

Develi Yöresinde Koyunlarda *Babesia ovis*'in Moleküler Prevalansı ve Genetik Karakterizasyonu

Araştırma Makalesi
10.32707/ercivet.1830765

Künye:

Cilt: 23(1)

Yıl: 2026

Sayfa: 59-67

Şükrü Serden YILDIRIMLI^a
Simge ŞAHİN^b
Zuhal ÖNDER^{c*}

^a Yük. Lis. Öğr., Erciyes Üniversitesi,
serdenprb@gmail.com

^b Dok. Öğr., Erciyes Üniversitesi,
simges9h3n@gmail.com

^c Doç. Dr., Erciyes Üniversitesi,
zuhalbiskin@erciyes.edu.tr

* Sorumlu Yazar

Geliş Tarihi: 27/11/2025

Kabul Tarihi: 3/04/2026

Atıf:

Yıldırım ŞS, Şahin S, Önder Z. Develi yöresinde koyunlarda *Babesia ovis*'in moleküler prevalansı ve genetik karakterizasyonu. Erciyes Univ Vet Fak Derg 2026; 23(1), 59-67.
<https://doi.org/10.32707/ercivet.1830765>

Öz

Bu çalışmada, Kayseri ilinin Develi ilçesinde koyunlarda *Babesia ovis*'in moleküler prevalansının araştırılması, genetik karakterizasyonlarının sağlanması ve filogenetik yapılanmalarının ortaya konulması amaçlanmıştır. Bu amaçla 2025 yılı Mart-Kasım ayları arasında Develi yöresinde farklı yaş ve cinsiyetteki toplam 125 Akkaraman ırkı koyundan EDTA'lı tüplere kan örnekleri alınmıştır. Kan örneklerinden genomik DNA izolasyonu gerçekleştirildikten sonra elde edilen izolatlar, *B. ovis*'in 18S rRNA gen bölgesini amplifiye eden spesifik primerlerle PCR analizlerine tabi tutulmuştur. PCR analizleri sonucu iki (%1.6) örnek *B. ovis* DNA'sı yönünden pozitif belirlenmiştir. Pozitif belirlenen ampikonların, sekans analizleri yapılarak hedef gen bölgesine ait nükleotid dizilimler elde edilmiştir. Elde edilen izolatların 18S rRNA gen bölgelerinin kendi aralarında nükleotid farklılığı saptanmamıştır. Bu nedenle elde edilen izolatlardan yalnızca birinin GenBank veri tabanına kaydı (PX606435) sağlanmıştır. Sekans kaydı gerçekleştirilen izolat GenBank veri tabanında mevcut *B. ovis* izolatları ile çoklu hizalaması yapılarak filogenetik analizleri gerçekleştirilmiştir. Yapılan çoklu hizalama ve filogenetik analizler sonucunda *B. ovis* Shp-Bov izolatımızın Türkiye (OR984761, MN493112, KU342695, KY867435), İran (KY581552), Irak (MN309740) ve İspanya (AY533146)'dan bildirilen *B. ovis* izolatları ile birlikte kümelendiği tespit edilmiştir. Sonuç olarak, bu çalışma ile Develi yöresinde koyunlarda *B. ovis*'in moleküler karakterizasyonu yapılmış, Türkiye ve dünyadaki diğer *B. ovis* izolatları ile filogenetik ilişkileri ortaya konulmuştur.

Anahtar kelimeler: 18S rRNA, *Babesia ovis*, koyun, PCR



Molecular Prevalence and Genetic Characterization of *Babesia ovis* in Sheep from the Develi District

Abstract

This study aimed to investigate the molecular prevalence of *Babesia ovis* in sheep from the Develi district of Kayseri province. It was also aimed to determine the genetic characterization and phylogenetic relationships of *B. ovis* isolates. For this purpose, blood samples were collected into EDTA tubes from a total of 125 Akkaraman sheep of different ages and sexes in the Develi district between March and November 2025. Genomic DNA was isolated from the collected blood samples, and the isolates were subjected to PCR analyses using specific primers amplifying the 18S rRNA gene region of *B. ovis*. PCR analyses revealed that two samples (1.6%) were positive for *B. ovis* DNA. Sequence analyses of the positive amplicons were performed to obtain the nucleotide sequences of the target gene region. No nucleotide variation was observed among the 18S rRNA gene sequences of the

Screened by



Except where otherwise noted, content in this article is licensed under a Creative Commons 4.0 International license. Icons by Font Awesome.

obtained isolates. Therefore, only one of the isolates was submitted to the GenBank database (PX606435). The sequenced isolate was aligned with existing *B. ovis* isolates in the GenBank database, and phylogenetic analyses were performed. Multiple alignment and phylogenetic analysis indicated that the *B. ovis* Shp-Bov isolate clustered together with previously reported *B. ovis* isolates from Türkiye (OR984761, MN493112, KU342695, KY867435), Iran (KY581552), Iraq (MN309740), and Spain (AY533146). In conclusion, this study provides the molecular characterization of *B. ovis* in sheep from the Develi district and elucidates its phylogenetic relationships with other *B. ovis* isolates from Türkiye and around the world.

