



## Jersey İneklerinde STAT5A Geninin Süt Verimi ve Bileşenleri Üzerine Etkisinin Araştırılması

Soner Çankaya<sup>1\*</sup>, Mehmet Ülker<sup>2</sup>, Özden Çobanoğlu<sup>3</sup>, Eser Kemal Gürcan<sup>4</sup>, Ertuğrul Kul<sup>5</sup>, Samet Hasan Abacı<sup>2</sup>

<sup>1\*</sup> Ordu Üniversitesi, Tıp Fakültesi, Biyoistatistik Anabilim Dalı, 52200 Ordu, Türkiye

<sup>2</sup> Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, 55139 Samsun, Türkiye

<sup>3</sup> Uludağ Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Genetik Anabilim Dalı, 16059 Bursa, Türkiye

<sup>4</sup> Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, 59030 Tekirdağ, Türkiye

<sup>5</sup> Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, 40200 Kırşehir, Türkiye

### MAKALE BİLGİSİ

Geliş 11 Haziran 2014  
Kabul 26 Haziran 2014  
Çevrimiçi baskı, ISSN: 2148-127X

#### Anahtar Kelimeler:

Aday gen  
STAT5A  
Jersey  
Polimorfizm  
Süt verimi

#### \* Sorumlu Yazar:

E-mail: sonercankaya@gmail.com

### Ö Z E T

Bu araştırmada, süt verim ve bileşenleri üzerine etkisi olduğu düşünülen signal transducer and activator of transcription factor (STAT) ailesine üye STAT5A geninin, Jersey ırkı süt sığırlarında süt verimi ve bileşenleri (yağ, protein) üzerine etkisi araştırılmıştır. Araştırmada materyal olarak Samsun Karaköy Tarım İşletmesi'nde yetiştirilen 100 baş Jersey ineği kullanılmıştır. İneklerden ayda bir kez olmak üzere 12 ay boyunca süt örnekleri alınmış ve bu örnekler ultrasonik süt analiz cihazı yardımıyla yağ ve protein oranı bakımından analiz edilmiştir. Ayrıca süt örneklerinin alındığı tarihlerde test günü süt verim (TGSV) kayıtları da alınmıştır. İneklerden alınan kan örneklerinden DNA izolasyonu sonucunda PCR-RFLP yöntemiyle, 8.ekzonda 12195. pozisyonda C/G polimorfizmi belirlenmiştir. Genotip dağılımı ise 69 CC, 28 CG ve 3 GG şeklinde olmuştur. Allel frekansları ise C alleli için 0.83 ve G alleli için 0.17 olarak belirlenmiştir. STAT5A geninde belirlenen polimorfizm sonucunda genotipler arasında test günü süt verimi (TGSV), 305 gün süt verimi (305 GSV), süt yağ ve protein oranı, süt yağ ve protein verimi bakımından önemli bir fark olmadığı tespit edilmiştir (P>0,05). Sonuç olarak Karaköy Tarım İşletmesinde yetiştiriciliği yapılan Jersey ineklerinde STAT5A (SNP 12195) geni açısından süt verim ve bileşenleri açısından herhangi bir fark tespit edilememiştir.

Turkish Journal Of Agriculture - Food Science And Technology, 2(6): 289-295, 2014

## Investigation of Effect of STAT5A Gene on Milk Yield and Composition in Jersey Cows

### ARTICLE INFO

#### Article history:

Received 11 June 2014  
Accepted 26 June 2014  
Available online, ISSN: 2148-127X

#### Keywords:

Candidate gene  
STAT5A  
Jersey  
Polymorphism  
Milk yield

### ABSTRACT

In this study, the effect of STAT5A gene was investigated on milk yield and components (fat, protein) in Jersey cows. Because, this gene is a member of the signal transducers and activators of transcription the factor (STAT) family and thought to be the impact on milk yield and components. As a material in the research, 100 Jersey cows raised in Samsun Karakoy State Farm were used. Milk samples were collected 12 times with one month intervals after calving, and these samples were performed by ultrasonic milk analyzer for milk fat and protein content. In addition, test day milk yield (TDMY) of each cow were also recorded in the control days. C/G polymorphism with PCR-RFLP method result in DNA isolation from blood samples taken from cows was determined at 8.exon at position 12195. Genotype distribution was detected as 69% CC, 28% CG and 3% GG. Allele frequencies were found as 0.83 for the C allele and 0.17 for G allele. As a result of the polymorphism identified in STAT5A gene, statistically no difference were detected among genotypes for TDMY, 305 day milk yield (305 DMY), milk fat and protein rates and milk fat and protein yield. As a result, no significant differences were found between the milk yield and compositions association with STAT5A

#### \* Corresponding Author:

E-mail: sonercankaya@gmail.com

## Giriş

Tarım sektörünün en önemli kollarından biri hayvancılıktır. Hayvancılığın en önemli getirisi de süt sektörü olup bu sektörde de en büyük pay süt sığırcılığına aittir. Ancak yine de ülkemizde hayvan başına süt verimi gelişmiş ülkelerin oldukça gerisindedir. Özellikle inek başına düşen süt verim miktarı Avrupa Birliği ülkelerinde yaklaşık 6 ton (EU, 2014) iken bu rakam ülkemizde 3 ton düzeyindedir (TUİK, 2014). Ülkemiz süt sığırlarının gelişmiş ülkelerin gerisinde olmasında birçok faktör bulunmakta olup, bunların başında hayvanların genetik yapılarının düşük olmasının yanında, uygun olmayan çevre faktörleri ve yetersiz besleme gelmektedir. Özellikle geçmiş yıllarda yapılan klasik ıslah yöntemleri kapsamında sadece hayvanların fenotipik özellikleri referans alınmış, bu verilere göre bir seleksiyon programları uygulanmıştır. Ancak fenotipik göstergeler hayvanların genetik yapısını tam olarak karşılayamamış ve hayvancılıkta istenilen genetik ilerleme de sağlanamamıştır (Çobanoğlu, 2012).

