

**RAMLIÇ MELEZİ KUZULARDA BÜYÜME VE
ULTRASONİK KARKAS ÖZELLİKLERİYLE
İLİŞKİLİ ADAY GENOMİK BÖLGELERİN
BELİRLENMESİ**

Mustafa DEMİRTAŞ
Doktora Tezi
Danışman: Prof. Dr. Mustafa TEKERLİ
Tez No: 2024-015
Afyonkarahisar

T.C.
AFYON KOCATEPE ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLER ENSTİTÜSÜ
ZOOTEKNİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

RAMLIÇ MELEZİ KUZULARDA BÜYÜME VE
ULTRASONİK KARKAS ÖZELLİKLERİYLE
İLİŞKİLİ ADAY GENOMİK BÖLGELERİN
BELİRLENMESİ

Hazırlayan

Arş. Gör. Mustafa DEMİRTAŞ

Danışman

Prof. Dr. Mustafa TEKERLİ

Tez No: 2024-015

AFYONKARAHİSAR

Bu tez çalışması; Afyon Kocatepe Üniversitesi
Bilimsel Proje Araştırmaları Koordinasyon Birimi
(BAPK) Tarafından Desteklenmiştir.

Proje No: "21.SAĞ.BİL.22"

T.C.
AFYON KOCATEPE ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TEZ KABUL VE ONAY

Öğrencinin	Adı- Soyadı	Mustafa DEMİRTAŞ
	Numarası	193344001
	Anabilim Dalı	Zootekni Anabilim Dalı
	Program	<input type="checkbox"/> Yüksek Lisans <input checked="" type="checkbox"/> Doktora
Tezin Başlığı	Ramlıç Melezi Kuzularda Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri İlişkili Aday Genomik Bölgelerin Belirlenmesi	
Tez Savunma Sınav Tarihi	08.11.2024	
Tez Savunma Sınav Saati	14:00	
Yukarıda bilgileri verilen tez, Afyon Kocatepe Üniversitesi Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliği'nin ilgili maddeleri uyarınca aşağıdaki jüri tarafından değerlendirilerek oy birliği ile kabul edilmiştir.		
Başkan	Prof. Dr. Mustafa TEKERLİ	
Üye	Prof. Dr. Çiğdem TAKMA	
Üye	Prof. Dr. Özgecan KORKMAZ AĞAOĞLU	
Üye	Prof. Dr. Metin ERDOĞAN	
Üye	Doç. Dr. Serdar KOÇAK	
Afyon Kocatepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun / / tarih ve sayılı kararıyla onaylanmıştır. Prof. Dr. Esmâ KOZAN Enstitü Müdürü		

BİLİMSEL ETİK BİLDİRİMİ

Afyon Kocatepe Üniversitesi

Sağlık Bilimleri Enstitüsü

Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Bilimsel Yayın Etiği İlkeleri ve Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- Tez içindeki bütün bilgi ve belgeleri akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- Görsel, işitsel ve yazılı tüm bilgi ve sonuçları bilimsel ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- Başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda ilgili eserlere bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunduğumu,
- Atıfta bulunduğum eserlerin tümünü kaynak olarak gösterdiğimi,
- Kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapmadığımı,
- Bu tezin herhangi bir bölümünü Afyon Kocatepe Üniversitesi veya başka bir üniversitede başka bir tez çalışması olarak sunmadığımı

beyan ederim.

11/11/2024

İmza

Mustafa DEMİRTAŞ

ÖZET

Ramlıç Melezi Kuzularda Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleriyle İlişkili Aday Genomik Bölgelerin Belirlenmesi

Bu çalışmada farklı kan düzeylerindeki (F₁, G₁ ve G₂) Ramlıç ve Merinos melezi kuzularda büyüme ve ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin aday gen bölgelerinin tespit edilmesi amaçlanmıştır. Çalışmanın verilerini Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Eğitim, Araştırma ve Uygulama Çiftliğinde yetiştirilen ve 2021 – 2022 sezonunda doğmuş 130 baş kuzudan farklı dönemlerde alınan canlı ağırlık, vücut ölçüleri ve ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin ölçümler oluşturmuştur. Sütten kesim sonrasında 96 baş kuzuda kandan DNA izolasyonu yapılmıştır. Genotipik veriler DNA örneklerinden Illumina iScan cihazı yoluyla “OvineSNP 50K BeadChip” tüm genom genotipleme kiti ile elde edilmiştir. Araştırmada doğum, 60 ve 90. gün ile sütten kesim ağırlığına ilişkin en küçük kareler genel ortalamaları; sırasıyla 4,640 ± 0,068; 15,221 ± 0,247; 20,503 ± 0,279 ve 27,355 ± 0,342 kg tespit edilmiştir. Farklı dönemler için (60. gün, 90. gün ve sütten kesim) yapılan beden ve ultrasonik ölçümlere ilişkin ortalamalar ise; cidago yüksekliğinde sırasıyla 50,460 ± 0,202; 54,679 ± 0,188 ve 58,700 ± 0,221 cm; göğüs çevresinde 57,099 ± 0,338; 64,210 ± 0,351 ve 72,324 ± 0,341 cm; incik çevresinde 6,641 ± 0,041; 7,089 ± 0,042 ve 7,582 ± 0,047 cm; göğüs genişliğinde 13,452 ± 0,098; 15,018 ± 0,098 ve 16,949 ± 0,114 cm; sağrı genişliğinde 10,025 ± 0,080; 11,432 ± 0,079 ve 13,151 ± 0,092 cm; sağrı yüksekliğinde 50,790 ± 0,205; 54,968 ± 0,199 ve 59,049 ± 0,227 cm; vücut uzunluğunda 46,478 ± 0,236; 51,538 ± 0,235 ve 56,911 ± 0,261 cm; MLD alanında 5,020 ± 0,090; 6,293 ± 0,094 ve 7,718 ± 0,106 cm²; MLD derinliğinde 1,745 ± 0,020; 2,010 ± 0,021 ve 2,293 ± 0,024 cm ve deri altı yağ kalınlığında 0,395 ± 0,005; 0,423 ± 0,004 ve 0,432 ± 0,008 cm saptanmıştır. Bu çalışmada yapılan genom boyu ilişkilendirme analizlerinin tümünde Lambda (λ) değerleri 0,954’ten düşük bulunmuştur. Genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda fikir verici düzeyde (p<0,0001) 116, kromozom çapında (p<0,000026) 22 ve genom çapında önemli (p<0,000001) bir SNP bulunmuştur. Önemli SNP’lerin yakınında bulunan genleri tespit etmek amacıyla NCBI veri tabanında koyunlara ait Oar_3.1 derlemesi kullanılmıştır. Fikir verici düzeyde

($p < 0,0001$) dahil olmak üzere önemli SNP'leri içeren veya yakın genlerden TMEM108, SOX14, PPP1R37, UBE2U, GRID2, NCAM2 ve CAMKMT'nin birden çok özelliikle ilişkili olabileceği göz önünde bulundurularak bu genler üzerinde çalışılması gerektiği kanaatine varılmıştır.

Anahtar Kelimeler: Aday Gen, Büyüme, Genom Boyu İlişkilendirme Analizi, Koyun, Melez, Merinos, Ramlıç, Ultrasonik Karkas Özellikleri

SUMMARY

Determination of Candidate Genomic Regions Associated with Growth and Ultrasonic Carcass Traits in Ramlıç - Cross Lambs

This study aimed to identify candidate genomic regions associated with growth and ultrasonic carcass traits in Ramlıç and Merino cross lambs at different blood levels (F₁, BC₁ and BC₂). The data for the study were obtained from live weight, body measurements, and ultrasonic carcass traits recorded at different terms from 130 lambs born during the 2021–2022 season at Afyon Kocatepe University, Faculty of Veterinary, Education, Research and Practice Farm. The DNA samples were isolated from the blood of 96 lambs after weaning. Genotypic data were obtained from the DNA samples using the Illumina iScan system with the OvineSNP 50K BeadChip whole genome genotyping kit. The overall least squares - means of the body weight at birth, 60th and 90th days, and weaning were 4.640 ± 0.068 , 15.221 ± 0.247 , 20.503 ± 0.279 , and 27.355 ± 0.342 kg, respectively. The means for body and ultrasound measurements at different terms (60 days, 90 days, and weaning) were as follows: withers height 50.460 ± 0.202 cm, 54.679 ± 0.188 cm, and 58.700 ± 0.221 cm; chest circumference 57.099 ± 0.338 cm, 64.210 ± 0.351 cm, and 72.324 ± 0.341 cm; cannon bone circumference 6.641 ± 0.041 cm, 7.089 ± 0.042 cm, and 7.582 ± 0.047 cm; chest width 13.452 ± 0.098 cm, 15.018 ± 0.098 cm, and 16.949 ± 0.114 cm; rump width 10.025 ± 0.080 cm, 11.432 ± 0.079 cm, and 13.151 ± 0.092 cm; rump height 50.790 ± 0.205 cm, 54.968 ± 0.199 cm, and 59.049 ± 0.227 cm; body length 46.478 ± 0.236 cm, 51.538 ± 0.235 cm, and 56.911 ± 0.261 cm; Musculus longissimus dorsi (MLD) area 5.020 ± 0.090 cm², 6.293 ± 0.094 cm², and 7.718 ± 0.106 cm²; MLD depth 1.745 ± 0.020 cm, 2.010 ± 0.021 cm, and 2.293 ± 0.024 cm; and subcutaneous fat thickness 0.395 ± 0.005 cm, 0.423 ± 0.004 cm, and 0.432 ± 0.008 cm, respectively. Lambda (λ) values found in the study were lower than 0.954 in all GWAS analyses. We identified 116 suggestive ($p < 0.0001$), 22 chromosome-wide ($p < 0.000026$), and one genome-wide significant SNP's ($p < 0.000001$) in GWAS. The genes near significant SNPs were determined based on the genome version of reference to the Oar_3.1 assembly of the Ovis aries genome in the NCBI database. TMEM108, SOX14, PPP1R37, UBE2U, GRID2, NCAM2, and CAMKMT genes should be focused on

considering their potential association with multiple traits due to containing or closing to the significant SNPs of suggestive evidence ($p < 0.0001$) as well.

Keywords: Candidate Gene, Crossbred, Genome-Wide Association Analysis, Growth, Merino, Ramlıç, Sheep, Ultrasonic Carcass Traits

ÖNSÖZ

Bilimsel yolculuğumda ilerlememe büyük katkı sağlayan, bilgi ve tecrübelerini benimle cömertçe paylaşan, her daim doğruya yönlendiren ve desteklerini esirgemeyen danışmanım Prof. Dr. Mustafa TEKERLİ ile sabrı ve anlayışı için eşi Sıdıka TEKERLİ' ye en içten teşekkürlerimi sunarım. Tez çalışmam boyunca bana rehberlik eden ve değerli katkılarda bulunan tez izleme komitesi üyeleri Prof. Dr. Metin ERDOĞAN ve Doç. Dr. Serdar KOÇAK' a, Veteriner Fakültesi Zootečni Anabilim Dalı öğretim üyeleri Prof. Dr. Zehra BOZKURT, Doç. Dr. Koray ÇELİKELOĞLU ve Dr. Öğr. Üyesi Özlem GÜCÜYENER HACAN ile Prof. Dr. İbrahim KILIÇ ve Dr. Öğr. Üyesi Ertuğrul ERGÜN hocalarıma, bu süreçte bana her daim destek olan kıymetli yol arkadaşım Dr. Öğr. Üyesi Samet ÇİNKAYA ve eşi Veteriner Hekim Zeynep Nur ÇİNKAYA' ya teşekkürlerimi borç bilirim. Çalışmamın maddi imkanlarını sağlayan Afyon Kocatepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon (BAPK) birimine, desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen MST Medikal firmasından Bülent KOCAMAN ve Enver SEÇER' e, sabır ve ilgiyle katkılarını sunan Gen Era temsilcisi Can HOLYAVKIN'e ve veri toplama aşamasında değerli destekleri için kıymetli arkadaşlarım doktora öğrencisi Orhan ESER ve Abdulkadir UYANIK ile Veteriner Fakültesi Eğitim, Araştırma ve Uygulama Çiftliği yönetimi ve çalışanlarına, dönemin müdürü Dr. Öğr. Üyesi Durmuş Fatih BAŞER, müdür yardımcısı Dr. Mehmet Ali ERFİDAN, Dr. Mehmet Naci SAĞLAM, Vet. Sağ. Tek. Görkem KESER ile çalışanlar Özgür ÇÖYGÜN, Hüseyin KOÇ, Adem ŞAKKANCI, Abdülkadir ŞAKKANCI, Şener AKMERMER, Selim DOĞAN, Mustafa DOĞAN, Sedat KILIÇARSLAN, Gökhan DEMİR ve Enes Muharrem ÖZBAY' a teşekkürlerimi sunarım. Bu süreç boyunca bana verdikleri destek, sevgi ve anlayışla en büyük dayanağım olan sevgili aileme, eşim Arş. Gör. Eda DEMİRTAŞ, babaannem Zekiye Yıldız DEMİRTAŞ, dedem Fahrettin DEMİRTAŞ, annem Remziye DEMİRTAŞ, babam Ömer Fatih DEMİRTAŞ ve kardeşim Zeynep DEMİRTAŞ' a sonsuz şükranlarımı bir borç bilirim. Onların varlığı, bu yolculuğu benim için daha anlamlı ve kolay bir hale getirdi.

Mustafa DEMİRTAŞ

Afyonkarahisar

2024

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
SUMMARY	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER.....	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	viii
ŞEKİLLER.....	ix
ÇİZELGELER.....	xiv
RESİMLER.....	xvi
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	6
1.1.1. Büyüme Özellikleri	6
1.1.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri	11
1.2. Farklı Özelliklerde Etkili Olduğu Saptanan Genler	13
2. MATERYAL ve METOT	21
2.1. Materyal.....	21
2.1.1. Hayvan Materyali	21
2.1.2. Sürü İdaresi ve Besleme	22
2.2. Metot.....	23
2.2.1. Fenotipik Veriler	23
2.2.2. Kan Örneklerinin Alınması ve DNA İzolasyonu	26
2.2.3. Genotiplendirme	26
2.2.4. İstatistik Analizler	27
3. BULGULAR	32

3.1.	Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	32
3.1.1.	Büyüme Özellikleri	32
3.1.2.	Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	33
3.2.	Genom Boyu İlişkilendirme Analizleri	34
3.2.1.	Büyüme Özellikleri	34
3.2.2.	Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	88
4.	TARTIŞMA.....	104
4.1.	Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	104
4.1.1.	Büyüme Özellikleri	104
4.1.2.	Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	110
4.2.	Genom Boyu İlişkilendirme Analizleri	112
4.2.1.	Büyüme Özellikleri	113
4.2.2.	Ultrasonik Karkas Özellikleri.....	115
5.	SONUÇ ve ÖNERİLER.....	117
6.	KAYNAKLAR.....	119

SİMGELER VE KISALTMALAR

bç: baz çifti

BD: Bağlantı Dengesizliği

D': D üssü

DNA: Deoksiriboz nükleik asit

GBİA: Genom Boyu İlişkilendirme Analizi

HW: Hardy Weinberg

χ^2 : Ki-kare

kb: kilobaz

LOD: Olasılıkların Logaritması

λ : lambda

MLD: Musculus longissimus dorsi

μ : Genel ortalama

N: Normal dağılım

NCBI: Amerikan Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi

QTL: Nicel Özellik Lokusu

r^2 : Kareli korelasyon katsayısı, Belirleme Katsayısı

REML: Kısıtlı En Yüksek Olabilirlik

SNP: Tek nükleotid polimorfizmi

$s_{\bar{x}}$: Standart hata

σ^2 : Varyans

ŞEKİLLER

Şekil 3.1: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre doğum ağırlığı için Manhattan grafiği.	34
Şekil 3.2 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre doğum ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	35
Şekil 3.3: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün ağırlığı için Manhattan grafiği.	35
Şekil 3.4 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	36
Şekil 3.5: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün ağırlığı için Manhattan grafiği.	36
Şekil 3.6: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	37
Şekil 3.7: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesim ağırlığı için Manhattan grafiği.	37
Şekil 3.8: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesim ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	38
Şekil 3.9: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün cidago yüksekliği için Manhattan grafiği.	41
Şekil 3.10: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	41
Şekil 3.11: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün cidago yüksekliği için Manhattan grafiği.	42
Şekil 3.12: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	42
Şekil 3.13: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde cidago yüksekliği için Manhattan grafiği.	43
Şekil 3.14: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	43
Şekil 3.15: 90. gün cidago yüksekliği için OAR6_42447403.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	46

Şekil 3.16: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs çevresi için Manhattan grafiği.	47
Şekil 3.17: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	47
Şekil 3.18: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs çevresi için Manhattan grafiği.	48
Şekil 3.19: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	48
Şekil 3.20: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs çevresi için Manhattan grafiği.	49
Şekil 3.21: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	49
Şekil 3.22: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün incik çevresi için Manhattan grafiği.	52
Şekil 3.23: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	53
Şekil 3.24: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün incik çevresi için Manhattan grafiği.	53
Şekil 3.25: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	54
Şekil 3.26: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde incik çevresi için Manhattan grafiği.	54
Şekil 3.27: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.	55
Şekil 3.28: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs genişliği için Manhattan grafiği.	57
Şekil 3.29: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	57
Şekil 3.30: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs genişliği için Manhattan grafiği.	58
Şekil 3.31: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	58

Şekil 3.32: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs genişliği için Manhattan grafiği.....	59
Şekil 3.33: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	59
Şekil 3.34: 60. gün göğüs genişliği için OAR1_269524758.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	64
Şekil 3.35: 60. gün göğüs genişliği için OAR3_71031752.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	64
Şekil 3.36: 60. gün göğüs genişliği için OAR10_47249054.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	65
Şekil 3.37: 60. gün göğüs genişliği için s26969.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	65
Şekil 3.38: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_34825741.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	67
Şekil 3.39: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_36114096.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	68
Şekil 3.40: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı genişliği için Manhattan grafiği.	70
Şekil 3.41: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	71
Şekil 3.42: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı genişliği için Manhattan grafiği.	71
Şekil 3.43: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	72
Şekil 3.44: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı genişliği için Manhattan grafiği.....	72
Şekil 3.45: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	73
Şekil 3.46: 60. gün sağrı genişliği için OAR1_144103391.1 ve s28215.1 kodlu SNP'lerin haploview görüntüsü.	75
Şekil 3.47: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.	77

Şekil 3.48: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	77
Şekil 3.49: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.	78
Şekil 3.50: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	78
Şekil 3.51: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.	79
Şekil 3.52: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	79
Şekil 3.53: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün vücut uzunluğu için Manhattan grafiği.	82
Şekil 3.54: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün vücut uzunluğu için lambda değeri ve QQ grafiği.	82
Şekil 3.55: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün vücut uzunluğu için Manhattan grafiği.	83
Şekil 3.56: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün vücut uzunluğu için lambda değeri ve QQ grafiği.	83
Şekil 3.57: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde vücut uzunluğu için Manhattan grafiği.	84
Şekil 3.58: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde vücut uzunluğu için lambda değeri ve QQ grafiği.	84
Şekil 3.59: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Alanı için Manhattan grafiği.	88
Şekil 3.60: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Alanı için lambda değeri ve QQ grafiği.	88
Şekil 3.61: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Alanı için Manhattan grafiği.	89
Şekil 3.62: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Alanı için lambda değeri ve QQ grafiği.	89
Şekil 3.63: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Alanı için Manhattan grafiği.	90

Şekil 3.64: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Alanı için lambda değeri ve QQ grafiği.	90
Şekil 3.65: 60. gün MLD alanı için OAR17_21737608_X.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.	93
Şekil 3.66: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Derinliği için Manhattan grafiği.	94
Şekil 3.67 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	94
Şekil 3.68: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Derinliği için Manhattan grafiği.	95
Şekil 3.69: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	95
Şekil 3.70: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Derinliği için Manhattan grafiği.	96
Şekil 3.71: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.	96
Şekil 3.72: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiği.	99
Şekil 3.73: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	99
Şekil 3.74: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiği.	100
Şekil 3.75: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	100
Şekil 3.76: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiği.	101
Şekil 3.77: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.	101

ÇİZELGELER

Çizelge 1.1: Yıllara göre Dünya koyun varlığı (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).....	2
Çizelge 1.2: İstatistiklere göre 2022 yılında koyun varlığı yönünden ilk 20 ülke (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).....	3
Çizelge 1.3: Yıllara göre Türkiye koyun varlığı (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).....	4
Çizelge 1.4: Türkiye ‘de 2023 yılı itibariyle koyun varlığı yönünden ilk 20 şehrin koyun sayıları (İnt. Kay. 3: TÜİK).	5
Çizelge 2.1: Farklı dönemlerdeki özelliklere ait varyans bileşenleri.	29
Çizelge 3.1: Melez Kuzularda Büyüme Özellikleri İçin En Küçük Kareler Genel Ortalamaları.	32
Çizelge 3.2: Melez Kuzularda Ultrasonik Karkas Özellikleri İçin En Küçük Kareler Genel Ortalamaları.	33
Çizelge 3.3: Canlı ağırlığa yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.	40
Çizelge 3.4: Cidago yüksekliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	45
Çizelge 3.5: 90. gün cidago yüksekliği için OAR6_42447403.1 kodlu SNP'nin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r ² değerleri.....	46
Çizelge 3.6: Göğüs çevresine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.	51
Çizelge 3.7: İncik çevresine yönelik Genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.	56
Çizelge 3.8: Göğüs genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	62
Çizelge 3.9: 60. gün göğüs genişliği için OAR1_269524758.1, OAR3_71031752.1, OAR10_47249054.1 ve s26969.1 kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r ² değerleri.	66

Çizelge 3.10: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_34825741.1 ve OAR6_36114096.1 kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r^2 değerleri.....	69
Çizelge 3.11: Sağrı genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	74
Çizelge 3.12: 60. gün sağrı genişliği için OAR1_144103391.1 ve s28215.1 kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r^2 değerleri	76
Çizelge 3.13: Sağrı yüksekliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	81
Çizelge 3.14: Vücut uzunluğuna yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	86
Çizelge 3.15: MLD Alanına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.	92
Çizelge 3.16: 60. gün MLD alanı için OAR17_21737608_X.1 kodlu SNP'nin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r^2 değerleri.....	93
Çizelge 3.17: MLD Derinliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	98
Çizelge 3.18: Deri altı yağ kalınlığına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.....	103

RESİMLER

Resim 2.1: Süzek yemlemesi yapılan alanda Ramlıç melezi kuzular.	21
Resim 2.2: Çalışmanın materyalini oluşturan kuzu ve anaçlar.	22
Resim 2.3: Çalışmada kullanılan Ramlıç Koçlar	22
Resim 2.4: Kuzuda vücut uzunluğu, cidago yüksekliği ve sağrı yüksekliği ölçümleri..	24
Resim 2.5: Kuzuda göğüs genişliği, sağrı genişliği, incik çevresi ve göğüs çevresi ölçümleri.....	24
Resim 2.6: Ultrasonik ölçümler için yapağının uzaklaştırılmasıve ölçümün alınışı.	25
Resim 2.7: Ultrasonik ölçümlerinin ImageJ yazılımı ile MLD Alanı, deri altı yağ kalınlığı ve MLD derinliği değerlendirilmesi.	25

1. GİRİŞ

Tarihin başlangıcında insanlar beslenmek için avladıkları ve daha sonra da evcilttikleri hayvanların çeşitli verimlerinden yararlanıp harcadıkları emek ve zamanı azaltmışlardır. Bu arada yerleşik hayata geçerek daha sistemli bir tarım ve hayvancılık yapmaya başlamışlardır. Hayatın temel taşlarından birisi olarak yetiştiricilik önem kazanmaya başlamış ve göçebe olarak yaşadıkları dönemde insanların sahip oldukları değerli varlıkları arasında hayvanlar büyük bir yer tutmaya başlamıştır. Zaman içerisinde diğer tüm alanlarda olduğu gibi hayvancılık alanında da ilerlemeler sağlanmış ve tarih bir yetiştiricilik dalının endüstri haline gelmesine şahitlik etmiştir. İnsanoğlu hayvanlardan et, süt, yumurta vb. gibi besin ihtiyaçları yanında yapağı, deri, gübre ve iş gücü gibi çeşitli alanlarda da faydalanmıştır. Hayvancılıkla beraber tarımda da belirgin ilerlemeler söz konusu olmuştur. Tarım ve hayvancılık yakından ilişkili üretim dalları olup, birbirlerini destekler niteliktedirler. Doğrudan insan tüketimine sunulamayan ürünler, tarım ürünü artıkları ve tarıma elverişli olmayan araziler hayvancılık sayesinde değerlendirilerek katma değeri yüksek olan et, süt, yumurta gibi gıda maddelerinin üretilmesinde kullanılmaktadır. Böylece karlılık, sürdürülebilirlik ve istihdam artışının sağlanması söz konusu olmuştur. Bununla beraber insanlar, hayvansal üretimin, genetik yapı ve çevre tarafından da önemli düzeyde etkilendiğini deneyimlemişlerdir. Yetiştiriciliğin yapılacağı bölge ve şartlara uygun hayvan türü ve ırkının seçilmesinin gerekliliği ortaya çıkmıştır. MÖ. 6-7. binde evciltmiş olan koyun türüne ilişkin hem dünyada ve hem de Türkiye’de geniş çaplı bir yetiştiricilik yapılmaktadır. Koyunlar; Chordata – Vertebrata (Omurgalılar) – Mammalia (Memeliler) – Eutheria (Plasentalı Memeliler) – Ungulata (tırnaklılar) – Artodactyla (çift tırnaklılar) – Selonadato (geviş getiren) – Ruminantia – Ovidae – Ovinae – Ovis ve Ovis Aries (Koyun) şeklinde giden bir zoolojik sınıflandırma sistemin son basamağında yer almaktadır. Ayrıca dünya genelinde 1143 koyun ırkının olduğu bildirilmiştir. Bu ırklar sütçü, etçi ve yapağıcı gibi alt yetiştirme alanlarına ayrılabilir. Örneğin, Türkiye’de ve dünyada Doğu Frizya, Langhe, Lacaune, Sakız, İvesi süt yönüyle; Suffolk, Hampshire, Southdown, Teksel, Siyah ve beyaz başlı Alman Et Koyunu, Lincoln ve Leicester etçilik kabiliyetleriyle ve Rambouillet ile Merinos ırkları et – yapağı özellikleriyle tanınmaktadır. Türkiye’nin yerli koyun ırkları da genellikle kombine verimli olarak ifade edilmektedir (Yalçın, 1990; Akçapınar ve Özbeyaz, 2021; İnt. Kay. 1: FAO, 2023).

Koyunlarda sütçülük ve etçilik özellikleri dünyada yaşayan insan sayısının artması ve buna bağlı olarak protein ihtiyacının yükselmesi nedeniyle diğer karakterlere göre giderek artan bir önem arz etmektedir. Yıllara göre Dünya koyun varlığı Çizelge 1.1’de sunulmuştur. Dalgalanmalar olmakla beraber sayının 1961 yılına göre 2022 yılına gelindiğinde 1,33 kat arttığı görülmektedir.

Çizelge 1.1: Yıllara göre Dünya koyun varlığı (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).

Yıl	Koyun Varlığı (baş)
1961	993 586 787
1970	1 062 569 922
1980	1 097 163 590
1990	1 206 765 754
2000	1 065 588 133
2010	1 098 223 095
2020	1 272 643 905
2021	1 301 556 984
2022	1 321 535 792

Bu koyun varlığının önemli bir kısmını 20 büyük yetiştirici ülke sağlamakta olup, rakamlar Çizelge 1.2’de sunulmuştur. Buna göre en yüksek koyun varlığına Çin sahiptir. Türkiye ise 44 milyon 687 bin 888 baş ile yedinci sıradadır.

Çizelge 1.2: İstatistiklere göre 2022 yılında koyun varlığı yönünden ilk 20 ülke (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).

Sıra	Ülke	Koyun Varlığı (baş)
1	Çin	194 030 298
2	Hindistan	75 345 847
3	Avustralya	70 234 655
4	İran	55 582 000
5	Nijerya	50 284 350
6	Çad	45 081 553
7	Türkiye	44 687 888
8	Sudan	41 332 641
9	Etiyopya	35 069 956
10	Birleşik Krallık	33 066 000
11	Moğolistan	32 747 682
12	Pakistan	31 969 000
13	Cezayir	31 192 020
14	Kenya	25 814 057
15	Yeni Zelanda	25 333 562
16	Suudi Arabistan	21 804 724
17	Fas	21 800 556
18	Brezilya	21 514 274
19	Güney Afrika	21 432 364
20	Mali	20 158 662

Yukarıdaki çizelgede Türkiye her ne kadar ilk 10 sırada yer alıyor olsa da koyun varlığının 1961 ile 1990 yılları arasında yükseldiği, izleyen dönemde bir iniş eğilimine girdiği ve 2010 yılından sonra tekrar bir yükselme sürecinin başladığı anlaşılmaktadır (Çizelge 1.3). Bu duruma yıllar içinde Türkiye'nin geçtiği gelişim sürecinde ortaya çıkan sosyoekonomik koşulların da büyük etkisi olmuştur. Tarih boyunca koyunlar ve koyunculuk medeniyetlerin geçirdikleri evrelerden değişik düzeylerde etkilenmiş ve bazı ırklar kaybolurken bazılarının da sayıca arttığı veya yeni ırkların ortaya çıktığı görülmüştür.

Çizelge 1.3: Yıllara göre Türkiye koyun varlığı (İnt. Kay. 2: FAOSTAT).

Yıl	Koyun Varlığı (baş)
1961	34 463 200
1970	36 351 008
1980	46 026 000
1990	43 647 008
2000	30 256 000
2010	21 794 508
2020	42 126 781
2021	45 177 690
2022	44 687 888

Uygarlıkların beşiği olan Türkiye'de bu durumdan etkilenmiş ve koyunculuk toplumun tarihi ve coğrafi temellerinde yıllar içinde yeniden şekillenmiştir. 2023 yılı itibariyle Türkiye koyun varlığı 42 milyon 60 bin 470 baştır. En fazla koyun varlığı 2 milyon 993 bin 722 baş ile Van ilinde olup, bunu Afyonkarahisar ili 937 bin 909 baş ile 10. sıradan izlemektedir (Çizelge 1.4) (İnt. Kay. 3: TÜİK).

Çizelge 1.4: Türkiye ‘de 2023 yılı itibariyle koyun varlığı yönünden ilk 20 şehrin koyun sayıları (İnt. Kay. 3: TÜİK).

Sıra	İl	Koyun Sayısı (Baş)
1	Van	2 993 722
2	Konya	2 792 569
3	Şanlıurfa	2 032 032
4	Diyarbakır	1 713 175
5	Ankara	1 620 266
6	Ağrı	1 309 613
7	Balıkesir	1 183 486
8	Eskişehir	994 928
9	Sivas	964 904
10	Afyonkarahisar	937 909
11	Kayseri	902 553
12	Muş	826 506
13	Iğdır	826 259
14	Erzurum	799 595
15	Mersin	787 614
16	Şırnak	778 766
17	Aksaray	772 614
18	Manisa	770 731
19	Elazığ	740 075
20	Batman	707 494

Resmi kayıtlara göre Türkiye’de kırsal kesimin temel geçim kaynaklarından olan bu yetiştiricilik dalına kamunun ilgisi Osmanlıların 1835 yılında Feshane fabrikasını kurması ve bu kurumun ihtiyacını karşılamak amacıyla İspanya’dan Merinos koyun ve koç getirilmesiyle başlamıştır. Cumhuriyet dönemine gelindiğinde dokuma sanayisini geliştirmek amacıyla tekrar Merinos ırkı koç ve koyunlar getirilmiştir. İzleyen yıllarda etçilik özelliklerini geliştirmek amacıyla Alman Et Merinosu koçlar ile Kıvırcıklar arasında yapılan melezlemelerle Karacabey Merinosu ve Akkaramanlarla melezleme sonucunda Anadolu Merinosları elde edilmiştir. Öte yandan et ve yapağı özellikleri iyi olduğu bilinen Amerikan Rambouillet koçlar getirilip Dağlıçlar ile melezlenerek Ramlıçlar geliştirilmiştir. Bu arada Merinos grubu dışında farklı ırklarla da melezleme çalışmaları yapılmış Malya, Menemen, Hasmer, Hasak, Tahirova, Sönmez, Acıpayam, Türkgeldi, Bafra, Çukurova ve Çukurova Asaf koyunları elde edilmiştir. Bunların bir kısmı kamu kurumlarında hali hazırda devam ettirilmekte olup, diğerleri de halkın elinde saf veya melezleri şeklinde bulunabilmektedir (Yalçın, 1990; Kaymakçı ve Taşkın, 2008; Günaydın, 2009; Polatoğlu, 2011; İnt. Kay. 4: TAGEM, 2023).

Türkiye’de süt üretiminin %4,3’ü ve et üretiminin %23,9’u koyunlar tarafından karşılanmaktadır (İnt. Kay. 5: TÜİK; İnt. Kay. 6: TÜİK). Koyun varlığı ve kültürel altyapı göz önünde bulundurulduğunda kırmızı et açığının kapatılması yönünden koyunculğun alternatif bir potansiyel taşıdığı görülmektedir. Türkiye bu konuda ilerleyebilecek ve geliştirilebilecek ırk ve genotiplere sahiptir. Bununla beraber mevcut genotiplerin et üretimine yönelik karakterlerini bilmek ve buna göre yetiştirme politikaları oluşturabilmek için büyüme, vücut ve ultrasonik karkas özelliklerini belirlemek, bunlara ilişkin genetik altyapıyı ortaya koymak ve bundan yararlanarak uygulanabilecek seleksiyon programlarını kurgulamak gerekmektedir. Takip eden bölümlerde kuzularda canlı ağırlık, vücut ölçüleri ve ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin değerleri içeren bir literatür özeti verilmiştir.

1.1. Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri

1.1.1. Büyüme Özellikleri

Kuzularda doğum ağırlığı ortalaması Türkiye’de yetiştirilen Merinoslarda 3,69 – 5,00 ve Ramlıçlarda 4,00 – 4,69 kg sınırlarında bildirilmiştir. Kıvırcıklarda 4,23 – 4,49 kg düzeylerinde saptanan bu değer Akkaramanlarda 3,74 – 4,23 kg düzeyinde olduğu belirlenmiştir (Ünal ve Akçapınar, 2001; Çetin ve Akçapınar, 2005; Kaymakçı ve Taşkın, 2008; Ceyhan vd., 2010, 2019; Sezenler vd., 2013; Aktaş vd., 2015; Özmen vd., 2015; Yavuz, 2015; Hamdi Aktaş vd., 2016; Çulha, 2019; Alarslan ve Aygün, 2019; Noyan ve Ceyhan, 2021; Yayvan, 2021; Behrem, 2021; Keçici vd., 2021; Çelikeloğlu vd., 2022; Tekerli vd., 2022; Kızılaslan vd., 2024). Tekin vd., (2005) Türkiye’de çeşitli melezleme çalışmalarıyla geliştirilen Hasmer, Hasak, Hasiv ve Linmer koyunlarında ortalama doğum ağırlığının 4,07 – 4,19 kg aralığında bulunduğunu ifade etmişlerdir. Aynı değer farklı çalışmalarda (Tekerli vd., 2001; Tekin vd., 2005; Çulha, 2019) Sakızlarda 3,36 – 4,00 ve İvesilerde 3,56 – 4,54 kg aralığında saptanmıştır. Kuzularda ortalama 60. gün canlı ağırlığını Çetin ve Akçapınar (2005) Karacabey Merinoslarında 23,90 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayam koyunlarında 19,80 kg olarak tespit ederken bu değer Akkaramanlarda 17,27 – 17,60 ve Kıvırcıklarda 13,11 – 13,94 kg arasında olduğu bildirilmiştir (Özmen vd., 2015; Yavuz, 2015; Alarslan ve Aygün, 2019; Keçici vd., 2021). Aynı değeri Çulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 19,45; 14,90 ve

16,20 kg tespit etmiştir. Farklı arařtırmacılar (Tekerli vd., 2001; etin ve Akapınar, 2005; Ceyhan vd., 2010, 2019; Sezenler vd., 2013; Yavuz, 2015; Alarşlan ve Aygn, 2019; Noyan ve Ceyhan, 2021; Yayvan, 2021; Keici vd., 2021) kuzularda ortalama 90. gn canlı ađırlık iin Ramlılarda 22,47 – 30,25; Karacabey Merinoslarında 27,13 – 28,40; Kıvrıcıklarda 17,11 – 21,50 ve Akkaramanlarda 23,05 – 26,34 kg arasında deđerler bildirirken zbařer ve Akapınar (2011) Acıpayamlarda ve Castillo vd., (2023) Socorro Adası Merinoslarında bu deđerlerin 22,5 ve 10,34 kg olduđunu ifade etmişlerdir. Stten kesim zamanı kuzular iin nemli bir stres kaynađı olmakla beraber kuzunun olumsuz etkilenmemesi iin 120 gnlk yařta gerekleřtirilmesi nerilmektedir (Tekerli, 2009). Bu yařtaki kuzularda ortalama canlı ađırlık Trkiye'deki Merinoslarda 28,3 – 38,42 ve Ramlılarda 27,72 – 33,89 kg aralıđında saptanmış olup, bu deđerin Kıvrıcıklarda 20,21 – 28,58 ve Akkaramanlarda 28,89 – 33,32 kg arasında olduđu ifade edilmiştir (Tekerli vd., 2001, 2022; etin ve Akapınar, 2005; Kaymakı ve Tařkın, 2008; Aktař vd., 2015, 2016; zmen vd., 2015; Yavuz, 2015; ulha, 2019; Alarşlan ve Aygn, 2019; Yayvan, 2021; Behrem, 2021; Keici vd., 2021; elikelođlu vd., 2022; Kızılaslan vd., 2024). zbařer ve Akapınar (2011) aynı deđerini Acıpayamlarda 23,4 kg olarak saptarken bu zellik ynnden bulunan deđerler Sakızlarda 21,07 – 39,05 ve İvesilerde 30,36 – 35,32 kg sınırlarında belirlenmiştir (Tekerli vd., 2001; ulha, 2019).

Bymenin kıstaslarından biri olan cidago yksekliliđinin 60. gndeki ortalamasını Yavuz (2015) Akkaramanlarda 55,13 cm bildirirken bu deđerin Kıvrıcıklarda 48,11 – 49,74 cm sınırlarında olduđu ifade edilmiştir (Alarşlan ve Aygn, 2019; Keici vd., 2021). Aynı deđerini ilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 55,07; řen ve Uđurlu (2021) Romanovlarda 42,58 ve zbařer ve Akapınar (2011) Acıpayam koyunlarında 52,7 cm tespit etmişlerdir. Yine bu deđerini ulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 54,14; 50,90 ve 50,84 cm saptamıştır. Kuzularda ortalama 90. gn cidago yksekliliđini etin ve Akapınar (2005) Karacabey Merinoslarında 58,12; Castillo vd. (2023) Socorro Adası Merinoslarında 47,20; Alarşlan ve Aygn (2019) Kıvrıcıklarda 55,48 cm bildirmişlerdir. Bu deđer Akkaramanlarda 58,29 – 59,28 ve İvesilerde 52,83 – 56,10 cm sınırlarında saptanmıştır (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015; Kutan ve Keskin, 2022). zmen vd. (2015) bu ađdaki Akkaraman diři ve erkeklerde cidago yksekliliđini 53,46 ve 56,04 cm bildirmişlerdir. Bu zelliđi Keici vd. (2021) Kıvrıcıklarda 54,41; zbařer ve Akapınar (2011) Acıpayamlarda 57,1; ilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında

60,16 ve Şen ve Uğurlu (2021) Romanovlarda 44,12 cm düzeyinde tespit etmişlerdir. Farklı çalışmalarda ortalama 120. gün cidago yüksekliğini Çulha (2019) Merinoslarda 64,90 cm bulurken, Ramlıçlarda aynı özellik için elde edilen değerler 58,92 – 63,45 cm sınırlarında olmuştur (Çelikeloğlu vd., 2022; Tekerli vd., 2022). Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 54,12 cm saptadığı cidago yüksekliği Akkaramanlarda 58,29 – 63,14 cm düzeylerinde tespit edilmiştir (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015). Yine aynı değer Sakızlarda 57,15 – 69,19 ve İvesilerde 58,03 – 63,74 cm sınırlarında saptanmıştır (Tekerli vd., 2001; Çulha, 2019). Bu özellikte Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 58,5 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 64,99 cm değerlerini tespit etmişlerdir.

