



T. C.

**AFYON KOCATEPE ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**TÜRKİYE ve PAKİSTAN KOYUN IRKLARI
ARASINDAKİ mtDNA D-LOOP
İLİŞKİSİNİN ARAŞTIRILMASI**

Muhammad Shahzad HUSSAIN
Doktora Tezi
Danışman: Prof. Dr. Metin ERDOĞAN
Tez No: 2022-005
Mayıs, 2022
Afyonkarahisar

**T.C.
AFYON KOCATEPE ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLER ENSTİTÜSÜ
MEDİKAL BİYOLOJİ VE GENETİK ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ**

**TÜRKİYE VE PAKİSTAN KOYUN IRKLARI ARASINDAKİ MTDNA
DLOOP İLİŞKİSİNİN ARAŞTIRILMASI**

**Hazırlayan
Muhammad Shahzad HUSSAIN**

**Danışman
Prof. Dr. Metin ERDOĞAN**

Tez No: 2022 – 005

AFYONKARAHİSAR

2022

**Bu tez çalışması; Afyon Kocatepe Üniversitesi Bilimsel Proje Araştırmaları Koordinasyon Birimi
(BAPK) Tarafından Desteklenmiştir. Proje No: 19.SAĞ.BİL.08**

TEZ KABUL VE ONAY SAYFASI

Afyon Kocatepe Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü **Medikal Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı'nd** **Muhammad Shahzad HUSSAIN** tarafından hazırlanan “**Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları arasındaki mtDNA dloop ilişkisinin araştırılması**” adlı tez çalışması lisansüstü eğitim ve öğretim yönetmeliğinin ilgili maddeleri uyarınca GG/AA/YYYY tarihinde aşağıdaki jüri tarafından **oy birliği / oy çokluğu** ile **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir

Başkan

Unvan, Ad, Soyad

İmza

Üye

Unvan, Ad, Soyad

İmza

Üye

Unvan, Ad, Soyad

İmza

Üye

Unvan, Ad, Soyad

İmza

Üye

Unvan, Ad, Soyad

İmza

Afyon Kocatepe Üniversitesi
Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun
..... / / tarih ve
..... sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Prof. Dr. Esmâ KOZAN

Enstitü Müdürü

BİLİMSEL ETİK BİLDİRİMİ

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

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

beyan ederim.

...../...../.....

Muhammad Shahzad HUSSAIN

ÖZET

Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları arasındaki mtDNA D-loop ilişkisinin araştırılması

Koyun (*Ovis aries*), tüm dünyaya yayılarak insan yaşamında önemli rol oynayan ilk evcil hayvanlardan biridir. Kanıtlar, günümüz modern koyunlarının 8 – 11 bin yıl önce güneybatı Asya'nın bereketli hilal bölgesindeki Asya Yaban Koyunundan (*Ovis orientalis*) geldiğini göstermektedir. Yerli koyun ırkları arasındaki genetik çeşitlilik oldukça önemlidir ve bunların azalması veya kaybolması; ekonomik, ekolojik ve bilimsel etkilere neden olacaktır. Hem koyun ırkları içinde hem de koyun ırkları arasındaki genetik farklılıklar, ırk içi yönetim uygulamaları hakkında bilgi verirken, farklı genotiplerin ırk üzerindeki etkisini de ortaya çıkarabilmektedir.

Bu araştırmada Akkaraman, Morkaraman, Karayaka, Pırlak, Sakız ve Kıvırcık ırkları olmak üzere Türkiye'den altı; Thalli, Sipli, Lohi, Kajli, Buchi, Salt Range, Karakul ırkları olmak üzere Pakistan'dan yedi koyun ırkı arasındaki genetik ilişkiler incelenmiştir. Koyun mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin (mt-DNA Dloop) 1255 bp'lik kısmı PCR ile çoğaltılmış ancak 1077 bp'lik bölümü istatistik analizlerde kullanılmıştır. Türkiye yerli koyun ırkları arasında en az genetik farklılaşma Sakız ırkında (% 1), en fazla genetik farklılaşma ise Morkaraman ırkında (% 3,1) gözlenmiştir. Pakistan koyun ırklarında en az genetik farklılaşma Sipli ırkında (% 0,9), en fazla genetik farklılaşma ise Salt Range ırkında (% 2) bulunmuştur. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarındaki polimorfik bölge sayısı sırasıyla 230 ve 203 olarak hesaplanmıştır. Türk koyun ırklarında nükleotid çeşitliliği (0,0191) Pakistan koyun ırklarındakinden (0,0139) daha yüksek bulunmuştur. Genetik uzaklık değerlerine göre Türk koyun ırklarının % 99'unun Haplogrup B'de, Pakistan koyun ırklarının ise % 99'unun Haplogrup A'da yer aldığı görülmektedir. Türk koyun ırkları arasında en yüksek genetik benzerlik Sakız ve Kıvırcık arasında (% 98,4), en düşük ise Morkaraman ve Pırlak arasında (% 97) bulunmuştur. Pakistan koyun ırklarında en yüksek genetik benzerlik Sipli ve Lohi arasında (% 98,4)

görülürken, en az Salt Range ve Thalli ile Salt Range ve Kajli arasında (% 98) bulunmuştur.

Maksimum Parsimony ve Network analizlerinde, Akkaraman ve Morkaraman ırklarına ait hayvanların bir kısmı Haplogrup A'da iken, Türk koyun ırklarının çoğu Haplogrup B'ye sahiptir. Haplogrup C'de Morkaraman ve Karayaka ırkından az sayıda koyun bulunurken, Haplogrup E'de sadece Karayaka ırkından bir hayvan belirlenmiştir. Yabani koyunların (*Ovis aries musimon*) oluşturduğu kümede ise bir Kıvırcık ve bir Pırlak koyun olduğu dikkat çekmiştir.

Maksimum Parsimony ve Network analizlerinde, Pakistan koyunlarının çoğunluğu Haplogrup A içerisinde yer almıştır. Ancak, Salt Range ve Karakul ırklardan az sayıda hayvanda Haplogrup B gözlenmiştir. Pakistan koyun ırklarında Haplogrup D ve E gözlenmezken, Haplogrup C'de Kajli ırkından iki baş koyun bulunmuştur.

Sonuç olarak, Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup B'nin frekansının yüksek olması bu ırkların kökeninin Avrupa yaban koyunu olabileceğini göstermektedir. Ancak, Haplogrup A ve C'ye de fazla sayıda rastlanması Türkiye yerli koyunlarının genetik yapısında Türklerin Orta Asya'dan göçlerinin de etkisinin olduğuna işaret etmektedir. Pakistan yerli koyun ırklarının Haplogrup A'ya sahip olması Asya yaban koyunundan evciltildiğini göstermektedir. Ancak bazı ırklarda görülen Haplogrup B ise zaman içerisinde Avrupa yaban koyunundan evcilleştirilen koyun ırklarıyla melezlemelerin olduğuna da işaret edebilir. Asya ve Avrupa koyun ırkları arasındaki genetik ilişkinin anlaşılmasında mt-DNA ile genomik DNA'nın birlikte kullanılması, Türkiye ve Pakistan'daki koyun ırkları yanında Batı ve Orta Asya koyun ırklarının da araştırılması oldukça faydalı olabilecektir.

Anahtar Kelimeler: Genetik çeşitlilik, haplogruplar, mt-DNA, Dloop, genetik ilişki

SUMMARY

Investigation of relationship between mtDNA D-loop among Turkish and Pakistani Sheep Breeds

Sheep (*Ovis aries*) is the first domesticated animal which plays an important role in human life as it spread all over the world. Evidence suggests that today's modern sheep descended from Asian Mouflon (*Ovis orientalis*) in the Fertile Crescent region of southwest Asia 8 – 11 thousand years ago. The genetic diversity among domestic sheep breeds is important and their reduction or loss will have economic, ecological and scientific impacts. Genetic differences both within and between sheep breeds provide information about intra-breed management practices, while revealing the effect of different genotypes on the breed.

In this research, genetic relationships among six sheep breeds from Turkey, namely Akkaraman, Morkaraman, Karayaka, Pırlak, Sakız, K1vırcık and seven sheep breeds from Pakistan, namely Thalli, Sipli, Lohi, Kajli, Buchi, Salt Range and Pak Karakul were investigated. A total of 1255 bp of the sheep mitochondrial DNA control region (mtDNA D-Loop) was amplified by PCR, but 1077 bp portion was used for statistical analysis. Among the domestic sheep breeds of Turkey, the least genetic differentiation was observed in Sakız breed (1%), on the other hand the highest genetic differentiation was observed in Morkaraman breed (3.1%). In Pakistani sheep breeds, the least genetic differentiation was found in Sipli breed (0.9%) and the highest genetic differentiation was found in Salt Range breed (2%). The numbers of polymorphic regions in Turkey and Pakistan sheep breeds were calculated as 230 and 203 respectively. Turkish sheep breeds (0.0191) have higher nucleotide diversity than Pakistani sheep breeds (0.0139). According to genetic distance values, 99% of Turkish sheep breeds are in Haplogroup B, while 99% of Pakistani sheep breeds are in Haplogroup A. The highest genetic similarity among Turkish sheep breeds was found between Sakız and K1vırcık (98.4%) and the lowest between Morkaraman and Pırlak (97%). In Pakistani sheep breeds, the highest

genetic similarity was found between Sipli and Lohi (98.4%), while the lowest was found between Salt Range and Thalli and Salt Range and Kajli (98%).

According to Maximum Parsimony and Network analyses, some of the animals belonging to Akkaraman and Morkaraman breeds are in Haplogroup A, while most of the animals from Turkish sheep breeds have Haplogroup B. A small number of Morkaraman and Karayaka animals were found in Haplogroup C, while only one Karayaka animal was identified in Haplogroup E. It is noteworthy that the cluster formed by the Wild sheep (*Ovis aries musimon*) has only one animal from KIVIRCIK and one from PIRLAK.

According to Maximum Parsimony and Network analyses, most Pakistani sheep were included in Haplogroup A. However, Haplogroup B was observed in a small number of animals from Salt Range and Pak Karakul breeds. It is noteworthy that no animals were found in Haplogroups D and E, while two heads of Kajli sheep are found in Haplogroup C.

As a result, the high frequency of Haplogroup B in Turkish domestic sheep breeds indicates that the origin of these breeds may be from European wild sheep. However, the fact that Haplogroups A and C are also found in high numbers indicates that the migration of Turks from Central Asia has an effect on the genetic structure of Turkey's domestic sheep. The fact that Pakistani domestic sheep breeds have Haplogroup A indicates that they were domesticated from Asian wild sheep. However, Haplogroup B, which is seen in some breeds, also indicates that there were crosses over time to time with sheep domesticated from European wild sheep. It would be beneficial to use mt-DNA and genomic DNA together to understand the genetic relationship between Asian and European sheep breeds as well as to investigate West and Central Asian sheep breeds and the sheep breeds in Turkey and Pakistan.

Keywords: Genetic diversity, Haplogroups, mt-DNA, Dloop, Genetic relationship

ÖNSÖZ

Koyun, ilk evcilleştirilen hayvanlar arasında kabul edilmektedir ve insanlık tarihinde önemli bir role sahiptir. Günümüz evcil koyun ırkları farklı bölgelerde evcilleştirilen yaban koyunlarından köken almaktadır. Koyun ırkları arasındaki genetik çeşitlilik koyunların kökeni, koyun ırkları arasındaki ilişkiler, popülasyonların yapısı ve seleksiyon hakkında bilgi vermektedir. Yerli koyun ırklarının saf olarak yetiştirilmeleri ve mevcut genetik yapılarının korunması koyun yetiştiriciliği için önemlidir. Türkiye bulunduğu coğrafik konumu ve hayvanların ilk evcilleştirildiği bölgede olması, Asya ile Avrupa arasında köprü konumunda bulunması nedeniyle önemlidir. Pakistan genetik kaynaklar bakımından çok zengin ve Orta Asya'ya yakın bir ülke konumundadır. Bu nedenle, Türkiye ve Pakistan yerli koyunlarının birlikte incelenmesi her iki ülke koyun ırkları arasındaki genetik ilişkilerin ortaya konulması ve Türklerin Orta Asya'dan göçlerinin Türkiye yerli koyun ırklarına etkisini anlamak bakımından önemlidir.

Her şeyden önce, eğitim sürecim boyunca bana destek olan ve mükemmel bilgiler veren, nezaketi, güveni, anlayışı, motivasyonu ve mükemmel bir çalışma ortamı sağladığı için danışmanım Prof. Dr. Metin ERDOĞAN'a en derin şükranlarımı sunarım. Desteği ve faydalı yönlendirmeleri için Bölüm Başkanım Prof. Dr. Cevdet UĞUZ'a da teşekkür ederim. Ayrıca tüm çalışma süresi boyunca faydalı tavsiyeleri ve destekleri için başta Prof. Dr. Mine DOSAY AKBULUT ve Dr. Öğr. Üyesi Ömer Faruk LENGER olmak üzere tüm öğretim üyelerine ayrıca teşekkür ederim. Pakistan'dan DNA örneklerinin getirilmesine izin verdiği için Tarım ve Orman Bakanlığı Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü'ne; Pencap Pakistan Hükümeti Hayvancılık ve Süt Geliştirme Departmanı'na, Pencap'daki farklı devlet çiftliklerinde bulunan koyun ırklarından kan örnekleri almama izin verdiği için teşekkür ederim. Pencap Hükümeti Hayvancılık Departmanının Moleküler Laboratuvarın Sorumlusu, Dr. Atia Bukhari'ye Pakistan koyun örneklerinden DNA ekstraksiyonu için laboratuvarında çalışmama izin verdiği ve çalışmamı kolaylaştırdığı için teşekkür ederim. Çalışma alanlarındaki tüm çiftçilere ve çiftlik yöneticilerine, uzman ve çalışanlarına, kan örnekleri almamda bana yardımcı

oldukları için teşekkür etmeyi borç bilirim. Doktora tez projemi maddi olarak desteklediği için Afyon Kocatepe Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne de teşekkür ederim.

Eğitim - öğretim hayatım boyunca benden desteklerini esirgemeyen ve destekleyen, anneme, babama ve kardeşlerime teşekkür ederim. Doktora yaptığım sürede bana her türlü desteği veren ve her zaman yardımcı olan canım eşime de teşekkürü bir borç bilirim.

Muhammad Shahzad HUSSAIN

Afyonkarahisar

2022

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
TEZ KABUL VE ONAY	i
BİLİMSEL ETİK BİLDİRİMİ	ii
ÖZET	iii
SUMMARY	v
ÖNSÖZ	vii
İÇİNDEKİLER	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR	xi
ŞEKİLLER	xii
ÇİZELGELER	xiii
RESİMLER	xiv
1. GİRİŞ	1
1.1. Çiftlik Hayvanlarında Genetik Kaynaklar ve Çeşitlilik.....	2
1.1.1. Sığırlar.....	2
1.1.2. Keçiler.....	3
1.2. Koyunların Tarihi ve Kökeni.....	3
1.3. Türkiye Koyun Yetiştiriciliği ve Yerli Koyun Irkları	5
1.3.1 Türkiye Yerli Koyun Irkları	6
1.4. Pakistan’da Koyun Yetiştiriciliği ve Yerli Koyun Irkları.....	10
1.4.1. Pakistan’da Koyun Yetiştiriciliği.....	10
1.4.2. Pakistan Yerli Koyun Irkları.....	11
1.5. Koyunlarda Genetik Çeşitlilik.....	14
1.5.1. Mitokondriyal DNA.....	15
2. MATERYAL VE METOT	17
2.1. Hayvan Materyali.....	17
2.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar.....	17
2.2.1. PCR Cihazı.....	17
2.2.2. Yatay Jel Elektroforez Sistemi.....	18
2.2.3. Jel Dokümantasyon Sistemi.....	19
2.2.4. DNA Dizileme Cihazı.....	19
2.3. Metot.....	20
2.3.1. Kandan DNA İzolasyonu.....	20
2.3.2. Primer Tasarımı.....	21
2.3.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	21

2.3.4. Agaroz Jel Elektroforezi.....	21
2.3.5. DNA Sekans Analizi.....	22
2.4. İstatistik Analizler.....	23
3. BULGULAR.....	24
3.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	24
3.2. DNA Dizi Analizi.....	25
3.3. Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları İçindeki Genetik Farklılaşma.....	27
3.4. Türkiye ve Pakistan Koyunlarında Genetik İlişki.....	28
3.5. Türkiye ve Pakistan Koyunlarındaki Filogenetik İlişki.....	29
4. TARTIŞMA.....	38
4.1. Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları İçindeki Genetik Farklılaşma.....	38
4.2. Türkiye Yerli Koyunları Arasındaki Genetik İlişki.....	39
4.3. Pakistan Yerli Koyunları Arasındaki Genetik İlişki.....	42
4.4. Türkiye ve Pakistan Yerli Koyunların Genetik İlişki.....	43
5. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	47
6. KAYNAKLAR.....	50
7. EKLER.....	60
EK 7.1 Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu Kararı.....	60
EK 7.2 T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı İzni.....	61
EK 7.3 Pakistan, Pencap Eyaleti Örnek Toplama İzin Belgesi.....	62
ÖZGEÇMİŞ.....	63

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

DAD-IS	Domestic Animal Diversity Information System
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
TAGEM	Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü
DNA	Deoksiribonükleik asit
mtDNA	Mitokondriyal DNA
NCBI	National Center for Biotechnology Information
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
bp	Base pair
HG	Haplogrup
SNP	Single Nucleotide Polymorphism

ŞEKİLLER

	<u>Sayfa</u>
Şekil 1.1 Koyun, keçi ve diğer evcil hayvanların evcilleştirilmesi ve evcilleştirilme zamanı.....	5
Şekil 1.2 Türkiye yerli koyun ırklarının dağılımı.....	7
Şekil 1.3 Pakistan yerli koyun ırklarının dağılımı.....	11
Şekil 3.1 Türkiye koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı.....	31
Şekil 3.2 Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı.....	33
Şekil 3.3 Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı....	34
Şekil 3.4 Türkiye yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki.....	35
Şekil 3.5 Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki.....	36
Şekil 3.6 Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki.....	37

ÇİZELGELER

	<u>Sayfa</u>
Tablo 1.1 Pakistan yerli koyun ırklarının coğrafik dağılımı, yetiştirme şekli ve popülasyon büyüklükleri.....	12
Tablo 2.1 Ülkelere ve ırklara göre koyun sayıları.....	17
Tablo 3.1 Analiz edilen hayvan sayıları.....	24
Tablo 3.2 Ülkelere ve ırklara göre popülasyon içi genetik farklılaşma.....	27
Tablo 3.3 Türkiye ve Pakistan koyun ırkları Tajima Neutrality Test sonuçları	28
Tablo 3.4 Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik uzaklık.....	29

RESİMLER

	<u>Sayfa</u>
Resim 1.1 Türkiye yerli koyun ırkları.....	9
Resim 1.2 Pakistan yerli koyun ırkları.....	13
Resim 2.1 PCR Cihazı.....	18
Resim 2.2 Jel elektroforez Sistemi.....	18
Resim 2.3 Jel Dokümantasyon sistemi.....	19
Resim 2.4 DNA sekans Cihazı.....	19
Resim 3.1 Ovar mtDNA Dloop bölgesine ait PCR ürünü jel görüntüsü	25
Resim 3.2 İncelenen koyun ırklarında elde edilen mt-DNA Dloop bölgesinin bir bölümüne ait kromatogram görüntüsü.....	25
Resim 3.3 mt-DNA Dloop bölgesinde tespit edilen polimorfizlerin bir bölümünün gösterimi.....	26

1. GİRİŞ

Evcil türlerdeki genetik çeşitlilik ekonomik, ekolojik ve bilimsel çıkarımlar üzerinde önemli bir rol oynar ve bunların üzerindeki etkisi azalır veya artar. Bu nedenle FAO, Dünyanın Hayvan Genetik Kaynaklarını belgelemek için Evcil Hayvan Çeşitliliği Bilgi Sistemi (DAD-IS) adlı bir program başlatmıştır (FAO, 2000a). Farklı ırklar arasındaki evrimsel tarih ve genetik varyasyon, gelecekteki beklentiler için hayati bir rol oynamaktadır (Rege ve Gibson, 2003). Hem koyun ırkları içinde hem de ırklar arasındaki farklılıklar önemlidir; çünkü tür içindeki çeşitlilik, yönetim uygulamaları hakkında bilgi sağlarken, diğer yandan farklı genotipleri barındırabilecek farklı ırklar hakkında bilgi sağlamaktadır.

Çiftlik hayvanlarında yapılan araştırmaların çoğunluğunun yerel veya ulusal düzeyde olması, az sayıda hayvanı ve ırkı içermesi, genetik çeşitliliğin az olduğu kanısını uyandırmaktadır (Arranz vd., 1998; MacHugh vd., 1998; Saitbekova vd., 1999; Diez-Tascon vd., 2000; Martinez vd., 2000; Pariset vd., 2003; Meteus vd., 2004). Bu çalışmalar, yönetim uygulamaları ve koruma programları için önemlidir; ancak ülkelere veya bölgeye özgü ırkların daha iyi korunması için daha geniş coğrafyaları içeren araştırmalarla genetik çeşitliliği tahmin etmek önemli bir ihtiyaçtır (Bruford vd., 2003).

Evcilleştirme sürecinde koyun, sığır, domuz ve keçi ırklarına öncelik verilmiştir (Zeder, 2008). Yoğun üretim ve yüksek ticari talep, koyun ırkları için büyük tehdit oluşturmaktadır. Suni tohumlama ve ulaşımın gelişmesi nedeniyle kullanılan damızlık koçlar birçok koyun ırkının popülasyon büyüklüğünde azalmaya neden olmaktadır. Ayrıca, koyunculuk sektöründe kullanılan az sayıdaki koyun ırkı yüksek et, süt, yapağı verimleri veya ikizlik oranları nedeniyle genetik çeşitlilik için önemlidir. Ancak, hastalıklara karşı dirençli ve yüksek adaptasyon kabiliyetine sahip olan lokal koyun ırklarının kaybına neden olmaktadır (Mendelsohn, 2003).