Son yıllarda moleküler genetik tekniklerin ilerlemesiyle, süt sığırcılığının ıslahında önemli aşamalar kaydedilmiştir. Bu teknikler, hayvancılıkta ekonomik öneme sahip olan ve birbiriyle etkili birçok gen tarafından determine edilen kantitatif karakterleri etkileyen gen bölgelerinin belirlenmesine önemli katkılar sağlamıştır. Moleküler genetikte, aday gen ve QTL (Kantitatif Karakter Lokus) yaklaşımı ile hayvancılıkta ekonomik önem arz eden özellikleri etkileyen genlerin tespitinde önemli aşamalar kaydedilmiştir (Cemal ve Karaca, 2006).

Hayvancılıkta ekonomik önem arz eden süt verim ve bileşenleri üzerine etki yaptığı düşünülen aday genlerden biri de STAT ailesine bağlı STAT5A genidir. Bu genin, prolaktin hormonundan süt protein genlerine sinyal taşınmasında önemli bir rol oynadığı düşünülmektedir (Bole-Feysot ve ark., 1998). Aynı zamanda büyüme hormonunun hedef hücrelerde etkin olmasını sağlayan başlıca arabulucu olan STAT5 (Argetsinger ve Carter, 1996) ilk zamanlarda meme bezinde tanımlanmış olup meme bezi faktörleri olarak da bilinmekteydi. STAT5 proteininin iki farklı gen tarafından kodlanan STAT5A ve STAT5B olmak üzere A ve B formları bulunmakta olup (Darnell, 1997) bunların sekanslarda %90 oranında tanımlanmıştır. Ayrıca bu iki gen arasındaki farklılık, protein molekülünün sonundaki karboksilik kısmındaki bazı aminoasitlerin farklılığından kaynaklanmaktadır (Moriggl ve ark., 1996). Sığırlarda STAT5A ve STAT5B genleri birbiriyle yakın şekillenmiş olup, 40 kb uzunluğunda 19. kromozomda bulunmaktadır (Seyfert ve ark., 2000).

STAT5A geni için yapılan ilk çalışmalar kapsamında, 12. intronda TG nükleotid tekrarlaması olduğu belirlenmiştir (McCracken ve ark., 1997). STAT5A geninde bazı durumlarda nükleotid sekans polimorfizminin tespit edildiği yine konu üzerinde yapılan çalışmalarda da yer almaktadır (Antoniu ve ark., 1999). STAT5A geninde, 7. ekzonda 6 yeni farklı bölgede SSCP (Tek Zincir Konformasyon Polimorfizmi) polimorfizmi de tespit edilmiştir (Flisikowski ve Zwierzchowski, 2002). STAT5A geninin süt verim ve bileşenleri üzerine etkisi başta Holstein olmak üzere birçok ırkta araştırmalar

yapılmıştır (Flisikowski ve ark., 2004; Brym ve ark., 2004; Khatib ve ark., 2008; Sadeghi ve ark., 2009; Schennik ve ark., 2009; Selvaggi ve ark., 2009; Bao ve ark., 2010; Kmiec ve ark., 2010; He ve ark., 2012). Aynı zamanda STAT5A geninin besi performansı üzerine ve sadece ırk üzerinde genotiplendirme konusunda da çalışmalar yapılmıştır (Flisikowski ve ark., 2003; Dario ve ark., 2009). Ancak özellikle Jersey ineklerinde yapılan araştırmalar sınırlı düzeyde kalmış ve bu nedenle bu ırk üzerinde daha fazla araştırmanın yapılmasına ihtiyaç duyulmaktadır.

Bu çalışmanın amacı, ülkemizde özellikle Orta ve Doğu Karadeniz Bölgesinin iklim ve coğrafik koşullarına adapte olmuş ve bölge çiftçisi tarafından da yaygın olarak yetiştirilmekte olan Jersey süt sığırlarında STAT5A aday geninin, laktasyon sırasının ve buzağılama mevsiminin süt verimi ve bileşenleri üzerine etkisini araştırmaktır.

## Materyal ve Yöntem

### Materyal

Bu çalışmada, Samsun ili Bafra ilçesinde Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığına bağlı Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğüne ait Karaköy Tarım İşletmesinde yetiştiriciliği yapılan Jersey ırkı süt sığırlarından farklı laktasyonlarda (1,2,3,4,5≤) 100 baş sığır kullanılmıştır. Çalışma boyunca Haziran 2012 ile Mayıs 2013 tarihleri arasında düzenli olarak ayda bir kez süt kontrolü kayıtları alınmıştır. Bunun yanı sıra çalışmada laktasyon boyunca hayvanlardan süt yağ ve protein içeriğine ilişkin verimleri tespit etmek için her ay süt kontrol günlerinde süt örnekleri alınarak çalışmaya katılmıştır. Böylelikle var olan verim kayıtlarına ek olarak ilave edilen verim bilgileri, hayvanların süt verimine ilişkin değerlerinin daha doğru ve güvenilir şekilde belirlenmesini sağlamıştır. Çalışmada, süt verim özelliklerinden, TGSV kayıtları (kg), TGSV'ne göre düzeltilmiş 305 GSV (kg), süt yağ oranı (%) ve yağ verimi (kg) ile süt protein oranı (%) ve protein verimi (kg) üzerinde durulmuştur.

