



**T.C.
ERCIYES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN MUSTELIDAE (MAMMALIA:
CARNIVORA) TÜRLERİNİN NÜKLEAR VE MİTOKONDRIYAL
DNA DİZİ ANALİZİ İLE MOLEKÜLER FİLOGENİSİ**

**Hazırlayan
Osman İBİŞ**

**Danışman
Prof. Dr. Coşkun TEZ**

Doktora Tezi

**Kasım 2013
KAYSERİ**

**T.C.
ERCIYES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN MUSTELIDAE
(MAMMALIA: CARNIVORA) TÜRLERİNİN NÜKLEAR VE
MİTOKONDRIYAL DNA DİZİ ANALİZİ İLE MOLEKÜLER
FİLOGENİSİ
(Doktora Tezi)**

**Hazırlayan
Osman İBİŞ**

**Danışman
Prof. Dr. Coşkun TEZ**

**Bu çalışma; Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından
FBD-11-3529 kodlu proje ile desteklenmiştir.**

**Kasım 2013
KAYSERİ**

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK

Bu çalışmadaki tüm bilgilerin, akademik ve etik kurallara uygun bir şekilde elde edildiğini beyan ederim. Aynı zamanda bu kural ve davranışların gerektirdiği gibi, bu çalışmanın özünde olmayan tüm materyal ve sonuçları tam olarak aktardığımı ve referans gösterdiğimi belirtirim.



Osman İBİŞ

YÖNERGEYE UYGUNLUK

Türkiye’de Yayılış Gösteren Mustelidae (Mammalia: Carnivora) Türlerinin Nükleer ve Mitokondriyal DNA Dizi Analizi ile Moleküler Filogenisi adlı Doktora tezi, Erciyes Üniversitesi Lisansüstü Tez Önerisi ve Tez Yazma Yönergesi’ne uygun olarak hazırlanmıştır.



Tez Hazırlayan

Osman İBİŞ



Danışman

Prof. Dr. Coşkun TEZ



Biyoloji ABD Başkanı

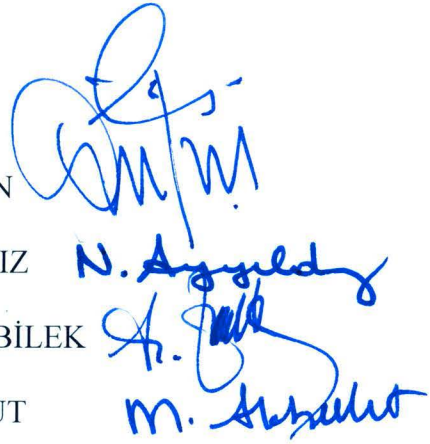
Prof. Dr. Nusret AYYILDIZ

Prof. Dr. Coşkun TEZ danışmanlığında **Osman İBİŞ** tarafından hazırlanan “**Türkiye’de Yayılış Gösteren Mustelidae (Mammalia: Carnivora) Türlerinin Nüklear ve Mitokondriyal DNA Dizi Analizi ile Moleküler Filogenisi**” adlı bu çalışma, jürimiz tarafından Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında **Doktora** tezi olarak kabul edilmiştir.

15.11.2013

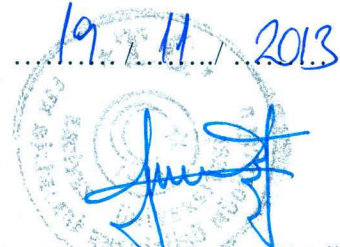
JÜRİ:

Danışman : Prof. Dr. Coşkun TEZ
 Üye : Prof. Dr. Yüksel COŞKUN
 Üye : Prof. Dr. Nusret AYYILDIZ
 Üye : Prof. Dr. Aydın Ş. TUNÇBİLEK
 Üye : Doç. Dr. Mikail AKBULUT



ONAY:

Bu tezin kabulü Enstitü Yönetim Kurulunun 19/11/2013 tarih ve 2013/50-15 sayılı kararı ile onaylanmıştır.

19.11.2013


Prof. Dr. Kâzım KEŞLİOĞLU

Enstitü Müdürü

TEŞEKKÜR

Hem çalışmalarım boyunca farklı bakış açısını, ilgi ve yardımını esirgemeyen, değerli bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan, örnek ve gerekli malzemelerin temininde bana yardımcı olan, hem de beşeri konularda bana yol gösteren ve tecrübelerini benimle paylaşan tez danışmanım Prof. Dr. Coşkun TEZ'e en içten teşekkürlerimi sunarım. Laboratuvar çalışmalarım sırasında bana önderlik eden, her türlü laboratuvar ihtiyaçlarımı karşılayan, iyi bir çalışma ortamı sağlayan değerli hocam Doç. Dr. Servet ÖZCAN'a ve Doç. Dr. Cem VURAL'a, örneklerin toplanmasında yardımcı olan Düzce Ü. öğretim üyesi Yrd. Doç. Dr. Akif KETEN'e, Çankırı Karatekin Ü. öğretim üyesi Yrd. Doç. Dr. Tarkan YORULMAZ'a, Dicle Ü. Dr. Aleattin KAYA'ya, Kafkas Ü. Öğretim üyeleri Yrd. Doç. Dr. Hamit USLU ve Yrd. Doç. Dr. Evren KOÇ'a, Biyoloji öğretmeni Rahime TEZ'e, Doğa Can TEZ'e, Taşkın TEZ'e, Eren AKSÖYEK'e ve Cesur KIRMANOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Ayrıca tez çalışmalarım esnasında her türlü kolaylığı gösteren Kafkas Üniversitesi Rektör yardımcısı Prof. Dr. Hidayet Metin ERDOĞAN'a, Veteriner Fakültesi Fizyoloji AD. Başkanı Prof. Dr. Ebru BEYTUT'a ve mesai arkadaşlarım Yrd. Doç. Dr. Hüseyin Avni EROĞLU, Arş. Gör. Gözde ATİLA ve Arş. Gör. Abdulsamed KÜKÜRT'e teşekkür ederim. Tez çalışmalarım sırasında hep yanımda olan desteklerini hiç esirgemeyen Erciyes Üniversitesindeki değerli laboratuvar ve çalışma arkadaşlarım Metin KILIÇ, Ömer Fikret GÜRKAN, Murat TELCİOĞLU ve diğer tüm laboratuvar arkadaşlarıma en içten teşekkürlerimi sunarım.

Yurt dışındaki çalışmalarım boyunca yardımlarını benden esirgemeyen University of California, Los Angeles (UCLA)'daki hocam Prof. Dr. Robert K. WAYNE'e, Dr. Klaus-Peter KOEPFLI'ye ve tüm laboratuvar arkadaşlarıma teşekkürü bir borç bilirim.

Bu çalışmayı maddi olarak "FBD-11-3529" kodlu proje ile destekleyen Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimine teşekkür ederim.

Varlıklarının verdiği gücü her zaman yanımda hissettiğim ve bu sayede ayakta kaldığım, hayatımın her aşamasında bana destek olan, beni hiçbir zaman yalnız bırakmayan babam Nail İBİŞ, kardeşlerim Emel ve Emsal İBİŞ'e ve zamansız ayrılığı ile miras bıraktığı tarifsiz acıyı yüreğime gömdüğüm canım annem Hatice İBİŞ'e içten ve sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca hayatımın tüm safhalarında varlığının verdiği gücü hissettiğim, sağladığı her türlü imkânı kullandığım, beni yetiştiren, geliştiren ülkem, TÜRKİYEM'e sonsuz minnettarım.

Osman İBİŞ
Kayseri, Kasım 2013

TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN MUSTELIDAE (MAMMALIA: CARNIVORA) TÜRLERİNİN NÜKLEAR VE MİTOKONDRIYAL DNA DİZİ ANALİZİ İLE MOLEKÜLER FİLOGENİSİ

Osman İBİŞ

Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü

Doktora Tezi, Kasım 2013

Danışman: Prof. Dr. Coşkun TEZ

ÖZET

Bu çalışmada Türkiye’deki mustelid türlerinin filogenisini oluşturmak ve genetik çeşitliliğini tespit etmek için toplam 123 örneğin mitokondriyal Cyt *b* geni (1.140 bç) ve nüklear GHR geninin (~630 bç) DNA dizileri, Maksimum Likelihood, Maksimum Parsimoni, Neighbor Joining, Bayesian Inference ve Network metotları kullanılarak analiz edildi. Türkiye ve Gen Bankası’ndan elde edilen DNA dizileri birlikte analiz edildi ve tüm analizler, Türkiye’de yedi mustelid türünün yayılış gösterdiğini (*Martes foina*, *Vormela peregusna*, *Meles meles*, *Meles canescens*, *Mustela nivalis*, *Mustela putorius* ve *Lutra lutra*) buna karşılık *Martes martes*’in yayılış göstermediğini ortaya çıkarmıştır. Bu çalışmada *Martes foina* için 24, *Vormela peregusna* için 9, *Meles meles* için 1, *Meles canescens* için 4, *Mustela nivalis* için 6, *Mustela putorius* için 1 ve *Lutra lutra* için 2 haplotip tespit edilmiştir. Analizlere göre *Meles* cinsi, Türkiye’nin Trakya kısmında *Meles meles* ve Anadolu kısmında ise *Meles canescens* türü ile temsil edilmektedir. *Vormela peregusna* türü daha önceki bir çalışmada önerildiği gibi Türkiye’nin Anadolu kısmındaki bir atasal popülasyondan dağılmış olabilir. Genetik çeşitlilik Türkiye’deki *Mustela nivalis*’te nispeten yüksek iken *Martes foina*’da ise düşük olarak tespit edilmiştir. Sonuç olarak Türkiye’nin Anadolu kısmı mustelidler için bir çeşitlilik merkezi olarak önerilmektedir.

Anahtar Kelimeler: Mustelidae, mtDNA, nDNA, Genetik Çeşitlilik, Filogeni, Türkiye.

**MOLECULAR PHYLOGENY OF SPECIES OF THE FAMILY
MUSTELIDAE (MAMMALIA: CARNIVORA) DISTRIBUTED IN TURKEY BY
THE ANALYSES OF NUCLEAR AND MITOCHONDRIAL DNA SEQUENCES**

Osman İBİŞ

Erciyes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences

Ph.D. Thesis, November 2013

Supervisor: Prof. Dr. Coşkun TEZ

ABSTRACT

In this study, to determine the genetic diversity and to construct phylogeny of Turkish mustelid species, a total of 123 samples were sequenced for mitochondrial Cyt *b* gene (1.140 bp) and nuclear GHR gene (~630 bp) and analyzed by using the Maximum Likelihood, Maximum Parsimony, Neighbor Joining, Bayesian Inference and Network methods. The sequences obtained from Turkey and GenBank were analyzed together and all analyses revealed that seven mustelid species (*Martes foina*, *Vormela peregusna*, *Meles meles*, *Meles canescens*, *Mustela nivalis*, *Mustela putorius* and *Lutra lutra*) were distributed in Turkey; however, *Martes martes* was not distributed. In this study, 24 haplotypes for *Martes foina*, 9 haplotypes for *Vormela peregusna*, 1 haplotype for *Meles meles*, 4 haplotypes for *Meles canescens*, 6 haplotypes for *Mustela nivalis*, 1 haplotype for *Mustela putorius* and 2 haplotypes for *Lutra lutra* were determined. According to our analyses, the genus *Meles* was represented with two species in Turkey: *Meles meles* (Thrace, Turkey) and *Meles canescens* (Anatolia or Asia Minor, Turkey). *Vormela peregusna* may have been dispersed from an ancestral population in the Anatolian part of Turkey, as suggested by a previous study. Genetic diversity was low in the Turkish *Martes foina*, while it was relatively high in the Turkish *Mustela nivalis*. Consequently, the Anatolian part of Turkey could be proposed as a diversification center for mustelids.

Keywords: Mustelidae, mtDNA, nDNA, Genetic Diversity, Phylogeny, Turkey.