1.1. Çiftlik Hayvanlarında Genetik Kaynaklar ve Çeşitlilikler

İnsanların kültürel ve demografik büyümesi, çiftlik hayvanlarının evcilleştirilmesinde önemli bir rol oynamaktadır. Yapılan seleksiyon uygulamaları, mutasyonlar ve genetik sürüklenme gibi diğer evrimsel etkiler, lokal popülasyonlarda geniş bir genetik çeşitlilik yaratmaktadır. Birçok türde genetik çeşitliliğin gelişmesi açısından farklı seleksiyon programları olumlu etki yaratmıştır. Suni tohumlama ve embriyo transferi gibi diğer teknikler, genetik materyalin çoğalmasını sağlamaktadır. Bunun yanı sıra, hayvan beslenmesinde ve taşıma sistemlerinde iyileşme verimli ırkların ortaya çıkmasına neden olmaktadır.

Güneybatı ve Doğu Asya'da, çiftlik hayvanlarının evcilleştirilmesi ile ilgili önemli genetik kanıtlar bulunmuştur. Genetik araştırmaların ilerlemesi ile çiftlik hayvanlarının evcilleştirilmesinin karmaşık bir süreç olduğu fark edilmiştir. (Lau vd., 1998; Luikart vd., 2001; Troy vd., 2001; Bruford vd., 2003).

1.1.1. Sığırlar

Sığırlar, üzerinde en çok çalışılan çiftlik ve evcil hayvanlarından biridir. Taurin sığırlarının (*Bos taurus*) Güneybatı Asya'da ve Zebu sığırlarının (*Bos indicus*) Hindistan'da M.Ö. 8000 yılından önce evciltildiğine dair kanıtlar bulunmaktadır (Zeder vd., 2006). Taurin sığırları çoğunlukla Orta Doğu, Kuzeybatı Afrika ve Avrupa'da bulunurken, Zebu sığırları Avrasya ve Doğu Afrika'da bulunmaktadır (Lenstra ve Bradley, 1999).

Hint, Güneybatı Asya ve Avrupa sığır ırklarında yapılan mtDNA ve Y kromozom araştırmaları Hindistan'dan Anadolu'ya kademeli bir Zebu-Taurin gen akışını göstermektedir (Loftus vd., 1999; Troy vd., 2001; Kumar vd., 2003; Edwards vd., 2007). Yakın Doğu Asya'da yapılan araştırmalar taurin ve zebu sığırları için sırasıyla biri Güneydoğu Anadolu'ya diğeri de Pakistan'ın Belucistan bölgesine yakın iki evcilleştirme merkezinin olduğunu göstermektedir (Loftus vd., 1994).

Asya'nın güneyinde zebu sığırları, kuzey kesiminde ise taurin sığırları bulunmaktadır. Bu durum Orta Asya (Kantanen vd., 2009) ve Çin'de (Cai vd., 2006; 2007; Lai vd., 2006) hibridizasyon bölgesi oluşmasına neden olmaktadır.

1.1.2. Keçiler

Keçiler (*Capra hircus*), ilk olarak Güneybatı Asya'da koyun ile aynı bölgede evcilleştirilmiştir. Evcil keçiler, koyunlara kıyasla sert çevre koşullarına daha iyi uyum sağlamakta ve yaban keçilerinden (*Capra aegagrus*) köken almaktadır. mtDNA üzerine yapılan çalışmalar, dünyadaki keçilerin yaklaşık% 90'nın haplotip A'ya sahip olduğunu, Asya ve Afrika'da haplotip B'nin, Avrupa keçilerinde haplotip C'nin ve Asya'da haplotip D'nin bulunduğunu ortaya koymaktadır (Naderi vd., 2007).

mtDNA üzerinde yapılan çalışmalar, farklı bölgelerdeki keçiler arasında ilişkinin deniz taşımacılığından kaynaklanabileceğini göstermektedir. Güneybatı Asya ile İber keçileri (Pereira vd., 2009), Orta Amerika ve Kanarya keçileri (Amills vd., 2009) arasında genetik bir ilişki bulunduğu bildirilmektedir.

1.2. Koyunların Tarihi ve Kökeni

Koyun (*Ovis aries*), insanların yaşamında önemli rol oynayan ilk evcil hayvanlardandır (Colledge vd., 2005; Chessa vd., 2009). Morfolojik kanıtlar, koyunun Orta Asya'nın dağlık bölgesinde bulunan Urial (*Ovis vignei*) 'den türediğini gösterse de (Ryder ve Stephenson, 1968; Piper ve Ruvinsky, 1997), arkeolojik bulgular koyunlarının 8-11 bin yıl önce Güneybatı Asya'nın bereketli hilal bölgesindeki Asya yaban koyunundan (*Ovis orientalis*) evcilleştirildiğini ortaya koymaktadır (Ryder ve Stephenson, 1968; Ryder, 1984). Evcil koyunlar Urial, Muflon ve Argali ile çiftleşebildiği için koyunların kökeninin daha karmaşık bir hal aldığı ifade edilebilir.

Evcilleştirme sürecinde, doğal ve yoğun yapay seleksiyon sonucunda yaklaşık 1400 koyun ırkı ortaya çıkmıştır (Scherf, 2000). İnsan faaliyetleri,

evcilleştirme sürecinde ırklar ve popülasyonlar arasındaki gen akışını belirlemede önemli bir rol oynamaktadır (Warmuth vd., 2012). Koyunların genetik kökeni, dağılımı ve insan faaliyetlerinin rolü, yerli koyun ırkları arasında yapılacak kapsamlı genetik çalışmalarla belirlenebilir.

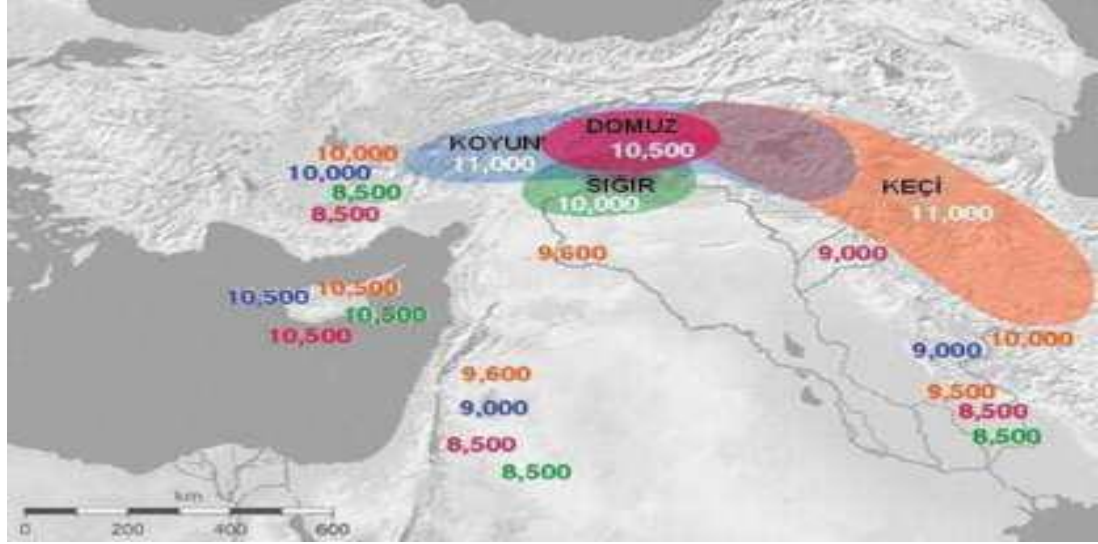
Moleküler genetik ve paleontolojideki ilerlemeler, evcil koyunların kökenini ve yayılmasını anlamada önemli bir rol oynamaktadır (Poplin, 1979; Hiendleder vd., 1998; Pedrosa vd., 2005; Chessa vd., 2009; Meadows vd., 2011; Kijas vd., 2012; Demirci vd., 2013). Demografik analizler ve morfolojideki değişiklikler, koyunların İran'dan Güneydoğu Anadolu'ya kadar evcilleştirildiğini ortaya koymaktadır (Peters vd., 2005). Endojen retroviral sekanslar, Güneybatı Asya'daki evcil koyunların daha sonradan evcilleştirildiğini göstermektedir (Chessa vd., 2009).

Evcil koyunların batı Avrupa'da ilk olarak yaklaşık M.Ö. 5400'de deniz yoluyla götürüldüğüne inanılmaktadır (Tapio vd., 2006; Pereira vd., 2006). Post-neolitik çağlarda Akdeniz, Güneybatı Avrupa'yı Yakın Doğu ve Kuzey Afrika'ya bağlayan bir koridor görevi görmesi nedeniyle koyunun tarihinde önemli bir rol oynamaktadır (Pereira vd., 2006). Koyun ırkları et, süt ve yapağı gibi arzu edilen özellikleri ve çevreye karşı dirençleri temelinde geliştirilmiştir.

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü'ne (FAO) göre, hayvancılıkta haftada bir ırkın neslinin tükeneceği tahmin edilmektedir (MoDAD-IS, 1996). Hayvan ırklarının neslinin tükenmesinde hayvanların belirli bir özelliğe göre seleksiyonu, yayılması veya yoğun melezleme programlarıdır (Alderson, 1998). Seleksiyon veya yoğun melezlemeler nedeniyle ırkların bazı özellikleri sonsuza kadar kaybolabilir.

Evcilleştirme sürecinde koyunlar, yetersiz beslenme ve ağır iklim koşulları nedeniyle geniş bir çevresel tolerans yelpazesini sahip olmuşlardır. Dünya koyun ırklarının yaklaşık % 48'ini tescilli 771 Avrupa koyun ırkı (FAO, 2000b) oluşturmaktadır. Güneydoğu Avrupa ve Orta Doğu'daki ırklar arasındaki gen akışının birkaç ırktan olduğunu düşünmektedir. Kuzey ve kuzeybatı Avrupa ırklarının

popülasyonlarındaki azalmaya sıkı seleksiyon programları ve genetik izolasyon neden olabilir (Peter vd., 2007).



Şekil 1.1: Koyun, keçi ve diğer evcil hayvanların ilk evcilleştirilmesi ve evcilleştirilme zamanı (Zeder, 2008).

Hayvanlarda seleksiyon, yapay ve doğal seleksiyon olarak ikiye ayrılabilir. Yapay veya bilinçli seleksiyonda hayvanlar istenilen özelliğe göre yetiştiriciler tarafından seçilmekte ve yetiştirilmektedir. Doğal seleksiyonda ise hayvanlar vahşi ortamlarından doğa koşullarına uyumlarına göre yaşayanlar seçilmektedir. Bitkilerle karşılaştırıldığında, hayvanların evcilleştirilmesinde yapay seleksiyon daha önemli rol oynamaktadır (Zohary vd., 1998). Vahşi ortamdaki yapay ortama geçildiğinde koyunlarda bazı morfolojik, davranışsal ve fizyolojik gelişmeler meydana gelmiştir. Koyunların evcilleştirilmesinde doğal seleksiyon önemli bir rol oynamaktadır (Zohary vd., 1998).

1.3. Türkiye’de Koyun Yetiştiriciliği ve Yerli Koyun Irkları

Türkiye’deki koyun ırkları zorlu çevre koşullarına son derece uyumludur. Türkiye gibi birçok ülkede, yerli ırkların verimi artırmak için kültür ırkları ile melezlenmesi nedeniyle yerli koyunların sayısı azalmaktadır (Soysal vd., 2003). Yerel genetik kaynakların kaybı, gelecekte ciddi sonuçlara yol açabilir. Bu nedenle, yerli genetik kaynakların korunmasına odaklanılması gerektiğinin savunulmaktadır.

Türkiye'nin kırsal nüfusu hayvancılık sektörüne bağlıdır, bu nedenle hayvancılık Türkiye ekonomisinde önemli rol oynamaktadır. Koyun, doğrudan kırsal halkın ekonomisine ve beslenmesine katkı sağlayan en önemli hayvancılık kollarındandır. Koyun, Türkiye'deki gıda tüketiminde önemli rol oynamakta ve kırmızı et üretiminin yaklaşık % 20'sine katkıda bulunmaktadır. Türkiye'de çiftçiler et, süt ve yapağı üretimi için genellikle yerli ırkları yetiştirmektedir (TÜİK, 2008).

Hem genetik hem de arkeolojik çalışmalar, Doğu / Güneydoğu Anadolu'nun koyunların evcilleştirildiği bölge olduğunu, dolayısıyla ilk evcilleştirilen koyunların yerli Türk ırklarının atası olduğunu kanıtlamıştır (Koban, 2004; Zeder, 2008). Türkiye, verimli hilal kuşağında bulunduğu için önemli koyun gen havuzlarına sahiptir. Türk koyun ırklarının Avrupa koyun ırklarını ve evcilleştirme sürecini nasıl etkilediğini anlamak ve genetik kaynakların korunmasına yönelik programları anlamak için yerli Türk koyun ırklarının genetik yapısını belirlemek önemlidir (Rischkowsky ve Pilling, 2007; Öner vd., 2013). Yerli koyun ırklarının üretkenliği ve gelişimi için yerli kaynaklardaki genetik varyasyonların korunması gerekmektedir (Taberlet vd., 2011).

1.3.1. Türkiye Yerli Koyun Irkları

Türkiye yaklaşık 45 milyon 178 bin koyun varlığına sahiptir ve koyun popülasyonu büyük ölçüde yerli ırklardan oluşmaktadır (TÜİK, 2021). Türkiye, dünya hayvan genetik kaynaklarında önemli rol oynayan 20'ye yakın morfolojik olarak tanımlanmış koyun ırkına sahiptir (Ertuğrul vd., 2009).

Türkiye'de kuyruk yapısına göre ince uzun kuyruklu, yağlı kuyruklu ve uyluğu yağlı koyun ırkları bulunmaktadır. İnce uzun kuyruklu ırklar arasında Kıvırcık, Karayaka, Karacabey Merinosu, Ramlıç ve Gökçeada (İmroz), yağlı kuyruklu ırklar Akkaraman, Morkaraman, Dağlıç, İvesi ve Karagül, uyluğu yağlı ırklar arasında Tuj ırkı sayılabilir. Türkiye yerli koyun ırklarının yaklaşık % 87'sini (20,6 milyon) yağlı kuyruklu koyunlar oluşturmaktadır. Yağlı kuyruklu koyun ırklarından Akkaraman (% 40 – 43,2) ve Morkaraman (% 24,2) Türkiye'deki toplam

koyun varlığının yaklaşık % 65'ini oluşturmaktadır (Karaca vd., 2003; Ertuğrul vd., 2009; Özdemir vd., 2011).

Akkaraman ırkı, Türkiye’de sayı olarak birinci sırada yer almaktadır. Orta Anadolu ile Doğu Anadolu, Güney Doğu Anadolu, Karadeniz ve Akdeniz bölgelerinin Orta Anadolu’ya yakın kısımlarında yetiştirilmektedir. Güney Karaman, Karakaş, Norduz ve Kangal isimlerinde bölge veya il bazında yetiştirilen Akkaraman varyeteleri de bulunmaktadır. Vücut beyaz renkli ve kaba-karışık yapağı ile örtülüdür (Resim 1.1. A). Baş, boyun, karın altı ve bacaklar çıplaktır. Baş ve ayaklarda siyah lekeler görülmektedir. Kuyruk yağlı ve kuyruk omurları uç kısımda S kıvrımı yapmaktadır (Akçapınar, 1994; Karaca vd., 2003; Karşı vd., 2011, Kurar vd., 2012, Bingöl ve Aygün, 2014).



Şekil 1.2: Türkiye yerli koyun ırklarının dağılımı (TAGEM, 2009).

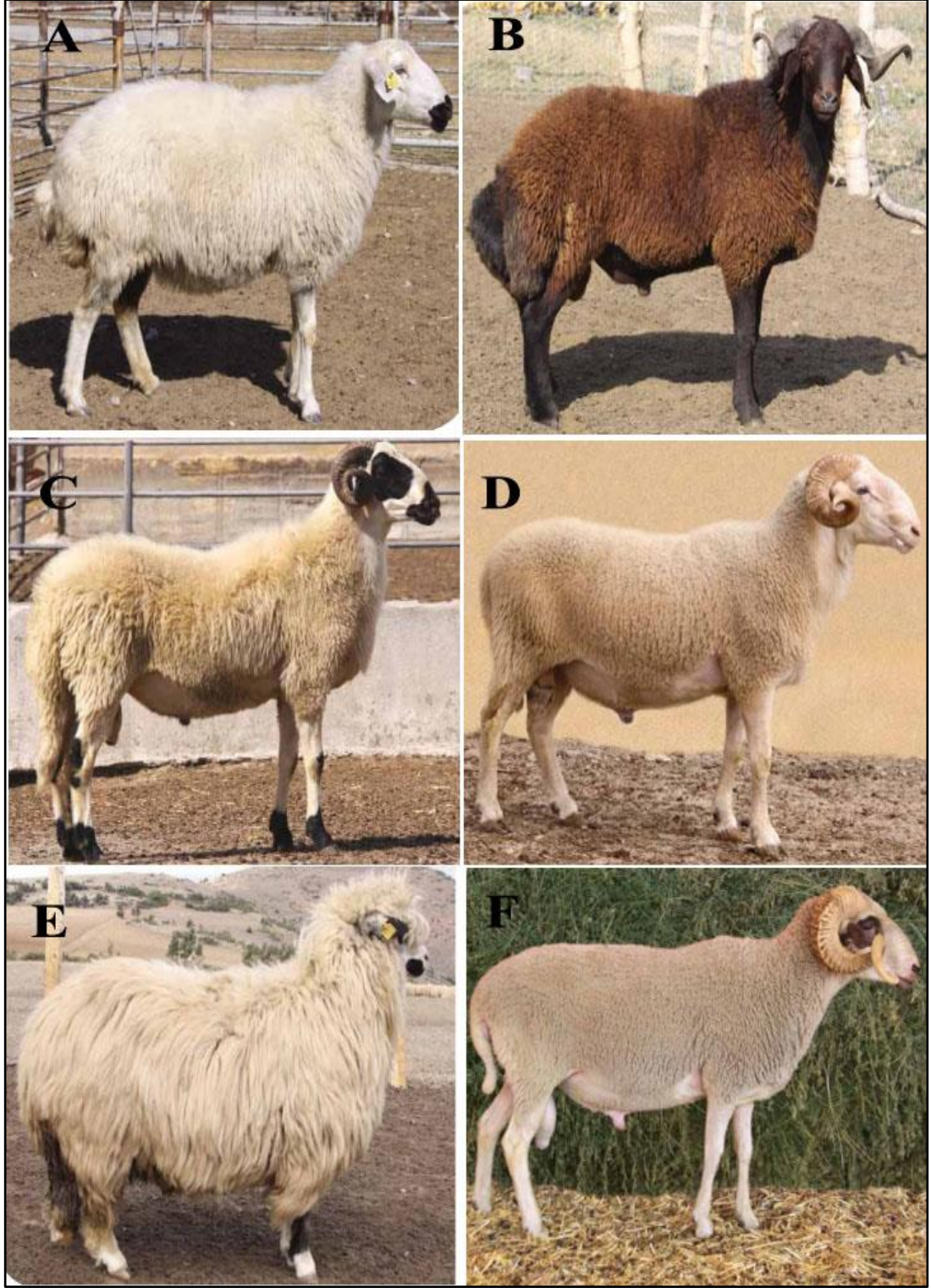
Morkaraman ırkı Türkiye'nin Doğu Anadolu bölgesinde yetiştirilmektedir. Türkiye’de sayı olarak ikinci sırada yer almaktadır. Gızıl veya Kızıl adıyla İran’ın Türkiye sınırına yakın bölgelerinde de yetiştirilmektedir. Vücut kahverengi veya kızıl kahverengi renkte kaba-karışık yapağı ile örtülüdür. Erkek ve dişilerde boynuzlu veya boynuzsuz olanlara da rastlanmaktadır. Kuyruk yağlı ve Akkaraman ırkında olduğu gibi S yapmaktadır. (Akçapınar, 1994; Özdemir vd., 2011).

Sakız ırkı adını Ege denizindeki Sakız adasından almaktadır. Türkiye’de Ege bölgesi kıyı şeridinde yetiştirilmektedir. Vücut beyaz renkli kaba-karışık yapağı ile örtülüdür. Ağız ve gözlerin etrafında, kulaklar ile ayaklarda siyah lekeler görülmektedir. Erkeklerde kuvvetli spiral boynuzlar görülürken dişiler boynuzsuzdur. Vücut dar, bacaklar uzun, kuyruk yağsız ve uzundur. Memeler iyi gelişmiş ve sütçülük kabiliyetleri yüksek, çevre koşullarına adaptasyonları zayıftır. Ancak, çoklu doğum oranları çok yüksek olduğu bildirilmektedir (Akçapınar, 1994)

Kıvırcık ırkı Marmara ve İç Ege bölgesinde yetiştirilmektedir. Yunanistan ve Bulgaristan’da da yetiştirilmektedir. Vücut beyaz renkli kaba-karışık yapağı ile örtülüdür. Nadiren baş ve ayaklarda siyah veya kahverengi lekeler görülmektedir. Erkeklerde beyaz renkli spiral boynuzlar bulunurken dişiler boynuzsuzdur. Baş, boyun, karın altı ve bacaklarda yapağı bulunmaz. Kuyruk yağsız, uzun, ince ve tarsus eklemine kadar uzanmaktadır. Daha çok et amaçlı yetiştirilmektedir (Akçapınar, 1994).

