

PAPER DETAILS

TITLE: KOYUNLARDA YAPILAN MOLEKÜLER FILOGENETİK ÇALIŞMALAR

AUTHORS: Selahattin KIRAZ

PAGES: 35-42

ORIGINAL PDF URL: <https://dergipark.org.tr/tr/download/article-file/448603>

Derleme

KOYUNLARDA YAPILAN MOLEKÜLER FİLOGENETİK
ÇALIŞMALARSelahattin KİRAZ¹

ÖZET

Evcil Koyun (*Ovis aries*), yaklaşık 8 000- 9 000 yıl önce Neolitik devirde Yakın Doğu'daki *Fertile Crescent* bölgesinde evcilleştirilmiş ve bugün Dünya'nın bütün kıtalarına yayılmıştır. Koyunlar, etinden, sütünden, lifinden ve derisinden yararlanılan önemli çiftlik hayvanlarıdır. Çiftlik hayvanları üzerinde yapılan filogenetik çalışmalarda mitokondriyal DNA moleküler belirteç olarak kullanılmaktadır. Başlangıç filogenetik çalışmalarda, koyunlar Asya ve Avrupa tipleri olmak üzere iki ana haplogrupta tanımlanmıştır. Daha sonraki çalışmalarda, Yakın Doğu bölgesi koyunları da içeren üç ilave soy (haplogrup C, D ve E) tanımlanmıştır. Bu derlemede, koyunlar üzerinde yapılan moleküler filogenetik çalışmalar hakkında bilgi verilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Evcil Koyun (*Ovis aries*), mtDNA, filogenetik

MOLECULAR PHYLOGENETIC STUDIES IN SHEEP

ABSTRACT

Domestic sheep (*Ovis aries*) were domesticated in the Fertile Crescent in the Near East in the Neolithic period about 8000-9000 years ago, and has spread to all continents in the world today. Sheep are important livestock that are used for meat, milk, fiber and leather. Mitochondrial DNA is used as molecular markers in phylogenetic studies in livestock. Initial phylogenetic studies, sheep identified the two main haplogroups, Asian (A) and European (B) types. Subsequent studies, which included sheep from the Near East, identified haplotypes of three additional lineages (haplogroup C, D and E). In this review, the information presented about the molecular phylogenetic studies in sheep.

Key Words: Domestic sheep (*Ovis aries*), mtDNA, Phylogenetics

GİRİŞ

Uygarlığının gelişimine paralel olarak koyunlar evcilleştirilerek geliştirilmiş ve bugün Dünya'nın bütün kıtalarına yayılmıştır. Koyun türü, etinden, sütünden, lifinden ve derisinden yararlanılan önemli çiftlik hayvanıdır. Koyunların bakım ve beslemesinin kolay olması, zayıf otlakları iyi değerlendirmesi, hastalık ve soğuğa dayanıklı olması, elde edilen ürünlerinin değerli olması nedeniyle yetiştiriciliği yaygın olarak yapılmaktadır. Dünya'da koyun yetiştiriciliği kıtalara, ülkelere ve aynı ülkenin çeşitli bölgelerine göre farklı dağılım göstermekte, Dünya genelinde toplam koyun varlığı 1 093 566 764 baş koyun bulunmaktadır (FAOSTAT, 2011).

En erken evcilleştirilmiş hayvan olarak evcil koyun (*Ovis aries*), insanlar için et, süt, yapağı ve deri gibi çok faydalı ürünler sağlamanın

yanında neolitik devre uzanan erken dönemlerde tarım, ekonomi, kültür ve hatta din gibi konularda önemli bir rol oynamıştır. Yakın Doğu'daki arkeolojik bölgelerdeki bulgular, muhtemelen koyunun yaklaşık 8 000-9 000 yıl önce Yakın Doğu'daki *Fertile Crescent* bölgesinde evcilleştirilmiş olabileceğini göstermektedir (Zeder, 2008). Muflon (*Ovis musimon* veya *Ovis orientalis*), ural (*Ovis vignei*) ve argali (*Ovis ammon*) gibi bazı yabani koyun türlerinin modern evcil koyunun atası olduğu veya belirli ırklara katkılarının bulunduğu ileri sürülmüştür (Ryder, 1984).

Mitokondriyal DNA; populasyonların tanımlanması, populasyonların ve türlerin orijinlerinin belirlenmesi, populasyonların biyocoğrafik dağılımlarının belirlenmesi, haplotiplerin belirlenmesi, populasyonların genetik benzerlik veya farklılıklarından yararlanılarak filogenetik ilişkilerin tespit

¹Harran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Şanlıurfa
Sorumlu yazar: skiraz73@gmail.com

edilmesi gibi çalışmalarda moleküler belirteç (özellikle D-loop ve Sitokrom b gen bölgeleri) olarak kullanılmaktadır (Meadows ve ark. 2007). Bu derlemede, koyunlar üzerinde yapılan moleküler filogenetik çalışmalar hakkında bilgi vermekte ve bu çalışmalarla ilgili genel bir değerlendirme yapılmaya çalışılmaktadır.