İÇİNDEKİLER

TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN MUSTELIDAE (MAMMALIA: CARNIVORA) TÜRLERİNİN NÜKLEAR VE MİTOKONDRIYAL DNA DİZİ ANALİZİ İLE MOLEKÜLER FİLOGENİSİ

Sayfa

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK SAYFASI	i
YÖNERGEYE UYGUNLUK SAYFASI	ii
KABUL VE ONAY SAYFASI	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
ÖZET.....	v
ABSTRACT.....	vi
İÇİNDEKİLER	vii
KISALTMALAR VE SİMGELER.....	xvii
TABLolar LİSTESİ.....	xviii
ŞEKİLLER LİSTESİ	xxi
 GİRİŞ	 1

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER

1.1. Takım: Carnivora	8
1.1.1. Genel Özellikleri.....	9
1.1.2. Yayılış	9
1.1.3. Habitatı.....	10
1.1.4. Davranış Biyolojisi	10
1.1.5. Beslenme Tarzları ve Besinleri.....	10

1.1.6. Üreme Biyolojileri	11
1.1.7. Evrimsel Tarihi ve Sistematığı	12
1.2. Familya: Mustelidae.....	17
1.2.1. Genel Özellikleri.....	17
1.2.2. Yayılışı.....	18
1.2.3. Habitatı.....	18
1.2.4. Davranış Biyolojisi	18
1.2.5. Beslenme Tarzları ve Besinleri.....	19
1.2.6. Üreme Biyolojileri	19
1.2.7. Evrimsel Tarihi ve Sistematığı	20
1.3. Cins: <i>Martes</i> Pinel, 1792	22
1.3.1. Tür: <i>Martes martes</i> Linnaeus, 1758	23
1.3.1.1. Genel Özellikleri.....	23
1.3.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	24
1.3.2. Tür: <i>Martes foina</i> Erxleben, 1777	24
1.3.2.1. Genel Özellikleri.....	24
1.3.2.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	25
1.4. Cins: <i>Mustela</i> Linnaeus, 1758	26
1.4.1. Tür: <i>Mustela nivalis</i> Linnaeus, 1766.....	27
1.4.1.1. Genel Özellikleri.....	27
1.4.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	28
1.4.2. Tür: <i>Mustela putorius</i> Linnaeus, 1758.....	29
1.4.2.1. Genel Özellikleri.....	29
1.4.2.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	30
1.5. Cins: <i>Meles</i> Brisson, 1762.....	31
1.5.1. Tür: <i>Meles meles</i> Linnaeus, 1758.....	32
1.5.1.1. Genel Özellikleri.....	32
1.5.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	33
1.6. Cins: <i>Vormela</i> Blasius, 1884	33
1.6.1. Tür: <i>Vormela peregusna</i> Gldenstdt, 1770	34
1.6.1.1. Genel Özellikleri.....	34
1.6.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı.....	35
1.7. Cins: <i>Lutra</i> Brisson, 1762	36

1.7.1. Tür: <i>Lutra lutra</i> Linnaeus, 1758	37
1.7.1.1. Genel Özellikleri	37
1.7.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı	37
1.8. Filogeni Çalışmalarında Moleküler Yöntemlerin Kullanılması	38
1.9. Moleküler Belirteç Olarak Mitokondriyal DNA (mtDNA)	39
1.9.1. Moleküler Belirteç Olarak Mitokondriyal Sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>) Geni	41
1.10. Moleküler Belirteç Olarak Tip I STS Bölgeleri	42

2. BÖLÜM

GEREÇ VE YÖNTEM

2.1. Mustelid Örneklerine Ait Dokuların Toplanması ve Saklanması	43
2.1.1. Gen Bankası'ndan DNA Dizi Verilerinin Elde Edilmesi	54
2.2. Laboratuvar Çalışmaları	60
2.2.1. Çeşitli Dokulardan Total DNA İzolasyonu	60
2.2.2. Total DNA'ların Agaroza Jel Elektrophorezi ve Görüntülenmesi	62
2.2.3. Mitokondriyal (Sitokrom <i>b</i>) ve Nüklear (GHR) DNA Bölgelerinin PCR Yöntemiyle Çoğaltılması	63
2.2.3.1. Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması	63
2.2.3.2. Nüklear DNA GHR Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması	66
2.2.4. PCR Ürünlerinin Agaroza Jel Elektrophorezi ve Görüntülenmesi	67
2.2.5. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması ve Çoğaltılan Gen Bölgelerinin DNA Dizi Analizi	68
2.2.5.1. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması	68
2.2.5.2. PCR Ürünlerinin DNA Dizi Analizi	69
2.3. Mitokondriyal ve Nüklear DNA Bölgelerinin Veri Analizi	70
2.3.1. Mitokondriyal ve Nüklear DNA Bölgelerinin Dizi Analiz Verilerinin Okunması ve Düzenlenmesi	70
2.3.2. Mustelid Örneklerinin Filogenetik Analizleri	71

2.3.2.1. Mitokondriyal Sitokrom <i>b</i> ve Nüklear GHR	
Bölgelerinin Genetik Çeşitlilik Analizleri	73
2.3.2.2. DNA Veri Setleri İçin En Uygun Baz Değişim	
Modelinin Belirlenmesi	73
2.3.2.3. Mitokondriyal DNA Sitokrom <i>b</i> Haplotiplerinin	
Genetik Uzaklık (Distance) Analizi	73
2.3.2.4. Neighbor Joining (Komşu Birleştirme) (NJ) Analizi	73
2.3.2.5. Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) (MP) Analizi	74
2.3.2.6. Maksimum Likelihood (Olasılık) (ML) Analizi	74
2.3.2.7. Bayesian Filogenetik Analizi	74
2.3.3. Network Analizi	75

3. BÖLÜM

BULGULAR

3.1. Türkiye Mustelidlerinin Mitokondriyal ve Nüklear DNA Dizi Analizleri	76
3.1.1. Total DNA Elde Edilmesi	76
3.1.2. Hedeflenen Gen Bölgelerinin PCR ile Çoğaltılması	77
3.1.2.1. Mitokondriyal Sitokrom <i>b</i> Gen Bölgesinin PCR ile	
Çoğaltılması	77
3.1.2.2. Nüklear GHR Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması	78
3.2. Türkiye Mustelidlerinde Mitokondriyal Sitokrom <i>b</i> Gen Bölgesinin	
Genetik Analizi	79
3.2.1. <i>Martes</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen	
Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	79
3.2.2. <i>Vormela</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen	
Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	85
3.2.3. <i>Meles</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen	
Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	87
3.2.4. <i>Mustela</i> Cinsine Ait Örneklerinden Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen	
Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	90
3.2.5. <i>Lutra</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen	
Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	92

3.3. Türkiye Mustelidlerinde Nüklear GHR Gen Bölgesinin Genetik Analizi	93
3.3.1. <i>Martes</i> Cinsine Ait Örneklerin GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	93
3.3.2. <i>Vormela</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi.....	95
3.3.3. <i>Meles</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi.....	97
3.3.4. <i>Mustela</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi	98
3.3.5. <i>Lutra</i> Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi.....	99
3.4. Türkiye Mustelidlerinin Mitokondriyal DNA Sitokrom <i>b</i> Gen Bölgesinden Elde Edilen Verilerin Filogenetik Analizi	99
3.4.1. <i>Martes foina</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi	99
3.4.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	99
3.4.1.2. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması	100
3.4.1.3. <i>Martes foina</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi.....	102
3.4.1.4. <i>Martes foina</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	103
3.4.1.5. <i>Martes foina</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Likelihood (olasılık) Analizi	104
3.4.1.6. <i>Martes foina</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian Analizi.....	105
3.4.2. <i>Vormela peregusna</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi	107
3.4.2.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması	107
3.4.2.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	107
3.4.2.3. <i>Vormela peregusna</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi	108

3.4.2.4. <i>Vormela peregusna</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi	109
3.4.2.5. <i>Vormela peregusna</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi.....	109
3.4.2.6. <i>Vormela peregusna</i> Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin	
Bayesian Analizi	110
3.4.3. <i>Meles Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi	111
3.4.3.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın	
Hesaplanması	111
3.4.3.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	112
3.4.3.3. <i>Meles Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor	
Joining Analizi	112
3.4.3.4. <i>Meles Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum	
Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	113
3.4.3.5. <i>Meles Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum	
Likelihood (Olasılık) Analizi	114
3.4.3.6. <i>Meles Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian	
Analizi.....	115
3.4.4. <i>Mustela Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi	115
3.4.4.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın	
Hesaplanması	115
3.4.4.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	116
3.4.4.3. <i>Mustela Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor	
Joining Analizi	116
3.4.4.4. <i>Mustela Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi	117
3.4.4.5. <i>Mustela Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi.....	118
3.4.4.6. <i>Mustela Cinsine</i> Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian	
Analizi.....	119
3.5. Bu Çalışmada Tespit Edilen Türkiye Haplotipleri ile Gen Bankası'ndan	
Elde Edilen Sitokrom <i>b</i> Gen Bölgesi Haplotiplerinin Birlikte Filogenetik	
ve Network Analizleri	120

3.5.1. <i>Martes</i> Cinsi	120
3.5.1.1. <i>Martes foinea</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerine Ait Tüm	
Haplotiplerin Filogenetik Analizi	120
3.5.1.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	120
3.5.1.1.2. <i>Martes foinea</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerine Ait Tüm	
Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi	121
3.5.1.1.3. <i>Martes foinea</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerine Ait Tüm	
Haplotiplerin Maksimum Parsimoni	
(Tutumluluk) Analizi.....	122
3.5.1.1.4. <i>Martes foinea</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerine Ait Tüm	
Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık)	
Analizi	124
3.5.1.1.5. <i>Martes foinea</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerine Ait Tüm	
Haplotiplerin Bayesian Analizi.....	125
3.5.1.1.6. <i>Martes foinea</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Network Analizi	127
3.5.2. <i>Vormela</i> Cinsi.....	127
3.5.2.1. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Bayesian, ML, MP ve NJ Metotları Kullanılarak	
Filogenetik Analizi	127
3.5.2.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	128
3.5.2.1.2. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Neighbor Joining (Komşu Birleştirme) Analizi.....	128
3.5.2.1.3. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi	129
3.5.2.1.4. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi.....	130
3.5.2.1.5. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Bayesian Analizi	131
3.5.2.1.6. <i>Vormela peregrusna</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Network Analizi	132
3.5.3. <i>Meles</i> Cinsi.....	133

3.5.3.1. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik</i>	
Analizi	133
3.5.3.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	134
3.5.3.1.2. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor</i>	
Joining Analizi.....	134
3.5.3.1.3. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum</i>	
Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	136
3.5.3.1.4. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum</i>	
Likelihood (Olasılık) Analizi	137
3.5.3.1.5. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian</i>	
Analizi	138
3.5.3.1.6. <i>Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Network</i>	
Analizi	138
3.5.4. <i>Mustela Cinsi</i>	141
3.5.4.1. <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Filogenetik Analizi	141
3.5.4.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	142
3.5.4.1.2. <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Neighbor Joining Analizi.....	142
3.5.4.1.3. <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	145
3.5.4.1.4. <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi	147
3.5.4.1.5. <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Bayesian Analizi.....	149
3.5.4.1.6 <i>Mustela nivalis</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Network Analizi	151
3.5.4.2. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Filogenetik Analizi	152
3.5.4.2.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	152
3.5.4.2.2. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Neighbor Joining Analizi.....	153

3.5.4.2.3. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	153
3.5.4.2.4. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi	154
3.5.4.2.5. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Bayesian Analizi.....	154
3.5.4.2.6. <i>Mustela putorius</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Network Analizi	155
3.5.5. <i>Lutra</i> Cinsi	156
3.5.5.1. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik	
Analizi.....	156
3.5.5.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi	156
3.5.5.1.2. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Neighbor Joining Analizi.....	157
3.5.5.1.3. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi.....	157
3.5.5.1.4. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi	158
3.5.5.1.5. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Bayesian Analizi.....	159
3.5.5.1.6. <i>Lutra lutra</i> Türüne Ait Tüm Haplotiplerin	
Network Analizi	159

4. BÖLÜM

TARTIŞMA-SONUÇ ve ÖNERİLER

4.1. Tartışma	161
4.1.1. Mustelidae Familyasının Filogenisi	161
4.1.2. <i>Martes foina</i> ve <i>Martes martes</i> Türlerinin Genetik Çeşitliliği ve	
Filogenisi.....	162
4.1.3. <i>Vormela peregusna</i> Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi.....	168
4.1.4. <i>Meles</i> Cinsinin Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	171

4.1.5. <i>Mustela nivalis</i> Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	175
4.1.6. <i>Mustela putorius</i> Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	182
4.1.7. <i>Lutra lutra</i> Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	184
4.2. Sonuç ve Öneriler	189
4.2.1. Mustelidae Familyası	189
4.2.1.1. <i>Martes foina</i>	190
4.2.1.2. <i>Vormela peregusna</i>	192
4.2.1.3. <i>Meles meles</i> ve <i>Meles canescens</i>	192
4.2.1.4. <i>Mustela nivalis</i>	194
4.2.1.5. <i>Mustela putorius</i>	194
4.2.1.6. <i>Lutra lutra</i>	195
KAYNAKLAR	196
ÖZGEÇMİŞ	221