### Yöntem

#### Süt örneklerinin alınması

İşletmeden süt örnekleri, sağım boyunca süt örneğinin homojen şekilde alınmasını sağlayan, sağım sistemine entegre edilebilen süt toplama aparatı yardımıyla, 12 aylık dönem boyunca akşam sağımında alınmıştır. Sağım sonunda süt toplama aparatında toplanan süt örneği, homojenliği tam sağlamak için bir kaç kez çalkalanmış daha sonra 50 ml'lik vidalı kapaklı steril tüplere aktarılmış ve +4°C'de muhafaza edilmiştir.

#### Süt yağı ve protein yüzde oran ve miktarlarının belirlenmesi

Süt örnekleri ultrasonik süt analiz cihazı (Funke Gerber LactoFlash) ile süt yağı ve protein içeriğine ilişkin değerleri belirlemek için analiz edilmiştir. Ölçüm için hazırlanan süt örneklerini su banyosunda 35-37°C'de ön ısıtma yapılmış ve daha sonra oda ısısına getirilmiş ve analizleri yapılmıştır. Analiz sonucunda elde edilen yağ ve protein oranlarına ilişkin değerler yardımıyla süt yağ verimi (TGSV \* %Yağ) ve süt protein verimi (TGSV \* % Protein) hesaplanmıştır.

### Kan örneklerinin temini ve dna izolasyonu

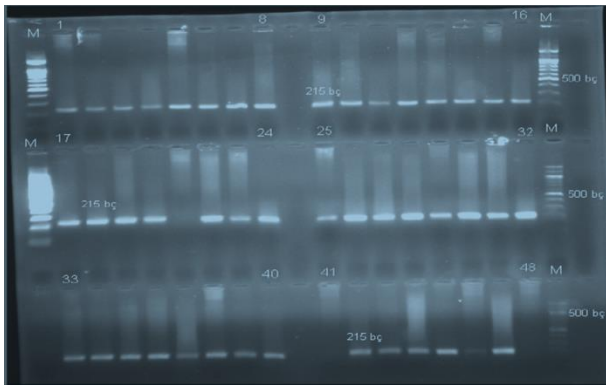
Araştırma kapsamında belirlenen 100 inekten alınan kan örnekleri, 10 ml'lik EDTA'lı tüplerde -20°C'de muhafaza edilmiştir. Uludağ Üniversitesi Veteriner Fakültesi Zootehni Bölümü Genetik Anabilim Dalı Genetik laboratuvarında yapılan çalışma kapsamında ele alınan aday gen STAT5A'nın tespiti amacıyla bu kan örneklerinden hayvanların DNA'ları izole edilmiş ve yapılan moleküler çalışma çerçevesinde Polimeraz Zincir Reaksiyonlarında (PCR) kullanılmak üzere yine -20°C'de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonları için EDTA'lı tüplere alınan kan örneklerinden DNA, standart Fenol/Kloroform yöntemi ile izole edilmiştir (Sambrook ve ark., 2001).

### Dna amplifikasyonları ve pcr reaksiyonları

Bu aşamada, izole edilen DNA'lar yardımıyla ilgili gen bölgesini taramak için belirlenen ve dizayn edilen primerler kullanılarak DNA'ların ilgili bölgenin PCR reaksiyonları ile yükseltgenmesi sağlanmıştır. Bireylerin genotiplerinin belirlenmesi için kullanılan markerlere uygun olarak PCR reaksiyonları ile çoğaltılmış ürünlerin ya uygun restriksiyon enzimleriyle kesilmesi veya fragman analizi ve DNA dizi analizi yapılması için bir ileri aşamaya geçilmiştir.

### Jel elektroforez

DNA izolasyonu ve uygun primerler yardımıyla yapılan PCR reaksiyonu sonucunda yükseltgenen bir ürünün varlığının tespiti ve ayrıca PCR-RFLP'lere bağlı olarak uygun enzimlerle (BstEII) kesilen parçacıkların belirlenmesi amacıyla jel elektroforezi kullanılmıştır (Resim 1). Bu yöntem ile bir gene ait varyantları belirlemek için kesilen parçacıklar EtBr (ethium bromide) yardımıyla boyanıp %1,5-2,0 Agaroz Jel Elektroforezde 100-120 Voltluk bir elektrik akımında eksi kutuptan artı kutba doğru yaklaşık 30-45 dakika yürütülerek, λ DNA Ladder gibi standartlar yardımıyla varyantların birbirlerine olan mesafelerine ve ayrıca parçacıkların uzunluk veya kısalıklarına bağlı olarak DNA bantları gözlenip genotiplendirilmiştir.