Karayaka ırkı Türkiye’nin Karadeniz bölgesinde yetiştirilmektedir. Vücut diğer yerli ırklara oranla küçüktür ve beyaz renkli kaba yapağı ile örtülüdür. Yapağısı kalındır ve yatak yapımında kullanılmaktadır. Erkekler kalın spiral boynuzlu olurken dişilerde boynuz görülmez. Baş ve bacaklar çıplak, kuyruk uzun ve ince bir yapıdadır (Akçapınar, 1994).

Pırlak ırkının Dağlıç x Kıvırcık melezlemesi ile elde edildiği, vücut yapısı ve verimlerinin Kıvırcık ile Dağlıç arasında olduğu bildirilmektedir (Akçapınar, 1994). Pırlaklarda kuyruk ince ve kuyruk yağı yukarıdan aşağıya doğru azalmaktadır. Bu ırkta yapağı kaba - karışık ve beyaz renkli, göz etrafında, kulak uçlarında ve ağız etrafında siyah lekeler rastlanmaktadır. Erkeklerde yanlara doğru açılan spiral boynuz bulunmakta, dişiler ise boynuzsuzdur (Akçapınar, 1994).



Resim1.1: Türkiye yerli koyun ırkları (TAGEM, 2009). **A:** Akkaraman, **B:** Morkaraman, **C:** Sakız, **D:** Kıvrıcık, **E:** Karayaka, **F:** Pırlak.

1.4. Pakistan’da Koyun Yetiştiriciliği ve Yerli Koyun Irkları

1.4.1. Pakistan’da Koyun Yetiştiriciliği

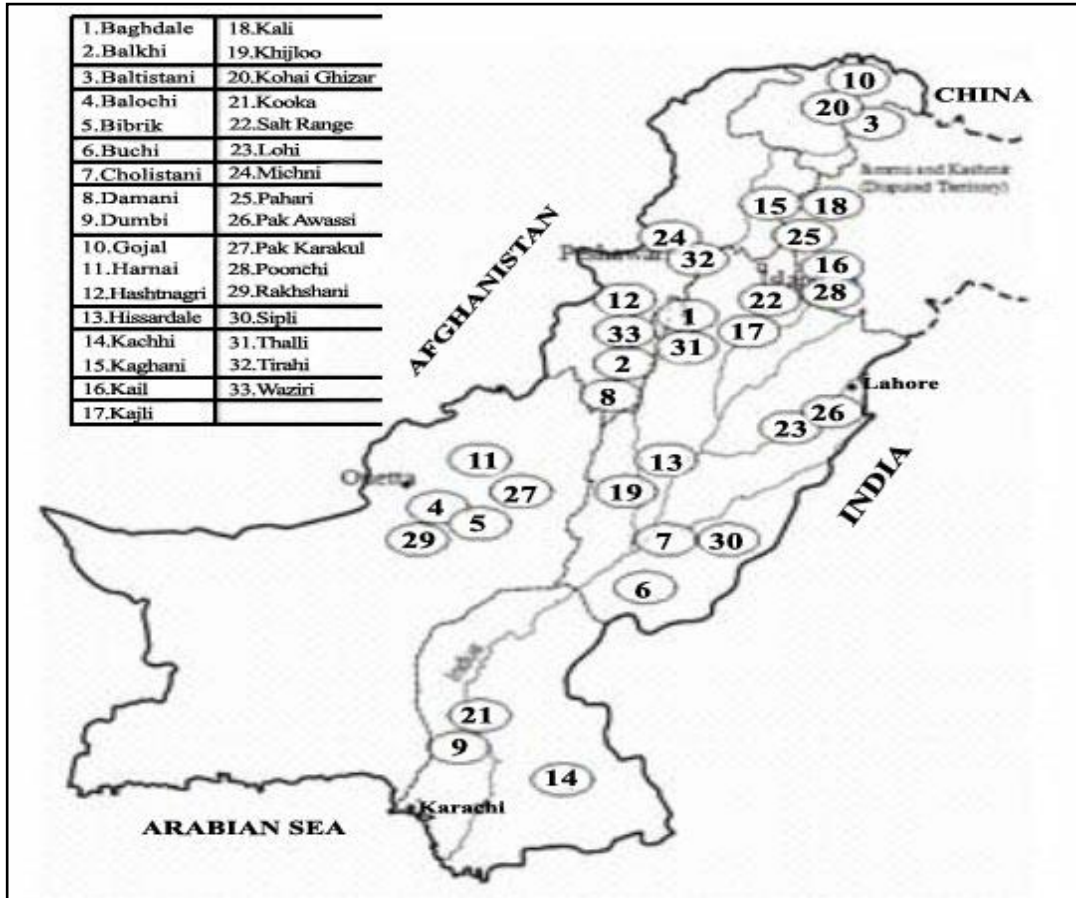
Pakistan’da hayvancılık sektörü ülke ekonomisinde önemli bir rol oynamaktadır. Hayvan sayısı bakımından önde gelen ülkeler arasında yer almaktadır ve tarımsal gayri safi hâsıla yurtiçi ürünlerinin yarısından fazlasını kapsamaktadır. Pakistan dünyadaki en büyük beşinci süt üreticisi ve (Hussain vd., 2019) aynı zamanda dünyadaki en büyük onuncu küçükbaş hayvan üreticisi konumundadır (Khan vd., 2008). Koyunculuk kırsal kesimde yaşayan çiftçilerin ekonomisinde önemli bir rol oynamaktadır. Pakistan’da yaklaşık 34 yerli koyun ırkı bulunmaktadır (Hussain vd., 2019).

Pakistan’da koyun varlığı yaklaşık 31,6 milyon, keçi varlığı ise 80,3 milyon düzeyindedir (PES, 2020-21). Tüm dünyada 1,2 milyar koyun bulunmakta ve koyunların yarısı Asya kıtasında yetiştirilmektedir. Asya’daki yerel koyun popülasyonlarının fenotipik ve genotipik karakterizasyonu dair sınırlı sayıda araştırma bulunmaktadır. Bu nedenle, birçok hayvan tanımlanmamış ırklar kategorisinde yer almaktadır. Bu tanımlanmamış koyun popülasyonlarının fenotipik ve genotipik ırk özelliklerinin, ırklar arasındaki genetik ilişkilerin araştırılması ve bu koyunların ırk özelliklerinin kaybetmeden ıslah edilmesinin önemli olduğu vurgulanmaktadır (Guang-Xin vd., 2016; Sharma vd., 2016).

Pakistan’daki koyunların çoğu, meralarda otlamakta, çalılar ile beslenmekte ve göçer koyunculuk sistemi ile yetiştirilmektedir. Pakistan yerli koyun ırklarının çoğunluğu etçi özellikte ve kaba karışık yapıya sahiptir (Qasim vd., 2011). Koyun, Pakistan’ın Pencap Eyaleti’nde yetiştirilen en büyük hayvan popülasyonları arasında yer almakta (Akhtar, 1996), Pakistan’ın gıda ve yapağı endüstrisinde önemli rol oynamaktadır. Koyun ve keçi yetiştiriciliği Pakistan milli gelirinde önemli bir yere sahiptir. Pakistan ekonomisinde hem koyun hem de keçiler et ve süt üretiminin sırasıyla % 45,6 ve % 33,8’ini oluşturmaktadır (Mumtaz vd., 2019). Pakistan koyun ırklarındaki ırk karakteristiğini ile popülasyon yapısını belirlemek ve koruma programlarını etkili bir şekilde geliştirmek için bu ırkların genetik özelliklerinin tekrardan değerlendirilmesi gerekmektedir (Williams vd., 1993).

1.4.2. Pakistan Yerli Koyun Irkları

Pakistan yerli koyun popülasyonunun çoğunluğunu Belucistan (% 48), Pencap (% 24), Sindh (% 15) ve KPK (% 13) eyaletlerinde yetiştirilen koyunlar oluşturmaktadır (Khan vd., 2007). Pakistan yerli koyun ırkları kuyruk yapısına göre ince-uzun ve yağlı kuyruklu koyunlar olarak ikiye ayrılmaktadır. İnce kuyruklu ırklar arasında Baltistani, Buchi, Cholistani, Damani, Hissardale, Kaghani, Kail, Kooka, Kali, Lohi, Pahari, Poonchi, Sipli ve Thalli; yağlı kuyruklu ırklar arasında Balochi, Balkhi, Bibrik, Dumbi, Gojal, Harnai, Hashtnagri, Khijloo, Kohai Ghizar, Karakul, Latti, Michni, Rakhshani, Tirahi ve Waziri bulunmaktadır. Son 50 yılda geliştirilen melez ırklar (Damani × Hissardale × Rambouillet) ve yağlı kuyruklu Pak-Awassi (Kachhi × Awassi) ve Pak-Karakul (Kachhi × Karakul) gibi ince kuyruklu ırklar da yetiştirilmektedir. Jahangirabad Hayvancılık Deney İstasyonunda tutulan Hissardale benzeri ırklar da küçük popülasyonlar halinde bulunmaktadır.



Şekil 1.3: Pakistan yerli koyun ırklarının dağılımı (Khan vd., 2007)

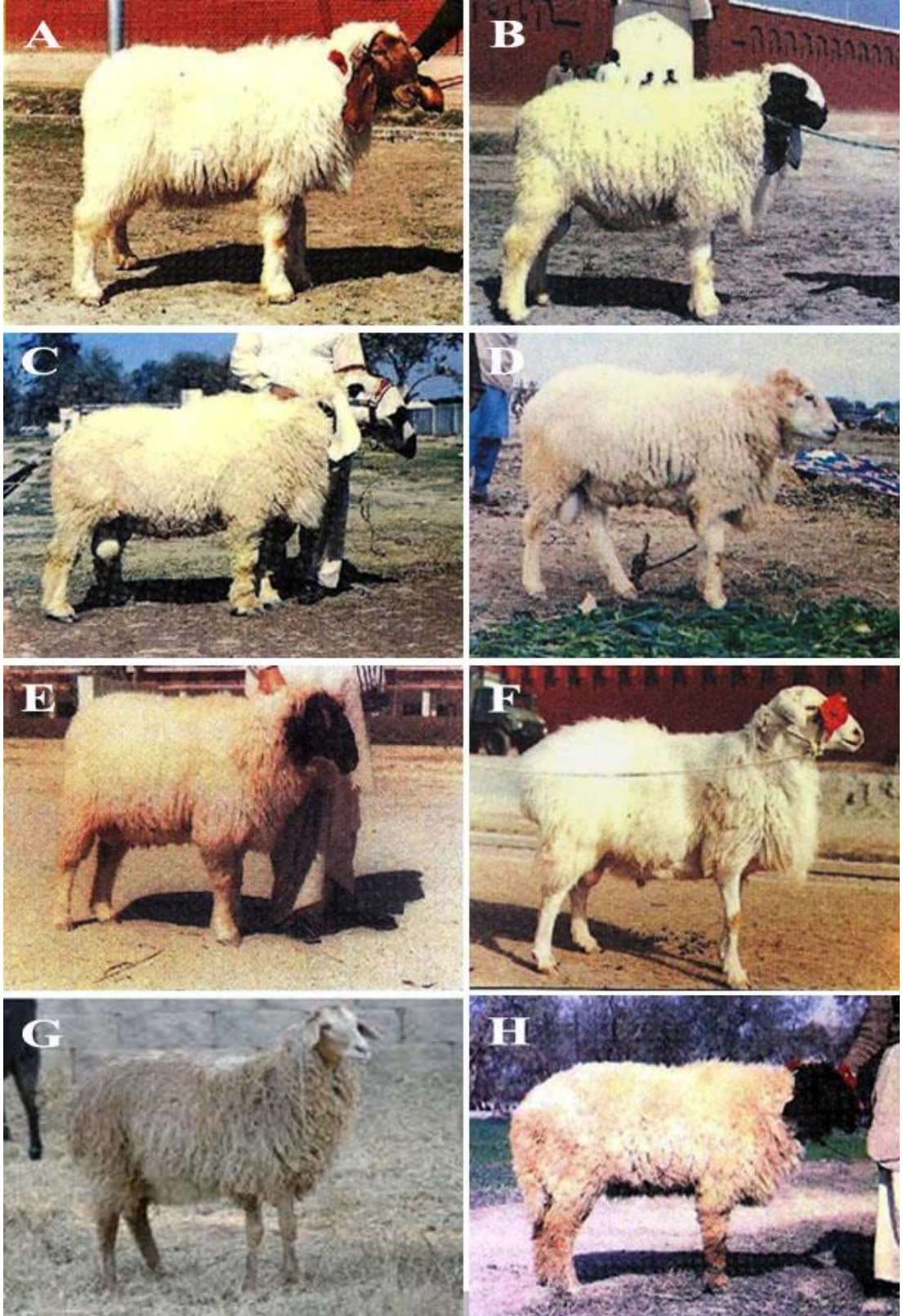
Tablo 1.1: Pakistan yerli koyun ırklarının coğrafik dağılımı, yetiştirme şekli ve popülasyon büyüklükleri (Khan vd., 2007)

S. No.	Breed	Synonym	Utility	Geographic distribution	Population. Size (000)*	Population. trend
1.	Baghdale		Mutton, wool	Punjab	<1	NA
2.	Balkhi		Mutton, wool, fat	NWFP	444	+ve
3.	Baltistani		Mutton, wool	Northern Areas	235**	NA
4.	Balochi		Mutton, wool, fat	Balochistan	4130	+ve
5.	Bibrik	Bugti	Mutton, wool, fat	Balochistan	1687	-ve
6.	Buchi	Bahawalpuri	Mutton, wool	Punjab	466	-ve
7.	Cholistani	Bekneri	Mutton, wool	Punjab	39	+ve
8.	Damani		Mutton, wool, milk	NWFP	624	+ve
9.	Dumbi		Mutton, wool, fat	Sindh	38**	NA
10.	Gojal		Mutton, wool, fat	Northern Areas	93**	NA
11.	Harnai	Dumari	Mutton, wool, fat	Balochistan	572	+ve
12.	Hashtnagri		Mutton, wool, fat	NWFP	156	+ve
13.	Hissardale		Mutton, wool	Punjab	<2	NA
14.	Kachhi	Kutchhi	Mutton, wool, milk	Sindh	708	+ve
15.	Kaghani		Mutton, wool	NWFP	183	-ve
16.	Kaili		Mutton, wool	AJK	40	+ve
17.	Kajli		Mutton, wool	Punjab	1379	-ve
18.	Kali		Mutton, wool	AJK	6**	NA
19.	Khijloo	Haleenjoo	Mutton, wool, fat	Punjab	NA	NA
20.	Kohai Ghizer		Mutton, wool, fat	Northern Areas	139**	NA
21.	Kooka		Mutton, wool	Sindh	1096	+ve
22.	Latti	Salt Range	Mutton, wool, fat	Punjab	125**	NA
23.	Lohi	Parkanni, Lamochar	Mutton, wool	Punjab	969	-ve
24.	Michni		Mutton, wool, fat	NWFP	36**	NA
25.	Pahari		Mutton, wool	AJK	15**	NA
26.	Pak-Awassi		Mutton, wool, fat	Punjab, Sindh	<1	NA
27.	Pak-Karakul		Mutton, wool	Punjab, Balochistan	<1	NA
28.	Poonchi		Mutton, wool	AJK	57**	NA
29.	Rakshani		Mutton, wool, fat	Balochistan	475	+ve
30.	Sipli		Mutton, wool	Punjab	52**	NA
31.	Thalli		Mutton, wool	Punjab	818	+ve
32.	Tirahi	Afidi	Mutton, wool, fat	NWFP	40**	NA
33.	Waziri		Mutton, wool, fat	NWFP	575	+ve

*Numbers as in 2006 livestock census but if not available, estimates are given, ** 1986 estimates from www.fao.org/DAD-IS/

Pakistan yerli koyunlarının yaklaşık % 34'ü devlet üretme çiftliklerinde yetiştirilmekte olan Buchi, Belochi, Balkhi, Bivarikh, Harnai, Kaghani, Kachhi, Kajli, Karakul, Lohi, Sipli, Salt Range ve Thalli koyun ırkları oluşturmaktadır. Awassi, Afgan, Karakul ve Rambouillet gibi bazı ırklar da devlet üretme çiftliklerinde bulundurulmaktadır. Devlet üretme çiftliklerindeki ırklar koruma amaçlı saf olarak yetiştirilmekte ve herhangi bir melezleme programı uygulanmamaktadır (Khan vd., 2007).

Pakistan'da çok sayıda çiftlik hayvanı olmasına rağmen koyunu varlığı FAO verilerine göre 28,8 milyon düzeyindedir (Naqvi vd., 2017). Pakistan yerli koyun ırklarına ait sınırlı fenotipik ve genotipik bilgiler olduğu için Pakistan'daki bazı ırkların popülasyon büyüklüğünün azaldığı düşünülmektedir (İbrahim vd., 2010, Ahmed vd., 2014, Wajid vd., 2014). Balkhi, Damani, Salt Range, Balochi, Lohi, Hastnagri, Thalli ve Kachhi gibi bazı ırklar ise ekonomik olarak çok önemlidir.



Resim 1.2: Pakistan yerli koyun ırkları. A: Lohi, B: Thalli, C: Kajli, D: Sipli, E: Buchi, F: Salt Range, G: Pak Karakul, H: Cholistani (İnt. Kyn. 1)

Bu ırklardan Damani ve Kachhi sütçü özellikler taşımaktadır ve 4-6 aylık laktasyon dönemi boyunca günde yaklaşık bir litre süt vermektedir (Khan vd., 2007). Ancak, bu ırklarda herhangi bir seleksiyon yapılmamakta ve ırklardaki genetik varyasyon hakkında sınırlı bilgi bulunmaktadır (İbrahim vd., 2010; Ahmed vd., 2014; Wajid vd., 2014). Genel olarak ince kuyruklu ve yağlı kuyruklu koyunların varyasyon fazladır. Sipli ince ve uzun kuyruklu bir ırk iken ince kuyruklu olan Lohi ırkındaki bazı koyunlarda kuyruk olmayabilir. Pakistan yerli koyun ırklarının genelinde yapağı kaba tiptedir. Yapağı kalınlığı Kari ırkında 23 mikron (Ahmad, 2007), Kooka ırkında ise 52 mikron kadar ulaştığı bildirilmektedir (Shah, 1993). Ergin koyunların canlı ağırlıkları da Kari ırkında 18 kg iken Balkhi ırkında ise 70 kg ulaşabilmektedir.

1.5. Koyunlarda Genetik Çeşitlilik

Koyun, tüm dünyada yaygın olarak yetiştirilmektedir. Koyunlar arasındaki genetik ilişkiler genomik DNA, Y kromozomu ve mitokondriyal DNA analizleri ile incelenmektedir (Agaviezor vd., 2012). Maternal kalıtım mitokondriyal DNA, paternal kalıtım ise Y kromozom analizi ile araştırılmaktadır (Meadows vd., 2006; Meadows vd., 2009).

Çiftlik hayvanlarında genetik farklılaşmaları incelemek için mikrosatellitler yaygın olarak kullanılmaktadır (Baumung vd., 2004). Mikrosatellitler, genetik varyasyonları ve genetik bağlantıları incelemek için yararlı bir moleküler araçtır. Mikrosatellitler hızlı, güvenli, polimorfik ve genellikle genomik DNA'da bulunurlar. Mikrosatellitler kodominant olduğundan, tüm alleller belirlenebilmektedir. Mikrosatellitler genlerin haritalanmasında, istenen özellikleri etkileyen genleri araştırmada, ebeveyn tayininde ve hayvancılıkta genetik çeşitliliği incelemeye kullanılmaktadır (Crawford ve Littlejohn, 1998; Jouquand vd., 2000; Moioli vd., 2001; Kumar vd., 2006). Koyunlarda mikrosatellitler kullanılarak yapılan çok sayıda çalışma bulunmaktadır (Diez-tascon vd., 2000; Hassan vd., 2003; Arora ve Bhatia, 2004; Elfawal, 2006; Gutierrez-Gil vd., 2006).

1.5.1. Mitokondriyal DNA

Mitokondriyal DNA (mtDNA), hayvan filogenetik çalışmalarının önemli bir aracıdır. Mitokondriyal DNA (mtDNA) anneden kalıtılmaktadır ve mitokondriyal DNA, özellikle kontrol bölgesi (mt-DNA Dloop), tür içi düzeyde yüksek miktarda varyasyon göstermektedir. Bu nedenle, tür içinde yüksek sayıda haplogrup ve haplotipler içermektedir. mtDNA, popülasyonlardaki değişimi ve demografik genişlemenin tanınmasında da önemli rol oynamaktadır (Bruford vd., 2003). mtDNA Dloop, birçok hayvanın evrimsel tarihini, filogenisini çözmeye en yaygın olarak kullanılan moleküler belirteçlerdendir (Bruford vd., 2003). mtDNA haploit sayı da olduğu için etkin popülasyon büyüklüğü düşüktür ve bu nedenle kolayca genetik sürüklenmeye maruz kalabilmektedir. Özellikle göçler sırasında bazı haplotipler/haplogruplar kaybolmakta veya ortaya çıkmaktadır. Dolayısıyla coğrafya genetik bir yapı üzerinde bir etki oluşturmaktadır. mtDNA'nın bu özelliğinden yararlanılarak genetik çeşitliliğin coğrafik modelleri kolaylıkla görselleştirilebilir ve coğrafik örüntü filogenetik bağlamında değerlendirilebilir (Pireira vd., 2006, Meadows vd., 2007).

Koyunlarda mtDNA'ya dayalı olarak yapılan çalışmalarda beş haplogrup gözlenmiştir. İlk olarak Wood ve Phua (1996) tarafından Yeni Zelanda koyunlarında Haplogrup A ve B bildirilmiştir. Daha sonra Hiendleder vd. (1998) Rusya, Kazakistan ve Almanya koyun ırklarında bu iki haplogrubun varlığını doğrulamıştır. Haplogrup C ise Türkiye, Çin ve Portekiz'deki koyunlarda tespit edilmiştir (Pedrosa vd., 2005, Guo vd., 2005, Chen vd., 2006, Pereira vd., 2006). Bu üç haplogrup, yaygın olarak mevcut oldukları ve yüksek frekansta bulunduğu için, ana haplogruplar olarak kabul edilmektedir. Haplogrup D, Kuzey Kafkasya Karaçay koyunlarında (Tapio vd., 2006) ve Türkiye'de Morkaraman koyun ırkında (Meadows vd., 2007) bulunmuştur. Haplogrup E ise İsrail'de İvesi ve Türkiye'de Tuj ırklarında (Meadows vd., 2007) bildirilmiştir.