KOYUN MİTOKONDİRİ GENOMU

Evcil koyun (*Ovis aries*) genomu (2n=54), 26 çift otozomal kromozomu, 2 çift cinsiyet kromozomu ve mitokondriyal genomu içermektedir.

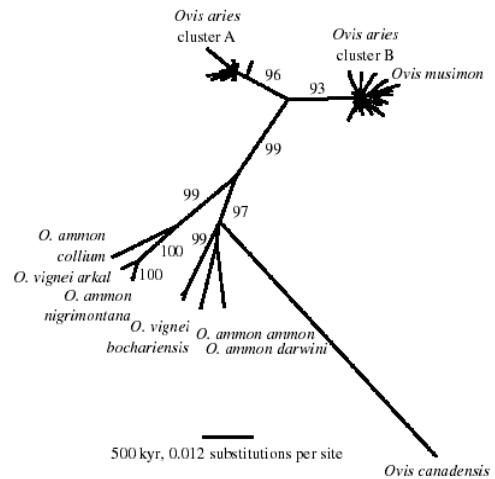
Koyun mitokondri genomu; protein kodlayan 13 gen (sitokrom c oksidaz kompleksi I, II ve III altbirimleri, ATPaz kompleksi 6 ve 8 altbirimleri, NADH dehidrojenaz 1, 2, 3, 4L, 4, 5 ve 6 ile sitokrom b), 2 ribosomal RNA gen bölgesi (12S rRNA, 16S rRNA), kontrol bölgesi (D-loop) ve 22 çeşit tRNA bölgelerinden oluşmakta olup, 16640 bp uzunluktadır. (Hiendleder ve ark., 1998a).

KOYUNLAR ÜZERİNDE YAPILAN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ÇALIŞMALAR

Hiendleder ve ark. (1998b) yaptıkları çalışmada, evcil koyunlar (*O. aries*) ile yabani koyunları arasındaki filogenetik ilişkiyi mtDNA D-loop bölgesinde PZR-RFLP yöntemini kullanarak araştırmışlardır. Araştırmacılar, 13 kesme enzimi ile 61 farklı fragment paterni değerlendirerek 254 yabani ve evcil koyunda 20 mtDNA haplotip tespit etmişlerdir. Bunlardan 14'ü evcil koyun, 3 muflon (*O. musimon*), 2 argali (*O. ammon nigrimontana*, *O. ammon collium*) ve 1 urial (*O. vignei bochariensis*) yabani koyundur. RFLP verilerine göre evcil koyun haplotiplerinde ortalama gen dizi farklılığı %0.492, muflon haplotiplerinde %0.091, iki argali alttürleri arasında %0.865, urial, argali ve muflon koyunları ile evcil koyunlar arasında ise sırasıyla %2.724, 2.115 ve 0.465 olarak hesaplamışlardır. Burada, genetik farklılık ve parsinomi analizlerinin evcil koyunların iki farklı soydan geldiklerini destekler nitelikte olduğu bildirilmiştir ve bunlar çoğunlukla Avrupa evcil koyunlarının yer aldığı Avrupa soyu ve diğeri ise Asya soyudur. Asya soyu bazı Avrupa ve Merkez Asya evcil koyun ırklarını içermektedir. İki soy arasında ortalama gen dizi farklılığı %0.716 olarak verilmiştir. Filogenetik ağaçta, haplotipleri urial/argali, muflon/Avrupa evcil koyunları ve Asya evcil koyunları şeklinde üç ana dalda kümelendiği gösterilmiştir. Hiendleder ve ark. (1998), iki major haplotiptin (A ve B)

tüm mtDNA dizisini çıkarmışlardır (AF010406 ve AF010407).

Hiendleder ve ark., (2002), evcil koyunların orjinini ve yabani koyunların taksonomisini araştırmak için tüm mtDNA kontrol bölgesininin (D-loop) dizi analizlerini yapmışlardır. Filogenetik analiz, Kanada (*O. canadensis canadensis*) Almanya (*O. musimon*), Türkmenistan (*O. vignei bochariensis*), Kazakistan (*O. vignei arkal*), Mongolya/Altay (*O. ammon ammon*), Mongolya/Gobi-Altay (*O. ammon darwini*), Kazakistan/Kara-Tau (*O. ammon nigrimontana*), Kazakıstan/Karaganda (*O. ammon collium*) yabani koyunları ile, Kazakistan/Alma-Ata (Edilbey), Kazakistan/Taşkent (Astrachan), Tacikistan (Gizarr), Suriye (İvesi), Türkiye/Batı Türkiye (Dağlıç), Türkiye/Ege (Kıvırcık), Türkiye/Orta Anadolu (Akkaraman) evcil koyunlarını (*O. aries*) kapsamıştır (Şekil 1). Şekil 1 incelendiğinde evcil koyunlar, yabani koyunu (muflon, *O. musimon*) da içine alan iki küme oluşturduğu görülmektedir (A, B). Araştırmacılar, evcil koyunlar ile bighorn koyun arasındaki ayrılma zamanı 5.63 milyon yıl, A kümesi ile B kümesi arasındaki zamanı ise 1.54 milyon yıl önce olarak hesaplamışlardır. Burada, muflon koyununun, küme B (Türkiye koyunları ağırlıklı B kümededir, %64)'nin yabani ataları olduğu gösterilmiştir.



