



**T.C.  
HARRAN ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KOYUNLARDA MOLEKULER FİLOGENETİK ANALİZLER**

**Cemalettin Sefa AYKAÇ  
ZOOTEKNİ**

**ŞANLIURFA  
2026**



**T.C.  
HARRAN ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KOYUNLARDA MOLEKULER FİLOGENETİK ANALİZLER**

**Cemalettin Sefa AYKAÇ  
ZOOTEKNİ**

**DANIŞMAN: Dr. Öğr. Üyesi Selahaddin KİRAZ**

**ŞANLIURFA  
2026**

## **TEŞEKKÜR**

TEZ ÇALIŞMAMDA BİLGİ VE TECRÜBELERİNİ BENDEN EKSİK ETMEYEN  
SAYIN DR. ÖĞRETİM ÜYESİ DANIŞMANIM SAYIN SELAHADDİN KİRAZ VE DOÇ.  
DR. BOZKURT KİRAZ VE EŞİM FİLİZ AYKAÇ A SONSUZ TEŞŞEKÜR EDERİM.

## İÇİNDEKİLER

|                                                             |     |
|-------------------------------------------------------------|-----|
| ÖZET .....                                                  | i   |
| ABSTRACT .....                                              | ii  |
| ŞEKİLLER DİZİNİ.....                                        | iii |
| 1. GİRİŞ .....                                              | 1   |
| 1.1. Koyun Taksonomisi ve Koyun Evcilleştirilmesi.....      | 1   |
| 1.2. Mitokondriyal Haplogruplar .....                       | 9   |
| 1.3. DNA Değişim Modelleri .....                            | 10  |
| 1.4. Filogenetik Analizler .....                            | 14  |
| 1.5. Çalışmanın Amaçları .....                              | 15  |
| 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR .....                                  | 17  |
| 3. GEREÇ ve YÖNTEM .....                                    | 22  |
| 3.1. Meteryal .....                                         | 22  |
| 3.2. Yöntem.....                                            | 22  |
| 3.2.1. Evcil ve Yabani Koyunlara ait Genbank kodları: ..... | 22  |
| 4. BULGULAR .....                                           | 24  |
| 5. TARTIŞMA .....                                           | 30  |
| 6. SONUÇLAR .....                                           | 34  |
| 7. ÖNERİLER .....                                           | 35  |
| KAYNAKLAR .....                                             | 36  |
| ÖZ GEÇMİŞ .....                                             | 38  |

## ÖZET

### YÜKSEK LİSANS TEZİ

#### KOYUNLARDA MOLEKÜLER FİLOGENETİK ANALİZLER

Cemalettin Sefa AYKAÇ

HARRAN ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ  
ZOOTEKNİ

Tez Danışmanı: Dr. Öğr. Üyesi Selahaddin KİRAZ

Yıl: 2026, Sayfa: 38

Evcil koyunun (*Ovis aries*) kökeni, Neolitik dönem boyunca Yakın Doğu'nun Verimli Hilal (Fertile Crescent) olarak bilinen bölgesine uzanmaktadır. Arkeozoolojik ve genetik veriler, koyunun bu coğrafyada yaklaşık 8.000–9.000 yıl önce evcilleştirildiğini ve tarımsal üretim sistemlerinin gelişimiyle birlikte hızla geniş bir dağılım alanına ulaştığını göstermektedir. Günümüzde koyun, et, süt, lif ve deri üretiminde değerlendirilen en önemli çiftlik hayvanlarından biri olarak küresel ölçekte yaygın bir yetiştirme sahasına sahiptir. Koyunların kökeni, yayılım örüntüleri ve soy ilişkilerinin aydınlatılmasında moleküler genetik yöntemler kritik rol oynamaktadır. Modern filogenetik analizlerde en sık kullanılan moleküler belirteç mitokondriyal DNA (mtDNA)'dır. mtDNA'nın yalnızca anne hattı üzerinden aktarılması, yüksek mutasyon oranı ve filogenetik olarak bilgilendirici kontrol bölgesine (D-loop) sahip olması, koyun popülasyonlarındaki genetik çeşitliliği çözümlemede güçlü bir avantaj sağlamaktadır.

**ANAHTAR KELİMELE:** Koyun, Filogenetik Analiz, DNA, mtDNA

## **ABSTRACT**

### **MASTER’S THESIS**

#### **Studies on Molecular Phylogenetic Analysis in Sheep**

**Cemalettin Sefa AYKAÇ**

**HARRAN UNIVERSITY**

**GRADUATE SCHOOL**

**ANIMAL SCIENCE**

**Thesis Advisor: Asst. Prof. Selahaddin KİRAZ**

**Year: 2026, Page: 38**

The origins of the domestic sheep (*Ovis aries*) can be traced back to the Fertile Crescent of the Near East during the Neolithic period. Archaeozoological and genetic data indicate that sheep were domesticated in this region approximately 8,000–9,000 years ago and rapidly spread across a wide area with the development of agricultural production systems. Today, sheep are one of the most important farm animals globally, valued for their meat, milk, fiber, and leather production. Molecular genetic methods play a critical role in elucidating the origins, distribution patterns, and lineage relationships of sheep. Mitochondrial DNA (mtDNA) is the most frequently used molecular marker in modern phylogenetic analyses. The fact that mtDNA is transmitted only through the maternal line, its high mutation rate, and its phylogenetically informative control region (D-loop) provide a strong advantage in analyzing genetic diversity in sheep populations.

**KEYWORDS:** Sheep, Phylogenetic Analysis, DNA, mtDNA

## ŞEKİLLER DİZİNİ

|            |                                                                                     |    |
|------------|-------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Şekil 1.1. | Koyunun Sistematikteki Yeri.....                                                    | 1  |
| Şekil 1.2. | Ovis Ammon .....                                                                    | 3  |
| Şekil 1.3. | Ovis Dali .....                                                                     | 3  |
| Şekil 1.4. | Ovis Vignei .....                                                                   | 4  |
| Şekil 1.5. | Ovis Nivicola .....                                                                 | 4  |
| Şekil 1.6. | Bazı Yabani Koyun Kaynakça .....                                                    | 5  |
| Şekil 1.7. | Fertila Crescent Bölgesi .....                                                      | 5  |
| Şekil 4.1. | Yerli ve yabani koyunlar arasında JC UPMA filogenetik ağaç .....                    | 24 |
| Şekil 4.2. | Yerli ve yabani koyunlar Neighbour-Joining (NJ) filogenetik ağaç .....              | 25 |
| Şekil 4.3. | Yerli ve yabani koyunlar arasında K2P UPMA filogenetik ağaç .....                   | 27 |
| Şekil 4.4. | Yerli ve yabani koyunlar arasında K2P Neighbour-Joining (NJ) filogenetik ağaç ..... | 28 |

## 1. GİRİŞ

### 1.1. Koyun Taksonomisi ve Koyun Evcilleştirilmesi

#### Koyun Taksonomisi

Dünya üzerinde yaklaşık iki milyon canlı türünün bulunduğu kabul edilmekte olup, bu canlıların belirli bilimsel ölçütlere göre adlandırılması ve sınıflandırılmasına yönelik çalışmalar devam etmektedir. Canlıların sistematik olarak sınıflandırılması, biyolojik çeşitliliğin daha düzenli bir şekilde incelenmesini sağlamak ve doğanın anlaşılmasını kolaylaştırmaktadır. Evcil koyun (*Ovis aries*) çift toynaklı memelileri kapsayan Artiodactyla takımında, Bovidae familyası içerisinde yer almaktadır. Yaklaşık 20 milyon yıl önce Miyosen Dönemi'nde ortaya çıktığı kabul edilen Bovidae familyası, evrimsel süreç boyunca geniş bir yayılım göstererek günümüzde çok sayıda türü bünyesinde barındıran önemli bir memeli grubuna dönüşmüştür (Gatesy ve vd., 1992). Evcil koyunun (*Ovis aries*) hayvanlar âlemi içerisindeki sistematik sınıflandırması ise Şekil 1.1'de sunulmuştur.

|                                  |                                                  |
|----------------------------------|--------------------------------------------------|
| Alem<br><i>Kingdom</i>           | Hayvanlar<br><i>Animale</i>                      |
| Şube<br><i>Phylum</i>            | Kordalılar (sırtı iplikliler)<br><i>Chordata</i> |
| Alt Şube<br><i>Subphylum</i>     | Omurgalılar<br><i>Vertebrata</i>                 |
| Sınıf<br><i>Clasis</i>           | Memeliler<br><i>Mamalia</i>                      |
| Takım<br><i>Ordo</i>             | Tırnaklılar<br><i>Ungulata</i>                   |
| Alt Takım<br><i>Subordo</i>      | Çift tırnaklılar<br><i>Artiodactyla</i>          |
| Grup<br><i>Gruppia</i>           | Geviş getirenler<br><i>Ruminantia</i>            |
| Familya<br><i>Familia</i>        | Boş boynuzlular<br><i>Cavinornia</i>             |
| Alt Familya<br><i>Subfamilia</i> | Koyun alt familyası<br><i>Ovinae</i>             |
| Cins<br><i>Genus</i>             | Yabani ve evcil koyunlar<br><i>Ovis</i>          |

Kaynak: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy>

Şekil 1.1. Koyunun Sistematikteki Yeri

**Koyun Türleri (species) ve Alttürleri (subspecies)**

- *Ovis ammon ammon*
- *Ovis ammon collium*
- *Ovis ammon darwini*
- *Ovis ammon karelini*
- *Ovis ammon nigrimontana*
- *Ovis ammon polii*
- *Ovis aries* (evcil koyun)
- *Ovis aries musimon* (mouflon)
- *Ovis canadensis* (bighorn sheep)
- *Ovis canadensis canadensis*
- *Ovis canadensis mexicana*
- *Ovis canadensis nelsoni*
- *Ovis canadensis weemsi*
- *Ovis dalli* (Dall sheep)
- *Ovis dalli dalli*
- *Ovis nivicola* (snow sheep)
- *Ovis platyurea*
- *Ovis vignei* (urial)
- *Ovis vignei arkal*
- *Ovis vignei bochariensis*
- *Ovis sp.*



**Şekil 1.2. Ovis Ammon**



**Şekil 1.3. Ovis Dali**



Şekil 1.4. Ovis Vignei



Şekil 1.5. Ovis Nivicola

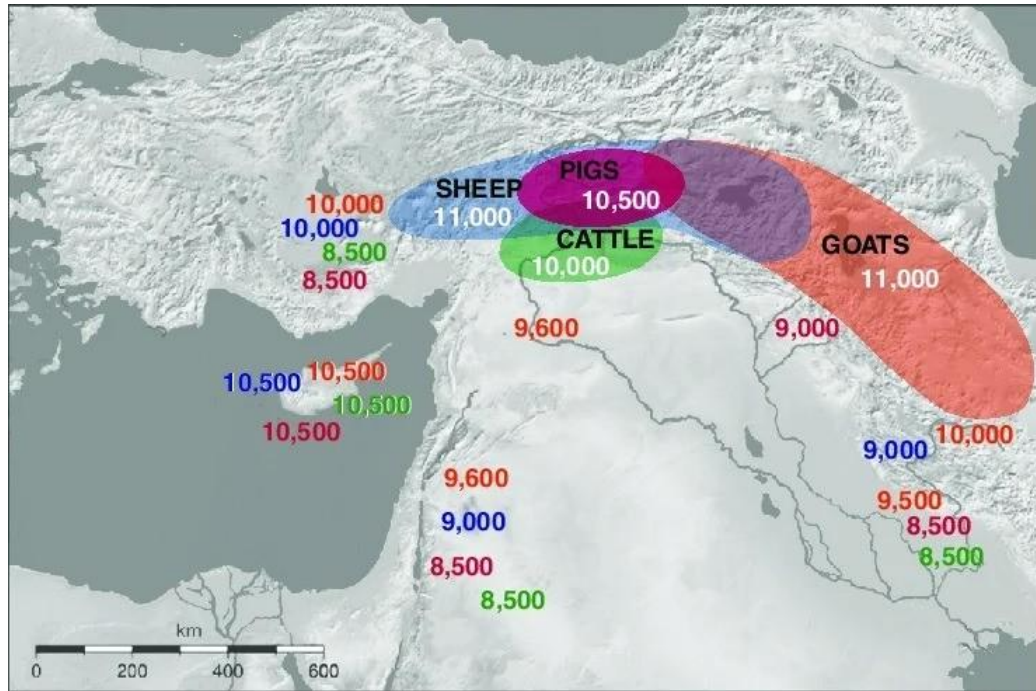
[https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Ovis\\_ammon\\_ammon\\_by\\_Joseph\\_Smit.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Ovis_ammon_ammon_by_Joseph_Smit.jpg)