Diğer bir büyüme kıstası olan göğüs çevresinin 60. gün değerini Yavuz (2015) Akkaramanlarda 62,51 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 57,6 cm bildirirken, bu değer Kıvırcıklarda 56,33 – 61,67 cm sınırlarında tespit edilmiştir (Alarlan ve Aygün, 2019; Keçici vd., 2021). Aynı değeri Çulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 64,46; 60,21 ve 57,87 cm saptamıştır. Kuzularda 90. günde göğüs çevresini Alarlan ve Aygün (2019) ve Keçici vd. (2021) Kıvırcıklarda 66,57 ve 73,37 cm bulurken Castillo vd. (2023) Socorro Adası Merinoslarında 51,77 cm olarak bildirmişlerdir. Aynı değeri Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 64,2; Yavuz (2015) Akkaramanlarda 66,90 ve Kutan ve Keskin (2022) İvesilerde 60,10 cm saptamışlardır. Özmen vd. (2015) yine Akkaraman dişi ve erkeklerde 90. gün göğüs çevresini 69,96 ve 73,31 cm bildirmişlerdir. Farklı literatürlerde (Tekerli vd., 2001, 2022; Yavuz, 2015; Çelikeloğlu vd., 2022) 120. günde göğüs çevresi Ramlıçlarda 80,91 – 85,14 ve Akkaramanlarda 67,60 – 70,18 cm aralığında bildirilmiştir. Aynı özellik için Keçici vd. (2021) Kıvırcıklarda 79,49 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 66,7 cm tespit etmişlerdir. Bu değeri farklı araştırmacılar (Tekerli vd., 2001; Çulha, 2019) Sakızlarda 62,75 – 81,41; İvesilerde 73,56 – 82,77 ve Çulha (2019) Merinoslarda 81,48 cm saptamışlardır. Cheng vd. (2023) Çin'de Hu, Tan ve Dorper koyunlarında farklı vücut ölçülerini etkileyen gen polimorfizmlerine yönelik bir çalışmalarında 120. gündeki göğüs çevresini 72,23 cm olarak bildirmişlerdir.

Kas ve kemik gelişimini belirleme ve genel büyümeyi izlemede kullanılabilecek bir ölçü olarak bildirilen (Zhang vd., 2018) incik çevresine ilişkin 60. gün değerlerini Şen ve Uğurlu (2021) Romanovlarda 7,52; Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayam

koyunlarında 4,0; Yavuz (2015) Akkaramanlarda 5,49 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 6,91 cm bildirmişlerdir. Bu özelliğin 90. gündeki değerini Çetin ve Akçapınar (2005) Karacabey Merinoslarında 8,23; Şen ve Uğurlu (2021) Romanovlarda 7,78; Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayam koyunlarında 4,0; Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 7,19 ve Castillo vd., (2023) Socorro Adası Merinoslarında 5,46 cm bulmuşlardır. Akkaramanlarda aynı değeri farklı araştırmacılar (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015) 6,50 – 7,25 cm aralığında tespit ederken bu değeri Esen vd. (2022) Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 8,5 ile 8,6 cm sınırlarında tespit etmişlerdir. Farklı araştırmacılar (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015) aynı özelliğin 120. gündeki değerini Akkaramanlarda 7,25 – 7,50 cm aralığında saptamışlardır. Bu değeri Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 7,99 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 4,1 cm bildirmişlerdir. Bu ölçü Hu koyunlarında 7,38 – 7,89 cm sınırlarında tespit edilmiştir (Cheng vd., 2023; Liu vd., 2024).

Büyüme ile ilgili diğer bir kıstas olan göğüs genişliğinin 60. gün değerini farklı araştırmacılar (Alarşlan ve Aygün, 2019; Keçici vd., 2021) Kıvırcıklarda 12,57 – 14,73 cm sınırlarında saptarken, bunu Çilek ve Gotoh (2015) Malya kuzularında 15,42 cm bildirmişlerdir. Kuzularda 90. gün göğüs genişliğini farklı araştırmacılar (Alarşlan ve Aygün, 2019; Keçici vd., 2021; Esen vd., 2022) Kıvırcıklarda 14,53 – 18,09 cm arasında bulurken İvesilerde bu değer 13,88 – 14,89 cm sınırlarında olmuştur (Tekerli vd., 2001; Kutan ve Keskin, 2022). Aynı değeri Castillo vd., (2023) Socorro Adası Merinoslarında 11,39 ve Çilek ve Gotoh (2015) Malya kuzularında 16,08 cm saptamışlardır. Bu özelliği Esen vd., (2022) Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 18,00 ile 18,9 cm arasında tespit etmişlerdir. Özmen vd. (2015) yine Akkaraman dişi ve erkeklerde bu değeri 12,46 ve 13,60 cm bildirmişlerdir. Bu özellikte 120. gün için araştırmacılar (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015) Akkaramanlarda 14,72 – 15,10 cm arasında; Çilek ve Gotoh (2015) Malya kuzularında 17,82 ve Keçici vd. (2021) Kıvırcıklarda 19,61 cm şeklinde değerler tespit etmişlerdir.

Kuzularda 60. gün sağrı genişliğini Alarşlan ve Aygün (2019) Kıvırcıklarda 12,30 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malyalarda 12,61 cm bildirmişlerdir. Aynı özellik için 90. gün değerini Alarşlan ve Aygün (2019) Kıvırcıklarda 13,67 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malya

kuzularında 13,25 cm saptamışlardır. Ramírez-Retamal vd. (2013)'nin Chilote ırkında iki farklı otlama ortamında sırasıyla 16,86 ve 18,08 ve Suffolk Down ırkında 18,58 cm bildirdikleri değer Castillo vd., (2023) tarafından Socorro Adası Merinoslarında 9,56 cm olarak saptanmıştır. Esen vd., (2022) Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 90. gün sağrı genişliğini 18,5 ile 18,9 cm aralığında tespit etmişlerdir. Kuzularda süten kesim sağrı genişliğini Ramlıç ve melezlerinde Çelikeloğlu vd. (2022) 18,53 – 21,63 cm arasında ve Tekerli vd. (2022) 14,92 cm bildirirken bu değeri Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 15,40 cm belirlemişlerdir.

Kuzularda 60. gün sağrı yüksekliğini Kıvırcıklarda Alarslan ve Aygün (2019) 49,37 ve Keçici vd. (2021) 49,61 cm belirlerken, bu değeri Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 52,0; Yavuz (2015) Akkaramanlarda 56,46 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malyalarda 55,83 cm tespit etmişlerdir. Aynı değeri Çulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 54,97; 51,90 ve 52,14 cm saptamıştır. Sağrı yüksekliğinin 90. gün değerini Kıvırcıklarda Alarslan ve Aygün (2019) 55,78 ve Keçici vd. (2021) 52,37 cm bildirmiş olup, Esen vd., (2022) Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde bu değeri 58,4 – 58,9 cm arasında tespit etmişlerdir. Aynı değeri Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 55,6; Yavuz (2015) Akkaramanlarda 60,49; Kutun ve Keskin (2022) İvesilerde 53,56; Özmen vd. (2015) Akkaraman dişi ve erkeklerde 53,75 – 55,71 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malyalarda 61,06 cm bildirmişlerdir. Yine sağrı yüksekliğinin 120. gün değerini Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 57,1; Yavuz (2015) Akkaramanlarda 67,93; Keçici vd. (2021) Kıvırcıklarda 55,33 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 64,99 cm bildirmişlerdir. Bu değeri Çulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 70,64; 64,83 ve 66,83 cm tespit etmiştir.

Kuzularda 60. gün vücut uzunluğunu Kıvırcıklarda Alarslan ve Aygün (2019) 47,97 ve Keçici vd. (2021) 44,55 cm bildirmişlerdir. Aynı değeri Yavuz (2015) Akkaramanlarda 50,40; Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 52,96; Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayamlarda 49,8 ve Şen ve Uğurlu (2021) Romanovlarda 40,13 cm tespit etmişlerdir. Çulha (2019) Sakız, İvesi ve Merinos kuzularda 60. gün vücut uzunluğunu sırasıyla 54,50; 51,05 ve 51,77 cm saptamıştır. Aynı özelliğin 90. gün değerini Çetin ve Akçapınar

(2005) Karacabey Merinoslarında 53,37 cm bildirirken bu değeri Kıvırcıklarda Alarslan ve Aygün (2019) 54,95 ve Keçici vd. (2021) 48,96 cm olarak bildirmişlerdir. Bu ölçüyü Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayam koyunlarında 53,2; Şen ve Uğurlu (2021) Romanovlarda 43,14; Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 58,27 ve Castillo vd. (2023) Socorro Adası Merinoslarında 42,92 cm tespit etmişlerdir. Aynı ölçüyü İvesilerde Tekerli vd. (2001) ve Kutan ve Keskin (2022) 47,86 – 51,31 cm aralığında ve Akkaramanlarda Tekerli vd. (2001) ve Yavuz (2015) 51,48 – 56,51 cm sınırlarında bildirmişlerdir. Özmen vd. (2015) yine Akkaraman dişi ve erkeklerde bu değeri 46,03 ve 48,71 cm saptamışlardır. Kuzularda 120. gün vücut uzunluğunu farklı araştırmacılar (Tekerli vd., 2001; Yavuz, 2015) Akkaramanlarda 51,48 – 62,56 cm aralığında bildirirken bu değeri Ramlıç ve melezlerinde Çelikeloğlu vd. (2022) 59,80 – 60,93 ve Tekerli vd. (2022) 58,71 cm tespit etmişlerdir. Aynı değeri Çulha (2019) Merinoslarda 71,17; Özbaşer ve Akçapınar (2011) Acıpayam koyunlarında 54,1; Keçici vd. (2021) Kıvırcıklarda 51,96 ve Çilek ve Gotoh (2014) Malya kuzularında 64,53 cm bildirmişlerdir. Bu ölçüyü Tekerli vd. (2001) ve Çulha (2019) Sakızlarda 54,99 – 75,36 ve İvesilerde 53,22 – 67,54 cm aralığında bulmuşlardır. Yine bu ölçüde Cheng vd. (2023) Hu, Tan ve Dorperlerin genel ortalamasını 65,64 cm olarak tespit etmişlerdir.

1.1.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri

Stanford vd. (2001) Romanov x Suffolk melezi erkek ve dişi kuzularda Musculus longissimus dorsi (MLD) alanı ortalamasını 60. günde 5,79 ve 5,75; 90. günde 7,15 ve 7,42 ve 120. günde 9,56 ve 9,39 cm² bildirmişlerdir. Ramlıç ve melezlerinde yaklaşık 120. gün MLD alanı 9,60 – 16,08 cm² aralığında tespit edilmiştir (Çelikeloğlu vd., 2022; Tekerli vd., 2022). Benzer şekilde Koçak vd. (2024) Pırlak ve melezlerinde 8,78 – 10,04 cm² arasında değerler elde ederken aynı araştırmacılar (Tekerli vd., 2022; Koçak vd., 2024) Teksellerde bunun 9,21 – 10,21 cm² sınırlarında olduğunu bildirmişlerdir. Aynı özellik için Martyniuk vd. (2001) Olkuska kuzularında bu değeri 6,81 cm² saptamışlardır. Cemal vd. (2007) Kıvırcık kuzularda yaklaşık 125 günlükte MLD alanının 6,91 cm² olduğunu tespit etmişlerdir.

Kuzularda 60. gün MLD derinliğini Stanford vd. (2001) Romanov x Suffolk melezi erkeklerde 1,82 ve dişilerde 1,81 cm belirlerken, bu özelliğin 90. gün değerini erkeklerde 1,97 ve dişilerde 2,09 cm tespit etmişlerdir. Esen ve Esen (2023) Kıvırcık, Karacabey

Merinosu, Ramlıç, Alman siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 90. gün MLD derinliğini 2,27 ile 3,50 cm aralığında saptamışlardır. Aynı özellik için Milerski vd. (2006) Suffolk, Şarole, Teksel ve Romneylerde ortalama 100 günlük yaşta bu değeri 2,36 ile 2,55 cm arasında bildirmişlerdir. Yılmaz vd. (2011) Kıvırcık melezlerinde 104. günde MLD derinliğini 1,99 cm tespit ederken, Alarslan vd. (2023) yaklaşık 3,5 – 4 aylık yaşta Kıvırcıklarda 1,94 cm belirlemişlerdir. Çelikeloğlu vd. (2022) ve Tekerli vd. (2022) Ramlıç ve melezlerinde yaklaşık 120. gün MLD derinliğini 2,48 – 3,46 cm aralığında tespit etmişlerdir. Benzer şekilde MLD derinliği ölçüsünü Koçak vd. (2024) Pırlak ve melezlerinde 2,43 – 2,59 cm arasında ve aynı araştırmacılar (Tekerli vd., 2022; Koçak vd., 2024) Teksellerde sırasıyla 2,50 ve 2,82 cm olarak bildirmişlerdir. Bu özellik için Martyniuk vd. (2001) Olkaska ırkında bu değeri 1,95 ve Stanford vd. (2001) Romanov x Suffolk melezi erkek ve dişi kuzularda 2,42 ve 2,39 cm bulmuşlardır. Yaklaşık 150 günlük yaşta MLD derinliğini Lambe vd. (2010) Teksel x İskoç Katır koyunu melezlerinde 2,37 ile 2,52 cm aralığında bildirirken, Masri vd. (2011) Teksel ve Poll Dorset koçlarla yine İskoç Katır koyunları arasındaki melezleme sonucu elde edilen iki farklı hatta 2,24 ve 2,47 cm saptamışlardır. Kvame ve Vangen (2007) Norveç Beyaz koyunu ve Teksel melezi etçi kuzularda yaptıkları çalışmalarında ortalama 128 günlük yaşta bu değeri 2,35 ile 2,50 cm aralığında tespit etmişlerdir. Yılmaz vd. (2016) Dorper ve Dorper x Merinos melezlerinde ortalama 156 günlük yaşta MLD derinliğini 1,74 cm olarak bildirmişlerdir. Bu özelliği Yılmaz vd. (2014) Karya, Kıvırcık ve Karacabey Merinoslarda yaklaşık 115 günlük yaşta 2,09 cm saptamışlardır. Kıvırcıklarda Cemal vd. (2007) yaklaşık 125. günde MLD derinliğini 1,96 cm bildirmişlerdir.

Kuzularda 60. gün deri altı yağ kalınlığını Stanford vd. (2001) Romanov x Suffolk melezi erkeklerde 0,18 ve dişilerde 0,17 bulurken, 90. gün değerini sırasıyla 0,27 ve 0,30 cm belirlemişlerdir. Bu özelliği Milerski vd. (2006) Suffolk, Şarole, Teksel ve Romneylerde ortalama 100 günlük yaşta 0,28 ile 0,37 cm aralığında saptamışlardır. Yine bu özellik için Yılmaz vd. (2011) Kıvırcık melezlerinde ortalama 104. günde 0,23 cm tespit etmişlerdir. Alarslan vd. (2023) yaklaşık 3,5 – 4 aylık yaşta Kıvırcıklarda bu değeri 0,20 cm olarak saptamışlardır. Çelikeloğlu vd. (2022) ve Tekerli vd. (2022) Ramlıç ve melezlerinde yaklaşık 120. gün deri altı yağ kalınlığını 0,55 – 0,77 cm aralığında tespit etmişlerdir. Benzer şekilde deri altı yağ kalınlığı ölçüsünü Koçak vd. (2024) Pırlak ve melezlerinde

0,57 – 0,62 cm arasında ve aynı arařtırmacılar (Tekerli vd., 2022; Koçak vd., 2024) Teksellerde sırasıyla 0,67 ve 0,58 cm olarak bildirmişlerdir. Aynı özellik için Martyniuk vd. (2001) Olkuska ırkında bu değeri 0,20 ve Stanford vd. (2001) Romanov x Suffolk melezi erkek ve diři kuzularda 0,32 ve 0,34 cm bulmuşlardır. Yaklaşık 150 günlük yaşta deri altı yağ kalınlığını Masri vd. (2011) Teksel ve Poll Dorset koçlarla yine İskoç Katır koyunları arasındaki melezleme sonucu elde edilen iki farklı hatta 0,30 ve 0,37 cm saptamışlardır. Kvame ve Vangen (2007) Norveç Beyaz koyunu ve Teksel melezi etçi kuzularda yaptıkları çalışmalarında ortalama 128 günlük yaşta yağ derinliğini 0,17 ile 0,18 cm aralığında tespit etmişlerdir. Yılmaz vd. (2016) Dorper ve Dorper x Merinos melezlerinde ortalama 156 günlük yaşta deri altı yağ kalınlığını 0,17 cm bildirmişlerdir. Yılmaz vd. (2014) Karya, Kıvırcık ve Karacabey Merinoslarında yaklaşık 115 günlük yaşta bu özelliği 0,31 cm bildirirken, Cemal vd. (2007) Kıvırcıklarda bu değeri yaklaşık 125 günlük yaşta 0,12 cm tespit etmişlerdir.

1.2. Farklı Özelliklerde Etkili Olduđu Saptanan Genler

Koyun yetiřtiriciliğinde ekonomik önemi olan özelliklerde genetik ilerlemeyi hızlandırmak için farklı yöntemler önerilmekte ve uygulanmaktadır. Günümüzde, özellikle genom boyu ilişkilendirme analizi (GBIA, ing: Genome-Wide Association Study) tekniğı kullanılarak koyunların büyüme özellikleriyle ilişkili tek nükleotid polimorfizmlerini (SNP) belirlemeye yönelik çeşitli çalışmalar yapılmaktadır. Bu sayede koyunlarda seleksiyon programlarında kullanılabilecek muhtemel aday genlerin ve genetik markörlerin (işaretçi) belirlenmesi mümkün olmaktadır. Bu işaretçiler göz önünde bulundurularak potansiyel “Markör Yardımlı Seleksiyon” programları uygulanabileceğı ortaya çıkmaktadır (Zhang vd., 2013, 2019; Gholizadeh vd., 2015; Ghasemi vd., 2019; Lu vd., 2020; Tao vd., 2020; Almasi vd., 2020, 2021; Cao vd., 2020; Jiang vd., 2021). Bu bölümde farklı özellikler için önemli bulunan SNP’ler veya genlere yönelik bir literatür özeti sunulmuştur.

Zhang vd. (2013) Sunit, Alman Et Merinosu ve Dorper ırkında 11 büyüme özelliğı ile (doğum ağırlığı, süttten kesim ağırlığı, altıncı ay ağırlığı, göz kası alanı, yağ kalınlığı, süttten kesim öncesi ağırlık artışı, süttten kesim sonrası ağırlık artışı, günlük canlı ağırlık artışı, cidago yüksekliğı, göğüs çevresi ve incik çevresi) ilişkili olabilecek SNP’leri tespit etmişlerdir. Arařtırmacılar çalışmalarının sonunda yedi özellik için 26 adet önemli SNP

saptamışlar ve bunların 10 adedinin sütten kesim sonrası ağırlık artışı için önemli olduğunu bildirmişlerdir. Gholizadeh vd. (2015) Baluchi koyununda büyüme özelliklerine yönelik GBİA sonucunda doğum ağırlığı için iki, sütten kesim ağırlığı için iki, altıncı ay ağırlığı için beş ve 12. ay ağırlığı için beş adet önemli SNP tespit etmişlerdir. Ghasemi vd. (2019) Lori – Bakhtiari koyunlarında 1, 16, 19 ve 22. kromozomlarda doğum ağırlığı ile ilişkisi olan yedi adet önemli SNP belirlemişlerdir. Zhang vd. (2019) Hulun Buir ırkı altı aylık kuzularda gerçekleştirdikleri GBİA sonucunda farklı kromozomlar üzerinde 42 adet aday gen bölgesi tespit etmiş olup, bunlardan göğüs çevresi ile bir, kuyruk tipi ile 10, kuyruk yağı ağırlığı ile yedi ve karkas ağırlığı ile ilgili altı adet SNP bulmuşlardır. Almasi vd. (2020) Lori – Bakhtiari ırkında sütten kesim öncesi günlük canlı ağırlık artışı ile ilişkili iki ve sütten kesim ağırlığı ile ilişkili üç adet SNP’i istatistiksel düzeyde önemli bulmuşlardır. Tespit ettikleri nicel özellik lokusunun (QTL) ve aday genlerin, etçi koyunlarda büyüme performansının iyileştirilmesi için çalışılabilir olduğunu bildirmişlerdir. Cao vd. (2020) Hu koyunlarında dört adet önemli SNP tespit etmişler ve CAPN6, ITGA11 ve SCM1 genlerinin canlı ağırlık bakımından bu ırkta aday gen olarak kullanılabileceğini ifade etmişlerdir. Lu vd. (2020) Alp Merinosu, Çin Merinosu, Aohan ince yapağı koyunu ve Qinghai ince yapağı koyunu üzerinde yaptıkları çalışmalarında doğum ağırlığı, sütten kesim ağırlığı, bir yaş canlı ağırlığı ve ergin yaş ağırlığı ile 113 SNP arasındaki ilişkiyi önemli bulmuş olup, buradan yola çıkarak 30 adet genin bu şekilde açıklanabileceğini belirtmişlerdir. Bulunan aday genlerin koyunlarda canlı ağırlığa yönelik kullanılabileceğini ve ince yapağılı Çin koyunlarının üretimi ve genomik olarak seçimi için faydalı olacağını bildirmişlerdir. Tao vd. (2020) Luzhong koyunlarında 48 adet fikir verici düzeyde önemli SNP tespit etmişlerdir. Bu polimorfizmlerden dördünün doğum ağırlığı, yine dördünün cidago yüksekliği, 11’inin vücut uzunluğu ve 29’unun göğüs çevresi ile ilişkili olabileceğini saptamışlardır. Araştırmacılar elde ettikleri sonuçların canlı ağırlık ve vücut yapısı özellikleri bakımından koyunlarda markör olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Jiang vd. (2021) Hu koyununda vücut yüksekliği ile ilişkili beş ve göğüs çevresi ile ilişki dört adet önemli polimorfizm saptamışlardır. Önemli bulunan dokuz SNP’nin dört adet aday gen ile bağlantılı ve bunlardan KITLG ve CADM2’nin vücut uzunluğu ve MCTP1 ve COL4A6 genlerinin göğüs çevresi ile ilişkili olabileceğini bildirmişlerdir. Almasi vd. (2021) Lori–Bakhtiari ırkında sütten kesim sonrası vücut ağırlığı özellikleriyle 10.

kromozomda bulunan bir ve 13. kromozom üzerinde olan iki SNP'nin önemli bulunduğunu ve 10. kromozomdaki SNP'nin ATP8A2 ve 13. kromozomda bulunan SNP'nin PLXDC2 geninin üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. Araştırmacılar sonuç olarak bu iki genin süttten kesim sonrası canlı ağırlık için aday gen olarak kullanılabilceğini belirtmişlerdir.

Bazı genlerin farklı türlerde benzer özelliklerle ilişkili olabileceği ifade edilmektedir (Gualdrón Duarte vd., 2023). Bu bağlamda izleyen bölümde, mevcut çalışmadaki kuzularda önemli bulunan ve diğer türlerde kimi özelliklerle birlikteliği, eklemlendiği veya oluşumuna katıldığı tespit edilen genler üzerinde durulmuştur. Bu doğrultuda, Akanno vd. (2018) farklı ırklardan oluşan bir melez etçi sığır popülasyonunda doğum ağırlığı, süttten kesim ağırlığı, süttten kesim öncesi ağırlık artışı, bir yaş ağırlığı ve mermerleşme skorunu etkileyen yedi adet SNP tespit ettiklerini ve bu SNP'lerin U6atac, AGBL4, bta-mir-2888-1, REPIN1, ICA1 ve NXPH1 genlerinin yakınında bulunduğunu ve bunların aday gen olabileceğini bildirmişlerdir. Doğum ağırlığı için U6atac, süttten kesim ağırlığı ve süttten kesime kadarki canlı ağırlık artışı için AGBL4 ve bta-mir-2888-1, bir yaş canlı ağırlığı için REPIN1 ve mermerleşme skoru için ICA1 ve NXPH1 genlerinin etkili olabileceğini tespit etmişlerdir. Sonuç olarak belirlenen SNP'lerin yakınlarında konumlanan aday genlerin melezleme çalışmaları ve heterozis tahmini için araştırılmasını önermişlerdir. Bu genlerden AGBL4'ün Holştayn ve Jerseylerin buzağılama aralığı ve süt veriminde, Chenghua ve Yorkshire domuzlarının kas gelişimi ve et kalitesi özelliklerinde, evcil yaklarda rakıma yönelik adaptasyonda ve tavuklarda yağ dokusunun farklı gelişim aşamalarında etkili olabileceği bildirilmiştir (Aliloo vd., 2015; Guang-Xin vd., 2019; Wang vd., 2021; Wei vd., 2024). AGBL4 (AGBL Karboksipeptidaz 4)'ün protein kodlayan bir gen olduğu ve virüslere karşı savunmada ve blastosist gelişiminin düzenlenmesi gibi süreçlerde yer aldığı saptanmıştır. Ayrıca bu genin protein ve amino asitlerin sentez ve katabolizmalarında yani protein metabolizması süreçlerinde rol oynadığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 7: AGBL4).

Kızılaslan vd. (2022) Akkaraman koyunlarında büyüme ve lineer tip özellikleri ile ilgili genetik faktörleri inceledikleri çalışmalarında büyüme özelliklerine ilişkin PRDM2, PTGDR, PTPRG, KCND2, ZNF260, CPE ve GRID2 genlerine önem atfedebileceğini ifade etmişlerdir. Bu genlerden GRID2'nin İzlanda koyunlarında kaslanma durumu, Hanwoo sığırlarında yine bu gene yakın üç SNP nedeniyle karkas ağırlığı, deri altı yağ

kalınlığı ve longissimus dorsi kasının alanı, Frizarta koyunlarında laktasyonda inişe karşı direnme gücü (persisteny) ve genel olarak koyunlarda mizaca katılımı olduğu ileri sürülmüştür (Lee vd., 2012; Guðmundsdóttir, 2015; Argyriadou vd., 2023; Romaniuk vd., 2024). GRID2 (Glutamat İyonotropik Reseptör Delta Tip Subünit 2) geni, protein kodlayan bir gendir. Bu gen tarafından kodlanan protein, memeli beynindeki baskın uyarıcı nörotransmitter reseptörleri olan iyonotropik glutamat reseptörleri ailesinin bir üyesidir. Bu, membranları birden çok defa geçebilen çok geçişli bir proteindir ve seçici olarak serebellar Purkinje hücrelerinde ifade bulmaktadır (İnt. Kay. 8: GRID2).

Zhang vd. (2013) Sunit, Dorper ve Alman et koyunlarından oluşan 329 başlık bir örnekte yaptıkları GBİA sonucunda süttten kesim sonrası ağırlık artışına yönelik beş adet önemli SNP bulmuşlar ve bunların MEF2B, RFXANK, CAMKMT, TRHDE ve RIPK2 kodlu genler üzerinde olduklarını bildirmişlerdir. Sonuç olarak bu genlerin, koyunlar için büyüme ve et üretim özellikleri ile ilişkilendirilen aday genler olarak düşünülebileceğini ifade etmişlerdir. Bunlardan CAMKMT'nin evcil ve yaban koyunlarında büyüme ve et ve Ujumqin koyunlarında ise büyüme özelliklerine etkili olabileceğini bildirmişlerdir (Ma vd., 2016; Zamani vd., 2018). Bu gen (CAMKMT, calmodulin-lysine N-methyltransferase) aynı isimle anılan enzimini kodlamakta olup, söz konusu enzim kalsiyuma bağlı iletim yollarında önemli bir görev alıp kalsiyum bağlama yoluyla kas hücresi aktivitelerinde ve beden gelişimine katıldığı ifade edilmiştir. Bu genin ilişkili olduğu yolaklar arasında görsel fototransdüksiyon ve protein metabolizması süreçlerinin yer aldığı da bildirilmektedir (İnt. Kay. 9: CAMKMT; Haziza vd., 2015; Ma vd., 2016).

Zhang vd. (2020) çalışmalarında besi sığırlarında günlük canlı ağırlık artışına yönelik önemli buldukları SNP'lerin CARD11, TMEM72 ve SCGB1A1 genlerinin yakınında olduğunu tespit etmişlerdir. Purfield vd. (2020) farklı sığır ırklarında buzağılama kolaylığı üzerine genetik yapıyı ortaya koymak için yaptıkları çalışmalarında Şarole ırkında zor doğum üzerine önemli buldukları SNP'nin yakınında TMEM72 kodlu aday genin olduğunu saptamışlardır. TMEM72 (transmembrane protein 72) protein kodlayan bir gendir. Bu genin, özellikle böbrekte saptanan bir transmembran proteinini kodladığı bildirilmektedir. Transmembran proteinleri, ökaryotik organizmaların genomunda kodlanan tüm proteinlerin %20–30'unu oluşturmakta olup, bu proteinler hücrelerin hayatta kalması ve büyümesi için gerekli olan çeşitli biyolojik fonksiyonların yerine

getirilmesinde yer almaktadır (İnt. Kay. 10: TMEM72; Cosson vd., 2013; Tsirigos vd., 2018).

Tao vd. (2021) Luzhong etçi koyunlarında bir batındaki yavru sayısı ile ilişkili genlerin belirlenmesi için yaptıkları çalışmalarında tespit ettikleri dokuz genden ACTL7A, ACTL7B ile ELP1 kodlu genlerin üreme, KLF5 ve PIBF1 genlerinin embriyonik gelişim ve DACH1, BORA, DIS3 ile MZT1 genlerinin hücrelerin yaşamı boyunca ortaya çıkan farklı olayları içeren döngüyle ilgili olabileceklerini bildirmişlerdir. Ayrıca, toplam kuzu sayısı ile ilişkili HECW1 ve HTR1E, meme sayısı ile ilişkili GABRG3, LRP1B ve MACROD2 ve üreme mevsimiyle ilişkili AGLB1 kodlu gen olmak üzere toplam 128 gen saptamışlardır. Liu vd. (2013) Beijing-You tavukları üzerinde et kalitesi ve vücut kompozisyonu üzerine aday gen bölgelerini belirlemek için yaptıkları GBİA çalışmasında karkas ve boşaltılmış karkas ağırlığı ile önemli seviyede ilişkili buldukları SNP'lerin DACH1 geninin yakınında olduklarını belirtmişlerdir. Protein kodlayan bir gen olan DACH1 (Dachshund Family Transcription Factor 1)'in özellikle embriyonik dönemdeki gelişimin düzenlenmesinde rol oynayabileceği ifade edilmektedir (İnt. Kay. 11: DACH1).

Wang vd. (2022) Holştayn sığırlarında süt verimi özellikleri, somatik hücre skoru ve vücut konformasyonu üzerine yaptıkları GBİA çalışmasında yedi adet birden çok özelliğe etkili SNP tespit etmişlerdir. Bu SNP'lerin PLEC, PLEKHA5, TONSL, PTGER4 ve LCORL genlerinin yakınında olduklarını bildirmişlerdir. Araştırmacılar süt verimi özellikleri ile ilişkili buldukları SNP'lerin yakınında TMEM163, SLC39A14, SLC1A1, SLC37A1 ile BMPR1B genlerinin bulunduğunu, vücut konformasyon özellikleri ile ilgili tespit ettikleri SNP'lere SLC7A11, NEGR1, DNAJB9, LCORL ve TMEM63A genlerinin yakın olduğunu ve somatik hücre skoruyla ilişkili SNP'lerin ise CCDC85A, CEP135, SERPINC1 ve SOX9 genlerinin yakınında yer aldıklarını bildirmişlerdir. SLC7A11 (Solute Carrier Family 7 Member 11) protein kodlayan bir genidir. Bu genin ilişkili olduğu yolaklar arasında inorganik katyon veya anyonların yanında amino asit veya oligopeptitlerin taşınması işlemleri olduğu bildirilmiştir. Genin sistin/glutamat taşıyıcısı proteininin kodlanmasında görev alarak, hücreleri oksidatif stresten koruyan önemli maddelerden biri olan glutasyonun hücre içi düzeylerinin devam ettirilme mekanizmasında etkili olduğu ifade edilmiştir (İnt. Kay. 12: SLC7A11).

Gao vd. (2018) Hu koyunlarında cinsel olgunlaşma döneminde FGF9 (Fibroblast Growth Factor 9) geninin testislerde steroid hormon üretimi (steroidogenesis) üzerindeki etkisini incelemişler ve sonuç olarak FGF9'un koçlarda testosteron biyosentezinin önemli bir düzenleyicisi olduğunu ifade etmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar FGF9 geninin testiste ekspresyonunun dokuz aylık yaştakilerde üç aylık yaştakilere göre daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. FGF9 geni protein kodlayan bir genidir. Bu gen tarafından kodlanan protein, fibroblast büyüme faktörü (FGF) ailesinin bir üyesidir. Bu ailenin üyeleri geniş çaplı bir mitojenik ve hücrelerin hayatta kalma aktivitesine sahip olup, embriyonik gelişim, hücre büyümesi, morfogenez, doku onarımı, tümör büyümesi ve invazyonu gibi çeşitli biyolojik süreçlerde de rol oynamaktadır. Büyüme faktörü aktivitesi ve fibroblast büyüme faktöründe reseptöre bağlanma mekanizması ile de ilgisi olduğu bildirilmiştir (İnt. Kay. 13: FGF9).

Ding vd. (2022) Çin Holştaynlarında NCAM2 (Neural Cell Adhesion Molecule 2) genini süt kompozisyon özellikleri yönünden incelemişler ve süt yağı oranı bakımından bir ilişki bulduklarını bildirmişlerdir. Venturini vd. (2014) mandalarda süt üretim özelliklerine yönelik SNP'leri araştırdıkları çalışmalarında NCAM2 geninin yakınında olan bir SNP ile süt verimi, yağ verimi ve protein verimi arasında ilişkiler tespit etmişlerdir. Du vd. (2021) Çin'de yetiştirilen Simentallerde NCAM2 geninin vücut ağırlığı üzerine etkili olduğunu ve aday genler arasında bulunduğunu bildirmişlerdir. İnsanlarda bu gen yakınlarında bulunan bir SNP'nin bel çevresi ile ilişkili olabileceği ifade edilmiştir (Wang vd., 2011). Bu gen protein kodlamakta olup, kodlanan protein immünoglobulin süper ailesine aittir. Bu proteinin koku alma ve sinirsel iletim mekanizmalarında görev aldığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 14: NCAM2; Shin vd., 2014; Parcerisas vd., 2020).

Lázaro vd. (2024) Murrah mandalarında SATB2 (Special AT-rich sequence-binding protein 2) genini laktasyon süresine yönelik aday genler arasında bildirmişlerdir. Li vd., (2024) domuzlarda SATB2 geninin iskelet kası hücrelerinin kromatin yeniden modelleme faktörleri yoluyla düzenlenmesinin moleküler mekanizmasında rolü olduğunu ifade etmişlerdir. Zhao vd. (2014) SATB2'nin insanlarda iskelet oluşumu ve hastalıklarda önemli bir işlev gören çok yönlü bir transkripsiyon düzenleyicisi olabileceğini aktarmışlardır. C. T. Liu vd. (2013) kadınlarda bel çevresi ile ilgili tespit ettikleri bir SNP'nin SATB2 geninin yakınında bulunduğunu saptamışlardır. SATB2 protein

kodlayan bir genidir. İlgili proteinin iskelet gelişimi ve osteoblast farklılaşmasını düzenleyen transkripsiyonel ağda önemli bir işlev görebileceği bildirilmiştir (İnt. Kay. 15: SATB2).

Higgins vd. (2018) İrlanda etçi sığırlarında günlük canlı ağırlık artışı üzerine önemli buldukları bir SNP'nin CCDC85A (Coiled-Coil Domain Containing 85A) geni yakınlarında olduğunu bildirmişlerdir. Bu geni Olivieri vd., (2016) Nellore sığırlarında kuru madde tüketimi ile ilgili aday gen olarak tespit etmişlerdir. Yine Wang vd. (2022) Holştaynlarda somatik hücre skoruyla ilişkili başka bir SNP'nin aynı genin yakınlarında yer aldığını ifade etmişlerdir. CCDC85A protein kodlayan bir gen olup, epitel gelişiminde rol oynadığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 16: CCDC85A).

Argyriadou vd. (2023) Frizarta koyunlarında SOX14 (SRY-box transcription factor 14) genini laktasyonda inişe karşı direnme gücü bakımından önemli bulmuşlardır. Li vd. (2014) Çin Holştaynlarda süt yağ asidi özellikleri için tespit ettikleri iki önemli SNP'nin SOX14 geninin yakınında olduklarını bildirmişlerdir. SOX14 protein kodlayan bir genidir. Bu intronu olmayan gen SOX transkripsiyon ailesinden bir üyeyi kodlamakta olup, bu proteinin embriyonik gelişimde ve hücrelerin farklılaşma ve nihai kaderlerinin belirlenmesi süreçlerinde düzenleyici mekanizmalar içerisinde yer aldığı nakledilmektedir (İnt. Kay. 17: SOX14).

Pértille vd. (2021) damızlık erkek domuzlarda döl veriminin belirlenmesi için potansiyel aday genleri araştırdıkları çalışmalarında yüksek ve düşük döl verim grupları arasında özellikle ROPN1L, KIF2B, LMX1A ve FOX11 genlerinin olduğunu bildirmişlerdir. Ai vd. (2015) tüm genom dizilimi ile domuzlarda yerel adaptasyon ile ilgili aday genler arasında KIF2B'yi de belirtmişlerdir. KIF2B (Kinesin Family Member 2B) protein kodlayan bir genidir. Genin ATP hidroliz ve mikrotübül motor aktiviteleri ile ilişkisi olduğu ifade edilmiştir (İnt. Kay. 18: KIF2B).

Son yıllarda artan kentleşme ve eğitimle gelen toplumsal bilinç hayvansal proteine olan talep artışını da beraberinde getirmiştir. Bununla beraber hayvansal üretimde geleneksel tekniklerle elde edilen genetik ilerleme yetersiz kalmakta ve gereksinimi karşılayamamaktadır. Bu amaçla farklı gen bölgelerinin etkilerini belirlemek ve olası haplotipleri ortaya koyabilmek için GBIA'dan yararlanılmaktadır. Bu çalışma muhtemel

nicel özellik bölgelerinin en doğru şekilde belirlenip ilişkilendirilebilmesi için melez genotipler üzerinde gerçekleştirilmiştir. Bu hedef doğrultusunda GBIA yöntemiyle farklı düzeylerde Ramlıç ve Merinos genotipi taşıyan kuzularda büyüme ve ultrasonik karkas özelliklerine katkısı olan SNP'ler ve olası aday gen bölgelerinin belirlenmesi çalışmanın amacını oluşturmuştur.

2. MATERYAL ve METOT

2.1. Materyal

2.1.1. Hayvan Materyali

Bu çalışma Afyon Kocatepe Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik kurulunun (AKUHADYEK) 49533702/145 sayı ve 117/21 referans numaralı izni ile yapılmıştır (Ek 7.1). Araştırmanın materyalini Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Eğitim, Araştırma ve Uygulama Çiftliğinde 2021 – 2022 doğum sezonunda doğmuş ve farklı düzeylerde Ramlıç ve Merinos genotipi taşıyan 130 baş melez kuzu oluşturmuştur (Resim 2.1). Bunlardan 79 başı F_1 (Ramlıç x Merinos), 34 başı G_1 (Ramlıç x F_1) ve 17 başı G_2 (Ramlıç x G_1) genotipindedir. Bu kuzular Merinos, F_1 ve G_1 genotiplerini taşıyan toplam 89 baş koyundan doğmuştur (Resim 2.2). Tohumlamada üç baş Ramlıç koç kullanılmıştır (Resim 2.3). Anaç koyunlarda sistematik bir seleksiyon programı uygulanmamıştır.



Resim 2.1: Süzek yemlemesi yapılan alanda Ramlıç melezi kuzular.



Resim 2.2: Çalışmanın materyalini oluşturan kuzu ve anaçlar.



Resim 2.3: Çalışmada kullanılan Ramlıç Koçlar.

2.1.2. Sürü İdaresi ve Besleme

Tohumlamalar 05.10.2021 – 29.11.2021 tarihleri arasında 56 gün süre ile sınıf usulü sıfat yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Sınıf bölmelerinde bulunan koyunlar ile koç eşleştirerek tezin materyalini oluşturan kuzuların baba ve ana bilgileri elde edilmiştir. Koç katımının 6 hafta öncesinden başlayarak yaklaşık 400 – 500 gram arasında kesif yem ve

hayvan başına yaklaşık 1 kg arpa sapı verilmiş ve imkanlar ölçüsünde meradan yararlanılmıştır. Doğumlar 26.02.2022 – 08.04.2022 tarihleri arasında 41 günlük bir süre içerisinde tamamlanmıştır. Doğum sezonu sırasında ve laktasyon döneminde işletme şartları doğrultusunda verilen kesif yem miktarı koyun başına yaklaşık 800 grama kadar çıkarılmıştır. Ayrıca hayvan başına 2 kg'a kadar kuru yonca ve arpa sapı verilmiştir. Doğumdan sonra ana ve yavrular bireysel doğum bölmesine alınmış olup, tek doğan kuzular yaklaşık üç ve ikiz doğan kuzular beş gün süreyle anaları ile beraber doğum bölmesinde tutulmuşlardır. Bu aşamadan sonra ana ve kuzular kuzulu koyun bölmesine aktarılmıştır. Bu bölmede ilk doğumu takip eden 10 günlük süre içerisinde kuzular için süzek yemleme bölmeleri hazırlanmış ve 100 gramdan başlayarak ilerleyen dönemde süttten kesimde 500 grama kadar kesif yemle beslenmeleri sağlanmıştır. Ayrıca süzek yemleme bölmesinde kuzulara ad libitum kuru yonca hazır tutulmuştur. Yeni doğan kuzulara ilk sekiz saat içerisinde selenyum, A, D ve E vitaminlerini içeren solüsyonlar enjektabl olarak uygulanmış ve çalışma boyunca yalama taşı ve kovası kullanılarak vitamin ve mineral desteği yapılmıştır. Hayvanların önünde sürekli temiz ve taze su bulundurulmuştur. Kuzular ortalama 120 günlük yaşta tedricen süttten kesilmiştir.