Resim 1 STAT5A geni için yapılan PCR reaksiyonu jel görüntüsü

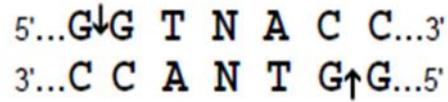
### Genotipleme çalışmaları

Agaroz jel, poliakrilamid jel elektroforezleri ve fragman analizi sonucu elde edilen genotipler bireylerin fenotipik kayıtlarına genotip veri tabanı oluşturmak için işlenmiştir. Genotipleme hataları ve çift rekombinasyon gibi durumları tespit etmek için CRI-MAP programı kullanılmıştır. Hatalı olduğu belirlenen genotipler için

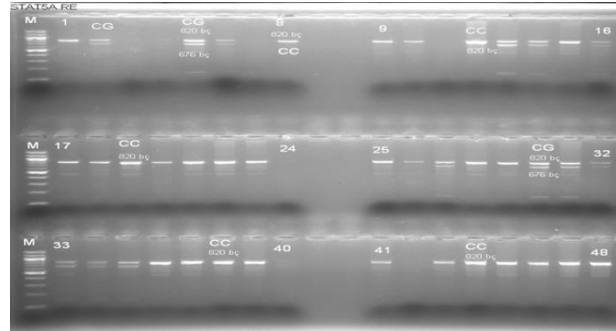
reaksiyon tekrar edilerek bireyin doğru genotipi belirlenmeye çalışılmıştır. STAT5A geni için önce 7. ekzon üzerindeki 6853. pozisyondaki SNP (Gen Bankası Erişim Numarası: AC242522 ve AC237937) ile daha sonra 8. ekzon üzerindeki 12195. pozisyondaki SNP (Gen Bankası Erişim Numarası: NC\_007317) markerleri kullanılmıştır.

### Restriksiyon Enzim Kesim Reaksiyonu

Kullanılan markerler sınırlandırılmış parçacık uzunluğu polimorfizmi (RFLP) ise PCR ile yükseltgenen bölge uygun enzim BstEII kullanılarak kesme işlemi, enzimi üretici firmanın önerdiği koşullarda gerçekleştirilmiştir (Resim 2 ve Resim 3). Kullanılan markerler mikrosatelitler olduğunda ise fragman analizi yapılarak genotipi teşkil eden alleller belirlenebilmiştir.



Resim 2 Restriksiyon enzimi (BstEII)



Resim 3 STAT5A gen bölgesi için yapılan RE çalışması (SNP 12195)

### Aday genin (STAT5A) istatistik analizleri

Allel ve genotip frekansları direk gen sayım metoduyla hesaplandıktan sonra gözlenen ve beklenen genotipik frekansların dağılımının Hardy-Weinberg genetik denge eşitliğine göre, uyum gösterip göstermediği ise χ<sup>2</sup> testi ile belirlenmiştir (Dario ve ark., 2008).

Beklenen allel frekans değerlerinin Hardy-Weinberg eşitliğine göre belirlenmesi;

$$p_L = (2 \text{ GH CC} + \text{GH CG})/2N$$

$$q_L = (2 \text{ GH GG} + \text{GH CG})/2N$$

Burada;

p<sub>L</sub> ve q<sub>L</sub>: Beklenen frekans,

GH CC, GH CG, GH GG: Farklı genotiplerdeki hayvan sayısı,

N: Genotiplenen hayvan sayısı.

Üç farklı genotip için beklenen frekans ise aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır.

$$\text{GH CC} = n \times p^2$$

$$\text{GH CG} = 2pq$$

$$\text{GH GG} = n \times q^2$$

Araştırmadan elde edilen veriler aşağıda belirtilen matematik modele göre SPSS paket programında değerlendirilmiştir. Grup ortalamaları arasındaki farklılıklar ise Duncan çoklu karşılaştırma testi ile belirlenmiştir.

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + L_j + M_k + e_{ijkl}$$

$Y_{ijkl}$ : i-ci genotipe sahip, j. laktasyondaki k. buzağılama mevsiminde doğan l-ci bireye ait verim değerleri (süt verimi, yağ ve protein oranı, yağ ve protein verimi).

$\mu$ : Ele alınan özellik bakımından genel populasyon ortalaması;

$G_i$ : i-ci genotipin etkisi,

$L_j$ : j-ci laktasyon sırasının etkisi,

$M_k$ : k-cı buzağılama mevsiminin etkisi,

$e_{ijkl}$ : tesadüfi hatayı göstermektedir.