Keywords: 18S rRNA, *Babesia ovis*, PCR, sheep



Giriş

Babesia türlerinin neden olduğu babesiosis; tropik, subtropik ve ılıman bölgelerde küçük ruminantlarda yaygın olarak görülen kene kaynaklı bir enfeksiyondur (Kuttler, 1988; Schnittger ve ark., 2012). Küçük ruminantlarda babesiosise, *Babesia ovis*, *B. motasi*, *B. crassa*, *B. foliata*, *B. taylori*, *Babesia* sp. Xinjiang, *Babesia* sp. BQ1 (Lintan) ve *B. aktasi* türleri neden olmaktadır (Uilenberg ve ark., 1980; Levine, 1985; Friedhoff, 1997; Özübek ve ark., 2023). Bu türler arasında, özellikle *B. ovis*, küçük ruminantlarda en yaygın bildirilen ve oldukça patojenik türlerden biridir (Altay ve ark., 2007; Sevinç ve Xuan, 2015). Etken Ixodidae ailesine bağlı keneler tarafından biyolojik olarak nakledilmekte ve duyarlı hayvanlarda akut, subakut veya kronik enfeksiyonlara neden olabilmektedir (Kuttler, 1988; İnci ve ark., 2016). Heteroksen bir yaşam döngüsüne sahip *B. ovis*, özellikle iki konaklı *Rhipicephalus* keneleri ile nakledilmektedir. Bu türlerden *R. bursa* etkeni transovarial olarak nakledebilen tek tür olarak belirlenmiş ve parazitin esas vektörü olarak kabul edilmektedir. Bunun yanında *R. turanicus*, *R. sanguineus*, *R. evertsi*, *Hyalomma excavatum* (Friedhoff, 1997) ve *H. marginatum* (Razmi ve ark., 2002)'unda parazite vektörlük yaptığı bildirilmiştir (Yeruham ve ark., 1998; Rahbari ve ark., 2007; Esmailnejad ve ark., 2014).

Babesiosis'in tanısında klinik bulgular, kan yaymalarının mikroskopik muayenesi ve serolojik testler kullanılmaktadır (Tavassoli ve ark., 2013; Weiland ve Reiter, 2018; Alvarez ve ark., 2019). Ancak bu yöntemlerin duyarlılık ve özgüllük açısından sınırlı olduğu bildirilmektedir (Zintl ve ark., 2003; Schnittger ve ark., 2012). Kan yaymalarının mikroskopik muayenesi, düşük parazit yoğunluğuna sahip hayvanlarda enfeksiyonların tespit edilmesinde yetersiz kalabilmektedir (Schnittger ve ark., 2012). Serolojik testler ise çapraz reaksiyonlar veya zayıf spesifik bağışıklık yanıtları nedeniyle genellikle yanlış pozitif veya yanlış negatif sonuçlar verebilmektedir (Bock ve ark., 2004). Bu nedenle, son yıllarda *Babesia* türlerinin tespiti ve tür düzeyinde ayırımı için moleküler yöntemler, özellikle de PCR temelli analizler, yüksek duyarlılık ve özgüllükleri nedeniyle yaygın olarak kullanılmaktadır (Aktaş ve ark., 2005; Naderi ve ark., 2017; Taqddus ve ark., 2025). PCR temelli analizlerin kullanılması hem klinik olgularda etkenin doğrulanmasında hem de asemptomatik taşıyıcıların saptanarak hastalığın epidemiyolojisinin ortaya konulmasında önemli avantajlar sağlamaktadır (Altay ve ark., 2008; Esmailnejad ve ark., 2014; Sevinç ve Xuan, 2015).

Bu çalışmada, Kayseri'nin Develi yöresinde koyunlarda *B. ovis*'in moleküler olarak araştırılması, epidemiyolojik özgün verilerin elde edilmesi, belirlenecek izolatların moleküler karakterizasyonları ile filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Gereç ve Yöntem

Etik Kurul Onayı

Bu çalışma için etik kurul onayı Erciyes Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurul (ERÜ-HADYEK) Başkanlığı'ndan alınmıştır (03.10.2024 tarih ve 24/172 sayılı).

