

Derleme

KEÇİLERDE YAPILAN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ÇALIŞMALAR

Selahattin KİRAZ¹ Mehmet Sait EKİNCİ² Seyrani KONCAGÜL¹

ÖZET

Evcil keçiler (*Capra hircus*), yaklaşık 10.000 yıl önce Neolitik devirde Yakın Doğu'daki *Fertile Crescent* bölgesinde evcilleştirilmiş ve bugün Dünya'nın bütün kıtalarına yayılmıştır. Keçiler, etinden, sütünden, lifinden ve derisinden yararlanılan önemli çiftlik hayvanlarıdır. Çiftlik hayvanları üzerinde yapılan filogenetik çalışmalarda mitokondriyal DNA moleküler belirteç olarak kullanılmaktadır. Son zamanlarda, keçilerde yapılan moleküler filogenetik çalışmalarda A, B1, B2, C, D, F ve G olmak üzere 6 mitokondriyal haplogrup tanımlanmıştır. Soy A, en çeşitli olanıdır ve tüm kıtalara yayılmıştır. Bu derlemede, keçilerde yapılan moleküler filogenetik çalışmalar hakkında bilgi verilmiştir.

Anahtar Kelimeler: Evcil keçi (*Capra hircus*), mtDNA, filogenetik

MOLECULAR PHYLOGENETIC STUDIES IN GOATS

ABSTRACT

Domestic goats (*Capra hircus*) were domesticated in the Fertile Crescent in the Near East in the Neolithic period about 10.000 years ago, and has spread to all continents in the world today. Goats are an important livestock used for meat, milk, wool and leather. Mitochondrial DNA is used as molecular markers in phylogenetic studies in livestock. Recently, in molecular phylogenetic studies, six divergent mitochondrial haplogroups were identified as A, B1, B2, C, D, F and G in goats. The haplogroup A is predominant and widely distributed across all continents. In this review, the information was presented about the molecular phylogenetic studies in goats.

Key words: Domestic goat (*Capra hircus*), mtDNA, Phylogenetics

GİRİŞ

Uygarlığının gelişimine paralel olarak keçiler evcilleştirilerek geliştirilmiş ve bugün Dünya'nın hemen bütün kıtalarına yayılmıştır. Keçiler, etinden, sütünden, lifinden ve derisinden yararlanılan önemli bir çiftlik hayvandır. Dünya keçi varlığının dağılımı kıtalara, ülkelere ve aynı ülkenin çeşitli bölgelerine göre farklılık göstermektedir. Dünya keçi varlığı 924 145 893 baş olarak belirtilmiştir (FAOSTAT, 2011). Ünelere göre keçi varlığı ve bunun Dünya keçi varlığındaki pay dağılımı incelendiğinde 157.000.000 (%17.0) baş ile Hindistan 1. sırada, 142.230.120 (%15.4) baş ile Çin 2. sırada, 61.480.000 (%6.7) baş ile Pakistan 3. sırada yer almaktadır (FAOSTAT, 2011). Dünya'da keçi varlığının, %58.7'si (542.336.176 baş) Asya, %34.8'i (321.534.858 baş) Afrika ve %6.5 diğer kıtalarda bulunmaktadır.

Arkeolojik çalışmalardan, keçilerin muhtemelen Yakın Doğuda *Fertile Crescent* bölgesinde 10.000 yıl önce ilk olarak evcilleştirildiği gösterilmiştir (Zeder ve Hesse, 2000).

Evcil keçilerin (*Capra hircus*) 4 büyük mtDNA soya (haplogrup) ayrıldıkları bildirilmiştir. Soy A, en çeşitli olanıdır ve tüm kıtalara yayılmıştır. Soy B, Moğolistan, Laos, Malezya, Pakistan ve Hindistan'ı içeren Doğu ve Güney Asya'ya yayılmıştır. Soy C, Moğolistan, İsviçre, Slovenya, Pakistan ve Hindistan'da az miktarda mevcuttur. Soy D, sadece Pakistan ve Hindistan'ın yerli keçi ırklarında görülmüştür (Luikart ve ark., 2001; Sultana ve ark., 2003; Joshi ve ark., 2004).

Güncel olarak son zamanlarda, keçiler üzerinde yapılan moleküler filogenetik çalışmalarda evcil keçilerde; A, B1, B2, C, D, F ve G olmak üzere 6 maternal soy tanımlanmıştır (Naderi ve ark., 2007).