### Bulgular ve Tartışma

Araştırma kapsamında kullanılan Jersey ineklerinde, STAT5A geninde polimorfizmi yakalamak için önceki yapılan çalışmaların referans primerleri ve gen bankası yardımıyla ele alınan primerler kullanılmıştır. Bu kapsamda iki farklı bölgede polimorfizm belirlemek için tarama yapılmıştır. 7. ekzon üzerindeki 6853. pozisyondaki SNP ve 8. ekzon üzerindeki 12195. pozisyonda SNP markerleri kullanılmıştır. Taratılan ilk bölge olan 7. ekzon üzerinde 6853. pozisyonda herhangi bir polimorfizm tespit edilememiştir. Diğer bölge olan 8. ekzon 12195. pozisyonda tarama yapılmış ve C/G polimorfizmi belirlenmiştir. Bu gen bölgesi için yapılan genotiplendirme sonucunda 69 CC homozigot, 28 CG heterozigot ve 3 GG homozigot genotipli bir yapı gösterdikleri tespit edilmiştir. Dolayısıyla Jersey sürüsünde STAT5A'ya ait bu gen bölgesi için aday gen analizleri yapmaya imkan sağlayacak şekilde bir polimorfik yapı gösterdiği gözlenmiştir. Karaköy Tarım İşletmesi'ndeki Jersey ırkı hayvanların STAT5A gen bölgesi için genotip frekansları ise toplam 100 hayvanda sırasıyla %69 CC, %28 CG ve %3 GG olarak belirlenmiştir. C allelinin frekansı 0.83 ve G allelinin frekansı 0,17 olarak belirlenmiştir. Beklenen değerler ise CC homozigot genotipi için 68,89; CG heterozigot genotipi için 28,22 ve GG heterozigot genotipi için 2,89 olarak bulunmuştur. Dağılımın uygunluğunu tespit etmek amacıyla Ki-kare analizi uygulanmış ve genotiplere ait Ki-kare değeri 0,06 olarak bulunmuştur. Bu değer exact değeri olan 1'den ve önem değeri olan 0,96'dan küçük olup seçilen hayvanların genotiplerinin Hardy-Weinberg kanuna göre dağılım gösterdiği belirlenmiştir (Tablo 1).

STAT5A geni 8. ekzonda 12195. pozisyonda belirlenen C/G polimorfizmine göre genotiplerin TGSV, süt yağ ve protein oranları, süt yağ ve protein verimleri ve 305 GSV değerleri Tablo 2'de verilmiştir. Genotipler arasında TGSV, yağ ve protein verimi, yağ ve protein oranı, 305 GSV bakımından istatistiksel olarak önemli bir fark bulunamamıştır. En yüksek TGSV ortalaması GG homozigot genotiplerine aitken, en düşük TGSV ortalaması ise CC homozigot genotiplerine aittir. Yağ ve protein ortalaması da en yüksek GG genotiplerin de görülmüştür. Yağ verimi ve protein verimi bakımından da

GG genotipli hayvanlar en yüksek verim seviyesini göstermişken en düşük yağ verimi ve protein verimi de CC genotiplerinde görülmüştür. Yağ oranı en düşük CC homozigot genotipinde iken, en düşük protein oranı da CG heterozigot genotipinde görülmektedir. Yağ verimi ve protein verimi de yağ ve protein oranlarıyla doğrusal orantı göstermektedir.

Tablo 3'de laktasyon sırasına göre süt verim ve bileşenlerine ait tanımlayıcı istatistikler verilmiştir. Yağ oranı ve yağ verimi bakımından laktasyon sıralarında istatistiksel olarak fark tespit edilmiş olup diğer değişkenler için fark belirlenmemiştir. 1. Laktasyondaki ineklerin sütlerindeki yağ oranı en fazla bulunmuşken en az diğer laktasyon sıralarındaki ineklerin yağ oranları bakımından bir farklılık bulunamamıştır. Yağ verimi bakımından ise 1 ve 2. laktasyondaki hayvanlar diğer laktasyondaki hayvanlara göre önemli derecede daha yüksek verim sağlamışlardır. 2. laktasyondaki hayvanlar 1. laktasyondaki hayvanlara göre daha yüksek yağ verimi sağlasa da aralarında istatistiksel olarak fark bulunmamaktadır. Yine diğer laktasyondaki (3, 4, 5≤) hayvanlar arasından yağ verimi bakımından önemli derecede fark bulunamamıştır.

Tablo 4'de buzağılama mevsimine göre süt verim ve bileşenlerine ait tanımlayıcı istatistikler verilmiştir. Analiz sonucunda, buzağılama mevsimi bakımından TGSV, 305 GSV, yağ ve protein oranı ile yağ ve protein verimleri bakımından önemli bir fark tespit edilememiştir.

STAT5A geni ile süt verim ve bileşenleri üzerinde yapılan analiz sonuçlarını diğer yapılan çalışmalarla karşılaştırdığımızda farklılıklar görülmektedir. Öncelikle Jersey ırkı sığırlarda yapılan çalışmaları incelediğimizde Brym ve ark. (2004) yaptıkları çalışmada farklı bir bölgede SNP 9501'de A/G polimorfizmi tespit etmişlerdir. Yaptıkları araştırma sonucunda GG genotiplerinin AG ve AA genotiplerine göre önemli seviyede süt verimi bakımından fazla olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışma kapsamında polimorfizm belirlenen bölge Brym ve ark. (2004)'nın yaptıkları çalışmaya göre farklı olsa da, bu bölgedeki polimorfizm sonucu meydana gelen GG genotipleri de TGSV ve bileşenleri açısından daha yüksek verim sağladığı görülmüştür. Ancak GG genotipinin belirlenen materyal sayısında az sayıda olması ve yapılan istatistiksel analizi sonucunda genotipler arasında verim farklılıklarının önemli seviyede olmadığı belirlenmiştir. Schennik ve ark. (2009), Holstein ineklerinde yaptıkları çalışmada STAT5A geninde SNP 9501. pozisyonda polimorfizm tespit etmişlerdir. Ancak süt verim ve bileşenleri ile STAT5A geni arasında önemli bir ilişki olmadığını araştırmacılar çalışmalarında belirtmişlerdir.