KISALTMALAR VE SİMGELER

<u>Sembol</u>	<u>Anlamı</u>
A	: Adenin
AIC	: Akaike Bilgi Kriteri (Akaike information criterion)
bç	: Baz Çifti
BIC	: Bayesian Bilgi Kriteri (Bayesian information criterion)
C	: Sitozin
CI	: Consistency İndeksleri
Cyt <i>b</i>	: Sitokrom <i>b</i>
D-loop	: Kontrol Bölgesi
dH ₂ O	: Distile Su
dNTP	: Di-Nükleotid Tri-Fosfat
EDTA	: Ethylenediaminetetraacetic Asit
G	: Guanin
GHR	: Growth Hormone Receptor geni
HKY	: Hasegawa, Kishino and Yano baz değişim modeli
K2P	: Kimura 2 Parametre baz değişim modeli
ML	: Maksimum Likelihood
MP	: Maksimum Parsimoni
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
NJ	: Neighbor Joining
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RI	: Retention İndeksleri
T	: Timin
TAE	: Tris, Glasial Asetik Asit, EDTA
TBR	: Tree-Bisection-Reconnection Araştırma Algoritması
U	: Urasil
u	: Ünite
UV	: Ultraviyole
π	: Nükleotid Çeşitliliği, Pi
°C	: Santigrat Derece

TABLolar LİSTESİ

Tablo 2.1. <i>Martes</i> cinsine ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri ..	46
Tablo 2.2. <i>Meles cinsine</i> ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri.....	49
Tablo 2.3. <i>Vormela peregusna</i> türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri	50
Tablo 2.4. <i>Lutra lutra</i> türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri	50
Tablo 2.5. <i>Mustela nivalis</i> türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri ...	51
Tablo 2.6. <i>Mustela putorius</i> türüne ait örneğin listesi, müze numarası ve koordinat bilgisi.....	51
Tablo 2.7. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Martes foina</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	54
Tablo 2.8. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Martes martes</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	54
Tablo 2.9. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Vormela peregusna</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	55
Tablo 2.10. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Lutra lutra</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	55
Tablo 2.11. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Meles cinsine</i> ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.....	56
Tablo 2.12. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Mustela nivalis</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	57
Tablo 2.13. Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Mustela putorius</i> türüne ait mitokondriyal Cyt <i>b</i> gen bölgesi verileri.	59
Tablo 2.14. Gen Bankası'ndan elde edilen nükleer DNA GHR gen bölgesi verileri	60
Tablo 2.15. Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> (Sitokrom <i>b</i>) ve Nükleer DNA GHR gen bölgeleri için kullanılan primer çiftleri	63
Tablo 2.16. Qiagen Multiplex PCR Kit ile oluşturulan PCR bileşenleri ve miktarları.....	64
Tablo 2.17. Maxima Hot Start Taq DNA Polimeraz ile oluşturulan PCR bileşenleri ve miktarları..	65

Tablo 2.18. Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> gen bölgesinin L14724-H15494 ve L15162-H15915 primer çiftleri için Hot Start TouchDown PCR döngü programı....	65
Tablo 2.19. Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> gen bölgesinin L14727SP-MuNiv1R ve MuNiv2F- MuNiv2R primer çiftleri için Hot Start PCR döngü programı..	65
Tablo 2.20. Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> gen bölgesinin Cb-M1- Cb-MR1 primer çifti için Hot Start PCR döngü programı.....	66
Tablo 2.21. Nüklear DNA GHR gen bölgesinin PCR işlemi için kullanılan kimyasallar ve miktarları.....	66
Tablo 2.22. Nüklear DNA GHR gen bölgesi PCR döngü programı.....	67
Tablo 2.23. PCR ürünlerinin saflaştırılması için kullanılan kimyasallar ve miktarları..	68
Tablo 2.24. PCR ürünlerinin saflaştırılması için sıcaklık döngü programı.....	68
Tablo 2.25. <i>Meles</i> cinsi Mitokondriyal DNA Cyt <i>b</i> (Sitokrom <i>b</i>) v gen bölgesinin dizi analizi için kullanılan internal primerler.....	69
Tablo 2.26. Saf PCR ürünlerinin BigDye işleminde kullanılan kimyasallar ve miktarları.....	70
Tablo 2.27. PCR ürünlerinin BigDye işlemi için sıcaklık döngü programı.....	70
Tablo 2.28. Filogenetik analizlerde kullanılan dış gruplar	72
Tablo 3.1. Mitokondriyal sitokrom <i>b</i> gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda <i>Martes foina</i> türüne ait örneklerde belirlenen haplotipler	81
Tablo 3.2. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	84
Tablo 3.3. Mitokondriyal sitokrom <i>b</i> gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda <i>Vormela peregusna</i> örneklerinde belirlenen haplotipler.....	86
Tablo 3.4. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	87
Tablo 3.5. Mitokondriyal sitokrom <i>b</i> gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda <i>Meles</i> cinsine ait örneklerde belirlenen haplotipler	88
Tablo 3.6. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.....	89
Tablo 3.7. Mitokondriyal sitokrom <i>b</i> gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda <i>Mustela</i> cinsine ait örneklerde belirlenen haplotipler	91
Tablo 3.8. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu	91
Tablo 3.9. Mitokondriyal sitokrom <i>b</i> gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda <i>Lutra lutra</i> örneklerinde belirlenen haplotipler.....	93
Tablo 3.10. Türkiye <i>Martes foina</i> türüne ait örnekler arasında gözlenen nüklear GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar ...	95

Tablo 3.11. Türkiye <i>Vormela peregusna</i> türüne ait örnekler arasında gözlenen nükleer GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar.....	96
Tablo 3.12. Türkiye <i>Mustela</i> cinsine ait örnekler arasında gözlenen nükleer GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar.....	98
Tablo 3.13. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş <i>Martes foina</i> türüne ait haplotipler arasındaki genetik uzaklık değerleri.....	101
Tablo 3.14. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş <i>Vormela peregusna</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri.....	107
Tablo 3.15. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş <i>Meles</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri.	112
Tablo 3.16. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş <i>Mustela</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri.....	116
Tablo 3.17. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu	120
Tablo 3.18. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	128
Tablo 3.19. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	134
Tablo 3.20. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	141
Tablo 3.21. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	152
Tablo 3.22. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu.	156

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 1.1.	Karnivor memelilerin filogenisi.....	14
Şekil 1.2.	Günümüz Carnivora takımına ait büyük kladların moleküler filogenisinin şematik özeti	16
Şekil 1.3.	<i>Martes martes</i> 'in Dünya'daki yayılış alanı.....	24
Şekil 1.4.	<i>Martes foina</i> 'nın dünya üzerindeki yayılış alanı	26
Şekil 1.5.	<i>Mustela nivalis</i> 'in Dünya'daki yayılış alanı.	29
Şekil 1.6.	<i>Mustela putorius</i> 'un Dünya'daki yayılış alanı.....	30
Şekil 1.7.	<i>Meles meles</i> 'in Dünya'daki yayılış alanı	33
Şekil 1.8.	<i>Vormela peregusna</i> 'nın Dünya'daki yayılış alanı.	36
Şekil 1.9.	<i>Lutra lutra</i> 'nın Dünya'daki yayılış alanı	38
Şekil 1.10.	<i>Martes foina</i> türüne ait mitokondriyal genomun genel görüntüsü.	41
Şekil 2.1.	Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir porsuk örneği, Tuzluca/ Iğdır, 1521, 30.05.2013.....	44
Şekil 2.2.	Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir kaya sansarı örneği, Karakurt/ Kars, 1464, 16.06.2012.....	44
Şekil 2.3.	Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir alacasansar örneği, Merkez/ Kars, 1463, 16.06.2012.....	45
Şekil 2.4.	Arazi çalışması sonucu elde edilmiş kış kürküne (beyaz renk) sahip bir genincik örneği, Merkez/Kars, 1442, 13.01.2012.....	45
Şekil 2.5.	Arazi çalışması sonucu elde edilmiş bir genincik örneği, Merkez/Kars, 1443, 14.01.2012.....	45
Şekil 2.6.	Türkiye'den <i>Martes</i> cinsine ait 87 örneğin toplandığı lokaliteler.	52
Şekil 2.7.	Türkiye'den <i>Vormela</i> , <i>Mustela</i> , <i>Lutra</i> ve <i>Meles</i> cinslerine ait 36 örneğin toplandığı lokaliteler	53
Şekil 2.8.	Sitokrom <i>b</i> geninin tamamını PCR ile çoğaltmak için kullanılan primerlerin yaklaşık yerlerinin şematik gösterimi.	64
Şekil 3.1.	Bazı mustelid örneklerine ait Total DNA'ların agaroz jel görüntüsü.....	76
Şekil 3.2.	Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom <i>b</i> geni için L14724-H15494 ve L15162-H15915 primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü.....	77

Şekil 3.3.	Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom <i>b</i> geni için L14724-H15494 ve L15162-H15915 primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü.....	78
Şekil 3.4.	Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom <i>b</i> geninin ilk 700 bç'lik kısmı için L1472-MuNiv1R ve MuNiv2F-MuNiv2R primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü..	78
Şekil 3.5.	Bazı mustelid örneklerine ait GHR geni için oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü.	78
Şekil 3.6.	Türkiye’de yayılış gösteren <i>Martes foina</i> türüne ait 86 örnekte tespit edilen 24 haplotipin dağılımı.	80
Şekil 3.7.	Türkiye’de yayılış gösteren <i>Vormela peregusna</i> türüne ait 17 örnekte tespit edilen 9 haplotipin dağılımı.....	85
Şekil 3.8.	Türkiye’de yayılış gösteren <i>Meles</i> cinsine ait 8 örnekte tespit edilen 5 haplotipin dağılımı	88
Şekil 3.9.	Türkiye’de yayılış gösteren <i>Mustela</i> cinsine ait 7 örnekte tespit edilen 7 haplotipin dağılımı.	90
Şekil 3.10.	Türkiye’de yayılış gösteren <i>Lutra lutra</i> türüne ait 3 örnekte tespit edilen 2 haplotipin dağılımı	92
Şekil 3.11.	Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanan <i>Martes foina</i> türünde 494. bç'lik pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge.....	94
Şekil 3.12.	Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanan <i>Vormela peregusna</i> türünde 592. bç'lik pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge.....	97
Şekil 3.13.	Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanan <i>Mustela nivalis</i> türünde 186. bç'lik pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge.....	99
Şekil 3.14.	Türkiye’den <i>Martes foina</i> türüne ait 24 haplotip arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.	103
Şekil 3.15.	<i>Martes foina</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	104
Şekil 3.16.	<i>Martes foina</i> türüne ait Türkiye haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	105

Şekil 3.17. <i>Martes foina</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı	106
Şekil 3.18. <i>Vormela peregusna</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı	108
Şekil 3.19. <i>Vormela peregusna</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	109
Şekil 3.20. <i>Vormela peregusna</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı.....	110
Şekil 3.21. <i>Vormela peregusna</i> türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı.....	111
Şekil 3.22. <i>Meles</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı	113
Şekil 3.23. <i>Meles</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	114
Şekil 3.24. <i>Meles</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	114
Şekil 3.25. <i>Meles</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı	115
Şekil 3.26. <i>Mustela</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı	117
Şekil 3.27. <i>Mustela</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	118
Şekil 3.28. <i>Mustela</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	118
Şekil 3.29. <i>Mustela</i> cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı	119

- Şekil 3.30. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı 122
- Şekil 3.31. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı 123
- Şekil 3.32. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı 125
- Şekil 3.33. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı 126
- Şekil 3.34. Bu çalışmada tespit edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* türüne ait sitokrom *b* haplotiplerinin Median-joining networkü..... 127
- Şekil 3.35. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı..... 129
- Şekil 3.36. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı 130
- Şekil 3.37. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı..... 131
- Şekil 3.38. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı 132
- Şekil 3.39. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı Median-joining network kullanılarak çizilen ağ modeli .. 133

Şekil 3.40. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Meles</i> cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	135
Şekil 3.41. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Meles</i> cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	137
Şekil 3.42. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Meles</i> cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	139
Şekil 3.43. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Meles</i> cinsine ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı.....	140
Şekil 3.44. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Meles</i> cinsine ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine dayalı Median-joining networkü.....	140
Şekil 3.45. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela nivalis</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	144
Şekil 3.46. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela nivalis</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	146
Şekil 3.47. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela nivalis</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	148
Şekil 3.48. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela nivalis</i> türüne ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı	150
Şekil 3.49. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela nivalis</i> türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine dayalı Median-joining networkü	151

Şekil 3.50. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela putorius</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	153
Şekil 3.51. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela putorius</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	154
Şekil 3.52. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela putorius</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	154
Şekil 3.53. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela putorius</i> türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı	155
Şekil 3.54. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Mustela putorius</i> türüne ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> haplotiplerinin Median-joining networkü.....	155
Şekil 3.55. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Lutra lutra</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı.....	157
Şekil 3.56. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Lutra lutra</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı.....	158
Şekil 3.57. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Lutra lutra</i> türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı	158
Şekil 3.58. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Lutra lutra</i> türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı.....	159
Şekil 3.59. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Lutra lutra</i> türüne ait mitokondriyal sitokrom <i>b</i> dizilerine haplotiplerinin Median-joining networkü.....	160

GİRİŞ

Palaeartik bölge içerisinde yer alan Türkiye'nin, Asya, Avrupa ve Afrika kıtalarını birbirine bağlayan bir zoocoğrafik köprü olması, farklı bölgelerinde farklı iklim koşullarının varlığı, çeşitli coğrafik bariyerlerin bulunması, jeolojik olarak farklı yapısı ve Plio-Pleistosen'deki Anadolu ve Güney Doğu Avrupa arasındaki etkileşimler sebebiyle zengin bir tür çeşitliliğine sahiptir [1]. Türkiye, üç kıtanın kesişme noktasında yer aldığından, üç kıtaya özgü canlıları ve farklı özelliklerini değişik seviyelerde bünyesinde barındırmaktadır [2]. Türkiye'de son bilgilere göre sekiz memeli takımı (Rodentia, Chiroptera, Carnivora, Soricomorpha, Erinaceomorpha, Lagomorpha, Artiodactyla, Cetacea) içerisinde yer alan 150'den fazla memeli türü yayılış göstermektedir [3, 4] ve hala yeni türler tanımlanmaya devam etmektedir [5].