Şekil 1. *Ovis* cinsinin yabani ve evcil formları arasında filogenetik ilişkiler (Hiendleder ve ark., 2002)

Guo ve ark. (2005) yaptıkları çalışmada, 6 Çin yerli koyun ırkı (Mongolian, Tibetan, Kazakh Fat-Rumped, Hu, Tong and Han) ve

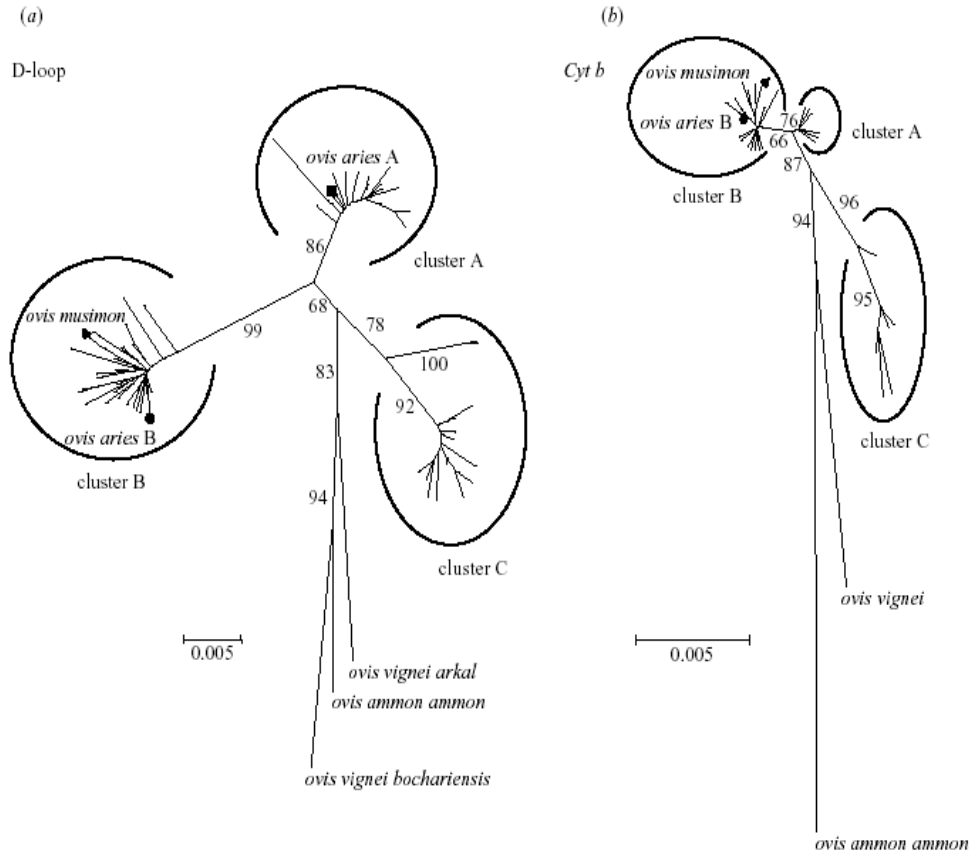
iki batı koyun ırkının (Poll Dorset and Texel) oluşturduğu gruplarda mitokondriyal D-loop bölgesi dizi ve SSCP analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. mtDNA dizi analizine göre oluşturdukları NJ filogenetik ağaçta haplotiplerin üç farklı gruba (A, B ve yeni olarak C) ayrıldıkları gösterilmiştir.

Luo ve ark. (2005), dokuz Çin koyun popülasyonu ve 11 Moğolistan koyun popülasyonundan oluşan hayvanların, mtDNA D-loop bölgesinin bir kısım fragmentinin sekans analiziyle genetik çeşitlilik ve orjinini belirlemeye çalışmışlardır. Çin ve Moğolistan koyunlarının mtDNA D-loop sekansları arasında nükleotid kompozisyonu bakımından farklılık bulunmadığını, Moğolistan koyunlarında genetik çeşitliliğin Çin yerli koyunlarından daha zengin olduğunu bildirmişlerdir. Tespit edilen 217 haplotipin filogenetik analizi ile, Moğolistan ve Çin koyunlarının, evcileştirilmelerinin benzer orjinli olduğu 3 farklı maternal soyla desteklenmiştir. Maternal soylar A, B, C şeklinde üç büyük haplotip olarak tanımlanmış ve haplotip frekansları sırasıyla %58.73, %24.68, %16.59 olarak verilmiştir. Ayrıca buradaki 217 haplotiple, Gen Bankasından alınan 91 sekans verisinden tanımlanan 87 haplotipin filogenetik ilişkisinin network analizi sonucunda, soylardan birisi içerisinde (haplotip B) yer alan Avrupa muflonu (*Ovis musimon*) ile 4 farklı soy belirlemişlerdir. Burada Moğolistan ve Çin evcil koyunlarının maternal orjinlerine, Argali koyunu (*Ovis ammon*), *Ovis vignei bochariensis*, *Ovis ammon nigrimontana* katkısının görülmediği de belirtilmiştir.