¹Harran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü, Şanlıurfa

²Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootečni Bölümü

Sorumlu yazar/Corresponding Author: Selahattin KİRAZ, skiraz@harran.edu.tr

KEÇİLERDE MİTOKONDRIYAL GENOM

Evcil keçi (*Capra hircus*) genomu ($2n=60$), 29 çift otozomal kromozomu, 2 çift cinsiyet kromozomu ve mitokondriyal genomu içermektedir. Keçi mitokondriyal genomu; protein kodlayan 13 gen (sitokrom c oksidaz kompleksi I, II ve III altbirimleri, ATPaz kompleksi 6 ve 8 altbirimleri, NADH dehidrojenaz 1, 2, 3, 4L, 4, 5 ve 6 ile sitokrom b), 2 ribosomal RNA gen bölgesi (12S rRNA, 16S rRNA), kontrol bölgesi (D-loop) ve 22 çeşit tRNA bölgelerinden oluşmakta olup, 16.616 bp uzunluğundadır (Parma ve ark., 2003).

Mitokondriyal DNA; popülasyonların tanımlanması, popülasyonların ve türlerin orijinlerinin belirlenmesi, popülasyonların biyocoğrafik dağılımlarının belirlenmesi, haplotiplerin belirlenmesi, popülasyonların genetik benzerlik veya farklılıklarından yararlanılarak filogenetik ilişkilerin tespit edilmesi gibi çalışmalarda moleküler belirteç olarak kullanılmaktadır (Luikart ve ark., 2001).

KEÇİLERDE YAPILAN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ÇALIŞMALAR

Luikart ve ark. (2001), evcil keçilerde mtDNA D-loop ve *Cyt b* gen bölgesi dizilerine göre 331 haplotipte üç mtDNA haplogrup (A:316, B:8 ve C:7) tespit etmişlerdir. Buna bağlı olarak üç ayrı evcilleştirme olayının olabileceğini açıklamışlardır. Muhtemelen A haplogrubunun evcilleştirilmesi günümüzden 10.000 yıl öncesine, B ve C haplogrublarının evcilleştirilmesi ise yaklaşık olarak sırasıyla 2.130 ve 6.110 yıl öncesine kadar uzandığını bildirmişlerdir.

Sultana ve ark. (2003) Pakistan'ın dört farklı yöresinden 13 farklı keçi ırkında, mtDNA kontrol bölgesi ve *Cyt b* gen bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada, 44 dizide 38 haplotip ve 129 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Filogenetik analizde, 38 haplotipin soy A, B, C ve D olmak üzere, dört ayrı mtDNA soyuna ayrıldığı gösterilmiştir. mtDNA *Cyt b* gen dizi bilgileri ile oluşturulan filogenetik ağaçta, *C.hircus* A, B, C ve D soylarının yabancı keçilerden ayrılarak birlikte küme oluşturdukları gösterilmiştir.

Joshi ve ark. (2004), Hindistan'ın farklı coğrafik bölgelerden 10 farklı keçi ırkında mtDNA kontrol bölgesinin dizi verilerini kullanarak filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Burada, 363 dizide 200 haplotip belirlemişlerdir. Popülasyonlarda haplotip ve

nükleotid çeşitliliği sırasıyla, 0.844-1.000 ve 0.007-0.080 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizde, 200 haplotipin dört ayrı soya (soy A, B, C ve D) ayrıldığı gösterilmiştir.

Azor ve ark. (2005), İspanya keçi ırklarında (Pirenáica, Moncaína, Blanca Andaluza, Negra Serana, Azpi-Gorri, Blanca Celtibérica) mitokondriyal D-loop bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Filogenetik analizde, İspanya keçi ırkları ile İberya Peninsula keçi ırkları arasında zayıf filogenetik ilişki olduğu belirtilmiştir.

Pereira ve ark. (2005), Portekiz keçi ırklarında (Bravia, Serrana, Charnequeira, Serpentina ve Algarvia), mtDNA kontrol bölgesinin (481 bp) dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. İrklar arasında ortalama haplotip çeşitliliği 0.977 olarak tespit edilmiştir. Araştırmacılar, 288 dizide 118 polimorfik bölge ve 164 farklı haplotip belirlemişlerdir. Filogenetik analizde, 164 haplotipin iki ayrı haplogrupa (A ve C) ayrıldığı gösterilmiştir. Burada, haplogrup A 163, haplogrup C ise 1 haplotip içermiştir.