Carnivora takımı günümüzde Feliformia (kedi benzeri karnivorlar) ve Caniformia (köpek benzeri karnivorlar) olmak üzere iki alttakıma ayrılmaktadır. Bu alttakımlardan Feliformia; Felidae, Viverridae, Eupleridae, Nandiniidae, Herpestidae ve Hyaenidae familyalarını kapsamaktadır. Bu familyalardan Felidae, Hyaenidae ve Herpestidae'ye ait türler Türkiye'de yayılış göstermektedir. Caniformia alttakımının familyaların durumu hala tartışmalıdır [6, 7]. Bununla birlikte Caniformia alttakımı daha önceleri yedi familyaya ayrılırken son çalışmalarda dokuz familyadan bahsedilmektedir. Bu familyalar; Canidae, Ursidae, Otariidae, Odobenidae, Phocidae, Mustelidae, Mephitidae, Procyonidae ve Ailuridae'dir [3, 6-8]. Türkiye'de bu familyalardan Canidae, Ursidae, Phocidae ve Mustelidae'ye ait türler yayılış göstermektedir [1, 3, 4].

Carnivora takımı Caniformia alttakımı içerisinde yer alan Mustelidae, 22 cins ve 59 tür ile Carnivora takımı içerisindeki en çok türe sahip ve Dünya genelinde oldukça geniş yayılışlı bir familyadır [3]. Koepfli et al. [9], yaptıkları biyocoğrafik analizler ile

Avrasya'nın mustelidlerin dağılım merkezi olduğunu ve değişik zamanlarda Afrika, Güney Amerika ve Kuzey Amerika'ya kolonize olduklarını önermektedirler. Mevcut mustelid üyeleri geniş bir ekomorfolojik çeşitlilik gösterirler. Bunlar; kazıcı formlar, yarı sucul formlar ve yarı ormanlık bölge formları olarak üç grup altında toplanabilir [9]. Ülkemizde kazıcı formlardan *Meles meles* (Avrasya porsuğu), yarı sucul formlardan *Lutra lutra* (su samuru) ve üçüncü grup içinde ise *Martes foina* (kaya sansarı), *Martes martes* (ağaç sansarı), *Vormela peregusna* (alaca sansar), *Mustela nivalis* (gelincik) ve *Mustela putorius* (Avrupa kokarcası) yayılış göstermektedir [1, 3, 4]. Mustelidae familyası, dünya genelinde olduğu gibi Türkiye'de de Carnivora takımının en çok türe sahip familyasıdır [3, 4].

Dünya'nın çeşitli bölgelerinde yayılış gösteren Mustelidae familyasına ait taksonlar ile ilgili morfolojik, karyolojik ve moleküler temelli çalışmalar yapılmış ve bu çalışmalarla Mustelidae familyası taksonlarının taksonomik durumları, hem birbirleri hem de yakın ve uzak bölgelerdeki akrabaları ile olan ilişkileri detaylı bir şekilde araştırılmış ve evrimsel süreçleri hakkında çeşitli hipotezler üretilmiştir [9-20]. Türkiye'de geniş yayılış gösteren mustelidler ile ilgili tespit edilen çalışmalar oldukça az olup var olan çalışmaların tamamına yakını ise yayılış kaydı ile morfolojik veya karyolojik temelli çalışmalardır [1, 4, 21-37].

Morfoloji ve karyoloji temelli çalışmalarda, Kurtonur et al. [22], Türkiye'nin Trakya bölgesinden *Mustela putorius* türüne ait beş örneğin kafatası (4) ve deri (5) özelliklerini yayınlamıştır. Özkurt et al. [23] Türkiye'deki beş Karnivor türünün (*Herpestes icheumon*, *Hyaena hyaena*, *Meles meles*, *Vulpes vulpes*, *Lutra lutra*) dış ve kafatası morfolojisine dayalı bazı karakteristik özellikleri ile dağılış kayıtları hakkında bilgi vermişlerdir. *Meles meles* için Akseki / Antalya ve Gönen / Balıkesir'den toplam dört örneğe ait morfolojik ve biometrik özelliklerini daha önce Türkiye, Suriye, Lübnan, İsrail ve Avrupa'nın bazı bölgelerinden verilen örneklerle ait bilgiler ile karşılaştırmışlar ve benzer sonuçlar elde etmişlerdir. *Lutra lutra* için ise Akseki / Antalya'dan bir örneğin morfolojik özelliklerini vermişlerdir. Bu türün Türkiye nehirlerindeki durumunun nadir ve tehlikede olduğunu bildirmişlerdir. Özkurt et al. [24], Gönen / Balıkesir'den bir *Vormela peregusna* örneğine ait dış ve kafatası karakterleriyle karyolojisi ($2n=38$) hakkında bilgiler vermiştir. Çolak et al. [26] Ankara, Bolu, Balıkesir, Aksaray ve Kırklareli'nden toplanan beş *Mustela nivalis* örneğini karyolojik

(2n=42), morfolojik, bakulum ve bazı ekolojik özelliklerine göre incelemişlerdir. Bakulum özelliklerinin Ermenistan örneklerinininkine benzer olduğunu ve *Mustela nivalis*'in Türkiye'nin birçok bölgesinde bulunduğunu bildirmişlerdir. Albayrak et al. [34], Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanmış 57 *Martes foina* örneğinin morfolojik karakterlerine göre incelemiş ve örneklerin yavru, genç ve ergin olarak üç yaş grubuna ayrıldığını belirtmiş ve kafatası ile bakulum özellikleri hakkında bilgiler vermişlerdir. Johnson [29], Türkiye'deki karnivor memelilerin durumu üzerine bir çalışma yayınlamıştır. Burada, Türkiye'nin coğrafi konumu gereği çoğu karnivor türü için tarihsel ev rolü oynadığını, çoğu büyük karnivorun Anadolu'da neslinin tükenmiş olmasına rağmen hala yayılış gösteren karnivor türlerinin olduğunu ve gerekli önlemlerin alınmaması durumunda bunların da neslinin tükenebileceğini belirtmiştir. Zima ve Cenevova [30], Orta Avrupa'daki *Mustela nivalis* populasyonlarının kürk rengi ve kromozom varyasyonlarını Kırklareli / Türkiye'den bir örnek dahil ederek araştırmış, Avrupa'da üç büyük filogenetik soy hattının varlığını göstermiştir. Çek Cumhuriyeti'ndeki gelincikler ile Türkiye'nin Trakya bölümünden elde edilen örnekte aynı karyotipin bulunduğunu, ayrıca Balkanlar ve Güneydoğu Avrupa'daki populasyonlarda da aynı karyotipin bulunabileceğini belirtmiştir. Can ve Togan [35], Yenice ormanında büyük ve orta boyutlu memelilerin (Mustelidae üyelerinden *Martes martes* ve *Meles meles*), Yiğit e al. [33] Kazdağı milli parkı ve çevresinde *Mustela nivalis*, *Vormela peregusna*, *Martes foina*, *Meles meles* ve *Lutra lutra* örneklerinin, Merinis ve Masseti [36], Antalya Termessos milli parkında *Martes foina*, *Meles meles* ve *Lutra lutra* örneklerinin varlığını bildirmişlerdir. Kryštufek ve Vohralik [1, 4], Türkiye ve Kıbrıs'ın memeli tür listesini yayınlamışlar ve mustelidlerin yayılış alanları hakkında kısa bilgiler vermiştir.

Türkiye'de yayılış gösteren memelilerle ilgili moleküler çalışmalar yakın zamana ait olup özellikle rodent ve bazı inektivor türlerini kapsamaktadır [5, 38-46]. Ülkemizdeki mustelidlere yönelik moleküler temelli çalışmalar, Türkiye'nin Trakya kısmından bir *Mustela putorius* örneği [27] ve Anadolu kısmındaki Kars'tan bir *Mustela nivalis* örneğini [47, 48] kapsamaktadır.

Türkiye'de de yayılış gösteren mustelid türleri ile ilgili olarak, Kurose et al. [49], *Meles meles*'in mtDNA Cyt *b* verilerine dayanarak Japonya populasyonu ile Sibirya (Transbaikalia) ve Avrupa (Batı Rusya) batı populasyonları arasında büyük bir genetik

farklılık bulmuşlardır. Marmi et al. [50], Avrasya porsuğunun dört gruba ayrıldığını (Avrupa, Güneybatı Asya, Kuzey ve Doğu Asya, ve Japonya) mtDNA kontrol bölgesi (control region) dizi verilerine dayanarak belirtmişlerdir. Del Cerro et al. [51], nükleer ve mitokondriyal DNA dizi verilerini kullanarak Avrasya porsuğundaki bu dört grubu doğrulamış ve daha önce alttür olarak kabul edilen Güney Batı Asya'daki grubu ayrı bir tür olarak *Meles canescens* şeklinde tanınması gerektiğini önermiştir. Tashima et al. [52, 53], bu dört grubu hem nükleer hem de mitokondriyal verilerle desteklemiş ve dört türün (Avrupa porsuğu (*Meles meles*), Güneybatı Asya porsuğu (*Meles canescens*), Kuzeybatı ve Orta Asya porsuğu (*Meles leucurus*) ve Japon porsuğu (*Meles anakuna*)) varlığını vurgulamıştır. Abramov et al. [54], kranial morfometrik verileri ile de bu dört grubu desteklemiş ve Güney Batı Asya'daki porsuğun *Meles canescens* olarak değerlendirilmesini önermiştir. Coğrafik olarak Güney Batı Asya'da yer alan Türkiye'de yayılış gösteren Avrupa ve Güney Batı Asya porsuklarının filogenetik durumu belirsizdir.

Dünya genelinde sekiz türü içeren *Martes* cinsi üyeleri morfolojik olarak birbirine oldukça benzerdir [55]. Özellikle Avrasya'nın büyük bir kısmında simpatrik olarak yayılış gösteren ve aynı habitatı paylaşabilen *Martes martes* ve *Martes foina* türleri kolaylıkla birbiri ile karıştırılmaktadır [56-58]. Evrimsel tarihlerini ortaya çıkarmak için çeşitli moleküler filogenetik çalışmalar yapılmıştır [6, 7, 12, 59-63]. Moleküler filogenetik çalışmalar bu iki türün yakın ilişkili olduğunu gösterilmiştir [9, 63]. Davison et al. [62], *Martes martes*'in orta ve Kuzey Avrupa'da çeşitli sığınaklardan orijinlendiğini belirtmiştir. Buna karşın Akdeniz sığınak bölgelerinden (Balkanlar, İber Yarım Adası, İtalya) ve Doğu Rusya'dan örnek olmaması türün filocoğrafyasının çözümlenmesinde eksik kalmıştır [58]. Bazı *Martes* türleri arasında hibridizasyonun tespit edilmesine rağmen *Martes martes* ve *Martes foina* arasındaki hibritleşme belirlenememiştir [62, 64]. Bu iki türün ülkemizdeki durumları ile ilgili çalışmaların büyük kısmı gözleme dayalı çalışmalardır. Bu türlere ait bireylerin kullanıldığı çalışmalarda ise sadece *Martes foina* türünden bahsedilmiştir [1, 4, 29, 33-36].