<https://kureansiklopedi.com/en/detay/dall-koyunu-ovis-dalli>

<https://www.alamy.com/stock-photo/ovis-vignei.html?sortBy=relevant>

<https://baikalu.ru/baikal/krasnaja-kniga-irkutskoi-oblasti/mlekopitayuschie/snezhnyi-baran.html>

Şekil 1.6. Bazı Yabani Koyun Kaynakça



Şekil 1.7. Fertila Crescent Bölgesi

### Koyun Evcilleştirilmesi

İnsan topluluklarının göçebe yaşamdan yerleşik düzene geçmesiyle birlikte koyun yetiştiriciliği de giderek yaygınlaşmış ve zaman içerisinde dünyanın birçok farklı bölgesine ulaşmıştır. Bu dönüşümün en önemli arkeolojik kanıtlarından biri, Şanlıurfa'nın yaklaşık 15 km kuzeydoğusunda yer alan ve yaklaşık 12.000 yıl öncesine tarihlenen Göbekli Tepe'dir. Avcı-toplayıcı topluluklar tarafından inşa edilen, tonlarca ağırlığa sahip kireçtaşı dikilitaşlar; yerleşik yaşamın, tarımsal üretimin ve hayvan evcilleştirmenin başlangıcına ilişkin önemli bilgiler sunmaktadır. Elde edilen bulgular, karmaşık sosyal örgütlenmenin tarım ve hayvan yetiştiriciliğinden daha erken ortaya çıkmış olabileceğini göstermektedir (Schmidt, 2007).

Yakın Doğu ve Güneybatı Asya'da gerçekleştirilen arkeolojik çalışmalar, Neolitik Dönem'e (MÖ 7000–5500) ait çok sayıda evcil hayvan kalıntısını ortaya çıkarmıştır. Bu buluntular, söz konusu bölgenin hayvan evcilleştirme süreçlerinin merkezlerinden biri olduğunu desteklemektedir. Özellikle koyunun MÖ 7000–6000 yılları arasında evcilleştirildiği kabul edilmekte ve insanlarla olan ilişkisinin tarih öncesi dönemlere kadar uzandığı belirtilmektedir.

Koyunun evcilleştirilmesinin Yakın Doğu'da başladığı düşünülmeyle birlikte, ilerleyen dönemlerde tür farklı coğrafyalara yayılmıştır. Mezopotamya ve Mısır'da yapılan kazılarda ortaya çıkarılan kil tabletler, kabartmalar ve heykeller, koyunun yalnızca ekonomik açıdan değil aynı zamanda kültürel yaşam içerisinde de önemli bir yere sahip olduğunu göstermektedir. Avrupa'da elde edilen arkeolojik veriler ise evcil koyunun atalarının küçük yapılı ve keçiye benzer boynuz özellikleri taşıyan bir forma (*Ovis aries palustris*; turbalk koyunu) sahip olduğunu ortaya koymaktadır.

Evcilleştirme süreci boyunca koyunlarda önemli morfolojik değişimler meydana gelmiştir. Yabani koyunlarda görülen büyük boynuz yapısı ve kısa kuyruk zamanla farklılaşmış, post renklerindeki çeşitlilik yerini daha homojen renk dağılımına bırakmıştır. Bunun yanında yapağı yapısında belirgin değişimler meydana gelmiş, deri kıvrımları ile farklı yapağı tipleri gelişerek günümüz evcil koyunlarının karakteristik özelliklerini oluşturmuştur.

Göbekli Tepe’de gerçekleştirilen arkeozoolojik incelemelerde çok sayıda memeli ve kuş türüne ait kemik kalıntıları belirlenmiştir. Memeli faunası içerisinde ceylan, yaban domuzu, yabani sığır, koyun-keçi, yabani eşek, tavşan, kızıl geyik, kurt ve yabani kedi türleri; kuş faunasında ise akbaba, kartal, ördek, kaz, turna, keklik, bıldırcın, baykuş, saksağan ve karga gibi türler tespit edilmiştir. Bu bulgular, Göbekli Tepe topluluklarının çevrelerindeki yaban hayatını yoğun biçimde kullandıklarını ve geniş bir fauna çeşitliliğiyle etkileşim içerisinde olduklarını göstermektedir (Peters ve Schmidt, 2004).

Göbekli Tepe’de yapılan zooarkeolojik analizlerde *Gazella subgutturosa*, *Bos primigenius*, *Equus hemionus*, *Sus scrofa*, *Ovis aries*, *Lepus spp.*, *Vulpes spp.* ve çeşitli kuş türlerine ait kalıntılar belirlenmiştir. Türlerin dağılımı değerlendirildiğinde ceylanın beslenme ekonomisinde baskın konumda olduğu ve tüketilen etin önemli bölümünü oluşturduğu anlaşılmaktadır. Bunun yanında yabani sığırın da toplam et tüketiminde yaklaşık %18’lik paya sahip olduğu bildirilmektedir (Peters vd., 2014).

Demirköy yerleşimi, Diyarbakır’ın Silvan ilçesi yakınlarında Batman Nehri’nin batı kıyısında bulunan Çanak Çömleksiz Neolitik Dönem’e ait önemli yerleşimlerden biridir. Bölgede planlanan baraj projeleri kapsamında gerçekleştirilen kurtarma çalışmaları sırasında 1989 yılında keşfedilen alan, Peasnall ve Rosenberg tarafından yürütülen araştırmalar sonucunda yaklaşık MÖ 10. binyıla tarihlendirilmiştir (Savard vd., 2006). Yerleşimde yapılan incelemelerde yaban domuzu, geyik ve koyuna ait fauna kalıntıları belirlenmiştir. Buluntu yoğunluğu Hallan Çemi’ne göre daha sınırlı olmakla birlikte, köpeğe ait bir mezarın bulunması dönemin sosyal yapısı ve sembolik davranışlarının anlaşılması açısından önemli kabul edilmektedir.

Körtik Tepe, Diyarbakır’ın Bismil ilçesinde Batman Nehri’nin batısında yer alan yaklaşık 0,5 hektarlık erken Neolitik bir yerleşimdir. Hallan Çemi’nin yaklaşık 60 km, Demirköy’ün ise 20 km yakınında bulunan alandaki kazılar 2000 yılında Vecihi Özkaya başkanlığında başlatılmıştır. Karbon-14 analizleri yerleşimin yaklaşık 9.900 yıl önce iskân edilmeye başlandığını göstermektedir (Arbuckle ve Özkaya, 2006). Körtik Tepe’de ele geçirilen hayvan kalıntıları incelendiğinde özellikle *Ovis orientalis* (yaban koyunu) ve *Capra aegagrus* (yaban keçisi) başta olmak üzere küçükbaş türlerinin baskın olduğu görülmektedir. Ayrıca yabani sığır, geyik, tavşan ve domuz kalıntıları da tespit edilmiştir.

Faunal dağılımının bölgenin ekolojik özellikleriyle uyumlu olduğu düşünülmektedir.

Kemikler zerinde belirlenen kesme ve kırma izleri ise av hayvanlarının yalnızca etleri için değil, kemik iliğinin değerlendirilmesi amacıyla da sistematik olarak işlendiğini ortaya koymaktadır (Arbuckle ve Özkaya, 2006; Özkaya ve vd., 2012).

Batman ilinin kuzeyinde, Sason Çayı'nın batısında bulunan Hallan Çemi, Anadolu'nun en eski yerleşimlerinden biri olarak kabul edilmektedir. 1990 yılında keşfedilen yerleşimde Diyarbakır Müzesi ile Delaware Üniversitesi iş birliğiyle yürütülen kazılar, yaklaşık 11.700 yıl önce bölgede avcı-toplayıcı toplulukların yaşadığını göstermektedir (Starkovich ve Stiner, 2009). Hallan Çemi'den elde edilen zooarkeolojik veriler, ovikapidler (koyun-keçi), *Cervus elaphus* (alageyik) ve *Sus scrofa* (yaban domuzu) türlerinin fauna içerisinde baskın olduğunu göstermektedir. Bu hayvanların doğal yaşam alanlarının yerleşime görece uzak olması, sistemli avcılık faaliyetlerinin yürütüldüğünü düşündürmektedir. Koyun ve keçilere ait yaş ile cinsiyet analizleri, avlanan bireylerin büyük bölümünün genç erkeklerden oluştuğunu ortaya koymuş; bu durum dönemin av stratejileri ile sürü yapısına ilişkin önemli bilgiler sağlamıştır. Buna karşılık domuzun henüz evcilleştirilip evcilleştirilmediği konusunda mevcut bulgular kesin bir sonuca ulaşılmasını sağlamamaktadır (Starkovich ve Stiner, 2009).

Çanak Çömleksiz Neolitik Dönem'e ait Güneydoğu Anadolu yerleşimlerinden elde edilen zooarkeolojik ve moleküler veriler birlikte değerlendirildiğinde, erken evcilleştirmenin ani bir değişimden ziyade avcılığa dayalı yaşam biçiminden kontrollü hayvan yönetimine doğru gerçekleşen uzun bir geçiş süreci olduğu anlaşılmaktadır. Mitokondriyal DNA (mtDNA) çalışmaları, özellikle koyun (*Ovis*) ve keçi (*Capra*) popülasyonlarında belirli maternal haplogrupların giderek baskın hâle geldiğini ortaya koymaktadır. Hallan Çemi ve Körtik Tepe'de genç erkek ovikapid bireylerinin yoğun olarak bulunması, sürü yönetimine yönelik bilinçli seçimlerin başladığını düşündürürken, mtDNA analizlerinde gözlenen genetik çeşitliliğin azalması da belirli dişi soylarının tercih edilerek yetiştirildiğine işaret etmektedir. Buna karşın domuz (*Sus scrofa*) ve yabani sığır (*Bos primigenius*) popülasyonlarında genetik çeşitliliğin yüksek düzeyde devam etmesi, bu türlerin uzun süre avcılık ekonomisinin temel unsurları arasında yer aldığını göstermektedir. Tüm bu veriler birlikte değerlendirildiğinde, morfolojik değişiklikler henüz tam olarak ortaya çıkmadan önce

insanın hayvan popülasyonları üzerinde genetik düzeyde seçici bir yönetim uygulamaya başladığı ve erken evcilleştirme sürecinin biyolojik, çevresel ve kültürel faktörlerin ortak etkisiyle şekillendiği sonucuna ulaşılmaktadır (Starkovich ve Stiner, 2009; Arbuckle ve Özkaya, 2006; Peters vd., 2014).

## 1.2. Mitokondriyal Haplogruplar

Mitokondriyal DNA (mtDNA) analizleri, evcil koyunun ( *Ovis aries* ) evcilleştirilme süreci, yayılımı ve popülasyon farklılaşmasının anlaşılmasında kritik öneme sahiptir. Modern koyun popülasyonlarında beş ana mtDNA haplogrubu tanımlanmıştır [Hiendleder, S vd., 1998-Meadows, J. R. S vd., 2007). Bu haplogrup çeşitliliği, koyunların tek bir merkezden değil, birbirinden farklı fakat jeografik olarak yakınlık gösteren bölgelerde çoklu evcilleştirme olaylarına veya evcilleştirme sonrası geniş çaplı yabani–evcil gen akışına işaret etmektedir. (Hiendleder, S vd., 1998), evcil koyunlar ile çeşitli yabani koyun türleri arasındaki filogenetik ilişkileri incelemek amacıyla mitokondriyal DNA D-loop bölgesinde PCR-RFLP yöntemini kullanmışlardır. Genetik farklılık ve parsimoni analizleri, evcil koyunların iki ayrı kökenden geldiğini desteklemektedir: Bunlardan biri Avrupa evcil koyunlarını kapsayan “Avrupa soyu”, diğeri ise bazı Avrupa ve Orta Asya ırklarını içeren “Asya soyu”dur.