Meadows ve ark. (2005), Asya ve Avrupa koyun ırkları arasında genetik farklılığı araştırmak için toplam 121 hayvanda mitokondriyal genoma ait 2027 bç'lik dizi bilgilerini kullanmışlardır. Populasyonda, Cyt b geni (967 bç), D-loop bölgesi (525 bç) ve tRNA-Phe ve 12S rRNA bölgesini (535 bç) karşılaştırılarak toplam 57 haplotip tespit etmişlerdir. Haplotiplerde nükleotid farklılığı (π), Cyt b, D-loop ve 12S rRNA gen bölgelerinde sırasıyla $2.05 \pm 0.12 \times 10^{-3}$, $7.02 \pm 0.50 \times 10^{-3}$ ve $0.90 \pm 0.11 \times 10^{-3}$ olarak tespit etmişlerdir. A haplotipleri, Asya (Hindistan, Endonezya, Mongolya ve Tibet) orjinli, B haplotipleri Avrupa orjinli (Avusturya, Aland adaları,

Finlandiya, İspanya ve Kuzetbatı Rusya) ırklar olarak görülmüştür. Koyunlarda gözlenen haplotip dağılışının koyunlarda zayıf popülasyon yapısının varlığını gösterdiği ve kıtalar arasında nükleotid dizi varyasyonunun %2.7 düzeyinde bulunduğu bildirilmiştir.

Pedrosa ve ark. (2005), yaptıkları çalışmada, Türkiye evcil koyun ırklarında (Akkaraman, Hemşin, Karayaka, Morkaraman ve Tuj) mtDNA D-loop ve sitokrom b gen bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Ayrıca, önceki çalışmalardan yabancı türlere ait dizi bilgilerini Gen Bankası'ndan temin ederek mevcut evcil ırkların gen dizi bilgileri ile karşılaştırmışlardır. Beş ırktan oluşan 79 hayvanda mtDNA D-loop bölgesi bakımından 71 haplotip ve 69 polimorfik site, Cyt b gen bölgesi bakımından 36 haplotip ve 45 polimorfik site tespit etmişlerdir. Adı geçen araştırmacıların, evcil ve yabancı koyun ırklarının mitokondriyal D-loop ve Cyt b haplotiplerinin NJ ağaçlarına ilişkin araştırma bulguları Şekil 2'de verilmiştir. Burada, her iki gen bölgesi bakımından filogenetik ağaçlarda, referans *Ovis aries* A ve *Ovis aries* B ile birlikte oluşan kümelerin (A ve B) yanı sıra yabancı ırklardan ayrı olarak yeni bir küme (C) gözlenmiştir. Sonuçlar evcil koyunların üç ayrı maternal soyu kapsadığını göstermektedir. Burada A, B ve C haplogrupları için nükleotid farklılığı D-loop bölgesinde sırasıyla, 0.00679, 0.00701 ve 0.00881, Cyt b gen bölgesinde sırasıyla, 0.00059, 0.00120 ve 0.00226 olarak tespit etmişlerdir. Türkiye evcil koyun ırklarının A, B ve C haplogruplarına dağılım oranlarını (%) ise sırasıyla Akkaraman için 19, 43 ve 38, Hemşin için 6, 81 ve 13, Karayaka için 30, 35 ve 35, Morkaraman için 53, 34 ve 13, Tuj için 27, 66 ve 7 olarak belirlemişlerdir. Haplogruplar arasında ayrılma zamanının (divergence time); A ile B arasında 160.000-170.000, A ile C arasında 450.000-600.000, B ile C arasında 550.000-750.000 yıl önce olmuş olabileceğini tahmin etmişlerdir. Burada, Türkiye evcil koyunlarında üç ayrı maternal soyun varlığı, üç ayrı bağımsız evcilleştirme olgusunu desteklemiştir.



Şekil 2. Evcil ve yabani koyun ırkları (a) D-loop ve (b) Cyt b mtDNA tiplerinin NJ ağaçları (Pedrosa ve ark., 2005).

Chen ve ark. (2006), yaptıkları çalışmada, Çin'nin 13 evcil koyun ırkında, mtDNA kontrol bölgesinin 531 bç'lik bir fragmentini analiz ederek filocoğrafik yapı ve genetik farklılığı araştırmışlardır. Çalışmada, 449 dizide 91 polimorfik site ve 170 haplotip belirlemişlerdir. Haplotip farklılığı 0.4545 ± 0.1701 (Tan koyunu)- 1.0000 ± 0.0625 (Hu ve Han koyunu) ve nükleotid farklılığı 0.0239 ± 0.0138 (Hu koyunu)- (0.0069 ± 0.0042) (Tan koyunu) arasında tahmin etmişlerdir. Filogenetik analizler sonucu 170 haplotipin oluşturduğu NJ ağaçta, Çin yerli koyun ırklarının 91'i A, 48'i B ve 31'i C soy olarak gruplanmıştır. Ayrıca, genetik varyasyonun %94.66'sının ırklar içi, %5.34'ünün ırklar arası olduğu belirtilmiştir.