Chen ve ark. (2005), 18 Çin yerli keçi ırklarında mtDNA kontrol bölgesinin dizilerini tanımlayarak genetik farklılığı ve filocoğrafik yapıyı araştırmışlardır. Çalışmada, 368 dizide 119 polimorfik bölge ve 146 haplotip belirlemişlerdir. Popülasyonlarda haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla, 0.712 ± 0.091 - 0.980 ± 0.0243 ve 0.0159 ± 0.0084 - 0.0490 ± 0.0282 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizlerde 146 haplotip ve 7 yabancı keçi ile birlikte oluşturdukları filogenetik ağaçta, Çin yerli keçi ırklarının dört mtDNA soya (A, B, C, D) ayrıldıkları gösterilmiştir. Burada, soy A, B, C ve D sırasıyla, 117, 25, 3 ve 1 haplotip içermiştir. A soyunun predominant diğer soyların ise düşük frekansta bulunduğu ve Çin yerli keçilerinin çoklu maternal orjine sahip oldukları belirtilmiştir.

Chen ve ark. (2006), Tibet ve Çin yerli keçi ırklarında mtDNA *Cyt b* gen dizisini kullanarak filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Araştırmacılar, 84 dizide 44 polimorfik bölge ve 46 haplotip belirlemişlerdir. Haplotip çeşitliliği %0.6-1.0 ve nükleotid çeşitliliği ise %0.15-1.57 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizlerde 46 haplotip ve önceki çalışmalardan bazı yabancı keçiler (*C.aegagrus*, *C.pyrenaica*, *C.cylindricornis*, *C.caucasica*) ile evcil keçilere (*C.hircus*) ait dizilerle birlikte oluşturdukları filogenetik ağaçta, keçilerin üç ana gruba (A, B, C) ayrıldıkları gösterilmiştir.

Tibet ve Çin keçi haplotipleri tamamen A grubunda toplanmıştır.

Odahara ve ark. (2006), iki farklı coğrafik bölgeden 19 Kore yerli keçi ırkında mitokondriyal D-loop bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Toplam 19 dizide 6 haplotip ve 13 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Filogenetik ağaçta, Kore keçi haplotiplerinin Haplogrup A'da yer aldığı gösterilmiştir.

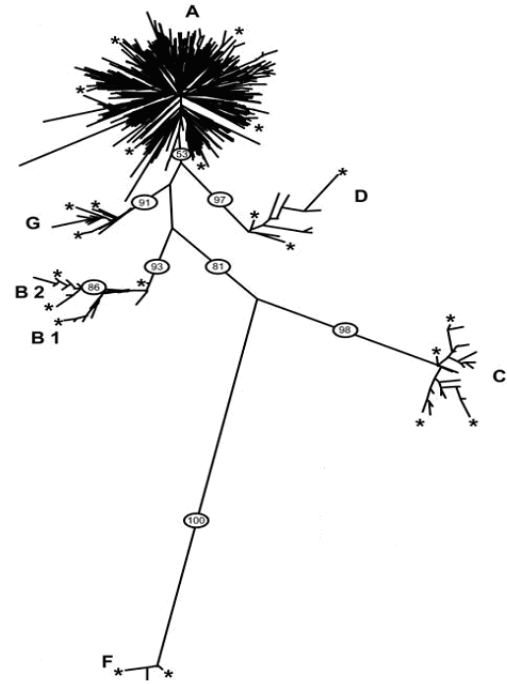
Sardina ve ark. (2006), Sicilya keçi ırklarında (Girgentana, Maltese, Derivata di Siria,) mitokondriyal D-loop bölgesi dizi bilgilerini kullanarak filogenetik analizler yapmışlardır. Toplam 67 dizide 33 haplotip ve 84 polimorfik site belirlemişlerdir. Sicilya keçilerinde ortalama haplotip çeşitliliği 0.969 ± 0.007 ve ortalama nükleotid çeşitliliği 0.0236 ± 0.00450 olarak hesaplamışlardır. Sicilya keçi ırklarına ait mtDNA diziler ile Hindistan, Pakistan evcil keçi ırkları ve yabancı keçilere ait yayınlanmış dizilerle birlikte oluşturdukları filogenetik ağaçta, haplotiplerin çoğunluğunun A soyuna sahip olduğunu gösterilmiştir.