2.2. Metot

2.2.1. Fenotipik Veriler

Doğumdan sonraki ilk sekiz saat içerisinde bir kulak küpesi takılarak kuzuların doğum ağırlıkları 10 grama hassas el kantarıyla alınmış ve doğum tipi, cinsiyet ve ana numarasıyla birlikte kaydedilmiştir. Ayrıca resmi küpeleme de gerçekleştirilmiştir. İlk doğan kuzu 60 günlük olduğunda beden ve ultrasonik karkas ölçümleri yapılmaya başlanmıştır. Kırk beş günlük fasılalarla alınan ara ölçümler yoluyla interpolasyon yöntemi (Gürtan, 1979) kullanılarak her kuzunun 60 ve 90. gün verileri tespit edilmiştir. Süttten kesim ölçüleri süttten kesim sırasında alınmıştır. Belirlenen fenotipik veriler 200 grama hassas bir kantar, ölçü şeridi (Kerbl), pergeli ve bastonu (Hauptner) yardımıyla tespit edilmiş olup, kuzuların canlı ağırlıkları, cidago yüksekliği (Cidago bölgesinin en yüksek noktasından yere kadar olan yükseklik), sağrı yüksekliği (Sağrı bölgesinin en yüksek noktasından yere kadar olan yükseklik), vücut uzunluğu [Omuz ucundan (Caput humeri), oturak yumrusuna (Tuber ischiadicum) kadar olan meyilli hattın uzunluğu], göğüs genişliği (Caput humeri'ler arası genişlik), sağrı genişliği (Tuber coxae'ler arası

genişlik), göğüs çevresi (Cidago, kürekler arkası ve göğüs kemiği hattından geçen dairesel çevrenin uzunluğu) ve incik çevresi (Metakarpus kemiğinin orta noktasının çevresi) ölçüleri belirlenmiştir (Resim 2.4, 2.5).



Resim 2.4: Kuzuda vücut uzunluğu (solda), cidago yüksekliği (ortada) ve sağrı yüksekliği (sağda) ölçümleri.



Resim 2.5: Kuzuda göğüs genişliği (sol üst), sağrı genişliği (sağ üst), incik çevresi (sol alt) ve göğüs çevresi (sağ alt) ölçümleri.

Ultrasonik karkas özelliklerini görselleştirmek için SIUI CTS – 800 taşınabilir ultrason cihazı ve 6,2 Mhz gücünde bir doğrusal sonda kullanılmıştır. Ölçüm yapılacak kuzunun sol 12 ve 13. kaburgasının üzerindeki yapağı önce makine ile kırılmıştır. Ardından tıraş bıçağı kullanılarak temizlenmiş ve bölgeye ultrason jeli uygulanarak, üzerine su dolu lateks eldiven yerleştirilip elde edilen görüntü ultrason cihazına kaydedilmiştir. Görüntüler ImageJ (Schneider vd., 2012) yazılımıyla incelenerek MLD alanı, derinliği ve deri altı yağ kalınlığı belirlenmiştir (Resim 2.6, 2.7).



Resim 2.6: Ultrasonik ölçümler için yapağının uzaklaştırılması (solda) ve ölçümün alınışı (sağda).



Resim 2.7: Ultrasonik ölçümlerinin ImageJ yazılımı ile MLD Alanı (solda), deri altı yağ kalınlığı (ortada) ve MLD derinliği (sağda) değerlendirilmesi.

2.2.2. Kan Örneklerinin Alınması ve DNA İzolasyonu

Sütten kesimin ardından kuzularda *Vena jugularis*'ten K₃EDTA'lı (Tripotasyum etilendiamintetraasetik asit) tüplere kan örnekleri alınarak -18°C'deki seyyar soğutucularla laboratuvara götürülene kadar muhafaza edilmiştir. Tüpler Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootekni Anabilim Dalı laboratuvarında -20°C'deki soğutucularda DNA izolasyonu yapılana kadar saklanmıştır. DNA izolasyonları Medikal Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı laboratuvarında Zymo Research Quick-DNA™ Miniprep (Katalog numarası: D3025) kiti kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Elde edilen DNA'ların miktar kontrolleri Qubit™ 1X dsDNA (çift sarmallı DNA, double-stranded DNA) Broad Range (BR) Assay kiti (Katalog numarası: Q32853) ile Qubit 2.0 Fluorometer (Thermo Scientific) cihazında yapılmıştır. Yine A260/280 ve A260/230 değerleri açısından kalite kontrolleri Thermo Scientific Multiskan GO mikropleyt okuyucu cihazı ile gerçekleştirilmiştir. Genotiplendirme için DNA örnekleri miniyonga (microarray) analizi gerçekleştirilene kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir.

2.2.3. Genotiplendirme

Bu amaçla 96 kuzuya ait DNA örnekleri Illumina OvineSNP50K çipi kullanılarak Refgen Biyoteknoloji laboratuvarlarında Illumina iScan cihazı ile genotiplendirilmiştir. Analiz sonuçları GenomeStudio 2.0 yazılımı (Illumina Inc., San Diego, CA, USA) kullanılarak görselleştirilmiş ve çıktı dosyaları elde edilerek 64734 adet SNP'e ait sonuçlara ulaşılmıştır. Bu SNP'lerden otozomal olmayan 1955 adeti çıkarılmış ve geriye kalan 62779 SNP içerisinde karşılık alınamayan (NoCall) SNP'lere yönelik atama (imputation) işlemi k en yakın komşu (k nearest neighbor, kNN) yöntemini kullanan ve Zootekni Anabilim Dalı Laboratuvarında geliştirilen EasyIMPUTE (Tekerli vd., 2023) yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Karşılık alınamayan SNP'lere yönelik atama işlemleri sonrasında minör allel frekansı 0,05'ten küçük olanlar ve Hardy-Weinberg (HW) oranı olasılık (p) değeri 0,0001'den küçük olanlar çıkarılmıştır (Kominakis vd., 2017). İzleyen genom boyu ilişkilendirme analizleri bu aşamalar sonrasında 26 çift otozomal kromozom üzerinde kalan toplam 49488 SNP'e ait veriler ile tamamlanmıştır.

2.2.4. İstatistik Analizler

İncelenen özellikler için farklı çevre faktörlerinin etkileri Minitab 18 (İnt. Kay. 19) yazılımından yararlanılarak bir istatistiksel model yardımıyla varyans analizi metodu ile belirlenmiştir. İncelenen özelliklerde araştırmanın materyalini oluşturan kuzular yönünden genotip faktörü modele eklendiğinde tüm analizlerde istatistiki olarak önemli bulunmadığı görülmüş ve modellerden çıkarılmıştır. Bu doğrultuda kullanılan istatistiksel modeller aşağıda sunulmuştur.

Doğum ağırlığı için;

$$Y_{ijkl} = \mu + DT_i + C_j + AYG_k + e_{ijkl}$$

60. gün ve 90. gün canlı ağırlığı, cidago yüksekliği, göğüs çevresi, incik çevresi, göğüs genişliği, sağrı genişliği, sağrı yüksekliği, vücut uzunluğu, MLD alanı, derinliği ve deri altı yağ kalınlığı için;

$$Y_{ijklm} = \mu + DT_i + C_j + AYG_k + DAG_l + e_{ijklm}$$

Sütten kesim ağırlığı için aynı özelliklerde;

$$Y_{ijklmn} = \mu + DT_i + C_j + AYG_k + DAG_l + SKYG_m + e_{ijklmn} \quad \text{modelleri kullanılmıştır.}$$

Modellerde Y = Gözlem Değerini, μ = Genel Ortalamayı, DT = Doğum Tipini, C = Cinsiyeti, AYG = Ana Yaşı Grubunu, DAG = Doğum Ağırlığı Grubunu, SKYG = Sütten Kesim Yaşı Grubunu ve e = Rastgele hatayı $N(0, \sigma^2)$ temsil etmektedir. Modellerin faktörlerini oluşturan doğum tipi; tek ve çoklu, cinsiyet; erkek ve dişi, ana yaşı; <1095 gün ve ≥ 1095 gün, doğum ağırlığı; $\leq 4,5$ kg ve $>4,5$ kg ve sütten kesim yaşı; ≤ 130 gün ve >130 gün şeklinde gruplara ayrılmıştır. Analizlerde modellerde yer alan faktörler arasında etkileşim (interaksiyon) olmadığı varsayılmıştır. İstatistiksel düzeyde önemli ($p < 0,05$) bulunan faktörler varyans bileşenlerini tahmin için yapılan analizlerde modele sabit etki olarak eklenmiştir. Söz konusu varyans bileşenleri REML (Restricted Maximum Likelihood) yöntemini kullanan WOMBAT (Meyer, 2022) yazılımı aracılığıyla birey modeli (animal model) yoluyla belirlenmiştir. Hesaplamalarda yararlanmak üzere akrabalık bilgisinin belirlenmesinde aynı yazılım tarafından sağlanan genomik ilişki matrisi kullanılmıştır. Bu hesaplamalarda kullanılan istatistiksel model; $Y = X\beta + Za + e$ şeklindedir. Modeldeki ifadelerden Y her özellik için gözlem değeri vektörü, X ve Z sabit

ve doğrudan eklemeli genetik etkilere ilişkin desen matrisleri ve β ve α sabit ve doğrudan eklemeli genetik etkiler vektörlerini göstermekte olup, e hata etkileri vektörünü ifade etmektedir. Analizler sonucunda tahmin edilen varyans bileşenleri Çizelge 2.1’de verilmiş olup GBIA için öncü (prior) olarak bu değerler kullanılmıştır.

Çizelge 2.1: Farklı dönemlerdeki özelliklere ait varyans bileşenleri.

Özellik	Doğum		60. gün		90. gün		Sütten Kesim	
	$\sigma_{\text{doğrudan}}^2$	σ_{hata}^2	$\sigma_{\text{doğrudan}}^2$	σ_{hata}^2	$\sigma_{\text{doğrudan}}^2$	σ_{hata}^2	$\sigma_{\text{doğrudan}}^2$	σ_{hata}^2
Canlı Ağırlık	0,238 ± 0,185	0,309 ± 0,146	0,896 ± 1,294	6,312 ± 1,339	2,873 ± 2,739	6,456 ± 2,299	7,719 ± 5,026	6,153 ± 3,817
Cidago Yüksekliği	-	-	0,238 ± 0,692	4,659 ± 0,842	1,539 ± 1,469	2,789 ± 1,196	1,446 ± 1,228	4,211 ± 1,110
Göğüs Çevresi	-	-	0,903 ± 1,815	12,633 ± 2,228	1,770 ± 2,734	12,775 ± 2,792	3,908 ± 4,259	9,914 ± 3,596
İncik Çevresi	-	-	0,022 ± 0,043	0,184 ± 0,043	0,063 ± 0,064	0,150 ± 0,054	0,058 ± 0,071	0,199 ± 0,063
Göğüs Genişliği	-	-	0,195 ± 0,319	1,054 ± 0,294	0,778 ± 0,559	0,609 ± 0,424	0,737 ± 0,534	0,846 ± 0,419
Sağrı Genişliği	-	-	0,144 ± 0,198	0,829 ± 0,194	0,275 ± 0,224	0,480 ± 0,184	0,471 ± 0,318	0,529 ± 0,249
Sağrı Yüksekliği	-	-	0,715 ± 0,905	4,298 ± 0,923	1,247 ± 1,270	3,564 ± 1,105	2,192 ± 1,464	3,611 ± 1,213
Vücut Uzunluğu	-	-	0,615 ± 1,164	5,941 ± 1,238	0,523 ± 1,153	6,014 ± 1,242	2,952 ± 2,628	4,971 ± 2,129
MLD Alanı	-	-	0,084 ± 0,145	0,822 ± 0,162	0,275 ± 0,291	0,704 ± 0,248	0,477 ± 0,352	0,651 ± 0,282
MLD Derinliği	-	-	0,007 ± 0,010	0,041 ± 0,010	0,030 ± 0,022	0,020 ± 0,016	0,031 ± 0,023	0,033 ± 0,018
Deri Altı Yağ Kalınlığı	-	-	0,001 ± 0,001	0,002 ± 0,001	0,001 ± 0,001	0,001 ± 0,001	0,001 ± 0,002	0,006 ± 0,002

Genom boyu ilişkilendirme analizi tek adımda genomik en iyi doğrusal yansız tahmin (ssGBLUP) metodu ile WOMBAT yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Meyer, 2022). İşleme alınan her SNP için regresyon katsayıları belirlenmiştir. Analizin çoklu bir test yapısında olması ve önemsiz olduğu halde bir SNP'nin önemli bulunma ihtimalinin ortaya çıkması (false positive) risklerini düşürmek amacıyla genom ve kromozom çapı önemlilik eşiklerinin belirlenmesinin yararlı olacağı ifade edilmektedir. Bu noktada literatürde (Gao vd., 2008; Gutierrez vd., 2015; Liu vd., 2017; Asif vd., 2021; Sahana vd., 2023; Onabanjo vd., 2024) Bonferroni düzeltmesi adı verilen bir yöntem kullanılmış olup, standart istatistiksel önem eşiğinin (0,05) analize tabi tutulan SNP sayısına bölünmesiyle genom çapında eşik değeri ve bulunan değer türdeki otozomal kromozom sayısı ile çarpılmasıyla kromozom çapında eşik değeri hesaplanmıştır. Bu çalışmada genom çapında önemlilik eşiği 0,05 önemlilik seviyesinin analize alınan SNP sayısına bölünmesi (0,05/49488) ile **p<0,000001** şeklinde ve kromozom çapındaki önemlilik eşiği ise 0,05 önemlilik değerinin analizdeki otozomal kromozom sayısı ile çarpılıp toplam SNP sayısına bölünmesiyle ((26x0,05)/49488) **p<0,000026** olarak hesaplanmıştır. Diğer eşik düzeylerine göre daha az hassas olan ancak potansiyel bir ilişkiyi işaret eden eşik değeri ise fikir verici (suggestive) olarak adlandırılmış ve düzeyi **p<0,0001** kabul edilmiştir. GBIA ile elde edilen sonuçlar R yazılım dilinin qqman paketi (Turner, 2014) kullanılarak Manhattan ve QQ (Nicel ve Nicel, Quantile-Quantile) plot grafikleri oluşturulmuştur. Manhattan grafiklerinde yatay eksen (x) genomik pozisyonları gösterirken dikey eksen (y) istatistiksel anlamlılık seviyesini ifade etmektedir. Bu amaçla **0,0001** (1×10^{-4}) olasılık düzeyi anlamlı eşik değer olarak belirlenmiş ve grafik üzerinde kırmızı bir çizgi ile gösterilmiştir. Mavi çizgi ile gösterilen **0,00001** (1×10^{-5}) olasılık düzeyi ise haplotip analizlerinde kullanılacak SNP'ler için çizilmiş eşik değeridir. Ayrıca gözlemlenen p-değerlerinin dağılımını beklenen dağılımla karşılaştırarak şişkinliği (inflation) veya yanlış pozitif (false positive) oranını değerlendirmeye yardımcı olan şişkinlik faktörü (inflation factor, lambda) $\lambda = \text{medyan}(\chi^2) / 0,456$ formülü Microsoft Excel (Microsoft Corporation) yazılımıyla hesaplanmıştır. Bu formülde bir serbestlik derecesinde her bir p değeri için karşılık gelen Ki-kare (χ^2) değerlerinin medyanının beklenen medyan test istatistiğine (0,456) bölünmesi ile sonuca ulaşılmaktadır (Hinrichs vd., 2009; Newman vd., 2010; Nguyen vd., 2018; Aslam vd., 2020; Vela-Avitúa vd., 2022; Sahana vd., 2023). Önemli SNP'lerin yakınında bulunan genleri tespit etmek amacıyla NCBI veri tabanında

Ovis aries derlemesinin (assembly) Oar_3.1 sürümü kullanılmıştır (İnt. Kay. 20: NCBI, 2024). Haplotip analizlerinde GBIA sonucunda olasılık (p) değeri 1×10^{-5} 'i aşan SNP'ler esas alınmıştır. Bu SNP'lerin 500 kilobaz (kb) sağında ve solunda yer alan SNP'ler belirlenerek Haploview 4.2 (Barrett vd., 2005) programının dört gamet (four-gamete) kuralı opsiyonu kullanılarak olası haplotipler tespit edilmiştir. Bu analizin gerçekleşmesi için söz konusu yazılımda HW olasılık değeri sınırı (cut-off) 0,001; asgari genotip (min genotype) %75 ve en düşük minör alel frekansı 0,001 alınmıştır. Görselleştirme aşamasında ilgili programın "Display" opsiyonunda BD (Bağlantı Dengesizliği, ing: Linkage Disequilibrium) renk şeması olarak dört gamet ve BD değerleri için de r^2 seçimi gerçekleştirilmiş ve bu durum şekiller halinde sunulmuştur.

3. BULGULAR

3.1. Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri

Farklı özellik ve dönemlere ilişkin en küçük kareler genel ortalamaları çizelgeler (Çizelge 3.1 – 3.2) halinde sunulmuştur.

3.1.1. Büyüme Özellikleri

Farklı dönemlerde canlı ağırlık ve beden ölçülerine ilişkin en küçük kareler genel ortalamaları Çizelge 3.1’de verilmiştir. Buna göre doğum, 60 ve 90. gün ile sütten kesim ağırlıklarına yönelik ortalamalar sırasıyla $4,640 \pm 0,068$; $15,221 \pm 0,247$; $20,503 \pm 0,279$ ve $27,355 \pm 0,342$ kg tespit edilmiştir. Son üç dönemde yapılan beden ölçümlerine ilişkin ortalamalar ise cidago yüksekliğinde sırasıyla $50,460 \pm 0,202$; $54,679 \pm 0,188$ ve $58,700 \pm 0,221$ cm; göğüs çevresinde $57,099 \pm 0,338$; $64,210 \pm 0,351$ ve $72,324 \pm 0,341$ cm ve incik çevresinde $6,641 \pm 0,041$; $7,089 \pm 0,042$ ve $7,582 \pm 0,047$ cm saptanmıştır. Bu değerler göğüs genişliğinde sırasıyla $13,452 \pm 0,098$; $15,018 \pm 0,098$ ve $16,949 \pm 0,114$ cm olarak belirlenirken, sağrı genişliği için $10,025 \pm 0,080$; $11,432 \pm 0,079$ ve $13,151 \pm 0,092$ cm bulunmuştur. Sağrı yüksekliğinde ise tespit edilen ortalamalar sırasıyla $50,790 \pm 0,205$; $54,968 \pm 0,199$ ve $59,049 \pm 0,227$ cm olmuştur. Son olarak vücut uzunluğunda bulunan sonuçlar ise yine sırasıyla $46,478 \pm 0,236$; $51,538 \pm 0,235$ ve $56,911 \pm 0,261$ cm olmuştur.

Çizelge 3.1: Melez Kuzularda Büyüme Özellikleri İçin En Küçük Kareler Genel Ortalamaları ($\mu \pm s_x$).

Özellikler	Doğum	60. gün	90. gün	Sütten Kesim
Canlı Ağırlık (kg)	$4,640 \pm 0,068$	$15,221 \pm 0,247$	$20,503 \pm 0,279$	$27,355 \pm 0,342$
Cidago Yüksekliği (cm)	-	$50,460 \pm 0,202$	$54,679 \pm 0,188$	$58,700 \pm 0,221$
Göğüs Çevresi (cm)	-	$57,099 \pm 0,338$	$64,210 \pm 0,351$	$72,324 \pm 0,341$
İncik Çevresi (cm)	-	$6,641 \pm 0,041$	$7,089 \pm 0,042$	$7,582 \pm 0,047$
Göğüs Genişliği (cm)	-	$13,452 \pm 0,098$	$15,018 \pm 0,098$	$16,949 \pm 0,114$
Sağrı Genişliği (cm)	-	$10,025 \pm 0,080$	$11,432 \pm 0,079$	$13,151 \pm 0,092$
Sağrı Yüksekliği (cm)	-	$50,790 \pm 0,205$	$54,968 \pm 0,199$	$59,049 \pm 0,227$
Vücut Uzunluğu (cm)	-	$46,478 \pm 0,236$	$51,538 \pm 0,235$	$56,911 \pm 0,261$

3.1.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri

Araştırmada farklı dönemlerde ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin en küçük kareler genel ortalamaları Çizelge 3.2’de verilmiştir. Buna göre 60 ve 90. gün ile süttten kesim MLD alanına yönelik ortalamalar sırasıyla $5,020 \pm 0,090$; $6,293 \pm 0,094$ ve $7,718 \pm 0,106$ cm^2 bulunmuştur. Bu değerler MLD derinliğinde sırasıyla $1,745 \pm 0,020$; $2,010 \pm 0,021$ ve $2,293 \pm 0,024$ cm tespit edilmiştir. Deri altı yağ kalınlığında ise en küçük kareler genel ortalamaları sırasıyla $0,395 \pm 0,005$; $0,423 \pm 0,004$ ve $0,432 \pm 0,008$ cm saptanmıştır.

Çizelge 3.2: Melez Kuzularda Ultrasonik Karkas Özellikleri İçin En Küçük Kareler Genel Ortalamaları ($\mu \pm s_x$).

Özellikler	60. gün	90. gün	Süttten Kesim
MLD Alanı (cm^2)	$5,020 \pm 0,090$	$6,293 \pm 0,094$	$7,718 \pm 0,106$
MLD Derinliği (cm)	$1,745 \pm 0,020$	$2,010 \pm 0,021$	$2,293 \pm 0,024$
Deri Altı Yağ Kalınlığı (cm)	$0,395 \pm 0,005$	$0,423 \pm 0,004$	$0,432 \pm 0,008$

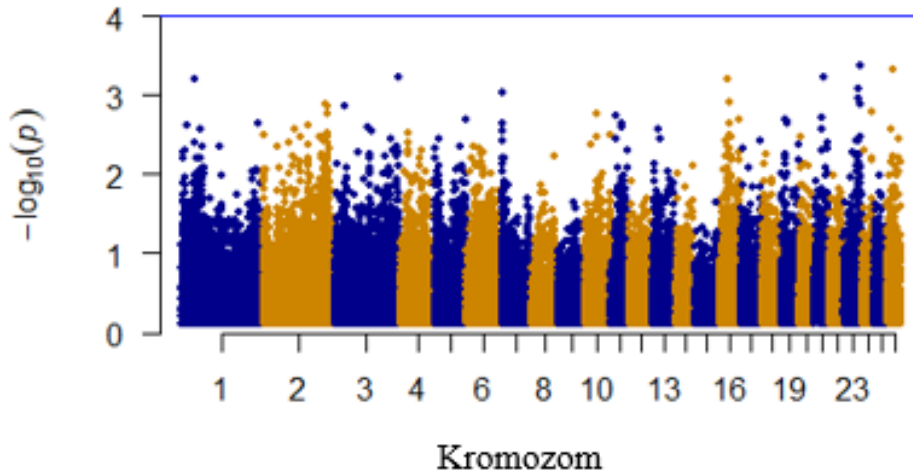
3.2. Genom Boyu İlişkilendirme Analizleri

Bu bölümde farklı dönemlerde elde edilen büyüme ve ultrasonik karkas özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri şekil ve çizelgeler halinde görselleştirilerek takdim edilmiştir.

3.2.1. Büyüme Özellikleri

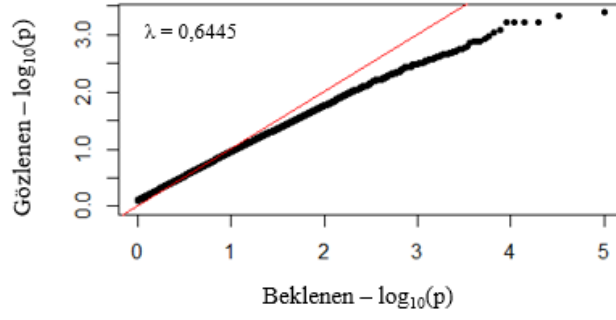
Genom boyu ilişki analizleri sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri doğum ağırlığı, 60. gün ağırlığı, 90. gün ağırlığı ve sütten kesim ağırlığı için şekillerde (3.1– 3.4) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,6445; 0,9255; 0,9404 ve 0,9293 tespit edilmiştir.

Doğum ağırlığına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.1) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçebilen SNP belirlenememiştir.



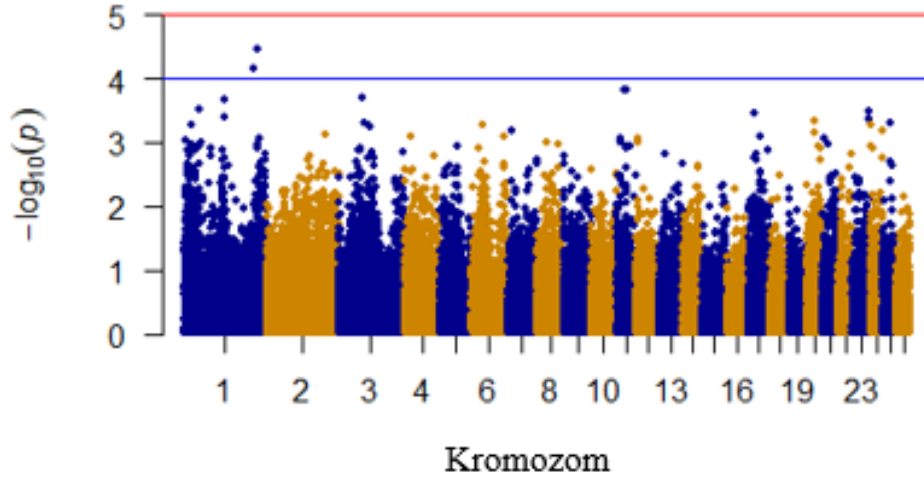
Şekil 3.1: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre doğum ağırlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.2'de sunulan ve doğum ağırlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerinden düşük ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



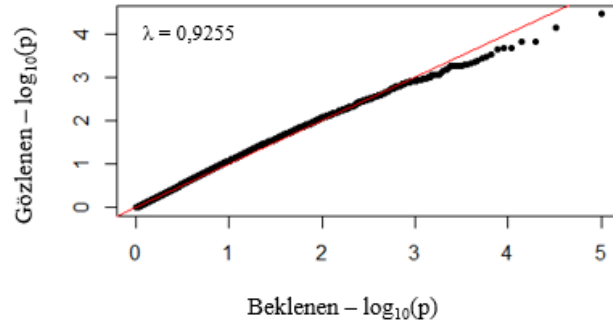
Şekil 3.2 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre doğum ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

60. gün ağırlığına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.3) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *iki SNP* tespit edilmiştir.



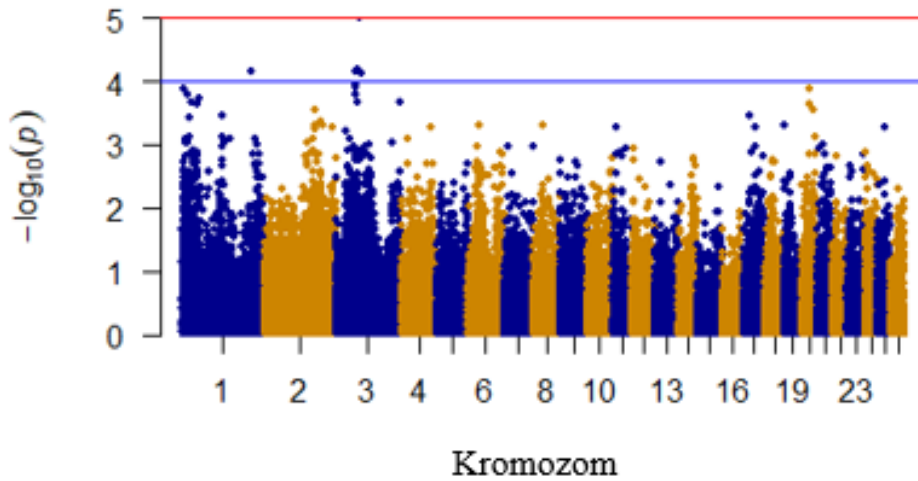
Şekil 3.3: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün ağırlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.4.'de sunulan ve 60. gün ağırlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



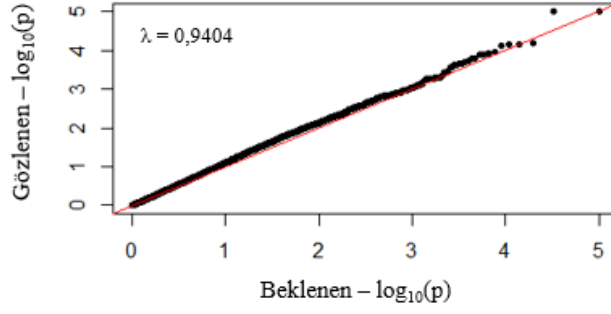
Şekil 3.4 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün ağırlığına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.5) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *altı* SNP tespit edilmiştir.



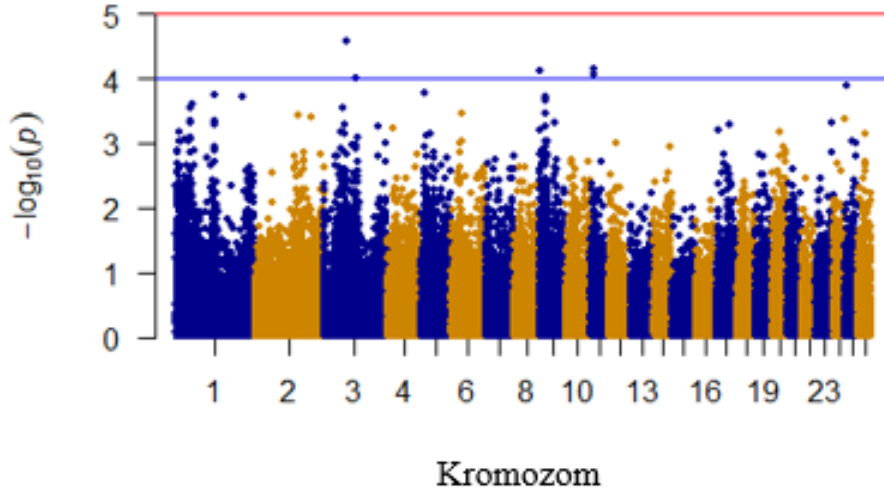
Şekil 3.5: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün ağırlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.6'da sunulan ve 90. gün ağırlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



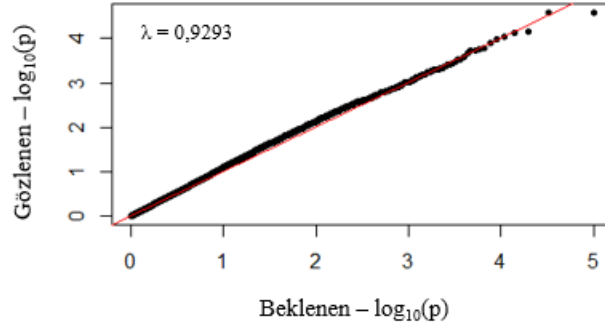
Şekil 3.6: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesim ağırlığına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.7) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *beş SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.7: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesim ağırlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.8’de sunulan ve sütten kesim ağırlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.8: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttan kesim ağırlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

Bu bilgiler ışığında farklı dönemlerde canlı ağırlık özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP'ler Çizelge 3.3'te sunulmuştur. Elde edilen sonuçlara göre doğum ağırlığında fikir verici düzeyde önemli bir SNP tespit edilememiştir.

60. gün ağırlığında ilmseq_rs407054688 ve OAR1_269524758.1 kodlu SNP'lerin fikir verici ($p < 0,0001$) düzeyde önemli oldukları saptanmıştır. Bu SNP'lerden ilmseq_rs407054688'in TMEM108 geninde intron üzerinde ve diğer bir SNP olan OAR1_269524758.1'in SOX14 geni referans alındığında yukarı akım yönünde olduğu belirlenmiştir.

90. gün ağırlığında s34488.1 ve OAR3_84330139.1 kodlu SNP'lerin kromozom çapında, ilmseq_rs407054688, OAR3_69191148.1, ilmseq_rs416816711 ve s09879.1 kodlu SNP'lerin ise fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,000026$, $p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden s34488.1 ve OAR3_84330139.1'in her ikisinin de CAMKMT geninde intron üzerinde oldukları saptanmıştır. Ilmseq_rs407054688'in ise TMEM108 genine ait bir intron bölgesinde, OAR3_69191148.1'in FANCL geni dayanak alındığında yukarı akım yönünde, ilmseq_rs416816711'in MSH6 genine göre yukarı akım yönünde ve s09879.1'in ise VIT geninde ekson üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Süttan kesim ağırlığında s34488.1 ve OAR3_84330139.1 kodlu SNP'lerin kromozom çapında, ilmseq_rs402260644, OAR11_9366015.1 ve OAR11_9907480.1 kodlu SNP'lerin ise fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,000026$, $p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden s34488.1 ve OAR3_84330139.1'in her ikisinin de CAMKMT

geninde intron üzerinde oldukları saptanmıştır. Ilmnseq_rs402260644'ün KCNQ5 genine göre yukarı akım yönünde, OAR11_9366015.1'in GDPD1 geni referans alındığında aşağı akım yönünde ve OAR11_9907480.1'in VMP1 geninde intron üzerinde olduğu belirlenmiştir.

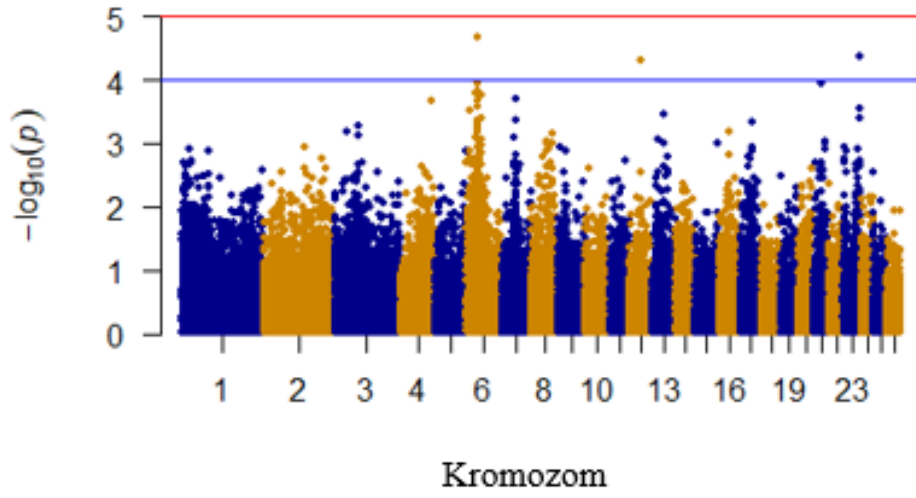
Bu arařtırmada canlı ağırlığın farklı dönemlerine ilişkin genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilememesi nedeniyle haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.3: Canlı ağırlığa yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün Ağırlığı	ilmnseq_rs407054688	1	25412977	[A/G]	0,000404036	0,00007033	TMEM108	intron
60. gün Ağırlığı	OAR1_269524758.1	1	24950866	[T/C]	0,0000834892	0,00003418	SOX14	yukarı akım yönünde
90. gün Ağırlığı	ilmnseq_rs407054688	1	25412977	[A/G]	0,00112242	0,00007141	TMEM108	intron
90. gün Ağırlığı	OAR3_69191148.1	3	65529806	[T/C]	-0,00114429	0,00006844	FANCL	yukarı akım yönünde
90. gün Ağırlığı	ilmnseq_rs416816711	3	76683760	[A/G]	-0,00110075	0,00006542	MSH6	yukarı akım yönünde
90. gün Ağırlığı	s34488.1	3	79746275	[A/G]	0,000842671	0,00001002	CAMKMT	intron
90. gün Ağırlığı	OAR3_84330139.1	3	79753657	[A/G]	-0,000842671	0,00001002	CAMKMT	intron
90. gün Ağırlığı	s09879.1	3	87154973	[T/C]	-0,00100828	0,00007609	VIT	ekson
Sütten Kesim Ağırlığı	s34488.1	3	79746275	[A/G]	0,00175804	0,0000258	CAMKMT	intron
Sütten Kesim Ağırlığı	OAR3_84330139.1	3	79753657	[A/G]	-0,00175804	0,0000258	CAMKMT	intron
Sütten Kesim Ağırlığı	ilmnseq_rs402260644	9	979189	[T/G]	-0,00224487	0,00007464	KCNQ5	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Ağırlığı	OAR11_9366015.1	11	9786914	[A/G]	0,00222922	0,0000889	GDPD1	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Ağırlığı	OAR11_9907480.1	11	10328372	[T/C]	-0,00279899	0,00007098	VMP1	intron

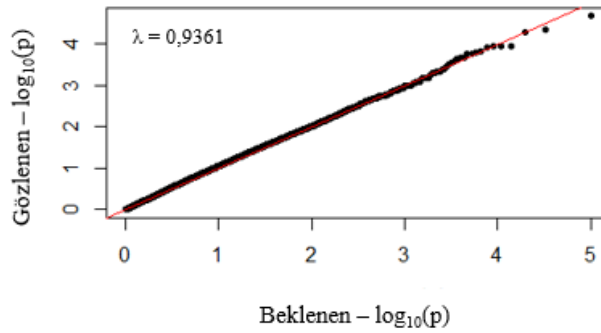
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve sütten kesim cidago yüksekliği için şekillerde (3.9 – 3.14) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9361; 0,8794 ve 0,9531 tespit edilmiştir.

60. gün cidago yüksekliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.9) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen üç SNP tespit edilmiştir.



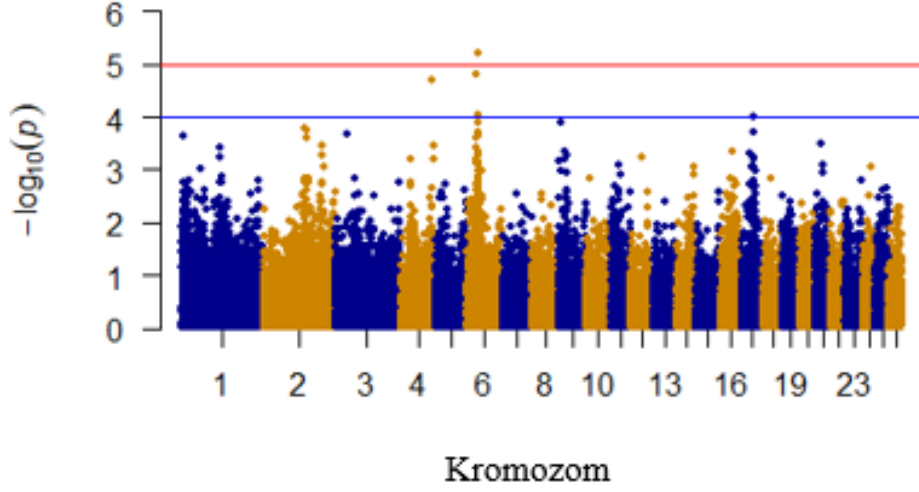
Şekil 3.9: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün cidago yüksekliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.10'da sunulan ve 60. gün cidago yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



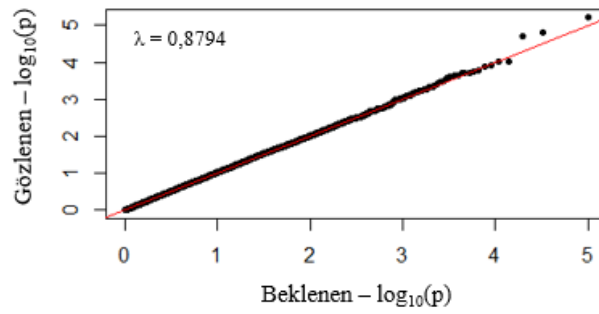
Şekil 3.10: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün cidago yüksekliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.11) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *dört* ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşik düzeyini aşan *bir SNP* tespit edilmiştir.