Günümüzün evcil koyun ırkları, mtDNA haplogruplarının karışımını taşımaktadır, ancak Avrupa'da Haplogrup B, Asya'da ise Haplogrup A'nın baskınlığı (Tapio vd., 2006; Bruford ve Townsend, 2006) dikkat çekmektedir. Genellikle, yağlı

kuyruklu olan Asya koyun ırklarında Haplogrup A ve C, ince kuyruklu olan Avrupa koyun ırklarında ise Haplogrup B görülmektedir. Güneybatı Asya'da (Bruford ve Townsend, 2006) ve Türkiye'de (Pedrosa vd, 2005) Haplogrup D ve E ile birlikte nispeten yüksek Haplogrup C sıklığı gözlenmektedir (Meadows vd, 2007). Avrasya üzerindeki koyun haplogrup frekanslarının dağılımı, evcilleştirme ve genişleme olayları, müteakip göçler, seleksiyon, melezleme ve introgresyonlar tarafından şekillenmektedir.

Yapılan analizler mitokondriyal DNA'nın alışılmadık şekilde daha hızlı evrildiğini göstermektedir. Mitokondriyal genomun evrim hızı, nükleer genomun tek kopyalı fraksiyonunundan yaklaşık 10 kat daha fazla olduğu bildirilmektedir. Bu yüksek hız, kısmen mitokondriyal DNA'daki yüksek mutasyon oranına bağlı olmaktadır. Yüksek evrim hızı nedeniyle mitokondriyal DNA, evrim sürecinin yüksek çözünürlüklü analizi için kullanılacak son derece yararlı bir molekül olduğu sonucuna varılmıştır (Brown vd., 1979).

Bu çalışma, Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırklarının hem popülasyon içerisindeki hem de popülasyonlar arasındaki genetik ilişkilerini incelemek amacıyla yapılmıştır. Koyun ırkları arasındaki genetik ilişkilerin belirlenmesi koyunların evciltmesi ve göçleri hakkında da bilgi verecektir.

2. MATERYAL VE METOT

2.1. Hayvan Materyali

Bu araştırma, Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Medikal Biyoloji ve Genetik Laboratuvarında yapılmıştır. Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırklarından toplam 385 baş koyun örneklenmiştir. Ükelere ve ırklara göre kullanılan koyun sayıları Tablo 2.1’de verilmiştir.

Tablo 2.1: Ükelere ve ırklara göre koyun sayıları

Ülke	Irklar	Koyun Sayısı
Türkiye	Akkaraman	25
	Morkaraman	30
	Karayaka	30
	Kıvırcık	30
	Pırlak	30
	Sakız	30
Pakistan	Thalli	30
	Sipli	30
	Lohi	30
	Kajli	30
	Buchi	30
	Salt Range	30
	Pak Karakul	30
TOPLAM		385

2.2. Araştırmada Kullanılan Cihazlar

2.2.1. PCR Cihazı

Koyun mitokondriyal kontrol bölgesinin (Ovis mt-Dloop) çoğaltılması ve akabinde yapılacak DNA dizileme analizi öncesi Applied Biosystems Veriti 96-Well Thermal Cycler cihazı kullanılmıştır (Resim 2.1)



Resim 2.1: PCR Cihazı

2.2.2. Yatay Jel Elektroforez Sistemi

Koyun kanından ve kılından elde edilen DNA örneklerinin ve elde edilen PCR ürünlerinin görünür hale getirilmesi için güç kaynağı (Thermo 4000P) ve midi elektroforez jel sistemi (Thermo EC320) kullanılmıştır (Resim 2.2).



Resim 2.2:Jel elektroforez Sistemi

2.2.3. Jel Dokümantasyon Sistemi

İzole edilen DNA'ların ve elde edilen PCR ürünlerinin elektroforez sisteminde yürütülmesinin ardından görüntülenmesi amacıyla Vilber Lourmat BIO-VISION jel dokümantasyon sistemi (Resim 2.3) kullanılmıştır.



Resim 2.3: Jel Dokümantasyon sistemi

2.2.4. DNA Dizileme Cihazı

PCR işlemini takiben çoğaltılan DNA'lara ait baz dizimlerini belirlemek amacıyla Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer cihazı (Resim 2.4) kullanılmıştır.



Resim 2.4: DNA sekans Cihazı

2.3. Metot

2.3.1. Kandan DNA İzolasyonu

Türk koyun ırklarına ait kan örneklerinden DNA izolasyonu Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Medikal Biyoloji ve Genetik Laboratuvarında yapıldı. Pakistan koyun ırklarından alınan kan örneklerinden DNA izolasyonu Pakistan, Pencap Hükümeti, Lahor, Hayvancılık ve Süt Ürünleri Geliştirme Departmanı (L&DD) moleküler biyoloji laboratuvarında gerçekleştirildi. DNA örnekleri PCR analizine kadar Afyon Kocatepe Üniversitesi Veteriner Fakültesi Medikal Biyoloji ve Genetik Laboratuvarı'nda -20 °C'de saklandı.

Kandan spin kolon tekniği ile ticari kit kullanılarak DNA izole edildi. Öncelikle mikrosantrifüj tüplerine 10 µL Proteinaz K (20 mg / mL) koyuldu. Daha sonra tüplerde sırasıyla 200 µL kan ve 200 µL lizis solüsyonu eklendi. Mikrosantrifüj tüpleri 15 saniye karıştırıldıktan sonra 65°C'de 15 dakika bekletildi. Daha sonra kapaklardaki damlacıkları uzaklaştırmak için kısa bir santrifüj işlemi uygulandı. Karışımın üzerine 210 µL bağlama solüsyonu (binding buffer) eklendi ve mikrosantrifüj tüpleri 15 saniye vorteks cihazında karıştırıldı. Daha sonra santrifüj tüplerindeki karışım spin kolon tüplerine aktarıldıktan sonra 6000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Spin kolonun altındaki tüpte kalan solüsyon döküldü ve spin kolonun üzerine 650 µL yıkama solüsyonu-1 (wash buffer) eklendi. Spin kolon tekrar 6000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Spin kolonun altındaki tüpteki solüsyon döküldü. Üzerine 500 µL yıkama solüsyonu-2 koyuldu ve 6000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi. Spin kolonun altındaki tüpteki solüsyon döküldü. Spin kolonun üzerine tekrar 250 µL yıkama solüsyonu-2 koyuldu ve 14000 rpm'de 3 dakika santrifüj edildi. Daha sonra spin kolon yeni 1,5 mL'lik mikrosantrifüj tüpüne aktarıldı, üzerine 200µL TE solüsyonu (pH 8,2) eklendi ve oda sıcaklığında 5 dakika bekletildi. Son olarak tüpleri 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi ve DNA içeren sıvı PCR işlemine kadar -20°C'de saklandı.

2.3.2. Primer Tasarımı

Araştırmada kullanılan koyun mitokondriyal kontrol bölgesine (Ovar mt-Dloop) ait primerler NCBI'dan elde edilen referans diziden (KR868678.1) faydalanarak ve Fast PCR Professional 6.1.2 beta paket programı (Kalender vd., 2009) yardımıyla tasarlandı. Primerler arasındaki hairpin ve dimer oluşumları aynı programda kontrol edildi. Araştırmada, ileri primer (Forward) 5'-GCCCCACTATCAACACCCAAAGC-3' ve geri primer (Revers) 5'-TGTATRTGACCCAGGTGCCTA-3' kullanıldı.

2.3.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

Primerlerin bağlanacağı optimum sıcaklığı (T_m , melting tempature) belirlemek için Gradyent PCR yapıldı. Bu amaçla hazırlanan PCR reaksiyon karışımı 5x HF solüsyonu, 0,3 mM dNTPs, 0,3 pmol ileri primer, 0,3 pmol ters primer, 1 U Phusion™ High-Fidelity DNA Polimeraz (Thermo, F530S) ve 20 ng/ μ L DNA olacak şekilde hazırlandı. PCR tüpleri amplifikasyon için PCR cihazına yerleştirildi ve PCR koşulları, 1 döngü 2 dk 98°C denatürasyondan sonra 38 döngü 98°C de 15 sn, 61°C de 30 sn, 72°C de 1 dk ve son uzatma için 72°C de 5 dk olacak şekilde ayarlandı.

2.3.4. Agaroz Jel Elektrofrez

Agaroz jeli hazırlamak için 1 gr agaroz 100 ml TAE solüsyonu (Tris-Asetat EDTA) içinde iyice karıştırıldı ve ardından mikrodalga fırında eritildi. Jel uygun sıcaklığa geldiğinde içerisine 1 μ L RedSafe (INtRON, 21141) boya solüsyonu eklendi. Boya ve jel karışımı yavaş yavaş jel tepsisine döküldü, oda sıcaklığında 30 dk ve 4°C'de 30 dk bekletildi. Daha sonra elektroforez tankı TAE solüsyonu ile dolduruldu ve her bir kuyucuğa 8 μ L PCR ürünü ve 3 μ L yükleme boyası karışımı koyuldu. Daha sonra jel elektroforez cihazında 90 V'da (7 V/cm) 30 dakika süreyle yürütüldü ve jel dokümantasyon sistemi ile kontrol edildi.

2.3.5. DNA Sekans Analizi

DNA dizileme analizi öncesi yükseltgenen PCR ürünlerini temizlemek için 0,5 µL Ekzonükleaz-I (ThermoFisher, EN0581), 1 µL FastAP Termosensitif Alkalın Fosfataz (ThermoFisher, EF0652) ve 4 µL PCR ürünü karıştırıldı ve PCR cihazında 37°C'de 30 dakika ve 85°C'de 15 dakika inkübe edildi. Temizlenen 1 µL PCR ürünü, 2 µL Big Dye solüsyonu, 12 µL 1×SB buffer ve 5µL primerden (1 pmol) (forward veya revers) oluşan karışım PCR tüplerine konulup PCR cihazına yerleştirildi. Cihaz 1 döngü 96°C'de 2 dk, 30 döngü 96°C'de 10 sn, 54°C'de 20 sn ve 60°C'de 4 dk olacak şekilde programlandı.

DNA dizileme PCR'ı sonrası ürünler Etanol/EDTA/Sodyum asetat protokolüne göre temizlendi. Bu amaçla, her bir 20 µL PCR ürünü için 2 µL EDTA (125mM, pH 8,0), 2 µL Sodyum Asetat (3M, pH 5,6) ve 50 µL saf etanol (% 98'lik) PCR pleytine eklendi. Daha sonra pleyt alüminyum bant (sealing) ile kapatıldı ve üç – dört kez alt-üst yaparak karıştırıldı. Pleyt oda sıcaklığında ve karanlık bir ortamda 15 dk bekletildi. Daha sonra pleyt 4°C'de 30 dakika 4000 rpm'de santrifüj edildi. Pleytin üzerindeki alüminyum bant kaldırıldı ve bir kâğıt havlunun üzerine ters çevrilerek santrifüj cihazına yerleştirildi. Pleyt 4°C'de 500 rpm'de 1 dk santrifüj edildi. Daha sonra pleyteki her örneğin üzerinde taze hazırlanmış % 70'lik etanolden 70 µL eklendi ve üzeri alüminyum bant ile kaplandı. Pleyt, 4000 rpm'de 4°C'de 15 dk santrifüj edildi ve üzerindeki alüminyum bant çıkarılarak kâğıt havlu üzerine yerleştirildi. Pleyt, 1 dk 4°C'de 500 rpm'de santrifüj yapılarak etanol uzaklaştırıldı. Kalan etanolü uzaklaştırmak için 30 – 60 dk karanlık bir yerde ve oda sıcaklığında bekletildi. DNA dizileme analizi için her bir örneğin üzerine 15 µL'lik Hi-Di formamide eklendi ve üzeri alüminyum bant ile kapatıldı. Pleyt kuvvetli şekilde 10 – 15 sn vortekslendi. Daha sonra pleyt santrifüj cihazına yerleştirildi ve 1000 rpm'de 2sn santrifüj edildi. Daha sonra pleyt üzerindeki alüminyum bant uzaklaştırıldı ve DNA dizileme cihazına yerleştirildi. DNA dizileme cihazı standart dizileme protokolüne göre programlandı.

2.4. İstatistik Analizler

Örneklere ait DNA dizileme analizi çıktıları Sequencher 5.4.6 (Gene Code Corporation, Ann Arbor, Michigan, USA) analiz programı ile referans diziye göre düzenlendi. BioEdit 7.0.9 Sequence Alignment (Hall, 1999) programı yardımıyla hizalanarak polimorfizmler, Network 10.2 programı yardımıyla da haplotipler ve haplogruplar belirlendi.

Koyun ırkları arasındaki evrimsel ilişki UPGMA metodu ve Bootstrap test (1000 tekrarlı) kullanılarak gösterildi. Analizler MEGA11 istatistik programının (Tamura vd., 2021) Maximum Composite Likelihood metodu kullanılarak yapıldı. Eksik veri ve boşluk içeren tüm pozisyonlar veri setinden çıkartıldı ve tüm diziler aynı büyüklüğe getirildi.

Tajima test istatistiği MEGA11 paket programı kullanılarak tahmin edildi. Popülasyonların mutasyona ve doğal seleksiyona uğrayıp uğramadığını belirlemek amacıyla Tajima'nın Nötralite Testinden (Tajima, 1989) yararlanıldı. Tajima'nın Nötralite Test' inde her bir örnek için nükleotid farklılıklar (π) ile toplam polimorfik bölge sayıları (S) karşılaştırıldı. Bu amaçla aşağıdaki formüllerden yararlanıldı.

$$\Theta = p_s/a_1$$

$p_s = S/m$, farklılık gösteren baz oranı

$$a_1 = \sum_{i=1}^{n-1} 1/i$$

n = Toplam örnek sayısı

m = Toplam baz uzunluğu

S = Toplam polimorfik bölge sayısı

Θ = Popülasyondaki mutasyon oranını

π = nükleotid farklılıkları

$$\pi = \frac{\text{toplam farklılık} / \text{karşılaştırılan örnek çifti}}{\text{dizinin uzunluğu}}$$

3. BULGULAR

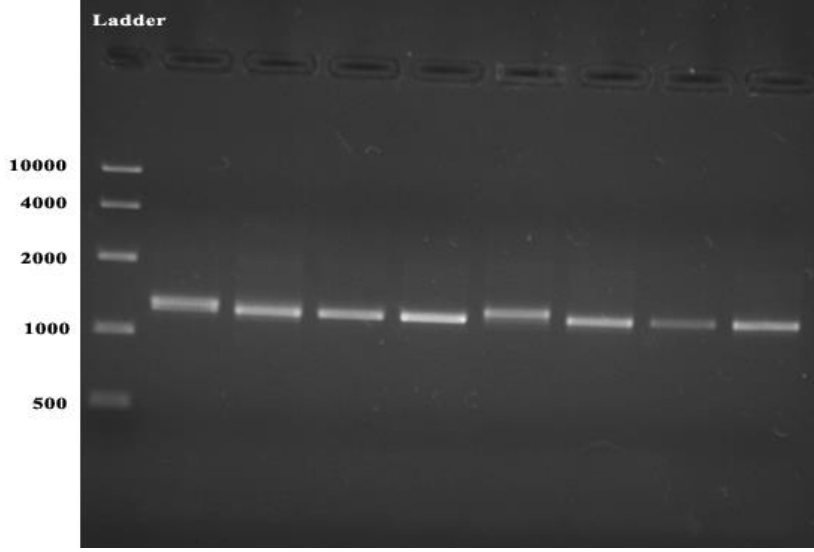
Türkiye ve Pakistan koyun ırklarından alınan toplam 385 baş koyun kanından DNA izolasyonu yapılmıştır. PCR analizi sonra bazı örneklerin amplifiye edilemediği ve DNA dizileme analizi sonrası ise bazı örneklerin okunamadığı görülmüştür. Bu örnekler analizden çıkarılmış ve analiz edilen koyun sayıları Tablo 3.1’de verilmiştir.

Tablo 3.1: Analiz edilen koyun sayıları

Ülke	İrklar	Koyun Sayısı
Türkiye	Akkaraman	21
	Morkaraman	25
	Karayaka	20
	Kıvrırcık	27
	Pırlak	30
	Sakız	27
Pakistan	Thalli	28
	Sipli	24
	Lohi	20
	Kajli	23
	Buchi	18
	Salt Range	26
	Pak Karakul	30
TOPLAM		319

3.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

Primerlerin Tm derecelerini belirlemek amacıyla yapılan Gradyent PCR optimal sıcaklık 61°C olarak belirlendi ve tüm örneklerin PCR’ı bu sıcaklık derecesinde gerçekleştirildi. PCR analizi sonrası yaklaşık 1250 bp uzunluğunda bölge yükseltildi (Resim 3.1).



Resim 3.1: Ovar mtDNA Dloop bölgesine ait PCR ürünü jel görüntüsü

3.2. DNA Dizi Analizi

PCR ürünlerinin DNA dizileme analizi sonucunda 1200 bp'lik bir bölgenin okuması gerçekleştirilmiştir. Ancak, tüm örneklerin aynı temizlikte okunamaması nedeniyle tüm örnekler 1073 bp olacak şekilde BioEdit programında referans DNA dizisine göre hizalanmıştır (Şekil 3.1). Bazı örneklerde görülen delesyon veya insersiyon nedeniyle 998 – 1077 bp uzunluğunda DNA dizileri elde edilmiştir.



Resim 3.2: İncelenen koyun ırklarında elde edilen mt-DNA Dloop bölgesinin bir bölümüne ait kromatogram görüntüsü



Resim 3.2: mt-DNA Dloop bölgesinde tespit edilen polimorfizlerin bir bölümünün gösterimi.

3.3. Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları İçindeki Genetik Farklılaşma

Türkiye ve Pakistan koyun ırkları içindeki genetik farklılaşma değerleri, toplam 1077 bp üzerinden, Maximum Composite Likelihood modeli (Tamura vd., 2004) yardımıyla MEGA 11 paket programı (Tamura vd., 2021) kullanarak analiz edilmiştir. Ülkeler ve ırklara göre ırk içindeki genetik farklılaşma değerleri Tablo 3.2’de verilmiştir. Türkiye koyun ırkları içerisinde en az genetik farklılaşma Sakız ırkında (% 1) iken, en fazla genetik farklılaşmanın ise Morkaraman ırkında (% 3,1) olduğu görülmüştür. Pakistan koyun ırkları içerisinde en az genetik farklılaşmanın Sipli ırkında (% 0,9), en fazla genetik farklılaşmanın ise Salt Range ırkında (% 2) olduğu görülmektedir.

Tablo 3.2: Ülkelere ve ırklara göre popülasyon içi genetik farklılaşma

Ülke	Irklar	Genetik Farklılık
Türkiye	Akkaraman	0,026
	Karayaka	0,024
	Kıvırcık	0,020
	Morkaraman	0,031
	Pırlak	0,023
	Sakız	0,010
	Pakistan	Thalli
	Sipli	0,009
	Lohi	0,016
	Kajli	0,017
	Buchi	0,019
	Salt Range	0,020
	Pak Karakul	0,016

Türkiye ve Pakistan koyun ırklarına ait Tajima Nötralite test sonuçları Tablo 3.3’de verilmiştir. Tablo 3.1 incelendiğinde Türkiye’den toplam 150 baş koyun, Pakistan’dan ise 169 baş koyun analiz edilmiş ve Türkiye yerli koyun ırklarında 230, Pakistan yerli koyun ırklarında ise 203 polimorfik bölge olduğu görülmektedir. İncelenen DNA dizisi içerisindeki polimorfik bölge oranı ($p_s = S/n$) Türkiye ve

Pakistan koyun ırklarında sırasıyla 0,1833 ve 0,1618 hesaplanmıştır. Ülkeler düzeyinde nükleotid farklılığı Türkiye koyun ırklarında daha yüksek (0,0191) bulunmuştur. Tajima test istatistiği değeri (D) Türkiye koyun ırklarında -1,3555, Pakistan koyun ırklarında ise -1,6359 hesaplanmıştır.

Tablo 3.3: Türkiye ve Pakistan koyun ırkları Tajima Neutrality Test sonuçları

	m	S	p_s	Θ	π	D
Türkiye	150	230	0.1833	0.0328	0.0191	-1.3555
Pakistan	169	203	0.1618	0.0284	0.0139	-1.6359

m = hayvan sayısı, n = toplam bölge sayısı, S = Ayrılan site sayısı, $p_s = S/n$, $\Theta = p_s/a1$, π = nükleotid çeşitliliği, D = Tajima test istatistiğidir

3.4. Türkiye ve Pakistan Koyunlarında Genetik İlişki

Araştırmada incelenen koyun ırkları arasındaki genetik uzaklık değerleri Tablo 3.4'de verilmiştir. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarının hangi haplogrup içerisinde yer aldığını belirlemek için NCBI veri bankasındaki referans diziler kullanılmıştır. Bu amaçla, Haplogrup A (HM236174, HM236175), Haplogrup B (HM236176, HM236177), Haplogrup C (HM236178, HM236179), Haplogrup D (HM236180, HM236181) ve Haplogrup E (HM236182, HM236183), *Mouflon ovis musimon* (HM236184, HM236185), *Argali ovis ammon* (HM236188), *Urial ovis vignei* (HM236186, HM236187, HM236189), *Ovis vignei bochariensis* (AY091490, AY091491), *Ovis amon darwini* (AF242348), *Ovis aries aries* (AF242347) *Ovis aries musimon* (AF039579, AY091487, AY091488) referans olarak alınmıştır.