Fan ve ark. (2007), 13 farklı Çin yerli keçi ırkında mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi ile filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 49 haplotipte 85 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Haplotipler filogenetik ağaçta dört ayrı gruba ayrılmıştır. Tibet, Kuzey ve Güney Çin keçi popülasyonlarında ortalama nükleotid çeşitliliğini sırasıyla 0.040 ± 0.0192 , 0.025 ± 0.0071 ve 0.009 ± 0.0103 olarak hesaplamışlardır.

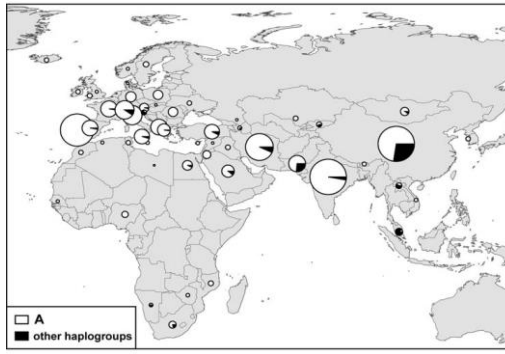
Liu ve ark. (2007), 13 Çin yerli keçi ırklarında mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 183 keçide, 135 farklı haplotip ve 144 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. İrklarda, haplotip çeşitliliği 0.9333-1.000 ve nükleotid çeşitliliği 0.006337-0.025194 arasında hesaplamışlardır. Filogenetik ağaçta, 135 mtDNA haplotipinin dört ayrı soya (soy A, B, C ve D) ayrıldığı gösterilmiştir. Haplotiplerin soylara dağılım frekanslarını A, B, C ve D soyları için sırasıyla; %76.50, %20.77, %1.64 ve %1.09 olarak belirlemişlerdir.

Naderi ve ark. (2007), yedi coğrafik bölgeden (Kuzey Avrupa, Güney Avrupa, Orta Doğu, Batı Asya, Doğu Asya, Kuzey Afrika ve Alt-Sahra Afrika) toplanan farklı ırklardan oluşan evcil keçilerde mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi (nt15707-16187: 481 bç) ile filogenetik ve filocoğrafik ilişkileri araştırmışlardır. Toplam 2430 örnek dizide (42 ülkeden 946 örnek + EKONOGEN projesinden

569 örnek dizi + Gen Bankası'ndan alınan 1484 dizi) 1540 mtDNA haplotip tespit etmişlerdir. mtDNA haplotiplerin filogenetik ağaçta, 6 farklı gruba (A, B, C, D, F ve yeni grup G) ayrıldıkları gösterilmiştir (Şekil 1). Haplogrup A, B, B1, B2 C, D, F ve G'nin frekanslarını (%) sırasıyla, 93.51, 2.99, 2.27, 0.58, 1.49, 0.65, 0.19 ve 1.17 olarak, haplotip çeşitliliği ise sırasıyla 0.999 ± 0.0001 , 0.900 ± 0.0197 , 0.840 ± 0.0333 , 0.815 ± 0.0481 , 0.971 ± 0.0136 , 0.949 ± 0.0506 , 1.0000 ve 0.954 ± 0.0254 olarak hesaplamışlardır. Burada, Orta Doğu coğrafik bölgesinde gruplandırılan Türkiye evcil yerli ırklarını içeren 66 keçinin, Haplogrup A (61) ve G (5)'de yer aldığı gösterilmiştir. Türkiye yerli keçi ırklarında haplotip çeşitliliği 0.995 ± 0.0038 olarak tahmin etmişlerdir. Keçi haplogruplarının filocoğrafik haritası Şekil 2'de gösterilmektedir. Burada tüm bölgelerde haplogruplar arasında en fazla frekansa sahip grubun A olduğu belirtilmiştir.



