düzeyinin İE ırkında SIM ırkından yüksek olmasının, ırklar arasında karaciğerdeki metabolik aktivite farklılığından da kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Sonuç olarak, sunulan çalışmada elde edilen veriler, SIM ve İE ırklarında *MyH8* geninin ekspresyon düzeyi ile kesim ağırlığı arasında istatistiksel olarak anlamlı bir ilişkinin olmadığını ancak *MyH8* geninin bu

iki ırk da farklı ekspresyon profili taşıma potansiyeli olduğunu ortaya koymaktadır. Elde edilen sonuç ırklar arasında genetik farklılıkların ortaya konması hedefli çalışmalarda *MyH8* geninin ekspresyon profilinin genetik bir markır olarak kullanılabilme potansiyeli taşıyabileceğini düşündürmektedir.

#### KAYNAKLAR

1. Williams P., 2007. Nutritional composition of red meat. *Nutr Diet*, 64, 113-119.
2. Roberts A., 2018. Genome-wide association study for carcass traits in a composite beef cattle breed. *Livest Sci*, 213, 35-43.
3. Wood JD., Enser M., Fisher A., Nute GR., Richardson RI., Sheard PR., 1999. Manipulating meat quality and composition. *Proc Nutr Soc*, 58, 363-370.
4. Saygın Ö., Demirbaş N., 2017. Türkiye’de kırmızı et sektörünün mevcut durumu ve çözüm önerileri. *Hayvansal Üretim* 58, 74-80.
5. Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK), 2018. Kırmızı et üretim istatistiği.
6. Sarıözkan S., Akçay A., Bayram D., 2013. Zavot ırkı sığırlarda karkas özellikleri ve karkas parçalamanın ekonomik yönü. *Ankara Üniv Vet Fak Derg*, 60, 257-262.
7. Koç A., 2017. Siyah Alaca, Kırmızı Alaca ve Simental ırkı sığırların sürü ömrü üzerine bir araştırma. *ADÜ Ziraat Derg*, 14, 63-68.
8. Jonas E., Koning DJD., 2015. Genomic selection needs to be carefully assessed to meet specific requirements in livestock breeding programs. *Front Genet*, 6, 49.
9. Henryon M., Berg P., Sorensen AC., 2014. Animal-breeding schemes using genomic information need breeding plans designed to maximise long-term genetic gains. *Livest Sci*, 166, 38-47.
10. Switonski M., 2002. Molecular genetics in beef cattle breeding.-A review. *Anim Sci Pap Rep, Supplement*, 20, 1.
11. Elmacı C., Öner Y., 2007. Et sığırcılığında moleküler genetik yaklaşımlar. *Hayvansal Üretim*, 48, 45-48.

12. Özbeyaz C., Kocakaya A., 2011. Genomic evaluation in dairy cattle. *Lalahan Hay Araşt Enst Derg*, 51, 93-104.
13. Zhao C., Tian F., Yu Y., Luo J., Hu Q., Bequette BJ., Ransom L., Balfwin VI., Liu G., Zan L., Updike MS., Song J., 2012. Muscle transcriptomic analyses in Angus cattle with divergent tenderness. *Mol Biol Rep*, 39, 4185-4193.
14. Zapata I., Zerby HN., Wick M., 2009. Functional proteomic analysis predicts beef tenderness and the tenderness differential. *J Agric Food Chem*, 57, 4956-4963.
15. Bouley J., Chambon C., Picard B., 2004. Mapping of bovine skeletal muscle proteins using two dimensional gel electrophoresis and mass spectrometry. *J Proteomics*, 4, 1811-1824.
16. Maccatrozzo L., Patruno M., Toniolo L., Reggiani C., Mascarello F., 2004. Myosin Heavy Chain 2B isoform is expressed in specialized eye muscles but not in trunk and limb muscles of cattle. *Eur J Histochem*, 48, 357-366.
17. Picard B., Cassar-Malek I., 2009. Evidence for expression of IIb Myosin Heavy Chain isoform in some skeletal muscles of blonde d’aquitaine bulls. *Meat Sci*, 82, 30-36.
18. Veugelers M., Bressan M., McDermott DA., Weremowicz S., Morton CC., Mabry CC., Lefaiivre JF., Zunamon A., Destree A., Chaudron JM., Basson CT., 2004. Mutation of perinatal myosin heavy chain associated with a carney complex variant. *N Engl J Med*, 351, 460-469.
19. Xu Y., Shi T., Cai H., Zhou Y., Lan X., Zhang C., Chen H., 2014. Associations of *MyH3* gene copy number variations with transcriptional expression and growth traits in chinese cattle. *Gene*, 535, 106-111.
20. Zhang Y., Zan L., Wang H., 2011. Screening candidate genes related to tenderness trait in Qinchuan cattle by genome array. *Mol Biol Rep*, 38, 2007-2014.
21. Mascarello F., Toniolo L., Cancellara P., Reggiani C., Maccatrozzo L., 2016. Expression and identification of 10 sarcomeric *MyHC* isoforms in human skeletal muscles of different embryological origin. Diversity and similarity in mammalian species. *Ann Anat*, 207, 9-20.
22. Venhoranta H., Bauersachs S., Taponen J., Lohi H., Taira T., Andersson M., Flisikowski K., 2013. Fetal growth restriction caused by *MIMT1* deletion alters brain transcriptome in cattle. *Int J Dev Neurosci*, 31, 463-467.
23. Shackel NA., Gorrell MD., McCaughan GW., 2002. Gene array analysis and the liver. *Hepatol Commun*, 36, 1313-1325.
24. Yuan JS., Reed A., Chen F., Stewart CN., 2006. Statistical analysis of Real-Time PCR data. *BMC bioinformatics*, 1, 85.
25. Ilian MA., Morton JD., Kent MP., Le Couteur CE., Hickford J., Cowley R., Bickerstaffe R., 2001. Intermuscular variation in tenderness: association with the ubiquitous and muscle-specific calpains. *J Anim Sci*, 79, 122-132.
26. Bai Q., McGillivray C., da-Costa N., Dornan S., Evans G., James Stear M., Chang KC., 2003. Development of a porcine skeletal muscle cDNA microarray: analysis of differential transcript expression in phenotypically distinct muscles. *BMC Genom*, 4, 8.
27. Sawdy JC., Kaiser SA., St-Pierre NR., Wick MP., 2004. Myofibrillar 1-D fingerprints and Myosin Heavy Chain MS analyses of beef loin at 36 h postmortem correlate with tenderness at 7 days. *Meat Sci*, 67, 421-426.