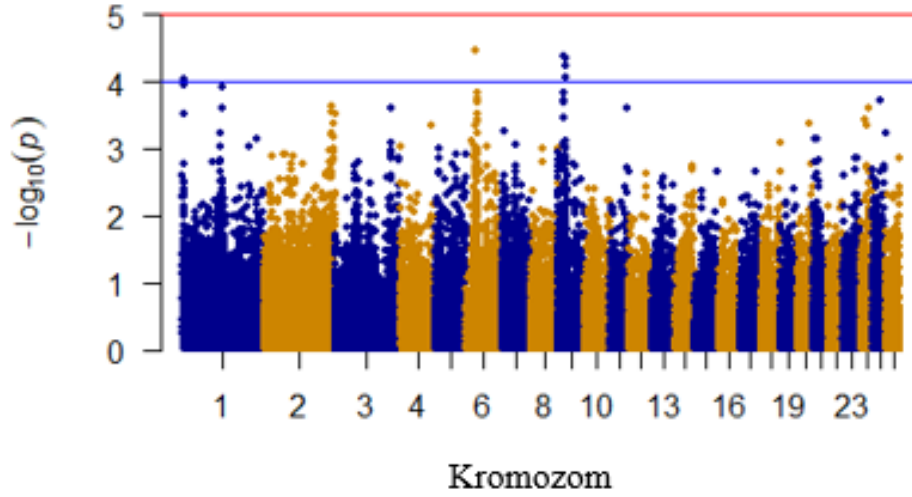
Şekil 3.11: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün cidago yüksekliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.12’de sunulan ve 90. gün cidago yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



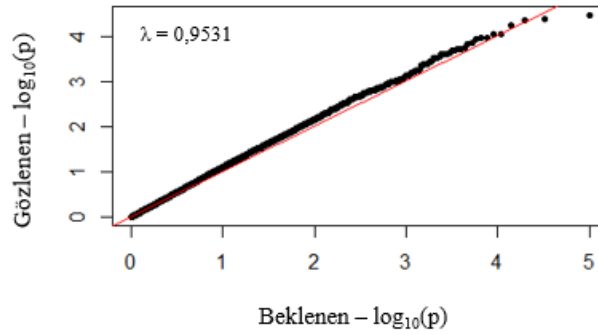
Şekil 3.12: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde cidago yüksekliğine yönelik Manhatten grafiği (Şekil 3.13) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *altı SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.13: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde cidago yüksekliği için Manhatten grafiği.

Şekil 3.14’te sunulan ve sütten kesim cidago yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.14: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde cidago yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki cidago yüksekliği özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP’ler Çizelge 3.4’te sunulmuştur.

60. gün cidago yüksekliğinde *OAR6_42447403.1* kodlu SNP'nin kromozom çapında önemli ($p<0,000026$), *OAR12_41703727.1* ve *s66267.1* SNP'lerinin ise fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR6_42447403.1*'in LOC101104580 geni dayanak alındığında yukarı akım yönünde, *OAR12_41703727.1*'in METTL13 ve *s66267.1*'in LOC101116529 genlerinde intron üzerinde oldukları saptanmıştır.

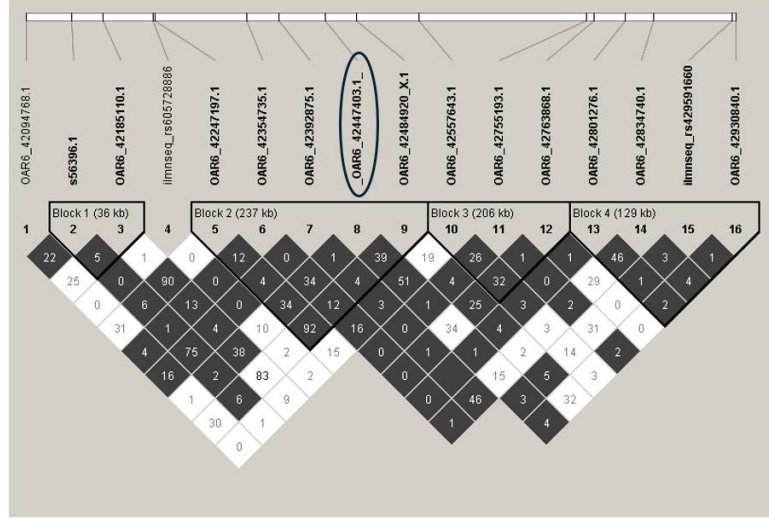
90. gün cidago yüksekliğinde *OAR4_114210622.1*, *OAR6_34825741.1* ve *OAR6_42447403.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında önemli ($p<0,000026$) ve *OAR6_36763067.1* ile *s03652.1*'in fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR4_114210622.1*'in LOC101118943 geni baz alınarak aşağı akım yönünde, *OAR6_34825741.1*'in GRID2 geninde intron üzerinde ve *OAR6_42447403.1*'in LOC101104580 geni dikkate alınarak yukarı akım yönünde olduğu saptanmıştır. Diğer bir SNP olan *OAR6_36763067.1*'in GRID2 genine göre yukarı akım yönünde ve *s03652.1*'in GLRB geninde intron üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Sütten kesimde cidago yüksekliğinde *s47644.1*, *OAR6_34825741.1*, *OAR9_26114366.1*, *OAR9_26960120.1*, *OAR9_26972939.1* ve *OAR9_27096145.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *s47644.1*'in ASB1 geni referans alındığında aşağı akım yönünde, *OAR6_34825741.1*'in GRID2 geninde intron üzerinde, *OAR9_26114366.1*'in LOC105612888 genine göre aşağı akım yönünde, *OAR9_26960120.1* ile *OAR9_26972939.1*'in LOC105612749 geni baz alındığında aşağı akım yönünde ve *OAR9_27096145.1*'in LOC105616005 geni dikkate alındığında yukarı akım yönünde olduğu saptanmıştır.

Çizelge 3.4: Cidago yüksekliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bç)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
60. gün Cidago Yüksekliği	OAR6_42447403.1	6	38180902	[T/G]	0,000112168	0,00002082	LOC101104580	yukarı akım yönünde
60. gün Cidago Yüksekliği	OAR12_41703727.1	12	37353150	[T/C]	0,000143111	0,00004996	METTL13	intron
60. gün Cidago Yüksekliği	s66267.1	23	58323579	[A/G]	0,000140862	0,00004351	LOC101116529	intron
90. gün Cidago Yüksekliği	OAR4_114210622.1	4	106808026	[A/G]	0,000464292	0,00002051	LOC101118943	aşağı akım yönünde
90. gün Cidago Yüksekliği	OAR6_34825741.1	6	30866774	[A/C]	-0,000782702	0,00001609	GRID2	intron
90. gün Cidago Yüksekliği	OAR6_36763067.1	6	32682035	[A/G]	-0,000871556	0,00009395	GRID2	yukarı akım yönünde
90. gün Cidago Yüksekliği	OAR6_42447403.1	6	38180902	[T/G]	0,000776476	0,0000062	LOC101104580	yukarı akım yönünde
90. gün Cidago Yüksekliği	s03652.1	17	41855593	[T/C]	0,000991507	0,0000964	GLRB	intron
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	s47644.1	1	2657803	[T/C]	0,00054471	0,00009119	ASB1	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	OAR6_34825741.1	6	30866774	[A/C]	-0,00062066	0,0000342	GRID2	intron
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	OAR9_26114366.1	9	25126958	[A/C]	0,000801949	0,00004207	LOC105612888	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	OAR9_26960120.1	9	25987176	[T/C]	0,000745557	0,00004473	LOC105612749	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	OAR9_26972939.1	9	26000009	[A/G]	-0,000734057	0,00005824	LOC105612749	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Cidago Yüksekliği	OAR9_27096145.1	9	26111518	[A/G]	-0,000655819	0,00008872	LOC105616005	yukarı akım yönünde

90. gün cidago yüksekliği için 1×10^{-5} olasılık eşiğini geçen OAR6_42447403.1 kodlu SNP'e yönelik haplotiplendirme yapılmış olup, haplotip grupları Şekil 3.15'te verilmiştir.



Şekil 3.15: 90. gün cidago yüksekliği için OAR6_42447403.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.

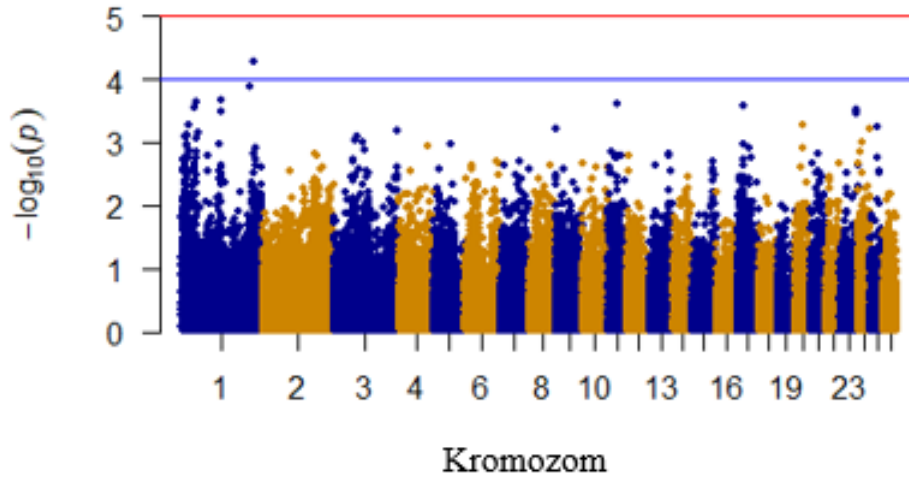
Buna göre OAR6_42447403.1 kodlu SNP etrafında bir BD bloğunun oluştuğu saptanmıştır. Bununla bulunduğu bloktaki OAR6_42247197.1 kodlu SNP arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 0,942; 9,940 ve 0,345 saptanmış olup, yine aynı SNP ile blokta bulunan OAR6_42354735.1 kodlu diğer bir SNP arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 0,907; 6,950 ve 0,349 bulunmuştur. Sözü geçen SNP ile OAR6_42392875.1 kodlu SNP arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 1,020 ve 0,018 olurken, OAR6_42484920_X.1 kodlu SNP için aynı değerler sırasıyla 1,000; 12,360 ve 0,398 bulunmuştur.

Çizelge 3.5: 90. gün cidago yüksekliği için OAR6_42447403.1 kodlu SNP'nin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D' , LOD ve r^2 değerleri.

Önemli SNP Kodu	Bloktaki SNP Kodu	D'	LOD	r^2
OAR6_42447403.1	OAR6_42247197.1	0,942	9,940	0,345
OAR6_42447403.1	OAR6_42354735.1	0,907	6,950	0,349
OAR6_42447403.1	OAR6_42392875.1	1,000	1,020	0,018
OAR6_42447403.1	OAR6_42484920_X.1	1,000	12,360	0,398

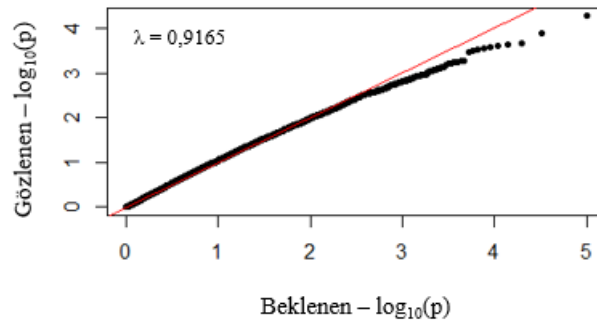
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve süten kesim göğüs çevresi için şekillerde (3.16–3.21) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9165; 0,8393 ve 0,8722 tespit edilmiştir.

60. gün göğüs çevresine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.16) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *bir SNP* tespit edilmiştir.



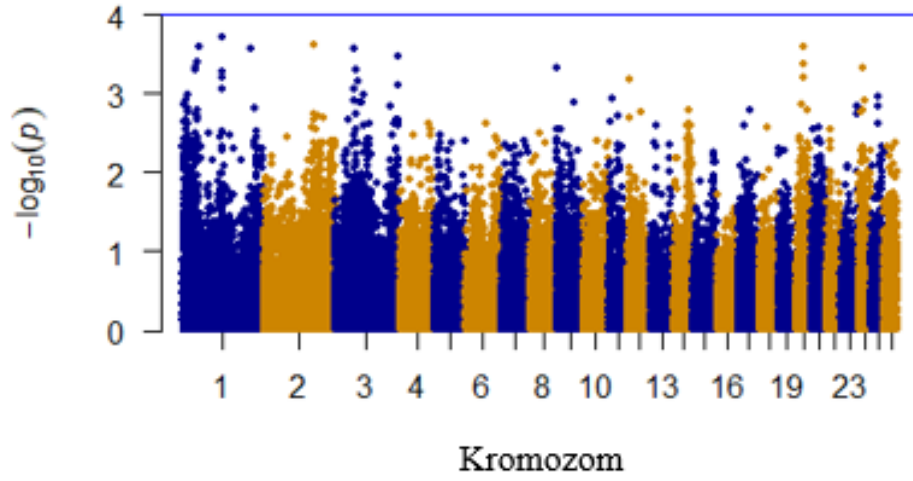
Şekil 3.16: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs çevresi için Manhattan grafiği.

Şekil 3.17’de sunulan ve 60. gün göğüs çevresine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerinden düşük ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



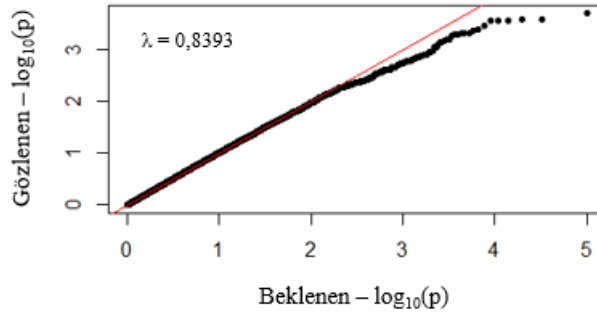
Şekil 3.17: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün göğüs çevresine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.18) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçebilen bir SNP tespit edilememiştir.



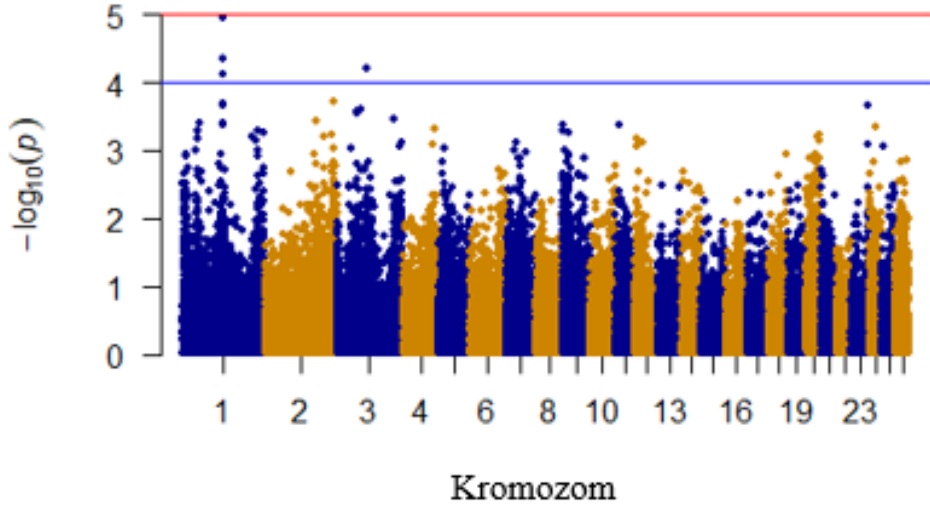
Şekil 3.18: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs çevresi için Manhattan grafiği.

Şekil 3.19’da sunulan ve 90. gün göğüs çevresine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerinden düşük ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



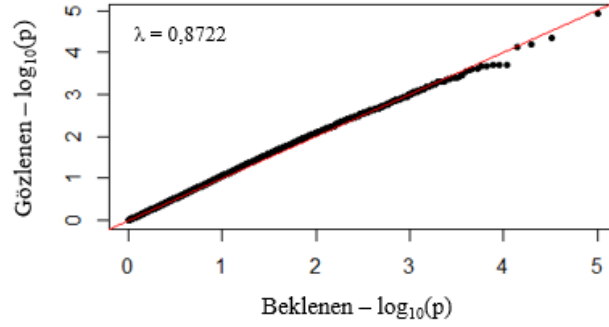
Şekil 3.19: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde göğüs çevresine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.20) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen dört SNP tespit edilmiştir.



Şekil 3.20: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs çevresi için Manhattan grafiği.

Şekil 3.21’de sunulan ve sütten kesim göğüs çevresine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.21: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde göğüs çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki göğüs çevresi özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP’ler Çizelge 3.6’da sunulmuştur.

60. gün göğüs çevresinde *OARI_269524758.1* kodlu SNP’nin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) olduğu ve *SOX14* geni referans alındığında yukarı akım yönünde bulunduğu saptanmıştır.

90. gün göğüs çevresine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda anlamlı ($p < 0,0001$) bir SNP tespit edilememiştir.

Sütten kesim göğüs çevresinde *OAR1_144103391.1* kodlu SNP'nin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) ve NCAM2 geni dikkate alındığında aşağı akım yönünde olduğu saptanmıştır. Bu özellik için *s28215.1*, *s16899.1* ve *s00122.1* SNP'lerinin ise fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiş olup, *s28215.1*'in NCAM2 genine göre aşağı akım yönünde, *s16899.1*'in ise bu gen dikkate alındığında yukarı akım yönünde ve *s00122.1* kodlu SNP'nin CNGA3 geninde ekson üzerinde olduğu saptanmıştır.

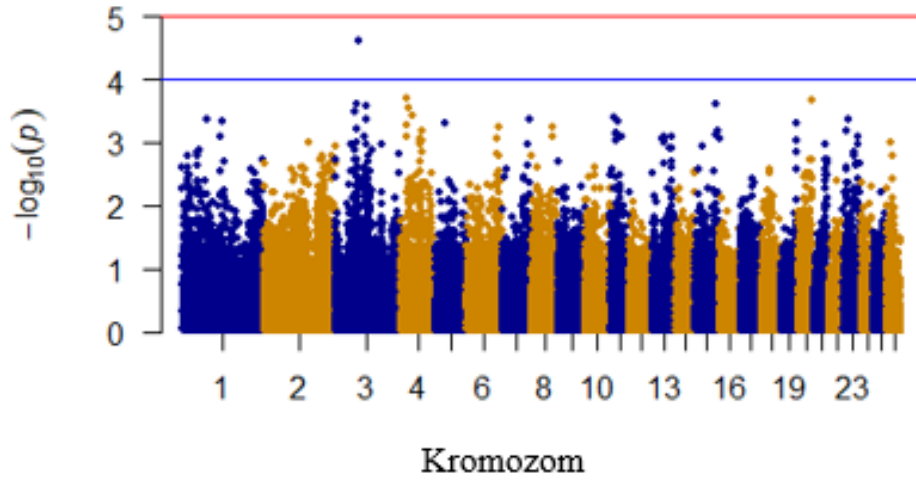
Bu araştırmada göğüs çevresi özelliğinde farklı dönemler için yapılan genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilemediği için haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.6: Göğüs çevresine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bç)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün Göğüs Çevresi	OAR1_269524758.1	1	249508660	[T/C]	-0,00025465	0,00005362	SOX14	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Çevresi	s28215.1	1	133177053	[T/C]	0,00150406	0,0000461	NCAM2	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Çevresi	OAR1_144103391.1	1	133193893	[T/C]	-0,00160925	0,00001162	NCAM2	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Çevresi	s16899.1	1	135153040	[T/C]	0,00134968	0,00007673	NCAM2	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Çevresi	s00122.1	3	102748734	[A/G]	0,00080112	0,00006416	CNGA3	ekson

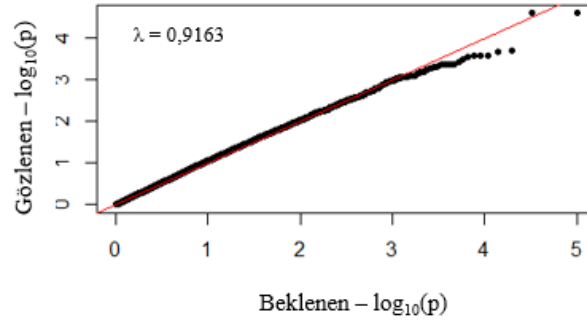
GBIA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) deęerleri kullanılarak oluřturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gn, 90. gn ve stten kesim incik evresi iin Őekillerde (3.22 – 3.27) sunulmuřtur. Yine aynı ozellikler iin Lambda (λ) deęerleri sırasıyla 0,9163; 0,9217 ve 0,8524 olmuřtur.

60. gn incik evresine ynelik Manhattan grafięi (Őekil 3.22) incelendięinde anlamlı eřik dzeyini ($p < 0,0001$) geen ancak Őekilde gsterilemeyecek kadar birbirine yakın *iki SNP* tespit edilmiřtir.



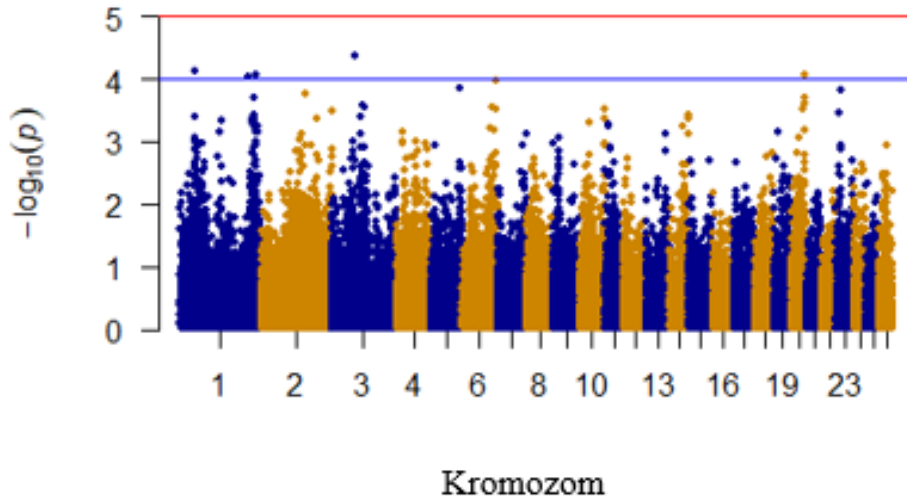
Őekil 3.22: Genom boyu iliřkilendirme analizi sonularına gre 60. gn incik evresi iin Manhattan grafięi.

Őekil 3.23'te sunulan ve 60. gn incik evresine ynelik olan QQ grafięi incelendięinde gzlenen olasılık deęerlerinin beklenen olasılık deęerlerine yakın benzerlikte ve lambda deęerinin birden kk olduęu saptanmıřtır.



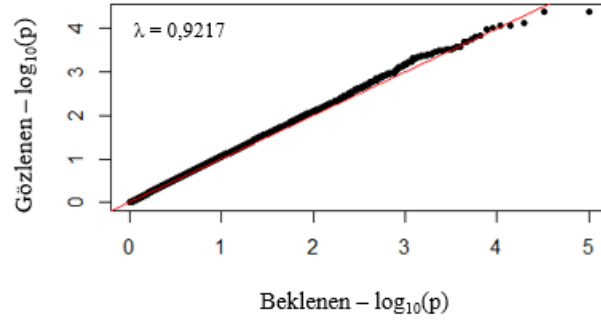
Şekil 3.23: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün incik çevresine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.24) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *altı* *SNP* tespit edilmiştir.



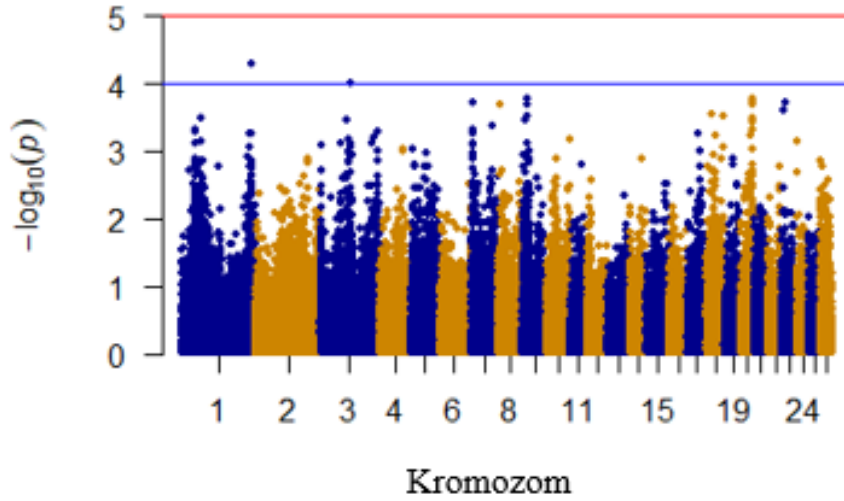
Şekil 3.24: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün incik çevresi için Manhattan grafiği.

Şekil 3.25'te sunulan ve 90. gün incik çevresine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



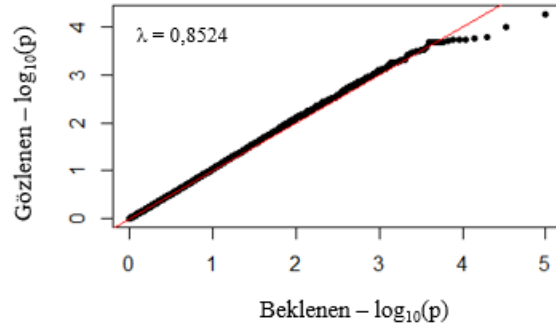
Şekil 3.25: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde incik çevresine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.26) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *bir SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.26: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde incik çevresi için Manhattan grafiği.

Şekil 3.27’de sunulan ve sütten kesim incik çevresine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.27: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttten kesimde incik çevresi için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki incik çevresi özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP'ler Çizelge 3.7'de sunulmuştur.

60. gün incik çevresinde *s34488.1* ve *OAR3_84330139.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) oldukları tespit edilmiş olup, ikisinin de CAMKMT geninde intron üzerinde bulunduğu saptanmıştır.

90. gün incik çevresinde *OAR1_53401053.1*, *ilmnseq_rs407054688*, *s34659.1*, *s34488.1*, *OAR3_84330139.1* ve *s54990.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR1_53401053.1*'in SLC44A5 geni referans alındığında yukarı akım yönünde, *ilmnseq_rs407054688*'in TMEM108 geninde intron üzerinde, *s34659.1*'in B3GALT5 genine göre yukarı akım yönünde, *s34488.1* ile *OAR3_84330139.1* kodlu SNP'lerin CAMKMT ve *s54990.1*'in LOC105603863 geninde intron üzerinde oldukları saptanmıştır.

Süttten kesimde incik çevresinde *s34659.1* kodlu SNP'nin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) olduğu belirlenmiş olup, B3GALT5 geni baz alındığında yukarı akım yönünde yerleştiği tespit edilmiştir.

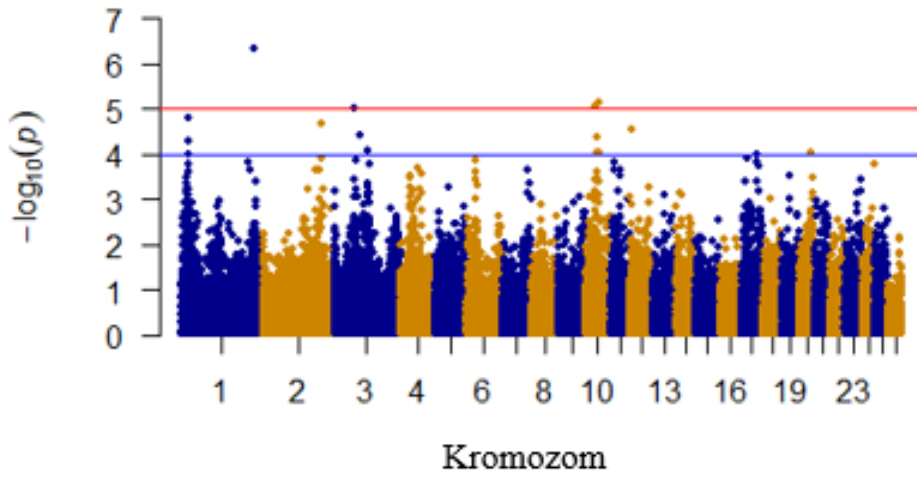
Bu araştırmada incik çevresi özelliğinde farklı dönemler için yapılan genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilemediği için haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.7: İncik çevresine yönelik Genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
60. gün İncik Çevresi	s34488.1	3	79746275	[A/G]	4,24615E-05	0,00002501	CAMKMT	intron
60. gün İncik Çevresi	OAR3_84330139.1	3	79753657	[A/G]	-4,24615E-05	0,00002501	CAMKMT	intron
90. gün İncik Çevresi	OAR1_53401053.1	1	51261221	[T/G]	-0,000103939	0,00007521	SLC44A5	yukarı akım yönünde
90. gün İncik Çevresi	ilmnseq_rs407054688	1	254129772	[A/G]	0,000158892	0,00009524	TMEM108	intron
90. gün İncik Çevresi	s34659.1	1	257807302	[A/G]	9,71663E-05	0,00008537	B3GALT5	yukarı akım yönünde
90. gün İncik Çevresi	s34488.1	3	79746275	[A/G]	0,000112431	0,00004193	CAMKMT	intron
90. gün İncik Çevresi	OAR3_84330139.1	3	79753657	[A/G]	-0,000112431	0,00004193	CAMKMT	intron
90. gün İncik Çevresi	s54990.1	20	42773908	[A/G]	0,000151065	0,00008637	LOC105603863	intron
Sütten Kesim İncik Çevresi	s34659.1	1	257807302	[A/G]	0,0000822873	0,00005239	B3GALT5	yukarı akım yönünde

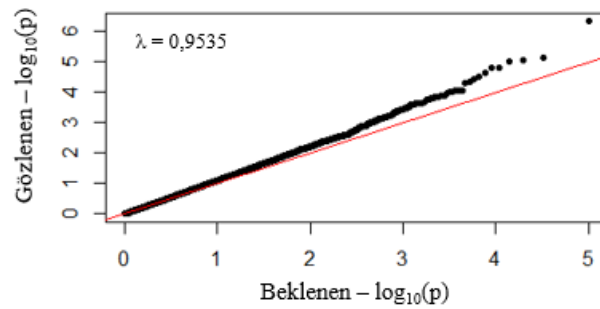
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve sütten kesim göğüs genişliği için şekillerde (3.28 – 3.33) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9535; 0,9353 ve 0,9227 tespit edilmiştir.

60. gün göğüs genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.28) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın 11 ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşik düzeyini aşan dört SNP tespit edilmiştir.



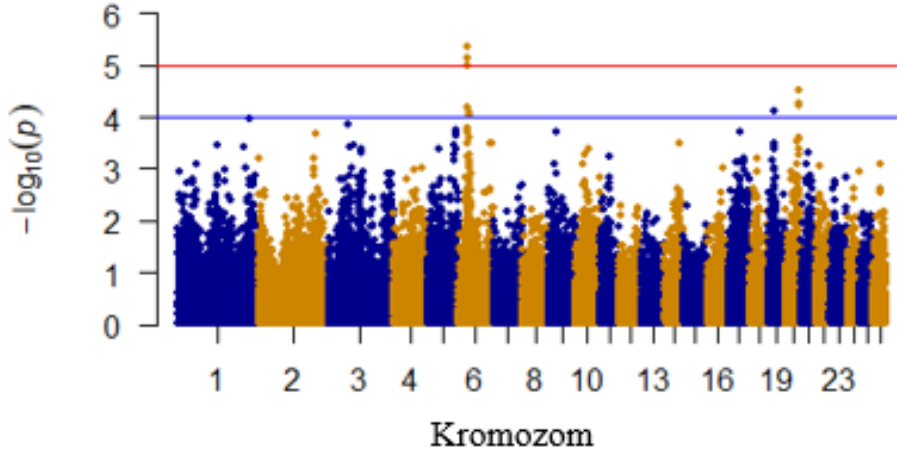
Şekil 3.28: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.29'da sunulan ve 60. gün göğüs genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



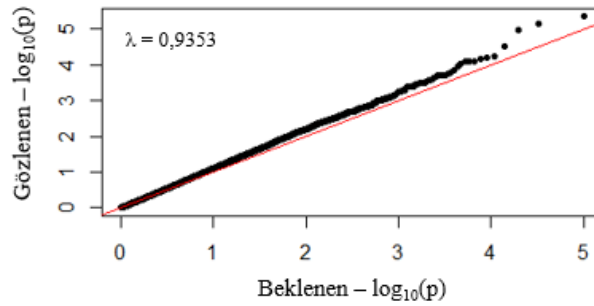
Şekil 3.29: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün göğüs genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.30) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *sekiz* ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşikini aşan *iki* SNP tespit edilmiştir.



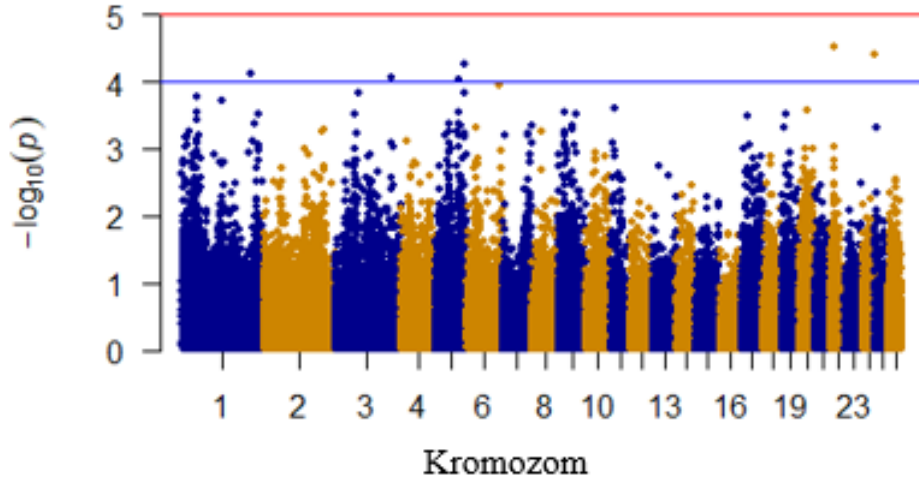
Şekil 3.30: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.31’de sunulan ve 90. gün göğüs genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



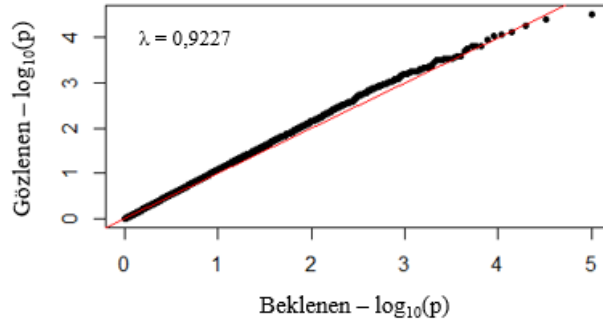
Şekil 3.31: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde göğüs genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.32) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *altı* SNP tespit edilmiştir.



Şekil 3.32: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttten kesimde göğüs genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.33'te sunulan ve süttten kesim göğüs genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.33: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttten kesimde göğüs genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki göğüs genişliği özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP'ler Çizelge 3.8'de sunulmuştur.

60. gün göğüs genişliğinde *OAR1_269524758.1* kodlu SNP genom çapında önemli ($p < 0,000001$) bulunmuş ve *SOX14* geni referans alındığında yukarı akım yönünde olduğu belirlenmiştir. Aynı özellik için *DU379505_529.1*, *OAR2_211824449.1*, *OAR3_71031752.1*, *s26969.1* ve *OAR10_47249054.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında ($p < 0,000026$) önemli olduğu ve *DU379505_529.1*'in *AGBL4* geninde intron üzerinde, *OAR2_211824449.1*'in *SATB2* geni baz alındığında aşağı akım yönünde, *OAR3_71031752.1*'in *CCDC85A* genine göre aşağı akım yönünde, *s26969.1*'in *FGF9* geni dayanak alındığında yukarı akım yönünde ve *OAR10_47249054.1*'in *DACH1* geninde intron üzerinde bulunduğu saptanmıştır. Bu özellikte *OAR1_24546509.1*, *OAR1_27215234.1*, *s09879.1*, *s38595.1*, *OAR10_40627671.1*, *OAR10_40940028.1*, *OAR10_50623231.1*, *OAR12_11997076.1* ve *OAR20_39471826.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerin geçiş sırasıyla *AGBL4* ve *LOC101116001* genleri dikkate alındığında yukarı akım yönlerinde, *VIT* geninde ekson üzerinde, *NAV3*, *PCDH9* ve yine *PCDH9* genlerinde intron üzerinde, *KLF12* ve *TRNAC-GCA* genlerine göre yukarı akım yönlerinde ve *CDKAL1* geninde intron üzerinde buldukları belirlenmiştir.

90. gün göğüs genişliğinde *OAR6_34825741.1*, *OAR6_36007702.1* ve *OAR6_36114096.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) oldukları saptanmış olup, üç SNP'nin de *GRID2* geninde intron üzerinde buldukları tespit edilmiştir. Yine bu özellikte *OAR6_33649083.1*, *ilmnseq_rs159957781*, *OAR6_37206417.1*, *OAR19_22671203.1*, *s54990.1*, *OAR20_47144540.1* ve *OAR20_48241017.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları saptanmıştır. Bu SNP'lerin en yakın oldukları gene göre yerleşim yeri sırasıyla *PDLIM5* geni referans alındığında aşağı akım yönünde, *FAM184B*, *CCSER1*, *ITPR1*, *LOC105603863* ve *LOC105603865* genlerinde intron üzerinde ve *MAK* geni baz alındığında yukarı akım yönünde oldukları belirlenmiştir.

Sütten kesimde göğüs genişliğinde *ilmnseq_rs407054688*, *ilmnseq_rs403637305*, *OAR5_82651741.1*, *OAR5_107175412.1*, *OAR22_15254665.1* ve *s01323.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerin ilgili gene göre yerleşim yeri dikkate alındığında sırasıyla *TMEM108* geninde intron, *LOC105608615* geninde ekson ve *LOC105606744* geninde intron üzerinde,

SLCO4C1 geni baz alındığında aŐađı akım y6n6nde, PPP1R3C geni dikkate alındığında yukarı akım y6n6nde ve FOXK1 geninde yine intron 6zerinde buldukları saptanmıŐtır.