Tablo 3.4 incelendiğinde Pakistan koyun ırklarının yaklaşık % 99 oranında Haplogrup A içerisinde yer aldığı gözlenmektedir. Türkiye koyun ırkları ise yaklaşık % 99 oranında Haplogrup B içerisinde yer almaktadır. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarının farklı haplogruplar içerisinde yer almaları her iki ülke koyunlarının farklı bölgelerde evcilleştirilen yaban koyunlarından köken aldığını göstermektedir. Pakistan koyun ırkları arasında en fazla genetik benzerlik Sipli – Lohi koyun ırkları arasında (% 98,4), en az genetik benzerlik ise Salt Range – Thalli ve Salt Range Kajli ırkları arasına (% 98) bulunmuştur. Türkiye koyun ırklarında en fazla genetik

benzerlik Sakız – Kıvırcık ırkları arasında (% 98,4), en az genetik benzerlik ise Morkaraman – Pırlak ırkları arasında (% 97) hesaplanmıştır. Türkiye ve Pakistan koyun ırkları farklı haplogruplar içerisinde yer almakla birlikte Tablo 3.4'deki genetik ilişki matrisi incelendiğinde Pakistan koyun ırklarından Salt Range ve Pak Karakul ırklarının Türkiye koyun ırklarıyla daha fazla genetik benzerliğe sahip olduğu görülmektedir.

Tablo 3.4: Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik uzaklık

IRKLAR	HG_A	HG_B	HG_C	HG_D	HG_E	Thalli	Sipli	Lohi	Kajli	Buchi	Salt Range	Karakul	Akkaraman	Karayaka	Kıvırcık	Morkaraman	Pırlak	Sakız	
Thalli	0,013	0,036	0,048	0,043	0,044														
Sipli	0,008	0,038	0,047	0,041	0,042	0,015													
Lohi	0,010	0,036	0,047	0,041	0,042	0,018	0,013												
Kajli	0,011	0,040	0,044	0,042	0,040	0,019	0,014	0,016											
Buchi	0,012	0,034	0,044	0,040	0,039	0,019	0,015	0,017	0,018										
Salt Range	0,014	0,031	0,045	0,040	0,041	0,020	0,016	0,018	0,020	0,019									
Karakul	0,011	0,033	0,045	0,041	0,040	0,018	0,014	0,016	0,017	0,017	0,018								
Akkaraman	0,033	0,016	0,038	0,040	0,037	0,035	0,034	0,034	0,036	0,033	0,031	0,032							
Karayaka	0,037	0,015	0,033	0,039	0,033	0,038	0,038	0,037	0,039	0,035	0,034	0,035	0,025						
Kıvırcık	0,035	0,012	0,037	0,039	0,038	0,035	0,035	0,035	0,038	0,034	0,031	0,033	0,023	0,022					
Morkaraman	0,032	0,025	0,033	0,040	0,033	0,035	0,033	0,034	0,035	0,033	0,032	0,032	0,029	0,029	0,028				
Pırlak	0,036	0,013	0,042	0,041	0,040	0,036	0,036	0,036	0,039	0,035	0,032	0,033	0,025	0,024	0,021	0,030			
Sakız	0,039	0,005	0,038	0,041	0,037	0,039	0,040	0,038	0,042	0,037	0,034	0,035	0,020	0,019	0,016	0,027	0,017		

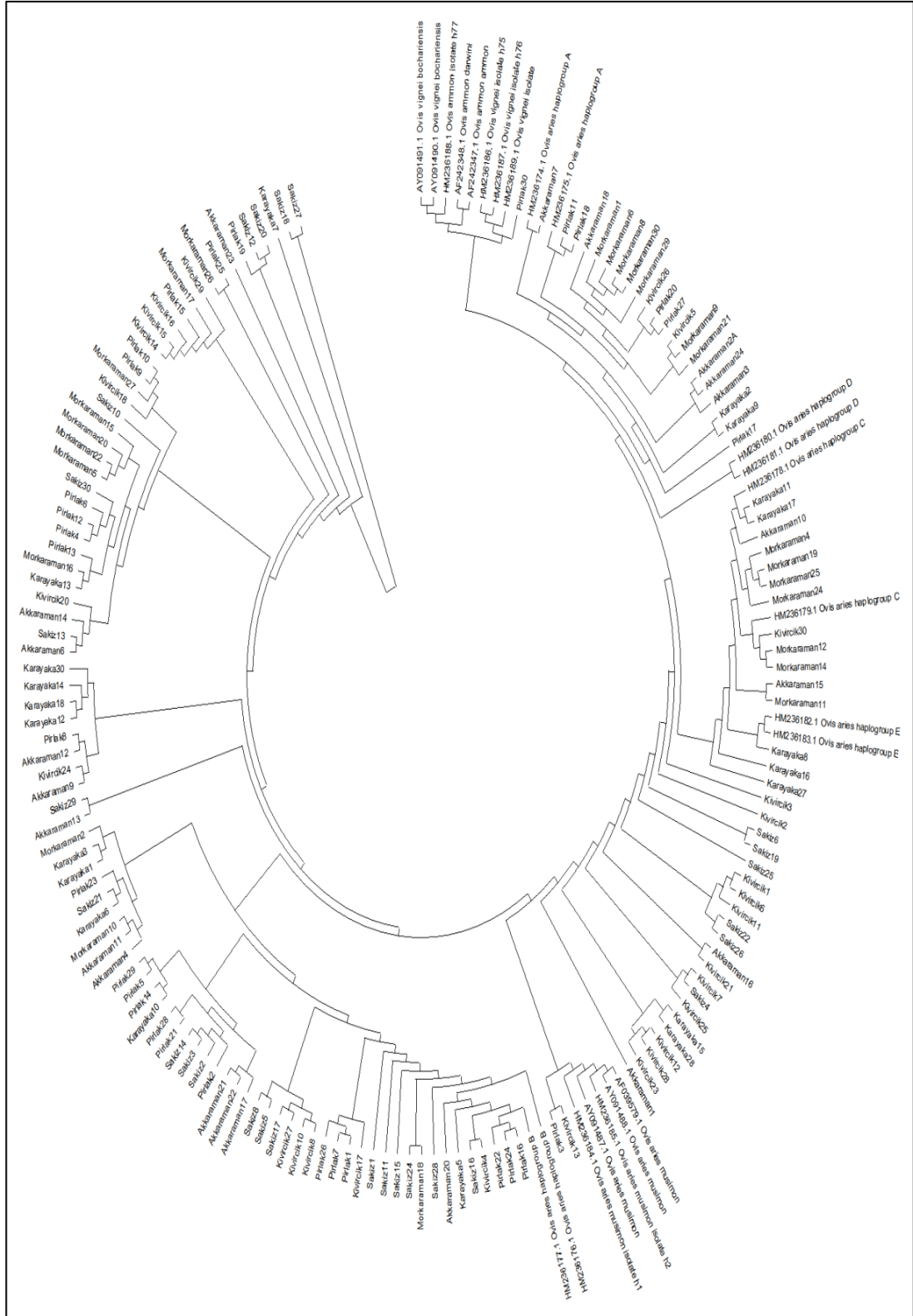
3.5. Türkiye ve Pakistan Koyunlarındaki Filogenetik İlişki

Araştırmada, koyun mtDNA-Dloop analizine göre Türkiye ve Pakistan koyun ırklarındaki filogenetik ilişki de incelenmiştir. Türkiye koyun ırkları arasında yapılan filogenetik analiz Maksimum Parsimony metodu kullanılarak yapılmış ve sonuçlar Şekil 3.1' de verilmiştir.

Türkiye koyun ırklarının maksimum parsimony analizinde en küçük ağaç uzunluğu 855 bulunmuştur. Analiz edilen bölgeler için tutarlılık (consistency) indeksi 0,3415, tutma (retention) indeksi 0,7956 ve bileşiklik (composite) indeksi 0,2717 olarak hesaplanmıştır. Şekil 3.1 incelendiğinde Türkiye koyun ırklarının çoğunluğunun Haplogrup B içerisinde yer aldığı görülmektedir. Ancak, Akkaraman ve Morkaraman ırklarına ait koyunların bir bölümü ise Haplogrup A içerisinde olduğu dikkat çekmektedir.

Haplogrup C içerisinde Karayaka ve Morkaraman ırklarından az sayıda koyun bulunmaktadır. Haplogrup E içerisinde de az sayıda Karayaka ırkından koyun yer almıştır. Yabani koyunların (*Ovis aries musimon*) oluşturduğu kümede ise bir Kıvırcık ve bir Pırlak olduğu dikkat çekmektedir.

Pakistan koyun ırkları arasındaki filogenetik analiz Maksimum Parsimony metodu kullanılarak yapılmış ve sonuçlar Şekil 3.2' de verilmiştir.

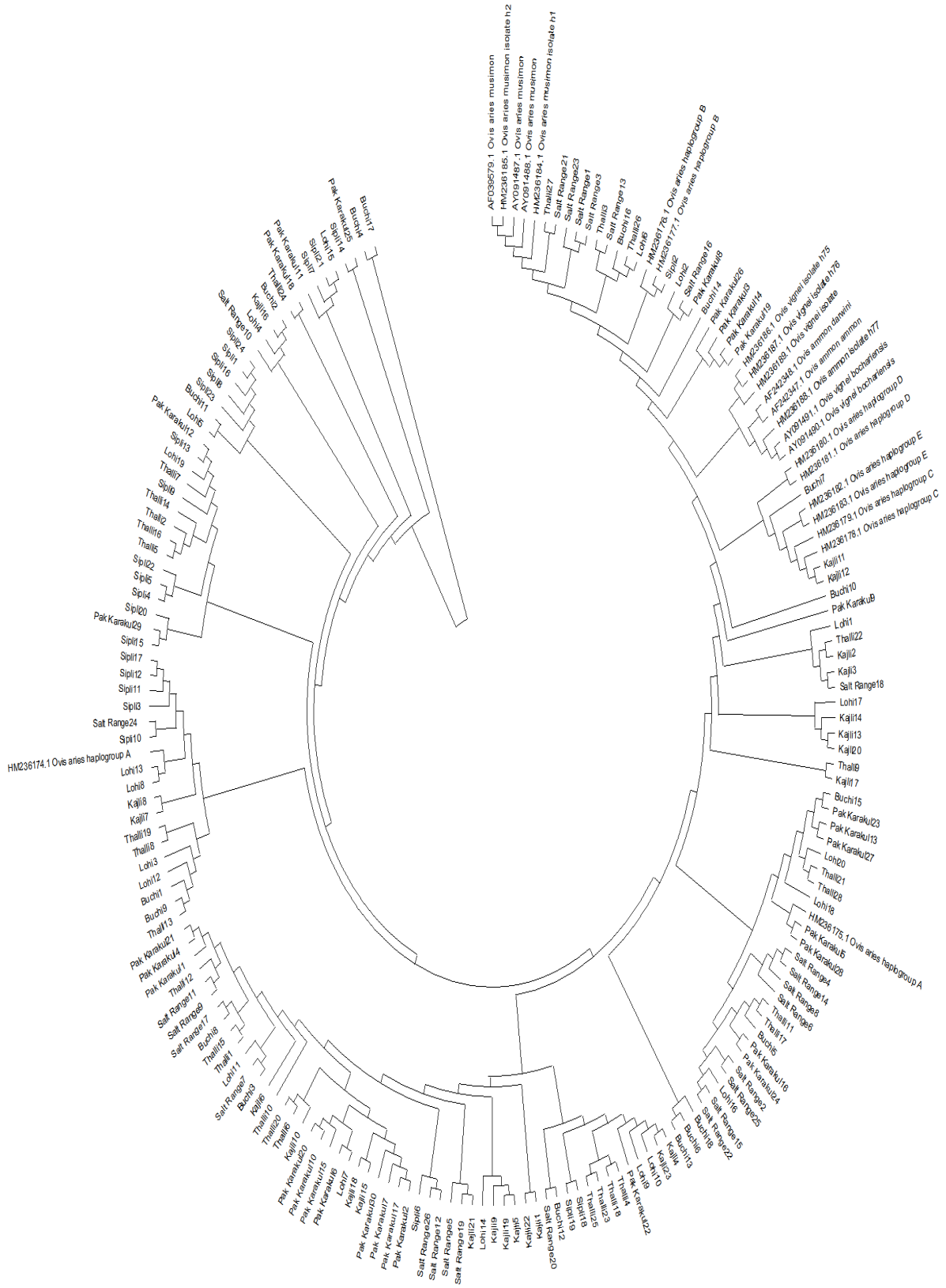


Şekil 3.1: Türkiye koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı

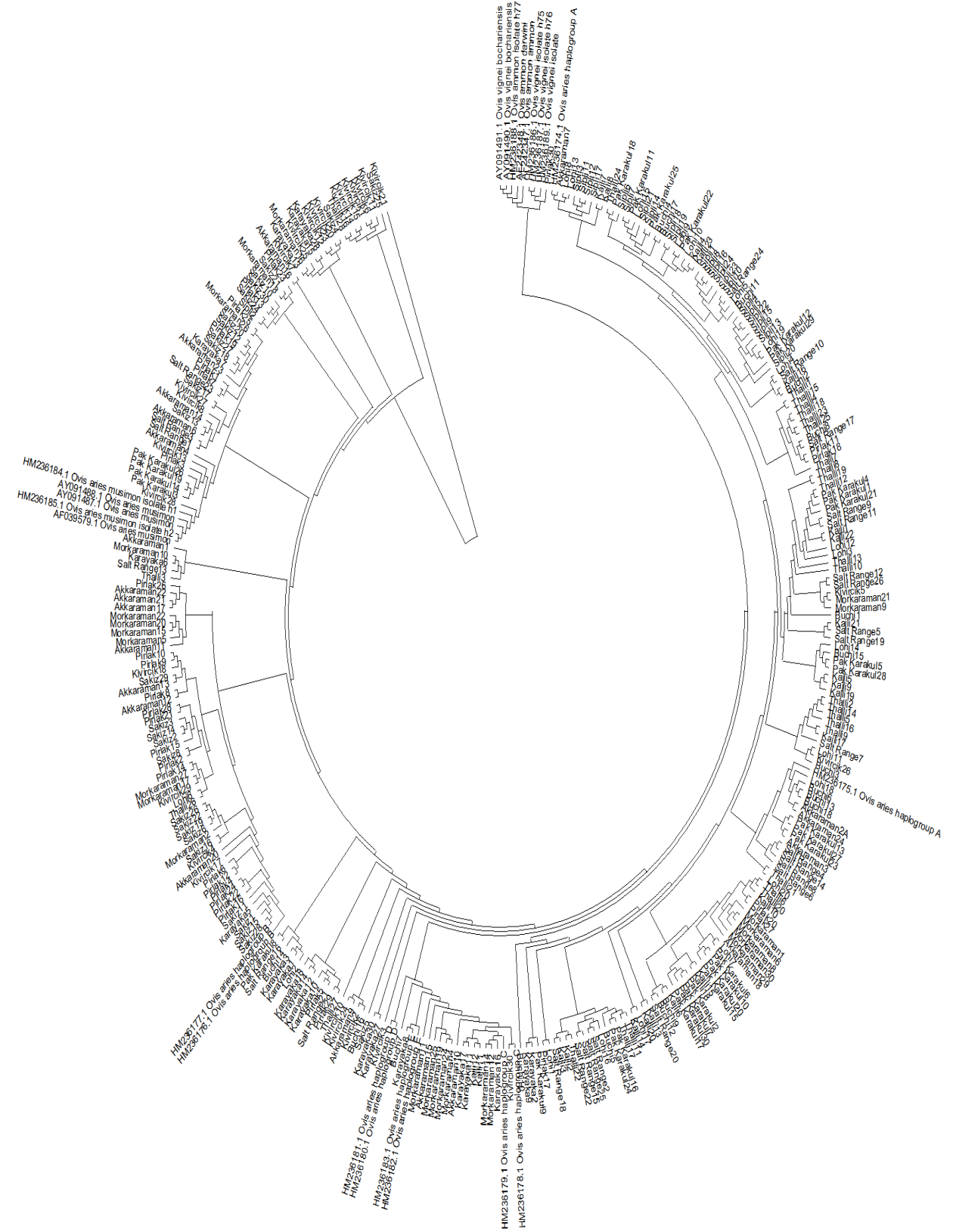
Pakistan koyun ırklarının maksimum parsimony analizinde en küçük ağaç uzunluğu 680 bulunmuştur. Analiz edilen bölgeler için tutarlılık indeksi 0,4118, tutma indeksi 0,8390 ve bileşiklik indeksi 0,3455 olarak hesaplanmıştır. Şekil 3.2’de Pakistan koyun ırklarındaki hayvanların çoğunluğunun Haplogrup A içerisinde yer aldığı görülmektedir. Ancak, Salt Range ve Pak Karakul ırkları ile diğer ırklardan az sayıda hayvan ise Haplogrup B içerisinde bulunmaktadır. Haplogrup C içerisinde Kajli ırkından iki baş hayvanın olduğu görülmektedir. Haplogrup D ve E içerisinde hayvan bulunmamakla birlikte Buchi ırkında bir hayvanın her iki haplogrup arasında olduğu dikkat çekmektedir.

Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki filogenetik ilişkiyi gösterir analiz sonuçları Şekil 3.3’ de verilmiştir. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarının maksimum parsimony analizinde, analiz edilen bölgeler için tutarlılık indeksi 0,2869, tutma indeksi 0,8830 ve bileşiklik indeksi 0,2533 olarak hesaplanmıştır. Şekil 3.3 incelendiğinde Türkiye koyun ırklarının çoğunluğunun Haplogrup B içerisinde, Pakistan koyun ırklarının çoğunluğunun ise Haplogrup A içerisinde yer aldığı görülmektedir. Ancak, hem Türkiye hem de Pakistan koyun ırklarındaki bazı hayvanların diğer haplogruplarda olduğu dikkat çekmektedir. Her ne kadar iki ülke komşu olmamasına ve ırkların çoğunluğu farklı haplogrupta yer almasına rağmen bazı koyunların benzer genetik yapı göstermeleri evrimsel süreçte koyunlar arasında bir gen akışının olduğunu düşündürmektedir.

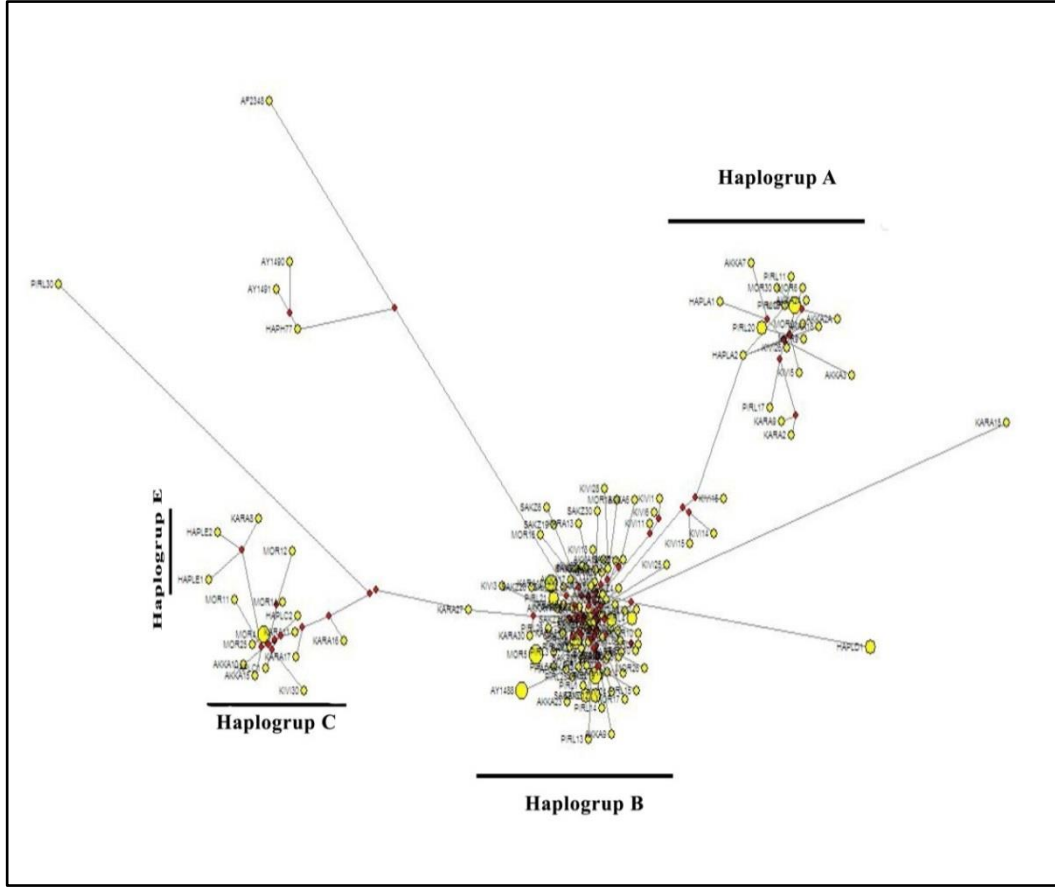
Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırklarının genetik ilişkisini gösterir filogenetik harita Network 10.2 paket programı ile çizilmiş ve Şekil 3.4 ile Şekil 3.5’de verilmiştir. Bu şekillerdeki sarı noktalar örnekleri, kırmızı noktalar ise medyanları göstermekte ve noktaların boyutları örnek sayısı ile, dal uzunlukları ise mutasyon oranıyla orantılıdır. Türkiye yerli koyun ırklarının genetik ilişkisini gösteren Network analizinde (Şekil 3.4) Türkiye yerli koyun ırklarının çoğunluğunun Haplogrup B içerisinde, bir bölümünün ise Haplogrup A ve Haplogrup C içinde yer aldığı görülmektedir. Sadece Pırlak ırkına ait bir örneğin (Pırlak 30) Haplogrup C ve E’den çok farklı genetik yapıda olduğu görülmektedir. Karayaka ırkına ait bir örnek ise Haplogrup E içerisinde bulunmuştur.