Şekil 1. Keçi mtDNA haplogrupları (Naderi ve ark., 2007)



Şekil 2. Keçi mtDNA haplogruplarının coğrafik dağılımı (Naderi ve ark., 2007)

Naderi ve ark. (2008), 473 Benzoar keçisinde mtDNA D-loop bölgesi dizisine göre 221 haplotip belirlemişlerdir (haplotip çeşitliliği: 0.9884). Mevcut 221 Benzoar keçi haplotipini ve 22 evcil keçi referans haplotipini içeren filogenetik ağaçta, 142 Benzoar haplotipinin evcil keçi haplotipleri arasında yer aldığı gösterilmiştir. Burada, Benzoar Haplogrup C'nin geniş bir coğrafik dağılıma sahip olduğu fakat evcil keçilere en yakın Benzoar haplotiplerin Doğu Anadolu'da bulunduğu bildirilmiştir ve buna bağlı olarak evcil keçi C haplogrubunun orjininin bu bölgeden geldiği ileri sürülmüştür. Ayrıca, Güney Zagros ve Orta İran Platosunda Benzoar Haplogrup C'nin gözlenmesi evcilleştirme fazında Benzoar keçilerinin Doğu Anadolu'ya doğru yer değiştirdiği görüşünü desteklemiştir. Keçilerde evcilleştirme sürecinin muhtemelen iki farklı bölgede (Güney Zagros/Orta İran Platosu ve Doğu Anadolu) ve birbirinden bağımsız olarak meydana gelmiş olabileceği tahmin edilmiştir.

Hao ve ark. (2008)'nin, 10 farklı Çin yerli keçi ırkında mtDNA D-loop bölgesini kullanarak yaptıkları çalışmada, 84 farklı haplotip ve 171 polimorfik site belirlenmiştir. Araştırmacılar, nükleotid ve haplotip çeşitliliği, sırasıyla 0.0206 ± 0.00225 ve 0.988 ± 0.0030 olarak tespit etmişlerdir. Filogenetik ağaçta, evcil Çin keçi ırkları iki ana kola ayrılmıştır.

Wang ve ark. (2008), Çin'in farklı coğrafik bölgesinden yedi farklı yerli keçi ırkından oluşan 107 keçide mtDNA D-loop (HVI, 481bp) bölgesini analiz ederek 77 haplotip ve 112 polimorfik bölge tanımlamışlardır. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla $0.943-1.000$ ve $0.01810-0.03911$ arasında tespit etmişlerdir. Çin keçi ırklarında A, B, C ve D olmak üzere dört mtDNA soyn bulunduğunu ve bunların frekanslarını sırasıyla %83.18, %10.29, %3.74 ve %1.86 olarak belirtmişlerdir. Evcil keçilerin çoklu maternal

orjine sahip olduğu varsayımının desteklendiği bildirilmiştir.

Amills ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada, Güney ve Orta Amerika keçi ırklarında mtDNA kontrol bölgesinin dizi analizi ile genetik ilişkileri belirlemişlerdir. Geniş bir coğrafik dağılışa sahip Güney ve Orta Amerika keçi ırklarından elde edilen 93 keçide, 54 farklı haplotipin varlığını belirlemişlerdir. Keçi popülasyonunda nükleotid ve haplotip çeşitliliği, sırasıyla 0.0200 ± 0.00081 ve 0.963 ± 0.0012 olarak tespit etmişlerdir. Avrupa, İberya, Atlantik, Güney ve Orta Amerika keçilerine ait dizilerle oluşturulan filogenetik ağaçta Güney ve Orta Amerika keçilerinin, İspanya ve Portekiz ırkları ile birlikte küme oluşturduğunu, diğer taraftan Bolivya, Şili, Kanarya Adaları ve Arjantin keçi ırklarının ise farklı küme oluşturduğunu belirtmişlerdir. Bununla beraber tüm Güney ve Orta Amerika keçi ırklarının A soyuna ait olduğu, diğer soyların ise gözlenmediği bildirilmiştir.

Liu ve ark. (2009), 3 Çin evcil keçi ırkından 72 mtDNA D-loop gen dizisi ile önceki çalışmalardan Gen Bankası'na sunulan 31 Çin yerli keçi ırkı/popülasyonu içeren 723 diziyi birlikte değerlendirerek filogenetik analizler yapmışlardır. Toplam 795 mtDNA D-loop dizisinde, 327 haplotip ve 163 polimorfik bölge tanımlamışlardır. Mevcut 72 mtDNA dizisinin 69'u A, birer de B, C ve D haplogrupları olmak üzere dört gruba ayrıldığı belirtilmiştir. Toplam 327 mtDNA D-loop haplotipinin A, B, B1, B2, C ve D haplogruplarına dağılımı sırasıyla 272, 38, 21, 17, 9 ve 8 olarak verilmiştir. Haplogruplar arasında ortalama haplotip çeşitliliğini 0.989 ± 0.0010 , nükleotid çeşitliliğini ise 0.0355 ± 0.00080 olarak hesaplamışlardır.