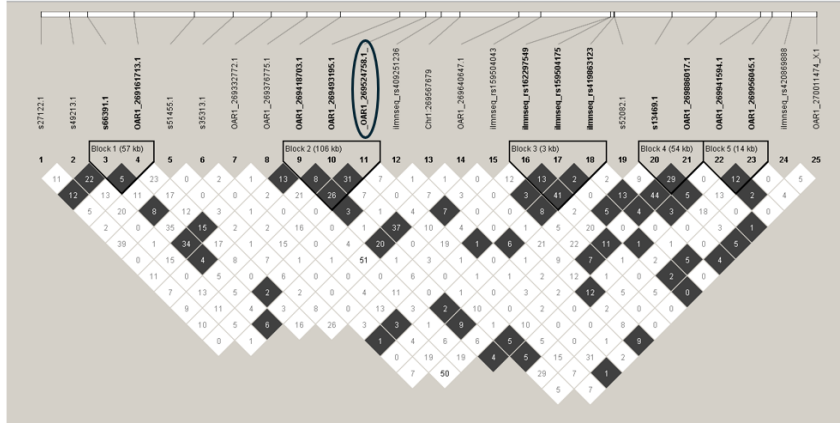
Çizelge 3.8: Göğüs genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
60. gün Göğüs Genişliği	DU379505_529.1	1	23952498	[T/G]	-0,000243553	0,00001596	AGBL4	intron
60. gün Göğüs Genişliği	OAR1_24546509.1	1	24332025	[T/G]	0,000221288	0,00009856	AGBL4	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR1_27215234.1	1	26901948	[A/G]	0,000227948	0,00004995	LOC101116001	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR1_269524758.1	1	249508660	[T/C]	-0,000217957	0,00000046	SOX14	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR2_211824449.1	2	200095669	[T/C]	-0,000132368	0,0000217	SATB2	aşağı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR3_71031752.1	3	67193601	[T/C]	0,000190995	0,00000951	CCDC85A	aşağı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	s09879.1	3	87154973	[T/C]	-0,000196707	0,00003722	VIT	ekson
60. gün Göğüs Genişliği	s38595.1	3	113976051	[A/G]	0,000125696	0,00008611	NAV3	intron
60. gün Göğüs Genişliği	s26969.1	10	35628813	[T/C]	-0,000233972	0,00000872	FGF9	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR10_40627671.1	10	39816919	[T/C]	0,000158449	0,00009067	PCDH9	intron
60. gün Göğüs Genişliği	OAR10_40940028.1	10	40149974	[T/G]	-0,000218617	0,00004257	PCDH9	intron
60. gün Göğüs Genişliği	OAR10_47249054.1	10	46573078	[A/G]	-0,000233272	0,00000717	DACH1	intron
60. gün Göğüs Genişliği	OAR10_50623231.1	10	49755696	[A/G]	-0,00019897	0,00009137	KLF12	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR12_11997076.1	12	9704706	[T/C]	0,000171039	0,00002936	TRNAC-GCA	yukarı akım yönünde
60. gün Göğüs Genişliği	OAR20_39471826.1	20	36028562	[A/G]	0,000180901	0,00009516	CDKAL1	intron

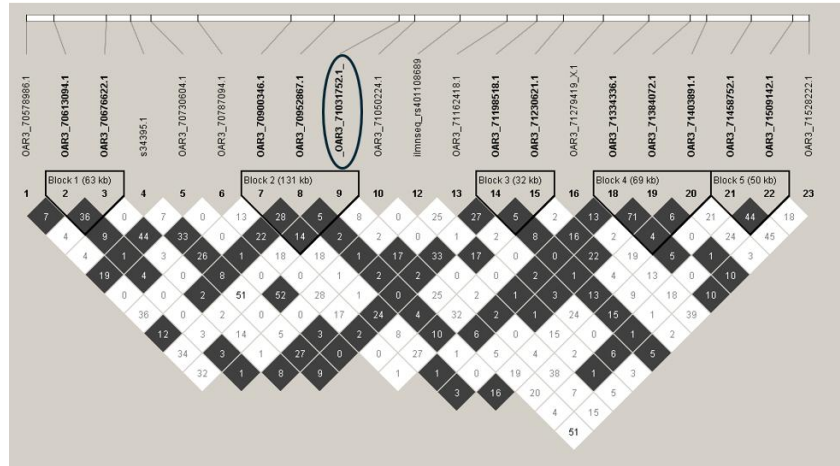
Çizelge 3.8 (devam): Göğüs genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
90. gün Göğüs Genişliği	OAR6_33649083.1	6	29809690	[T/C]	-0,000688028	0,00006742	PDLIM5	aşağı akım yönünde
90. gün Göğüs Genişliği	OAR6_34825741.1	6	30866774	[A/C]	-0,000720386	0,00000716	GRID2	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR6_36007702.1	6	31988391	[T/C]	0,000733418	0,00001076	GRID2	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR6_36114096.1	6	32086666	[A/G]	-0,000780405	0,0000044	GRID2	intron
90. gün Göğüs Genişliği	ilmnseq_rs159957781	6	37138949	[G/C]	-0,000640964	0,00009531	FAM184B	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR6_37206417.1	6	33219065	[A/G]	0,000666198	0,00008265	CCSER1	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR19_22671203.1	19	21575640	[A/G]	-0,000803262	0,00007668	ITPR1	intron
90. gün Göğüs Genişliği	s54990.1	20	42773908	[A/G]	0,000746646	0,00005714	LOC105603863	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR20_47144540.1	20	43429085	[A/G]	-0,00085733	0,00003037	LOC105603865	intron
90. gün Göğüs Genişliği	OAR20_48241017.1	20	44319991	[A/G]	0,000752052	0,00006269	MAK	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	ilmnseq_rs407054688	1	254129772	[A/G]	0,000687619	0,0000745	TMEM108	intron
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	ilmnseq_rs403637305	3	206810193	[A/C]	0,000364017	0,00008628	LOC105608615	ekson
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	OAR5_82651741.1	5	75066775	[T/C]	0,000663468	0,00009323	LOC105606744	intron
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	OAR5_107175412.1	5	98388115	[T/C]	-0,000621438	0,00005316	SLCO4C1	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	OAR22_15254665.1	22	12993509	[T/C]	-0,000557015	0,00002966	PPP1R3C	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Göğüs Genişliği	s01323.1	24	39101148	[T/C]	-0,000630575	0,00003962	FOXK1	intron

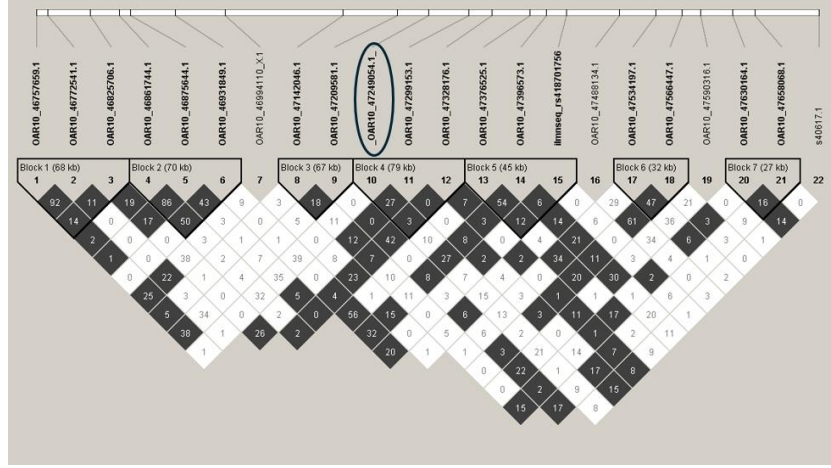
60. gün göğüs genişliği için 1×10^{-5} olasılık eşikini geçen SNP'lere yönelik haplotiplendirme yapılmış olup, haplotip grupları Şekil 3.34 – 3.37’de verilmiştir.



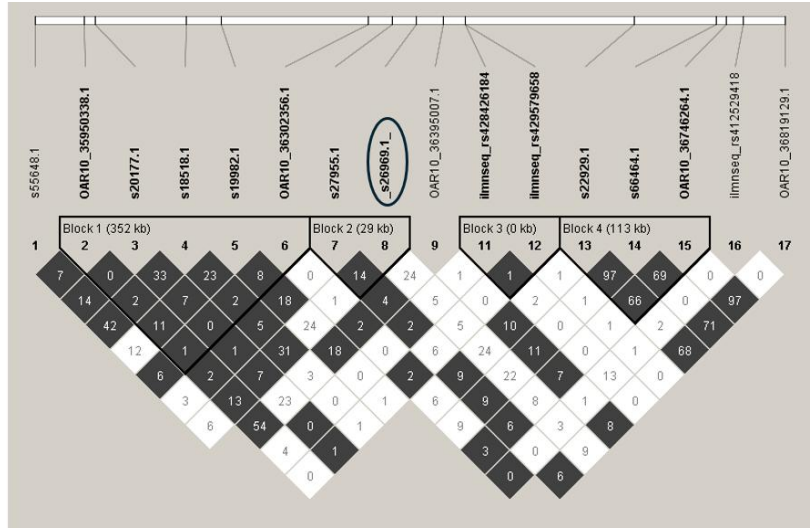
Şekil 3.34: 60. gün göğüs genişliği için OAR1_269524758.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.



Şekil 3.35: 60. gün göğüs genişliği için OAR3_71031752.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.



Şekil 3.36: 60. gün göğüs genişliği için OAR10_47249054.1 kodlu SNP'nin haplotype görüntüsü.



Şekil 3.37: 60. gün göğüs genişliği için s26969.1 kodlu SNP'nin haplotype görüntüsü.

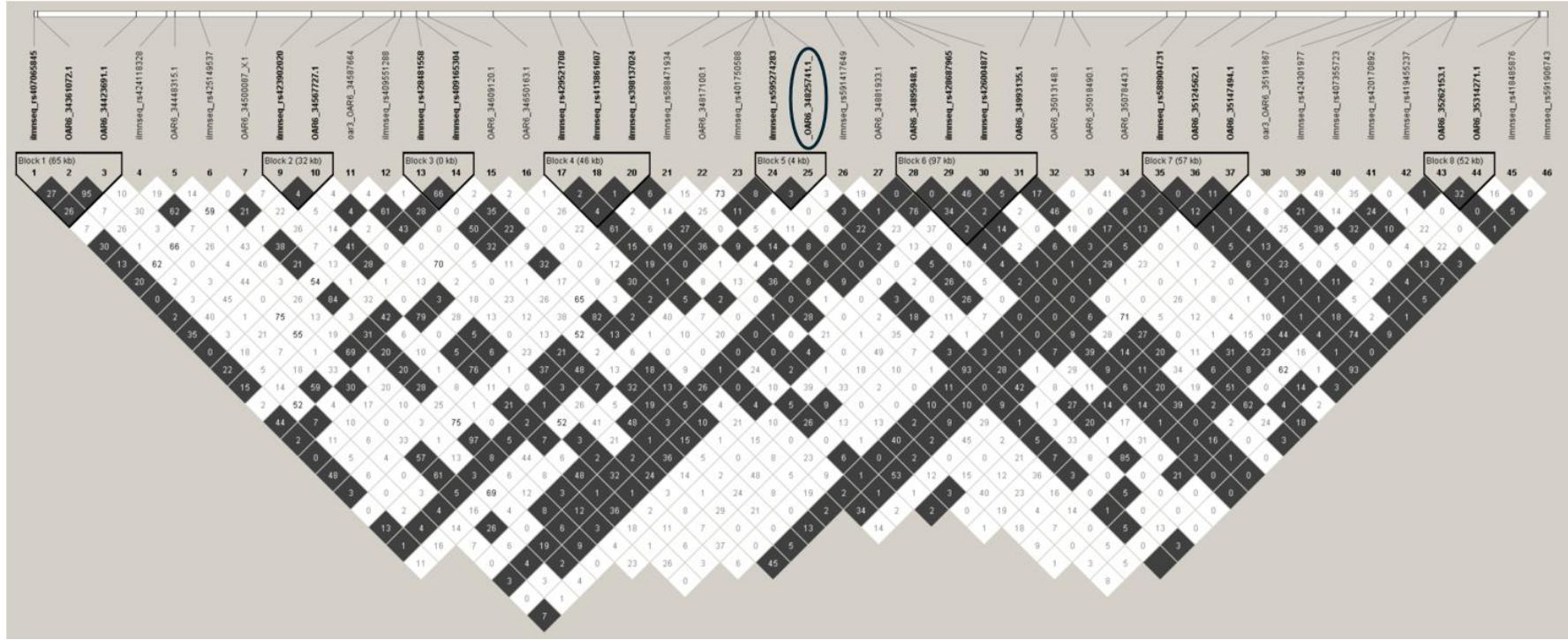
Buna göre *OAR1_269524758.1*, *OAR3_71031752.1*, *OAR10_47249054.1* ve *s26969.1* kodlu SNP'ler etrafında BD bloklarının oluştuğu belirlenmiştir. Şekil 3.34'te sunulan ve birinci kromozomda yer alan *OAR1_269524758.1* kodlu SNP ikinci blokta *OAR1_269418703.1* ve *OAR1_269493195.1* ile birlikte. Belirlenen SNP ile diğer ikisi arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 5,410; 0,263 ve 1,000; 7,610; 0,314 tespit edilmiştir. Şekil 3.35'te sunulan ve üçüncü kromozomda yer alan SNP *OAR3_71031752.1*'in bulunduğu ikinci blokta *OAR3_70900346.1* kodlu SNP ile arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 0,887; 3,21 ve 0,147 saptanmış olup, yine aynı

SNP ile blokta bulunan *OAR3_70952867.1* kodlu diğer SNP arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1; 1,47 ve 0,053 olarak saptanmıştır. Şekil 3.36'da sunulan ve 10. kromozomda yer alan SNP *OAR10_47249054.1*'in bulunduğu dördüncü blokta *OAR10_47299153.1* kodlu SNP ile arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 0,931; 7,47 ve 0,276 saptanmış olup, yine aynı SNP ile dördüncü blokta bulunan *OAR10_47328176.1* kodlu diğer SNP arasında bu değerler sırasıyla 1; 0,73 ve 0,039 olarak bulunmuştur. Şekil 3.37'de sunulan ve yine onuncu kromozomda yer alan SNP *s26969.1*'in bulunduğu ikinci blokta *s27955.1* kodlu SNP ile arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1; 5,61 ve 0,146 tespit edilmiştir.

Çizelge 3.9: 60. gün göğüs genişliği için *OAR1_269524758.1*, *OAR3_71031752.1*, *OAR10_47249054.1* ve *s26969.1* kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D' , LOD ve r^2 değerleri.

Önemli SNP Kodu	Bloktaki SNP Kodu	Blok	D'	LOD	r^2
<i>OAR1_269524758.1</i>	<i>OAR1_269418703.1</i>	2	1,000	5,410	0,263
<i>OAR1_269524758.1</i>	<i>OAR1_269493195.1</i>	2	1,000	7,610	0,314
<i>OAR3_71031752.1</i>	<i>OAR3_70900346.1</i>	2	0,887	3,210	0,147
<i>OAR3_71031752.1</i>	<i>OAR3_70952867.1</i>	2	1,000	1,470	0,053
<i>OAR10_47249054.1</i>	<i>OAR10_47299153.1</i>	4	0,931	7,470	0,276
<i>OAR10_47249054.1</i>	<i>OAR10_47328176.1</i>	4	1,000	0,730	0,039
<i>s26969.1</i>	<i>s27955.1</i>	2	1,000	5,610	0,146

90. gün göğüs genişliği için 1×10^{-5} olasılık eşiğini geçen SNP'lere yönelik haplotiplendirme yapılmış olup, haplotip grupları Şekil 3.38 ve 3.39'da verilmiştir.



Şekil 3.38: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_34825741.1 kodlu SNP'nin haplotype görüntüsü.



Şekil 3.39: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_36114096.1 kodlu SNP'nin haploview görüntüsü.

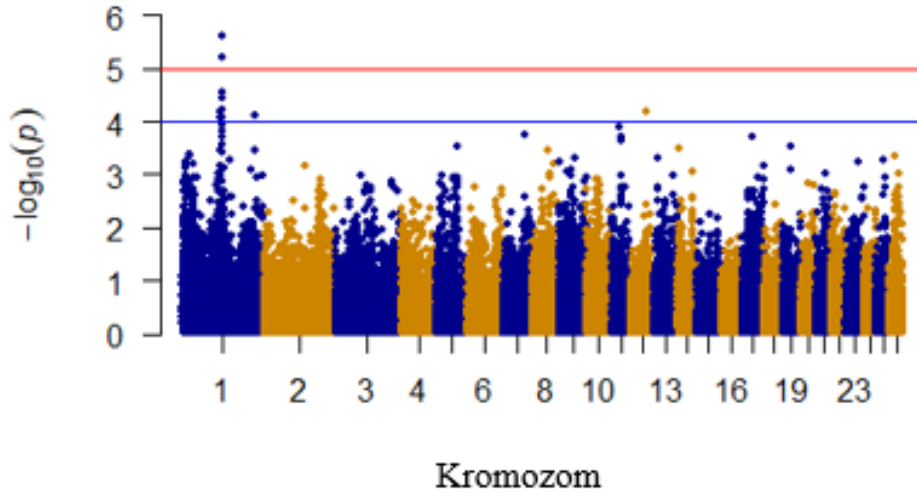
Buna göre OAR6_34825741.1 ve OAR6_36114096.1 kodlu SNP'ler etrafında BD bloklarının olduğu saptanmıştır. Şekil 3.38'de sunulan ve altıncı kromozomda yer alan OAR6_34825741.1 bulunduğu beşinci blokta ilmnseq_rs595274283 kodlu SNP ile D', LOD ve r^2 bakımından sırasıyla 1,000; 0,820 ve 0,034 değerlerini verdiği belirlenmiştir. Şekil 3.39'da sunulan ve aynı kromozomda yer alan OAR6_36114096.1'in bulunduğu altıncı blokta OAR6_36007702.1 kodlu SNP ile arasında aynı değerler 1,000; 23,160 ve 0,765 ve OAR6_36061439.1 kodlu SNP ile arasında bu değerler 1,000; 8,610 ve 0,317 olmuştur.

Çizelge 3.10: 90. gün göğüs genişliği için OAR6_34825741.1 ve OAR6_36114096.1 kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r^2 değerleri.

Önemli SNP Kodu	Bloktaki SNP Kodu	Blok	D'	LOD	r^2
OAR6_34825741.1	ilmnseq_rs595274283	5	1,000	0,820	0,034
OAR6_36114096.1	OAR6_36007702.1	6	1,000	23,160	0,765
OAR6_36114096.1	OAR6_36061439.1	6	1,000	8,610	0,317

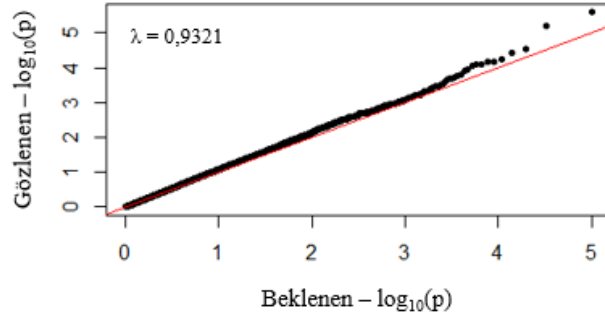
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve sütten kesim sağrı genişliği için şekillerde (3.40 – 3.45) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9321; 0,9180 ve 0,9227 tespit edilmiştir.

60. gün sağrı genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.40) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *sekiz* ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşik düzeyini aşan *iki* SNP tespit edilmiştir.



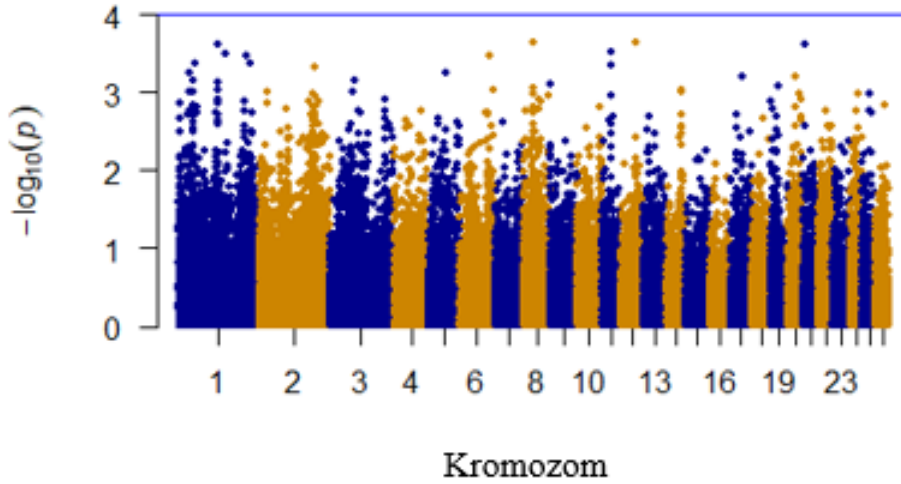
Şekil 3.40: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.41'de sunulan ve 60. gün sağrı genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



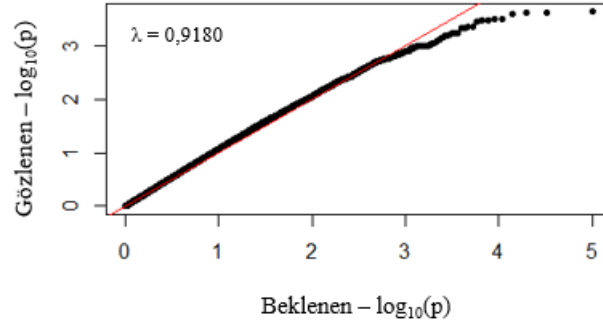
Şekil 3.41: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün sağrı genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.42) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçebilen bir SNP tespit edilememiştir.



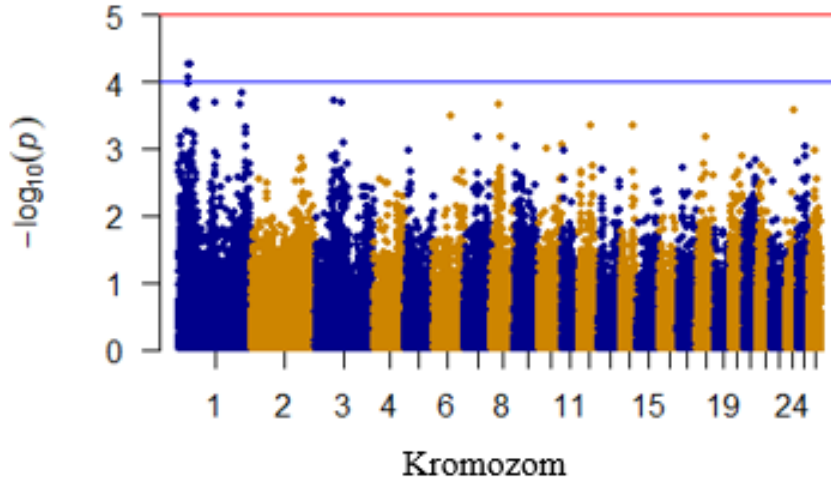
Şekil 3.42: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.43'te sunulan ve 90. gün sağrı genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



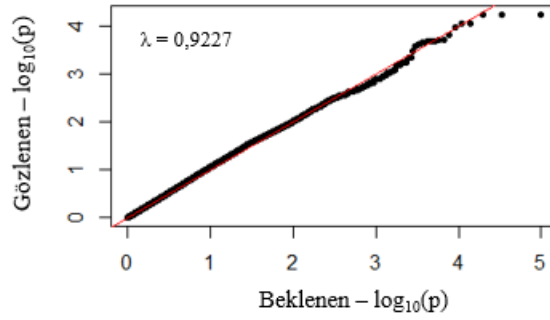
Şekil 3.43: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde sağrı genişliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.44) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *beş SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.44: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı genişliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.45'te sunulan ve sütten kesimde sağrı genişliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.45: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı genişliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki sağrı genişliği özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP'ler Çizelge 3.11'de sunulmuştur.

60. gün sağrı genişliğinde *s28215.1* ve *OARI_144103391.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) olduğu ve bunların NCAM2 geni referans alındığında aşağı akım yönünde olduğu saptanmıştır. Aynı özellikte *s12152.1*, *OARI_139235849.1*, *OARI_143773497.1*, *OARI_144094845.1*, *OARI_144435208.1*, *OARI_144742152.1*, *OARI_269524758.1* ve *OARI2_56663780.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bunlardan *s12152.1*'in BACH1 genine göre aşağı akım yönünde, *OARI_139235849.1*'in APP geninde intron üzerinde, *OARI_143773497.1*, *OARI_144094845.1* ve *OARI_144435208.1*'in NCAM2 geni referans alındığında aşağı akım yönünde ve *OARI_144742152.1*'in aynı gende intronda, *OARI_269524758.1*'in SOX14 geni dikkate alındığında yukarı akım yönünde ve *OARI2_56663780.1*'in LOC105616544 geninde intron üzerinde bulunmuştur.

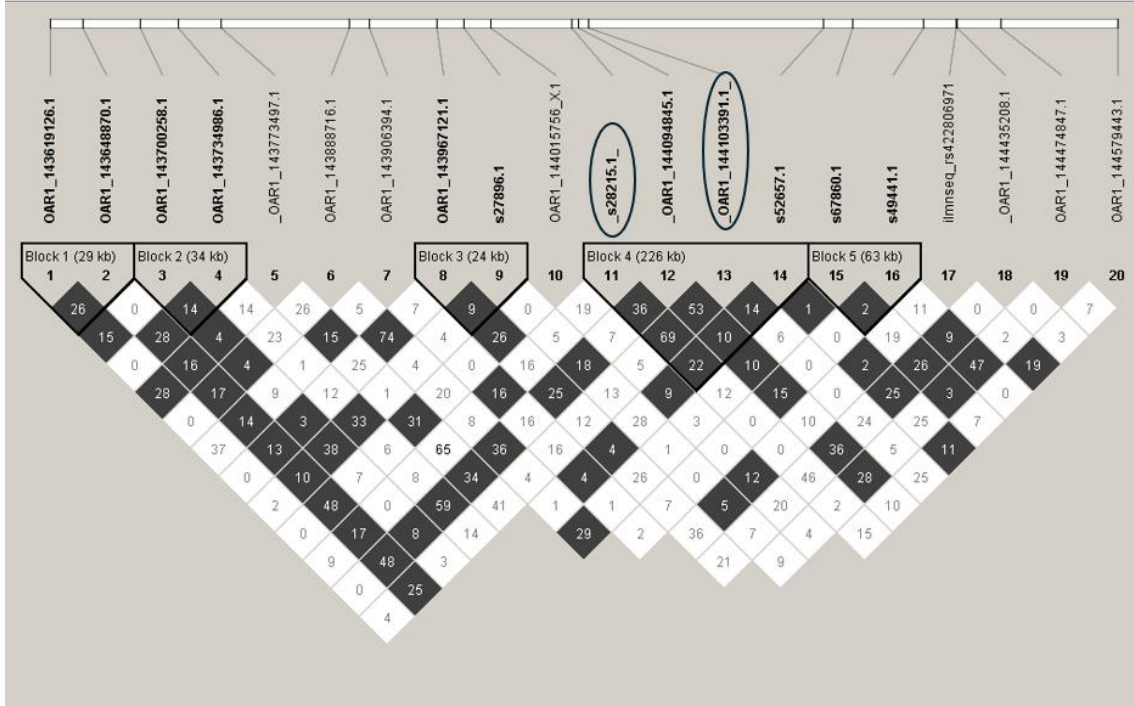
90. gün sağrı genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda anlamlı ($p < 0,0001$) bir SNP tespit edilememiştir.

Sütten kesim sağrı genişliğinde *s69444.1*, *OARI_40581620.1*, *OARI_40686911.1*, *OARI_40768615.1* ve *OARI_41497208.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları saptanmıştır. Bu SNP'lerden *s69444.1* ve *OARI_40581620.1*'in UBE2U geninde intron üzerinde, *OARI_40686911.1* ve *OARI_40768615.1*'in aynı gene göre aşağı akım yönünde ve *OARI_41497208.1*'in JAK1 geni baz alındığında yukarı akım yönünde olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 3.11: Sağrı genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bç)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
60. gün Sağrı Genişliği	s12152.1	1	124951384	[A/G]	-0,000174793	0,00008334	BACH1	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_139235849.1	1	128524030	[A/G]	-0,000184554	0,00006607	APP	intron
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_143773497.1	1	132888467	[A/C]	-0,000187502	0,00005901	NCAM2	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	s28215.1	1	133177053	[T/C]	0,000238291	0,00000622	NCAM2	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_144094845.1	1	133182870	[A/G]	-0,000188595	0,00008595	NCAM2	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_144103391.1	1	133193893	[T/C]	-0,000243766	0,00000258	NCAM2	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_144435208.1	1	133431841	[A/T]	0,000198595	0,0000364	NCAM2	aşağı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_144742152.1	1	133776177	[A/G]	-0,000181768	0,00002857	NCAM2	intron
60. gün Sağrı Genişliği	OAR1_269524758.1	1	249508660	[T/C]	-0,000145919	0,00007898	SOX14	yukarı akım yönünde
60. gün Sağrı Genişliği	OAR12_56663780.1	12	51233503	[T/C]	0,000169093	0,00006521	LOC105616544	intron
Sütten Kesim Sağrı Genişliği	s69444.1	1	39292694	[A/G]	0,000558184	0,0000875	UBE2U	intron
Sütten Kesim Sağrı Genişliği	OAR1_40581620.1	1	39305439	[A/G]	-0,000558184	0,0000875	UBE2U	intron
Sütten Kesim Sağrı Genişliği	OAR1_40686911.1	1	39376128	[T/C]	0,000585706	0,00005602	UBE2U	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Genişliği	OAR1_40768615.1	1	39455736	[A/C]	-0,000585706	0,00005602	UBE2U	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Genişliği	OAR1_41497208.1	1	40190989	[A/T]	-0,000585706	0,00005602	JAK1	yukarı akım yönünde

60. gün sağrı genişliği için 1×10^{-5} olasılık eşiğini geçen SNP'lere yönelik haplotiplendirme yapılmış olup, haplotip grupları Şekil 3.46'da verilmiştir.



Şekil 3.46: 60. gün sağrı genişliği için OAR1_144103391.1 ve s28215.1 kodlu SNP'lerin haploview görüntüsü.

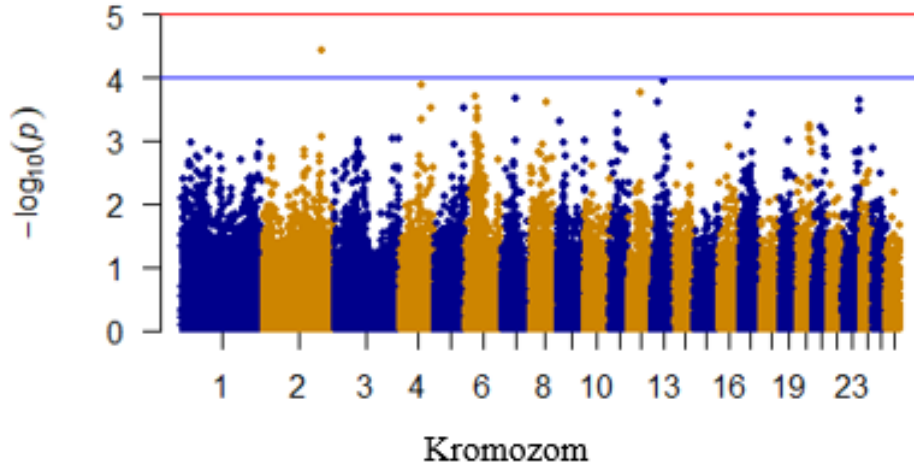
Buna göre OAR1_144103391.1 ve s28215.1 kodlu SNP'ler aynı blok (dördüncü blok) içerisinde yer almıştır. İlk SNP'nin bulunduğu blokta ikinci SNP ile arasında D', LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 26,370 ve 0,690 saptanmış olup, yine aynı SNP ile blokta bulunan OAR1_144094845.1 kodlu diğer SNP arasında D', LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 18,310 ve 0,530 ve yine aynı blokta yer alan bir diğer SNP s52657.1 ile arasında aynı değerler 0,893; 4,090 ve 0,150 saptanmıştır. s28215.1 kodlu SNP ile aynı blokta bulunan OAR1_144094845.1 kodlu diğer SNP arasında D', LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 13,060 ve 0,370 ve yine aynı blokta yer alan bir diğer SNP s52657.1 ile arasında bu değerler 0,920, 6,120 ve 0,230 olarak tespit edilmiştir.

Çizelge 3.12: 60. gün sağrı genişliği için OAR1_144103391.1 ve s28215.1 kodlu SNP'lerin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D', LOD ve r² değerleri

Önemli SNP Kodu	Bloktaki SNP Kodu	Blok	D'	LOD	r ²
OAR1_144103391.1	s28215.1	4	1,000	26,370	0,690
OAR1_144103391.1	OAR1_144094845.1	4	1,000	18,310	0,530
OAR1_144103391.1	s52657.1	4	0,893	4,090	0,150
s28215.1	OAR1_144094845.1	4	1,000	13,060	0,370
s28215.1	s52657.1	4	0,920	6,120	0,230

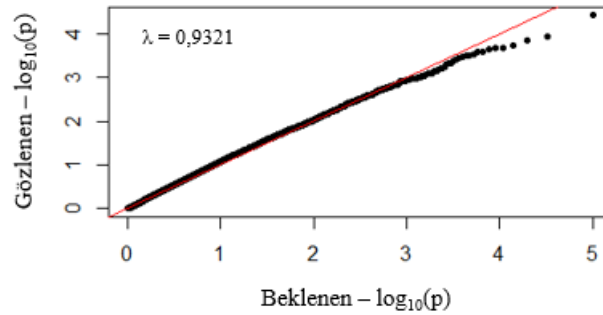
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve sütten kesim sağrı yüksekliği için şekillerde (3.47 – 3.52) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9321; 0,9180 ve 0,8826 tespit edilmiştir.

60. gün sağrı yüksekliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.47) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *bir SNP* tespit edilmiştir.



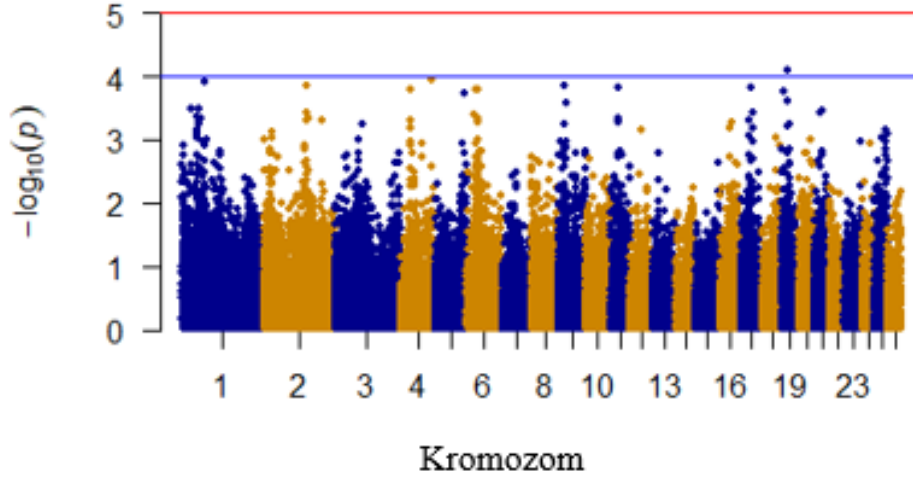
Şekil 3.47: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.48'de sunulan ve 60. gün sağrı yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



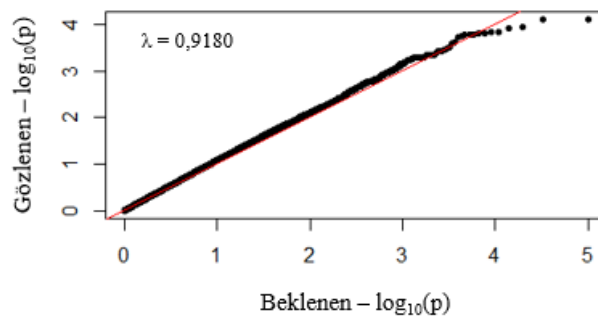
Şekil 3.48: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün sağrı yüksekliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.49) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *bir SNP* tespit edilmiştir.



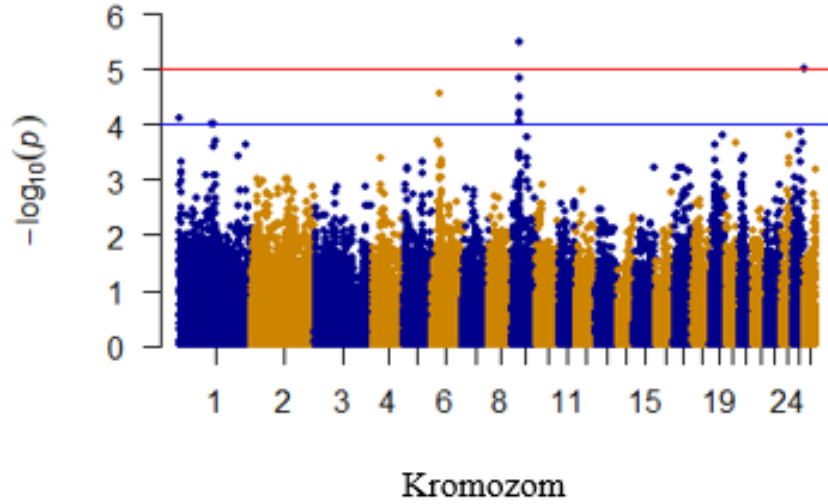
Şekil 3.49: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.50’de sunulan ve 90. gün sağrı yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



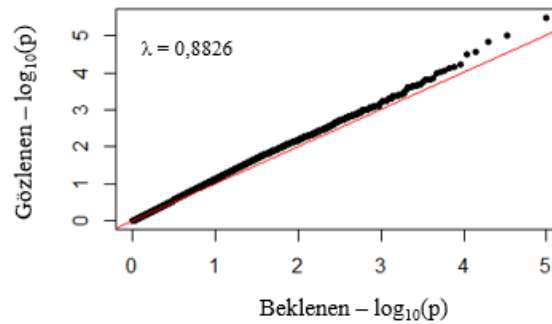
Şekil 3.50: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde sağrı yüksekliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.51) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *sekiz* ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşikini aşan *iki SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.51: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı yüksekliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.52’de sunulan ve sütten kesimde sağrı yüksekliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.52: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde sağrı yüksekliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki sağrı yüksekliği özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNPlar Çizelge 3.13’te sunulmuştur.

60. gün sağrı yüksekliğinde *OAR2_211824449.1* kodlu SNP'nin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) ve SATB2 geni referans alındığında aşağı akım yönünde olduğu saptanmıştır.

90. gün sağrı yüksekliğinde *OAR19_22671203.1* kodlu SNP'nin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) olduğu ve ITPR1 geninde intron üzerinde bulunduğu belirlenmiştir.

Sütten kesim sağrı yüksekliğinde *OAR9_26114366.1*, *OAR9_26960120.1* ve *s50188.1* kodlu SNP'lerin kromozom çapında önemli ($p<0,000026$) olduğu ve en yakın oldukları gene göre yerleşim yerleri sırasıyla LOC105612888 geni dikkate alındığında aşağı akım yönünde, LOC105612749 genine göre aşağı akım yönünde ve TMEM72 geni referans alındığında yukarı akım yönünde olduğu saptanmıştır. Aynı özellik için *OAR6_34825741.1*, *s47644.1*, *OAR1_140305399.1*, *OAR9_25961251.1*, *OAR9_26047884.1*, *OAR9_26972939.1* ve *OAR9_27096145.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. *OAR6_34825741.1*'in GRID2 geninde intron üzerinde, *s47644.1*'in ASB1 genine göre aşağı akım yönünde, *OAR1_140305399.1*'in MRPL39 geni baz alındığında aşağı akım yönünde, *OAR9_25961251.1* ile *OAR9_26047884.1*'in LOC105612888 genine göre aşağı akım yönünde, *OAR9_26972939.1*'in LOC105612749 geni referans alındığında aşağı akım yönünde ve *OAR9_27096145.1*'in LOC105616005 genine göre aşağı akım yönünde olduğu belirlenmiştir.

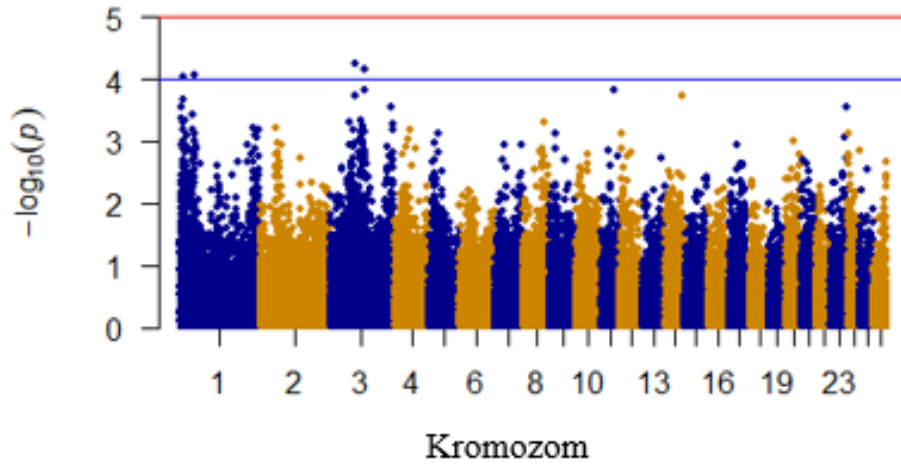
Bu araştırmada sağrı yüksekliği özelliğinde farklı dönemler için yapılan genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilemediği için haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.13: Sağrı yüksekliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün Sağrı Yüksekliği	OAR2_211824449.1	2	200095669	[T/C]	-0,000235303	0,00003723	SATB2	aşağı akım yönünde
90. gün Sağrı Yüksekliği	OAR19_22671203.1	19	21575640	[A/G]	-0,000699005	0,0000791	ITPR1	intron
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	s47644.1	1	2657803	[T/C]	0,00082572	0,00007702	ASB1	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR1_140305399.1	1	129528525	[A/G]	0,00106291	0,0000955	MRPL39	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR6_34825741.1	6	30866774	[A/C]	-0,000936539	0,00002696	GRID2	intron
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_25961251.1	9	24995767	[T/C]	0,00106962	0,00003259	LOC105612888	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_26047884.1	9	25060227	[A/C]	-0,00126365	0,00005966	LOC105612888	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_26114366.1	9	25126958	[A/C]	0,00126589	0,00001452	LOC105612888	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_26960120.1	9	25987176	[T/C]	0,00127261	0,00000322	LOC105612749	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_26972939.1	9	26000009	[A/G]	-0,00108844	0,00006793	LOC105612749	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	OAR9_27096145.1	9	26111518	[A/G]	-0,000978374	0,00008831	LOC105616005	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Sağrı Yüksekliği	s50188.1	25	44300657	[A/G]	0,000982045	0,00000993	TMEM72	yukarı akım yönünde

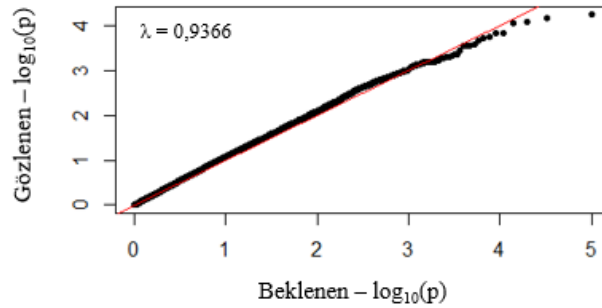
GBIA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve süten kesim sağrı yüksekliği için şekillerde (3.53 – 3.58) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9366; 0,9305 ve 0,9245 tespit edilmiştir.

60. gün vücut uzunluğuna yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.53) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *dört SNP* tespit edilmiştir.