Mustelid türleri arasında, moleküler teknikler kullanılarak en az çalışılan türlerden biri *Vormela peregusna*'dır [9, 20, 65, 66]. Tür içi genetik yapısı ve evrimsel tarihi hakkında bilgiler yetersizdir. Ülkemizde yayılış gösteren bu türle ilgili az da olsa

çeşitli çalışmalar mevcuttur [24, 25, 28, 33]. Heptner et al. [67], *Vormela* cinsinin Pliosen'de Anadolu'da ortaya çıkmış olabileceğini ifade etmişlerdir.

Mustela cinsi Dünya'da oldukça geniş yayılışa sahiptir ve Carnivora takımı içerisinde en çok tür içeren (17 tür) cinstir [3, 68, 69]. Bu cins içerisindeki türler arasındaki akrabalık ilişkileri henüz tam anlamıyla çözümlenememiş olup, farklı yazarlar tarafından farklı şekilde gruplandırılmıştır [69]. Bu türlerden biri olan *Mustela nivalis* tüm yayılış alanı içerisinde kayda değer bir çeşitlilik sergilemekte, farklı coğrafik bölgelerde değişik seviyede morfolojik farklılık göstermektedir [47]. Avrupa ve Kuzey Afrika'da morfolojik [30] ve moleküler verilere [47, 70, 71] dayalı olarak farklı soy hatları tanımlanmıştır. Buna karşın moleküler temelli çalışmalar yetersizdir ve genellikle Avrupa ve Japonya ile sınırlıdır [47, 48, 70, 72, 73]. Orta boyutlu mustelidlerden olan *Mustela putorius* tüm *Mustela* türlerinden daha farklıdır [68]. Avrupa'da geniş bir yayılış göstermektedir [3]. *Mustela putorius*, cins içerisinde yer alan *Mustela lutreola*, *Mustela furo* ve *Mustela eversmanii* ile hibritleşebilmektedir [27, 69]. Davison et al. [27], *Mustela putorius* ve yakın türler arasındaki filogenetik ilişkiyi araştırmış ve Britanya'da coğrafik olarak farklı iki soy hattı bulmuştur. Türkiye'de yayılış gösteren *Mustela* türleri ile ilgili yapılan çalışmalar oldukça sınırlıdır [22, 26, 27, 30, 47, 48].

Son yüz yılda popülasyon yoğunluğu azalan su samuru *Lutra lutra* [9, 74] Asya, Avrupa ve Afrika kıtalarında yayılış göstermektedir [3]. Koepfli ve Wayne [12], *Lutra* cinsinin parafiletik olduğunu belirtmiştir. Dünya genelinde Lutrinae alt familyasına dahil 6 cins içerisinde 13 tür tanımlanmıştır. Bu türlerden biri olan *Lutra lutra*, diğer *Lutra* türleri arasında en geniş yayılış alanına sahip tür olup ve Avrupa, Asya ve Kuzey Afrika'yı içine alan Palearktik bölgede yayılış göstermektedir [3]. Avrasya su samuru *Lutra lutra*, son yüzyıldaki popülasyon azalmasına aynı zamanda postglasiyal rekolonizasyon boyunca kurucu etkisi olayları sonucunda oldukça düşük mtDNA genetik çeşitliliğine sahiptir [75-80]. Türkiye'de yayılış gösteren mustelid türleri içerisinde en fazla çalışılan tür olmasına rağmen moleküler temelli çalışmalar bulunmamaktadır [1, 4, 23, 29, 32, 33, 36, 81-85].

Memelilerin evrimi ve sınıflandırılması çalışmalarında moleküler yöntemler, son yıllarda yaygın bir şekilde kullanılmaktadır [86]. Mitokondriyal DNA (mtDNA), son çeyrek yüzyılda bireyler, popülasyonlar ve türler arasındaki evrimsel ilişkilerin

anlaşılmasında etkili bir moleküler belirteç olarak kullanılmaktadır [87]. Mitokondriyal DNA'nın sitokrom *b* gen bölgesi, filogeni çalışmalarında yaygın bir şekilde tercih edilmekte ve tür altı kategoriler de dahil tüm taksonomik grupların tanımlanmasında çok etkili bir moleküler araçtır [88]. Farklı kalıtım modeline sahip, evrimleşme hızı daha yavaş olan nükleer DNA bölgeleri omurgalılarıdaki evrimleşme oranı mitokondriyal genoma oranla 10 kat daha yavaştır. Bu sayede nükleer gen dizilerinden elde edilen veriler, derin ayrılma süreçlerini açıklamak için daha elverişli [89] ve moleküler sistematik çalışmalarında oldukça kullanışlıdır [13, 89-91].

Farklı özelliklere sahip her iki genomun da (mitokondriyal ve nükleer) kendine has özellikleri mevcuttur. Bu yüzden her ikisinden elde edilecek DNA dizi verilerinin karşılaştırılarak değerlendirilmesi daha uygun olmaktadır. Nükleer DNA'ya ait dizilerden elde edilen veriler, değişik filogenetik seviyelerde, mtDNA'dan daha fazla informatif (bilgi verici) olabilmekte [13, 92, 93] ve memeli filogenisinin çeşitli parçalarının çözülmesinde başarıyla kullanılmaktadır [9, 13, 17, 94, 95]. Bir birinden bağımsız birden fazla gen bölgesinin birlikte değerlendirilmesiyle yapılan filogenetik analizler, genelde gruplar arasındaki filogenetik ilişkileri daha iyi çözümlemekte ve daha destekli ağaçlar üretmektedir [96].

Dünya üzerindeki tehlike durumları dikkate alınarak oluşturulan IUCN kriterlerine göre, Türkiye'de de yayılış gösteren türlerden *Vormela peregusna* VU (Duyarlı), *Lutra lutra* NT (Tehdide Yakın) tehlike kategorisinde yer alırken, diğer türler LC (Düşük Riskli) kategorisinde yer almaktadır [97]. Türkiye memeliler için ulusal bir kırmızı liste çalışması bulunmamaktadır [2].

Doğada üstlendikleri önemli ekolojik görevler (örneğin predatörlük gibi) nedeniyle karnivor memelilerin korunması, mevcut risklerin tespit edilmesi ve bunların etkilerinin en aza indirilmesi için araştırmaların yapılması ve bu zenginliğin sürdürülebilirliğinin sağlanması gerekmektedir. Bu bağlamda, Türkiye sınırları içerisindeki mustelidlerin genetik yapısı tür içerisindeki filogenetik ilişkilerin iyi bir şekilde açığa çıkarılması gerekmektedir. Bu çalışmalar, mustelidlerin korunması için ilk adımları oluşturmaktadır.

Önemli yaban hayvanlarından olan mustelidler, insanlara uzak alanlarda yaşadıkları gibi yakın alanlarda da yaşamını sürdürebilmektedir. Hatta yerleşim alanları içerisinde bile sıklıkla rastlanılabilmektedir.

Bu çalışmada; Türkiye’de yayılış gösteren Mustelidae familyası üyelerinin filogenetik ilişkileri farklı kalıtım modellerine ve evrimleşme hızlarına sahip olan nükleer ve mitokondriyal DNA veri seti kullanarak belirlenmesi, genetik farklılıkların araştırılması, Türkiye’den elde edilen mustelid örneklerine ait nükleer ve mitokondriyal DNA dizi analiz verilerini, Gen Bankasında değişik araştırmacılar tarafından kaydedilmiş olan dünyanın diğer coğrafyalarından elde edilmiş DNA dizi verileri ile karşılaştırarak Türkiye’deki Mustelidae familyasına ait taksonların filogenisinin ortaya konması amaçlanmıştır.

1. BÖLÜM

GENEL BİLGİLER

1.1. Takım: Carnivora

Mammalia sınıfı içinde yer alan Carnivora, Dünya genelinde 126 cins ve 286 tür içeren bir plasentalı memeli takımıdır [3, 98]. Carnivora takımı üyeleri, kutuplardan tropik bölgelere, karasal ve sucul ekosistemlerin dahil olduğu hemen hemen tüm habitatlarda yayılım gösterirler [3, 98, 99] ve geniş bir morfolojik, ekolojik, ve davranışsal çeşitlilik göstermeleri ile bilinirler [99, 100]. Vücut büyüklükleri ~45 gramdan (gelincikler) 800 kg'a (kutup ayıları) ve 3.700 kg'a (fok balığı) kadar değişmektedir [93, 101].

Genellikle koku alma duyuları çok iyi gelişmiştir ve geniş bir kafatasına sahiptirler. Premolar ve molar dişler köpek dişlerine benzer bir şekilde değişmiştir. Genellikle alt ve üst çenede üç parçalı kesici dişler mevcuttur. Köpek dişleri çok iyi gelişmiştir [102]. Beslenme biçimleri adlarının aksine sadece et yemeye dayalı değil, ayı, çakal ve tilkilerde olduğu gibi bazı gruplarda omnivorlukta mevcuttur [103].

Carnivora takımı, insanların hem çok sevdiği kedi, köpek gibi evcil hayvanları, hem de çok korktuğu ayı, aslan kurt gibi büyük predatör türleri bünyesinde barındırır. İnsanların bu ilgisi sayesinde kedi ve köpeklerin her birinin günümüzdeki popülasyonu 100 milyonu aşmış, buna karşın büyük predatörler (yırtıcılar), memeliler arasında en çok tehlikede olanlardır [101].

Sahip oldukları çeşitlilik, toplumsal ve bilimsel ilgi ve zengin fosil kayıtları sebebiyle karnivorlar, bir grubunun veya tamamının arasındaki filogenetik ilişkilerin çözülmesi için girişimlerin de dahil olduğu evrimsel çalışmaların ilgi odağı olmuştur [93, 104-106].

1.1.1. Genel Özellikleri

Carnivora takımı üyelerinin vücut büyüklükleri, ~45 gramdan (*M. nivalis*) 3.700 kilograma kadar (*Mirounga leonina*) değişik boyutlarda olabilir [93, 101, 107]. Çoğu karnivor karasaldır. Karasal karnivorlar, tipik olarak ayılar ve rakunlarda olduğu gibi plantigrade (ayak tabanlarına basarak yürüyenler) veya tipik olarak kedi ve köpekte olduğu gibi digitigrade (parmaklarına basarak yürüyenler veya koşanlar)'dırler. Ön ve arka uzuvlarda parmak sayısı bazen beş, genelinde ise dördtür ve parmak uçlarında kedi ve misk kedisinde olduğu gibi geri çekilebilen veya köpek, sırtlan ve çitalarda olduğu gibi geri çekilemeyen pençeler bulunur. Ekstremiteler tırmanma, avlanma, koşma ve sıçrama sırasında şokları emecek biçimde evrimleşmiştir. Köprücük kemiği gelişmemiştir [100, 103, 108, 109]. Sırtlanlar hariç karnivorlarda kopulasyon sırasında görev alan ve bakulum olarak adlandırılan ince uzun bir os penis vardır [103, 108, 109].

Çoğu karnivor memelide koku alma duyusu iyi gelişmiştir ve koku duyusu av-avcı ve tür içi iletişime yardımcı olmaktadır. Modifiye olmuş deri bezleri çoğu karnivor memelide bulunur ve genellikle anal bölgede lokalize olmuştur. Buradan üretilen salgı teritoryal alanın belirlenmesinde, aynı türün bireyleri arasında iletişimde, bilgi alışverişinde ve bazı gruplarda ise savunma amaçlı kullanılmaktadır [100, 103, 108, 109].

Güçlü ve geniş bir kafatasına sahiptirler. Güçlü çeneleri kuvvetli, parçalayıcı köklü dişlerle çevrilmiştir. Karnivorlarda diğer memelilerden farklı olarak dördüncü üst premolar ve birinci alt molar dişlerin uç kısımları sivrilip keskinleşerek eti parçalamaya uygun bir şekilde değişmiştir (karnasial dişler). Karnivorların tipik diş formülü, I3/3, C1/1, P4/4, M3/3 x 2 = 44 şeklinde olmakla birlikte taksonlar arasında molar ve premolar sayılarında farklılıklar mevcuttur. Köpek dişleri ve karnasial dişler, genellikle gelişmiş ve büyüktür [103].

1.1.2. Yayılışı

Carnivora takım üyeleri Dünya'nın hemen hemen tüm bölgelerindeki büyük kara parçalarında yayılış göstermelerine karşın Avustralya ve Antarktika'da olduğu gibi bazı bölgelerde doğal olarak karasal karnivorlar bulunmaz. Buralardaki karnivorlar insan tarafından sonradan getirilerek sokulmuştur. Örneğin dingolar (*Canis lupus dingo*), 3.500 yıl önce Avustralya'ya Asyalı denizciler tarafından getirilmiştir [98, 103, 108, 109].