Wu ve ark. (2009) farklı bölgelerden oluşan 12 Çin yerli keçi ırkında mtDNA D-loop bölgesi (HVRI) dizi bilgilerini kullanarak filogenetik ve filocoğrafik ilişkileri incelemişlerdir. Çin yerli keçilerinde 145 dizide, 123 farklı haplotip ve 170 polimorfik bölge belirlemişlerdir. Haplotip çeşitliliği 0.911 ± 0.0773 (Matou)- 0.987 ± 0.0354 (Laiwu Black) arasında, nükleotid çeşitliliği 0.020 ± 0.0108 (Lubei White)- 0.037 ± 0.0198 (Yunling Black) arasında hesaplamışlardır. Haplotiplerin filogenetik ağaçta, A, B, C ve D olarak dört farklı soya ayrıldıkları gösterilmiştir. Soy A, B, C ve D sırasıyla 82, 25, 5 ve 6 haplotip içermiştir.

Kiraz (2009), Kıl ve Kilis keçilerinde, 12S rRNA, *Sitokrom b*, D-loop bölgesi gen dizi bilgilerine göre mtDNA polimorfizmi, mtDNA haplotipleri ve haplogrupları (soylarını),

haplotipler ve yabani keçiler arasında filogenetik ilişkileri araştırmıştır. 12S rRNA gen dizisine göre haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla, 0.706 ± 0.0190 ve 0.0023 ± 0.00011 olarak bulmuştur. Sitokrom b gen dizisine göre haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla, 0.236 ± 0.0485 ve 0.00061 ± 0.000135 olarak bulmuştur. D-loop gen dizisine göre haplotip ve nükleotid çeşitliliği ise sırasıyla, 0.998 ± 0.0014 ve 0.01855 ± 0.0004 olarak bulmuştur. D-loop gen dizisine göre, referans dizilerle (A, B, C, D, F ve G) birlikte oluşturulan filogenetik ağaçta, 31 haplotipin, 29'u A soyunda (%83 bootstrap değeri), 2'si (KL05 ve KS16) G soyunda (%95 bootstrap değeri) yer almıştır.

Kul (2010), Türkiye yerli keçi ırkları içinde en çok yetiştiriciliği yapılan Ankara, Honamlı, Kilis, Kıl ve Norduz keçilerinde mtDNA çeşitliliği ve genetik ilişkileri araştırmıştır. Bu ırklarda, A, D ve G haplogrupları olmak üzere 3 farklı haplogrup belirlemiştir. 4 Honamlı, 1 Ankara ve 1 baş da Kilis keçisi olmak üzere 6 baş keçide G haplogrubu, 1 baş Kilis keçisinde D haplogrubu ve geriye kalan 245 baş keçide ise A haplogrubu belirlemiştir.

Zhao ve ark. (2011), Çin yerli keçi ırklarının üçte birini bulandıran Çin'in Güneybatı bölgesindeki 18 farklı ırkı içeren 312 keçinin mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile genetik çeşitliliği, orjini ve filocoğrafik yapıyı araştırmışlardır. Keçilerinde ortalama haplotip çeşitliliği 0.9829 ± 0.0027 ve ortalama nükleotid çeşitliliği 0.03615 ± 0.03257 olarak hesaplamışlardır. Toplam 312 keçide, 148 farklı haplotip tespit etmişlerdir. Filogenetik analizde, Çin'in Güneybatı bölgesinde iki mtDNA keçi haplogrubunun (A, B) bulunduğu bildirilmiştir.

Zhong ve ark. (2013), 13 Çin Siyah keçi ırkında mtDNA D-loop bölgesi dizi analizi ile filogenetik ve filocoğrafik yapıyı araştırmışlardır. Toplam 394 keçide, 192 farklı haplotip ve 141 polimorfik site tespit etmişlerdir. Irklarda, haplotip çeşitliliği $0.782-1.000$ ve nükleotid çeşitliliği $0.009-0.045$ arasında hesaplamışlardır. Filogenetik analizde, 192 mtDNA haplotipinin beş haplogruba (soy A, B1, B2, C ve D) ayrıldığı gösterilmiştir. Dominant haplogruplar olarak A, B1 ve B2'nin ırkların çoğunda, C ve D haplogruplarının ise sadece Çin'in Kuzey ve Kuzeybatı bölgelerindeki ırklarda görüldüğü bildirilmiştir. Haplotiplerin soylara dağılım frekanslarını A, B, C ve D soyları için sırasıyla %76.50, %20.77, %1.64 ve %1.09 olarak belirlemiştir.