Li ve ark. (2006a), 9 Çin yerli koyun ırkı ile iki ithal koyun ırkında, PZR-RFLP tekniğini kullanarak 5 endonükleaz (*Hinf* I, *Msp* I, *Sau*3A I, *Xsp* I ve *Taq* I) ile mtDNA D-loop polimorfizmini çalışmışlardır. Adı geçen araştırmacılar, mtDNA D-loop bölgesinde iki temel haplotipin var olduğunu ve Çin yerli koyun ırklarının bu iki maternal atadan kökenini almış olabileceğini bildirmişlerdir.

Li ve ark. (2006b), Çin yerli ve kültür ırklarından (Mongolya, Ujimuqin, Dorset, Merinos, Kazakistan, Altay, Tan, Tibet, Hu ve Han koyunları) oluşan 77 koyunda mtDNA D-loop bölgesi (1055 bç) tekrar bölgelerinde (tandem repeats: RI-RV, 75nt) dizi bilgileri ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Tekrar dizileri (75nt) içeren 309 bç'lik dizi bölgesinde 28 polimorfik site ve 63 haplotip tespit etmişlerdir. Filogenetik ağaçta, i) Çin yerli ırkları (Hu, Han, Tan koyunları) ii) kültür ırkları (Dorset ve Merinos) iii) Mongolya, Tibet ve Ujimuqin koyunları iv) Kazakistan ve Altay koyunları şeklinde dört ayrı grubun oluştuğu gösterilmiştir. Irklarda, ortalama haplotip farklılığını 0.8783, nükleotid farklılığını ise 0.0365 olarak hesaplamışlardır.

Liu ve ark. (2006), 9 Çin yerli koyun ırkında mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 128 koyuna ait dizide, 92 farklı haplotip ve 102 polimorfik site tespit etmişlerdir. NJ filogenetik ağaçta, tüm haplotiplerin iki farklı soy grubu (A ve B)

şeklinde kümelendiği gösterilmiştir. Koyunların %74.22'sinin A soyu, %25.78'inin B soyu olarak iki maternal orjine sahip oldukları bildirilmiştir. Irklarda, haplotip farklılığı 0.9333-1.000 ve nükleotid farklılığını %0.7062-1.8265 arasında hesaplamışlardır.

Tapio ve ark. (2006), Avrupa, Kafkasya ve Orta Asya bölgelerindeki koyun ırkları üzerinde mtDNA D-loop bölgesi dizi bilgilerini (721 bç) kullanarak filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 48 ırktan oluşan 406 koyunda 210 haplotip site tespit etmişlerdir. NJ ağaçta, haplotiplerin dört ayrı gruba ayrıldığı, Grup A, B, C ve yeni grup D'nin bu çalışmada tanımlandığı bildirilmiştir. Grup D'de kuzey Kafkasyadan sadece bir Karachai ırkı koyun yer almıştır.

Wang ve ark. (2006), Çin'in farklı yörelerinden 9 yerli koyun ırkında, mtDNA Cyt b gen bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ağaçta, 9 yerli ırkın yer aldığı 21 koyunun üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir. Soy A, B ve C sırasıyla 6, 12, ve 3 koyunu içermiştir. Populasyonda, haplotip farklılığı %97.1±0.09, nükleotid farklılığı (π) %0.602 olarak hesaplamışlardır.

Pereira ve ark. (2006), Churra tipinden Churra Badana, Churra da Terra Quente, Mondegueira ve Churra Algarvia; Bordaleiro tipinden Campanicxa ve Saloia, merinos tipinden Merino Preto olmak üzere akrabalık ilişkisi bulunmayan 161 koyunda, mtDNA kontrol bölgesi dizi bilgileri ile filogenetik ilişkileri

araştırmışlardır. Portekiz koyun ırklarında mtDNA kontrol bölgesinde 195 polimorfik site ve 134 farklı haplotip tespit etmişler ve haplotip farklılığı 0.966-0.998 arasında tahmin etmişlerdir. Irkların haplogrurlara (HG) dağılımı ise %93 HG B, %4.3 HG A ve %1.9 HG C olarak görülmüştür.