Aynı gen bölgesi için Khatib ve ark. (2008) tarafından Holstein sığırlarında yapılan çalışmada ise 8. ekzonda SNP 12195. pozisyonda C/G polimorfizmini tespit etmişlerdir. Araştırma sonucunda GG homozigot genotipli hayvanların süt yağ ve protein oranı ve aynı zamanda süt yağ ve protein verimi bakımından diğer genotiplere göre önemli derecede düşük verim sağladığı vurgulanmıştır. Bu araştırma kapsamında çalışma materyali olarak Jersey süt sığırı ırkı olarak farklı bir ırk olsa da aynı bölgede 8. ekzon SNP 12195. pozisyonda C/G polimorfizmi tespit edilmiştir.

Tablo 1 STAT5A (SNP 12195) allel frekansları ve Ki-kare analizi

	Genotip ve Allel	Gözlenen Değer	Beklenen Değer
SNP 12195	CC	69	68,89
	CG	28	28,22
	GG	3	2,89
	C	0,83	
	G	0,17	
	$\chi^2$ -değeri	0,06	
	P - değeri	1,00	

Tablo 2 Genotiplere göre süt verim ve bileşenlerine ait tanımlayıcı istatistikler

SNP 12195		TGSV (kg)	Yağ Oranı (%)	Protein Oranı (%)	Yağ Verimi (kg)	Protein Verimi (kg)	305 GSV (kg)
CC	Ortalama	15,39	4,93	3,43	0,7583	0,52	4336,08
	N	69	69	69	69	69	69
	Standart Hata	2,678	0,509	0,190	0,146	0,102	122,925
	Minimum	9,80	3,98	3,06	0,47	0,16	1860,00
	Maksimum	19,75	6,54	3,82	1,80	0,71	6061,00
CG	Ortalama	15,85	5,13	3,41	0,80	0,54	4741,36
	N	28	28	28	28	28	28
	Standart Hata	4,606	0,697	0,210	0,221	0,152	276,092
	Minimum	5,77	3,77	3,12	0,35	0,23	3107,00
	Maksimum	31,08	7,22	3,95	1,61	1,11	1787,00
GG	Ortalama	16,34	5,45	3,44	0,87	0,57	3977,00
	N	3	3	3	3	3	3
	Standart Hata	4,259	0,929	0,113	0,100	0,167	1308,265
	Minimum	13,43	4,58	3,36	0,77	0,46	9894,00
	Maksimum	21,23	6,43	3,57	0,97	0,76	6312,00
P		0,790	0,317	0,701	0,770	0,824	0,110

TGSV: Test günü süt verimi, 305 GSV: 305 gün süt verimi,

Tablo 3 Laktasyon sırasına göre süt verim ve bileşenlerine ait tanımlayıcı istatistikler

		TGSV (kg)	Yağ Oranı (%)	Protein Oranı (%)	Yağ Verimi (kg)	Protein Verimi (kg)	305 GSV (kg)
1	Ortalama	14,68	5,64 <sup>a</sup>	3,52	0,82 <sup>a</sup>	0,51	3996,20
	N	10	10	10	10	10	10
	Standart Hata	0,63	0,24	0,07	0,04	0,02	332,24
	Minimum	12,50	4,77	3,21	0,67	0,45	1860,00
	Maksimum	18,43	7,22	3,86	1,02	0,62	5643,00
2	Ortalama	17,07	5,13 <sup>b</sup>	3,47	0,87 <sup>a</sup>	0,59	4525,00
	N	20	20	20	20	20	20
	Standart Hata	0,58	0,12	0,04	0,02	0,02	362,18
	Minimum	12,43	4,32	3,15	0,71	0,44	20,00
	Maksimum	24,26	6,47	3,77	1,08	0,76	7489,00
3	Ortalama	15,78	4,87 <sup>b</sup>	3,41	0,76 <sup>ab</sup>	0,54	4680,93
	N	27	27	27	27	27	27
	Standart Hata	0,84	0,07	0,03	0,04	0,03	290,58
	Minimum	9,80	4,06	3,15	0,50	0,32	2486,00
	Maksimum	31,08	5,65	3,70	1,61	1,11	9894,00
4	Ortalama	15,55	4,88 <sup>b</sup>	3,37	0,75 <sup>ab</sup>	0,50	4400,75
	N	24	24	24	24	24	24
	Standart Hata	0,66	0,13	0,04	0,03	0,03	189,28
	Minimum	5,77	3,77	3,06	0,35	0,16	2860,00
	Maksimum	19,75	6,43	3,95	1,03	0,66	6450,00
5	Ortalama	14,04	4,89 <sup>b</sup>	3,43	0,69 <sup>b</sup>	0,48	4101,79
	N	19	19	19	19	19	19
	Standart Hata	0,54	0,12	0,04	0,03	0,02	220,69
	Minimum	11,52	4,00	3,12	0,47	0,36	1912,00
	Maksimum	18,97	6,54	3,80	0,90	0,63	5615,00
P		0,052	0,006	0,200	0,026	0,051	0,110

<sup>a,b</sup> Aynı sütunda farklı harflerle ifade edilen ortalamalar arasında anlamlı farklılık vardır (P<0.05).