1.1.3. Habitatı

Carnivora takım üyeleri, kutuplardan tropik bölgelere kadar hemen hemen her çeşit karasal ve birçok sucul habitatta bulunurlar ve değişik habitatlarda yaşamaya toleranslıdır. Ormanlar, çöller, dağlar, çayırılık ve çalılık araziler, tundra ve buzul bölgelerde yaşayabilirler, sucul ve yarı sucul türler nehirler, göller, deniz kıyıları ve açık denizlerde bulunurlar [110]. Sadece çok yüksek dağ zirvelerinde, ekstrem çöl şartlarının olduğu yerlerde ve çok derin okyanus çukurlarında bulunmazlar. Karasal karnivorların zamanlarının büyük kısmını yerde geçirmesine karşılık leoparlar (*Panthera pardus*) ve sansarlar (*Martes spp.*) ağaçlara tırmanmaya adapte olmuşlardır. Su samurları, nehirler ve göllerde, kutup ayıları (*Ursus maritimus*) buz tutmuş deniz üzerinde yaşarlar. Gelincikler, yer altı veya kar altında avlanabilirler. Deniz karnivorları, kara üzerinde üreyip denizde avlanırlar [103, 108].

1.1.4. Davranış Biyolojisi

Çok sayıda tür içermesi, değişik habitatlara toleranslı olması, farklı diyet formları, iyi gelişmiş beyinleri, Carnivora takım üyelerine gelişmiş sosyal ilişkiler ve değişik davranışlar kazandırmıştır. Sadece primatlar, sosyal karnivorlardan daha kompleks sosyal ilişkilere ve davranışlara sahiptirler [103]. Çoğu karnivor yiyecek arama sırasında soliter (tek başına)'dır (yaklaşık %85 – 90'nı) [111]. Buna karşın yapılan detaylı incelemeler sonucunda soliter olarak nitelendirilen türler, her ne kadar yalnız yiyecek arasalar da bölgelerini diğer grup üyeleriyle de paylaşırlar, bunlarla işbirliği ve iletişim içindelerdir. Çoğu karasal karnivorlar iyi koşuculardır [103]. Bazı karnivor türler avlarının göçleri ile uyumlu şekilde mevsimsel olarak uzun mesafelere göç edebilirler. Diğerleri tüm yıl boyunca kendi bölgelerinde bulunurlar ve kendi teritoriallerini savunma davranışı gösterirler. Carnivora takımı içerisinde hem nokturnal hem de diurnal türler bulunur. Dinlenme zamanlarında çoğu karnivor ağaç oyuklarında, toprağa açtıkları çukurlarda veya mağaralarda bulunurlar. Ursidae familyasındaki gibi bazı türler kış boyunca uzun süre hareketsizdirler [110].

1.1.5. Beslenme Tarzları ve Besinleri

Karnivor (etçil) ismi, genellikle sadece et ile beslenen grupları çağırırsa da Carnivora takım üyelerinden sadece birkaçı yalnız et ile beslenirler. Takım üyelerinin geneli et ile beslenmenin yanı sıra meyve, yaprak, böcek ve karışık diyetin tüm türlerindeki yiyecekleri de tüketirler. Örneğin pandalar (*Ailuropoda melanoleuca*)

bambu ile beslenirken rakunlar hemen hemen hiç et yemeyip meyve ile beslenirler. Misk kedileri de aynı zamanda meyve de yerler. Firavun farelerinin esas olarak böcekleri yemesinin yanı sıra bazı türlerinin yılan avladıkları bilinmektedir. Ayılar, misk kedileri, köpekler ve sırtlanlar daha çok omnivor canlılardır. Bununla birlikte misk kedileri hariç hepsinin sadece et yiyen grupları da mevcuttur. Mustelidae familyası üyeleri neredeyse sadece et ile beslenirler. Felidae üyeleri de etçil canlılar olup büyük kediler muhtemelen tüm predatörler içerisinde en başarılı olan gruptur. Kutup ayıları, Afrika vahşi köpekleri, benekli sırtlanlar et dışında çok nadir başka şeyler yerler. Su samurları balık, kerevit, kurbağa gibi organizmalarla porsuklar toprak solucanlarıyla beslenirler. Deniz karnivorları balıklar, yumuşakçalar, kabuklu hayvanlar ve penguenler gibi çeşitli deniz hayvanlarıyla beslenirler. Diyetleri sezona ve lokaliteye bağlı olarak değişebilmektedir [98, 103, 111].

1.1.6. Üreme Biyolojileri

Çiftleşme davranışları sosyal davranışların en karmaşık, gelişmiş ve çeşitli olanıdır. Karnivorlar alttrikal (bakıma muhtaç) olarak doğar, gelişmek ve hayatta kalabilmek için yetişkinlerin himayesine ihtiyaç duyarlar. Karnivorlarda temelde monogami (tek eşlilik) ve poligami (çok eşlilik) olmak üzere iki tip çiftleşme tarzı vardır. Monogamide bir erkek bir dişiyle çiftleşir, poligamide ise bir erkek birkaç dişiyle ve/veya bir dişi birkaç erkekle çiftleşebilir. Poligami, monogamiye göre daha yaygındır. Her bir erkek kendi bölgesindeki dişilerle çiftleşebilir. Monogamilik her iki cinsiyette de karakteristiktir ve sıklıkla daha büyük yavrular genç yavruların yetiştirilmesine, beslenmesine ve korunmasına yardım ederler. Eşeyssel dimorfizm genel olarak görülmezken bazı gruplarda mevcut olabilir. Poligami görülen türlerde erkekler genellikle dişilerden daha büyüktür ve aslanlarda olduğu gibi dişiye cezp edecek donanımlara sahiptirler. Genç bireylerin yetiştirilmesinde yardımlaşma daha az yaygındır. Fakat bazı poligamik sosyal türlerde yardımlaşma vardır. Örneğin dişi aslanlar gruptaki diğer dişilerin yavrularını emzirirler [103, 108]. Birçok karnivor türü zamanlarının büyük kısmını yalnız geçirirler. Bu yüzden çiftleşmeye hazır dişilerin bunu belli etmesi önemlidir. Bunun için idrarlarıyla ve anal salgılarıyla koku bırakmak karnivorlarda son derece yaygındır [103].

Karnivor memelilerde dişiler yaygın olarak yılda bir kez doğum yaparlar. Ancak birkaç türde bir yılda iki üç kez doğum meydana gelebilir. Küçük hayvanlar, büyük

hayvanlara göre daha hızlı metabolik aktiviteye ve daha hızlı üreme kapasitesine sahiptirler. Küçük karnivorlar üç ayda eşeyssel olgunluğa ulaşabilir ve tek seferde 6 yavru doğurabilirler. Buna karşın daha büyük karnivorlardan aslanlar üç buçuk yılda tek doğum yapar ve her seferde üç ya da dört yavru doğururlar. Yavrular ancak üç yaşında eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Bununla birlikte eğer bir dişi tüm yavrularını kaybederse hemen hızlı bir şekilde tekrar çiftleşmeye hazır duruma gelir [103, 111].

1.1.7. Evrimsel Tarihi ve Sistematığı

Carnivora takımının evrimsel tarihi ve sistematığı hakkındaki bilgi, fosil kayıtlarının yetersiz ve tam olmamasından dolayı belirsiz ve tartışmalıdır [103, 112]. Bu sınırlamaya rağmen memelilerin evrimsel tarihi, paleontoloji, evrimsel biyoloji ve genetik çalışmalarıyla aydınlatılmaya çalışılmaktadır. Bu alandaki en büyük ilerleme fosillerin kesin yaşının tespitiyle gerçekleşmiştir [103].

Atmış beş milyon yıl önce dinazorlar, dünya üzerinde dominant hayvan grubunu oluşturuyorlardı. Bu dönemde mevcut olan memeliler ise küçük vücutlu olup fare benzeri canlılardan oluşmaktaydı. Dinazorların neslinin tükenmesiyle birlikte meydana gelen ekolojik boşluk memelilerin birçoğu tarafından hızlı bir şekilde doldurulmuştur. İlk memeli predatör grup, keseli memelilerdi. 30 milyon yıl boyunca karnivor keseli memeliler değişik şekil ve boyutlarda evrimleşerek güneydeki kıtalarda dominant hayvan grubunu oluşturdular. Aynı zamanlarda kuzeydeki kıtalarda ise plasentalı memeliler evrimleşmiştir [103, 109]. Bu plasentalı memelilerden sincap büyüklüğünde olan ve böceklerle beslenen *Cimolestes*, Carnivora evrimi için önemlidir. *Cimolestes*'in çene yapısı besini kesmek için uygun bir biçimde yassılaştırmış ve zamanla buradaki dişler köpek dişi şeklinde değişmişlerdir. Bu özellik, ayrılmış iki hayvan grubunda kalıtılmış, bunlardan biri modern Carnivora takımını, diğeri de Kreodonta olarak bilinen grubu vermiştir. Bu iki grup yakın ilişkili kardeş gruplardı [103, 109].

İlk zamanlarda Kredont'lar Dünya et yiyicilerinin dominant grubunu oluşturmuştur. 35-55 milyon yıl önceki fosiller arasında kılıç şeklinde dişe sahip olan kedi, köpek, ayı ve sırtlan benzeri hayvanlar bulunmuştur. Fakat bunların hiçbirisi gerçek Carnivora üyelerinden biri değildir. Bu zamandan sonraki fosil kayıtlarında ise daha çok Carnivora takım üyelerine ait fosillere rastlanılmıştır [103]. Kredont'lar ile Carnivora arasındaki bu yer değiştirmenin sebebi tam olarak bilinmemektedir. Carnivora'da

premolar dişler, Kredont'lara göre daha önde bulunmaktadır. Bu özellik, Carnivora takım üyelerine daha esnek bir besin tercihi sağlayarak diğer besinlerin de yenilmesine imkan sağlanmış olabilir. Kredont'larda köpek dişinin arkasında diş olmaması onları sadece et yemeye mecbur bırakmış olabilir. Kredont'ların iklimsel değişimler boyunca bıraktıkları fosiller bu görüşü destekler niteliktedir. Meydana gelen küresel soğuma ve mevsimsel değişiklikler, avlanmayı olumsuz etkilemesine karşın meyve ve böceklerin sayısı artmıştır [103].

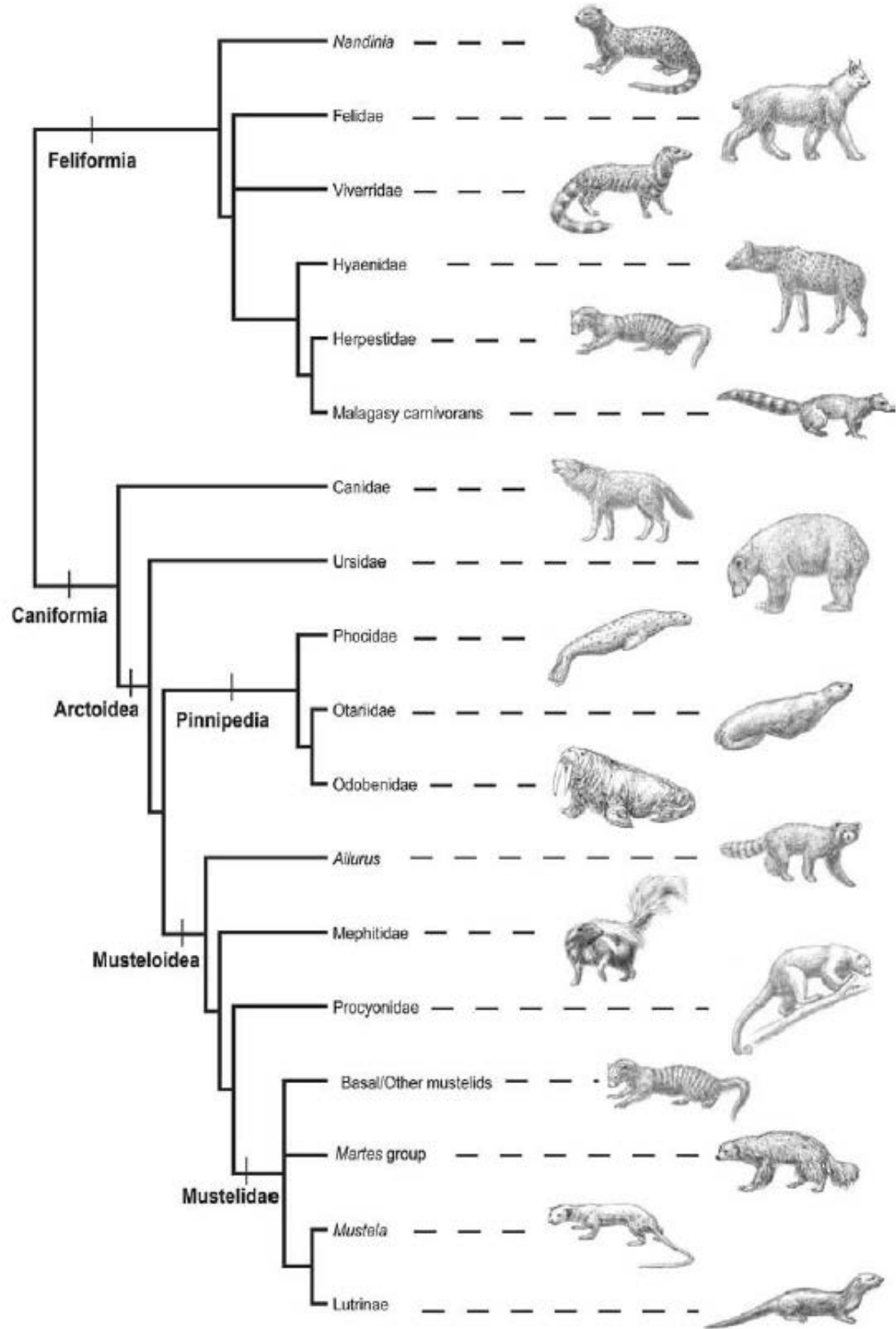
En eski fosil kayıtları ilk karnivorun 60 milyon yıl önce ortaya çıktığını [59, 113] ve iki ana gruba ayrıldığını göstermiştir. Bunlardan biri Viverravidae grubu (Viverridae familyası içerisindeki misk kedileri ile karıştırılmalıdır) diğeri ise, Miacoidea grubudur. Önceki çalışmalarda kedi benzeri karnivorların viverravid'lerden, köpek benzeri karnivorların ise miacoid'lerden evrildiğini düşündürmüştür. Bununla birlikte Paleosen (65-55 MYA) ve Eosen (55-34 MYA) karnivorlarına ait iyi korunmuş yeni fosiller, grubun daha öncesine ait geçmişlerinin daha iyi çözülmesini sağlamıştır [114].