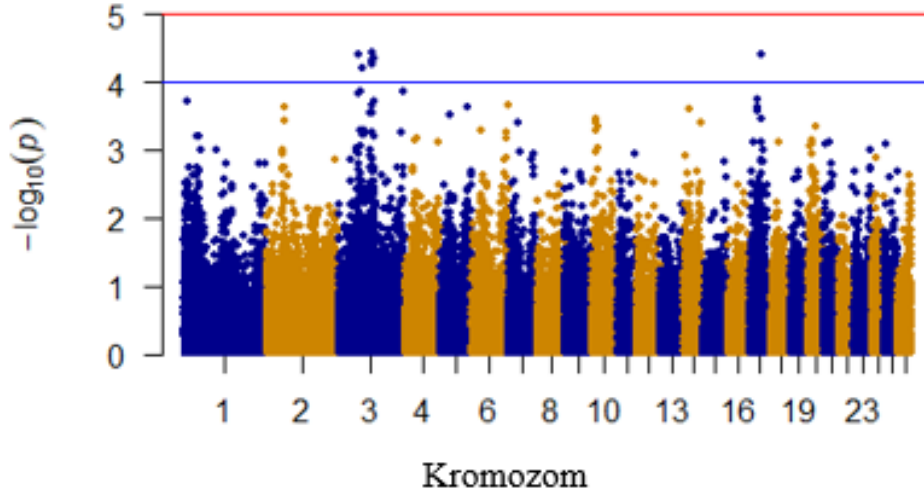
Şekil 3.53: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün vücut uzunluğuna yönelik Manhattan grafiği.

Şekil 3.54'te sunulan ve 60. gün vücut uzunluğuna yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



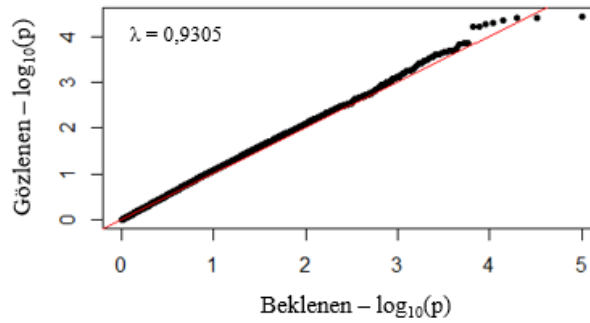
Şekil 3.54: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün vücut uzunluğuna yönelik lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün vücut uzunluğuna yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.55) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak gösterilemeyecek kadar birbirine yakın sekiz *SNP* tespit edilmiştir.



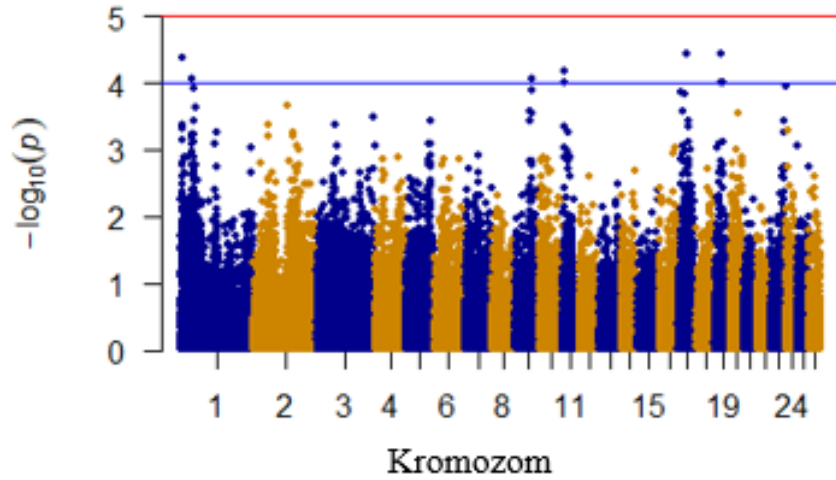
Şekil 3.55: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün vücut uzunluğu için Manhattan grafiği.

Şekil 3.56'da sunulan ve 90. gün vücut uzunluğuna yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



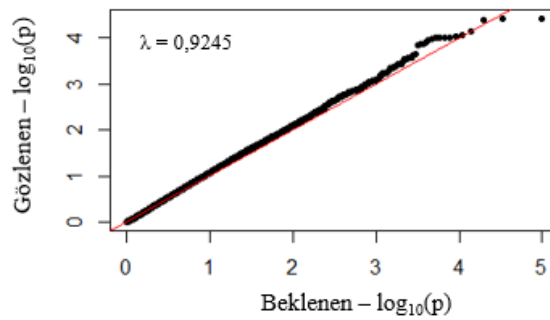
Şekil 3.56: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün vücut uzunluğu için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesimde vücut uzunluğuna yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.57) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın 10 SNP tespit edilmiştir.



Şekil 3.57: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde vücut uzunluğu için Manhattan grafiği.

Şekil 3.58’de sunulan ve sütten kesimde vücut uzunluğuna yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.58: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde vücut uzunluğu için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki vücut uzunluğu özelliklerine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP’ler Çizelge 3.14’te sunulmuştur.

60. gün vücut uzunluğunda *s58309.1*, *OAR1_50246968.1*, *OAR3_92220143.1* ve *s05511.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *s58309.1*'in HEYL geni referans alındığında aşağı akım yönünde, *OAR1_50246968.1*'in NEGR1 geni dikkate alındığında yukarı akım yönünde, *OAR3_92220143.1*'in STRN ve *s05511.1*'in LRRIQ1 genlerinde intron üzerinde olduğu saptanmıştır.

90. gün vücut uzunluğunda *OAR3_69191148.1*, *s34488.1*, *OAR3_84330139.1*, *OAR3_120749678.1_F2BT*, *OAR3_123277943_X.1*, *OAR3_123473821.1*, *s42242.1* ve *s03652.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR3_69191148.1*'in FANCL geni baz alındığında yukarı akım yönünde, *s34488.1* ile *OAR3_84330139.1*'in CAMKMT, *OAR3_120749678.1_F2BT*'nin NAV3, *OAR3_123473821.1*'in PPP1R12A ve *s03652.1*'in GLRB genlerinde intron üzerinde, *OAR3_123277943_X.1*'in PAWR ve *s42242.1*'in de PPFA2 genleri referans alındığında yukarı akım yönünde oldukları belirlenmiştir.

Sütten kesim vücut uzunluğunda *ilmnseq_rs417151091*, *OAR1_45752051.1*, *OAR9_65510653.1*, *OAR11_11350213.1*, *OAR17_32705384.1*, *OAR19_25259444.1*, *OAR19_25326353.1*, *s37139.1*, *OAR19_30338320.1* ve *OAR19_33968342.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları saptanmıştır. Bu SNP'lerden *ilmnseq_rs417151091*'in UGT1A9, *OAR11_11350213.1*'in BCAS3, *OAR19_25259444.1* ile *OAR19_25326353.1*'in CNTN4, *OAR19_33968342.1*'in FRMD4B ve *OAR19_30338320.1*'in PPP4R2 genlerinde intron üzerinde, *s37139.1*'in yine PPP4R2 geni dayanak alındığında aşağı akım yönünde, *OAR1_45752051.1*'in DEPDC1 genine göre yukarı akım yönünde, *OAR9_65510653.1*'in TRPS1 geni baz alındığında aşağı akım yönünde ve *OAR17_32705384.1*'in INTU geni dikkate alındığında yukarı akım yönünde olduğu saptanmıştır.

Bu araştırmada vücut uzunluğu özelliğinde farklı dönemler için yapılan genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilemediği için haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.14: Vücut uzunluğuna yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün Vücut Uzunluğu	s58309.1	1	14017062	[A/G]	0,00032131	0,00009258	HEYL	aşağı akım yönünde
60. gün Vücut Uzunluğu	OAR1_50246968.1	1	48354976	[T/C]	0,000266109	0,00008474	NEGR1	yukarı akım yönünde
60. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_92220143.1	3	87062228	[A/G]	0,00029717	0,00005874	STRN	intron
60. gün Vücut Uzunluğu	s05511.1	3	121134535	[A/G]	-0,000289971	0,00006922	LRR1Q1	intron
90. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_69191148.1	3	65529806	[T/C]	-0,0002571	0,00003955	FANCL	yukarı akım yönünde
90. gün Vücut Uzunluğu	s34488.1	3	79746275	[A/G]	0,000172497	0,00006075	CAMKMT	intron
90. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_84330139.1	3	79753657	[A/G]	-0,000172497	0,00006075	CAMKMT	intron
90. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_120749678.1_F2BT	3	113300655	[T/C]	-0,00024892	0,00003587	NAV3	intron
90. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_123277943_X.1	3	115622704	[A/G]	0,000229898	0,00005329	PAWR	yukarı akım yönünde
90. gün Vücut Uzunluğu	OAR3_123473821.1	3	115817024	[A/G]	-0,0002303	0,00004919	PPP1R12A	intron
90. gün Vücut Uzunluğu	s42242.1	3	117992381	[T/C]	-0,000220346	0,00004432	PPFIA2	yukarı akım yönünde
90. gün Vücut Uzunluğu	s03652.1	17	41855593	[T/C]	0,000296214	0,00003821	GLRB	intron

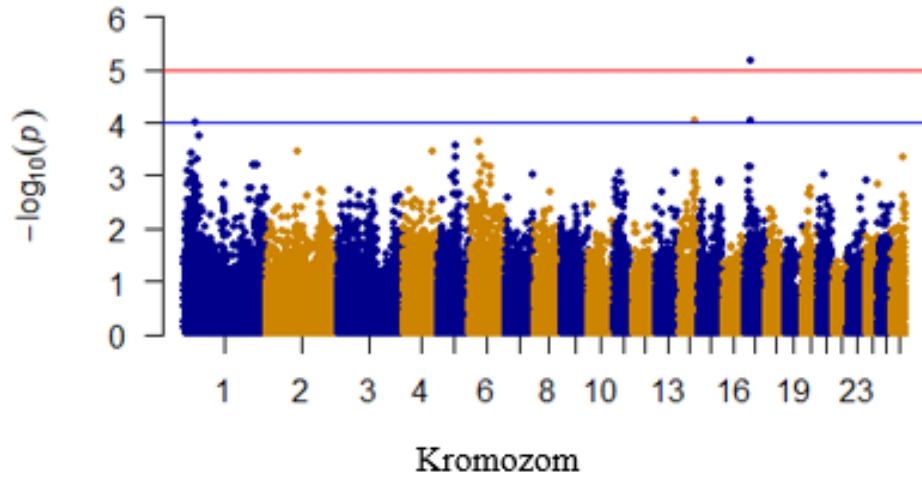
Çizelge 3.14 (devam): Vücut uzunluğuna yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	ilmnseq_rs417151091	1	7117536	[T/C]	-0,00159475	0,00004119	UGT1A9	intron
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR1_45752051.1	1	44190462	[A/G]	-0,000977617	0,00008968	DEPDC1	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR9_65510653.1	9	62259454	[T/G]	-0,000970456	0,00008722	TRPS1	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR11_11350213.1	11	11764482	[A/G]	0,000877637	0,00006891	BCAS3	intron
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR17_32705384.1	17	29954365	[A/G]	-0,00128717	0,00003677	INTU	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR19_25259444.1	19	23804520	[T/C]	-0,000745197	0,00009764	CNTN4	intron
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR19_25326353.1	19	23869971	[A/G]	-0,000745197	0,00009764	CNTN4	intron
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	s37139.1	19	28573771	[T/C]	0,000725913	0,00003814	PPP4R2	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR19_30338320.1	19	28676011	[G/C]	0,000745197	0,00009764	PPP4R2	intron
Sütten Kesim Vücut Uzunluğu	OAR19_33968342.1	19	32297623	[A/G]	-0,000622648	0,00009892	FRMD4B	intron

3.2.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri

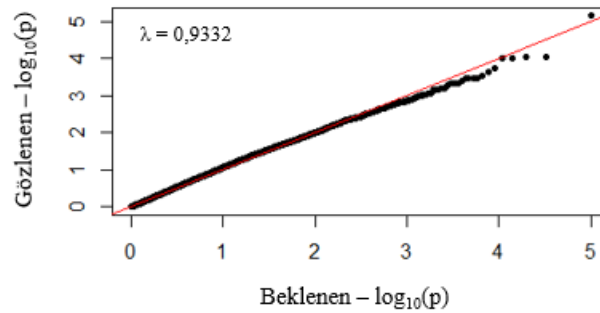
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve sütten kesim MLD alanı için şekillerde (3.59 – 3.64) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9332; 0,8142 ve 0,8430 tespit edilmiştir.

60. gün MLD alanına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.59) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen ancak şekilde gösterilemeyecek kadar birbirine yakın *dört* ve daha hassas olan 1×10^{-5} eşik düzeyini aşan *bir SNP* tespit edilmiştir.



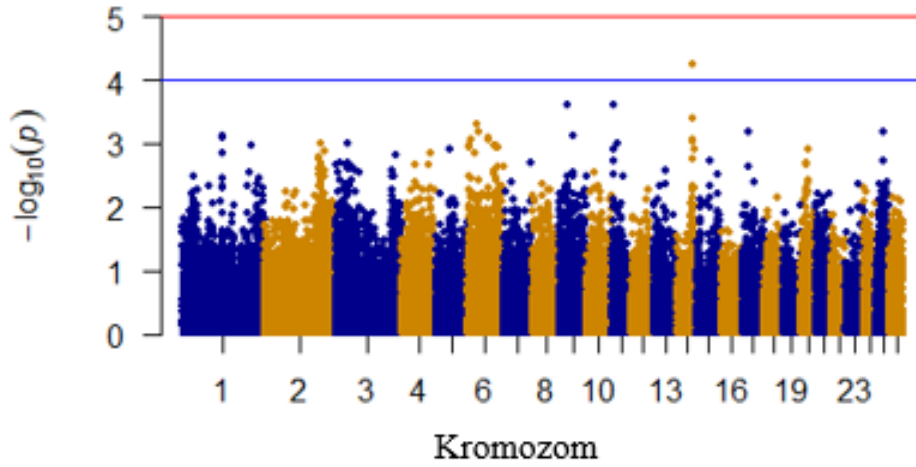
Şekil 3.59: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Alanı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.60'ta sunulan ve 60. gün MLD alanına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



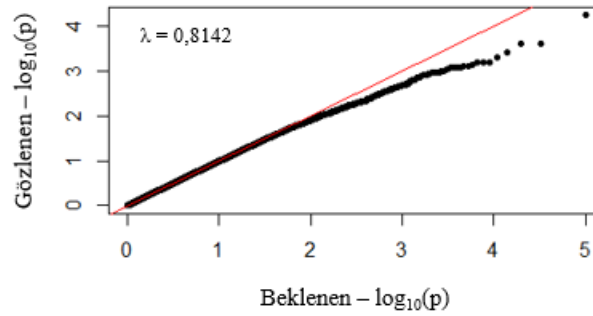
Şekil 3.60: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Alanı için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün MLD alanına yönelik Manhattan grafiđi (Şekil 3.60) incelendiđinde anlamlı eřik düzeyini ($p < 0,0001$) geen *bir SNP* tespit edilmiřtir.



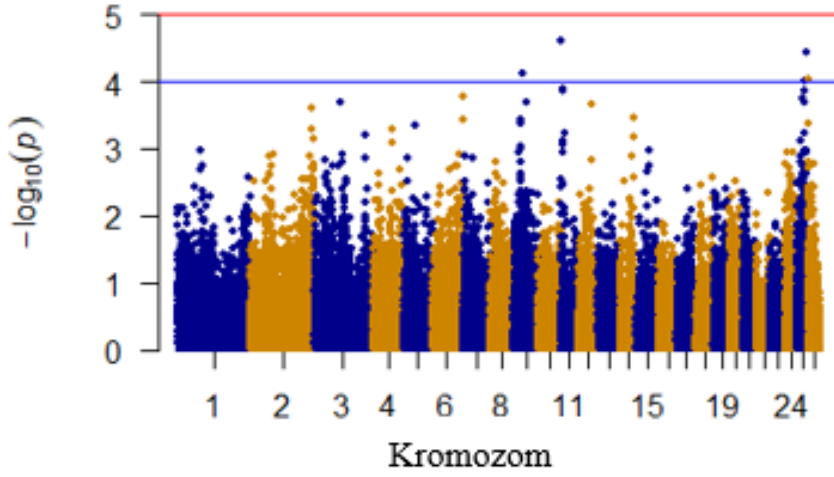
Şekil 3.61: Genom boyu iliřkilendirme analizi sonularına gre 90. gn MLD Alanı iin Manhattan grafiđi.

Şekil 3.61’de sunulan ve 90. gn MLD alanına yönelik QQ grafiđi incelendiđinde gzlenen olasılık deđerlerinin beklenen olasılık deđerlerinden dřuk ve lambda deđerinin birden kk olduđu saptanmıřtır.



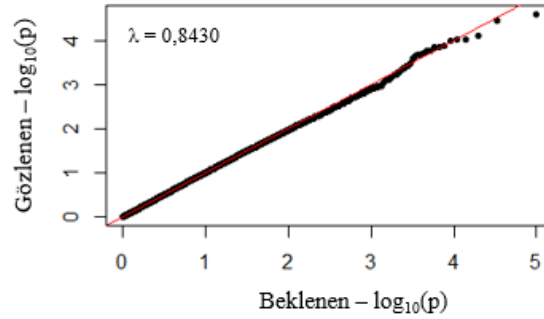
Şekil 3.62 Genom boyu iliřkilendirme analizi sonularına gre 90. gn MLD Alanı iin lambda deđerini ve QQ grafiđi.

Stten kesimde MLD alanına yönelik Manhattan grafiđi (Şekil 3.63) incelendiđinde anlamlı eřik düzeyini ($p < 0,0001$) geen *beř SNP* tespit edilmiřtir.



Şekil 3.63: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Alanı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.64'te sunulan ve sütten kesimde MLD alanına yönelik QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.64: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Alanı için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki MLD alanına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP'ler Çizelge 3.15'te sunulmuştur.

60. gün MLD alanında *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP'nin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) olduğu ve *SLC7A11* geni referans alındığında aşağı akım yönünde bulunduğu saptanmıştır. Aynı özellik için *s69444.1*, *OAR1_40581620.1*, *s42929.1* ve *Chr17:24155476* kodlu SNP'lerin ise fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *s69444.1* ve *OAR1_40581620.1*'in *UBE2U*, *s42929.1*

PPP1R37 ve *Chr17:24155476* LOC105602770 genlerinde intron üzerinde buldukları belirlenmiştir.

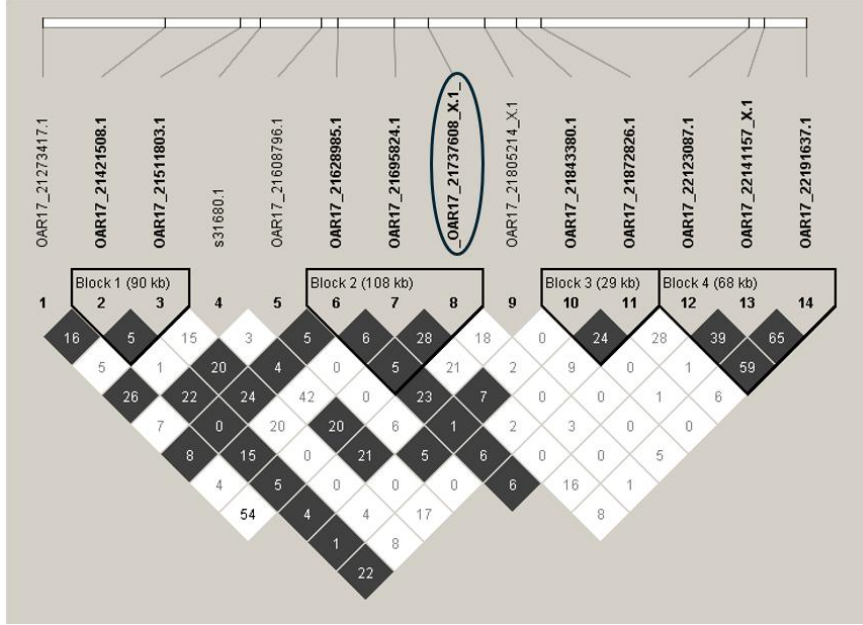
90. gün MLD alanında *s42929.1* kodlu SNP'nin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) ve PPP1R37 geninde intron üzerinde olduğu saptanmıştır.

Sütten Kesim MLD alanında *OAR11_2909058.1* kodlu SNP kromozom çapında önemli ($p<0,000026$) tespit edilmiş olup, KIF2B geni referans alındığında aşağı akım yönünde olduğu belirlenmiştir. Bu özellik için *OAR9_32726527.1*, *s34813.1*, *OAR25_43417329.1* ve *DUI86191_327.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları saptanmıştır. Bu SNP'lerden *OAR9_32726527.1*'in TRNAM-CAU geni dikkate alındığında aşağı akım yönünde, *s34813.1*'in COMTD1 geni baz alındığında yukarı akım yönünde, *OAR25_43417329.1*'in BMPR1A geninde intron üzerinde ve *DUI86191_327.1*'in MCPH1 genine göre yukarı akım yönünde olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 3.15: MLD Alanına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bç)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün MLD Alanı	s69444.1	1	39292694	[A/G]	0,00010663	0,00009865	UBE2U	intron
60. gün MLD Alanı	OAR1_40581620.1	1	39305439	[A/G]	-0,00010663	0,00009865	UBE2U	intron
60. gün MLD Alanı	s42929.1	14	51861128	[A/G]	-0,0000929186	0,00009012	PPP1R37	intron
60. gün MLD Alanı	OAR17_21737608_X.1	17	19331214	[T/C]	0,000114638	0,00000704	SLC7A11	aşağı akım yönünde
60. gün MLD Alanı	Chr17:24155476	17	24155476	[T/C]	-0,000064366	0,00009319	LOC105602770	intron
90. gün MLD Alanı	s42929.1	14	51861128	[A/G]	-0,000286153	0,00005807	PPP1R37	intron
Sütten Kesim MLD Alanı	OAR9_32726527.1	9	31296006	[T/C]	-0,000464576	0,00007789	TRNAM-CAU	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim MLD Alanı	OAR11_2909058.1	11	3555223	[A/G]	-0,000562851	0,00002497	KIF2B	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim MLD Alanı	s34813.1	25	30882586	[T/C]	0,000495258	0,00009887	COMTD1	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim MLD Alanı	OAR25_43417329.1	25	41096160	[A/G]	0,000569328	0,00003611	BMPR1A	intron
Sütten Kesim MLD Alanı	DU186191_327.1	26	4328183	[T/C]	0,000482876	0,00009291	MCPH1	yukarı akım yönünde

60. gün MLD alanı için 1×10^{-5} olasılık eşiğini geçen *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP'e yönelik haplotiplendirme yapılmış olup, haplotip grupları Şekil 3.65'te verilmiştir.



Şekil 3.65: 60. gün MLD alanı için *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP'nin haplotip görüntüsü.

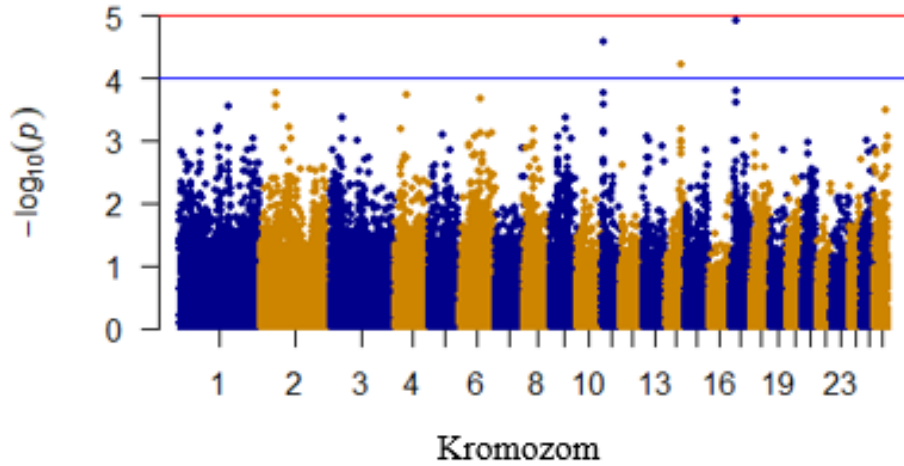
Buna göre *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP etrafında bir BD bloğunun oluştuğu saptanmıştır. *OAR17_21737608_X.1*'in bulunduğu blokta *OAR17_21628985.1* kodlu SNP ile arasında D' , LOD ve r^2 değerleri sırasıyla 1,000; 2,190 ve 0,060 saptanmış olup, yine aynı SNP ile blokta bulunan *OAR17_21695824.1* ile arasında bu değerler 1,000; 7,960 ve 0,287 saptanmıştır.

Çizelge 3.16: 60. gün MLD alanı için *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP'nin haplotip blokları içindeki diğer SNP'ler ile arasındaki D' , LOD ve r^2 değerleri.

Önemli SNP Kodu	Bloktaki SNP Kodu	Blok	D'	LOD	r^2
<i>OAR17_21737608_X.1</i>	<i>OAR17_21628985.1</i>	2	1,000	2,190	0,060
<i>OAR17_21737608_X.1</i>	<i>OAR17_21695824.1</i>	2	1,000	7,960	0,287

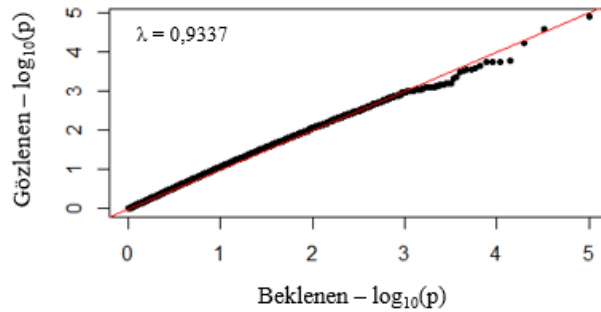
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve süttan kesim MLD derinliği için şekillerde (3.66 – 3.71) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,9337; 0,9026 ve 0,8500 tespit edilmiştir.

60. gün MLD derinliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.66) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *üç SNP* saptanmıştır.



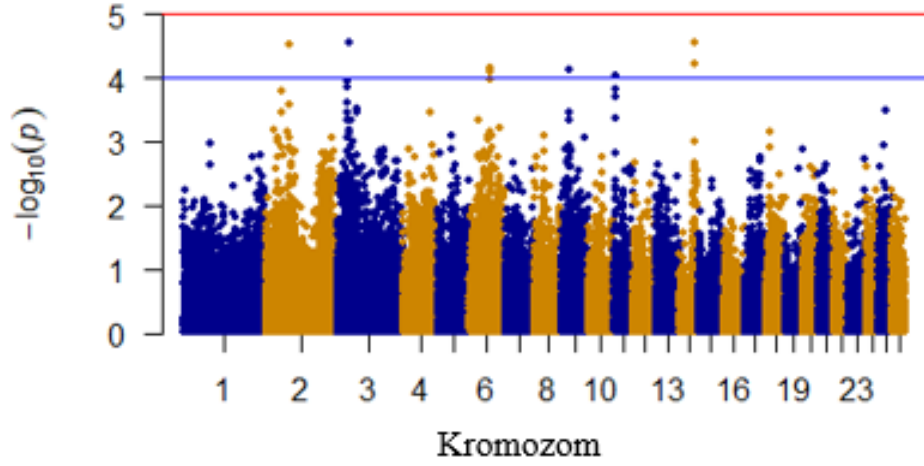
Şekil 3.66: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Derinliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.67'de sunulan ve 60. gün MLD derinliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu belirlenmiştir.



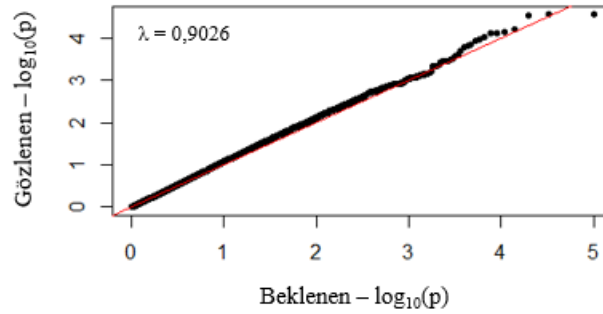
Şekil 3.67 Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün MLD derinliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.68) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *sekiz SNP* tespit edilmiştir.



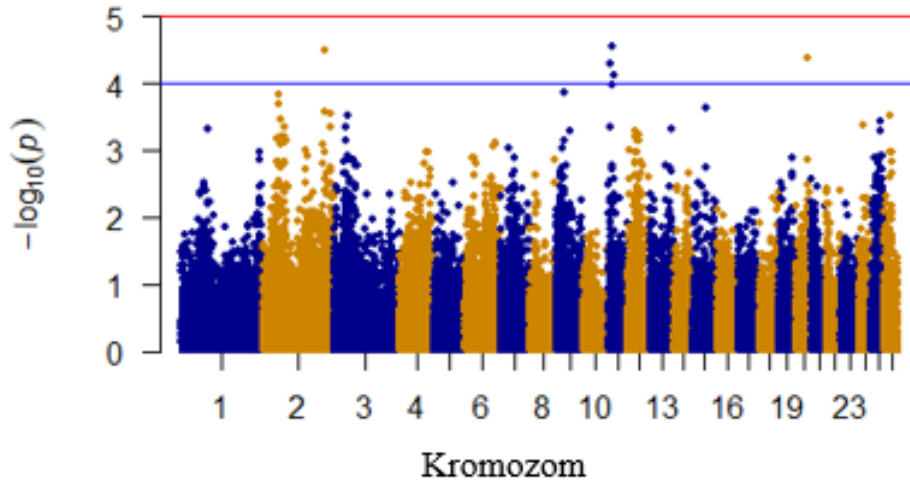
Şekil 3.68: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Derinliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.69’da sunulan ve 90. gün MLD derinliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



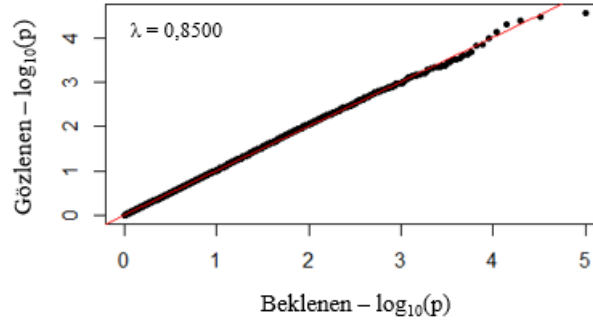
Şekil 3.69: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Sütten kesim MLD derinliğine yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.70) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *beş SNP* tespit edilmiştir.



Şekil 3.70: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Derinliği için Manhattan grafiği.

Şekil 3.71’de sunulan ve sütten kesimde MLD derinliğine yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.71: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre sütten kesimde MLD Derinliği için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki MLD derinliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP’ler Çizelge 3.17’de sunulmuştur.

60. gün MLD derinliğinde *OAR11_1548438.1* ve *OAR17_21737608_X.1* kodlu SNP’lerin kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) olduğu ve *OAR11_1548438.1*’in LOC101119322 geni referans alındığında aşağı akım yönünde ve

OAR17_21737608_X.1'in *SLC7A11* genine göre aşağı akım yönünde bulunduğu saptanmıştır. Aynı özellikte *s42929.1* kodlu SNP'nin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) olduğu tespit edilmiş ve *PPP1R37* geninde intron üzerinde olduğu belirlenmiştir.

90. gün MLD derinliğinde *OAR2_86332599.1*, *DU215160_282.1*, *OAR6_72119490_X.1*, *s42675.1*, *OAR9_32726527.1*, *OAR11_1548438.1*, *OAR14_53854865.1* ve *s42929.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR2_86332599.1*'in *MPDZ* geninde intron üzerinde, *DU215160_282.1*'in *MEIS1* geni referans alındığında aşağı akım yönünde, *OAR6_72119490_X.1*'in *CDKL2* geninde ekson üzerinde, *s42675.1*'in *ATP10D* genine göre yukarı akım yönünde, *OAR9_32726527.1*'in *TRNAM-CAU* geni dikkate alındığında aşağı akım yönünde, *OAR11_1548438.1*'in *LOC101119322* geni baz alındığında aşağı akım yönünde, *OAR14_53854865.1*'in *PLAUR* geni dayanak alındığında yukarı akım yönünde ve *s42929.1*'in *PPP1R37* geninde intron üzerinde olduğu saptanmıştır.

Sütten Kesim MLD derinliğinde *OAR2_230059830.1*, *OAR11_2909058.1*, *OAR11_10135843.1*, *s48715.1* ve *OAR20_40967781.1* kodlu SNP'lerin fikir verici düzeyde önemli ($p<0,0001$) oldukları tespit edilmiştir. Bu SNP'lerden *OAR2_230059830.1*'in *LOC105610626* geninde ekson üzerinde, *OAR11_2909058.1*'in *KIF2B* genine göre aşağı akım yönünde, *OAR11_10135843.1*'in *MED13* geni baz alındığında yukarı akım yönünde, *s48715.1*'in *LOC105606863* geninde intron üzerinde ve *OAR20_40967781.1*'in *LOC105603840* geni referansına göre aşağı akım yönünde olduğu saptanmıştır.

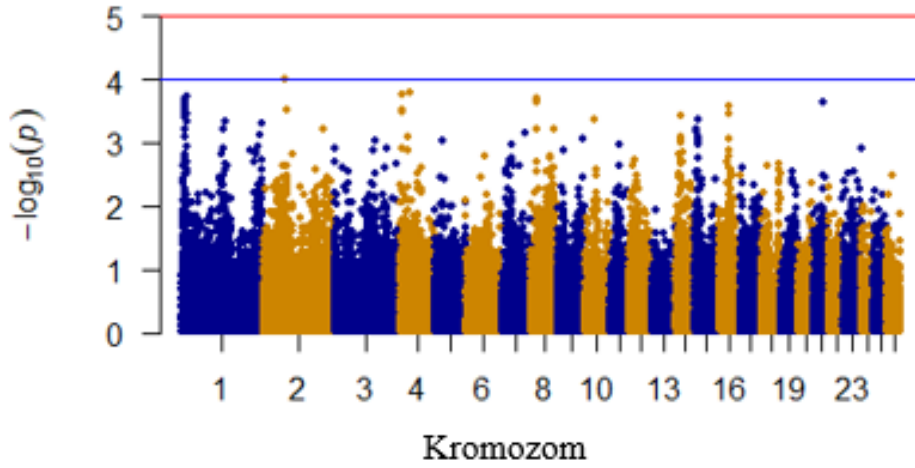
Bu araştırmada MLD derinliği özelliğinde farklı dönemler için yapılan genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda 1×10^{-5} olasılık düzeyini geçebilen herhangi bir SNP tespit edilemediği için haplotiplendirme yoluna gidilmemiştir.

Çizelge 3.17: MLD Derinliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın Gen	Yerleşim Yeri
60. gün MLD Derinliği	OAR11_1548438.1	11	2225683	[T/C]	-0,0000312555	0,00002549	LOC101119322	aşağı akım yönünde
60. gün MLD Derinliği	s42929.1	14	51861128	[A/G]	-0,0000324683	0,00005962	PPP1R37	intron
60. gün MLD Derinliği	OAR17_21737608_X.1	17	19331214	[T/C]	0,0000385221	0,00001237	SLC7A11	aşağı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	OAR2_86332599.1	2	81167921	[A/G]	-0,000115494	0,00002969	MPDZ	intron
90. gün MLD Derinliği	DU215160_282.1	3	41618010	[A/G]	0,0000893939	0,00002771	MEIS1	aşağı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	OAR6_72119490_X.1	6	90093941	[A/G]	0,0000927659	0,00007798	CDKL2	ekson
90. gün MLD Derinliği	s42675.1	6	66104089	[A/G]	0,0000893905	0,00006965	ATP10D	yukarı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	OAR9_32726527.1	9	31296006	[T/C]	-0,000138507	0,00007636	TRNAM-CAU	aşağı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	OAR11_1548438.1	11	2225683	[T/C]	-0,000125172	0,00009312	LOC101119322	aşağı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	OAR14_53854865.1	14	50960874	[A/G]	-0,000101519	0,00006032	PLAUR	yukarı akım yönünde
90. gün MLD Derinliği	s42929.1	14	51861128	[A/G]	-0,000142376	0,00002769	PPP1R37	intron
Sütten Kesim MLD Derinliği	OAR2_230059830.1	2	217736927	[T/G]	0,000152174	0,00003316	LOC105610626	ekson
Sütten Kesim MLD Derinliği	OAR11_2909058.1	11	3555223	[A/G]	-0,000147805	0,00005163	KIF2B	aşağı akım yönünde
Sütten Kesim MLD Derinliği	OAR11_10135843.1	11	10543623	[A/G]	-0,000174377	0,00002753	MED13	yukarı akım yönünde
Sütten Kesim MLD Derinliği	s48715.1	11	15523548	[T/G]	0,000128108	0,00007659	LOC105606863	intron
Sütten Kesim MLD Derinliği	OAR20_40967781.1	20	37515740	[A/G]	-0,0000981931	0,00004211	LOC105603840	aşağı akım yönünde

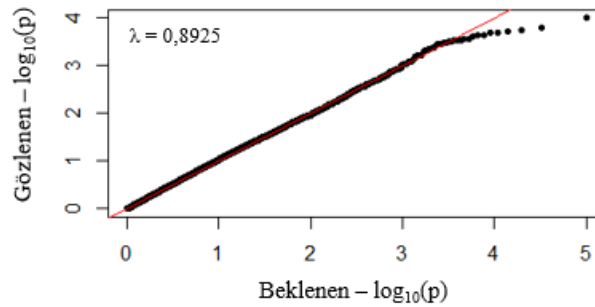
GBİA sonucunda SNP'lere ilişkin olasılık (p) değerleri kullanılarak oluşturulan Manhattan ve QQ grafikleri 60. gün, 90. gün ve süttten kesim deri altı yağ kalınlığı için şekillerde (3.72 – 3.77) sunulmuştur. Yine aynı özellikler için Lambda (λ) değerleri sırasıyla 0,8925; 0,8717 ve 0,6670 tespit edilmiştir.

60. gün deri altı yağ kalınlığına yönelik Manhattan grafiği (Şekil 3.72) incelendiğinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçen *bir SNP* tespit edilmiştir.



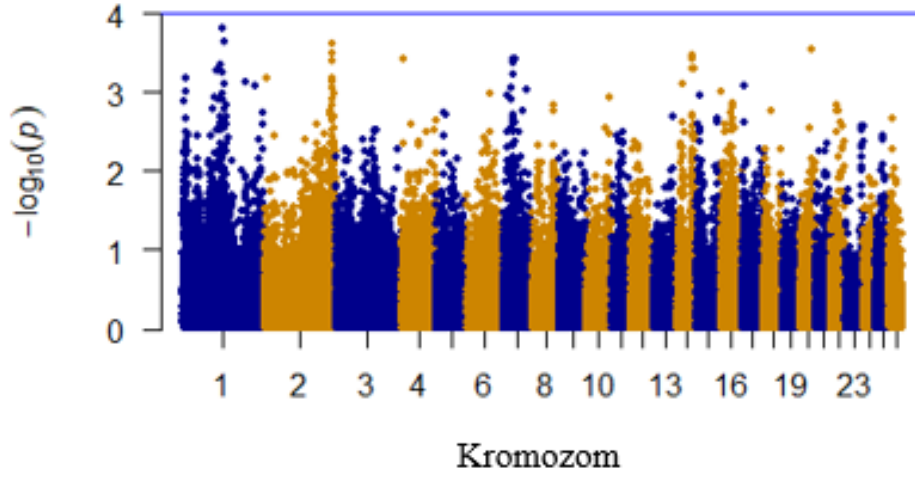
Şekil 3.72: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.73'te sunulan ve 60. gün deri altı yağ kalınlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine yakın benzerlikte ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



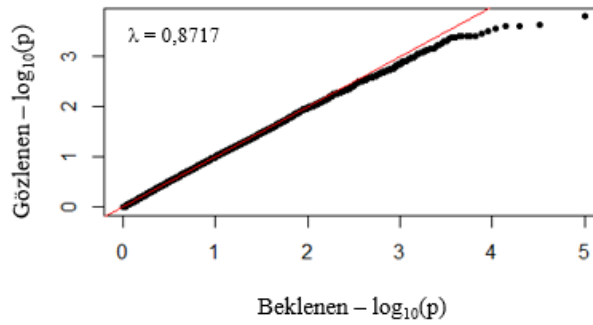
Şekil 3.73: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 60. gün deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

90. gün deri altı yağ kalınlığına yönelik Manhattan grafiđi (Şekil 3.74) incelendiđinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçebilen bir SNP tespit edilememiştir.