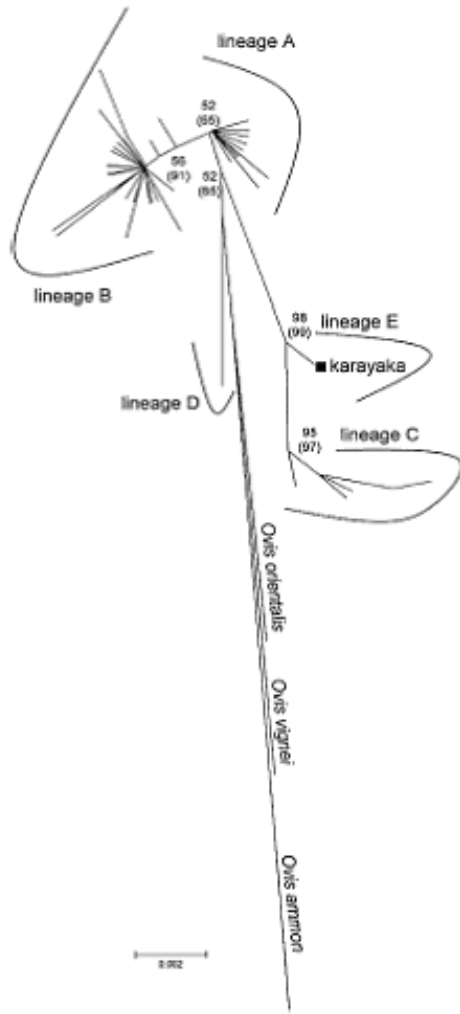
Meadows ve ark. (2007), Türkiye'deki Van yöresinden Karakaş ve Norduz, Erzurum yöresinden Morkaraman ve Tuj, Aydın yöresinden Çine Çaparı, Sakız, ve Karya (Sakız*Kıvrıcık), Tokat ve Samsun yöresinden Karayaka koyun ırklarından ve İsrail'den İvesi koyunlarından oluşan örnek populasyonlarda, mtDNA kontrol bölgesi (1060 bç) ile Cyt b gen bölgelerinin (967 bç) dizi analizi ile Yakın Doğu koyun ırklarında beş mitokondriyal soyu (HA, HB, HC, HD ve HE) tanımlamışlardır. Hayvanların çoğunluğunun A, B ve C soyları içerisinde gruplandığı belirtilmiştir. Adı geçen araştırmacıların, Yakın Doğu koyun ırklarının mitokondriyal haplogrurlara dağılımına ilişkin araştırma sonuçları Çizelge 1'de verilmiştir. Burada, Morkaraman (A, B, C, D) ile Tuj ve İvesi (A, B, C, E) koyunlarının dört farklı soya, Sakız koyunlarının ise tek soya (B) sahip olduğu görülmektedir. Haplogrurlar arasında, genetik farklılığın %0.49-1.37 arasında olduğu belirtilmiştir.

Koyunlarda, beş mtDNA haplogrubun yer aldığı filogenetik ağaç Şekil 3'de gösterilmiştir.

Çizelge 1. Türkiye ve İsrail orjinli koyun ırklarının mitokondriyal haplogrup dağılımı (%)

İrklar	n	HA	HB	HC	HD	HE
Karakaş	20	20.0	60.0	20.0		
Morkaraman	19	26.3	57.9	5.3	10.5	
Tuj	16	18.8	43.8	31.2		6.2
Karya	24	12.5	87.5			
Norduz	15	46.8	26.6	26.6		
Çine Çaparı	14	14.3	50.0	35.7		
Karayaka	15	40.0	60.0			
Sakız	17		100.0			
İvesi	57	26.3	54.4	14.0		5.3
Nükleotid farklılık (π) ($\times 10^{-3}$)		1.06	1.64	1.15	0.00	0.49

*(Meadows ve ark. 2007)



Şekil 3. Koyun mtDNA soyları (Meadows ve ark., 2007)

Pardeshi ve ark. (2007), Hindistan koyun ırklarını (Bannur, Garole, Deccani) içeren 73 koyunda mtDNA D-loop + 12s RNA + tRNA-Phe (1246 bp) 'lık gen bölgesinin dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmıştır. Toplam 73 dizide 52 haplotip ve 48 polimorfik site belirlemişlerdir. Koyun popülasyonunda haplotip farklılığı 0.882-0.981 arasında, nükleotid farklılığı 0.00167-0.00355 arasında hesaplamışlardır. NJ filogenetik ağaçta, Hindistan koyunlarının iki farklı grupta (A ve B) kümelendiği gösterilmiştir.

Wang ve ark. (2007), Çin'in farklı yörelerinden 10 yerli koyun ırkında genetik farklılıkları belirlemek için yaptıkları çalışmada, mtDNA D-loop bölgesi gen dizi bilgilerini kullanarak popülasyonda, haplotip farklılığı %92.7, nükleotid farklılığı %3.058 olarak

hesaplamışlardır. NJ filogenetik ağaç, 10 yerli Çin koyun ırkının yer aldığı 78 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir. Soy A ve B'nin predominant olduğu, Soy C'nin ise düşük frekansa sahip olduğu belirtilmiştir.

Cinkulov ve ark. (2008) yaptıkları çalışmada, 7 Balkan Pramenka koyun ırklarında mikrosatelit belirteçler ve mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi (her ırktan 8-10 adet) ile genetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada, toplam 60 haplotipte, haplotip farklılığı 0.857-1.000 arasında, nükleotid farklılığı 0.0043-0.0220 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analiz sonucu 60 haplotipi içeren NJ ağaçta, koyunların A (%6.3) ve B (%93.7) olmak üzere iki haplogruba ayrıldıkları gösterilmiştir.