(Guo, J., Du, L vd., 2005) ve (Pedrosa, S vd., 2005). tarafından yürütülen çalışmalar, özellikle Çin, Orta Asya ve Yakın Doğu popülasyonlarında üçüncü bir maternal soyun (mtDNA Haplogrup C) varlığını ortaya çıkarmıştır. Bu bulgu, evcilleştirme sürecinin beklenenden daha karmaşık olduğunu göstermiştir. Tapio vd. (Tapio, M., vd., 2006). tarafından yürütülen geniş ölçekli mitokondriyal DNA analizleri, Baltık ülkeleri, Doğu Avrupa ve Kafkasya’daki yerli koyun popülasyonlarının filogenetik yapısını ortaya koymayı amaçlamıştır. Çalışmada mtDNA D-loop dizileri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar, bilinen A, B ve C haplogruplarına ek olarak Kuzey Kafkasya’ya özgü Karachai koyunlarında daha önce tanımlanmamış dördüncü bir maternal soyun varlığını göstermiştir. Araştırmacılar bu yeni kladı Haplogrup D olarak tanımlamış ve söz konusu soyun, diğer üç haplogruptan (A, B ve C) istatistiksel olarak anlamlı düzeyde ayrılan özgün nükleotid varyantlarına sahip olduğunu bildirmiştir. Haplogrup D’nin sadece Karachai koyunlarında ve oldukça sınırlı bir coğrafi alanda görülmesi, bu soyun muhtemelen bölgesel olarak korunmuş, nadiren

aktarılmış ve evcil koyunların tarihsel yayılımındaki yerel popülasyon dinamikleri ile ilişkili olabileceğini düşündürmektedir. (Meadows, J vd., 2007), Asya ve Avrupa'daki yerli koyun popülasyonlarının mitokondriyal çeşitliliğini değerlendirmek amacıyla yürüttükleri kapsamlı çalışmada, mtDNA D-loop dizilerinden oluşturdukları filogenetik analizlerde bilinen dört maternal haplogrupun (A, B, C ve D) dışında, beşinci bir maternal soyun, yani Haplogrup E'nin, varlığını ortaya koymuşlardır. Haplogrup E, kendine özgü nükleotid substitüsyonları ve filogenetik ağaçlarda ayrı bir klad oluşturmasıyla diğer haplogruplardan net şekilde ayrılmaktadır. Çalışma, E haplogrubunun özellikle Türkiye'nin doğu kesimlerinde ve kısmen Güneydoğu Anadolu'daki yerli koyun popülasyonlarında düşük frekansta görüldüğünü rapor etmiş; bu soyun varlığının, koyun evcilleştirme sürecinde çoklu merkezler, erken dönem yayılım rotaları ve yerel yabani popülasyonlarla olası gen akışı gibi karmaşık tarihsel süreçleri işaret ettiğini vurgulamıştır (Meadows, J vd., 2007).

### 1.3. DNA Değişim Modelleri

Moleküler filogenetik, DNA dizi verilerinin istatistiksel yöntemlerle analiz edilmesi yoluyla türler arasındaki evrimsel ilişkilerin belirlenmesini amaçlayan modern biyolojinin önemli araştırma alanlarından biridir (Kaymakçı, M., Sönmez, R., 1996). DNA dizilerinde zaman içerisinde meydana gelen nükleotid değişimlerinin olasılıksal modeller kullanılarak değerlendirilmesi, evrimsel süreçlerin ve bu süreçleri yönlendiren mekanizmaların daha doğru anlaşılmasına katkı sağlamaktadır (Zeder, M. A., 2008). Nükleotit düzeyindeki değişim süreçlerini açıklayan substitüsyon modelleri, filogenetik analizlerin temelini oluşturmaktadır. Bu modeller, DNA dizilerinde meydana gelen mutasyonların türünü, hızını ve olasılık dağılımlarını tanımlayarak daha doğru tahminler yapılmasına olanak sağlar.

#### *Jukes–Cantor (JC) Modeli*

Jukes–Cantor (JC) modeli, DNA dizilerindeki nükleotid substitüsyonlarını açıklamak amacıyla geliştirilen en basit ve en yaygın kullanılan moleküler evrim modellerinden biridir. Bu modelde dört nükleotidin (A, T, G ve C) birbirine eşit olasılıkla dönüşebildiği ve tüm substitüsyonların aynı hızda gerçekleştiği varsayılır. Bu nedenle model, tek bir substitüsyon oranı ( $\alpha$ ) ile tanımlanır. Ayrıca baz frekanslarının eşit olduğu ( $\pi A = \pi T = \pi G = \pi C = 0,25$ )

kabul edildiğinden, JC modeli matematiksel açıdan oldukça sade ve analitik olarak kolay uygulanabilir bir yapıya sahiptir (Jukes ve Cantor., 1969).

JC modeli, biyolojik verilerde yaygın olarak gözlenen geçiş (transition) ve dönüşüm (transversion) hızları arasındaki farklılıkları dikkate almamasına rağmen, evrimsel uzaklıkların ilk düzeyde tahmin edilmesinde ve daha gelişmiş substitüsyon modellerinin karşılaştırılmasında önemli bir referans modeli olarak kullanılmaktadır. Özellikle kısa DNA dizileri veya düşük genetik çeşitliliğe sahip bölgelerin analizlerinde hesaplama kolaylığı ve işlem hızı nedeniyle tercih edilmektedir.

Bununla birlikte, doğal DNA dizilerinde geçiş mutasyonlarının dönüşüm mutasyonlarına göre daha yüksek sıklıkta meydana geldiği bilinmektedir. JC modelinin tüm substitüsyonları eşit olasılıklı kabul etmesi, birçok biyolojik veri setinde gerçek evrimsel süreci tam olarak temsil edememesine yol açmaktadır. Bu nedenle daha gerçekçi sonuçlar elde etmek amacıyla Kimura 2-Parametre (K2P), Hasegawa–Kishino–Yano (HKY) ve Tamura–Nei 1993 (TN93) gibi daha gelişmiş modeller sıklıkla tercih edilmektedir. Bununla birlikte, JC modeli basit varsayımları ve matematiksel yapısı sayesinde moleküler evrim kuramının temel taşlarından biri olarak kabul edilmekte ve filogenetik model hiyerarşisinin başlangıç basamağını oluşturmaktadır.

### ***Kimura'nın İki Parametrelili (K2P) Modeli***

Kimura'nın İki Parametrelili (K2P) modeli, DNA dizilerindeki nükleotid substitüsyonlarını açıklamak amacıyla geliştirilen ve moleküler filogenetikte yaygın olarak kullanılan temel evrim modellerinden biridir. Kimura (1980) tarafından önerilen bu model, Jukes–Cantor (JC) modelinin varsayımlarını geliştirerek nükleotid değişimlerini geçiş (transition) ve dönüşüm (transversion) olmak üzere iki ayrı kategori altında değerlendirmektedir. Böylece, biyolojik sistemlerde yaygın olarak gözlenen geçiş mutasyonlarının dönüşüm mutasyonlarına göre daha yüksek sıklıkta gerçekleştiği gerçeği modele yansıtılmıştır. Geçişler, pürinler (AG) veya pirimidinler (CT) arasında meydana gelen değişimleri ifade ederken, dönüşümler pürin ile pirimidin arasındaki değişimleri kapsamaktadır.

K2P modeli, biri geçiş oranını ( $\alpha$ ), diğeri ise dönüşüm oranını ( $\beta$ ) temsil eden iki bağımsız substitüsyon parametresine sahiptir. Modelde baz frekanslarının eşit olduğu varsayımı korunmasına rağmen, geçiş ve dönüşüm oranlarının birbirinden farklı kabul

edilmesi, JC modeline kıyasla evrimsel süreçlerin daha gerçekçi biçimde modellenmesini sağlamaktadır. Bu özellik, özellikle mitokondriyal DNA dizileri, yüksek mutasyon hızına sahip genom bölgeleri ve yakın akraba türlerin karşılaştırıldığı çalışmalarda K2P modelinin doğruluğunu artırmaktadır.

Bununla birlikte, baz frekanslarının eşit olmadığı ya da farklı geçiş ve dönüşüm türlerinin değişik hızlarda gerçekleştiği veri setlerinde K2P modelinin varsayımları yetersiz kalabilmektedir. Bu tür durumlarda Hasegawa–Kishino–Yano (HKY) veya Tamura–Nei 1993 (TN93) gibi daha karmaşık substitüsyon modelleri daha uygun sonuçlar verebilmektedir. Buna rağmen, K2P modeli hesaplama kolaylığı, biyolojik gerçekçiliği ve geniş uygulama alanı sayesinde moleküler evrim ve filogenetik analizlerde en sık başvurulanan referans modellerden biri olmayı sürdürmektedir (Kimura, 1980).

#### ***Hasegawa–Kishino–Yano (HKY) modeli***

Hasegawa–Kishino–Yano (HKY) modeli, DNA dizilerindeki nükleotid substitüsyonlarını biyolojik gerçekliğe daha yakın biçimde açıklamak amacıyla geliştirilen orta düzey karmaşıklığa sahip bir evrim modelidir (Hasegawa, Kishino ve Yano, 1985). Bu model, Kimura’nın İki Parametrelili (K2P) modelinde olduğu gibi geçiş (transition) mutasyonlarının dönüşüm (transversion) mutasyonlarına göre daha yüksek bir hızda gerçekleştiğini kabul etmektedir. Ancak HKY modelini K2P modelinden ayıran en önemli özellik, nükleotidlerin genomda eşit frekanslarda bulunduğu varsayımını terk ederek baz frekanslarının farklı olmasına izin vermesidir.

HKY modeli, geçiş/dönüşüm oranını ( $\kappa$ ) ve nükleotid baz frekanslarını aynı anda dikkate alarak evrimsel süreci daha ayrıntılı şekilde tanımlamaktadır. Bu yaklaşım, özellikle baz bileşiminin dengeli olmadığı DNA dizilerinde evrimsel uzaklıkların daha doğru tahmin edilmesini ve filogenetik ilişkilerin daha güvenilir biçimde ortaya konmasını sağlamaktadır. Mitokondriyal DNA ile bazı nükleer gen bölgelerinde yaygın olarak görülen baz frekansı dengesizlikleri göz önüne alındığında, HKY modelinin sunduğu bu esneklik analizlerin biyolojik gerçekliğini önemli ölçüde artırmaktadır.

JC ve K2P modellerine kıyasla daha fazla parametre içermesine rağmen, HKY modeli hesaplama maliyeti ile biyolojik doğruluk arasında başarılı bir denge kurmaktadır. Bu nedenle, hem evrimsel uzaklık hesaplamalarında hem de maksimum olabilirlik (Maximum Likelihood) ve Bayesçi filogenetik analizlerde yaygın olarak kullanılan temel substitüsyon modellerinden biri olarak kabul edilmektedir.

#### ***Tamura–Nei (TN93) modeli***

Tamura–Nei 1993 (TN93) modeli, DNA dizilerindeki nükleotid substitüsyonlarını daha gerçekçi biçimde açıklamak amacıyla geliştirilmiş ileri düzey bir evrim modelidir. Tamura ve Nei (1993) tarafından önerilen bu model, Hasegawa–Kishino–Yano (HKY) modelinin geliştirilmiş bir versiyonu olarak kabul edilmekte ve nükleotid değişim süreçlerini daha ayrıntılı şekilde tanımlamaktadır. TN93 modelinin temel özelliği, geçiş (transition) mutasyonlarını iki farklı grupta ele almasıdır. Buna göre pürinler arasındaki geçişler (AG) ile pirimidinler arasındaki geçişler (CT) birbirinden bağımsız oranlarla modellenirken, tüm dönüşüm (transversion) mutasyonları için ortak bir substitüsyon oranı kullanılmaktadır.