Viverravid'ler muhtemelen Carnivoramorpha'nın en bazaldaki grubudur ve diyetlerinin büyük bir kısmını böceklerin oluşturduğu küçük-orta boyutlu karasal hayvanlardır [115]. Miacoidea, daha bazalda yer alan viverravid'ler ve gerçek karnivorlar arasındaki ara formlardan oluşan karasal ve ormanlık bölge Carnivoramorphan türlerini içeren bir gruptur. Yeni fosil kayıtları, günümüz Carnivora familyalarının tek bir orijinden (Miacoidea'dan) geldiğini desteklemiştir ve daha önceki düşünülen zamandan 15 milyon yıl daha sonra ayrıldığını önermiştir. Buna karşın hala grup içi ilişkiler tartışmalıdır [114-116].

Geç Paleosen'de (65-51 MYA) viverravid'ler ve miacoidler Asya ve Kuzey Amerika'dan bulunduğu ve Avrupa'ya erken Eosen'de (59-49 MYA) yayıldığı bilinmektedir. Viverravid'ler ve miacoidlerin her ikisinin de nesli geç Eosen'de (37-34 MYA) tükenmiştir. Ayrıca geç Eosen'de (37-34 MYA) çeşitli karnivor familyalarının (Canidae, Mustelidae, Ursidae, Amphicyonidae ve Nimravidae) ilk temsilcileri Kuzey'deki kıtalarda ortaya çıkmıştır. Bununla birlikte günümüz Feliform familyaları Oligosen'e (34-24 MYA) kadar ortaya çıkmamıştır. Karnivorlar, Miyosen'e (24-5 MYA) kadar Güney Kıtalar (Afrika ve Güney Amerika) yayılmamıştır. Tüm Caniform familyaları, küresel bir dağılım gösterirken Nimravidae ve Felidae familyaları hariç

Geleneksel olarak Carnivora takımı, anatomileri ve davranışları temel alınarak karasal karnivorlar (Fissipedia) ve deniz karnivorları (Pinnipedia) olarak iki alt takıma ayrılmıştır [103]. Günümüzde bu ayrım geçerliliğini yitirmiş ve Carnivora takımı 6 familya içeren kedi benzeri karnivorlar (Feliformia) ve 9 familya içeren köpek benzeri karnivorlar (Caniformia) olmak üzere iki monofiletik gruba ayrılmıştır [3, 6-8, 117, 118]; Feliformia alttakımına dahil olan familyalar, Felidae (kediler), Viverridae (misk kedileri), Eupleridae, Nandiniidae, Herpestidae (firavun faresi) ve Hyaenidae (sırtlanlar)'dır [6, 7]. Bununla birlikte Caniformia alttakımı daha önceleri yedi familyaya ayrılırken son çalışmalarda dokuz familyadan bahsedilmektedir. Caniformia alttakımına dahil olan familyalar, Canidae (köpekler, çakallar, tilkiler vb.), Ursidae (ayılar), Otariidae (foklar, ayıbalıkları), Odobenidae (deniz aslanları), Phocidae, Mustelidae (su samurları, porsuklar, kokarcalar ve sansarlar), Mephitidae, Procyonidae (rakunlar) ve Ailuridae'dir [3, 6-8, 117, 119]. Caniformia alt takımı içerisinde iki infraorder mevcut olup bunlar Cynoide (veya Canoidea) ve ayı benzeri karnivorlar olan Arctoidea'dır. Cynoide, sadece Canidae (köpek ve tilkiler) içerirken, Arctoidea ise ilişkisi tam kesin olmayan ve Ursidae (ayılar), Pinnipedia (Pohaciidae, Otariidae ve Odobenidae familyaları) ve Musteloidea (Mustelidae, Procyonidae, Mephitidae ve Ailuridae familyaları) olan üç soy hattı içermektedir [14].

Musteloidea içerisindeki familyaların akrabalık ilişkileri tartışmalıdır. Kızıl panda *Ailurus fulgens*'i içerisine alması artarak desteklenmiş fakat süperfamilya içerisindeki ilişkisi kesin değildir. Tüm Carnivora familyalarını temsil eden türleri içeren son zamanki moleküler çalışmalar, *Ailurus*'u ya Mephitidae ile mustelidler ve procyonidlerin kardeş soy hattı olarak [105] yada en bazaldaki musteloid soy hattı olarak [106] önermiştir. Wozencraft [120], altfamilyaların ayrımı için Simpson [121]'i takip ederek Mustelidae'yi Mustelinae, Mephitinae, Melinae, Taxidiinae, Mellivorinae ve Lutrinae olarak ayırmıştır. Son zamanlardaki moleküler kanıtlar, Mephitinae'nin familya seviyesine çıkarılmasını desteklemiştir [6, 7, 11, 16, 105 122].



Şekil 1.2. Günümüz Carnivora takımına ait büyük soy hatlarının moleküler filogenisinin şematik özeti [106, 115].

1.2. Familya: Mustelidae

Carnivora takımı içerisinde yer alan, uzun vücutlu veya tıknaz yapılı, uzun boyunlu, küçük kafalı ve kısa ekstremite ile karakterize olmuş küçük ve orta boyutlu karasal ya da yarı sucul olan plasentalı karnivor memelilerdir [103, 107]. Gelincikler, sansarlar, porsuklar, mink ve su samurları bu grubun üyeleri arasında yer almaktadır. Dünya’da 22 cins içerisinde 59 tür ile temsil edilmektedirler [3]. Avustralya ve Antarktika kıtaları hariç tüm kıtalarda geniş yayılışa sahip Mustelidae, Carnivora takımının en büyük ve en çok çeşitlilik gösteren familyasıdır [3, 107, 123]. Mustelidae’nin bu çeşitliliği, ortak bir atadan adaptif dağılımın, ekolojik evrimin ve fenotipik çeşitliliğin çarpıcı bir örneğini sergilemektedir [9].

1.2.1. Genel Özellikleri

Mustelidae familyası üyelerinde vücut genellikle ya birçok cinstе olduğu gibi uzun bir kuyruğa sahip ince ve uzun yapıda (gelincikler, sansarlar, mink ve su samurları) ya da kısa bir kuyruğa sahip tıknaz yapıdadır (porsuk ve volverinler). Kulaklar kısa olup yuvarlak ya da sivri uçludur. Her birinin ucunda geri çekilemeyen ve kıvrımlı pençeler olan beş parmaklı kısa ekstremitelere sahiptirler. Kazıcı formlardan porsuklarda pençeler geniş ve kuvvetli, yüzücü formlardan su samurlarında ise arka ayaktaiki parmakların arasının tamamı, ön ayaktaiki parmakların arasının büyük bir kısmı perdelidir. Vücut büyüklükleri en küçük mustelid ve karnivor memeli olan *Mustela nivalis*’te 11-26 cm boyunda ve yaklaşık olarak ~45 gram ağırlığında, en büyük mustelidler olan *Pteronura* ve *Enhydra*’da, 100-150 cm boyunda ve yaklaşık olarak 25-45 kg ağırlığındadır. Türe bağılı olarak erkek mustelidler, dişi mustelidlerden % 10-100 daha büyüktür. Kürk, ya tek renkli (mink ve su samurlarında), benekli (*Vormela*) ya da çizgilidir (*Gulo*). Renklenme tamamen beyazdan (bazı *Mustela* türleri kışın renk değiştirerek tamamen beyaz olurlar) koyu kahverengine kadar değişebilir. Koku alma duyuları çok iyi gelişmiştir ve birçok cinstе iyi gelişmiş anal koku bezleri mevcuttur. Erkek bireylerde kopulasyon sırasında görev alan penis kemiği bakulum vardır [67, 103, 107, 111].

Güçlü bir kafasına sahiptirler ve rostrum bölgeleri kısadır. Tüm türler güçlü ve uzun köpek dişlerine sahiptir. Mustelid kesici dişleri basit ve premolarlar küçüktür. Karnasialler iyi gelişmiştir. Diş formülleri türler arasında değişmekle birlikte genellikle $I\ 3/2-3\ C\ 1/1\ PM\ 2-4/2-4\ M\ 1/1-2 = 28-38$ şeklindedir [67, 103, 107, 111].

1.2.2. Yayılışı

Mustelidae familya üyeleri Antarktika kıtası hariç tüm kıtalarda yayılış göstermektedir. Doğal olarak Avustralya kıtasında yayılış göstermemesine rağmen insan tarafından tavşanların biyolojik kontrolü için *Mustela erminea* ve *Mustela putorius* sonradan Yeni Zelanda'ya sokulmuştur. Ayrıca Batı Hint adaları, Madagaskar, Filipinler'in büyük bir kısmı ve birçok okyanus adasında da doğal olarak yayılış göstermezler [11, 123].

1.2.3. Habitatı

Mustelidler, kutuplardan tropik bölgelere kadar hemen hemen tüm karasal ve birçok sucul habitatta bulunurlar. Sucul sistemler (su samurları ve mink) çayırliklar ve bozkırlar (*Mustela nigripes*, *Taxidea taxus*), stepler (*Mustela eversmanni*), ağaçsız tundralar (*Gulo gulo*) ve ormanlık bölgeler (çoğu mustelid) gibi birçok habitat yaşam alanlarını oluşturmaktadır [67, 103, 107, 111].

1.2.4. Davranış Biyolojisi

Mustelidler, çoğunlukla nokturnal olmalarının yanında aynı zamanda diurnal canlılardır ve sıklıkla gündüzleri oyuklarda, kaya yarıklarında, içi boş ağaçlarda, yoğun bitki örtüsü içinde veya terkedilmiş binalarda barınırlar. Gelincik, dağ gelincikleri ve mink gibi çoğu tür avlarının yuvalarını işgal ederek buralarda barınırlar. Porsuklar genellikle detaylı yuvalar kazarlar. Ayrıca çoğu mustelid çok iyi ağaçlara tırmanabilir ve iyi yüzücülerdir. Tek bir türü (*Enhydra lutris*) neredeyse tamamen suculdur. Mustelidler parmaklarının üzerine basarak (digitigrade) ya da parmakları üzerine ve kısmen de ayak tabanına basarak (plantigrade) hareket ederler. Görme ve işitme duyusu mustelidlerde önemlidir. Fakat koku alma duyusu özellikle çok iyi gelişmiştir. Yiyecek bulmak için koku alma duyusunu kullanmalarına ek olarak koku bırakmak familyada başlıca iletişim (teritoriallerini, üreme durumlarının belirlenmesinde ve diğer sosyal konularda) şeklidir. Vokalizasyon, Lutrinae'de çok iyi gelişmiştir. Çoğu mustelid tehlike durumunda yuvalarının içine kaçarlar (porsuklar), ağaçlara tırmanırlar (gelincikler, sansarlar, volvorinler) ya da su içerisinde saklanırlar (mink ve su samurları) [103, 107, 111, 124].