Kiraz (2009), Akkaraman ve İvesi koyunlarında, 12S rRNA, *Sitokrom b*, D-loop bölgesi gen dizi bilgilerine göre mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylarını), haplotipler ve yabancı türler arasında filogenetik ilişkileri belirlemiştir. 12S rRNA gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.724 ± 0.023 ve 0.00209 ± 0.00008 olarak bulmuştur. *Sitokrom b* gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla, 0.857 ± 0.0127 ve 0.00764 ± 0.00026 olarak bulmuştur. Referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan NJ filogenetik ağaçta, 16 haplotipten, 6'sı B soyunda, 1'i A soyunda, 1'i E soyunda 5'i C soyunda yer almış, AK06 ve IV13 örnekler farklı kümelendiği görülmüştür. D-loop gen dizisine göre haplotip ve nükleotid farklılığı ise sırasıyla, 0.990 ± 0.002 ve 0.03051 ± 0.0021 olarak bulmuştur. Referans dizilerle (A, B, C, D, ve E soyları) birlikte oluşturulan NJ filogenetik ağaçta, 27 haplotipten, 9'u B soyunda, 9'u A soyunda, 7'si C soyunda yer almıştır. AK03 ve AK09 örnekleri ise birlikte diğer gruplardan ayrılmıştır ve sadece E grubu ile yakınlaşmıştır.

Zhao ve ark. (2011), yağlı kuyruklu 3 Çin koyun ırkında (Lanzhou, Tong ve Han), mtDNA D-loop bölgesine göre 39 farklı haplotipte, ortalama haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla 0.987 ± 0.006 ve 0.03956 ± 0.00206 olarak hesaplamışlardır. Filogenetik analiz, 39 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir.

Zhao ve ark. (2013), onaltı farklı Çin yerli koyun ırkında, mtDNA D-loop bölgesi dizi analizine göre 3 maternal haplogrup (A, B ve C) tespit etmişlerdir. A, B ve C

haplogruplarında, haplotip sayıları sırasıyla 99 (%58.93), 93 (55.36) ve 43 (25.60) olarak, tüm haplogruplarda haplotip çeşitliliği 0.961 ± 0.006 ve nükleotid çeşitliliği ise 0.03165 ± 0.00073 olarak bulunmuşlardır.

Oner ve ark., (2013), Türkiye yerli koyun ırklarında (Dağlıç, Kıvırcık, İmroz, Sakız, Morkaraman, İvesi, Hemşin, Karayaka ve Akkaraman), mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada 63 haplotipte, haplotip ve nükleotid farklılığı sırasıyla; 0.9496 ± 0.011 ve 0.01407 ± 0.00060 olarak hesaplamışlardır. Filogenetik ağaç, 63 mtDNA haplotipinin üç ayrı soya (soy A, B ve C) ayrıldığını göstermiştir.

SONUÇ

Mitokondriyal DNA (mtDNA) evcil koyunun orjinini araştırmak için yaygın olarak kullanılmıştır. Hiendleder ve ark. (1998b), mtDNA'ya göre kurulan filogenetik ağaçta evcil koyunların A ve B olmak üzere iki maternal soydan geldiklerini bildirmişlerdir. Daha sonraki çalışmalarda, koyunlarda soy A ve B'nin yanı sıra Çin ve Yakın Doğu evcil koyun ırklarında yeni bir maternal soy C bulunmuştur (Guo ve ark., 2005; Pedrosa ve ark., 2005). Bununla birlikte Pereira ve ark. (2006), Portekiz yerli koyunlarında düşük frekansta C soyunun bulunduğunu bildirmişlerdir. Tapio ve ark. (2006) Kuzey Kafkasya Karachai koyunlarında bu belirtilen üç soydan ayrılan dördüncü bir maternal soyun (D soyu) varlığını tespit etmişlerdir. Son olarak, Meadows ve ark. (2007), ilk kez beşinci soy olarak E soyunun varlığını Türkiye Tuj ve İvesi koyun ırklarında tespit etmişlerdir.

KAYNAKLAR

Chen, S.Y., Duan, Z.Y., Sha, T., Xiangyu, J., Wu, S.F., Zhang, Y.P. 2006. Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene*, 19;376(2):216-223.

Cinkulov, M., Popovski, Z., Porcu, K., Tanaskovska, B., Hodzić, A., Bytyqi, H., Mehmeti, H., Margeta, V., Djedović, R., Hoda, A., Trailović, R., Brka, M., Marković, B., Vazić, B., Vegara, M., Olsaker, I., Kantanen, J. 2008. Genetic diversity and structure of the West Balkan Pramenka sheep types as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125(6):417-426.

FAOSTAT, 2011. www.faostat.org

Guo, J., Du, L.X., Ma, Y.H., Guan, W.J., Li, H.B., Zhao, Q.J., Li, X., Rao, S.Q. 2005. A novel Maternal Lineage Revealed in Sheep (Ovis Aries). *Anim Genet.*, 36(4):331-336.