Araştırma Sahası ve Örneklerin Toplanması

Çalışmanın materyalini, 2025 yılı Mart-Kasım ayları arasında, Kayseri ilinin Develi ilçesinde halk elinde yetiştiriciliği yapılan toplam 10 farklı işletmeden rastgele seçilen toplam 125 Akkaraman ırkı koyuna ait tam kan örneği oluşturmuştur. Örnekleme sürecinde, her bir işletmeden sürü büyüklüğüne göre yaklaşık 10-15 adet hayvan seçilmiştir. İşletme sahiplerinden alınan anamnez bilgilerine göre, örnekleme yapılan sürülerde düzensiz aralıklarla akarisit uygulaması yapıldığı bildirilmiştir. Klinik olarak sağlıklı olan toplam 125 koyunun vena jugularis'inden tekniğine uygun olarak 5 ml'lik steril EDTA'lı (di-sodium ethylenediamine tetra-acetate) tüplere kan alınmıştır. Alınan kan örneklerinin her birine protokol numarası verilmiş ve hayvanlara ait yaş ve cinsiyet bilgileriyle birlikte kayıt altına alınmıştır. Örnekler, ilk aşamada -20°C'de muhafaza edilmiş ve sonrasında soğuk zincirde Erciyes Üniversitesi Veteriner Fakültesi Parazitoloji Anabilim Dalı Laboratuvarı'na getirilmiştir. Laboratuvara getirilen örnekler analizleri yapıncaya kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir. Örnek alınan hayvanların yaş ve cinsiyetlerine göre dağılımları Tablo 1'de verilmiştir.

Tablo 1. İncelenen koyun kan örneklerinin *B. ovis* pozitifliğinin cinsiyet ve yaş gruplarına göre dağılımı

	İncelenen Örnek Sayısı	Pozitif Örnek Sayısı
Yaş (ay)		
6-12	13	-
13-18	49	-
19-24	63	2
Cinsiyet		
Dişi	75	2
Erkek	50	-
Toplam	125	2

Genomik DNA İzolasyonu

-20°C'de muhafaza edilen örnekler ekstraksiyon öncesinde oda ısısında çözünmeye bırakılmıştır. Çözünen örneklerden genomik DNA izolasyonları ticari bir kit (PureLink™ Genomic DNA kit, Invitrogen™, Carlsbad, ABD) kullanılarak ilgili kitin protokolü takip edilerek gerçekleştirilmiştir. İzole edilen genomik DNA'ların total genomik DNA miktarları (ng/µl) Qubit® 3.0 Fluorometric Quantitation (Thermo Scientific, Waltham, MA, ABD) cihazında belirlenmiştir. Takiben, ölçümleri tamamlanan genomik DNA'lar PCR analizlerine tabi tutulana kadar -20°C'de muhafaza edilmiştir.

18S rRNA Gen Bölgesinin Amplifikasyonu ve Sekans Analizleri

Kan örneklerinden elde edilen genomik DNA izolatları, *B. ovis*'in 18S ribozomal RNA (18S rRNA) gen bölgesinin 549 bp fragmanını amplifiye eden Bbo-F (5'TGGGCAGGACCTTGGTTCTTCT-3') ve Bbo-R (5'-CCGCGTAGCGCCGGCTAAATA-3') primerleri ile PCR analizlerine tabi tutulmuştur (Aktaş ve ark., 2005). Reaksiyon karışımı 25 µl final konsantrasyonda; 12.5 µl ticari master mix (DreamTaq™ Hot Start Green PCR Master Mix, Thermo Scientific, ABD), 1.3 µl her bir primer (10 µM konsantrasyon), 7.9 µl steril ddH2O ve 2 µl template DNA (10-20 ng/µl) içerecek şekilde hazırlanmıştır. Elde edilen karışım amplifikasyon için termal siklus cihazına (Bio-Rad C1000 Touch, Thermo Scientific) konulmuş ve ilk denatürasyon: 95°C'de 3 dk; denatürasyon: 95°C'de 1 dk, bağlanma: 55°C'de 30 s, uzama: 72°C'de 1 dk, 35 siklus; son uzama: 72°C'de 10 dk olacak şekilde ayarlanmıştır. PCR analizlerinin geçerliliğinin ve herhangi bir kontaminasyonun olup olmadığının test edilmesi amacıyla her analizde pozitif kontrol

olarak Fırat Üniversitesi Veteriner Fakültesi Parazitoloji Anabilim Dalı öğretim üyesi Prof. Dr. Münir AKTAŞ'ın 18S rRNA geninin sekansı yapılarak *B. ovis* olduğu tespit edilen bir koyun izolatına ait genomik DNA ile negatif kontrol olarak sterilize edilmiş deiyonize su kullanılmıştır.