Model ayrıca nükleotid baz frekanslarının eşit olmadığı varsayımını da dikkate alarak genomlar arasında gözlenen baz bileşimi farklılıklarını analizlere yansıtmaktadır. Bu sayede TN93 modeli, hem baz frekansı dengesizliklerini hem de farklı geçiş türlerinin değişken evrimsel hızlarını aynı anda değerlendirebilmekte ve evrimsel süreçleri daha yüksek doğrulukla temsil edebilmektedir.

Sahip olduğu ek parametreler sayesinde TN93 modeli, özellikle yüksek düzeyde genetik çeşitlilik gösteren veri setlerinde, mitokondriyal DNA analizlerinde ve popülasyon genetiği temelli moleküler filogenetik çalışmalarda güvenilir sonuçlar sunmaktadır. Biyolojik gerçekliği yüksek olan bu model, karmaşık evrimsel süreçlerin modellenmesinde yaygın olarak kullanılmakta ve filogenetik ağaçların oluşturulmasında tercih edilen en gelişmiş nükleotid substitüsyon modelleri arasında yer almaktadır (Tamura ve Nei, 1993).

#### ***Genel Zaman Tersinir (General Time Reversible; GTR) modeli***

Genel Zaman Tersinir (General Time Reversible, GTR) modeli, DNA dizilerindeki nükleotid substitüsyonlarını açıklamak için geliştirilen en kapsamlı ve en esnek evrim modellerinden biridir. Tavaré (1986) tarafından tanımlanan bu model, zaman tersinirliği (time reversibility) ilkesine dayanmakta olup, denge koşullarında bir nükleotidin diğerine

dönüşme olasılığının ileri ve geri yönde istatistiksel olarak eşdeğer olduğunu varsaymaktadır.

Bu varsayım, özellikle maksimum olabilirlik (Maximum Likelihood) ve Bayesçi filogenetik yöntemlerde olasılık hesaplamalarını kolaylaştırarak modelin yaygın biçimde kullanılmasını sağlamaktadır.

GTR modeli, dört nükleotit arasında gerçekleşebilecek altı farklı substitüsyon türünün her biri için bağımsız bir hız parametresi tanımlamaktadır. Böylece hem geçiş (transition) hem de dönüşüm (transversion) mutasyonlarının farklı oranlarda gerçekleşebileceği kabul edilmekte ve DNA dizilerinde gözlenen karmaşık substitüsyon örüntüleri daha gerçekçi biçimde modellenmektedir. Ayrıca model, nükleotidlerin eşit olmayan denge frekanslarını da dikkate aldığından, baz bileşimindeki farklılıkları analizlere yansıtabilmektedir (Felsenstein, 2004).

Sahip olduğu yüksek parametrik esneklik sayesinde GTR modeli, JC, K2P, HKY ve TN93 gibi daha basit nükleotid substitüsyon modellerini kapsayan genel bir çerçeve sunmaktadır. Bunun yanı sıra modele, bölgeler arasındaki evrimsel hız farklılıklarını temsil eden gama dağılımlı hız heterojenliği (+G) ve evrimsel süreç boyunca değişmeden kalan bölgeleri ifade eden sabit bölge oranı (+I) gibi ek parametreler de dahil edilebilmektedir. Bu ek bileşenler, özellikle farklı genom bölgelerinde mutasyon hızlarının değişkenlik gösterdiği veri setlerinde modelin doğruluğunu ve filogenetik analizlerin güvenilirliğini önemli ölçüde artırmaktadır (Yang, 1994).

Bununla birlikte, GTR modelinin çok sayıda parametre içermesi her veri seti için en uygun seçenek olduğu anlamına gelmemektedir. Bu nedenle filogenetik analizlerden önce farklı substitüsyon modellerinin performansı istatistiksel model seçim yöntemleriyle değerlendirilmelidir. Akaike Bilgi Kriteri (AIC) ve Bayesyen Bilgi Kriteri (BIC), model karşılaştırmalarında en yaygın kullanılan ölçütler arasında yer almakta olup, ModelTest ve benzeri yazılımlar aracılığıyla en uygun model belirlenebilmektedir (Posada ve Crandall, 1998). Doğru modelin seçilmesi, genetik uzaklıkların güvenilir biçimde hesaplanmasını ve oluşturulan filogenetik ağaçların biyolojik gerçekliği daha doğru yansıtmasını sağlayan temel aşamalardan biridir.

#### 1.4. Filogenetik Analizler

DNA dizi verilerine dayalı filogenetik analizler, birbirini tamamlayan birkaç temel aşamadan oluşmaktadır. İlk aşamada, homolog nükleotid bölgelerinin doğru biçimde karşılaştırılabilmesi amacıyla çoklu dizi hizalaması (Multiple Sequence Alignment, MSA) gerçekleştirilir. Hizalama işleminin ardından, dizilerde meydana gelen evrimsel değişimleri en iyi temsil eden nükleotid substitüsyon modeli belirlenir. Bu amaçla Jukes–Cantor (JC), Kimura İki Parametrelili (K2P), Hasegawa–Kishino–Yano (HKY), Tamura–Nei 1993 (TN93) ve Genel Zaman Tersinir (GTR) gibi modeller veri setinin özelliklerine göre değerlendirilir ve en uygun model seçilir.

Substitüsyon modelinin belirlenmesinden sonra diziler arasındaki genetik uzaklıklar hesaplanır ve bu uzaklıklara dayalı olarak filogenetik ağaç oluşturulur. Ağaç oluşturma sürecinde uzaklık temelli yöntemlerden Neighbor-Joining (NJ) ve UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yaygın olarak kullanılmaktadır. Bunun yanında, maksimum olabilirlik (Maximum Likelihood) ve Bayesçi çıkarım (Bayesian Inference) gibi olasılık temelli yöntemler de daha karmaşık evrimsel modelleri değerlendirebildikleri için günümüzde filogenetik analizlerde sıklıkla tercih edilmektedir. Analizin her aşamasında uygun hizalama yönteminin ve doğru substitüsyon modelinin seçilmesi, elde edilen filogenetik ağacın doğruluğu ve güvenilirliği açısından belirleyici öneme sahiptir. Filogenetik Ağaç Oluşturma Dizi hizalama analizlerinden elde edilen genetik uzaklık ya da benzerlik değerleri, takson çiftleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren bir mesafe matrisinin oluşturulmasında kullanılır. Bu mesafe matrisi temel alınarak, tüm taksonlar arasındaki evrimsel ilişkileri yansıtan filogenetik ağaçlar oluşturulabilir. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında yaygın olarak kullanılan yöntemler arasında Ağırlıksız Çift Grup Aritmetik Ortalama Yöntemi (UPGMA; Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) ile Komşu Birleştirme Yöntemi (NJ; Neighbor-Joining) yer almaktadır (Saitou ve Nei, 1987).

#### 1.5. Çalışmanın Amaçları

Bu araştırmada, uluslararası genetik veri tabanlarında yer alan DNA dizi verilerinden yararlanılarak filogenetik analizlerin gerçekleştirilmesi ve elde edilen bulgular doğrultusunda incelenen türlere ait filogenetik ağaçların oluşturulması amaçlanmaktadır.

Analizler sonucunda türler arasındaki evrimsel akrabalık ilişkilerinin ortaya konulması, genetik polimorfizm düzeylerinin belirlenmesi ve biyolojik çeşitliliğin moleküler düzeyde daha kapsamlı biçimde değerlendirilmesi hedeflenmektedir. Ayrıca çalışmadan elde edilecek bulguların, ulusal hayvan genetik kaynaklarının korunması, sürdürülebilir kullanımı ve geleceğe yönelik koruma stratejilerinin geliştirilmesine bilimsel katkı sağlaması beklenmektedir.

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Hiendleder vd., (1998a), evcil koyun (*Ovis aries*) ile farklı yabani koyun türleri arasındaki evrimsel akrabalık ilişkilerini ortaya koymak amacıyla mitokondriyal DNA'nın (mtDNA) D-loop bölgesinde PCR-RFLP yöntemini uygulamışlardır. Araştırmada 13 farklı restriksiyon enzimi kullanılarak elde edilen 61 fragment paterni değerlendirilmiş ve toplam 254 bireyde 20 farklı mtDNA haplotipi belirlenmiştir. Bu haplotiplerin 14'ü evcil koyunlara, üçü muflon (*Ovis musimon*), ikisi argali (*O. ammon nigrimontana* ve *O. ammon collium*) ve biri ise urial (*O. vignei bochariensis*) popülasyonlarına ait olarak tanımlanmıştır.

RFLP sonuçlarına göre evcil koyun haplotipleri arasındaki ortalama genetik farklılık %0,492 olarak belirlenirken, bu değer muflonlarda %0,091, iki argali alttürü arasında ise %0,865 olarak hesaplanmıştır. Evcil koyunlar ile urial, argali ve muflon haplotipleri arasındaki ortalama farklılıklar sırasıyla %2,724, %2,115 ve %0,465 olarak saptanmıştır. Parsimoni analizleri ve genetik uzaklık hesaplamaları, evcil koyunların iki temel maternal soydan köken aldığını göstermiştir. Bunlardan ilki Avrupa'daki evcil koyunları kapsayan "Avrupa soyu", diğeri ise bazı Avrupa ve Orta Asya ırklarını içeren "Asya soyu" olarak tanımlanmıştır. İki soy arasındaki ortalama genetik farklılık %0,716 olarak hesaplanmış, oluşturulan filogenetik ağaçta haplotiplerin urial/argali, muflon/Avrupa evcil koyunları ve Asya evcil koyunları olmak üzere üç ana dala ayrıldığı bildirilmiştir.

Hiendleder vd., (1998b), önceki çalışmalarını genişleterek A ve B olarak tanımlanan iki temel maternal haplotipin tam mitokondriyal genom dizilerini (AF010406 ve AF010407) belirlemiş ve bu dizileri GenBank veri tabanına kazandırmışlardır. Bu çalışma, koyunlarda mtDNA temelli filogenetik araştırmalar için önemli bir referans oluşturmuştur.

Daha sonraki çalışmalarında Hiendleder vd., (2002), evcil koyunların kökenini ve yabani koyun türleri arasındaki taksonomik ilişkileri daha ayrıntılı incelemek amacıyla mtDNA kontrol bölgesinin (D-loop) tam dizi analizini gerçekleştirmişlerdir. Araştırmada Kanada'dan *O. canadensis canadensis*, Almanya'dan *O. musimon*, Türkmenistan'dan *O. vignei bochariensis*, Kazakistan'dan *O. vignei* arkal ve *O. ammon collium*, Moğolistan ile Altay bölgesinden ise *O. ammon ammon* ve *O. ammon darwini* örnekleri incelenmiştir. Ayrıca Kazakistan, Tacikistan, Suriye ve Türkiye kökenli Edilbey, Astrachan, Gizarr, İvesi,

Dağlıç, Kıvırcık ve Akkaraman gibi farklı evcil koyun ırkları da analize dâhil edilmiştir. Filogenetik ağaç, maksimum olabilirlik (Maximum Likelihood) yöntemi kullanılarak oluşturulmuştur.

Söz konusu çalışmada, evcil koyunlar ile bighorn koyunlarının yaklaşık 5,63 milyon yıl önce ortak atadan ayrıldığı, A ve B haplogrupları arasındaki ayrılmanın ise yaklaşık 1,54 milyon yıl önce gerçekleştiği tahmin edilmiştir. Bulgular, özellikle Türkiye kökenli koyun ırklarının büyük bölümünü içeren B haplogrubunun muflon (*O. musimon*) ile yakın akrabalık gösterdiğini ve bu grubun evcil koyunların yabani atalarıyla ilişkili olduğunu ortaya koymuştur. Araştırmada incelenen bireylerin yaklaşık %64'ünün bu haplogrup içerisinde yer aldığı bildirilmiştir.