Hiendleder, S., Lewalski, H., Wassmuth, R., Ke, A. 1998a. The Complete Mitochondrial DNA Sequence of The Domestic Sheep (Ovis Aries) and Comparison With The Other Major Ovine Haplotype. *J Mol Evol.* 47(4):441-448.

Hiendleder, S., Mainz, K., Plante, Y., Lewalski, H. 1998b. Analysis of Mitochondrial DNA indicates That Domestic Sheep Are Derived from Two Different Ancestral Maternal Sources: No Evidence for Contributions from Urial and Argali Sheep. *J. Hered.* 89(2):113-120.

Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmut, R., Janke, A. 2002. Molecular Analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. Lond.* 269:893-904.

Kiraz, S. 2009. Şanlıurfa Yöresindeki Küçükbaş Hayvanların Filogenetik Yapılarının Moleküler Tekniklerle Belirlenmesi Çalışmaları. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Şanlıurfa. (Doktora Tezi, 181s)

Li, X.L., Gong, Y.F., Liu, Z.Z., Zheng, G.R., Zhou, R.Y., Jin, X.M., Li, L.H., Wang, H.L. 2006a. Study on tandem repeat sequence variation in sheep mtDNA D-loop region. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(12):1087-1095.

Li, X.L., Zhang, Z.L., Gong, Y.F., Liu, Z.Z., Jia, Q., Wang, L.Z. 2006b. [Study on MtDNA D-Loop of Chinese Main indigenous Sheep Breeds using PCR-RFLP] *Yi Chuan.*, 28(2):165-170. Chinese.

Liu, R.Y., Yang, G.S., Lei, C.Z. 2006. The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(5):420-428.

Luo, Y.Z., Cheng, S.R., Batsuuri, L., Badamdorj, D., Olivier, H., Han, J.L. 2005. Origin and Genetic Diversity of Mongolian and Chinese Sheep using Mitochondrial DNA D-Loop Sequences. *Yi Chuan Xue Bao.*, 32(12):1256-1265. Chinese.

Meadows, J.R., Li, K., Kantanen, J., Tapio, M., Sipos, W., Pardeshi, V., Gupta, V., Calvo, J.H., Whan, V., Norris, B., Kijas, J.W. 2005. Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of Gene Flow Between Breeds

- of Domestic Sheep from Asia and Europe. *J Hered.*, 96(5):494-501.
- Meadows, J.R., Cemal, I., Karaca, O., Gootwine, E., Kijas, J.W. 2007. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. *Genetics*, 175(3):1371-1379.
- Oner, Y., Calvo, J.H., Elmaci, C., 2013. Investigation of the genetic diversity among native Turkish sheep breeds using mtDNA polymorphisms. *Tropical Animal Health and Production*, 45:947-951.
- Pardeshi, V.C., Kadoo, N.Y., Sainani, M.N., Meadows, J.R., Kijas, J.W., Gupta, V.S. 2007. Mitochondrial haplotypes reveal a strong genetic structure for three Indian sheep breeds. *Anim. Genet.*, 38(5):460-466.
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J.J., Gutierrez-Gil, B., San, Primitivo, F., Bayon, Y. 2005. Evidence of Three Maternal Lineages in Near Eastern Sheep Supporting Multiple Domestication Events. *Proc. Biol. Sci.*, 22, 272(1577):2211-2217.
- Pereira, F., Davis, S.J., Pereira, L., Mcevoy, B., Bradley, D.G., Amorim, A. 2006. Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Mol. Biol. Evol.*, 23(7):1420-1426.
- Ryder ML, 1984. *Sheep. In: Evolution of domesticated animals* (Mason SL, ed). London: Longman; 63–85.
- Tapio, M., Marzanov, N., Ozerov, M., Cinkulov, M., Gonzarenko, G., Kiselyova, T., Murawski, M., Viinalass, H., Kantanen, J. 2006. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. *Mol. Biol. Evol.*, 23(9):1776-1783.
- Wang, X., Ma, Y.H., Chen, H. 2006. Analysis of the genetic diversity and the phylogenetic evolution of Chinese sheep based on Cyt b gene sequences. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(12):1081-108.
- Wang, X., Ma, Y.H., Chen, H., Guan, W.J. 2007. Genetic and phylogenetic studies of Chinese native sheep breeds (*Ovis aries*) based on mtDNA D-loop sequences. *Small Ruminant Research*, 72:232-236.
- Zeder, M.A. 2008. Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *PNAS* 105:11597–11604.
- Zhao, Y., Zhao, E., Zhang, N., Duan, C. 2011. Mitochondrial DNA diversity, origin, and phylogenetic relationships of three Chinese large-fat-tailed sheep breeds. *Tropical Animal Health and Production*, 43:1405-1410.
- Zhao, E., Yu, Q., Zhang, N., Kong, D., Zhao, Y. 2013. Mitochondrial DNA diversity and the origin of Chinese indigenous sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 45:1715–1722.