Amplifikasyon sonunda elde edilen PCR ürünleri (5 µl) %1.5'lük agaroz jelde elektroforeze tabi tutularak, iBright™ CL1500 Jel Görüntüleme Sisteminde (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, ABD) görüntülenip analiz edilmiştir. Hedef baz aralığında tespit edilen bantlar sekans analizleri öncesinde ticari bir kit kullanılarak (High Pure PCR Product Purification Kit, Roche, Almanya) jelden pürifiye edilmiştir. Sekans analizleri PCR analizlerinde kullanılan ileri ve geri yönlü primer dizileri ile çift yönlü olarak gerçekleştirilmiştir (Macrogen, Europe). Çift yönlü DNA dizisi belirlenen izolatlar için kromotogramlar Quality (Phred) skorlarına göre dikkatlice analiz edildikten sonra Geneious Prime (<https://www.geneious.com>) yazılımında işlenmiş ve kalite skoru yüksek 549 bp uzunluğundaki hedef bölge sekansları sağlanarak izolatlar için final nükleotid dizilimleri elde edilmiştir.

Genotiplendirme ve Filogenetik Analizler

Çalışmada elde edilen izolatlar için nükleotid dizilimleri, GenBank BLASTn algoritması (Altschul ve ark., 1990) kullanılarak GenBank'ta kayıtlı tüm *B. ovis* genotiplerine ait nükleotid sekansları ile çoklu hizalamaları yapılarak karşılaştırılmış ve moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. Takiben karakterize edilen nükleotid dizilerinin GenBank veri bankasına kayıtları yapılmış ve erişim numaraları alınmıştır. *Babesia ovis* izolatları arasındaki genetik farklılıklar Geneious Prime yazılımı kullanılarak belirlenmiştir. Filogenetik yapılanmaların belirlenmesinde Maximum Likelihood (ML) analizleri uygulanmıştır. Bu kapsamda öncelikle GenBank veri tabanında kayıtlı *B. ovis* 18S rRNA izolatları ile bir veri seti oluşturulmuştur. Daha sonra ML analizleri için en uygun modelin belirlenmesinde jModelTest v.0.1.1 (Posada, 2008) kullanılmış ve en düşük AIC (Akaike Information Criterion) değeri filogenetik ağaçların oluşturulmasında tercih edilmiştir. ML analizleri MEGA X (Kumar ve ark., 2018) yazılımı üzerinden gerçekleştirilmiştir. ML analizleriyle oluşturulan ağaçların güvenilirliğinin tespit edilmesinde 1000 tekrarlı Bootstrap testi kullanılmıştır.