Guo vd., (2005), Çin'e ait yerli koyun ırkları ile iki Batı kökenli ırkın mtDNA D-loop dizilerini karşılaştırmış ve elde edilen haplotipleri A, B ve C olmak üzere üç temel maternal gruba ayırmıştır. Benzer şekilde Brezilya (Paiva vd., (2005), Türkiye (Pedrosa vd., 2005; Demirci vd., 2013; Öner ve vd., 2013) ve Hindistan'da (Singh vd., 2013) gerçekleştirilen araştırmalar da mtDNA D-loop bölgesinin, farklı coğrafi popülasyonlarda genetik çeşitliliğin ve maternal haplogrup dağılımının belirlenmesinde güvenilir bir moleküler belirteç olduğunu göstermiştir.

Luo vd., (2005), dokuz Çin ve on bir Moğolistan koyun popülasyonundan elde edilen örneklerde mtDNA D-loop bölgesine ait dizileri incelemişlerdir. Araştırma sonucunda iki ülkeye ait koyun popülasyonları arasında nükleotid kompozisyonu bakımından anlamlı bir farklılık belirlenmezken, Moğolistan koyunlarında genetik çeşitliliğin Çin yerli koyunlarına göre daha yüksek olduğu saptanmıştır. Toplam 217 haplotip üzerinden gerçekleştirilen filogenetik değerlendirme, her iki ülkedeki koyun popülasyonlarının A, B ve C olmak üzere üç ortak maternal soydan türediğini göstermiştir. Bu haplogrupların popülasyondaki frekansları sırasıyla %58,73, %24,68 ve %16,59 olarak hesaplanmıştır. Ayrıca, araştırmacılar 217 yeni haplotipi GenBank'tan elde edilen 91 diziye ait 87 haplotiple birlikte network analizine dâhil etmiş ve Avrupa muflonunun (*Ovis musimon*) da bulunduğu haplogrup B içerisinde dört farklı filogenetik soy tanımlamışlardır. Çalışmada, Çin ve Moğolistan koyunlarının maternal kökeninde Argali (*Ovis ammon*), *Ovis vignei* bochariensis veya *Ovis*

*ammon nigrimontana* türlerine ait genetik katkıya rastlanmadığı belirtilmiştir.

Meadows vd., (2005), Asya ve Avrupa kökenli koyun popülasyonları arasındaki genetik ilişkileri değerlendirmek amacıyla 121 bireye ait 2027 baz çifti uzunluğundaki mitokondriyal genom dizilerini analiz etmişlerdir. Çalışmada sitokrom b (967 bp), D-loop (525 bp) ile tRNA-Phe ve 12S rRNA bölgeleri (535 bp) birlikte değerlendirilmiş ve toplam 57 farklı haplotip tanımlanmıştır. Nükleotid çeşitliliği değerleri Cyt b için  $2,05 \pm 0,12 \times 10^3$ , D-loop için  $7,02 \pm 0,50 \times 10^3$  ve 12S rRNA bölgesi için  $0,90 \pm 0,11 \times 10^3$  olarak hesaplanmıştır. Filogenetik analizler sonucunda A haplogrubunun ağırlıklı olarak Hindistan, Endonezya, Moğolistan ve Tibet kökenli Asya ırklarında; B haplogrubunun ise Avusturya, Åland Adaları, Finlandiya, İspanya ve Kuzeybatı Rusya gibi Avrupa popülasyonlarında yoğunlaştığı belirlenmiştir. Araştırmacılar, maternal haplogrupların coğrafi dağılımının koyun popülasyonlarında zayıf düzeyde bir popülasyon yapısına işaret ettiğini ve kıtalar arasındaki ortalama nükleotid farklılığının yaklaşık %2,7 düzeyinde olduğunu bildirmişlerdir.

Paiva vd., (2005), Brezilya'ya özgü koyun ırkları (Santa Inês, Bergamácia, Rabo Largo, Morada Nova, Somalis ve Crioula Lanada) arasındaki filogenetik ilişkileri incelemek amacıyla mtDNA kontrol bölgesinin (D-loop) 588 bp'lik bir kısmını analiz etmişlerdir. Çalışmada 34 örnekten 18 haplotip tespit edilmiş ve tüm ırklarda nükleotid farklılığı  $0,011 \pm 0,003$  olarak hesaplanmıştır. Araştırmacılar, Brezilya koyun ırkları arasında belirgin bir filogenetik ilişkinin gözlenmediğini bildirmişlerdir.

Pardeshi vd., (2007), Hindistan koyun ırklarını (Bannur, Garole, Deccani) kapsayan 73 koyunda mtDNA D-loop, 12S rRNA ve tRNA-Phe bölgelerinin toplam 1246 bp'lik dizilerini analiz ederek filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Çalışmada 73 diziden 52 haplotip ve 48 polimorfik bölge belirlenmiş, haplotip farklılığı 0,882–0,981 ve nükleotid farklılığı 0,00167–0,00355 olarak bulunmuştur. NJ filogenetik ağaç analizine göre Hindistan koyunları A ve B olmak üzere iki grupta kümelenmiştir.

Pedrosa vd., (2007), İberya Yarımadası'na ait 19 koyun ırkı ve 6 yabancı ırkı kapsayan 501 koyunda mtDNA çeşitliliğini incelemiş, 340 haplotip ve 120 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Nükleotid farklılığı 0,0039–0,0243 arasında bulunmuş ve koyun ırkları B so

Cinkulov vd. (2008), çalışmalarında yedi Balkan Pramenka koyun ırkında genetik ilişkileri incelemişlerdir. Araştırmada her ırktan 8–10 birey seçilerek mikrosatelit belirteçler ve mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri analiz edilmiştir. Çalışmada toplam 60 haplotip belirlenmiş ve haplotip çeşitliliği 0,857–1,000, nükleotid çeşitliliği ise 0,0043–0,0220 aralığında bulunmuştur. Filogenetik analiz sonucunda oluşturulan 60 haplotipi içeren NJ (Neighbor-Joining) ağacında, koyunlar A (%6,3) ve B (%93,7) olmak üzere iki haplogrupa ayrılmıştır. Buna ek olarak, Álvarez vd., (2013), Ferencakovic vd., (2013), Ferreira vd., (2014), Kuzsa vd., (2015), Liu vd., (2016), Resende vd., (2016) ve Rannamäe vd., (2016) tarafından yapılan çalışmalar, farklı coğrafi bölgelerde yetişen koyun popülasyonlarının mtDNA D-loop dizileri üzerinden filogenetik ilişkilerini, haplotip çeşitliliğini ve nükleotid farklılıklarını ortaya koymuştur. Bu ağırlıklı olmak üzere A ve C soya dağılmıştır.

Kiraz (2009), Akkaraman ve İvesi koyun ırklarında mitokondriyal DNA (mtDNA) D-loop bölgesi üzerinden polimorfizm, haplotip çeşitliliği ve haplogrup dağılımını incelemiştir. Çalışmada ayrıca haplotipler ile yabani türler arasındaki filogenetik ilişkiler de değerlendirilmiştir. Referans diziler kullanılarak oluşturulan NJ (Neighbor-Joining) filogenetik ağaç analizinde, toplam 16 haplotipten A, B, C ve E haplo gruplarına sırasıyla 1, 6, 5 ve 1 haplotip dahil olmuştur. Bunun yanı sıra, A, B, C, D ve E referans dizileriyle birlikte oluşturulan ikinci NJ filogenetik ağacında ise toplam 27 haplotip incelenmiş ve bunlardan 7'si C haplogrubunda, 9'u B haplogrubunda ve 9'u A haplogrubunda yer almıştır. Bu bulgular, söz konusu koyun ırklarındaki mtDNA çeşitliliği ve haplogrup dağılımına dair önemli bilgiler sunmaktadır.

Zhao vd., (2011), yağlı kuyruklu üç Çin koyun ırkı (Lanzhou, Tong ve Han) üzerinde mtDNA D-loop bölgesini incelemişlerdir. Çalışmada 39 farklı haplotip belirlenmiş ve ortalama haplotip ile nükleotid farklılığı sırasıyla  $0,987 \pm 0,006$  ve  $0,03956 \pm 0,00206$  olarak hesaplanmıştır. Filogenetik analizler, 39 haplotipin A, B ve C olmak üzere üç ayrı maternal soya ayrıldığını göstermiştir.

Zhao vd., (2013), onaltı farklı Çin yerli koyun ırkında mtDNA D-loop bölgesi dizilerini analiz ederek üç maternal haplogrup (A, B ve C) belirlemişlerdir. Haplogruplarda haplotip sayıları sırasıyla A'da 99 (%58,93), B'de 93 (%55,36) ve C'de 43 (%25,60) olarak

bulunmuştur. Tüm haplogruplarda haplotip çeşitliliği  $0,961 \pm 0,006$  ve nükleotid çeşitliliği  $0,03165 \pm 0,00073$  olarak hesaplanmıştır.

Öner vd., (2013), Türkiye’ye özgü yerli koyun ırkları (Dağlıç, Kıvırcık, İmroz, Sakız, Morkaraman, İvesi, Hemşin, Karayaka ve Akkaraman) üzerinde mtDNA kontrol bölgesi dizilerini analiz ederek filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Çalışmada 63 haplotip tespit edilmiş ve ortalama haplotip ile nükleotid farklılığı sırasıyla  $0,9496 \pm 0,011$  ve  $0,01407 \pm 0,00060$  olarak hesaplanmıştır. Filogenetik ağaç analizi, 63 haplotipin A, B ve C olmak üzere üç ayrı maternal soya ayrıldığını göstermiştir.

### 3. GEREÇ ve YÖNTEM

#### 3.1. Meteryal

Filogenetik analizlerde kullanılacak veri seti, yabani koyun türleri ile evcil koyunlara ait farklı mitokondriyal haplogrupların D-loop bölgesine ilişkin DNA dizi bilgilerinin GenBank veri tabanından temin edilmesiyle oluşturulmuştur. Elde edilen diziler, kalite kontrolü ve düzenleme işlemlerinin ardından filogenetik analizlerde kullanılmak üzere standart bir veri seti hâline getirilmiştir.

Koyunlarda D-loop gen bölgesine ait DNA polimorfizmleri esas alınarak filogenetik yapı iki aşamada incelenmiştir. İlk aşamada, örnekler arasındaki genetik benzerlik ve farklılıkların ortaya konulması amacıyla temel filogenetik analizler gerçekleştirilmiştir. Bu analizlerde, Kimura iki parametre (K2P) uzaklık modeli (Kimura, 1980) kullanılarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yöntemi uygulanmış ve filogenetik ağaçlar MEGA 12.0.0 yazılımı (Tamura ve vd., 2007) ile oluşturulmuştur.