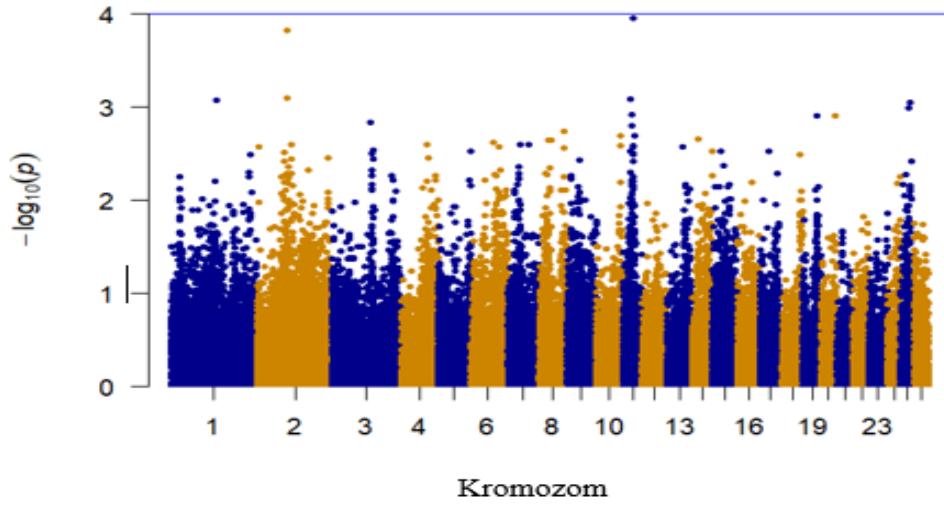
Şekil 3.74: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiđi.

Şekil 3.75'te sunulan ve 90. gün deri altı yağ kalınlığına yönelik olan QQ grafiđi incelendiđinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerine oldukça yakın ve lambda değerinin birden küçük olduđu saptanmıştır.



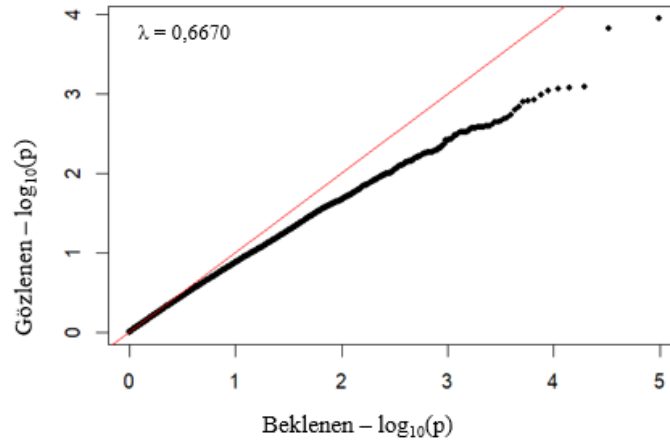
Şekil 3.75: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre 90. gün deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiđi.

Sütten kesimde deri altı yağ kalınlığına yönelik Manhattan grafiđi (Şekil 3.76) incelendiđinde anlamlı eşik düzeyini ($p < 0,0001$) geçebilen bir SNP tespit edilememiştir.



Şekil 3.76: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttten kesimde deri altı yağ kalınlığı için Manhattan grafiği.

Şekil 3.77’de sunulan ve süttten kesimde deri altı yağ kalınlığına yönelik olan QQ grafiği incelendiğinde gözlenen olasılık değerlerinin beklenen olasılık değerlerinden düşük ve lambda değerinin birden küçük olduğu saptanmıştır.



Şekil 3.77: Genom boyu ilişkilendirme analizi sonuçlarına göre süttten kesimde deri altı yağ kalınlığı için lambda değeri ve QQ grafiği.

Farklı dönemlerdeki deri altı yağ kalınlığına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda önemli bulunan SNP Çizelge 3.18’de sunulmuştur.

60. gn deri altı yaę kalınlıęında *OAR2_83336626.1* kodlu SNP'nin fikir verici dzeyde nemli ($p < 0,0001$) ve PTPRD geninde intron zerinde olduęu belirlenmiřtir.

Elde edilen sonulara gre 90. gn deri altı yaę kalınlıęı ve stten kesim deri altı yaę kalınlıęına iliřkin nemli ($p < 0,0001$) SNP tespit edilememiřtir.

Bu arařtırmada deri altı yaę kalınlıęı zellięinde farklı dnemler iin yapılan genom boyu iliřkilendirme analizi sonucunda 1×10^{-5} olasılık dzeyini geebilen herhangi bir SNP tespit edilemedięi iin haplotiplendirme yoluna gidilmemiřtir.

Çizelge 3.18: Deri altı yağ kalınlığına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda farklı düzeylerde önemli bulunan SNP'lere ilişkin Kod, Kromozom, Konum, Allel Değişimi, Regresyon Katsayısı, Olasılık, Yakın gen ve Yerleşim yeri.

Özellik	SNP Kodu	Kromozom	SNP Konumu (bc)	Allel Değişimi	Regresyon Katsayısı	Olasılık (p)	Yakın gen	Yerleşim Yeri
60. gün Deri Altı Yağ Kalınlığı	OAR2_83336626.1	2	78108961	[A/G]	-0,000021151	0,00009957	PTPRD	intron

4. TARTIŞMA

4.1. Kuzularda Doğumdan Sütten Kesime Kadar Farklı Dönemlerde Büyüme ve Ultrasonik Karkas Özellikleri

Bu bölümde farklı ırklardan kuzularda büyüme, vücut ve ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin elde edilen bulgular ile mevcut çalışmada varılan sonuçlar tartışılmıştır.

4.1.1. Büyüme Özellikleri

Bu çalışmada doğum ağırlığı için en küçük kareler genel ortalaması $4,640 \pm 0,068$ kg bulunmuştur. Aynı değer Tekin vd. (2005)'nin Hasmer, Hasak, Hasiv, Linmer, Merinos, Akkaraman ve İvesilerde bildirdikleri $3,95 - 4,19$ kg sınırlarının ilerisindedir. Bahsi geçen ölçüm Orta Anadolu Merinosu kuzularda Ünal ve Akçapınar (2001)'in saptadıkları $4,65$ kg ile yakın benzerlikte olup, aynı ırk için Kızılaslan vd. (2024); Behrem (2021); Aktaş vd. (2015) ve Aktaş vd. (2016)'nin bildirdiği $4,14 - 4,38$ kg sınırlarının ilerisindedir. Mevcut araştırmada tespit edilen bulgu Kaymakçı ve Taşkın (2008)'in Anadolu Merinoslarında $4,5 - 4,7$ kg ve Konya Merinoslarında $4,5$ ve $5,0$ kg değerlerinin arasında olup, Çetin ve Akçapınar (2005) ile Sezenler vd. (2013)'nin Karacabey Merinosu kuzularda bildirdiği $4,52$ ve $3,69$ kg'ın ilerisindedir. Bu sonucun Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinos kuzularda tespit ettiği $3,56 - 4,00$ kg'ın ilerisinde olduğu saptanmıştır. Aynı değer Noyan ve Ceyhan (2021), Yavuz (2015), Ceyhan vd. (2019) ve Özmen vd. (2015)'nin Akkaramanlarda bildirdikleri $3,74 - 4,23$ kg sınırlarının ilerisindedir. Bu araştırmada saptanan doğum ağırlığı Ramlıç kuzularda farklı araştırmacılar (Kaymakçı ve Taşkın, 2008; Ceyhan vd., 2010; Yayvan, 2021; Çelikeloğlu vd., 2022; Tekerli vd., 2022) tarafından bildirilen $4,00 - 4,69$ kg aralığında, üst sınıra yakın tespit edilmiştir. Yine bu değer Alarslan ve Aygün (2019) ile Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda belirlediği $4,49$ ve $4,23$ kg'ın ilerisinde olmuştur. Bu çalışmada 60. gün ağırlığında en küçük kareler genel ortalaması $15,221 \pm 0,247$ kg bulunmuştur. Bu değer Çetin ve Akçapınar (2005)'in Karacabey Merinoslarında tespit ettiği $23,90$ kg'ın ve Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayam kuzularda tespit ettikleri $19,8$ kg'ın gerisindedir. Aynı bulgu Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinoslarda bildirdiği $19,45$; $14,90$ ve $16,20$ kg'ın Sakızda gerisinde, İvesi ve Merinoslarda ise yakın benzerlikte bulunmuştur. Bu çalışmada tespit edilen 60. gün ağırlığı Özmen vd. (2015) ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda bildirdikleri $17,27$ ve $17,60$ kg'ın hemen gerisinde ancak

Alarслан ve Aygün (2019) ile Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda buldukları 13,94 ve 13,11 kg'ın ilerisindedir. Çalışmada 90. gün ağırlığına ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $20,503 \pm 0,279$ kg bulunmuştur. Bu Sezenler vd. (2013) ve Çetin ve Akçapınar (2005)'in Karacabey Merinoslarında bildirdikleri 27,13 ve 28,40 kg'ın gerisindedir. Aynı değer Alarслан ve Aygün (2019)'nün Kıvırcıklarda bildirdikleri 21,50 kg ile yakın benzerlikte olup, Yavuz (2015), Noyan ve Ceyhan (2021) ile Ceyhan vd. (2019)'nin Akkaramanlarda saptadığı 23,80; 24,18 ve 23,05 kg'ın gerisindedir. Bu araştırmadaki bulgu Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 22,50 ve Yayvan vd. (2021)'nin Ramlıçlarda tespit ettiği 22,47 kg'ın hemen gerisindedir. Aynı değer Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 17,11 ve Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında bildirdikleri 10,34 kg'ın ilerisindedir. Bu çalışmada süttten kesim ağırlığı yönelik en küçük kareler genel ortalaması $27,355 \pm 0,342$ kg bulunmuştur. Bu Aktaş vd. (2015) ve Aktaş vd. (2016)'nin Orta Anadolu Merinoslarında bildirdiği 28,3 kg ile yakın benzerlikte olup, Behrem (2021) ile Kızılaslan vd. (2024)'nin bildirdiği 34,58 ve 38,42 kg'ın gerisindedir. Aynı bulgunun Ramlıçlarda Çelikeloğlu vd. (2022) ile Tekerli vd. (2022)'nin tespit ettiği 33,36 – 33,89 kg sınırlarının gerisinde olduğu gözlenmiştir. Çetin ve Akçapınar (2005)'in bu özellikte Karacabey Merinoslarında tespit ettikleri 33,14 kg mevcut çalışmaya göre ilerideyken, Kaymakçı ve Taşkın (2008)'in Anadolu Merinoslarında bildirdikleri 19,3 – 19,6 kg geride olup, aynı araştırmacıların Ramlıçlarda buldukları 30 kg ise ileridedir. Aynı değer Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda bildirdikleri 28,58 kg'ın hemen gerisinde olup, Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda tespit ettikleri 23,4 kg'ın ilerisindedir. Bu araştırmada bulunan süttten kesim ağırlığı Özmen vd. (2015)'in Akkaramanlarda 30,76 ve Çulha (2019)'nin Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 39,05; 35,32 ve 34,00 kg bildirişlerinin gerisindedir. Mevcut çalışmada saptanan süttten kesim ağırlığı Yayvan (2021)'in Ramlıçlarda bulduğu 27,72 kg ile yakın benzerlikte ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda bildirdiği 28,9 kg'ın hemen gerisindedir. Aynı değer Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda tespit ettikleri 20,21 kg'ın ilerisinde olmuştur.

Bu çalışmada 60. gün cidago yüksekliği için en küçük kareler genel ortalaması $50,460 \pm 0,202$ cm bulunmuştur. Bu Keçici vd. (2021) ile Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda bildirdiği 48,11 ve 49,74 cm'in ve Şen ve Uğurlu (2021)'nin Romanovlarda bulduğu 42,58 cm'in ilerisindedir. Aynı bulgu Yavuz (2015)'un

Akkaramanlarda 55,13; Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 55,07 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 52,7 cm bildirişlerinin gerisindedir. Bu özellikle elde edilen bulgu Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinoslarda tespit ettiği sırasıyla 54,14; 50,90 ve 50,84 cm değerleri ile karşılaştırıldığında Sakızlarda geride olurken İvesi ve Merinoslarda ise yakın benzerlikte bulunmuştur. Bu çalışmada 90. gün cidago yüksekliğine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $54,679 \pm 0,188$ cm bulunmuştur. Bu Çetin ve Akçapınar (2005)'in Karacabay Merinoslarında buldukları 58,12 cm'in gerisindedir. Yine aynı bulgu Şen ve Uğurlu (2021)'nin Romanovlarda 44,12; Kutan ve Keskin (2022)'in İvesilerde 52,83 ve Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında 47,20 cm şeklindeki bildirişlerinin ilerisindedir. Mevcut çalışmada tespit edilen 90. gün cidago yüksekliği Alarslan ve Aygün (2019) ile Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda tespit ettikleri 55,48 ve 54,41 cm ile yakın benzerlikte olup, Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 57,10; Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 59,28 ve Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 60,16 cm saptadıkları değerlerin gerisindedir. Bu bulgu Özmen vd. (2015)'nin Akkaraman erkek ve dişilerde bildirdikleri 56,04 ile 53,46 cm aralığında tespit edilmiştir. Bu çalışmada süttten kesimde cidago yüksekliğine yönelik en küçük kareler genel ortalaması $58,700 \pm 0,221$ cm bulunmuştur. Bu Çelikeloğlu vd. (2022) ile Tekerli vd. (2022)'nin Ramlıç ve melezlerinde tespit ettikleri 58,92 – 63,45 cm değerlerinin gerisinde ve alt sınırında olmuştur. Aynı değer Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda buldukları 58,5 cm ile yakın benzerlikte olup, Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda saptadıkları 54,12 cm'in ilerisindedir. Mevcut çalışmadaki bulgu Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 69,19; 63,74 ve 64,90; Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 63,14 ve Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 64,99 cm bildirişlerinin gerisindedir.

Bu çalışmada 60. gün göğüs çevresine yönelik en küçük kareler genel ortalaması $57,099 \pm 0,338$ cm bulunmuştur. Bu sonuç Alarslan ve Aygün, (2019)'ün Kıvırcıklarda ve Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 56,33 ve 57,6 cm bildirdikleri değerler ile yakın benzerlikte, Çulha (2019)'nın Sakız ve İvesilerde 64,46 ve 60,21 cm olarak belirlediği değerlerin gerisinde; Merinoslarda tespit ettiği 57,87 cm ile yakın benzerlikte ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda ve Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda saptadığı 62,51 ve 61,67 cm'in gerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün göğüs çevresine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $64,210 \pm 0,351$ cm bulunmuştur. Bu bulgu Alarslan ve Aygün,

(2019) ile Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda bildirdikleri 66,57 ile 73,37 cm ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda tespit ettiği 66,90 cm'in gerisinde olmuştur. Yine aynı değer Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda buldukları 64,2 cm ile yakın benzerliktedir. Mevcut çalışmada saptanan sonuç Kutan ve Keskin (2022)'in İvesilerde 60,10 ve Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında tespit ettikleri 51,77 cm'in ilerisinde olmuştur. Bu değer Özmen vd. (2015)'in Akkaraman erkek ve dişilerde saptadıkları 73,31 ile 69,96 cm'in gerisindedir. Bu çalışmada süttan kesim göğüs çevresine yönelik en küçük kareler genel ortalaması $72,324 \pm 0,341$ cm bulunmuştur. Bu Çelikeloğlu vd. (2022) ile Tekerli vd. (2022)'nin Ramlıç ve melezlerinde tespit ettikleri 80,91 – 84,64 cm sınırlarının gerisindedir. Aynı bulgu Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda bildirdikleri 66,7 cm'in ilerisindedir. Mevcut çalışmadaki Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinos kuzularda saptadıkları 81,41, 82,77 ve 81,48 cm'in gerisinde olmuştur. Bu bulgu Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda bildirdiği 70,18 cm ve Cheng vd. (2023)'nin Hu, Tan ve Dorper ırklarında buldukları 72,23 cm ile yakın benzerliktedir. Yine aynı sonuç Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda tespit ettikleri 79,49 cm değerinin gerisindedir.

Bu çalışmada 60. gün incik çevresi için en küçük kareler genel ortalaması $6,641 \pm 0,041$ cm bulunmuştur. Bu değer Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 4,00 ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 5,49 cm bildirişlerinin ilerisindedir. Aynı bulgu Şen ve Uğurlu (2021)'nin Romanovlarda tespit ettiği 7,52 ile Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda saptadıkları 6,91 cm'in gerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün incik çevresine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $7,089 \pm 0,042$ cm bulunmuştur. Bu Çetin ve Akçapınar (2005)'in Karacabey Merinoslarında 8,23; Şen ve Uğurlu (2021)'nin Romanovlarda 7,78 ve Esen vd. (2022)'nin Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde bildirdikleri 8,6 cm'in gerisindedir. Aynı bulgu Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 4,0; Castillo vd. (2023) Socorro Adası Merinoslarında 5,46 ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 6,50 cm bildirişlerinin ilerisindedir. Yine aynı değer Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda tespit ettikleri 7,19 cm ile yakın benzerlikte olmuştur. Bu çalışmada süttan kesim incik çevresine yönelik en küçük kareler genel ortalaması $7,582 \pm 0,047$ cm bulunmuştur. Mevcut çalışmadaki bulgu Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 7,50; Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 7,99 cm ve Cheng vd. (2023)'nin Hu, Tan ve

Dorperlerde tespit ettikleri 7,89 cm'in gerisinde olmuştur. Bu sonuç Liu vd. (2024)'nin Hu koyunlarında saptadıkları 7,38 ile 7,51 ve Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda bildirdikleri 4,1 cm'in ilerisindedir.

Bu çalışmada 60. gün göğüs genişliği için en küçük kareler genel ortalaması $13,452 \pm 0,098$ cm bulunmuştur. Bu bulgu Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda bildirdikleri 12,57 cm'in ilerisindedir. Aynı sonuç Çilek ve Gotoh (2015)'un Malyalarda 15,42 ve Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda tespit ettikleri 15,42 cm'in gerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün göğüs genişliğine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $15,018 \pm 0,098$ cm bulunmuştur. Bu Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda 14,53; Kutan ve Keskin (2022)'in İvesilerde 13,88 ve Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında bildirdikleri 11,39 cm'in ilerisinde olmuştur. Aynı bulgu Akkaraman erkek ve dişilerde Özmen vd. (2015)'in buldukları 13,60 ile 12,46 cm'in ilerisindedir. Mevcut çalışmadaki sonuç Çilek ve Gotoh (2015)'un Malyalarda saptadıkları 16,08 cm'in gerisinde olmuştur. Aynı değer Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcık kuzularda 18,08 ve Esen vd. (2022)'nin Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezi kuzularda tespit ettikleri 18,00 ile 18,9 cm'in gerisinde olmuştur. Bu çalışmada süttten kesim göğüs genişliğine yönelik en küçük kareler genel ortalaması $16,949 \pm 0,114$ cm bulunmuştur. Bu Malyalarda Çilek ve Gotoh (2015)'un 17,82 ve Kıvırcıklarda Keçici vd. (2021)'nin 19,61 cm bildirişlerinin gerisindedir.

Bu çalışmada 60. gün sağrı genişliği için en küçük kareler genel ortalaması $10,025 \pm 0,080$ cm bulunmuştur. Bu sonuç Kıvırcıklarda Alarслан ve Aygün (2019)'ün 12,30 ve Malyalarda Çilek ve Gotoh (2014)'un 12,61 cm tespitlerinin gerisindedir. Bu çalışmada 90. gün sağrı genişliğine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $11,432 \pm 0,079$ cm olmuştur. Aynı sonuç Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında saptadıkları 9,56 cm'in ilerisinde ve Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda 13,67; Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 13,25; Ramírez-Retamal vd. (2013)'nin Chilote ırkında 16,86 ile 18,08 ve Suffolk Downlarda 18,58 ve Esen vd. (2022) Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 18,5 – 18,9 cm arasında tespit ettikleri değerlerin gerisindedir. Bu çalışmada süttten kesim sağrı genişliğine yönelik en küçük kareler genel ortalaması 13,151

$\pm 0,092$ cm bulunmuştur. Bu Çelikelođlu vd. (2022)'nin Ramlıç melezlerinde tespit ettiđi 18,53 – 21,63 cm sınırlarının gerisindedir. Yine aynı sonuç Ramlıçlarda Tekerli vd. (2022)'nin 14,92 ve Malyalarda Çilek ve Gotoh (2014)'un 15,40 cm bildirişlerinin gerisinde olmuştur.

Bu çalışmada 60. gün sađrı yüksekliđi için en küçük kareler genel ortalaması $50,790 \pm 0,205$ cm bulunmuştur. Bu sonuç Kıvırcıklarda Alarслан ve Aygün (2019) ile Keçici vd. (2021)'nin 49,37 ve 49,61 cm tespitlerinin bir miktar ilerisindedir. Aynı bulgu Sakız, İvesi ve Merinoslarda Çulha (2019)'nın 54,97; 51,90 ve 52,14 cm; Akkaramanlarda Yavuz (2015)'un 56,46; Malyalarda Çilek ve Gotoh (2014)'un 55,83 ve Acıpayamlarda Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in 52,0 cm bildirişlerinin gerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün sađrı yüksekliđine ilişkin en küçük kareler genel ortalaması $54,968 \pm 0,199$ cm bulunmuştur. Bu sonuç Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda 55,78; Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 55,60 ve Kutan ve Keskin (2022)'in İvesilerde 53,56 cm bildirişleri ile yakın benzerliktedir. Aynı bulgu Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 60,49; Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 61,06 ve Esen vd. (2022)'nin Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlıç, Alman Siyah Başlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde saptadıkları 58,4 ile 58,9 cm aralıđının gerisindedir. Bu Özmen vd. (2015)'in Akkaraman erkek ve dişilerde buldukları 55,71 ile 53,75 cm'in arasında olup, Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda saptadıkları 52,37 cm'in ilerisindedir. Çalışmada süttten kesim sađrı yüksekliđi en küçük kareler genel ortalaması $59,049 \pm 0,227$ cm tespit edilmiştir. Bu bulgu Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 57,1 ve Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 55,33 cm bildirişlerinin ilerisindedir. Aynı deđer Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinoslarda saptadıđı sırasıyla 70,64; 64,83 ve 66,83 cm'in gerisindedir. Mevcut sonuç Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda bulduđu 67,93 ile Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda bildirdikleri 64,99 cm'in gerisinde olmuştur.

Bu çalışmada 60. gün vücut uzunluđu için en küçük kareler genel ortalaması $46,478 \pm 0,236$ cm bulunmuştur. Bu sonuç Şen ve Uđurlu (2021)'nun Romanovlarda 40,13 ve Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 44,55 cm tespitlerinin ilerisindedir. Aynı deđer Alarслан ve Aygün (2019)'ün Kıvırcıklarda 47,97 ile Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 49,8 cm bildirişlerinin hemen gerisindedir. Bu Çulha (2019)'nın Sakız, İvesi ve Merinoslarda saptadıđı sırasıyla 54,50; 51,05 ve 51,77 cm'in gerisindedir. Yavuz

(2015)'un Akkaramanlarda 50,40 ve Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 52,96 cm bulgularının gerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün vücut uzunluğuna yönelik en küçük kareler genel ortalaması $51,538 \pm 0,235$ cm bulunmuştur. Bu bulgu Çetin ve Akçapınar (2005)'in Karacabey Merinoslarında 53,37; Alarslan ve Aygün (2019)'nün Kıvırcıklarda 54,95 ve Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 58,27 cm şeklinde bildirdikleri değerlerin gerisinde olurken, Şen ve Uğurlu (2021)'nin Romanovlarda saptadıkları 43,14 cm'in ilerisindedir. Bulunan vücut uzunluğunu Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 53,2 ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 56,51 cm bildirişlerinin gerisinde olmuştur. Aynı bulgu Kutan ve Keskin (2022)'in İvesilerde 49,10; Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 48,96 ve Castillo vd. (2023)'nin Socorro Adası Merinoslarında 42,92 ve Özmen vd. (2015)'nin Akkaraman erkek ve dişilerde 48,71 ile 46,03 cm bildirdikleri değerlerin ilerisindedir. Bu çalışmada süttten kesim vücut uzunluğuna yönelik en küçük kareler genel ortalaması; $56,911 \pm 0,261$ cm olmuştur. Bu bulgu Çelikeloğlu vd. (2022) ve Tekerli vd. (2022)'nin Ramlıç melezlerinde bildirdikleri 58,71 – 60,93 cm sınırlarının gerisindedir. Aynı değer, Özbaşer ve Akçapınar (2011)'in Acıpayamlarda 54,1 ve Keçici vd. (2021)'nin Kıvırcıklarda 51,96 cm bildirişlerinin ilerisinde olurken, Çulha (2019)'nin Sakız, İvesi ve Merinoslarda sırasıyla 75,36; 67,54 ve 71,17; Cheng vd. (2023)'nin Hu, Tan ve Dorperlerde 65,64; Çilek ve Gotoh (2014)'un Malyalarda 64,53 ve Yavuz (2015)'un Akkaramanlarda 62,56 cm şeklindeki bulgularının gerisindedir.

4.1.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri

Bu çalışmada 60. gün MLD alanı için en küçük kareler genel ortalaması $5,020 \pm 0,090$ cm² olmuştur. Bu bulgu Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve dişilerde bildirdikleri 5,79 ve 5,75 cm²'nin gerisindedir. Çalışmada 90. gün MLD alanına yönelik en küçük kareler genel ortalaması $6,293 \pm 0,094$ cm² bulunmuştur. Bu değer Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve dişilerde saptadıkları 7,15 – 7,42 cm²'nin gerisindedir. Çalışmada süttten kesim MLD alanına yönelik en küçük kareler genel ortalaması $7,718 \pm 0,106$ cm² bulunmuştur. Bu sonuç Çelikeloğlu vd. (2022)'nin Ramlıç melezlerinde 9,60 – 17,16 cm² ve Tekerli vd. (2022)'nin Ramlıçlarda tespit ettikleri 10,58 cm²'nin gerisinde olmuştur. Aynı değer Koçak vd. (2024)'nin Pırlak, Teksell ve

melezlerinde (%75 Pırlak, %25 Teksel) ortalama 9,50 ve Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve diřilerde 9,56 ve 9,39 cm² bildiriřlerinin gerisinde olurken Cemal vd. (2007)'nin Kıvırcıklarda 6,91 ve Martyniuk vd. (2001)'nin Olkuska kuzularında tespit ettikleri 6,81 cm²'nin ilerisinde bulunmuřtur.

Bu alıřmada 60. gn MLD derinlięi iin en kk kareler genel ortalaması 1,7454 ± 0,0204 cm bulunmuřtur. Bu bulgu Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve diřilerde 1,82 ve 1,81 cm'in hemen gerisindedir. alıřmada 90. gn MLD derinlięine ynelik en kk kareler genel ortalaması 2,010 ± 0,021 cm olmuřtur. Bu deęer Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve diřilerde 1,97 ve 2,09; Yılmaz vd. (2011)'nin Kıvırcık melezlerinde 1,99 ve Alarslan vd. (2023)'nin 3,5 – 4 aylık yařtaki Kıvırcıklarda bildirdikleri 1,94 cm ile yakındır. Aynı bulgu Esen ve Esen (2023)'nin Kıvırcık, Karacabey Merinosu, Ramlı, Alman siyah Bařlı Et x Kıvırcık melezi ve Hampshire Down x Merinos melezlerinde 2,27 – 3,50 ve Milerski vd. (2006)'nin Suffolk, řarole, Teksel ve Romneylerde belirledikleri 2,36 – 2,55 cm aralıklarının gerisindedir. Bu alıřmada stten kesimde MLD derinlięine ynelik en kk kareler genel ortalaması 2,293 ± 0,024 cm bulunmuřtur. Bu bulgu elikeloęlu vd. (2022) ile Tekerli vd. (2022)'nin Ramlı ve melezlerinde buldukları 2,48 – 3,62 sınırlarının gerisindedir. Yine Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve diřilerde 2,42 ve 2,39; Koak vd. (2024)'nin Pırlak, Teksel ve melezlerinde (%75 Pırlak %25 Teksel) ortalama 2,60 ve Lambe vd. (2010)'nin yaklaşık 150 gnlk Teksel x İsko Katır koyunu melezleri iin bildirdikleri 2,37 – 2,52 cm aralıęının gerisindedir. Aynı bulgu Masri vd. (2011)'nin Texel x İsko Katır koyunu ve Poll Dorset x İsko Katır koyunu melezlerinde yaklaşık 150 gnlk yařta bildirdikleri 2,24 ile 2,47 cm ile yakın benzerliktedir. Bulgu Kvame ve Vangen (2007)'in Norve Beyaz koyunu ve Teksel melezlerinde 2,35 ile 2,50 cm deęerlerinin hemen gerisindedir. Aynı deęer Yılmaz vd. (2016)'nin Dorper ve Dorper x Merinos melezlerinde ortalama 156 gnlk yařta 1,74; Yılmaz vd. (2014)'nin Karya, Kıvırcık ve Karacabey Merinoslarında 2,09; Martyniuk vd. (2001)'nin Olkuska kuzularında 1,95 ve Cemal vd. (2007)'nin Kıvırcıklarda 1,96 cm tespit ettikleri MLD derinliklerinin ilerisindedir.

Bu alıřmada 60. gn deri altı yaę kalınlıęı iin en kk kareler genel ortalaması 0,395 ± 0,005 cm bulunmuřtur. Bu Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve diřilerde

0,18 ve 0,17 cm bildirişlerinin ilerisinde olmuştur. Bu çalışmada 90. gün deri altı yağ kalınlığına yönelik en küçük kareler genel ortalaması $0,423 \pm 0,004$ cm bulunmuştur. Aynı değer Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve dişilerde 0,27 ve 0,30; Milerski vd. (2006) Suffolk, Şarole, Teksel ve Romneylerde 0,28 ile 0,37 cm; Yılmaz vd. (2011)'nin Kıvırcık melezlerinde 0,23 ve Alarslan vd. (2023)'nin Kıvırcıklarda bildirdikleri 0,20 cm'in ilerisindedir. Bu çalışmada süttten kesim deri altı yağ kalınlığına yönelik en küçük kareler genel ortalaması $0,432 \pm 0,008$ cm bulunmuştur. Bulgu Çelikelođlu vd. (2022)'nin Ramlıç melezlerinde 0,55 – 0,79; Tekerli vd. (2022)'nin Ramlıçlarda 0,67 ve Koçak vd. (2024)'nin Pırlak, Teksel ve melezlerinde (%75 Pırlak, %25 Teksel) 0,59 cm bildirişlerinin gerisindedir. Aynı değer Martyniuk vd. (2001)'nin Olkuska kuzularda 0,20; Stanford vd. (2001)'nin Suffolk melezi erkek ve dişilerde 0,32 ve 0,34; Masri vd. (2011)'nin Texel ve Poll Dorset ırkı koçların İskoç katır koyunları ile melezlenmesi ile elde edilen iki farklı hattan kuzuda 0,30 ile 0,37; Kvame ve Vangen (2007)'in Norveç Beyaz koyunu ve Teksel melezlerinde 0,17 ile 0,18; Yılmaz vd. (2016)'nin Dorper ve Dorper x Merinos melezlerinde 0,17; Yılmaz vd. (2014)'nin Karya, Kıvırcık ve Karacabey Merinoslarında 0,31 ve Cemal vd. (2007)'nin Kıvırcıklarda 0,12 cm bildirdikleri ölçümlerin ilerisindedir.

Fenotipik bulgulara ilişkin tartışmalar sonunda literatür bildirişleriyle bir dizi farklılıklar olduğu değerlendirilmiştir. Bu durumun genotip, bakım ve besleme, coğrafya, mevsim, ölçüm yapan kişi gibi etkenler ve ölçüm yöntemleri ile kullanılan istatistiksel metotlardan kaynaklanmış olabileceđi düşünölmektedir.

4.2. Genom Boyu İlişkilendirme Analizleri

Bu bölümde genom boyu ilişkilendirme analizlerinde büyüme ve ultrasonik karkas özellikleri için genom ve kromozom çapında önemli ($p < 0,000001$; $p < 0,000026$) oldukları tespit edilen SNP'ler tartışılmıştır. Bununla beraber konunun yeni olması ve sınırlı sayıda literatür bulunması nedeniyle kimi özelliklerde kaynaklarla tartışma imkânı elde edilememiş, ancak bazı çıkarımlar yapılmıştır. Bu doğrultuda izleyen alt başlıklarda yalnızca daha önce yapılmış çalışmalarla tartışılabilen SNP ve özelliklere yer verilmiştir.

4.2.1. Büyüme Özellikleri

Bu çalışmada 90. gün ve sütten kesim ağırlıkları ile 60. gün incik çevresine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.3, 3.7) CAMKMT geni üzerinde oldukları tespit edilmiştir. Bu genin koyunlarda büyüme özellikleri ve et verimi bakımından etkili olabileceği bildirilmiştir (Zhang vd., 2013; Ma vd., 2016; Zamani vd., 2018). CAMKMT geninin kodladığı enzim kalsiyuma bağlı iletim yollarında önemli bir görev almakta olup, kalsiyum bağlama yoluyla kas hücresi aktivitelerinde ve beden gelişiminde görev aldığı ifade edilmektedir. Ayrıca bu genin ilişkili olduğu yolaklar arasında protein metabolizması süreçlerinin de yer aldığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 9: CAMKMT; Haziza vd., 2015; Ma vd., 2016). Bu bağlamda, CAMKMT'nin büyüme özellikleri olan canlı ağırlık ve incik çevresi üzerinde dolaylı olarak bir etki meydana getirebileceği düşünülebilir.

İncelenen özelliklerden 90. gün cidago yüksekliği ve 90. gün göğüs genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.4, 3.8) GRID2 geninde intron üzerinde oldukları saptanmıştır. Bu genin Akkaramanlarda büyüme ve lineer tip özellikleri, İzlanda koyunlarında kaslanma, Hanwoo sığırlarında karkas ağırlığı, deri altı yağ kalınlığı ve longissimus dorsi kasının alanı ile ilişkisi olduğu ifade edilmiştir (Lee vd., 2012; Guðmundsdóttir, 2015; Kızılaslan vd., 2022; Romaniuk vd., 2024). Cidago yüksekliği ve göğüs genişliği kuzunun kas ve iskelet sisteminin gelişiminin bir göstergesi olarak değerlendirilebilir. Bu genin iyonotropik glutamat reseptörleri ailesinin bir üyesi olarak, özellikle serebellar Purkinje hücrelerinde ifade bulunduğu ve memeli beyninde baskın uyarıcı nörotransmitter reseptörlerinin bir parçası olduğu ifade edilmektedir (İnt. Kay. 8: GRID2). Genin kodladığı proteinin sinir sistemi üzerindeki etkisi yoluyla kas ve iskelet gelişimine etki edebileceği düşünülebilir.

Sütten kesimde sağrı yüksekliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizi sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.13) TMEM72 geninin yakınlarında olduğu saptanmıştır. TMEM72 geninin besi sığırlarında günlük canlı ağırlık artışı ve buzağılama kolaylığı gibi özelliklerle ilişkilendirildiği, özellikle Şarole ırkında güç doğumda önemli olduğu bildirilmiştir (Purfield vd., 2020; Zhang vd.,

2020). TMEM72 geni, özellikle böbrekte ifade edilen bir transmembran proteini kodlamaktadır. Transmembran proteinleri, hücrelerin hayatta kalması ve büyümesi için kritik öneme sahip çeşitli biyolojik fonksiyonlarda rol oynadığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 10: TMEM72; Cosson vd., 2013; Tsirigos vd., 2018). Sözü geçen genin bu mekanizmalarla büyümeye dolaylı bir etkisi olabileceği söylenebilir.

Bu çalışmada sütten kesimde göğüs çevresi ve 60. gün sağrı genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.6, 3.11) NCAM2 geninin yakınında oldukları saptanmıştır. Bu genin Çin Simentallerinde vücut ağırlığı üzerine etkili olabilecek bir aday gen olduğu bildirilmiştir (Du vd., 2021). İnsanlarda bu gen yakınlarında bulunan başka bir SNP'nin bel çevresi ile ilişkili olabileceği ifade edilmiştir (Wang vd., 2011). Bu genin kodladığı proteinin immünoglobulin süper ailesine ait ve sinirsel iletim mekanizmalarında önemli bir rol oynadığı belirtilmektedir (İnt. Kay. 14: NCAM2; Shin vd., 2014; Parcerisas vd., 2020). Bu mekanizmaların göğüs çevresi ve sağrı genişliği gibi hayvanların büyüme performansını yansıtan özellikler üzerine etkili olabileceği düşünülebilir.

Bu çalışmada 60. gün göğüs genişliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizinde genom çapında önemli ($p < 0,000001$) bulunan bir SNP'nin (Çizelge 3.8) SOX14 geninin ve kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) olan diğer SNP'lerin de (Çizelge 3.8) SATB2, CCDC85A ve FGF9 genlerinin yakınında ve DACH1 ve AGBL4 genlerinde intron üzerinde oldukları tespit edilmiştir. Bu genlerden SOX14'ün kodladığı proteinin embriyonik gelişimde ve hücrelerin farklılaşma mekanizmalarında görev aldığı (gencard) dikkate alındığında genin büyüme ve farklı verim özellikleri üzerinde rol oynayabileceği düşünülebilir. Nitekim Argyriadou vd. (2023) Frizarta koyunlarında SOX14'ün laktasyonda inişe karşı direnme gücüne etkili olabileceğini bildirmişlerdir. Li vd. (2024) domuzlarda SATB2 geninin iskelet kası hücrelerinin düzenlenmesinin moleküler mekanizmasında ve Zhao vd. (2014) SATB2'nin iskelet oluşumu üzerinde rolü olabileceğini aktarmışlardır. C. T. Liu vd. (2013) SATB2 geninin yakınında bir SNP'nin kadınlarda bel çevresi ile ilgili olabileceğini ifade etmişlerdir. SATB2 proteinin iskelet gelişimi ve osteoblast farklılaşmasında önemli bir işlev görebileceği bildirilmiştir (İnt. Kay. 15: SATB2,). Bu doğrultuda SATB2 geninin iskelet sistemi üzerine etkili olabileceği değerlendirilebilir. Higgins vd. (2018) İrlanda'da etçi sığırlarda günlük canlı

ağırlık artışı üzerine önemli buldukları bir SNP'nin yakınlarında CCDC85A geni olduğunu bildirmişlerdir. Bu geni Olivieri vd. (2016) Nellore sığırlarında kuru madde tüketimi ile ilgili aday gen olarak bildirmişlerdir. Yine Wang vd. (2022) Holştaynlarda bu genin yakınlarında somatik hücre skoruyla ilgili bir SNP tespit etmişlerdir. Bu genin kodladığı proteinin epitel gelişiminde rol oynadığı bildirilmektedir (İnt. Kay. 16: CCDC85A). Mevcut çalışmada tespit edilen SNP'nin bu gen ile yakın olması bir ilişki ve buna bağlı olarak da genin dolaylı bir etkisinin olabileceğini düşündürmektedir. Farklı kaynaklar (İnt. Kay. 13: FGF9; Gao vd., 2018) FGF9 geninin büyüme ve gelişim mekanizmalarında etkili olabileceğini göstermekte olup, mevcut çalışmada tespit edilen SNP'nin bu gen ile ilişkili olabileceği düşünülebilir. DACH1 geninin hücre döngüsü, embriyonik gelişim ve karkas ağırlığı gibi süreç ve özellikler üzerine etkili olabileceği farklı literatürler (İnt. Kay. 11: DACH1; R. Liu vd., 2013; Tao vd., 2021) tarafından bildirilmekte olup, mevcut çalışmada belirlenen SNP'nin bu gene yakınlığı dikkat çekicidir. AGL4 genine ilişkin farklı literatürler (Akanno vd., 2018; Wang vd., 2021; Wei vd., 2024) bu genin sığırlarda canlı ağırlık, domuzlarda kas gelişimi ve et kalitesi ve tavuklarda yağ dokusu gelişimi üzerinde etkili olabileceğini bildirmektedir. Ayrıca genin protein metabolizması süreçlerinde de rol oynadığı da ifade edilmektedir (İnt. Kay. 7: AGL4). Mevcut çalışmada genin intronunda bulunan SNP'nin göğüs genişliği ile ilişkili olduğu göz önünde bulundurulduğunda bu sonucun literatür bildirişlerini destekler yönde olduğu görülmektedir.

4.2.2. Ultrasonik Karkas Özellikleri

Bu çalışmada 60. gün MLD alanı ve derinliğine yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.15, 3.17) SLC7A11 geninin yakınında olduğu saptanmıştır. Wang vd. (2022) Holştayn sığırlarında vücut konformasyon özellikleri ile ilgili buldukları SNP'lerin bu genin yakınında olduğunu bildirmişlerdir. Mevcut çalışmada bulunan SNP'nin bu gene yakınlığı benzer bir etkinin burada da geçerli olabileceğini düşündürmektedir.