Lin ve ark. (2013), 7 ülkede (Japonya, Moğolistan, Bhutan, Kamboçya, Myanmar, Vietnam, Laos) bulunan Güney Asya keçilerinde moleküler filocoğrafik yapıyı ve genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Filogenetik analizde Güney Asya keçilerinin dört farklı mtDNA soya (A, B, C, D) ayrıldıkları gösterilmiştir. Japonya keçilerinde sadece A soy, Kamboçya, Myanmar, Vietnam ve Laos keçilerinde A ve B soylar, Bhutan keçilerinde A, B ve C soylar, Moğolistan keçilerinde A, B, C ve D soylar bulunduğu bildirilmiştir. Luikart ve ark. (2001), Sultana ve ark. (2003), Joshi ve ark. (2004), Sultana ve Mannen (2004), Chen ve ark. (2005), Odahara ve ark. (2006), Asya keçilerinde yaptıkları mtDNA çalışma sonuçları ile Lin ve ark. (2013) birlikte değerlendirdikleri mtDNA çalışma sonuçlarına göre, Asya keçilerinde A, B, C ve D mtDNA soylarının frekanslarını sırasıyla %74.9, %23, %1.3 ve %0.8 olarak bildirmişlerdir.

SONUÇ

Mitokondriyal DNA (mtDNA) evcil keçinin orjinini araştırmak için yaygın olarak kullanılmıştır. Keçiler üzerinde yapılan moleküler filogenetik çalışmalarda A, B1, B2, C, D, F ve G olmak üzere 6 maternal soy tanımlanmıştır. Soy A, predominant olanıdır ve tüm kıtalara yayılmıştır. Yapılan birçok araştırma sonucu, evcil keçilerin çoklu maternal orjine sahip olduğu varsayımını desteklemiştir.

KAYNAKLAR

- Amills, M., Ramirez, O., Tomàs, A., Badaoui, B., Marmi, J., Acosta, J., Sánchez, A., Capote, J., 2009. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. *Animal Genetics*, 40(3):315-322.
- Azor, P.J., Monteagudo, L.V., Luque, M., Tejedor, M.T., Rodero, E., Sierra, I., Herrera, M., Rodero, A., Arruga, M.V. 2005. Phylogenetic relationships among Spanish goats breeds. *Animal Genetics*, 36(5):423-425
- Chen, S.Y., Su, Y.H., Wu, S.F., Sha, T., Zhang, Y.P. 2005. Mitochondrial Diversity and Phylogeographic Structure of Chinese Domestic Goats. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 37(3):804-814.
- Chen, S., Fan, B., Liu, B., Yu, M., Zhao, S., Zhu, M., Xiong, T., Li, K. 2006. Genetic variations of 13 indigenous Chinese goat breeds based on