#### 3.2. Yöntem

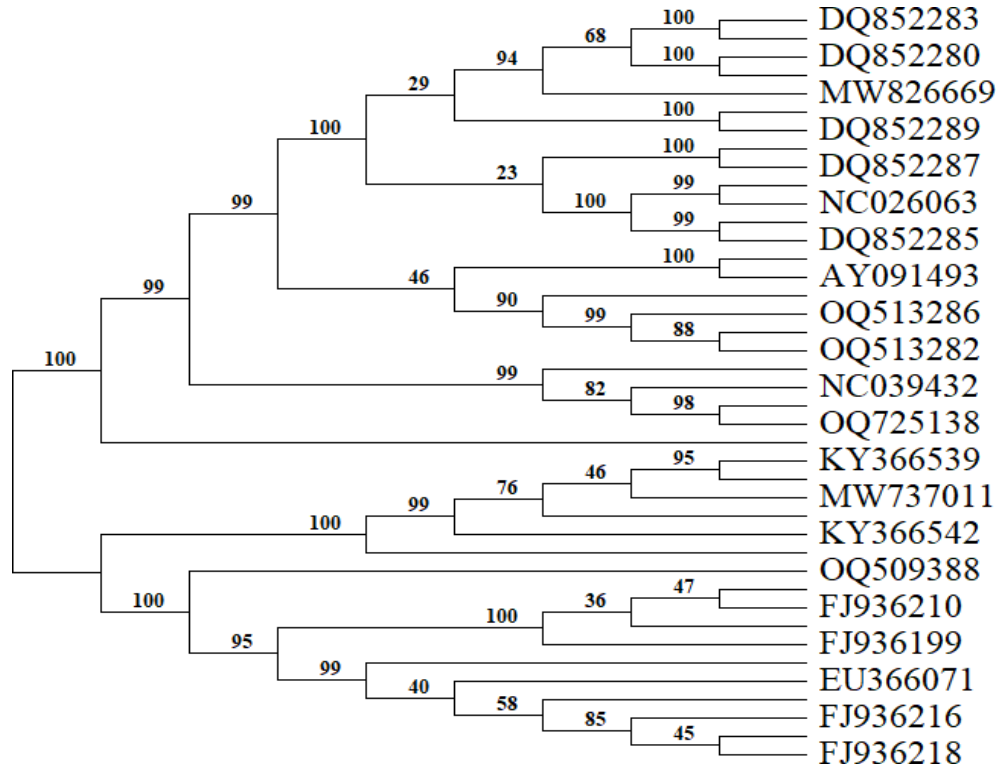
İkinci aşamada ise daha ayrıntılı filogenetik değerlendirmeler yapılmıştır. Çalışmada belirlenen koyun D-loop dizileri ve bunlardan elde edilen haplotipler; önceki araştırmalarda tanımlanan koyunlara ait A, B, C, D ve E haplogruplarını temsil eden referans diziler (Meadows ve vd., 2007; HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280- DQ852281), ile yabani koyun dizileri birlikte analiz edilmiştir. İleri filogenetik analizlerde Neighbour-Joining (NJ) yöntemi (Saitou ve Nei, 1987) tercih edilmiş, evrimsel uzaklıkların hesaplanmasında Kimura iki parametre + Gamma dağılımı (K2P+ $\Gamma$ ) modeli kullanılmıştır. Tüm analizler MEGA 12.0.0 programı (Tamura ve vd., 2007) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Oluşturulan filogenetik ağaçlarda dallanma yapılarının güvenilirliği, 1000 tekrar içeren bootstrap analizi ile değerlendirilmiştir (Nei ve Kumar, 2000).

**3.2.1. Evcil ve Yabani Koyunlara ait Genbank kodları:**

*Ovis aries*: HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280-DQ852281  
NC047196: *O.ammon* AY091492: *O.ammon coliom* OQ509388: *O.ammon darwini*  
JX673912: *O.ammon hodgsoni* OQ509395: *O.ammon karelini* AY091493: *O.ammon nig-*  
*rimontana* OQ513282: *O.ammon poliislote* OQ513286: *O.ammon severtzovi* PP782052 :  
*O.aries musimon* AY091486: *O.canadensis* FJ936183: *O. canadensis nelsoni* OQ725138:  
*O. Canadensis sistexiananus* NC039432: *O.dali dali* FJ936199: *O. orientalis gmelini*  
MW737011: *O. Nivicola* KY366547: *O. nivicola allemi* KY366539: *O. nivicola kori-*  
*akorum* NC039431: *O. nivicola lydekkeri* KY366542: *O. nivicola nivicola* KY366528:  
*O. nivicola tschukschorum* NC026063: *O. Orientalis* FJ936185: *O. orientalis anatolica*  
FJ936205: *O. orientalis isphahanica* FJ936210: *O. orientalis laristanica* MW826669: *O.*  
*vignei* FJ936215: *O. vignei blanfordi* EU366052: *O. vignei bochariensis* FJ936216: *O.*  
*vignei cycloceros* EU366071: *O. vignei kermanensis* FJ936218: *O. vignei punjabiensis*  
FJ936221: *O. vignei vignei*

#### 4. BULGULAR

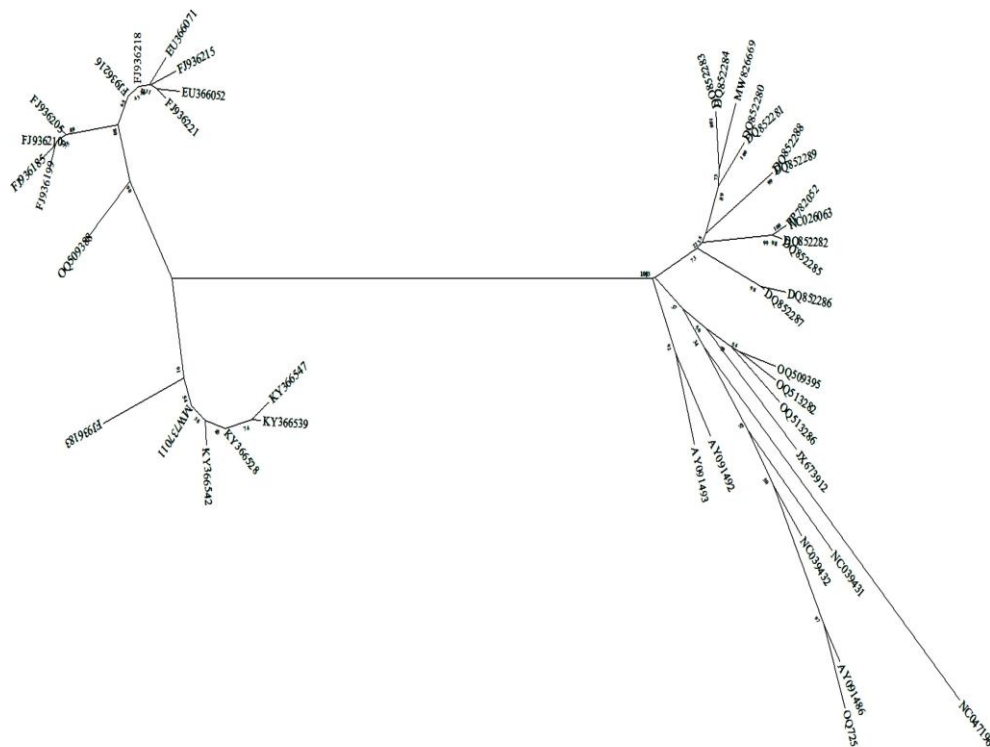
Filogenetik analiz sonucunda incelenen *Ovis* türlerine ait diziler iki ana filogenetik grup altında kümelenmiştir. Birinci grupta evcil koyuna (*Ovis aries*) ait referans haplogrupları (HG A, HG B, HG C, HG D ve HG E) ile birlikte *Ovis orientalis* (NC026063), Avrupa muflonu (*Ovis aries musimon*; PP782052), *Ovis ammon* alt türleri (AY091492, AY091493, JX673912, OQ509388, OQ509395, OQ513282 ve OQ513286), *Ovis canadensis* (AY091486 ve OQ725138), *Ovis dalli dalli* (NC039432) ve *Ovis vignei* (MW826669) yer almıştır. Bu grupta evcil koyuna ait referans haplogrupları kendi içlerinde kümelenmiş ve yüksek bootstrap destek değerleri ile ayrılmıştır. Ayrıca *O. orientalis* ve *O. aries musimon* dizilerinin evcil koyun haplogruplarına en yakın konumda yer aldığı belirlenmiştir.



Şekil 4.1. Yerli ve yabani koyunlar arasında JC UPMA filogenetik ağaç

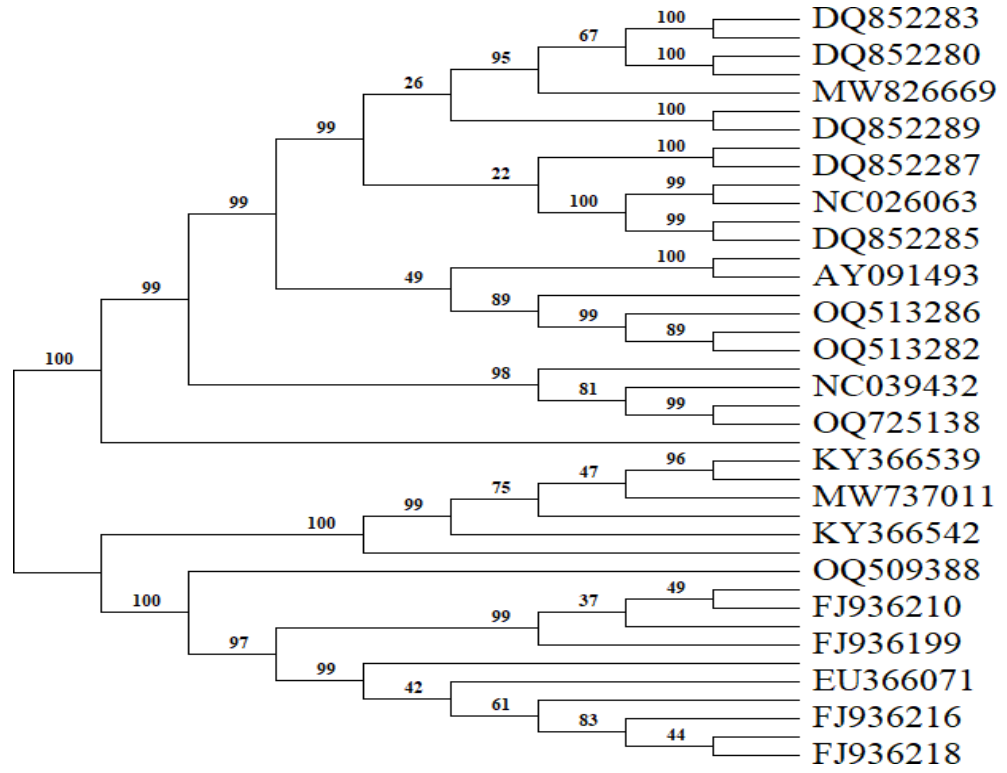
*Ovis aries*: HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280-DQ852281

NC047196: *O.ammon* AY091492: *O.ammon coliom* OQ509388: *O.ammon darwini*  
JX673912: *O.ammon hodgsoni* OQ509395: *O.ammon karelini* AY091493: *O.ammon nig-*  
*rimontana* OQ513282: *O.ammon poliislote* OQ513286: *O.ammon severtzovi* PP782052  
: *O.aries musimon* AY091486: *O.canadensis* FJ936183: *O. canadensis nelsoni* OQ725138:  
*O. Canadensis sistexiananus* NC039432: *O.dali dali* FJ936199: *O. orientalis gmelini*  
MW737011: *O. Nivicola* KY366547: *O. nivicola allemi* KY366539: *O. nivicola kori-*  
*akorum* NC039431: *O. nivicola lydekkeri* KY366542: *O. nivicola nivicola* KY366528:  
*O. nivicola tschukschorum* NC026063: *O. Orientalis* FJ936185: *O. orientalis anatolica*  
FJ936205: *O. orientalis isphahanica* FJ936210: *O. orientalis laristanica* MW826669: *O.*  
*vignei* FJ936215: *O. vignei blanfordi* EU366052: *O. vignei bochariensis* FJ936216: *O.*  
*vignei cycloceros* EU366071: *O. vignei kermanensis* FJ936218: *O. vignei punjabiensis*  
FJ936221: *O. vignei vignei*