Şekil 3.2: Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı



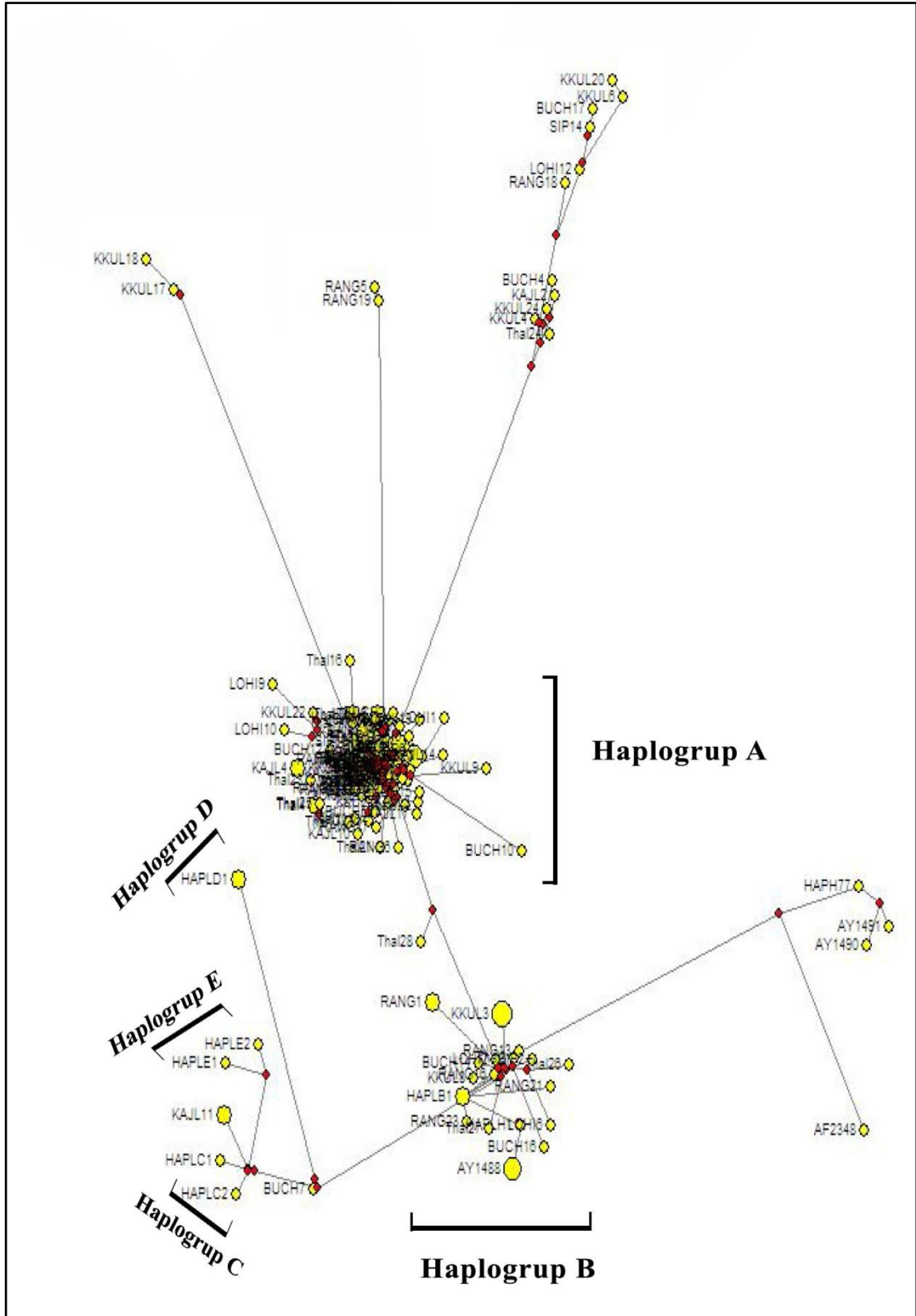
Şekil 3.3: Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişki ağacı



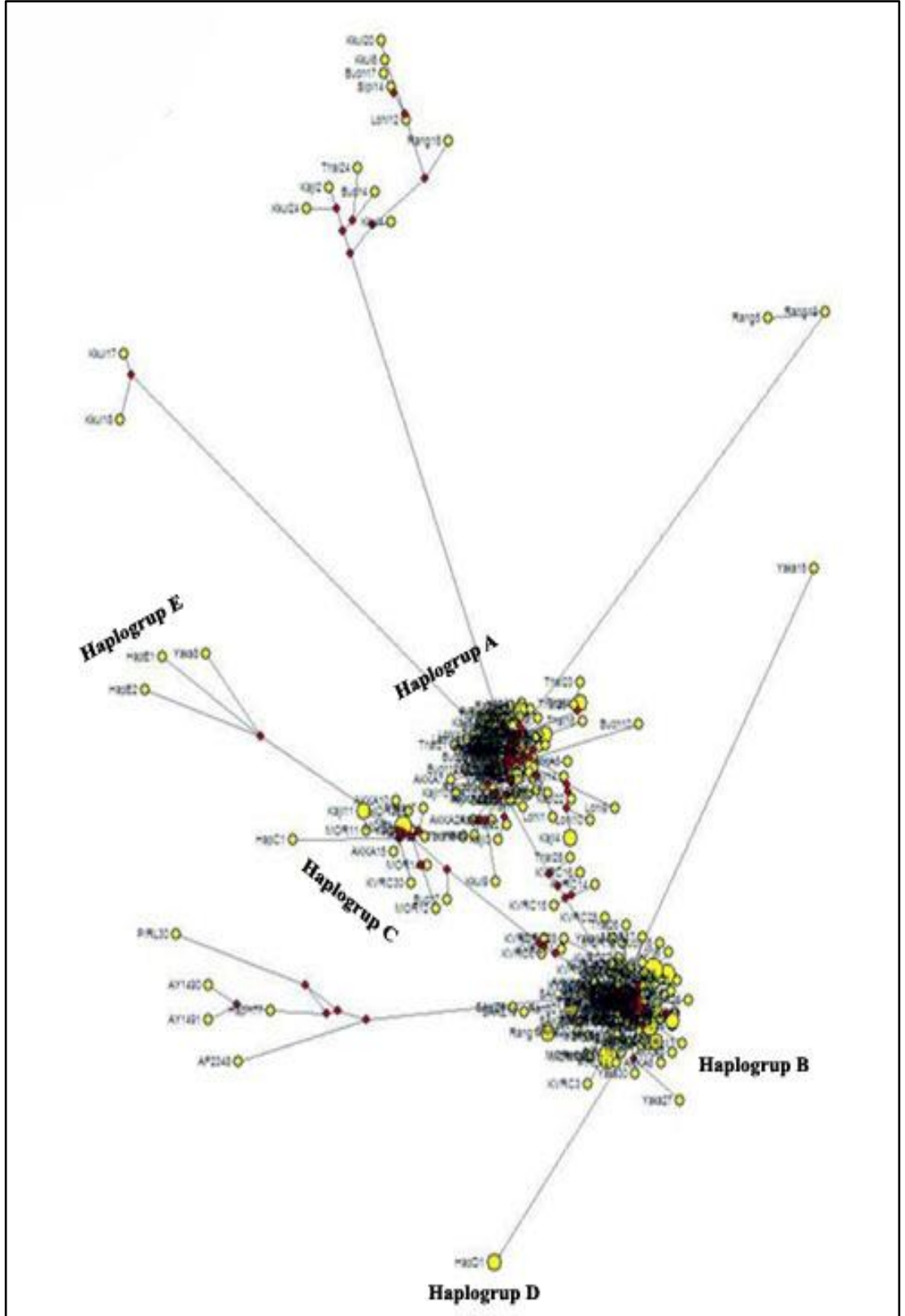
Şekil 3.4: Türkiye yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki.

Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişkisini gösteren Network analizi (Şekil 3.5) sonuçları da maksimum parsimoni haritasına (Şekil 3.2) benzemektedir. Network analizinde de Pakistan koyun ırklarının büyük çoğunluğu Haplogrup A içerisinde, az bir bölümünün de Haplogrup B içerisinde yer aldığı görülmüştür. Haplogrup C içerisinde iki koyun örneğinin (Kajli 11 ve Buchi 7) olduğu görülmektedir. Pakistan koyun ırklarına ait bazı örnekler Haplogrup A ile ilişkili olmakla birlikte Haplogrup A'dan SNP farklılıklarının olduğu ve farklı gruplar oluşturdukları dikkat çekmektedir.

Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişkiyi gösteren Network analizi (Şekil 3.6) sonuçlarının da maksimum parsimoni haritasına (Şekil 3.3) benzediği gözlenmiştir. Network analiz sonuçlarına göre Türkiye koyun ırklarının çoğunluğu Haplogrup B içerisinde, Pakistan koyun ırklarının çoğunluğu ise Haplogrup A içerisinde yer aldığı gözlenmiştir.



Şekil 3.5: Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki



Şekil 3.6: Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik ilişki

4. TARTIŞMA

4.1. Türkiye ve Pakistan Koyun Irkları İçindeki Genetik Farklılaşma

Yapılan analizlerde ırk içi genetik farklılaşma değeri en az Türkiye yerli koyun ırklarından Sakız ırkında (% 1) , Pakistan yerli koyun ırklarından ise Sipli ırkında (%0,9) gözlemiştir. Bu durum her ırkta da akrabalı çiftleştirmelerin yoğun olarak yapıldığını, popülasyonların genetik bir dar boğazda olduğunu veya örnekleminin az sayıda sürüden yapıldığını düşündürmektedir.

Türkiye ve Pakistan yerli koyun ırkları arasındaki genetik uzaklık değerleri incelendiğinde Türkiye yerli koyun ırklarından Sakız – Kıvırcık (% 98,4), Pakistan yerli koyun ırklarından da Sipli – Lohi (% 98,4) ırklarında genetik benzerliğin en fazla olduğu görülmektedir (Tablo 3.4). Bunun nedeni ırkların benzer coğrafi bölgelerde yetiştirilmelerinden ve zaman içerisinde gen alışverişi olmasından kaynaklanabilir. Coğrafi koşullar ırklar arasındaki gen alışverişini sınırlayan etkenler arasında yer almaktadır. Türkiye ve Pakistan koyun ırkları arasındaki genetik ilişki matrisi incelendiğinde her iki ülke yerli koyun ırklarının farklı haplogruplarda yer aldığı görülmektedir. Bu durum her iki ülke yerli koyun ırklarının farklı evciltme bölgelerinde evcilleştirildiğine işaret etmektedir. Ancak, her iki ülke yerli koyunlarında hem Haplogrup A hem de Haplogrup B görülmesi tarih boyunca her iki yöne de gen akışının olduğunu düşündürmektedir. Pakistan koyun ırklarından Salt Range ve Pak Karakul ırklarının Türkiye koyun ırklarından Akkaraman, Morkaraman ve Kıvırcık ırklarıyla daha fazla genetik benzerliğe sahip olduğu görülmektedir. Bu durum Türklerin Orta Asya'dan göçleri esnasında koyunlarını da beraberinde getirmelerinden ve ırklar arasında zaman içerisinde bir gen akışı olmasından kaynaklanmış olabilir. Ayrıca, Türkiye'de de Karagül adında bir koyun ırkı yetiştirilmektedir. Akçapınar (1994), bu ırkın anavatanı Orta Asya olduğunu ve Pakistan'da da yetiştirildiğini bildirmektedir.

Bu araştırmada, Türkiye ve Pakistan koyunlarındaki Tajima Nötralite test sonuçlarına göre Türkiye yerli koyun ırklarında 230, Pakistan yerli koyun ırklarında ise 203 polimorfik bölge olduğu görülmektedir. İncelenen bölge içerisindeki

polimorfik bölge oranı Türkiye ve Pakistan koyun ırklarında sırasıyla 0,1833 ve 0,1618 hesaplanmıştır. Ülkeler düzeyinde nükleotid farklılığı Türkiye koyun ırklarında daha yüksek (0,0191) bulunmuştur. Öner vd. (2013), Türkiye yerli koyun ırklarında yaptıkları çalışmada 53 polimorfik bölge ve nükleotid farklılığını da 0.014 bulmuşlardır. Nükleotid farklılığı değeri bu çalışmaya benzer olmakla birlikte, bulduğumuz nükleotid sayısının fazla olması incelenen bölgenin daha uzun olmasından kaynaklanmış olabilir.

Tajima test istatistiği değeri Türkiye koyun ırklarında -1,3555, Pakistan koyun ırklarında ise -1,6359 hesaplanmıştır. Türkiye yerli koyun ırkında polimorfik bölge, polimorfik bölge oranı ve Tajima D değerinin Pakistan yerli koyun ırklarından fazla olması Türkiye'nin coğrafi konumundan, evciltme bölgelerine yakınlığından, doğudan – batıya ve kuzeyden – güneye geçiş bölgesinde bir köprü durumunda ve göç yolları üzerinde bulunmasından kaynaklanmış olabilir. Popülasyonda fazla miktarda yeni mutasyonların görülmesi seçici süpürmenin (selective sweep) ya da popülasyonda genişlemenin (population expansion) olduğuna işaret etmektedir. Bu durumda Tajima D değeri negatif değer almaktadır. Yeni mutasyonların çok az olması, popülasyonda dengeli seçim (balancing selection) veya azalmanın (population decline) olabileceğini akla getirmektedir. Böyle durumlarda Tajima D değerinin pozitif değer aldığı bildirilmektedir. (Innan, 2000; McVean, 2002).

4.2. Türkiye Yerli Koyun Irkları Arasındaki Genetik İlişki

Pedrosa vd. (2005), Akkaraman, Hemşin, Karayaka, Morkaraman ve Tuj olmak üzere beş Türk yerli koyun ırkını temsil eden 79 koyunda evcilleştirme etkinliklerini araştırmışlar ve koyunların Haplogroup A ve B'ye sahip olduğunu ve az sayıda hayvanın da Haplogroup C içerisinde yer aldığını bildirmişlerdir. Bu araştırmada da benzer sonuçlar elde edilmiştir.

Türkiye yerli koyun ırklarından Sakız, Akkaraman, Gökçeada, Kıvırcık, Karayaka, Dağlıç, Morkaraman, Hemşin ve İvesi'den oluşan dokuz yerli koyun

ırkından 135 baş koyun örneğinin kullanıldığı bir araştırmada (Öner vd., 2013), ırkların Haplogrup A, B ve C içerisinde yer aldığı bulunmuştur. Neighbor-joining ağacına göre Akkaraman ırkından sadece bir hayvanın Haplogrup E içerisinde olduğu tespit edilmiştir. Uzun vd. (2006) Akkaraman, Hemşin, Karayaka, Morkaraman ve Tuj olmak üzere beş Türk koyun ırkının ve İspanyol Churra koyun ırkları arasındaki genetik ilişkiyi inceledikleri çalışmada Türk yerli koyun ırklarının Haplogrup A ve B içerisinde yer aldıklarını, az sayıdaki hayvanın da Haplogrup C içinde yer aldıklarını bildirmişlerdir. Morkaraman ile Akkaraman'ın birbirine yakın olduğunu bulmuşlardır. Benzer şekilde bu araştırmada kullanılan ırklar da Haplogrup A, B ve C içerisinde yer almıştır. Karayaka ırkından sadece bir koyun Haplogroup E içinde bulunmuştur.

Meadows vd. (2007), Türkiye'den 8, İsrail'den bir ırktan toplam 197 baş koyun kullandıkları çalışmada mitokondriyal DNA analizi sonucunda Türkiye yerli koyun ırklarından Norduz ırkı dışındaki ırklarda Haplogrup B'nin yoğunlukta olduğunu bildirmişlerdir. Haplogrup D ve E' nin, diğer haplogruplardan belirgin şekilde ayrıldığını ortaya koymuşlardır. Meadows vd. (2007), sadece bir baş Tuj ve İvesi koyununu Haplogroup E içinde tanımlanmıştır. Bu araştırmaya benzer şekilde bizim çalışmamızda da Türkiye yerli koyunları çoğunlukla Haplogrup B içinde yer almışlar ve Haplogrup A ve C içinde de az sayıda hayvanın olduğu görülmüştür. Haplogrup E içinde bir baş Karayaka bulunurken, Haplogrup D genotipine rastlanmamıştır.

Demirci vd. (2010), 13 Türkiye yerli koyun ırklarında yaptığı çalışmada Türk ırklarının çoğunun Haplogrup B'ye ve bir bölümünün de Haplogrup A'ya ait olduğunu göstermiştir. Türk koyun ırklarındaki haplogrup dağılımı bizim çalışmamızdaki dağılım ile uyumludur. Demirci vd. (2010), haplogroup dağılımındaki uyumsuzluğu geçmişte meydana gelen evcilleştirme olaylarının bir işareti olan nüfus artışından kaynaklanmış olabileceğini savunmuşlardır.

Demirci vd. (2013), koyunların mitokondriyal DNA polimorfizmi üzerine yaptığı bir başka araştırmada 13 Türkiye koyun ırkıdan toplam 628 baş koyun ve 30 baş Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelinii anatolica*) kullanmıştır. İncelenen

koyunların çoğunluğunun Haplogrup B (88 baş) ile Haplogrup A (n=70) ve Haplogrup C (n=69) olduğunu bildirmişlerdir. Haplogrup D (n=2) ve E (n=11) ise çok daha az gözlenmiştir. İncelenen yaban koyunlarında ise en fazla Haplogrup A (22 baş) görüldüğünü ve diğer yaban koyunu örneklerinin ise Haplogrup E ve C arasında yer aldığını bildirmişlerdir. Benzer şekilde bu araştırmada da Türkiye yerli koyun ırklarında en fazla Haplogrup B ve Haplogrup A gözlenirken, diğer koyunlar Haplogrup C ve E arasında yer almışlardır. Bir baş Pırlak Haplogrup E ve yaban koyunları arasında bulunmuştur. Sonuçlar Türkiye yerli koyun ırklarının çoğunun Avrupa yaban koyunundan (*Ovis aries musimon*) köken aldığını göstermekle birlikte Haplogrup A'nı görülmesi Türklerin Asya'dan göçleri ile birlikte koyunlarını da getirdiklerini düşündürmektedir. Ayrıca, Anadolu yaban koyununda Haplogrup A frekansının çok yüksek çıkması ve Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup A'nın görülmesi ve az sayıda hayvanın Haplogrup C ve E arasında çıkması bu koyun ırklarının oluşmasında Anadolu yaban koyunlarının da (*Ovis gmelinii anatolica*) etkisinin olabileceğini akla getirmektedir.

Yüncü vd. (2013), 13 Türkiye yerli koyun ırklarından toplam 622 baş hayvan kullanmışlar ve incelenen koyunların Haplogrup A, B ve C içerisinde yer aldıklarını bildirmişlerdir. Sadece iki hayvanda Haplogroup D ve 10 hayvanda da Haplogroup E belirlemişlerdir. Hayvan sayıları dikkate alındığı bulunan haplogrup dağılımları bu araştırma ile uyumludur.

Yağcı vd. (2020) Şavak Akkaraman koyunlarında mtDNA D-loop polimorfizmi üzerinde yaptıkları araştırmada toplam 50 baş koyun kullanmışlardır. Şavak Akkaraman koyunlarda en fazla Haplogrup B ve daha sonra da Haplogrup A'ya rastlanmıştır. Sadece üç baş koyunda Haplogrup C gözlenmiştir. Bizim çalışmamıza benzer şekilde Akkaraman ırkında Haplogrup B ve Haplogrup A sıklıkla gözlenmiştir. Bu sonuçlar, Akkaraman ırkının Asya kökenli olabileceğini, ancak Anadolu'daki diğer koyun ırkları ile zaman içinde melezlenmiş olabileceklerini düşündürmektedir.

Literatürde bildirilen ve bu çalışmada bulunan sonuçlardan Türkiye koyun ırklarında Haplogrup B frekansı yüksek olmakla birlikte Haplogrup A'nın ve Orta

Asya ile Çin'de frekansı yüksek olan Haplogrup C'nin de görülmesi bu koyun ırklarının oluşmasında Türklerin Orta Asya'dan göçlerinin etkisinin olabileceğine işaret etmektedir. Ayrıca, bir koyunun yaban koyunların genetik yapısına benzemesi zaman içerisinde evcil koyunlar ile yaban koyunlar arasında gen akışı olabilir mi sorusunu da akla getirmektedir.

4.3. Pakistan Yerli Koyun Irkları Arasındaki Genetik İlişki

Pakistan'da çok sayıda koyun ırkı bulunmakla birlikte Pakistan koyun ırklarının genetik çeşitliliği ve kökenine dair çok az sayıda çalışmaya rastlanılmıştır.

Babar vd. (2014), mitokondriyal cytB gen polimorfizmini kullanarak Pakistan'ın Thalli ve Lohi koyun ırkları ile Hindistan, Türkiye ve Avrupa koyun ırkları arasındaki genetik ilişkileri araştırmıştır. Çizilen filogenetik ağaçta Pakistan ve Hindistan koyun ırkları ile bir grup oluştururken, Türkiye yerli koyun ırklarının ise Avrupa koyun ırkları ile birlikte kümelendiğini ortaya koyulmuştur. Bu çalışma Türkiye ve Avrupa koyun ırklarının ortak atadan geldikleri tezini güçlendirmektedir. Bu araştırma sonuçları da Pakistan ve Türkiye yerli koyun ırklarının farklı bölgelerde evciltildiğini göstermektedir.