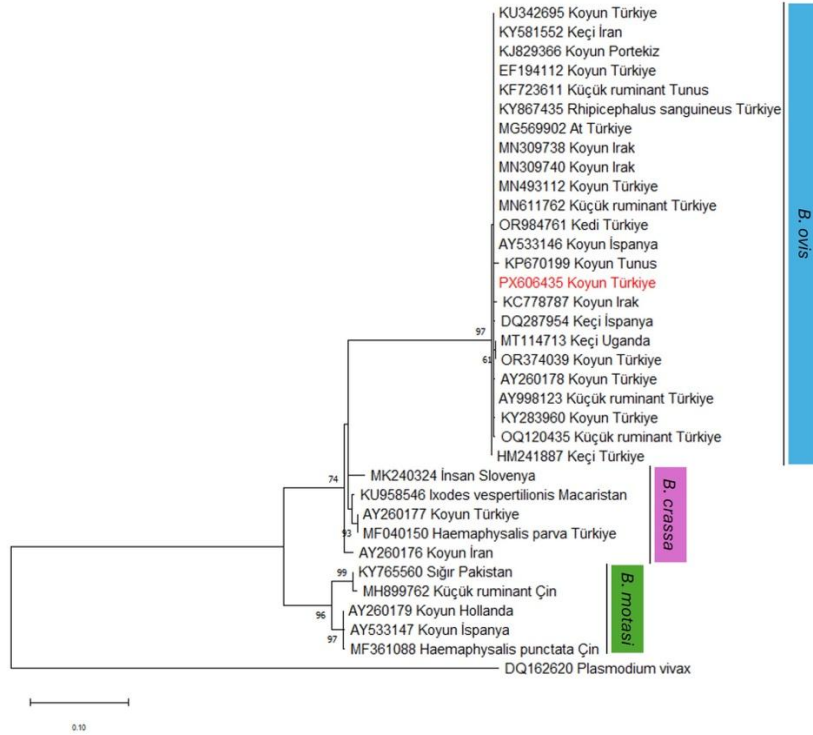
Bulgular

PCR analizleri sonucu farklı yaş ve cinsiyetteki 125 koyuna ait kan örneklerinden elde edilen genomik DNA örneklerinin yalnızca ikisinde (%1.6) *B. ovis* DNA'sı tespit edilmiştir. Bununla birlikte pozitif örneklerin ikisi de 19-24 ay arası dişi hayvanlardan elde edilmiştir (Tablo 1). Pozitif örnek sayısının düşük olması nedeniyle örneklenen koyunların yaş ve cinsiyetleri temelinde herhangi bir istatistik analiz ve değerlendirme yapılamamıştır.

Babesia ovis'e ait olan izolatların 18S rRNA gen bölgesi 549 baz uzunluğunda olarak başarılı bir şekilde çoğaltılmış ve izolatlar için elde edilen son nükleotid dizilerinden ileri ve geri yönlü primer dizilimleri çıkartıldıktan sonra 515 baz uzunluğunda DNA dizisi elde edilmiştir. İki izolatın parsiyel 18S rRNA gen bölgelerinin kendi aralarında nükleotid farklılığı saptanmamıştır. Bu izolatlar arasından sadece bir izolatın (Shp-Bov) GenBank kaydı "PX606435" erişim numarası ile sağlanmıştır. *Babesia ovis* Shp-Bov izolatının (PX606435) GenBank BLASTn analizleri sonrasında Türkiye'de bir kediden (OR984761), koyundan (MN493112, KU342695) ve *R. sanguineus* kenesinden (KY867435), İran'da bir keçiden (KY581552), Irak'ta (MN309740) ve İspanya'da (AY533146) bir koyundan bildirilen *B. ovis* izolatları ile %100 benzer olduğu ve aralarında nükleotid farklılığı olmadığı saptanmıştır.

Filogenetik analizler için oluşturulan 18S rRNA gen bölgesi veri setine, çalışmadan elde edilen *B. ovis* izolatı ile birlikte GenBank'ta mevcut olan ve koyunlarda babesiosis'e neden olan *B. ovis*, *B. crassa* ve *B. motasi* türlerine ait toplam 34 izolat dahil edilmiştir. ML filogenisi için en uygun model Tamura-Nei (TN93) olarak belirlenmiş ve 1000 tekrarlı filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Şekil 1). Şekil 1'de görüldüğü üzere analize dahil edilen tüm izolatlar, tür bazında monofiletik yapıda bir kümelenme göstermiş ve filogenetik çözünürlük, genotipler bazında yüksek bootstrap oranları ile desteklenmiştir.

Çalışmada koyun kan örneğinden izole edilen *B. ovis* izolatu Shp-Bov'un (PX606435) filogenetik ağaçta (Şekil 1) Türkiye (OR984761, MN493112, KU342695, KY867435), İran (KY581552), Irak (MN309740) ve İspanya (AY533146) 'dan bildirilen *B. ovis* izolatları ile birlikte kümelenmiştir.



Şekil 1. *Babesia ovis* izolatlarının 18S rRNA gen bölgesi Maximum Likelihood analizine göre filogenetik ağacı. Türkiye'den elde edilen izolat kırmızı yazı tipi ile gösterilmiştir. Düğüm noktalarındaki sayılar 1000 tekrarlı bootstrap analizi sonucu elde edilen destek değerlerini göstermektedir. Ölçek çubuğu, nükleotid değişimi başına 0.01'lik bir mesafeyi temsil etmektedir. Dış grup olarak *Plasmodium vivax* (DQ162620) kullanılmıştır.

Tartışma ve Sonuç

Türkiye'nin iklim koşullarının, coğrafi konumun ve yem kaynaklarının elverişli olması hayvancılığı önemli bir üretim kolu hâline getirmekte; küçükbaş hayvan yetiştiriciliği ise bu yapının temel bileşenlerinden birini oluşturmaktadır (Ceylan ve ark., 2021a). 2025 yılı TÜİK verilerine göre, kümes hayvanları hariç tutulduğunda, büyükbaş ve küçükbaş hayvan varlığının yaklaşık %62.4'ünü koyunların oluşturduğu bildirilmektedir (TÜİK, 2025). Koyun varlığının hayvancılık sektöründe önemli bir yerinin olması, kene kaynaklı enfeksiyonların sürü sağlığı ve verimliliği üzerindeki olası etkilerinin ortaya konulmasını daha da önemli hâle getirmektedir (İnci ve ark., 2016). Bu nedenle çalışmada koyun yetiştiriciliğinin yoğun yapıldığı Kayseri'nin Develi ilçesinde bulunan işletmelerde *B. ovis*'in moleküler prevalansı araştırılmış ve yöredeki babesiosis durumu değerlendirilmiştir.