- cytochrome b gene sequences. *Biochem. Genet.*, 44(3-4):89-99.
- Fan, B., Chen, S.L., Kijas, J.H., Liu, B., Yu, M., Zhao, S.H., Zhu, M.J., Xiong, T.A., Li, K. 2007. Phylogenetic relationships among Chinese indigenous goat breeds inferred from mitochondrial control region sequence. *Small Ruminant Research*, 73:262-266
- FAOSTAT, 2011. FaoStat: Statistics Database, www.fao.org
- Hao, R.C., Zan, L.S., Liu, C.S., Wang, Z.G., Zhang, G.X., Han, X., Hao, H.Z., Wang, J., Du, X.Y. 2008. [Genetic diversity and origin of mitochondrial DNA D-loop region for some domestic goat breeds of China]. *Yi Chuan*, 30(9):1187-94. Chinese.
- Joshi, M.B., Rout, P.K., Mandal, A.K., Tyler-Smith, C., Singh, L., Thangaraj, K. 2004. Phylogeography and Origin of Indian Domestic Goats. *Mol. Biol. Evol.*, 21(3):454-462.
- Kiraz, S. 2009. Şanlıurfa Yöresindeki Küçükbaş Hayvanların Filogenetik Yapılarının Moleküler Tekniklerle Belirlenmesi Çalışmaları. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Şanlıurfa. (Doktora Tezi).
- Kul, B. Ç. 2010. Türkiye Yerli Keçi Irklarının Mitokondrial DNA Çeşitliliği ve Filocoğrafyası. Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara. (Doktora Tezi).
- Lin B.Z., Odahara S., Ishida M., Kato T., Sasazaki S., Nozawa K. and Mannen H., 2013. Molecular phylogeography and genetic diversity of East Asian goats. *Animal Genetics*, 44:79-85.
- Liu, R.Y., Lei, C.Z., Liu, S. H., Yang, G.S. 2007. Genetic Diversity and Origin of Chinese Domestic Goats Revealed by Complete mtDNA D-loop Sequence Variation. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 20:178-183.
- Liu, Y.P., Cao, S.X., Chen, S.Y., Yao, Y.G., Liu, T.Z. 2009. Genetic diversity of Chinese domestic goat based on the mitochondrial DNA sequence variation. *J. Anim. Breed. Genet.*, 126(1):80-89.
- Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.D., Bouvet, J., Taberlet, P. 2001. Multiple Maternal Origins and Weak Phylogeographic Structure in Domestic Goats. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 98(10):5927-5932.
- Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S.A., Naghash, H.R., El-Barody, M.A., Ertugrul, O., Pompanon, F., 2007. Econogene Consortium. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS ONE*, 2(10):e1012.
- Naderi, S., Rezaei, H.R., Pompanon, F., Blum, M.G.B., Negrini, R., Naghash, H.R., Balkiz, O., Mashkour, M., Gaggiotti, O. E., Ajmone-Marsan, P., Kence, A., Vigne, J.D., Taberlet, P. 2008. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *PNAS* 105 (46): 17659-17664.
- Odahara S., Chung H.J., Yu S.L., Sasazaki S., Mannen H., Park C. S. & Lee J.H. 2006. Mitochondrial DNA diversity of Korean native goats. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences.* 19:482-485.
- Parma, P., Feligini, M., Greeppi, G., Enne, G. 2003. The Complete Nucleotide Sequence of Goat (*Capra Hircus*) Mitochondrial Genome. *Goat Mitochondrial Genome. DNA Seq.*, 14(3):199-203.
- Pereira, F., Pereira, L., Van Asch, B., Bradley, D.G., Amorim, A. 2005. The mtDNA Catalogue of All Portuguese Autochthonous Goat (*Capra Hircus*) Breeds: High Diversity of Female Lineages at The Western Fringe of European Distribution. *Molecular Ecology.*, 14(8):2313-2318.
- Sardina, M.T., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., Van Kaam, J.B., Portolano, B., Folch, J.M. 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*, 37(4):376-378.
- Sultana, S., Mannen, H., Tsuji, S. 2003. Mitochondrial DNA Diversity of Pakistani Goats. *Animal Genetics*, 34(6):417-421.
- Sultana S. & Mannen H. 2004. Polymorphism and evolutionary profile of mitochondrial DNA control region inferred from the sequences of Pakistani goats. *Animal Science Journal*, 75:303-309.
- Wang, J., Chen, Y., Wang, X., Yang, Z. 2008. The genetic diversity of seven indigenous Chinese goat breeds. *Small Ruminant Research*, 74:231-237.
- Wu, Y.P., Guan, W.J., Zhao, Q.J., He, X.H., Pu, Y.B., Huo, J.H., Xie, J.F., Han, J.L., Rao, S.Q., Ma, Y.H. 2009. A fine map

- for maternal lineage analysis by mitochondrial hypervariable region in 12 Chinese goat breeds. *Animal Science Journal*, 80(4):372-380.
- Zeder, M.A., Hesse, B. 2000 . The initial Domestication of Goats (*Capra hircus*) in The Zagros Mountains 10,000 Years Ago. *Science*, 287(5461):2254-2257.
- Zhao Y.J., Zhang J.H., Zhao E.H., Zhang X.G., Liu X.Y. and Zhang N.Y., 2011. Mitochondrial DNA diversity and origins of domestic goats in Southwest China (excluding Tibet). *Small Ruminant Research*, 95, 40–47.
- Zhong, T., Zhao, Q.J., Niu, L.L., Wang, J., Jin, P.F., Zhao, W., Wang, L.J., Li, L., Zhang, H.P., Ma, Y.H. 2013. Genetic phylogeography and maternal lineages of 18 Chinese black goat breeds. *Trop Anim. Health Prod.* 45:1833–1837.