Naqvi vd.(2017), Pakistan'ın Damani, Balkhi, Kaghani, Thalli ve Salt Range'den oluşan 5 yerli koyun ırklarındaki genetik çeşitliliği, farklılaşmayı ve popülasyon yapısını mikrosatellitler ile analiz etmişlerdir. Bu ırklarda gözlenen ortalama heterozigotluk 0,631 ve genetik uzaklığı 0,159 hesaplamışlardır. Yapılan filogenetik genetik analizde Thalli ve Damani'nin bir küme oluşturduğunu, Salt Range, Kaghani ve Balkhi'nin ise başka bir küme oluşturduğunu bildirmişlerdir. Benzer şekilde bu çalışmada da mitokondriyal DNA bakımından da Salt Range ve Thalli ırklarının farklı genetik yapılarda olduğu ve farklı gruplarda yer aldığı belirlenmiştir.

Hussain vd.(2017), Punjab Uriyal yaban koyunları ile yerli koyun ırklarında mtDNA D-loop çeşitliliği üzerine bir çalışma yapmışlardır. MJ ağacı sonucunda *Ovis vignei bochariensis* haplotiplerinin *Ovis ammon* haplotipleriyle yakından ilişkili

olduğunu ve *Ovis vignei punjabiensis*'ten ise uzak bir kümede yer aldığını bildirmişlerdir. MJ ağacında Kajli, Thalli, Pak Karakul ve Kachi Pakistan yerli koyun ırklarının aynı kümede veya aynı haplogrupa ait olduğu belirlenmiştir. Benzer şekilde bu çalışmada da Thalli, Pak Karakul ve Kajli ırklarına ait örneklerin çoğunluğu Haplogrup A içerisinde yer almıştır. Ancak, Pak Karakul ırkının Kajli ve Thalli ırkından daha farklı genetik yapıda olduğu gözlenmiştir.

Mümtaz vd. (2019), mtDNA sitokrom B gen polimorfizmini kullanarak Pakistan yerli koyunları ve yabancı koyunları (*Ovis vignei Urial*) arasındaki genetik ilişkiyi incelemişlerdir. Neighbour joining (NJ) ağacında Kajli koyun ırkının yabancı koyunlarından farklı bir grupta yer aldığını bildirmişlerdir. Benzer şekilde bu çalışmada da Kajli ırkı yabancı koyunlarından belirgin şekilde ayrılmaktadır.

Pakistan koyun ırklarındaki mikrosatelit lokusları kullanılarak genetik çeşitlilik ve ilişki araştırmak amacıyla yapılan bir çalışmada (Ullah vd., 2021), alt popülasyonlarda genetik farklılığın fazla olduğu belirlenmiştir. Ancak yapılan Neighbour joining analizinde her alt popülasyonun ana popülasyondan ayrılmadığı ve ırk bazında farklı kümelerde yer aldığı bildirilmiştir. Maternal kalıtımın araştırıldığı bu çalışmada Pakistan koyun ırklarında çoğunlukla Haplogrup A ve az miktarda haplogrup B yapısında olduğu gözlenmiştir. Sonuçlar, Pakistan koyunlarının aynı yabancı koyun ırkından köken aldığını, zaman zaman farklı bölgelerde yetiştirilen koyunlarla melezlenmiş olabileceğini göstermektedir.

Pakistan yerli koyun ırkları üzerinde yapılan mikrosatelit ve mt-DNA araştırmaları, yerli koyun ırklarının birbirlerine genetik olarak daha az benzediklerini ortaya koymuştur.

4.4. Türkiye ve Pakistan Yerli Koyun Irkları Arasındaki Genetik İlişki

Arkeolojik bulgular koyunların ilk evcilleştirilen hayvan türlerinden biri olduğunu göstermektedir (Ryder, 1984). Arkeozoolojik araştırmalar ve arkeolojik alanlarda bulunan hayvan kemiklerinin boyutundaki küçülmeler bölgedeki evcil hayvanların bir kanıtı olarak değerlendirilmektedir. Kabul edilen bu yeni kanıtlar ışığında, koyun,

sığır, domuz ve keçi evcilleştirme merkezlerinin büyük ölçüde Güneydoğu Anadolu olduğu öne sürülmüştür (Zeder, 2008).

Mitokondriyal DNA, özellikle kontrol bölgesi (mt-DNA Dloop), tür içi düzeyde yüksek miktarda varyasyon göstermektedir. Bu nedenle, tür içinde yüksek sayıda haplogrup ve haplotipler içermektedir. mtDNA Dloop, birçok hayvanın evrimsel tarihini, filogenisini çözmeye en yaygın olarak kullanılan moleküler belirteçtir (Bruford ve diğerleri, 2003). mtDNA haploit sayıdaki olduğu için etkin popülasyon büyüklüğü düşüktür ve bu nedenle kolayca genetik sürüklenmeye maruz kalmaktadır. Özellikle göçler sırasında bazı haplotipler/haplogruplar kaybolmakta veya ortaya çıkmaktadır; dolayısıyla göçlerin etkisi ile coğrafya üzerinde genetik yeni yapılar oluşturmaktadır. mtDNA'nın bu özelliğinden yararlanılarak genetik çeşitliliğin coğrafik modelleri kolaylıkla görselleştirilebilir ve coğrafi örüntü ise filogenetik bağlamda değerlendirilebilir.

Koyunlarda mtDNA'ya dayalı olarak yapılan çalışmalarda beş haplogrup gözlenmiştir. Günümüzün evcil koyun ırkları, mtDNA haplogruplarının karışımını taşımaktadır, ancak Avrupa'da Haplogrup B ve Asya'da Haplogrup A'nın baskınlığı (Tapio ve diğerleri, 2006; Bruford ve Townsend, 2006) dikkat çekmektedir. Güneybatı Asya'da (Bruford ve Townsend, 2006) ve Türkiye'de (Pedrosa vd., 2005) Haplogrup D ve E ile birlikte nispeten yüksek Haplogrup C sıklığının varlığı gözlenmektedir (Meadows vd., 2007). Avrasya üzerindeki koyun haplogrup frekanslarının dağılımı, evcilleştirme ve genişleme olayları, müteakip göçler, seleksiyon, melezleme ve introgresyonlar tarafından şekillenmiş olabilir. Genellikle, yağlı kuyruklu olan Asya koyun ırklarında Haplogrup A ve C, ince kuyruklu olan Avrupa koyun ırklarında ise Haplogrup B görülmektedir.

Pakistan koyun ırklarında genetik çeşitlilik ve ilişkiyi belirlemek için bugüne kadar Türkiye'ye kıyasla daha az çalışma yapılmıştır. Tapio vd. (2006), Avrupa, Orta Asya ve Kafkas bölgelerinde yetiştirilen 48 ırktan 406 koyun örneğini incelenmişlerdir. Araştırma sonucu incelenen koyun ırklarında 210 haplotip tanımlanmıştır. Haplotipler üç ana haplogruba Haplogrup A, B ve C ile yeni belirlenen bir grup olan Haplogrup D'ye ayrılmıştır. Neighbour joining ağacı sonucu

incelenen koyunların % 22'sinin Haplogrup A, % 71'inin Haplogrup B ve % 7'sinin Haplogrup C'ye sahip olduğu belirlenmiştir. Haplogrup D'de sadece bir Karaçay koyunu bulunmuştur. Bu araştırmada da benzer şekilde Pakistan koyunlarının çoğunluğu Haplogrup A içinde, Türkiye koyun ırklarının ise Haplogrup B içerisinde yer almıştır. Aynı zamanda Türkiye yerli koyun ırkları içerisinde Haplogrup C frekansı Pakistan yerli koyun ırklarından daha yüksek bulunmuştur. Her iki ülke koyun ırkları içerisinde Haplogrup A ve B'nin bulunması göçlerin veya melezlemenin etkisinin olduğunu göstermektedir. Tapio vd., (2006) Haplogrup C'nin Kafkasya ve Orta Asya'da var olduğu, Avrupa'da bulunmadığını bildirmiştir. Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup C'nin frekansının yüksek olması Türkiye yerli koyun ırklarının oluşmasında Orta Asya koyun ırklarının etkisinin olduğunu, dolayısıyla Türklerin Orta Asya'dan göçlerinin Türkiye yerli koyun ırklarının şekillenmesinde rolünün olduğunu hipotezini güçlendirmektedir. Ancak, Pakistan Asya kıtasında yer almasına rağmen Haplogrup C frekansı Türkiye koyun ırklarına kıyasla daha düşük bulunmuştur. Bu durum Orta Asya'dan Pakistan'a göçün daha az olduğuna işaret edebilir.

Genellikle Haplogrup B'nin Avrupa yaban koyununda ve Avrupa koyun ırklarında bulunduğu ve Doğu Asya'daki koyun ırklarında daha az görüldüğü bildirilmektedir (Hiendleder vd., 1998, Hiendleder vd., 2002, Guo vd., 2005). Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup B'nin frekansının yüksek olması Avrupa yaban koyunlarından evciltirilmiş olabileceğini veya Avrupa koyun ırklarının etkisinin daha fazla olduğunu gösterebilir.

Meadows vd. (2005), mitokondriyal DNA analiziyle Asya ve Avrupa evcil koyun ırkları arasında yüksek düzeyde gen akışı olduğunu ortaya koymuşlardır. Ayrıca analizlerde evcil ve yabani koyunlardan örnekleme yapmışlar ve toplam 57 haplotip tespit etmişlerdir. Sonuçlar, koyunların coğrafi olarak farklı evcilleştirme bölgesindeki yaban koyunlardan evciltildiğini, genellikle koyunların Haplogrup A ve B'ye sahip olduklarını bildirmişlerdir. Hindistan, Moğolistan, Tibet ve Endonezya'ya ait koyun ırkları Haplogrup A'da toplanmıştır. Avusturya, kuzeybatı Rusya, Finlandiya ve İspanya koyun ırkları Haplogrup B içerisinde yer almışlardır. Bu araştırmanın sonuçları Meadows vd. (2005) yaptıkları çalışmadan elde edilen

sonuçlara benzemektedir. Ancak, bu arařtırmada beř haplogrup da gözlenmiř ve Pakistan yerli koyunlarının çoğunluęu Haplogrup A, Türkiye yerli koyunlarının çoęu ise Haplogrup B içinde yer almıřtır. Sonuçlar, Meadows vd.(2005)'nin Asya koyunlarının Haplogrup A'ya ve Avrupa koyunlarının da Haplogroup B'ye ait oldukları hipotezini doęrulmaktadır. Ayrıca, bazı Türkiye ve Pakistan yerli koyunlarının benzer haplotiplere sahip olmaları aynı yaban koyunlarından evcilleřtirildięini, göçleri ve introgresyon varlıęını düşündürmektedir.

Pariset vd. (2011), Arnavutluk, Yunanistan ve İtalya'dan toplam 18 yerli koyun ırkında ve yaban koyunlarında mitokondriyal DNA ve SNP temelinde genetik çeřitlilięi arařtırmıřlar ve 154 haplotip tanımlamıřlardır. En fazla nükleotid çeřitlilięin Arnavutluk'ta (0,0211) mevcutken, en fazla haplotip sayısını (83 haplotip) ise Yunanistan'da belirlemiřlerdir. Yapılan analizler sonucunda evcil ve yaban koyunlarında üç ana haplogrup (A, B ve C) bulmuřlardır. İncelenen koyunların %89'unun Haplogrup B, % 8'inin Haplogrup A ve % 3'ünün de Haplogrup C'ye ait olduęunu bildirmiřlerdir. Yunanistan ve Arnavutluk koyun ırkları her üç haplogrupta da bulunurken, İtalyan koyun ırklarında ise sadece Haplogrup B belirlenmiřtir. Bu arařtırmada beř haplogrubun da belirlenmiř olması örnekleme yapılan iki ülkenin evciltme yapılan alanlara yakın olması ve göç yolları üzerinde bulunmasından kaynaklanabilir. Türkiye'nin hem evciltme bölgelerine yakın olması hem de Asya ve Avrupa arasında köprü konumunda ve göç yolları üzerinde bulunması Türkiye'deki genetik çeřitlilięi açıklamaktadır. Yunanistan ve Arnavutluk'ta Haplogrup A bulunmasında Türklerin bu bölgelerde uzun süre hüküm sürmelerinden kaynaklanmıř olabilir. Haplogrup C'nin Orta Asya koyun ırklarında yaygın olarak bulunması ve Türkiye yerli koyun ırklarında da frekansının yüksek olması Türklerin Orta Asya'dan göçerken koyunlarını da beraberlerinde getirmelerinden kaynaklanabilir. Bu koyunların evcilleřtirmesinin Yakın Doęu'da gerçekteřtięi düşünölmektedir (Bruford vd., 2003). Haplogrup D her ülke koyun ırklarında bulunmamakla birlikte Türkiye yerli koyun ırklarının Haplogrup D'ye daha yakın olduęu görölmektedir. Haplogrup E ise sadece bir bař Karayaka'da gözlenmiřtir. Sonuçlar Haplotip E'nin yalnızca Türkiye koyun ırklarında mevcut olduęu yönündeki (Groeneveld vd., 2009) sonuçları desteklemektedir.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Bu çalışmada, Türkiye'den altı ve Pakistan'dan yedi olmak üzere toplam 13 farklı ırktan 319 baş koyun örneği kullanılmıştır. Türkiye yerli koyun ırklarından Akkaraman, Morkaraman, Karayaka, Kıvırcık, Pırlak ve Sakız'dan, Pakistan yerli koyun ırklarından Thalli, Lohi, Sipli, Kajli, Buchi, Pak Karakul ve Salt Range'den örnekler alınmıştır. Mitokondriyal DNA D-loop dizi analizi temelinde Türkiye ve Pakistan koyunları arasındaki ilişki ve genetik çeşitlilik incelenmiştir.

Tüm örneklere ait DNA dizileme sonuçları 1077 bp olacak şekilde hizalanmış ve ırkların içindeki genetik farklılaşma değerleri Maximum Composite Likelihood modeli (Tamura vd., 2004) yardımıyla analiz edilmiştir. Türkiye koyun ırkları içerisinde en az genetik farklılaşma Sakız (% 1), en fazla genetik farklılaşma ise Morkaraman ırkında (% 3,1) bulunmuştur. Pakistan koyun ırkları içerisinde en az genetik farklılaşma Sipli (% 0,9), en fazla genetik farklılaşma ise Salt Range ırkında (% 2) olduğu görülmektedir. Sakız ve Sipli ırklarında genetik farklılaşmanın az olmasını örnekleme aynı veya az sayıdaki sürüden alınmasından, popülasyonun daralmasından ya da ırk içi akrabalığın artmasından kaynaklanabilir. Morkaramana ve Salt Range ırklarında genetik farklılaşmanın fazla görülmesine örnekleme çok sayıda sürüden yapıldığını veya popülasyonlar arası gen akışının fazla olması neden olmuş olabilir.

Türkiye ve Pakistan koyunlarındaki Tajima Nötralite test sonuçlarına göre Türkiye yerli koyun ırklarında 230, Pakistan yerli koyun ırklarında ise 203 polimorfik bölge olduğu görülmektedir. Mt-DNA Dloop bölgesindeki polimorfizm oranı Türkiye ve Pakistan koyun ırklarında sırasıyla 0,1833 ve 0,1618 hesaplanmıştır. Türkiye yerli koyun ırklarında hem polimorfik bölge hem de polimorfizm oranının Pakistan'a göre fazla çıkması coğrafi konumundan kaynaklanmış olabilir. Türkiye'nin coğrafi olarak bereketli hilal olarak ifade edilen ve farklı türlerin ilk evcilleştirildiği bölgede olması, Asya, Avrupa ve Orta Doğu arasında köprü konumunda bulunması Türkiye koyun ırklarındaki polimorfik bölge sayısı ve polimorfizm oranındaki artışı açıklayabilir. Ayrıca, Türklerin Orta

Asya'dan Anadolu'ya göçleri esnasında getirdikleri koyun ırklarının genetik yapısı kaynaklı Türkiye'deki genetik çeşitlilik veya polimorfizmler artırmış olabilir.

Yapılan analizler sonucu Türkiye yerli koyun ırklarının yaklaşık % 99'u Haplogrup B, Pakistan koyun ırklarının ise yaklaşık % 99'u Haplogrup A içerisinde yer almıştır. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarının farklı haplogruplar içerisinde yer almaları her iki ülke koyun ırklarının farklı bölgelerde evciltelen yaban koyunlarından köken aldığını göstermektedir. Türkiye koyun ırklarında en fazla genetik benzerlik Sakız – Kıvırcık ırkları arasında (% 98,4), en az genetik benzerlik ise Morkaraman – Pırlak ırkları arasında (% 97) hesaplanmıştır. Pakistan koyun ırkları arasında en fazla genetik benzerliğin Sipli – Lohi koyun ırklarında (% 98,4), en az genetik benzerliğin ise Salt Range – Thalli ve Salt Range Kajli ırkları arasında (% 98) bulunmuştur. Irklar arasındaki benzerliğin fazla veya az çıkmasında coğrafik sınırlamalar etkili olabilir. Sakız ve Kıvırcık koyun ırkları aynı coğrafi bölgede yetiştirilirken, Pırlak ve Morkaraman hem farklı coğrafik bölgede yetiştirilmektedir.

Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup B, Pakistan yerli koyun ırklarında Haplogrup A'nın frekansı daha yüksektir. Ancak, her iki ülke koyun ırklarında diğer haplogruplar da görülmektedir. Türkiye koyun ırklarından Akkaraman ve Morkaraman ırklarına ait hayvanların bir bölümü Haplogrup A içerisinde yer almıştır. Haplogrup A'nın Asya koyun ırklarında daha sıklıkla görülmesi bu iki ırkın Orta Asya kökenli ve Türklerin göçleri ile beraber getirilmiş olabileceği tezini kuvvetlendirmektedir. Pakistan koyun ırklarından Salt Range ve Pak Karakul ırklarının Türkiye koyun ırklarıyla daha fazla genetik benzerliğe sahip olduğu görülmektedir. Türkiye'de de Karagül ırkı yetiştirilmektedir ve bu ırkın kökeninin Buhara yakınlarındaki Karagül adındaki yerleşim yerinden geldiği bildirilmektedir (Akçapınar, 1994). Pakistan koyun ırklarında Haplogrup B'nin bulunması bu ırkların zaman içerisinde Avrupa koyun ırklarıyla melezlenmiş olabileceğini düşündürmektedir.

Haplogrup C içerisinde Karayaka ve Morkaraman ırklarından, Haplogrup E içerisinde Karayaka ırkından koyunlar bulunmaktadır. Yaban koyunlarının (*Ovis aries musimon*) oluşturduğu kümede ise bir Kıvırcık ve bir Pırlak olduğu dikkat çekmektedir. Haplogrup C içerisinde Pakistan yerli koyun ırklarından Kajli ırkına ait

iki baş koyunun olduğu görülmektedir. Haplogrup D ve E içerisinde hayvan bulunmamakla birlikte Buchi ırkında bir hayvanın her iki haplogrup arasında olduğu dikkat çekmektedir.

Türkiye yerli koyun ırklarından Pırlak ırkına ait bir örneğin Haplogrup C ve E'den çok farklı, yabancı koyunlara yakın bir genetik yapıda olduğu görülmektedir. Haplogrup E içerisinde ise Karayaka ırkına ait bir örnek ise bulunmuştur. Türkiye ve Pakistan koyun ırklarında Haplogrup D gözlenmemiştir. Haplogrup C'nin Türkiye yerli koyun ırklarında daha fazla gözlenmesi ve Haplogrup C'nin frekansının Orta Asya ile Çin koyun ırklarında yüksek olması, Türkiye yerli koyun ırklarının oluşmasında Türklerin Orta Asya'dan göçlerinin etkisinin olabileceğine işaret etmektedir. Haplogrup E'nin sadece Türkiye'de bir ırkta görülmesi bu haplogrubun Türkiye kökenli olabileceğini düşündürmektedir.

Sonuç olarak, Türkiye yerli koyun ırklarında Haplogrup B, Pakistan yerli koyun ırklarında ise Haplogrup A daha fazla gözlenmiştir. Ancak, her iki ülke koyun ırkları farklı haplogruplar içerisinde yer alsalar da, koyun ırklarında zaman içerisinde göçlerin ve melezlemelerin etkisiyle diğer haplogruplar da görülmeye başlanmıştır. Özellikle, Türklerin Orta Asya'dan göçleri ve beraberlerinde koyunlarını da getirmeleri Türkiye koyun ırklarının genetik yapılarına katkıda bulunduğu söylenebilir.

Pakistan'da çok sayıda koyun ırkı bulunmasına rağmen koyun ırklarında genetik çeşitliliğin belirlenmesine yönelik az sayıda çalışmaya rastlanılmıştır. Türkiye'nin coğrafik konumu, medeniyetlerin beşiği olması, hayvanların ilk evcilleştirildiği bölgelere yakınlığı, Pakistan'ın çok sayıda koyun ırkına sahip olması, Güney-batı Asya'da ve Çin ile Orta Doğu arasında yer alması her iki ülke koyun ırklarının da daha detaylı şekilde araştırılmasını gerekli kılmaktadır.

Asya ve Avrupa koyun ırkları arasındaki genetik ilişkilerin belirlenmesinde İran, Azerbaycan, Türkmenistan, Özbekistan, Kazakistan, Kırgızistan, Afganistan ve Tacikistan koyun ırklarının da incelenmesinde ve genetik ilişkilerin belirlenmesinde mt-DNA ile genomik DNA verilerin birlikte kullanılmasında yarar vardır.