Küçük ruminantlarda babesiosis'in ana etkeni *B. ovis* olup tropikal ve subtropikal bölgelerdeki koyun endüstrisinde önemli bir ekonomik etkiye sahiptir (Uilenberg, 2006; Sevinç ve ark., 2013). Türkiye'nin tüm coğrafi bölgelerinde koyunlarda *B. ovis*'in varlığı mikroskopik, serolojik ve moleküler yöntemler ile rapor edilmiştir (Ceylan ve ark., 2021b). Mevcut çalışmada, Develi yöresinde 125 koyundan alınan kan örneklerinden elde edilen genomik DNA'ların 18S rRNA gen bölgesinin PCR analizleri sonucunda %1,6'sının (2/125) *B. ovis* ile enfekte olduğu tespit edilmiştir. Kayseri ilinde küçük ruminantlarda *B. ovis* prevalansının araştırıldığı iki çalışma bulunmaktadır. Kayseri iline bağlı Yeşilhisar merkez ve köylerinden seçilen sağlıklı 200 koyun ve 100 keçi olmak üzere toplam 300 küçük

ruminanttan alınan kan örneklerinde reverse line blotting (RLB) yöntemi ile koyunlarda %2.6 oranında *B. ovis* pozitifliği tespit edilmiştir (Saraylı ve ark., 2006). İnci ve ark. (2010) Ocak 2006-Eylül 2008 tarihleri arasında Orta Anadolu bölgesinde yer alan Kayseri, Sivas ve Yozgat illerinde RLB yöntemi ile koyunlarda *B. ovis*'in moleküler prevalansını araştırmışlardır. Araştırmacılar Kayseri ilinden örnekledikleri 343 koyun ve 100 keçide RLB incelemeleri sonucunda parazitin prevalansını koyunlarda %1.5 (5/343) keçilerde ise %1.0 (1/100) olarak saptamışlardır. Türkiye'nin farklı bölgelerinde ise koyunlarda moleküler analizler sonucu *B. ovis*'in prevalansının %0.3-21.4 arasında olduğu bildirilmiştir (Ceylan ve ark., 2021a). Çalışmamızda elde ettiğimiz oranın, Türkiye'den bildirilen prevalans değerleri arasında olduğu görülmüştür. Prevalans değerleri arasındaki bu farklılığın, örnekleme yapılan bölgelerin coğrafi ve iklimsel özelliklerinden, örnekleme dönemi, örneklem büyüklüğü, örnek sayısı, vektör kene popülasyonlarındaki farklılıklardan veya kullanılan tanı yöntemlerinden kaynaklanıyor olabileceği düşünülmüştür. Bunun yanında düşük moleküler prevalans oranlarının babesiosis'in tedavisinde kullanılan imidocarb dipropionatın bilinçsizce kullanılmasının rol oynayabileceği de bildirilmektedir. Bu ilacın yıllık tüketimine ilişkin resmi bir veri bulunmadığı ancak veteriner klinikleri ve hayvan yetiştiricileriyle yapılan görüşmeler ile özellikle kenelerin aktif olduğu dönemlerde sürüden geri kalan ve yüksek ateş ile hemoglobüri gibi belirtiler gösteren koyunlarda ilacın yoğun şekilde kullanıldığı rapor edilmiştir (Sevinç ve Xuan, 2015). Hashemi ve Fesharki, (1977) *B. ovis* ile enfekte ettikleri kuzuları imidocarb dipropionat ile tedavi sonrasında kuzulardan aldıkları kan örneklerinin mikroskopik muayenesinde etken yönünden negatif olduğunu bildirmişlerdir. Benzer şekilde, Sevinç ve ark. (2007) deneysel olarak *B. ovis* ile enfekte edilmiş kuzuların tedavisinde imidocarb dipropionatın etkili olduğunu ve tedaviden kısa bir süre sonra parazitlerin eliminasyonunu sağladığını bildirmişlerdir.

Çalışmada karakterize edilen *B. ovis* izolatının 18S rRNA gen bölgesinin 515 bp'lik kısmı kullanılarak filogenetik analiz yapılmıştır. Filogenetik analizler sonucunda, 18S rRNA gen sekansının, Türkiye (OR984761, MN493112, KU342695, KY867435), İran (KY581552), Irak (MN309740) ve İspanya (AY533146)'dan kedi, koyun ve kene örneklerinden bildirilen *B. ovis* izolatları ile %100 benzer oldukları ortaya çıkmıştır. Bu yüksek benzerlik, *B. ovis*'in farklı coğrafi bölgelerde genetik olarak oldukça korunmuş olduğunu göstermektedir.