**Şekil 4.2.** Yerli ve yabancı koyunlar Neighbour-Joining (NJ) filogenetik ağaç

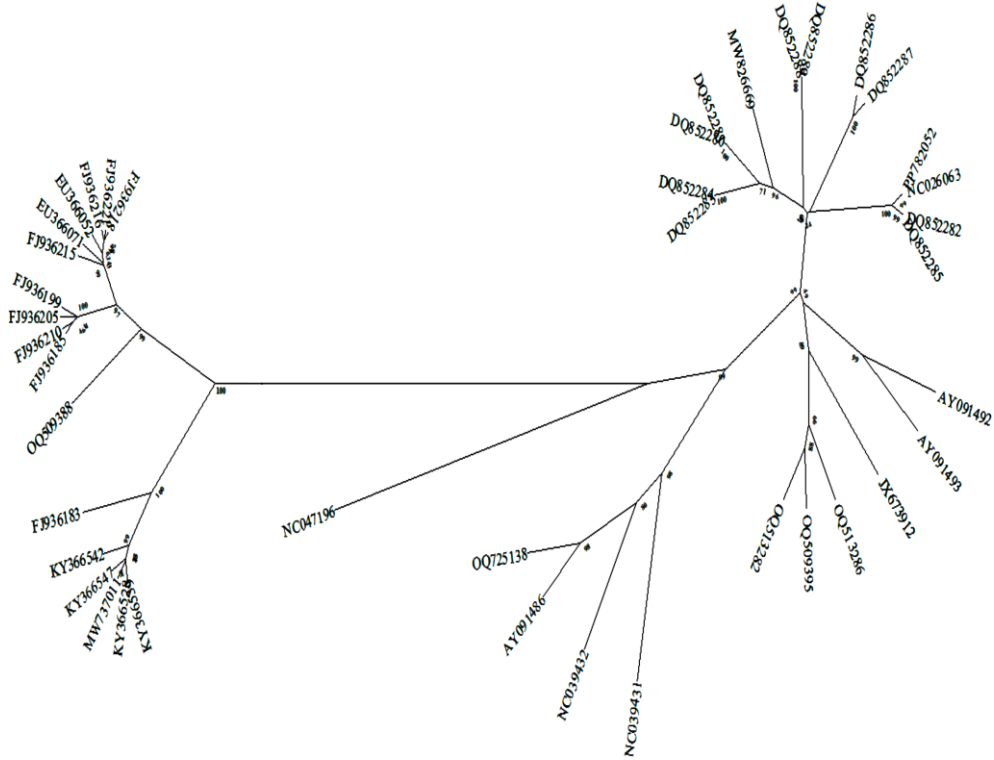
*Ovis aries*: HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280-DQ852281  
NC047196: *O.ammon* AY091492: *O.ammon coliom* OQ509388: *O.ammon darwini*  
JX673912: *O.ammon hodgsoni* OQ509395: *O.ammon karelini* AY091493: *O.ammon nig-*  
*rimontana* OQ513282: *O.ammon poliislote* OQ513286: *O.ammon severtzovi* PP782052  
: *O.aries musimon* AY091486: *O.canadensis* FJ936183: *O. canadensis nelsoni* OQ725138:  
*O. Canadensis sistexiananus* NC039432: *O.dali dali* FJ936199: *O. orientalis gmelini*  
MW737011: *O. Nivicola* KY366547: *O. nivicola allemi* KY366539: *O. nivicola kori-*  
*akorum* NC039431: *O. nivicola lydekkeri* KY366542: *O. nivicola nivicola* KY366528:  
*O. nivicola tschukschorum* NC026063: *O. Orientalis* FJ936185: *O. orientalis anatolica*  
FJ936205: *O. orientalis isphahanica* FJ936210: *O. orientalis laristanica* MW826669: *O.*  
*vignei* FJ936215: *O. vignei blanfordi* EU366052: *O. vignei bochariensis* FJ936216: *O.*  
*vignei cycloceros* EU366071: *O. vignei kermanensis* FJ936218: *O. vignei punjabiensis*  
FJ936221: *O. vignei vignei*



Şekil 4.3. Yerli ve yabani koyunlar arasında K2P UPMA filogenetik ağaç

*Ovis aries*: HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280-DQ852281

NC047196: *O.ammon* AY091492: *O.ammon coliom* OQ509388: *O.ammon darwini* JX673912: *O.ammon hodgsoni* OQ509395: *O.ammon karelini* AY091493: *O.ammon nigrimontana* OQ513282: *O.ammon poliislote* OQ513286: *O.ammon severtzovi* PP782052 :*O.aries musimon* AY091486: *O.canadensis* FJ936183: *O. canadensis nelsoni* OQ725138: *O. Canadensis sistexiananus* NC039432: *O.dali dali* FJ936199: *O. orientalis gmelini* MW737011: *O. Nivicola* KY366547: *O. nivicola allemi* KY366539: *O. nivicola koriakorum* NC039431: *O. nivicola lydekkeri* KY366542: *O. nivicola nivicola* KY366528: *O. nivicola tschukschorum* NC026063: *O. Orientalis* FJ936185: *O. orientalis anatolica* FJ936205: *O. orientalis isphahanica* FJ936210: *O. orientalis laristanica* MW826669: *O. vignei* FJ936215: *O. vignei blanfordi* EU366052: *O. vignei bochariensis* FJ936216: *O. vignei cycloceros* EU366071: *O. vignei kermanensis* FJ936218: *O. vignei punjabiensis* FJ936221: *O. vignei vignei*



Şekil 4.4. Yerli ve yabani koyunlar arasında K2P Neighbour-Joining (NJ) filogenetik ağaç

*Ovis aries*: HG A: DQ852286- DQ 852287, HG B: DQ852282-DQ852285, HG C: DQ852283- DQ852284, HG D: DQ852288-DQ852289, HG E: DQ852280-DQ852281

NC047196: *O.ammon* AY091492: *O.ammon coliom* OQ509388: *O.ammon darwini* JX673912: *O.ammon hodgsoni* OQ509395: *O.ammon karelini* AY091493: *O.ammon nigrimontana* OQ513282: *O.ammon poliislote* OQ513286: *O.ammon severtzovi* PP782052 :*O.aries musimon* AY091486: *O.canadensis* FJ936183: *O. canadensis nelsoni* OQ725138: *O. Canadensis sistexiananus* NC039432: *O.dali dali* FJ936199: *O. orientalis gmelini* MW737011: *O. Nivicola* KY366547: *O. nivicola allemi* KY366539: *O. nivicola koriakorum* NC039431: *O. nivicola lydekkeri* KY366542: *O. nivicola nivicola* KY366528: *O. nivicola tschukschorum* NC026063: *O. Orientalis* FJ936185: *O. orientalis anatolica* FJ936205: *O. orientalis isphahanica* FJ936210: *O. orientalis laristanica* MW826669: *O. vignei* FJ936215: *O. vignei blanfordi* EU366052: *O. vignei bochariensis* FJ936216: *O. vignei cycloceros* EU366071: *O. vignei kermanensis* FJ936218: *O. vignei punjabiensis* FJ936221: *O. vignei vignei*

## 5. TARTIŞMA

Hiendleder vd., (1998), mtDNA verilerine dayalı filogenetik analizlerinde evcil koyunların iki temel materyal haplogruptan, A ve B soylarından köken aldığını ortaya koymuştur. Bu çalışma, koyunların tek bir materyalden türemediğini gösteren ilk kapsamlı moleküler araştırmalardan biri olarak kabul edilmektedir. Daha sonraki araştırmalar ise koyunların filogenetik yapısının düşünüldüğünden daha karmaşık olduğunu ortaya koymuştur. Guo vd., (2005) ile Pedrosa vd., (2005), özellikle Çin ve Yakın Doğu kökenli koyun popülasyonlarında üçüncü bir materyal haplogrup olan C soyunu tanımlamışlardır. Benzer şekilde Pereira vd., (2006), Portekiz yerli koyunlarında C haplogrubunun düşük frekansta da olsa bulunduğunu bildirerek bu soyun Avrupa'nın batısına kadar ulaştığını göstermiştir.

Materyal haplogrupların çeşitliliğine ilişkin çalışmalar ilerleyen yıllarda yeni soyların belirlenmesiyle genişlemiştir. Tapio vd., (2006), Kuzey Kafkasya'da yetiştirilen Karachai koyunlarında daha önce tanımlanan A, B ve C haplogruplarından belirgin şekilde ayrılan yeni bir materyal soy tespit etmiş ve bu grubu D haplogrubu olarak adlandırmıştır. Ardından M vd., (2007), Türkiye'de yetiştirilen Tuj ve İvesi koyunlarında beşinci materyal soy olan E haplogrubunu tanımlamış ve böylece evcil koyunlarda bilinen materyal haplogrup sayısı beşe yükselmiştir.

Materyal haplogrupların coğrafi dağılımı incelendiğinde, koyun evcilleştirme sürecinin Neolitik Dönemde Yakın Doğu'da başladığı ve tarım toplumlarının göçleriyle birlikte Avrupa, Asya ve Afrika'ya yayıldığı anlaşılmaktadır. Mitokondriyle DNA analizlerinden elde edilen bulgular, evcil koyun popülasyonlarının yayılım sürecinde yabani koyunlarla zaman zaman gen alışverişi gerçekleştirdiğini ve bu durumun günümüzde gözlenen genetik çeşitliliğin oluşmasına katkı sağladığını göstermektedir. Bu nedenle moleküler filogenetik çalışmalar, koyunların evrimsel kökeninin, evcilleştirme tarihinin ve farklı popülasyonların genetik yapısının açıklanmasında temel bilgi kaynaklarından biri olarak değerlendirilmektedir.

Literatürde yer alan araştırmalar birlikte değerlendirildiğinde, evcil koyunların filogenetik yapısının büyük ölçüde A, B ve C maternal haplogrupları etrafında şekillen-

diği görülmektedir. Avrupa ve Anadolu kökenli popülasyonlarda B haplogrubu baskın olarak bulunurken, Asya popülasyonlarında A haplogrubu daha yüksek frekansta temsil edilmektedir. Buna karşılık C, D ve E haplogrupları daha düşük oranlarda görülmekle birlikte, koyunların evrimsel geçmişi ve bölgesel genetik farklılaşmaların açıklanmasında önemli bilgiler sunmaktadır. Özellikle Türkiye’de yetiştirilen yerli koyun ırklarının birden fazla materyal haplogrubu bünyesinde barındırması, Anadolu’nun koyun evcilleştirme sürecindeki kritik konumunu desteklemekte ve bu popülasyonları genetik kaynakların korunması açısından stratejik bir konuma taşımaktadır.

Bu çalışmada elde edilen NJ ve UPGMA filogenetik ağaçları, Kimura-2 Parametre ve Jukes-Cantor modelleri altında büyük ölçüde benzer topolojiler sergilemiştir. *Ovis aries* haplogrupları (HG A-E) monofiletik yapıda bulunmuş ve özellikle HG B’nin *O. orientalis* ile yakın kümelenmesi, evcil koyunların Asya muflonundan türediğini destekleyen önceki moleküler çalışmalarla uyum göstermektedir. *O. vignei*, *O. nivicola* ve *O. canadensis* alt türleri kendi içerisinde ayrı kladlar oluşturarak tür düzeyindeki filogenetik ayrımı doğrulamıştır. Buna karşılık *O. ammon* alt türlerinde gözlenen daha dağınık yerleşim ve uzun dallar, bu grupta mitokondriyal genetik çeşitliliğin daha yüksek olduğunu göstermektedir.

Genel olarak, kullanılan farklı ağaç oluşturma yöntemleri ve uzaklık modelleri benzer sonuçlar verdiğinden, elde edilen filogenetik yapıların güvenilir olduğu ve mtDNA D-loop bölgesinin *Ovis* cinsi içerisindeki maternal soy ilişkilerinin ortaya konulmasında uygun bir moleküler belirteç olduğu söylenebilir. Bu bulgular, daha önce Hiendleder vd., (1998; 2002), Meadows vd., (2005), Pedrosa vd., (2005), Tapio vd., (2006) ve Demirci vd., (2013) tarafından bildirilen filogenetik sonuçlarla genel olarak uyumludur.

Mitokondriyal DNA’nın (mtDNA) kontrol bölgesi olarak bilinen D-loop, yüksek mutasyon hızı, yalnızca materyal hat üzerinden kalıtsal ve rekombinasyona uğramaması gibi özellikleri nedeniyle koyunlarda filogenetik ilişkilerin aydınlatılması, evcilleştirme geçmişinin araştırılması ve genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde en yaygın kullanılan moleküler belirteçlerden biridir. Farklı coğrafyalarda gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, yerli ve yabancı koyun popülasyonlarının ortak maternal kökenlere sahip olduğunu ortaya koyarken, uzun süreli coğrafi izolasyon, doğal seleksiyon ve yetiştiricilik uygulamalarının

haplotip dağılımlarında bölgesel farklılıkların oluşmasına neden olduğunu göstermektedir.