6. KAYNAKLAR

- Agaviezor, B.O., Adefenwa, M.A., Peters, S.O., Yakubu, A., Adebambo, O.A., Ozoje, M.O., Ikeobi, C., Ilori, B.M., Wheto, M., Ajayi, O.O., Amusan, S.A., Okpeku, M., De Donato, M., Imumorin, I.G. (2012). Genetic Diversity Analysis of the Mitochondrial D-Loop of Nigerian Indigenous Sheep. *Anim. Genet Res*, 50: 13–20.
- Ahmad, S. (2007). Performance and phylogenetic position of Kari sheep in Pakistan. University of Agriculture, Department of Animal Breeding and Genetics, Ph.D. thesis, Pakistan.
- Ahmed, Z., Babar, M.E., Hussain, T., Nadeem, A., Awan, F.I., Wajid, A., Shah, S.A., Ali, M.M. (2014). Genetic diversity analysis of Kail sheep by using microsatellite markers. *J Anim Plant Sci*, 24: 1329–1333.
- Akçapınar, H. (1994). Koyun yetiştiriciliği. 1. Baskı, Medisan Yayınevi, Ankara. s: 162–174.
- Alderson, L. (1998). The Chance to Survive, p: 164, Pilkington Press Ltd.
- Amills, M., Ramirez, O., Tomas, A., Badaoui, B., Marmi, J., Acosta, J., Sanchez, A., Capote, J. (2009). Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. *Animal Genetics*, 40: 315–22.
- Arranz, J., Bayon, Y., Primitivo, F.S. (1998). Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. *Animal Genetics*, 29:435-440.
- Arora, R., Bhatia, S. (2004). Genetic structure of Muzzafarnagri sheep based on microsatellite analysis. *Small Rumin Res*, 54: 227-230.
- Babar, M.E., Hussain, T., Sadia, H., Nadeem, A., Kamran, M.Z. and Badshah, N. (2014). Mitochondrial cytochrome B gene based phylogeny of Lohi and Thalli sheep breeds of Pakistan. *Journal of Animal and Plant Sciences*, 24: 1260-1262.
- Batu, S. (1962). Koyunculugun Esaslari. A. Ü. Veteriner Fakültesi Yayınları: 13. Ankara.
- Baumung, R., Simianer, H., Hoffmann, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals - a survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121: 361–373.
- Bingol, E., Aygun, T. (2014). The growth and developing traits of Karakas ewes in Hakkari. *Iğdır Univ J Inst Sci Tech*, 4: 65–73.

- Brown, W.M., George-Jr, M., Wilson, A.C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Genetics*, 76: 1967-1971.
- Bruford, M.W., Bradley, D.G., Luikart, G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nat Rev Genet*, 4: 900-910.
- Bruford M.W., Townsend S.J. (2006) Mitochondrial DNA diversity in modern sheep: Implications for domestication. In: Zeder M.A., Bradley D.G., Emshwiller E., Smith B.D. (Eds.) Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms. University of California Press, CA,USA, 307-317.
- Cai, X., Chen, H., Wang, S., Xue, K., Lei, C. (2006). Polymorphisms of two Y chromosome microsatellites in Chinese cattle. *Genetics Selection Evolution*, 38: 525–534.
- Cai, X., Chen, H., Lei, C., Wang, S., Xue, K., Zhang, B. (2007). MtDNA Diversity and genetic lineages of eighteen cattle breeds from *Bos taurus* and *Bos indicus* in China. *Genetica*, 131: 175–183.
- Chen, S. Y., Duan, Z. Y., Sha, T., Xiangyu, J., Wu, S. F. and Zhang, Y. P. (2006). Origin, genetic diversity, and population structure of Chinese domestic sheep. *Gene*, 376: 216–223.
- Chessa, B., Pereira, F., Arnaud, F., Amorim, A., Goyache, F., Mainland, I., Kao, R.R., Pemberton, J.M., Beraldi, D., Stear, M.J. (2009). Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations. *Science*, 324:532–536.
- Colledge, S., Conolly, J., Shennan, S. (2005). The evolution of Neolithic farming from SW Asian origins to NW European limits. *Eur J Archaeol*, 8:137–156.
- Crawford, A.M., Littlejohn, R.P. (1998). The use of DNA markers in deciding conservation priorities in sheep and other livestock. *AGRI*, 23: 21-26.
- Demirci, S., Koban, B.E., Dağtaş, N.D., Pişkin, E., Engin, A., Özer, F., Yüncü, E., Doğan, Ş.A., Togan, İ. (2013). Mitochondrial DNA diversity of modern, ancient and wild sheep (*Ovis gmelinii anatolica*) from Turkey: new insights on the evolutionary history of sheep. *PLoS One*, 8:e81952.
- Demirci, S., Koban, E., Doğan, Ş.A., Yüncü, E., Togan, İ. (2010). A study on mitochondrial DNA haplogroups and control regions sequences of Turkish native sheep breeds. The 5th International Symposium on Health Informatics and Bioinformatics, Lara, Antalya, Turkey.
- Diez-Tascon, C., Littlejohn, R.P., Almeida, P.A.R., Crawford, A.M. (2000). Genetic variation within the Merino sheep breed: Analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics*, 31: 243-251.

- Edwards, C.J., Baird, J.F., MacHugh, D.E. (2007). Taurine and zebu admixture in Near Eastern cattle: a comparison of mitochondrial, autosomal and Y-chromosomal data. *Animal Genetics*, 38: 520-524.
- Elfawal, M.A. (2006). Molecular genetic diversity in characteristics of some Egyptian sheep breeds. Ain Shams University, Cairo, Faculty of Agriculture, Animal Production Department, Master thesis, Egypt.
- Ertugrul, M., Dellal, G., Soysal, I., Elmacı, C., Akın, O., Pehlivan, E., Soysal, M. I., Arat, S. (2009). Conservation and Sustainable Use of Farm Animal Genetic Resources in Turkey. *Bursa Uludag Univ Ziraat Fak Der*, 23, 97–119.
- FAO (2000a). World Watch List for Domestic Animal Diversity. Food and Agriculture Organization, Rome.
- FAO (2000b). World Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS2.0) <http://www.fao.org/dad/is/>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (1996). Global Project For Maintenance Of Domestic Animal Genetic Diversity (MoDAD-IS): World Watch List For Domestic Animal Diversity (2nd ed.) Rome. (<http://www.fao.org>).
- Groeneveld, L.F., Lenstra, J.A., Eding, H., Toro, M.A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E.K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S., Consortium, G. (2009). Genetic diversity in farm animals-a review. *Animal Genetics*, 41: 6-31.
- Guang-Xin, E., Zhong, T., Ma, Y.H., Gao, H.J., He, J.N., Liu, N., Zhao, Y.J., Zhang, J.H., Huang, Y.F. (2016). Conservation genetics in Chinese sheep: diversity of fourteen indigenous sheep (*Ovis aries*) using microsatellite markers. *Ecol Evol*, 6: 810–817.
- 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*, 36:331–336.
- Gutiérrez-Gil, B., Uzun, M., Arranz, J., Primitivo, F.S., Yildiz, S., Cenesiz, M., Bayon, Y. (2006). Genetic diversity in Turkish sheep. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A – Anim. Sci*, 56: 1-7.
- Hall, T. (2013) Biological sequence alignment editor (BioEdit), version 7.2.5. Available from: www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html
- Hassan, A.A., Abou Mosallam, H.A., Oraby, H.A., Hondt, D., El Nahas, S.M. (2003). Genetic Diversity of three sheep breeds in Egypt based on microsatellites analysis. *J Eng Biotechnol*, 1: 141-150.

- 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. *J Hered*, 89:113–120.
- 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. *Proc R Soc Lond B Biol Sci*, 269: 893–904.
- Hussain, T., Pichler, R., Babar, M.E., Khan, W.A., Ullah, Z., Shehzad, S., Periasamy, K. (2017). Mitochondrial DNA D-Loop diversity and evolutionary relationship of wild Punjab Urial sheep (*Ovis vignei punjabiensis*) with closely related taxa. *Small Rumin Res*, 148: 22-32.
- Hussain, T., Mustafa, M.M., Babar, M.E., Shaheen, M., Marikar, F.M. (2019). Molecular genetic diversity and relationship of indigenous sheep breeds of Pakistan based on nuclear microsatellite loci. *Rev Vet*, 30: 54-58.
- Ibrahim, M., Ahmad, S., Swati, Z.A., Khan, M.S. (2010). Genetic diversity in Balkhi: Hashtnagri and Michni sheep populations using SSR markers. *Afr J Biotechnol*, 9: 7617–7628.
- Innan, H., Stephan, W. (2000). The coalescent in an exponentially growing metapopulation and its application to *Arabidopsis thaliana*. *Genetics*. 155: 2015 – 2019.
- Int. Kay.1, https://uvas.edu.pk/doc/advisory_services/livestock_breeds/sheepBreeds/sheep.pdf. 10.01.2022
- Jouquand, S., Priat Hitte, C., Lachaume, P., André, C., Galibert, F. (2000). Identification and characterization of a set of 100 tri and dinucleotide microsatellites in the canine genome. *Animal Genetics*, 31: 266-272.
- Kantanen, J., Edwards, C.J., Bradley, D.G. (2009). Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*). *Heredity*, 103: 404–415.
- Karaca, O., Akyuz, N., Andic, S., Altın, T. (2003). Milk yield characteristics of Karakas sheep. *Turk J Vet Anim Sci*, 27: 589–594.
- Karşlı, T., Şahin, E., Karşlı, B.A., Eren, M.G., Balcıoğlu, M.S. (2011). An investigation of presence of FecB, FecXG, FecXH allele in Kangal and Guney Karaman sheep using PCR-RFLP method. *Lalahan Hay Arast Ens Derg*, 51: 71–80.
- Khan, M.S., Khan, M.A., Ahmad, S., Mahmood, S. (2007). Genetic resources and diversity in Pakistani sheep. *Int J Agric Biol*, 9: 941–944.

- Khan, M.S., Khan M.A., Mahmood S. (2008). Genetic resources and diversity in Pakistani goats. *Int J Agric Biol*, 10: 227-231.
- Kijas, J.W., Lenstra, J.A., Hayes, B., Boitard, S., Neto, L.R.P., San Cristobal, M., Servin, B., McCulloch, R., Whan, V., Gietzen, K. (2012). Genomewide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biol*, 10:e1001258.
- Koban, E. (2004). Genetic diversity of native and crossbreed sheep breeds in Anatolia. Middle East Technical University, Department of Biology, Ph.D. thesis, p. 125, Ankara.
- Kumar, S., Gupta, T., Kumar, N., Dikshit, K., Navani, N., Jain, P., Nagarajan, M. (2006). Genetic variation and relationships among eight Indian riverine buffalo breeds. *Mol Ecol*, 15: 593-600.
- Kumar, P., Freeman, A.R., Loftus, R.T., Gaillard, C., Fuller, D.Q., Bradley, D.G. (2003). Admixture analysis of South Asian cattle. *Heredity*, 91: 43–50.
- Kurar, E., Bulut, Z., Caglayan, T., Garip, M., Yılmaz, A., Nizamlioglu, M. (2012). Investigation of genetic diversity and paternity in Kangal White Karaman rams using Microsatellite Markers. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*, 18: 973–977.
- Lai, S.J., Liu, Y.P., Liu, Y.X., Li, X.W., Yao, Y.G. (2006). Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38: 146–154.
- Lau, C.H., Drinkwater, R.D., Yusoff, K., Tan, S.G., Hetzel, D.J., Barker, J.S. (1998). Genetic diversity of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*): mitochondrial DNA D-loop and cytochrome b sequence variation. *Animal Genetics*, 29: 253–264.
- Lenstra, J.A., Bradley, D.G. (1999). Systematics and phylogeny of cattle. In: *The Genetics of Cattle* (Ed. by R. Fries & A. Ruvinsky), pp.1–14. CAB International, Wallingford.
- Loftus, R.T., Mac Hugh, D.E., Ngere, L.O., Balain, D.S., Badi, A.M., Bradley, D.G., Cunningham, E.P. (1994). Mitochondrial genetic variation in European, African and Indian cattle populations. *Animal Genetics*, 25: 265-271.
- Loftus, R.T., Ertugrul, O., Barbar, A.H., El-Barody, M.A.A., Machugh, D.E., Park, S.D.E., Bradley, D.G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8: 2015–2022.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.D., Bouvet, J., Taberlet, P. (2001). Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *PNAS*, 98: 5927-5932.

- MacHugh, D., Loftus, R.T., Cunningham, P., Bradley, D.G. (1998). Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellites markers. *Animal Genetics*, 29: 333-340.
- McVean, G.A.T. (2002). A genealogical interpretation of linkage disequilibrium. *Genetics*. 162: 987–991.
- Martinez, A.M., Delgado, J.V., Rodero, A., Vega-Pla, J.L. (2000). Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Animal Genetics*, 31: 295-301.
- Mason, I. (1967). *Sheep Breeds of the Mediterranean*. CAB: Slough, UK.
- Mateus, J.C., Penedo, M.C.T., Alves, V.C., Ramos, M., Rangel Figueiredo, T. (2004). Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, 35: 106-113.
- Meadows, J.R.S., 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 Heredity*, 96: 494–501.
- Meadows, J.R.S., Hanotte, O., Drögemüller, C. (2006). Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. *Animal Genetics*, 37:444–453.
- Meadows, J.R.S., Cemal, I., Karaca, O., Gootwine, E., Kijas, J.W. (2007). Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near east. *Genetics*, 175: 1371–1379.
- Meadows, J.R.S., Kijas, J.W. (2009). Re-sequencing regions of the ovine Y chromosome in domestic and wild sheep reveals novel paternal haplotypes. *Animal Genetics*, 40: 119–123.
- Meadows, J.R.S., Hiendleder, S., Kijas, J.W. (2011). Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. *Heredity*, 106:700–706.
- Mendelsohn, R. (2003). The challenge of conserving indigenous domesticated animals. *Ecol Econ*, 45: 501–510.
- Moioli, B., Georgoudis, A., Napolitano, F., Catillo, G., Giubilei, E., Ligda, C.H., Hassnane, M. (2001). Genetic diversity between Italian, Greek and Egyptian buffalo populations. *Livestock Prod Sci*, 70: 203-211.
- Mumtaz, A., Babar, M.A., Hussain, T., Naseem, A. (2019). PCR Based Genetic Diversity in Kajli Sheep Breed in Punjab, Pakistan using Mitochondrial DNA Cytochrome-B. *Fuuast J Biol*, 9: 203-208.

- Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P. (2007). Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS One*, 2: e1012.
- Naqvi, A.N., Mahmood, S., Vahidi, S.M.F., Abbas, S.M., Utsunomiya, Y.T., Garcia, J.F., Periasamy, K. (2017). Assessment of genetic diversity and structure of major sheep breeds from Pakistan. *Small Ruminant Research*, 148: 72–79.
- Özdemir, M., Bilgin, O.C., Esenbuga, N. (2011). Determination of genetic distance between Turkish sheep breeds with various methods using some blood protein loci. *J Anim Plant Sci*, 21: 459-464.
- Öner, Y., Calvo, J.H., Elmacı, C. (2013). Investigation of the genetic diversity among native Turkish sheep breeds using mtDNA polymorphisms. *Tropical Animal Health and Production*, 45: 947-951.
- Pariset, L., Savarese, M.C., Cappuccio, I., Valentini, A. (2003). Use of microsatellites for genetic variation and inbreeding analysis in Sarda sheep flocks of central Italy. *J Anim Breed Genet*, 120: 425-432.
- Pariset, L., Mariotti, M., Gargani, M., Joost, S., Negrini, R., Perez, T., Bruford, M., Marsan, P.A., Valentini, A. (2011). Genetic diversity of sheep breeds from Italy, Albania and Greece assessed by mitochondrial DNA and nuclear polymorphisms (SNPs). *JSci World*, 11:1641–1659.
- 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 R Soc Lond B Biol Sci*, 272:2211–2217.
- Pereira, F., Davis, S.J.M., Pereira, L., McEvoy, L.B., Bradley, D.G., Amorim, A. (2006). Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. *Molecular Biology and Evolution*, 23: 1420–1426.
- Pereira, F., Queiros, S., Gusmao, L., Nijman, I.J., Cuppen, E., Lenstra, J.A., Consortium, E., Davis, S.J.M., Nejmeddine, F., Amorim, A. (2009). Tracing the history of goat pastoralism: new clues from mitochondrial and Y chromosome DNA in North Africa. *Mol Biol Evol*, 26: 2765–2773.
- PES (2020-21). Pakistan Economic Survey. Finance Division. Government of Pakistan.
- Peters, J., Driesch, A.V.D., Helmer, D. (2005). The upper Euphrates-Tigris basin: cradle of agro-pastoralism. In: *The first steps of animal domestication*. Oxford: Oxbow, p. 96–124.

- Peter, C., Bruford, M., Perez, T., Dalamitra, G., Hewitt, G., Erhardt, G., Consortium, E. (2007). Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. *Anim.Genet.*, 38: 37-44
- Piper, L., Ruvinsky, A. (1997). *The Genetics of Sheep*. CABI Publishing, Wallingford, UK.
- Poplin, F. (1979). Origine du mouflon de Corse dans une nouvelle perspective paléontologique: par marronnage. *Ann Genet Sel Anim*, 11:133–134.
- Qasim, M., Ahmad, H., Ghafoor, S., Afridi, S.G., Muhammad, I., Imtiaz, A.K. (2011). Estimation of genetic diversity in sheep (*Ovis aries*) using randomly amplified polymorphic DNA. *Int J Anim Vet Adv*, 3: 6–9.
- Rege, J.E.O., Gibson, J.P. (2003). Animal Genetic Resources and Economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecol Econ*, 45:319-330.
- Rischkowsky, B., Pilling, D. (2007). *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Ryder, M.L. (1984). Sheep. In: Mason IL, editor. *Evolution of domesticated animals*. London/New York: Longman, p: 63–85.
- Ryder, M.L., Stephenson, S.K. (1968). *Wool Growth*. Academic Press, San Diego, CA.
- Saitbekova, N., Gaillard, C., Obexer-Ruff, G., Dolf, G. (1999). Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 30: 36-41.
- Scherf, B.D. (2000). Editor. World watch list for domestic animal diversity. In: Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, p. 58.
- Scherf B.J. (2000). World watch list for domestic animal diversity, Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, 2000 (<http://www.fao.org>).
- Shah, S.K. (1993). Technique for genetic improvement. In: Mackintosh, J.B. (ed.), *Sheep Production in Pakistan*. Pakistan Agricultural Research Council (PARC), Islamabad.
- Sharma, R., Kumar, B., Arora, R., Ahlawat, S., Mishra, A.K., Tantia, M.S. (2016). Genetic diversity estimates point to immediate efforts for conserving the endangered Tibetan sheep of India. *Meta Gene*, 8: 14–20.
- Soysal, M.I., Özkan, E., Gürcan, E.K. (2003). The status of native farm animal genetic diversity in Turkey and in the world. *Trakia Journal of Science*, 3, 1-

12. TurkStat (Turkish Statistical Institute). Livestock Statistics, Url: <http://www.turkstat.gov.tr>
- Taberlet, P., Coissac, E., Pansu, J., Pompanon, F. (2011). Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus Biologies*, 334: 247-254.
- TAGEM (2009). Türkiye çiftlik hayvanları genetik kaynakları kataloğu. Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü, Ankara.
- Tajima F. (1989). Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123:585-595.
- Tamura K., Stecher G., Kumar S. (2021). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version Molecular Biology and Evolution <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.
- Tamura K., Nei M., Kumar S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbour-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101:11030-11035.
- 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. *Molecular Biology and Evolution*, 23: 1776–1783.
- Troy, C.S., MacHugh, D.E., Bailey, J.F., Magee, D.A., Loftus, R.T., Cunningham, P., Chamberlain, A.T., Sykes, B.C., Bradley, D.G. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410: 1088–1091.
- TÜİK (2021). Statistical Institute, available at: [http:// www.tuik.gov.tr/ PreTablo.do? alt_id=1002](http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1002)
- TÜİK (2008). Statistical Institute, available at: [http:// www.tuik.gov.tr/ PreTablo.do? alt_id=1002](http://www.tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1002)
- Ullah, A., Ahmad, S., and Ibrahim, M. (2021). Microsatellite based genetic characterization and bottleneck analysis of Kari and Madakhlasht sheep breeds from Chitral district of Khyber Pakhtunkhwa, Pakistan. *Anim Biosci*, 00: 1-13.
- Uzun, M., Gutierrez-Gil, B., Arranz, J.J., San Primitivo, F., Saatci, M., Kaya, M., Bayon, Y. (2006). Genetic relationships among Turkish sheep. *Genet Sel Evol*, 38: 513–524.
- Wajid, A., Wasim, M., Yaqub, T., Firyal, S., Tayyab, M., Siddique, S., Hussain, T. (2014). Assessment of Genetic diversity in Balochi and Rakhshani sheep breeds of Balochistan using microsatellite DNA markers. *J Plant Anim Sci*, 24: 1348–1354.

- Warmuth, V., Eriksson, A., Bower, M.A., Barker, G., Barrett, E., Hanks, B.K., Li, S., Lomitashvili, D., Ochir-Goryaeva, M., Sizonov, G.V. (2012). Reconstructing the origin and spread of horse domestication in the Eurasian steppe. *Proc Natl Acad Sci*, 109:8202–8206.
- Williams, J.G., Reiter, R.S., Young, R.M., Scolnik, P.A. (1993). Genetic mapping of mutations using phenotypic pools and mapped RAPD markers. *Nucleic Acids Res*, 21: 2697-2702.
- Wood, N.J., Phua, S.H. (1996). Variation in the control region sequence of the sheep mitochondrial genome. *Anim Genet*. 27:25–33.
- Yağcı, S., Baş, S., Kiraz, S. (2020). Study of mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region polymorphism in Şavak Akkaraman sheep. *Turk J Vet Anim Sci*, 44: 323-330.
- Yüncü, E., Demirci, S., Koban, B.E., Doğan, Ş.A., Taşdemir, U. (2013). Comparative study of three simple molecular approaches in search of mtDNA haplogroup identification of domestic sheep. *Small Ruminant Research*, 114: 64 -71.
- Zeder, M.A. (2008). Domestication and early agriculture in the Mediterranean basin: origins, diffusion, and impact. *PNAS*, 105: 11597-11604.
- Zeder, M.A., Emshwiller, E., Smith, B.D., Bradley, D.G. (2006). Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends Genet*, 22: 139-155.
- Zohary, D., Tchernov, E., Horwitz, K.L. (1998). The role of unconscious selection in the domestication of sheep and goats. *J. Zool*, 245: 129-135