Sonuç olarak, bu çalışma ile Kayseri'nin Develi yöresinde bulunan çeşitli koyun işletmelerindeki koyunlardan alınan kanlardan elde edilen genomik DNA örneklerinde *B. ovis*'in 18S rRNA geninin moleküler karakterizasyonu yapılmış ve Türkiye ve dünyadaki diğer *B. ovis* izolatları ile filogenetik ilişkileri belirlenmiştir. Ülke genelindeki küçük ruminantlarda *B. ovis*'in dağılımı ve genetik çeşitliliği hakkında bilgiler elde edebilmek için Türkiye'nin farklı bölgelerinde daha kapsamlı moleküler epidemiyolojik çalışmaların yapılması gerekmektedir.



Hakem: Dış, Bağımsız.

Teşekkür:

-

Beyanname:

1. Özgünlük Beyanı:

Bu çalışma "Koyunlarda *Babesia ovis*'in Moleküler Prevalansı ve Genetik Karakterizasyonu" başlıklı yüksek lisans tezinden üretilmiştir.

2. Yazar Katkıları:

Fikir: ZÖ; **Kavramsallaştırma:** ZÖ; **Literatür Taraması:** ŞSY,ZÖ; **Veri Toplama:** ŞSY; **Veri İşleme:** ŞSY,ŞŞ; **Analiz:** ŞSY,ŞŞ; **Yazma - orijinal taslak:** ŞSY,ŞŞ,ZÖ; **Yazma - inceleme ve düzenleme:** ŞSY,ŞŞ,ZÖ.

3. Etik Kurul İzni:

Bu çalışma için etik kurul izni, Erciyes Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'nun 03.10.2024 tarihli ve 24/172 sayılı kararı ile alınmıştır.

4. Finansman/Destek:

Bu çalışma, TYL-2024-14269 proje kodu ile Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından finanse edilmiştir.

5. Çıkar Çatışması:

Yazarlar, herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan etmektedirler.

6. Üretken Yapay Zeka Beyanı:

Çalışmanın hiçbir safhasında yapay zeka araçlarından faydalanılmamıştır.

7. Sürdürülebilir Kalkınma Amaçları:



KAYNAKÇA

- Aktas M, Altay K, Dumanli N. Survey of *Theileria* parasites of sheep in eastern Turkey using PCR. Small Rumin Res 2005; 60: 289-93.
- Altay K, Aydın MF, Dumanli N, Aktas M. Molecular detection of *Theileria* and *Babesia* infections in cattle. Vet Parasitol 2008; 158: 295-301.
- Altay K, Dumanli N, Aktas M. Molecular identification, genetic diversity and distribution of *Theileria* and *Babesia* species infecting small ruminants. Vet Parasitol 2007; 147(1-2): 161-5.
- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. Basic local alignment search tool. J Mol Biol 1990; 215(3): 403-10.
- Alvarez JA, Rojas C, Figueroa JV. Diagnostic tools for identifying *Babesia* in cattle. Pathogens 2019; 143.
- Bock R, Jackson L, de Vos A, Jorgensen W. Babesiosis of cattle. Parasitology 2004; 129(Suppl): 247-69.
- Ceylan O, Xuan X, Sevinç F. Primary tick-borne protozoan and rickettsial infections of animals in Turkey. Pathogens 2021a; 10:231.
- Ceylan O, Byamukama B, Ceylan C, Galon EM, Liu M, Masatani T, Xuan X, Sevinç F. Tick-borne hemoparasites of sheep: molecular research in Turkey. Pathogens 2021b; 10(2): 162.
- Esmailnejad B, Tavassoli M, Asri-Rezaei S, Dalir-Naghadeh B, Mardani K, Jalilzadeh-Amin G, Golabi M, Arjmand J. PCR-based detection of *Babesia ovis* in *Rhipicephalus bursa* and small ruminants. J Parasitol Res 2014; 294704.
- Friedhoff KT. Tick-borne diseases of sheep and goats caused by *Babesia*, *Theileria* or *Anaplasma* spp. Parasitologia 1997; 39(2): 99-109.
- Hashemi-Fesharki R. Studies on imidocarb dihydrochloride in *Babesia ovis* infection. Br Vet J 1977; 133(6): 609-14.
- İnci A, İça A, Yıldırım A, Düzlü Ö. Identification of *Babesia* and *Theileria* species in small ruminants in Central Anatolia. Turk J Vet Anim Sci 2010; 34(2): 205-10.