TGSV: Test günü süt verimi, 305 GSV: 305 gün süt verimi,

Tablo 4 Buzağılama mevsimine göre süt verim ve bileşenlerine ait tanımlayıcı istatistikler

		TGSV (kg)	Yağ Oranı (%)	Protein Oranı (%)	Yağ Verimi (kg)	Protein Verimi (kg)	305 GSV (kg)
1	Ortalama	15,17	4,93	3,43	0,74	0,52	4034,42
	N	19	19	19	19	19	19
	Standart Hata	0,41	0,11	0,05	0,02	0,01	221,71
	Minimum	12,05	3,77	3,13	0,58	0,41	2486,00
	Maksimum	18,49	5,65	3,77	0,94	0,65	6061,00
2	Ortalama	15,31	4,97	3,41	0,76	0,51	4389,26
	N	38	38	38	38	38	38
	Standart Hata	0,52	0,11	0,02	0,03	0,02	156,17
	Minimum	5,77	3,98	3,06	0,35	0,16	1860,00
	Maksimum	19,75	7,22	3,95	1,03	0,66	6450,00
3	Ortalama	15,68	5,11	3,44	0,79	0,54	4747,31
	N	35	35	35	35	35	35
	Standart Hata	0,68	0,09	0,03	0,03	0,02	240,79
	Minimum	10,90	4,32	3,15	0,49	0,36	1787,00
	Maksimum	31,08	6,54	3,80	1,61	1,11	9894,00
4	Ortalama	16,96	4,88	3,45	0,82	0,58	3849,63
	N	8	8	8	8	8	8
	Standart Hata	1,35	0,16	0,06	0,06	0,05	755,46
	Minimum	11,30	4,06	3,25	0,57	0,39	20,00
	Maksimum	21,23	5,49	3,70	1,04	0,76	6523,00
P		0,446	0,784	0,807	0,628	0,426	0,153

1: Kış, 2: İlkbahar, 3: Yaz, 4: Sonbahar

TGSV: Test günü süt verimi, 305 GSV: 305 gün süt verimi

Dario ve ark. (2009) tarafından yapılan çalışmada ise 93 Jersey ırkında 7. ekzonda SNP 6853. pozisyonda C/T polimorfizmini tespit etmişlerdir. TT genotiplerinin frekanslarının daha sık oldukları bildirmişlerdir. Bu araştırma kapsamında ise 7. ekzonda SNP 6853. pozisyonda yapılan analizde bu bölgede polimorfizme rastlanmadığı, bu bölgenin monomorfik bir yapı gösterdiği görülmüştür.

Jersey süt sığırlarında STAT5A geni üzerine yapılan çalışmalar oldukça sınırlıdır. Özellikle literatür araştırması sırasında Jersey süt sığır ırkında 8. ekzonda SNP 12195 bölge üzerine yapılan herhangi bir çalışmaya rastlanılmamıştır. Jersey süt sığırları için literatürde çalışmaların az olmasından dolayı, bu araştırma kapsamında elde edilen sonuçların karşılaştırılması yeterli kadar yapılamamıştır.

Karaköy Tarım İşletmesinde yetiştiriciliği yapılan Jersey ineklerinde STAT5A (SNP 12195) geni ile süt verim ve bileşenleri arasında önemli bir fark tespit edilememesinin nedeni olarak seçilen örneklerde GG homozigot genotipli hayvanların sayısının oldukça düşük sayıda olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Sürüde, genotipler arasındaki akrabalık seviyesinin artması bu genotiplerin verimlerinin de birbirine yaklaşmasına neden olmaktadır. Böylelikle verimler ve hayvanlar arasında fazla bir varyasyon yakalanamamaktadır. Nitekim analiz sonucunda verim ortalamaları genotipler arasında yakınlık göstermiştir. Ayrıca Jersey süt sığırları, süt verimi bakımından diğer kültür ırkı hayvanlara göre daha düşük seviyededir.

Sonuç olarak Karaköy Tarım İşletmesinde yetiştiriciliği yapılan Jersey ineklerinde STAT5A (SNP 12195) geni ile süt verim ve bileşenleri arasındaki fark düzeyinin ve etkisinin belirlenmesi için yapılan bu çalışmada incelenen parametreler için önemli bir fark

tespit edilememiştir. Bu çalışma aynı ve farklı ırklar üzerine yapılacak başka çalışmalar için rehber niteliğinde olacağı düşünülmekte olup, STAT5A geninde ilgili bölge ve diğer bölgelerin süt verim ve bileşenleri arasındaki etkisinin incelenmesi için daha fazla araştırmaya gereksinim duyulmaktadır.

### Teşekkür

Bu çalışma, TÜBİTAK 1001 TOVAG 1100821'nolu proje tarafından desteklenmiş olup, Mehmet ÜLKER'in Yüksek Lisans tezinden özetlenmiştir.