Evcil koyunların kökenine ilişkin ilk kapsamlı moleküler araştırmalardan biri Hiendleder vd., (1998a). tarafından gerçekleştirilmiştir. Araştırmacılar, mtDNA D-loop bölgesinde PCR-RFLP yöntemini kullanarak yaptıkları analizlerde evcil koyunların tek bir maternal soydan köken almadığını ortaya koymuş ve Avrupa ile Asya kökenli iki temel maternal soy tanımlamıştır. Daha sonraki çalışmalarda ise tam mitokondriyal genom ve D-loop dizi analizleri kullanılarak, özellikle B haplogrubunun Avrupa muflonu (*Ovis musimon*) ile yakın filogenetik ilişki gösterdiği ve bu türün evcil koyunların yabani atalarından biri olduğu desteklenmiştir (Hiendleder vd., 1998b; 2002). Ayrıca A ve B haplogruplarının yaklaşık 1,5 milyon yıl önce birbirinden ayrıldığı tahmin edilmesi, koyunların evrimsel geçmişinin evcilleştirme olayından çok daha eski dönemlere uzandığını göstermektedir.

Asya’da gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, koyun popülasyonlarında A, B ve C haplogruplarının baskın materyal soylar olduğunu ortaya koymaktadır. Çin ve Moğolistan yerli koyunları üzerinde yapılan araştırmalarda A haplogrubunun en yüksek frekansa sahip olduğu belirlenirken, Moğolistan popülasyonlarında genetik çeşitliliğin Çin koyunlarına kıyasla daha yüksek olduğu bildirilmiştir (Guo vd., 2005; Luo ve vd., 2005; Zhao vd., 2011; Zhao vd., 2013). Bu durum, Moğolistan koyunlarının materyal genetik çeşitliliği daha iyi koruduğunu düşündürmektedir. Bunun yanında Luo vd., (2005). gerçekleştirdiği network analizinde Avrupa muflonunun B haplogrubu içerisinde yer alması, bu haplogrubun kökenine ilişkin daha önce bildirilen filogenetik bulguları desteklemiştir.

Avrupa koyun popülasyonlarında ise maternal çeşitliliğin büyük ölçüde B haplogrubu etrafında yoğunlaştığı görülmektedir. Meadows vd., (2005), Avrupa kökenli koyun ırklarında B haplotiplerinin baskın olduğunu, buna karşılık Asya popülasyonlarında A haplogrubunun daha yaygın bulunduğunu bildirmiştir. Pedrosa vd., (2007). da İber Yarımadası’ndaki koyun popülasyonlarında B haplogrubunun baskın olduğunu, ancak A ve C haplogruplarının da belirli oranlarda temsil edildiğini ortaya koymuştur. Benzer şekilde Cinkulov vd., (2008), Balkan Pramenka koyunlarında B haplogrubunun yaklaşık %94 gibi oldukça yüksek bir frekansa ulaştığını, A haplogrubunun ise sınırlı sayıda bireyde bulunduğunu rapor etmiştir. Bu sonuçlar, Avrupa koyunlarının materyal köken bakımından görece homojen bir genetik

yapı sergilediğini göstermektedir.

Türkiye’de yetiştirilen yerli koyun ırkları üzerinde gerçekleştirilen araştırmalar ise Anadolu’nun koyun evcilleştirme sürecindeki önemini ortaya koyan önemli bulgular sunmaktadır. Kiraz (2009), Akkaraman ve İvesi koyunlarında A, B, C ve E haplogruplarını belirleyerek yüksek düzeyde maternal genetik çeşitlilik tespit etmiştir. Benzer şekilde Öner vd., (2013), Türkiye’nin farklı bölgelerinden örneklenen dokuz yerli koyun ırkında A, B ve C haplogruplarının birlikte bulunduğunu göstermiştir. Özellikle B haplogrubunun yaygın olarak gözlenmesi, Hiendleder vd., (2002). Türkiye kökenli koyunların Avrupa muflonu ile yakın filogenetik ilişki içerisinde olduğunu gösteren bulgularıyla uyumlu görünmektedir. Anadolu’nun Yakın Doğu evcilleştirme merkezine olan coğrafi yakınlığı dikkate alındığında, farklı materyal soyların aynı popülasyonlarda bulunması beklenen bir durum olarak değerlendirilmektedir.

Brezilya ve Hindistan’da yürütülen araştırmalar da koyun popülasyonlarının önemli düzeyde genetik çeşitlilik taşıdığını göstermektedir. Brezilya koyunlarında yüksek haplotip çeşitliliği belirlenmesine rağmen belirgin filogenetik kümelenmenin gözlenmemesi, farklı kökenlerden gelen popülasyonların uzun yıllar boyunca birbirleriyle melezlenmiş olabileceğini düşündürmektedir (Paiva vd., 2005). Hindistan koyunlarında ise iki temel maternal soyun (A ve B) varlığı belirlenmiş olup, bu sonuç Asya koyun popülasyonlarında A haplogrubunun baskın olduğunu bildiren diğer araştırmalarla uyumludur (Pardeshi vd., 2007).

Literatürde yer alan çalışmalar birlikte değerlendirildiğinde, koyun popülasyonlarında haplotip çeşitliliğinin yüksek olmasına karşın nükleotid çeşitliliğinin görece düşük olduğu görülmektedir. Bu durum, ortak maternal kökenlerden türeyen çok sayıda birbirine yakın akraba haplotipin zaman içerisinde hızla çeşitlendiğini göstermektedir. Çin, Moğolistan, Avrupa, Türkiye, Hindistan ve Brezilya gibi farklı coğrafyalardan elde edilen bulgular, evcil koyunların ortak bir evcilleştirme geçmişini paylaşmasına rağmen, daha sonraki dönemlerde gerçekleşen göçler, ticaret faaliyetleri, doğal ve yapay seleksiyon ile coğrafi izolasyonun popülasyonların genetik yapısında bölgesel farklılaşmalara yol açtığını ortaya koymaktadır.

## 6. SONUÇLAR

**Jukes-Cantor** ve **Kimura 2-Parameter** modelleri kullanılarak UPGMA ve Neighbor-Joining yöntemleriyle oluşturulan dört filogenetik ağacın tamamında benzer dallanma yapılarının elde edilmesi, analiz edilen diziler arasındaki filogenetik ilişkilerin yöntemden bağımsız olarak tutarlı olduğunu göstermektedir.

Bu bulgular, daha önce Hiendleder vd., (1998; 2002), Meadows vd., (2005), Pedrosa vd., (2005), Tapio vd., (2006) ve Demirci vd., (2013) tarafından bildirilen filogenetik sonuçlarla genel olarak uyumludur.

## 7. ÖNERİLER

Türkiye’de yetiştirilen yerli koyun ırklarının maternal haplogrup dağılımını ortaya koyacak kapsamlı moleküler çalışmaların farklı bölgeleri kapsayacak şekilde artırılması önerilmektedir.

Mitokondriyal DNA analizlerinin, SNP panelleri, mikrosatellit belirteçleri ve tüm genom dizileme (Whole Genome Sequencing) verileriyle birlikte değerlendirilmesi, popülasyonların genetik yapısının daha ayrıntılı ortaya konulmasını sağlayacaktır.

Antik DNA çalışmaları ile günümüz koyun popülasyonlarının karşılaştırılması, evcilleştirme süreci ve tarihsel göç yollarının daha doğru biçimde açıklanmasına katkı sağlayacaktır.

Nadir görülen C, D ve E maternal haplogruplarını taşıyan popülasyonların belirlenmesi ve korunmasına yönelik genetik kaynak yönetim programları geliştirilmelidir.

Yerli koyun ırklarının genetik çeşitliliğinin korunması amacıyla ulusal gen bankalarının güçlendirilmesi ve moleküler verilerin ıslah programlarına entegre edilmesi önem taşımaktadır.

Gelecekte yapılacak filogenetik araştırmalarda çevresel adaptasyon, iklim değişikliği ve üretim performansı ile ilişkili genomik verilerin birlikte değerlendirilmesi, hem koruma biyolojisi hem de hayvansal üretim açısından daha kapsamlı sonuçlar elde edilmesine katkı sağlayacaktır.

## KAYNAKLAR

- Arbuckle, B. S., & Özkaya, V. (2006). Animal exploitation at Körtik Tepe: an early Aceramic Neolithic site in southeastern Turkey. *Paléorient*, 113–136.
- Bruford, M. W., & Townsend, S. J. (2006). Mitochondrial DNA diversity in modern sheep. *Documenting domestication: New genetic and archaeological paradigms*, 306–316.
- Gatesy, J., Yelon, D., DeSalle, R., & Vrba, E. S. (1992). Phylogeny of the Bovidae (Artiodactyla, Mammalia), based on mitochondrial ribosomal DNA sequences. *Molecular biology and evolution*, 9(3), 433–446.
- 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*). *Animal genetics*, 36(4), 331–336.
- Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmuth, R., & Janke, A. (2002). Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 269(1494), 893.
- Hiendleder, S., Lewalski, H., Wassmuth, R., & Janke, A. (1998). The complete mitochondrial DNA sequence of the domestic sheep (*Ovis aries*) and comparison with the other major ovine haplotype. *Journal of Molecular Evolution*, 47(4), 441–448.
- Hiendleder, S., Mainz, K., Plante, Y., & Lewalski, H. (1998). 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. *Journal of Heredity*, 89(2), 113–120.
- Jia, X., Wang, L., Hao, L., & Jin, F. (2001). Genetic diversity of Rh haplotypes among Chinese populations. *Yi Chuan xue bao = Acta Genetica Sinica*, 28(5), 385–397.
- Kaymakçı, M., & Sönmez, R. (1996). İleri koyun yetiştiriciliği kitabı. Bornova, İzmir, Meta Basım Matbaacılık Hizmetleri.
- Kiraz, S. (2009). Şanlıurfa yöresindeki küçükbaş hayvanların filogenetik yapılarının moleküler tekniklerle belirlenmesi çalışmaları/Studies on phylogenetic profiles of small ruminant animals in Sanliurfa region using molecular techniques [dok. tezi].
- 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.
- Müldner, G., & Richards, M. P. (2005). Fast or feast: reconstructing diet in later medieval England by stable isotope analysis. *Journal of archaeological Science*, 32(1), 39–48.

- 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(4), 947–951.
- Özcan, L. (1989). Küçükbaş Hayvan Yetiştirme II (Koyun ve Yapağı Üretimi). *Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi. Yayın*, (106).
- Özkaya, V., Coşkun, A., Benz, M., Erdal, Y., Atıcı, L., & Şahin, F. (2012). Körtik Tepe 2010 yılı kazısı. *Kazı Sonuçları Toplantısı*, 33 (1), 315-338.
- Paiva, S., Faria, D., Silvério, V., McManus, C., Egito, A., Dergam, J., Guimarães, S., Castro, S., Albuquerque, M., & Mariante, A. (2018). Phylogenetic relationships among brazilian sheep breeds.
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J.-J., Gutiérrez-Gil, B., Primitivo, F. S., & Bayón, Y. (2005). Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 272(1577), 2211.
- Peters, J., & Schmidt, K. (2004). Animals in the symbolic world of Pre-Pottery Neolithic Göbekli Tepe, south-eastern Turkey: a preliminary assessment. *Anthropozoologica*, 39(1), 179–218.
- Peters, J., Schmidt, K., Dietrich, O., Pöllath, N., Kinzel, M., & Clare, L. (2014). Göbekli Tepe: agriculture and domestication. *Encyclopedia of global archaeology*, 3065–3068.
- Savard, M., Nesbitt, M., & Jones, M. K. (2006). The role of wild grasses in subsistence and sedentism: new evidence from the northern Fertile Crescent. *World Archaeology*, 38(2), 179–196.
- Wang, D.-F., Orozco-terWengel, P., Salehian-Dehkordi, H., Esmailizadeh, A., & Lv, F.-H. (2025). Genomic analyses of Asiatic Mouflon in Iran provide insights into the domestication and evolution of sheep. *Genetics Selection Evolution*, 57(1), 31.
- Zeder, M. A. (2008). Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proceedings of the national Academy of Sciences*, 105(33), 11597–11604.
- 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(8), 1715–1722.
- 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(7), 1405–1410.