- Inci A, Yildirim A, Duzlu O, Doganay M, Aksoy S. Tick-borne diseases in Turkey: a review based on One Health perspective. *PLoS Negl Trop Dis* 2016; 10: e0005021.
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol Biol Evol* 2018; 35 (6): 1547-49.
- Kuttler KL, Zaugg JL, Yunker CE. The pathogenicity and immunologic relationship of a virulent and a tissue-culture-adapted *Babesia bovis*. *Vet Parasitol* 1988; 27(3-4): 239-44.
- Levine ND. Apicomplexa: The Piroplasms. Levine ND. ed. In: *Veterinary Protozoology*. Iowa State University Press, Ames, 1985; pp. 291-328.
- Naderi A, Nayebzadeh H, Gholami S. Detection of *Babesia* infection among human, goats and sheep in West Iran. *J Parasit Dis* 2017; 41(3): 837-42.
- Ozubek S, Ulucesme MC, Aktas M. Discovery of a novel species infecting goats: morphological and molecular characterization of *Babesia aktasi* n. sp. *Pathogens* 2023; 12(1): 113.
- Posada D. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Mol Biol Evol* 2008; 25(7): 1253-6.
- Rahbari S, Nabian S, Shayan P. Primary report on distribution of tick fauna in Iran. *Parasitol Res* 2007; 101(Suppl 2): 175-7.
- Razmi GR, Naghibi A, Aslani MR, Fathivand M, Dastjerdi K. An epidemiological study on ovine babesiosis in Mashhad suburb, Iran. *Vet Parasitol* 2003; 108(2): 109-15.
- Saraylı H, İnci A, İça A, Yıldırım A, Düzlü Ö. Yeşilhisar yöresindeki koyun ve keçilerde *Babesia* etkenlerinin Reverse Line Blotting (RLB) yöntemiyle araştırılması. *ERÜ Sağlık Bil Derg* 2006; 15(3): 181-9.
- Schnittger L, Rodriguez AE, Florin-Christensen M, Morrison DA. *Babesia*: a world emerging. *Infect Genet Evol* 2012; 12(8): 1788-809.
- Sevinç F, Turgut K, Sevinc M, Ekici OD, Coskun A, Koc Y, Erol M, İca A. Therapeutic and prophylactic efficacy of imidocarb dipropionate on *Babesia ovis*. *Vet Parasitol* 2007; 149: 65-71.
- Sevinç F, Sevinç M, Ekici OD, Yıldız R, Isik N, Aydogdu U. *Babesia ovis* infections: Detailed clinical and laboratory observations in the pre-and post-treatment periods of 97 field cases. *Vet Parasitol* 2013; 191: 35-43.
- Sevinç F, Xuan X. Major tick-borne parasitic diseases of animals: a frame of references in Turkey. *Eurasian J Vet Sci* 2015; 31(3): 132-42.
- Taqddus A, Naeem M, Muqaddas H, Ceylan C, Ceylan O, Sevinc F, Rahravani M, Moravedji M, Sazmand A, Iqbal F. Molecular detection, epidemiology and phylogenetic evaluation of *Babesia ovis* in healthy goats. *Res Vet Sci* 2025; 191:105672.
- Tavassoli M, Tabatabaei M, Mohammadi M, Esmailnejad B, Mohamadpour H. PCR-based detection of *Babesia* spp. infection in collected ticks from cattle in Iran. *J Arthropod Borne Dis* 2013; 7(2): 132-8.
- TÜİK. Hayvansal Üretim İstatistikleri 2025. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Hayvancilik-İstatistikleri-Haziran-2025-53936> Erişim tarihi: 20.11.2025.
- Uilenberg G, Rombach MC, Perié NM, Zwart D. Blood parasites of sheep in the Netherlands. II. *Babesia motasi*. *Vet Q* 1980; 2(1): 3-14.
- Uilenberg G. *Babesia*-a historical overview. *Vet Parasitol* 2006; 138(1-2): 3-10.
- Weiland G, Reiter I. Methods for measurement of serological response to *Babesia*. Ristic M. ed. In: *Babesiosis of Domestic Animals and Man*. Boca Raton: CRC Press, 2018; pp. 143-62.
- Yeruham I, Hadani A, Galker F. Some epizootiological and clinical aspects of ovine babesiosis caused

by *Babesia ovis*-a review. Vet Parasitol 1998; 74(2-4): 153-63.

Zintl A, Mulcahy G, Skerrett HE, Taylor SM, Gray JS. *Babesia divergens*, a bovine blood parasite of veterinary and zoonotic importance. Clin Microbiol Rev 2003; 16(4): 622-36.