### Kaynaklar

- Antoniou E, Hirst BJ, Grosz M, Skidmore CJ. 1999. A single strand conformational polymorphism in the bovine gene STAT5A., *Animal Genetics.*, 30: 225-244.
- Argetsinger LS, Carter Su C. 1996. Growth hormone signalling mechanisms: involvement of the tyrosine kinase JAK2., *Hormone Research.*, 45: 22-24.
- Bao B, Zhang C, Fang X, Zhang R, Gu C, Lei C, Chen H. 2010. Between polymorphism in STAT5A gene and milk production traits in Chinese Holstein cattle, *Animal Science Papers and Reports.* 28: 5-11.
- Bole-Feysot Ch, Goffin V, Edery M, Binart N, Kelly P. A. 1998. Prolactin (PRL) and its receptor: actions, signal transduction pathways and phenotypes observed in PRL receptor knockout mice., *Endocr. Rev.* 19: 225-268.
- Brym P, Kaminski S, Rusc A. 2004. New SSCP polymorphism within bovine STAT5A gene and its associations with milk performance traits in Black-and-White and Jersey., *J. Appl. Genet.*, 45: 445-452.
- Cemal İ, Karaca O. 2006. Çiftlik Hayvanlarında Major Genlerin Belirlenmesi ve Genotip Ayrımı. *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi.* 21: 105-115.
- Çobanoğlu Ö. 2012. Genetik Markörler ve Hayvancılıkta Çeşitli Uygulamaları, *Hasad Hayvancılık Dergisi.*, 321: 48-54.

- Dario C, Carnicella D, Ciotola F, Peretti V, Bufano G. 2008. Polymorphism of growth hormone GH1- Alul in Jersey cows and its effect on milk yield and composition., *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 21: 1-5.
- Dario C, Dario M, Ciotola F, Peretti V, Carnicella D, Selvaggi M. 2009. Analysis of STAT5A/AvaI Gene Polymorphism in Four Italian Cattle Breeds, *Biochem. Genet.* 47: 671-679.
- Darnell JE. 1997. STATs and gene regulation, *Science* 277: 1630-1635.
- EU, 2014. European Union. Agricultural statistics and indicators. <http://europa.eu/>. (Erişim Tarihi: 25.05.2014).
- Flisikowski K, Oprzadek J, Dymnicki E, Zwierzchowski L. 2003. New polymorphism in the bovine STAT5A gene and its associations with meat production traits in beef cattle, *Animal Science Papers and Reports* 21: 147-157.
- Flisikowski K, Strzalkoska N, Sloniewski K, Kryzewski J, Zwierzchowski L. 2004. Association of a sequence nucleotide polymorphism in exon 16 of the STAT5A gene with milk production traits in Polish Black-and-White (Polish Friesian) cows, *Animal Science Papers and Reports.*, 22: 515-522.
- Flisikowski K, Zwierzchowski L. 2002. Single-strand conformation polymorphism within exon 7 of the bovine STAT5A gene, *Animal Science Papers and Reports.*, 20: 133-137.
- He X, Chu MX, Qiao L, He JN, Wang PQ, Feng T, Di R, Cao GL, Fang L, An YF. 2012. Polymorphisms of STAT5A gene and their association with milk production traits in Holstein cows, *Mol. Biol. Rep.* 39: 2901- 2907.
- Khatib H, Monson RL, Schutzkus V, Kohl DM, Rosa GJM, Rutledge JJ. 2008. Mutations in the STAT5A Gene Are Associated with Embryonic Survival and Milk Composition in Cattle, *J.Dairy Sci.* 91: 784-793.
- Kmiec M, Kowalewska Luczak I, Wojdak-Maksymiec K, Kulig H, Grzelak T. 2010. STAT5A/AvaI Restriction Polymorphism in Cows of Polish Red-and-White Variety of Holstein Friesian Breed, *Russian Journal of Genetics*. 46: 81-85.
- McCracken JY, Molenaar AJ, Snell RJ, Davey HW, Wilkins RJ. 1997. A polymorphic TG repeat present within the bovine STAT5A gene, *Animal Genetics*, 28: 453-461.
- Moriggl R, Gouilleux- Gruart V, Jahne R, Berchtold S, Gartmann C, Liu X, Hennighausen L, Sotiropoulos A, Groner A, Gouilleux F. 1996. Deletion of the carboxyl-terminal transactivation domain of MGF-Stat5 results in sustained Dna binding and a dominant negative phenotype, *Molecular and Cellular Biology*, 16: 5691-5700.
- Sadeghi M, Shahrabak MM, Mianji GR, Javaremi AN. 2009. Polymorphism at locus of STAT5A and its association with breeding values of milk production traits in Iranian Holstein bulls., *Livestock Science*, 123: 91-100.
- Sambrook J, Russel DW, Sambrook J. 2001. *Molecular cloning: a laboratory manual 3rd edn.* ColdSpring Harbor Laboratory, New York, NY, USA, 999.
- Schennik A, Bovenhuis H, Leon- Kloosterziel KM, Van Arendonk JAM, Visker MHPW. 2009. Effect of polymorphisms in the FASN, OLR1, PPARGC1A, PRL and STAT5A genes on bovine milk-fat composition, *Animal Genetics*. 40: 909-916.
- Selvaggi M, Dario C, Normanno G, Celano GV, Dario M. 2009. Genetic polymorphism of STAT5A protein: relationships with production traits and milk composition in Italian Brown cattle, *Journal of Dairy Research*, 76: 441- 445.
- Seyfert H, Pitra C, Meyer L, Brunner RM., Wheeler TT, Molenaar A, McCracken JY, Hermann J, Thiesen H, Schwerin M. 2000. Molecular characterization of STAT5A and STAT5B- encoding genes reveals extended intragenic sequence homogeneity in cattle and Mouse and different degrees of divergent evolution of various domains., *Journal of Molecular Evolution*, 50: 550-561.
- TÜİK, 2014. Hayvancılık istatistikleri. <http://www.tuik.gov.tr/> (Erişim Tarihi: 06.05.2014).