Bu çalışmada süttten kesimde MLD alanına yönelik genom boyu ilişkilendirme analizleri sonucunda kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin (Çizelge 3.15) KIF2B geninin yakınında olduğu saptanmıştır. Bu genin ATP hidroliz ve hücre sel dinamiklerin düzenlemesi ve normal işleyişte önemli olan mikrotübül motor aktivitesinde

etkili olduđu ve ayrıca domuzlarda adaptasyon ile iliřkisi olabileceđi ifade edilmiřtir (İnt. Kay. 18: KIF2B; Ai vd., 2015). Bu durum bulunan SNP bađlamında ilgili genin sz geen hcresel mekanizmalar yoluyla bymeye etkisinin olabileceđini dřndrmektedir.

alıřmada farklı zelliklerde kromozom apında nemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP'lerin ierisinde veya yakınında bulunan LOC101104580, LOC101118943, LOC105612888, LOC105612749 ve LOC101119322 genlerine iliřkin literatr bilgisine rastlanılmamıřtır.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Farklı düzeylerde Ramlıç ve Merinos genotipi taşıyan kuzularda genom boyu ilişkilendirme analiziyle büyüme ve ultrasonik karkas özelliklerine ilişkin aday gen bölgelerinin tespit edilmesinin amaçlandığı bu çalışmada bulgular ve tartışmalar sonunda; Kuzuların söz konusu özelliklerdeki performansı en küçük kareler analizlerine göre Türkiye’de yetiştirilen diğer genotipler ile yakın benzerlikte bulunmuştur. Başarılı bir genom boyu ilişkilendirme analizi için çevresel faktörlerin göz önünde bulundurulması gerektiği bu çalışma ile de doğrulanmıştır. GBIA sonucunda fikir verici düzeyde önemli ($p < 0,0001$) oldukları tespit edilen SNP’lerden 10’unun canlı ağırlık, 85’inin vücut ölçüleri ve 21 tanesinin de ultrasonik karkas özellikleri ile ilişkili olabileceği tespit edilmiştir. Bunlardan altı SNP’nin canlı ağırlık ve vücut ölçülerinde ve iki SNP’nin de hem vücut ölçüleri hem de ultrasonik karkas özelliklerinde ortak olduğu tespit edilmiştir. Bir SNP 60. gün göğüs genişliği özelliğinde genom çapında önemli ($p < 0,000001$) bulunmuş, kromozom çapında ise canlı ağırlıkta iki, vücut ölçülerinde 17 ve ultrasonik karkas özelliklerinde üç olmak üzere toplam 22 SNP’nin önemli ($p < 0,000026$) olduğu saptanmıştır. Bunlardan iki SNP’nin canlı ağırlık ve vücut ölçülerinde ortak bulunduğu belirlenmiştir. Kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan s34488.1 ve OAR3_84330139.1 kodlu SNP’lerin 60. gün incik çevresini, 90. gün ve sütten kesim ağırlıklarını ve benzer şekilde OAR6_34825741.1 kodlu SNP’nin 90. gün cidago yüksekliği ve göğüs genişliği ile sütten kesimde sağrı yüksekliğini ortak etkileyebilecekleri kanaati oluşmuştur. Manhattan grafikleri bir özelliği etkileyen SNP’lerin birden çok kromozoma yayılabildiğini göstermiştir. Markör yardımcı seleksiyon programlarında bu durumun dikkate alınmasında yarar olacağı düşünülmektedir. Kromozom çapında önemli ($p < 0,000026$) bulunan SNP’lerden yedisi farklı genlerin intron (CAMKMT, GRID2, AGBL4, DACH1) bölgelerinde ve 13’ü de ilgili genlere (NCAM2, SATB2, CCDC85A, FGF9, TMEM72, SLC7A11, KIF2B) yakın bulunmuştur. Genom çapında önemli ($p < 0,000001$) olduğu tespit edilen ve birinci kromozomda yer alan OAR1_269524758.1 kodlu SNP SOX14 geninin yakınında tespit edilmiştir. Fikir verici düzeyde ($p < 0,0001$) dahil olmak üzere SNP’lerin farklı ancak yakın genlerin aynı olduğu göz önünde bulundurulduğunda ise TMEM108 geninin 60. gün ağırlığı, 90. gün ağırlığı ve incik çevresi ve sütten kesimde göğüs genişliği, SOX14 geninin 60. gün ağırlığı, göğüs çevresi, göğüs genişliği ve sağrı genişliği, PPP1R37

geninin 60. gün MLD derinliđi ve MLD alanı, 90. gün MLD derinliđi ve MLD alanı, UBE2U geninin 60. gün MLD alanı ve sütün kesimde sađrı geniřliđi, GRID2 geninin sütün kesimde cidago ve sađrı yksekliđi, 90. gün gđs geniřliđi ve cidago yksekliđi, NCAM2 geninin 60. gün sađrı geniřliđi ve sütün kesimde gđs evresi ve CAMKMT geninin 60. gün incik evresi, 90. gün ađırlıđı, incik evresi ve vcut uzunluđu ve sütün kesim ađırlıđı zellikleriyle muhtemel iliřkileri olabileceđi kanaatine varılmıřtır. Farklı zelliklerde aynı SNP'lerin veya genlerin etkili olabileceđini dřndren bu durumun pleiotropik nedenlerden kaynaklanmıř olması muhtemeldir. Ayrıca intron blgelerinde bulunan nemli SNP'lerin, ekzonlardaki nedensel mutasyonlarla etkileřime girmeleri, mRNA u birleřtirme (ing: splicing) srelerini etkilemesi ve bu mekanizmalar aracılıđıyla fenotipik zelliklerde deđiřimlere yol amaları olasıdır. nem dzeyi 0,00001'i ařan SNP'lerin 500kb sađ ve solundaki alanlarda gerekleřtirilen haplotip analizlerinde 90. gün cidago yksekliđinde bir, 60. gün gđs geniřliđinde drt, 90. gün gđs geniřliđinde iki, 60. gün sađrı geniřliđinde bir ve 60. gün MLD alanında bir BD blođunun olduđu saptanmıřtır. Bu bloklarda bulunan SNP'ler arasında bir bađ olduđunu gsteren D' deđerlerinin yksek olduđu LOD deđerleri vasıtasıyla bunların anlamlı bulunduđu ancak belirli zelliklerde bu bađın gcn gsteren r^2 deđerlerinin dřk olduđu saptanmıřtır. Daha byk rneklerle bu durumun net bir řekilde aydınlatılabileceđi dřnlmektedir. Sonu olarak; bu alıřma kapsamında zerinde durulan karakterlerle ilgili olası aday nicel zellik lokuslarının belirlenmesine ynelik ileri dzeyli ve daha geniř kapsamlı arařtırmaların yapılmasında yarar olduđu kanaatine varılmıřtır.

6. KAYNAKLAR

- Ai H., Fang X., Yang B., Huang Z., Chen H., Mao L., Zhang F., Zhang L., Cui L., He W., Yang J., Yao X., Zhou L., Han L., Li J., Sun S., Xie X., Lai B., Su Y., Lu Y., Yang H., Huang T., Deng W., Nielsen R., Ren J., Huang L. (2015). Adaptation and possible ancient interspecies introgression in pigs identified by whole-genome sequencing. *Nat Genet*, 47(3): 217-225.
- Akanno E. C., Chen L., Abo-Ismael M. K., Crowley J. J., Wang Z., Li C., Basarab J. A., MacNeil M. D., Plastow G. S. (2018). Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle 06 Biological Sciences 0604 Genetics. *Genetics Selection Evolution*, 50(1): 1-13.
- Akçapınar H., Özbeyaz C. (2021). Hayvan Yetiştiriciliği (Temel Bilgiler)., Medisan, Ankara.
- Aktaş A. H., Dursun S., Dogan S., Kiyima Z., Demirci U., Halici I. (2015). Effects of ewe live weight and age on reproductive performance, lamb growth, and survival in Central Anatolian Merino sheep. *Arch Anim Breed*, 58(2): 451-459.
- Aktaş A. H., Dursun Ş., Halıcı İ., Demirci U., Akil K., Büyükbaş L. (2016). Orta anadolu merinosu kuzuların yetiştirici şartlarında büyüme ve yaşama gücü özellikleri. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 56(1): 13-19.
- Alarслан E., Aygün T. (2019). Yalova'da Yetiştirilen Kıvrıcık Kuzularında Büyüme-Gelişme ve Bazı Morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi. *Hayvansal Üretim*, 60(1): 39-50.
- Alarслан E., Aygün T., Kaçar N. (2023). Loin Eye Muscle Ultrasonic Measurements, Live Weight and Some Body Measurements in Yalova Kıvrıcık Lambs. *Hayvansal Üretim*, 64(1): 1-5.
- Aliloo H., Pryce J. E., González-Recio O., Cocks B. G., Hayes B. J. (2015). Validation of markers with non-additive effects on milk yield and fertility in Holstein and Jersey cows. *BMC Genet*, 16(1): 1-16.

- Almasi M., Zamani P., Mirhoseini S. Z., Moradi M. H. (2021). Genome-wide association study for postweaning weight traits in Lori-Bakhtiari sheep. *Trop Anim Health Prod*, 53(1).
- Almasi M., Zamani P., Mirhoseini S. Z., Moradi M. H. (2020). Genome-Wide Association Study of Weaning Traits in Lori-Bakhtiari Sheep. *Annals of Animal Science*, 20(3): 811-824.
- Argyriadou A., Michailidou S., Vouraki S., Tsartsianidou V., Triantafyllidis A., Gelasakis A., Banos G., Arsenos G. (2023). A genome-wide association study reveals novel SNP markers associated with resilience traits in two Mediterranean dairy sheep breeds. *Front Genet*, 14: 1-13.
- Asif H., Alliey-Rodriguez N., Keedy S., Tamminga C. A., Sweeney J. A., Pearlson G., Clementz B. A., Keshavan M. S., Buckley P., Liu C., Neale B., Gershon E. S. (2021). GWAS significance thresholds for deep phenotyping studies can depend upon minor allele frequencies and sample size. *Mol Psychiatry*, 26(6): 2048-2055.
- Aslam M. L., Carraro R., Sonesson A. K., Meuwissen T., Tsigenopoulos C. S., Rigos G., Bargelloni L., Tzokas K. (2020). Genetic Variation, GWAS and Accuracy of Prediction for Host Resistance to *Sparicotyle chrysophrii* in Farmed Gilthead Sea Bream (*Sparus aurata*). *Front Genet*, 11: 1-14.
- Barrett J. C., Fry B., Maller J., Daly M. J. (2005). Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics*, 21(2): 263-265.
- Behrem S. (2021). Estimation of genetic parameters for pre-weaning growth traits in Central Anatolian Merino sheep. *Small Ruminant Research*, 197: 1-5.
- Cao Y., Song X., Shan H., Jiang J., Xiong P., Wu J., Shi F., Jiang Y. (2020). Genome-Wide Association Study of Body Weights in Hu Sheep and Population Verification of Related Single-Nucleotide Polymorphisms. *Front Genet*, 11.
- Castillo P. E., Macedo R. J., Arredondo V., Zepeda J. L., Valencia-Posadas M., Haubi C. U. (2023). Morphological Description and Live Weight Prediction from Body Measurements of Socorro Island Merino Lambs. *Animals*, 13(12): 1-11.

- Cemal İ., Karaca O., Altın T., Gokdal O., Yılmaz M., Yılmaz O. (2007). Ultrasound measurements of eye muscle properties and backfat thickness in Kivircik lambs. *Journal of Biological Sciences*, 7(1): 89-94.
- Ceyhan A., Sezenler T., Yildirir M., Erdogan I. (2010). Ramlıç koyunlarının üreme performansı ve kuzuların büyüme özellikleri. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 16(2): 213-216.
- Ceyhan A., Şekeroğlu A., Duman M. (2019). Niğde İlinde Yetiştirilen Akkaraman Irkı Koyunların Bazı Döl Verim Özellikleri ve Kuzuların Büyüme Performansı. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 7(10): 1509-1514.
- Cheng J., Wang W., Zhang D., Zhang Y., Li X., Zhao Y., Xu D., Zhao L., Li W., Wang J., Zhou B., Lin C., Yang X., Zhang X. (2023). Identification of polymorphic loci in OSMR and GHR genes and analysis of their association with growth traits in sheep. *Anim Biotechnol*, 34(7): 2546-2553.
- Cosson P., Perrin J., Bonifacino J. S. (2013). Anchors aweigh: Protein localization and transport mediated by transmembrane domains. *Trends Cell Biol*, 23(10): 511-517.
- Çelikeloğlu K., Tekerli M., Erdoğan M., Koçak S., Yazıcı E., Hacan Ö., Bozkurt Z., Çinkaya S., Demirtaş M. (2022). Marker-assisted introgression of myostatin from Texel to Ramlıç sheep: Growth and real-time ultrasound carcass traits in F1 and BC1 lambs. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 69(1): 25-31.
- Çetin H., Akçapınar H. (2005). Merinoslarda Yılda İki Kuzulatmanın Kuzularda Yaşama Gücüne ve Büyümeye Etkisi. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 45(2): 58-34.
- Çilek S., Gotoh T. (2014). Effects of dam age, lamb gender, and singleton or twin status on body size of Malya Lambs in Middle Anatolia, Turkey. *Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University*, 59(2): 313-320.
- Çilek S., Gotoh T. (2015). Effects of dam age, lamb gender, and singleton or twin status on bodyweight and chest measurements of Malya lambs in Middle Anatolia, Turkey. *Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University*, 60(2): 371-375.

- Çulha E. (2019). Ekstansif Koşullarda İvesi, Merinos ve Sakız Irkı Kuzularda Bazı Büyüme Özelliklerinin Belirlenmesi. T.C. Burdur Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü.
- Ding X., Zhang Z., Hu R., Wen Y., Huang Y., Shi Q., Feng Y., Wang E., Lei C., He H. (2022). A molecular marker of milk composition traits in NCAM2 gene of Chinese Holstein. *Anim Biotechnol*, 33(1): 79-84.
- Du L., Duan X., An B., Chang T., Liang M., Xu L., Zhang L., Li J., Guangxin E., Gao H. (2021). Genome-wide association study based on random regression model reveals candidate genes associated with longitudinal data in Chinese simmental beef cattle. *Animals*, 11(9): 1-16.
- Gao X., Stamer J., Martin E. R. (2008). A multiple testing correction method for genetic association studies using correlated single nucleotide polymorphisms. *Genet Epidemiol*, 32(4): 361-369.
- Gao X., Yao X., Yang H., Deng K., Guo Y., Zhang T., Zhang G., Wang F. (2018). Role of FGF9 in sheep testis steroidogenesis during sexual maturation. *Anim Reprod Sci*, 197: 177-184.
- Ghasemi M., Zamani P., Vatankhah M., Abdoli R. (2019). Genome-wide association study of birth weight in sheep. *Animal*, 13(9): 1797-1803.
- Gholizadeh M., Rahimi-Mianji G., Nejati-Javaremi A. (2015). Genomewide association study of body weight traits in Baluchi sheep. *J Genet*, 94(1): 143-146.
- Gualdrón Duarte J. L., Yuan C., Gori A.-S., Moreira G. C. M., Takeda H., Coppieters W., Charlier C., Georges M., Druet T. (2023). Sequenced-based GWAS for linear classification traits in Belgian Blue beef cattle reveals new coding variants in genes regulating body size in mammals. *Genetics Selection Evolution*, 55(1): 1-17.
- Guang-Xin E., Basang W. D., Zhu Y. Bin (2019). Whole-genome analysis identifying candidate genes of altitude adaptive ecological thresholds in yak populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136(5): 371-377.

- Guðmundsdóttir Ó. Ó. (2015). Genome-wide association study of muscle traits in Icelandic sheep. (Doktora Tezi).
- Gutierrez A. P., Yáñez J. M., Fukui S., Swift B., Davidson W. S. (2015). Genome-Wide association study (GWAS) for growth rate and age at sexual maturation in atlantic salmon (*Salmo salar*). *PLoS One*, 10(3): 1-15.
- Günaydın G. (2009). Koyun Yetiştiriciliğinin Ekonomi Politikası. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23(2): 15-32.
- Gürtan K. (1979). İstatistik ve Araştırma Metodları., İstanbul Üniversitesi Yayınları, İstanbul.
- Haziza S., Magnani R., Lan D., Keinan O., Saada A., Hershkovitz E., Yanay N., Cohen Y., Nevo Y., Houtz R. L., Sheffield V. C., Golan H., Parvari R. (2015). Calmodulin Methyltransferase Is Required for Growth, Muscle Strength, Somatosensory Development and Brain Function. *PLoS Genet*, 11(8): 1-22.
- Higgins M. G., Fitzsimons C., McClure M. C., McKenna C., Conroy S., Kenny D. A., McGee M., Waters S. M., Morris D. W. (2018). GWAS and eQTL analysis identifies a SNP associated with both residual feed intake and GFRA2 expression in beef cattle. *Sci Rep*, 8(1): 1-12.
- Hinrichs A. L., Larkin E. K., Suarez B. K. (2009). Population stratification and patterns of linkage disequilibrium. *Genet Epidemiol*, 33(SUPPL. 1): 88-92.
- İnt. Kay. 1: FAO (2023). Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture. <https://www.fao.org/cgrfa/en>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 2: FAOSTAT FAOSTAT. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 3: TÜİK TÜİK - Veri Portalı. <https://data.tuik.gov.tr/>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 4: TAGEM (2023). Damızlık Koç Kataloğu. TAGEM, https://arastirma.tarimorman.gov.tr/koyunculuk/Belgeler/dam%C4%B1z%C4%B1k%20koc%202023/koc_katalogu_2023.pdf, 27/08/2024.

- İnt. Kay. 5: TÜİK TÜİK Kurumsal. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Kirmizi-Et-Uretim-Istatistikleri-2023-53540>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 6: TÜİK TÜİK Kurumsal. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Cig-Sut-Uretim-Istatistikleri-2023-53542>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 7: AGL4 AGL4 Gene - GeneCards | CBPC6 Protein | CBPC6 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=AGL4>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 8: GRID2 GRID2 Gene - GeneCards | GRID2 Protein | GRID2 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=GRID2#summaries>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 9: CAMKMT CAMKMT Gene - GeneCards | CMKMT Protein | CMKMT Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=CAMKMT&keywords=CAMKMT#summaries>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 10: TMEM72 TMEM72 Gene - GeneCards | TMM72 Protein | TMM72 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=TMEM72&keywords=TMEM72#summaries>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 11: DACH1 DACH1 Gene - GeneCards | DACH1 Protein | DACH1 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=DACH1&keywords=DACH1#summaries>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 12: SLC7A11 SLC7A11 Gene - GeneCards | XCT Protein | XCT Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=SLC7A11&keywords=SLC7A11#summaries>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 13: FGF9 FGF9 Gene - GeneCards | FGF9 Protein | FGF9 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=FGF9&keywords=FGF9>, 26/08/2024.
- İnt. Kay. 14: NCAM2 NCAM2 Gene - GeneCards | NCAM2 Protein | NCAM2 Antibody. <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=NCAM2&keywords=NCAM2#summaries>, 26/08/2024.

- İnt. Kay. 15: SATB2 SATB2 Gene - GeneCards | SATB2 Protein | SATB2 Antibody.
<https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=SATB2&keywords=SATB2>,
26/08/2024.
- İnt. Kay. 16: CCDC85A CCDC85A Gene - GeneCards | CC85A Protein | CC85A
Antibody. [https://www.genecards.org/cgi-
bin/carddisp.pl?gene=CCDC85A&keywords=CCDC85A](https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=CCDC85A&keywords=CCDC85A), 26/08/2024.
- İnt. Kay. 17: SOX14 SOX14 Gene - GeneCards | SOX14 Protein | SOX14 Antibody.
[https://www.genecards.org/cgi-
bin/carddisp.pl?gene=SOX14&keywords=SOX14#summaries](https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=SOX14&keywords=SOX14#summaries), 26/08/2024.
- İnt. Kay. 18: KIF2B KIF2B Gene - GeneCards | KIF2B Protein | KIF2B Antibody.
[https://www.genecards.org/cgi-
bin/carddisp.pl?gene=KIF2B&keywords=KIF2B#summaries](https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=KIF2B&keywords=KIF2B#summaries), 26/08/2024.
- İnt. Kay. 19 Minitab 18. <https://www.minitab.com/en-us/products/minitab>, 27/08/2024.
- İnt. Kay. 20: NCBI (2024). National Center for Biotechnology Information (NCBI).
*Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for
Biotechnology Information*, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, 06/09/2024.
- Jiang J., Cao Y., Shan H., Wu J., Song X., Jiang Y. (2021). The GWAS Analysis of Body
Size and Population Verification of Related SNPs in Hu Sheep. *Front Genet*, 12: 1-
9.
- Kader Esen V., Esen S. (2023). Association of the IGF1 5'UTR Polymorphism in Meat-
Type Sheep Breeds Considering Growth, Body Size, Slaughter, and Meat Quality
Traits in Turkey. *Vet Sci*, 10(4): 1-16.
- Kader-Esen V., Esen S., Karadag O., Elmaci C. (2022). Genotypic characterization of
meat-type lambs expressing the callipyge gene in Turkey: II. Effect on body indexes.
Small Ruminant Research, 208: 1-8.
- Kaymakçı M., Taşkın T. (2008). Türkiye Koyuncululuğunda Melezleme Çalışmaları.
Hayvansal Üretim, 49(2): 43-51.

- Keçici P. D., Öztürk N., Coşkun R., Ekiz B. (2021). Effects of certain environmental factors on growth performances of Kivircik lambs. *Journal of Research in Veterinary Medicine*, 40(2): 106-115.
- Kızılaslan M., Arzık Y., Behrem S. (2024). Genetic parameters for ewe lifetime productivity traits in Central Anatolian Merino sheep. *Small Ruminant Research*, 233: 1-6.
- Kızılaslan M., Arzık Y., White S. N., Piel L. M. W., Çınar M. U. (2022). Genetic Parameters and Genomic Regions Underlying Growth and Linear Type Traits in Akkaraman Sheep. *Genes (Basel)*, 13(8): 1-15.
- Koçak S., Tekerli M., Erdoğan M., Çelikeloğlu K., Yazlıc E., Bozkurt Z., Hacan Ö., Demirtaş M., Çinkaya S. (2024). Myostatin mutation (g+6723G > A) introgression: comparative analysis of growth, slaughter, and carcass traits in Texel, Plrlak, and their crosses (F1 and BC1). *Arch Anim Breed*, 67(2): 207-216.
- Kominakis A., Hager-Theodorides A. L., Zoidis E., Saridaki A., Antonakos G., Tsiamis G. (2017). Combined GWAS and ‘guilt by association’-based prioritization analysis identifies functional candidate genes for body size in sheep. *Genetics Selection Evolution*, 49(1): 41.
- Kutan P., Keskin M. (2022). Lamb development traits and phenotypic correlations between different body measurements and fattening performance characteristics in Awassi sheep. *Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 27(1): 109-114.
- Kvame T., Vangen O. (2007). Selection for lean weight based on ultrasound and CT in a meat line of sheep. *Livest Sci*, 106(2-3): 232-242.
- Lambe N. R., Macfarlane J. M., Richardson R. I., Matika O., Haresign W., Bünger L. (2010). The effect of the Texel muscling QTL (TM-QTL) on meat quality traits in crossbred lambs. *Meat Sci*, 85(4): 684-690.
- Lázaro S. F., Tonhati H., Oliveira H. R., Silva A. A., Scalez D. C. B., Nascimento A. V., Santos D. J. A., Stefani G., Carvalho I. S., Sandoval A. F., Brito L. F. (2024). Genetic parameters and genome-wide association studies for mozzarella and milk production

- traits, lactation length, and lactation persistency in Murrah buffaloes. *J Dairy Sci*, 107(2): 992-1021.
- Lee J. H., Li Y., Kim J. J. (2012). Detection of QTL for carcass quality on chromosome 6 by exploiting linkage and linkage disequilibrium in Hanwoo. *Asian-Australas J Anim Sci*, 25(1): 17-21.
- Li C., Sun D., Zhang S., Wang S., Wu X., Zhang Q., Liu L., Li Y., Qiao L. (2014). Genome wide association study identifies 20 novel promising genes associated with milk fatty acid traits in Chinese Holstein. *PLoS One*, 9(5): 1-21.
- Li F., Yan C., Yao Y., Yang Y., Liu Y., Fan D., Zhao J., Tang Z. (2024). Transcription Factor SATB2 Regulates Skeletal Muscle Cell Proliferation and Migration via HDAC4 in Pigs. *Genes (Basel)*, 15(1): 1-16.
- Liu A., Wang Y., Sahana G., Zhang Q., Liu L., Lund M. S., Su G. (2017). Genome-wide Association Studies for Female Fertility Traits in Chinese and Nordic Holsteins. *Sci Rep*, 7(1): 1-12.
- Liu C. T., Monda K. L., Taylor K. C., Lange L., Demerath E. W., Palmas W., Wojczynski M. K., Ellis J. C., Vitolins M. Z., Liu S., Papanicolaou G. J., Irvin M. R., Xue L., Griffin P. J., Nalls M. A., Adeyemo A., Liu J., Li G., Ruiz-Narvaez E. A., Chen W. M., Chen F., Henderson B. E., Millikan R. C., Ambrosone C. B., Strom S. S., Guo X., Andrews J. S., Sun Y. V., Mosley T. H., Yanek L. R., Shriner D., Haritunians T., Rotter J. I., Speliotes E. K., Smith M., Rosenberg L., Mychaleckyj J., Nayak U., Spruill I., Garvey W. T., Pettaway C., Nyante S., Bandera E. V., Britton A. F., Zonderman A. B., Rasmussen-Torvik L. J., Chen Y. D. I., Ding J., Lohman K., Kritchevsky S. B., Zhao W., Peyser P. A., Kardina S. L. R., Kabagambe E., Broeckel U., Chen G., Zhou J., Wassertheil-Smoller S., Neuhouser M. L., Rumpert E., Psaty B., Kooperberg C., Manson J. A. E., Kuller L. H., Ochs-Balcom H. M., Johnson K. C., Sucheston L., Ordovas J. M., Palmer J. R., Haiman C. A., McKnight B., Howard B. V., Becker D. M., Bielak L. F., Liu Y., Allison M. A., Grant S. F. A., Burke G. L., Patel S. R., Schreiner P. J., Borecki I. B., Evans M. K., Taylor H., Sale M. M., Howard V., Carlson C. S., Rotimi C. N., Cushman M., Harris T. B., Reiner A. P., Cupples L. A., North K. E., Fox C. S. (2013). Genome-Wide Association of

- Body Fat Distribution in African Ancestry Populations Suggests New Loci. *PLoS Genet*, 9(8): 1-16.
- Liu J., Zheng W., Wang W., Yang X., Huang Y., Cui P., Ma Z., Zeng X., Zhai R., Weng X., Wu W., Zhang X. (2024). Identification of AGO2 and PLEC genes polymorphisms in Hu sheep and their relationship with body size traits. *Anim Biotechnol*, 35(1): 1-11.
- Liu R., Sun Y., Zhao G., Wang F., Wu D., Zheng M., Chen J., Zhang L., Hu Y., Wen J. (2013). Genome-Wide Association Study Identifies Loci and Candidate Genes for Body Composition and Meat Quality Traits in Beijing-You Chickens. *PLoS One*, 8(4): 1-11.
- Lu Z., Yue Y., Yuan C., Liu J., Chen Z., Niu C., Sun X., Zhu S., Zhao H., Guo T., Yang B. (2020). Genome-wide association study of body weight traits in Chinese fine-wool sheep. *Animals*, 10(1): 1-11.
- Ma X., Guan L., Xuan J., Wang H., Yuan Z., Wu M., Liu R., Zhu C., Wei C., Zhao F., Du L., Zhang L. (2016). Effect of polymorphisms in the CAMKMT gene on growth traits in Ujumqin sheep. *Anim Genet*, 47(5): 618-622.
- Martyniuk E., Olech W., Klewicz J. (2001). Body weight and in-vivo assessed slaughter Performance in Olkuska sheep lambs. *Arch Tierz*, 44: 377-384.
- Masri A. Y., Lambe N. R., Macfarlane J. M., Brotherstone S., Haresign W., Bünger L. (2011). Evaluating the effects of a single copy of a mutation in the myostatin gene (c.*1232 G > A) on carcass traits in crossbred lambs. *Meat Sci*, 87(4): 412-418.
- Meyer K. (2022). A program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood User Notes., Animal Genetic and Breeding Units, University of New England Armidale, Australia.
- Milerski M., Margetin M., Maxa J. (2006). Factors affecting the longissimus dorsi muscle depth and backfat thickness measured by ultrasound technique in lambs. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 49: 282-288.

- Newman A. B., Walter S., Lunetta K. L., Garcia M. E., Slagboom P. E., Christensen K., Arnold A. M., Aspelund T., Aulchenko Y. S., Benjamin E. J., Christiansen L., D'Agostino R. B., Fitzpatrick A. L., Franceschini N., Glazer N. L., Gudnason V., Hofman A., Kaplan R., Karasik D., Kelly-Hayes M., Kiel D. P., Launer L. J., Marcianti K. D., Massaro J. M., Miljkovic I., Nalls M. A., Hernandez D., Psaty B. M., Rivadeneira F., Rotter J., Seshadri S., Smith A. V., Taylor K. D., Tiemeier H., Uh H. W., Uitterlinden A. G., Vaupel J. W., Walston J., Westendorp R. G. J., Harris T. B., Lumley T., Van Duijn C. M., Murabito J. M. (2010). A Meta-analysis of four genome-wide association studies of survival to age 90 years or older: The cohorts for heart and aging research in genomic epidemiology consortium. *Journals of Gerontology - Series A Biological Sciences and Medical Sciences*, 65 A(5): 478-487.
- Nguyen N. H., Rastas P. M. A., Premachandra H. K. A., Knibb W. (2018). First high-density linkage map and single nucleotide polymorphisms significantly associated with traits of economic importance in yellowtail kingfish *Seriola lalandi*. *Front Genet*, 9(APR): 1-11.
- Noyan M., Ceyhan A. (2021). Yarı Entansif Koşullarda Yetiştirilen Akkaraman Irkı Kuzuların Büyüme Performansı. *J. Agric. Food, Environ. Anim. Sci*, 2(2): 147-162.
- Olivieri B. F., Mercadante M. E. Z., Cyrillo J. N. D. S. G., Branco R. H., Bonilha S. F. M., De Albuquerque L. G., De Oliveira Silva R. M., Baldi F. (2016). Genomic regions associated with feed efficiency indicator traits in an experimental nellore cattle population. *PLoS One*, 11(10).
- Onabanjo O., Meuwissen T., Aslam M. L., Schmitt A. O., Dagnachew B. (2024). Use of whole-genome sequence data for fine mapping and genomic prediction of sea louse resistance in Atlantic salmon. *Front Genet*, 15.
- Özbaşer F. T., Akçapınar H. (2011). Orta Anadolu Şartlarında Acıpayam Koyunlarının Bazı Verim Özellikleri. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 51(1): 1-14.

- Özmen Ö., Kul S., Gök T. (2015). Elazığ ilinde halk elinde yetiştirilen akkaraman ırkı koyun ve kuzulara ait bazı verim özellikleri. *Fırat Üniversitesi Sağlık Bilimleri Veteriner Dergisi*, 29(2): 81-85.
- Parcerisas A., Pujadas L., Ortega-Gascó A., Perelló-Amorós B., Viais R., Hino K., Figueiro-Silva J., La Torre A., Trullás R., Simó S., Lüders J., Soriano E. (2020). NCAM2 Regulates Dendritic and Axonal Differentiation through the Cytoskeletal Proteins MAP2 and 14-3-3. *Cerebral Cortex*, 30(6): 3781-3799.
- Pértille F., Alvarez-Rodriguez M., da Silva A. N., Barranco I., Roca J., Guerrero-Bosagna C., Rodriguez-Martinez H. (2021). Sperm methylome profiling can discern fertility levels in the porcine biomedical model. *Int J Mol Sci*, 22(5): 1-26.
- Polatoğlu M. G. (2011). Cumhuriyet Dönemi'nde Hayvancılığın Sanayiye Tatbikine Bir Örnek: Merinos Yetiştiriciliği. *Atatürk Araştırma Merkezi Dergisi*, 35(100): 585-620.
- Purfield D. C., Evans R. D., Berry D. P. (2020). Breed- And trait-specific associations define the genetic architecture of calving performance traits in cattle. *J Anim Sci*, 98(5): 1-18.
- Ramírez-Retamal J., Morales R., Martínez M. E., de la Barra R. (2013). Effect of breed and feeding on the carcass characteristics of the Chilote breed lamb. *Chil J Agric Res*, 73(1): 48-54.
- Romaniuk E., Vera B., Peraza P., Ciappesoni G., Damián J. P., Van Lier E. (2024). Identification of Candidate Genes and Pathways Linked to the Temperament Trait in Sheep. *Genes (Basel)*, 15(2).
- Sahana G., Cai Z., Sanchez M. P., Bouwman A. C., Boichard D. (2023). Invited review: Good practices in genome-wide association studies to identify candidate sequence variants in dairy cattle. *J Dairy Sci*, 106(8): 5218-5241.
- Schneider C. A., Rasband W. S., Eliceiri K. W. (2012). NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods* 2012 9:7, 9(7): 671-675.

- Sezenler T., Soysal D., Yildirim M., Yüksel M. A., Ceyhan A., Yaman Y., Erdoğan İ., Karadağ O. (2013). Karacabey Merinos Koyunların Kuzu Verimi Ve Kuzularda Büyüme Performansı Üzerine Bazı Çevre Faktörlerinin Etkisi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 10(1): 40-47.
- Shin D. H., Lee H. J., Cho S., Kim H. J., Hwang J. Y., Lee C. K., Jeong J. Y., Yoon D., Kim H. (2014). Deleted copy number variation of Hanwoo and Holstein using next generation sequencing at the population level. *BMC Genomics*, 15(1).
- Stanford K., Bailey D. R. C., Jones S. D. M., Price M. A., Kemp R. A. (2001). Ultrasound measurement of longissimus dimensions and backfat in growing lambs: effects of age, weight and sex. *Small Ruminant Research*, 42(3): 189-195.
- Şen M., Uğurlu M. (2021). Romanov Koyun Irkında Dölverimi Özellikleri, Yaşama Gücü, Büyüme Performansı ve Bazı Vücut Ölçüleri. *Atatürk Üniversitesi Veteriner Bilimleri Dergisi*, 16(2): 155-163.
- Tao L., He X. Y., Pan L. X., Wang J. W., Gan S. Q., Chu M. X. (2020). Genome-wide association study of body weight and conformation traits in neonatal sheep. *Anim Genet*, 51(2): 336-340.
- Tao L., He X. Y., Wang F. Y., Pan L. X., Wang X. Y., Gan S. Q., Di R., Chu M. X. (2021). Identification of genes associated with litter size combining genomic approaches in Luzhong mutton sheep. *Anim Genet*, 52(4): 545-549.
- Tekerli M. (2009). Koyunculukta Refah. Çiftlik Hayvanları Refahı. (ed.) Bozkurt Zehra, Atay Basımevi, Afyonkarahisar.
- Tekerli M., Akcan A., Akıncı Z., Gündoğan M. (2001). Akkaraman, Dağlıç, Sakız ve İvesi Koyunlarının Afyon Koşullarındaki Verim Özelliklerinin Belirlenmesi., Proje Sonuç Raporu, Afyonkarahisar.
- Tekerli M., Erdogan M., Koçak S., Çelikeloglu K., Yazlıclı E., Hacıoğlu Ö., Bozkurt Z., Demirtaş M., Çinkaya S. (2022). The comparative results of myostatin introgression from donor Texel to recipient Ramıllıç sheep with the aspects of growth, pre-, and

- post-slaughter carcass traits in the second backcross generation. *Arch Anim Breed*, 65(2): 231-238.
- Tekerli M., Erdoğan M., Çelikelođlu K., Koçak S., Bozkurt Z., Hacan Ö., Çinkaya S., Demirtaş M., Arzık Y., Aydođdu A., Selçuk S. E., Akçay A. (2023). Anadolu Mandalarında Büyüme ve Süt Verim Özellikleri Yönünden Damızlık Seçimi İçin Genetik Tam Kiti Geliştirilmesi., Proje Sonuç Raporu, Afyonkarahisar.
- Tekin M. E., Gürkan M., Karabulut O., Düzgün H. (2005). Performance Testing Studies and the Selection of Hasmer, Hasak, Hasiv and Linmer Crossbreed Sheep Types: II. Pre-Weaning Growth. *Turk J Vet Anim Sci*, 29(1): 59-65.
- Tsirigos K. D., Govindarajan S., Bassot C., Västermark Å., Lamb J., Shu N., Elofsson A. (2018). Topology of membrane proteins — predictions, limitations and variations. *Curr Opin Struct Biol*, 50: 9-17.
- Turner S. D. (2014). qqman: an R package for visualizing GWAS results using Q-Q and manhattan plots. *bioRxiv*,: 005165.
- Ünal N., Akçapınar H. (2001). Orta Anadolu Merinoslarında Önemli Verim Özellikleri ve Seleksiyonla Geliştirilmesi İmkanları I. Önemli Verim Özellikleri. *Lalahan Hayvancılık Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 41(1): 45-58.
- Vela-Avitúa S., Thorland I., Bakopoulos V., Papanna K., Dimitroglou A., Kottaras E., Leonidas P., Guinand B., Tsigenopoulos C. S., Aslam M. L. (2022). Genetic Basis for Resistance Against Viral Nervous Necrosis: GWAS and Potential of Genomic Prediction Explored in Farmed European Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*). *Front Genet*, 13.
- Venturini G. C., Cardoso D. F., Baldi F., Freitas A. C., Aspilcueta-Borquis R. R., Santos D. J. A., Camargo G. M. F., Stafuzza N. B., Albuquerque L. G., Tonhati H. (2014). Association between single-nucleotide polymorphisms and milk production traits in buffalo. *Genetics and Molecular Research*, 13(4): 10256-10268.

- Wang K., Li W. D., Zhang C. K., Wang Z., Glessner J. T., Grant S. F. A., Zhao H., Hakonarson H., Price R. A. (2011). A genome-wide association study on obesity and obesity-related traits. *PLoS One*, 6(4).
- Wang K., Wu P., Wang S., Ji X., Chen D., Jiang A., Xiao W., Gu Y., Jiang Y., Zeng Y., Xu X., Li X., Tang G. (2021). Genome-wide DNA methylation analysis in Chinese Chenghua and Yorkshire pigs. *BMC Genom Data*, 22(1).
- Wang P., Li X., Zhu Y., Wei J., Zhang C., Kong Q., Nie X., Zhang Q., Wang Z. (2022). Genome-wide association analysis of milk production, somatic cell score, and body conformation traits in Holstein cows. *Front Vet Sci*, 9.
- Wei S., Kang X., Amevor F. K., Du X., Wu Y., Xu Z., Cao X., Shu G., Zhao X. (2024). RNA-Seq Analysis Reveals the Molecular Mechanisms Regulating the Development of Different Adipose Tissues in Broiler Chicks. *Animals*, 14(6).
- Yalçın B. C. (1990). Koyun Yetiştiriciliği. İçinde: Koyun Keçi Hastalıkları ve Yetiştiriciliği TÜMVET Yayıncılık Hizmetleri Yayını, İstanbul. ss. 378-449.
- Yavuz İ. H. (2015). Akkaraman Kuzularında Yaşama Gücü, Büyüme ve Vücut Ölçüleri. Yüksek Lisans Tezi, T.C Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Yayvan Y. (2021). Halk Elinde Yetiştirilen Ramlıç Koyunlarında Bazı Morfolojik ve Verim Özelliklerinin Araştırılması. Doktora Tezi, T.C. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü.
- Yılmaz O., Cemal İ., Yılmaz M., Karaca O., Taşkın T. (2011). Eşme Yöresi Kıvırcık Melezi Kuzularda Pazarlama Canlı Ağırlığı ve Bel Gözü Kası Ultrason Ölçümleri. İçinde: 7. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi
- Yılmaz O., Ocak S., Ogun S. (2016). Ultrasonic Carcass Assessment of Dorper and Dorper x Merino Lambs Using MLD and Body Measurements. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 4(5): 395-400.
- Yılmaz O., Sezenler T., Alarслан E., Ata N., Karaca O., Cemal İ. (2014). Karacabey Merinosu, Karya ve Kıvırcık Kuzularda Sütten Kesim Döneminde Kabuk Yağı

Kalınlığı ve Musculus longissimus dorsi thoracis et lumborum (MLD) Derinliğinin Ultrason Ölçümleri. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 20(6): 829-834.

Zamani W., Ghasempouri S. M., Rezaei H. R., Naderi S., Hesari A. R. E., Ouhrouch A. (2018). Comparing polymorphism of 86 candidate genes putatively involved in domestication of sheep, between wild and domestic Iranian sheep. *Meta Gene*, 17: 223-231.

Zhang A. L., Pei Wu B., Tana Wuyun C., Xinhua Jiang D., Chuanzhong Xuan E., Yanhua Ma F. (2018). Algorithm of sheep body dimension measurement and its applications based on image analysis. *Comput Electron Agric*, 153: 33-45.

Zhang F., Wang Y., Mukiibi R., Chen L., Vinsky M., Plastow G., Basarab J., Stothard P., Li C. (2020). Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: I: feed efficiency and component traits. *BMC Genomics*, 21(1).

Zhang L., Liu J., Zhao F., Ren H., Xu L., Lu J., Zhang S., Zhang X., Wei C., Lu G., Zheng Y., Du L. (2013). Genome-Wide Association Studies for Growth and Meat Production Traits in Sheep. *PLoS One*, 8(6).

Zhang T., Gao H., Sahana G., Zan Y., Fan H., Liu J., Shi L., Wang H., Du L., Wang L., Zhao F. (2019). Genome-wide association studies revealed candidate genes for tail fat deposition and body size in the Hulun Buir sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 136(5): 362-370.

Zhao X., Qu Z., Tickner J., Xu J., Dai K., Zhang X. (2014). The role of SATB2 in skeletogenesis and human disease. *Cytokine Growth Factor Rev*, 25(1): 35-44.