Sosyal davranışlar, tür içinde ve türler arasında farklılık gösterir ve besin durumu gibi çevresel şartlara göre değişebilir. Çoğu tür, genel olarak soliterdir. Fakat

grup şeklinde yaşam, su samurları ve Avrasya porsuğunda görülmektedir. Bazı türler kendi teritoriallerini savunurken diğerleri bölgelerini aynı türün erkek ve dişi bireyleri ile paylaşırlar [103, 107, 111, 125].

1.2.5. Beslenme Tarzları ve Besinleri

Mustelidae familyası üyeleri (gelincikler, sansarlar ve su samurları) etobur canlılardır. Bununla birlikte bazı türlerde omnivorlukta görülmekte ve meyve, bitki materyalleri de tüketilmektedir (*Meles* ve *Eira*). Çoğu mustelid türü oportunistik canlılardır ve hayvan gruplarının geniş bir kısmı (rodentler, balıklar, kabuklular ve diğer sucul omurgasızlar, sürüngenler), bu familya üyeleri tarafından avlanmaktadır. Bununla birlikte birçok mustelid türü rodentler gibi küçük memeli avları yakalamada özelleşmiştir. *Gulo gulo* ve *Martes pennanti* gibi bazı türler oportunistik çöp/leş yiyicilerdir. Gelincikler gibi çoğu mustelidin sahip olduğu ince uzun vücut yapısı avlarına yuvalarında erişme imkânı vermektedir. Mustelidler çeşitli karasal, akuatik ve ağaçlık habitatlarda avlanabilmektedirler. Bazı türler kendilerinden daha büyük hayvanları avlayabilmektedir. *Mustela*, *Meles*, *Gulo* ve *Poecilogale* gibi bazı grupların besin depo ettiği bilinmektedir. Mustelidlerin bazen kümes hayvanlarını da avlarlar. Fakat rodent populasyonlarını dengede tutmaya yardımcıdırlar [103, 107, 111, 125].

1.2.6. Üreme Biyolojileri

Üreme sistemleri hem tür içinde hem de türler arasında farklılık gösterebilmektedir. Mustelidlerin sadece bir türü (*Pteronura brasiliensis*) tek eşlilik (monogami) gösterirken diğer mustelidler çok eşlilik (poligami ve/veya poliandri) gösterirler. Çoğu mustelid türünde üreme mevsimseldir. Fakat üreme periyodunun uzunluğu, türler arasında farklılık gösterir. Genellikle 3-4 ay süren üreme sezonunun başlangıcı sıklıkla gün uzunluğuna göre belirlenmektedir. *Gulo gulo*, *Martes americana*, *Martes pennanti*, *Enhydra lutris* ve *Meles meles* gibi birçok türde fertilize olmuş yumurtaların uterus duvarına implantasyon ertelenebilirken tüm mustelidler için bu durum geçerli değildir ve birçok yakın ilişkili tür bu özelliği paylaşmayabilir. Örneğin *Mustela erminea*'de erteleme görülürken *Mustela nivalis*'de erteleme görülmez. İmplantasyonun gerçekleşmesinden sonra gebelik tipik olarak 30-65 gün sürer fakat implantasyonun gecikmesi ile birlikte toplam gebelik süresi daha uzun olabilir (bir yıla kadar). Dişiler genellikle her yıl bir kez doğum yapar ve yavru sayısı tür içi ve türler arasında değişkenlik gösterebilir. Yavrular genellikle küçük, gözleri

kapalı ve bakıma muhtaç doğarlar ve erkek bireyler yavru bakımına yardımcı olmazlar. Yavrular doğumdan sonra 8 ay ile 2 yıl arasında eşeyssel olgunluğa ulaşırlar ve doğada potansiyel yaşam uzunlukları 5-20 yıl arasındadır [103, 107, 126, 127].

1.2.7. Evrimsel Tarihi ve Sistematigi

Mustelidae en eski karnivor familyalarından biridir. Gelincik, sansar gibi Mustelidae üyelerinin küçük olması ve buna bağlı olarak da kemiklerinin nispeten küçük ve kırılğan olması sebebiyle fosilleşmiş olarak saklanma şansını azaltmıştır. Bu sebepten dolayı fosil kayıtları sınırlıdır [128]. Günümüz Carnivora familyaları geç Eosen'den Oligosen'e kadar olan dönemde Avrupa, Asya ve Kuzey Amerika'da görülmeye başlamıştır. Bunlardan biri de Mustelidae familyasıdır [103, 114]. Güneydeki kıtalara göçler, erken Miyosen sırasında ilk olarak Afrika'da ve daha sonra Kuaterner dönemde Güney Amerika'da meydana gelmiştir. Mustelidler Panama kara köprüsünden Güney Amerika'ya giren ilk karnivor familyaları arasındadır. Günümüz tüm mustelidleri P⁴ üzerindeki karnasial çentiğin kaybı ile karakterize edilebilirler. Bu tip karnivorlar, erken Miyosen'de Avrasya ve Kuzey Amerika'da görülmeye başlamıştır [113] ve günümüz altfamilyalarının ortak atadan 20,8 milyon yıl önce ayrılmaya başladığı hesaplanmıştır [104].

Yapılan biyografik analizler Musteloidea'nın Asya orijinli olduğunu göstermiştir [9, 20]. Fosil kayıtları da ilk musteloid çeşitlenmesinin Asya merkezli olduğunu desteklemiştir [129] ve musteloidlerin (Mustelictis) ilk olarak Avrupa'ya Asya'dan değişik zamanlarda çeşitli dalgalar halinde 32.8–30.9 milyon yıl önce (MYA) girdiğini göstermiştir [130]. Kuzey Amerika'ya musteloid göç dalgası yaklaşık olarak 23 milyon yıl önce (MYA) erken Miyosen'de *Zodiolestes* ile gerçekleşmiştir [20, 131, 132].

Carnivora takımı içerisinde yer alan Mustelidae familyası, günümüzde mevcut 22 cins ve bunlara ait 59 tür ile Carnivora takımı içerisindeki en çok türe sahip [3] ve Dünya'da oldukça geniş yayılışlı bir familyadır. Mevcut mustelid üyeleri geniş bir ekomorfolojik çeşitlilik gösterirler. Bunlar; kazıcı formlar, yarı sucul formlar ve yarı ormanlık bölge formları olarak üç grup altında toplanabilir [9].

Mustelidae familyası üyelerinin gösterdiği farklı davranış ve beslenme biçimleri, farklı habitatlara uyum sağlaması ve tür sayısının fazla olması, familya içerisindeki özellikle de cinsler arasındaki filogenetik ilişkilerin çözülmesini oldukça

zorlaştırmıştır [9]. Son yüzyılda morfolojik karakterler temel alınarak ve cinslerin ekomorfolojik benzerliklerine göre tanımlanıp çeşitli sayıdaki altfamilya içerisine yerleştirildiği birçok taksonomik şema oluşturulmuştur. Simpson [121], cinslerin benzerlik ve filogenilerini dikkate alarak Mustelidae familyasını beş altfamilyaya (Lutrinae, Melinae, Mellivorinae, Mephitinae ve Mustelinae) ayırmış ve bu ayırım uzun süre kabul görmüştür [9]. Mevcut Mustelidae üyeleri, dördüncü üst premolar üzerindeki karnasial çıkıntının kaybı, ikinci üst moların bulunmayışı ve genişlemiş koku bezleri temel alınarak monofiletik grup olarak tanımlanmış ve familya üyeleri, morfolojik karakterler kullanılarak benzerliklerine göre dört, en fazla da yedi altfamilyaya ayrılmıştır. Bu dört altfamilya içerisinde sıklıkla kabul edilenler, Mephitinae (kokarcalar), Melinae (porsuklar), Lutrinae (su samurları) ve Mustelinae (mustelidlerin geri kalan tüm üyeleri)'dir [9, 11]. Morfolojik veriler (kafatasının çeşitli özellikleri, diş ve yumuşak anatomi) kullanılarak, Lutrinae ve Mephitinae arasında kardeş grup ilişkisi gösterilmiştir [119, 120]. Mustelidae altfamilyaları arasındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesindeki birincil zorluk monofiletik grupların teşhisinin symplesiomorfik karakterlerden ziyade synapomorfik karakterlerden temel alınarak yapılmasıdır. Daha sonraki morfolojik olmayan karakterlerin kullanılmasıyla yapılan araştırmalar, bir bakıma farklı bir tablo ortaya çıkarmıştır. Örneğin, Wurster ve Benirschke [133] tarafından yapılan çalışmada, çeşitli karnivorların kromozomal çalışmaları yer almakta ve kokarcayı familyanın geri kalanından kayda değer bir şekilde ayrı olduğu gösterilmiştir. Ledoux ve Kenyon [134], serum proteinleriyle çalışmışlar ve modern Mephitinae soy hattından ayrıldıktan çok daha sonra Mustelinae, Lutrinae ve Melinae'nin ortak bir atayı paylaşmış olduğunu belirtmişlerdir. Mitokondriyal ve nükleer DNA bölgelerinin dizi analizlerinin kullanıldığı çalışmalar da bu görüşü desteklemiştir [11, 106]. Karnivorların akrabalık ilişkilerini inceleyen bu çalışmaları moleküler tabanlı çalışmalar olarak DNA hibridizasyon tekniği [59, 135] izlemiş ve Mustelidae familyasının parafiletik olduğu önerilmiştir. Nükleotid dizi verileri [122], bu görüşü destekler veriler üretmesine rağmen mustelidler için daha fazla veriye ihtiyaç duyulduğu belirtilmiştir. Ledje ve Arnason [6, 7], komple mtDNA sitokrom *b* ve 12S ribozomal DNA dizilerini kullanmışlar ve *Mephitis* ve *Spilogale*'nin mustelid soy hatlarının bir parçası olmadığını ve kokarcaların Mustelidae'den ayrı bir familya olduğunu önermişlerdir.

Masuda ve Yoshida [60] ile Kurose [136], mitokondriyal sitokrom *b* dizi analizi ile *Neovison vison*'u *Mustela* türlerinden ayırmıştır. Ek olarak Masuda ve Yoshida [60], Mustelinae altfamilyasını parafiletik olarak bildirmişlerdir. Mustelidae familyasının evrimsel tarihini açığa çıkarmak için familyanın moleküler filogenisi üzerine çalışan birçok araştırmacı, mitokondriyal DNA, nükleer DNA veya her ikisini birden kullanarak çalışmışlar [8, 9, 13, 63, 93, 106, 123, 130, 137, 138], nükleer IRBP (interphotoreceptor retinoid binding protein) ve sitokrom *b* gen bölgelerinin dizi analizi sonucunda Lutrinae alt familyasının Mustelinae alt familyası içerisinde yer aldığını rapor etmişlerdir. Benzer olarak son zamanlarda geniş veri setleri kullanılarak yapılan çalışmalar [13, 18, 106], Mustelidae familyası içerisindeki Mustelinae'nin parafililiğini desteklemiştir. Koepfli et al. [9], 44 mustelid türünü 22 gen segmentinin analizinden elde ettiği veriler ile kıyaslamış ve Mustelidae familyası içerisinde dört ana klad çözümlemiştir. Bu ana soy hatlarından üçü monofiletik, önceki çalışmalarda rapor edildiği gibi Mustelinae altfamilyası parafiletik olarak tanımlanmıştır. Mustelidae familyası üzerine odaklanan çalışmalar [12, 13, 16, 17, 123], Lutrinae alt familyasını monofiletik, Melinae ve Mustelinae altfamilyalarını da polifiletik olarak bununla birlikte familya içerisindeki filogenetik ilişkilerin kesin değil veya belirsiz olduklarını ifade etmişlerdir.

Yapılan son sınıflandırma ile çeşitli altfamilyalara yerleştirilen tüm mustelidler (Mephitidae; kokarcalar hariç), Lutrinae ve Mustelinae olarak iki altfamilyaya ayrılmışlardır [3]. Bu şekillenen son şema, altfamilyaların parafiletikliğini morfolojik karakterlere dayalı oluşan şemadan daha fazla ortaya koymuştur. Son on yılda yapılan DNA dizi analizi tabanlı çalışmalar kabul gören beş alt familyanın varlığını ve familyanın kendisinin monofiletikliğinin değişmesi gerektiğini önermektedir.

1.3. Cins: *Martes* Pinel, 1792

Mustelidae familyasının Mustelinae altfamilyası içerisinde yer alan *Martes* cinsi sekiz tür ile (*M. martes*, *M. foina*, *M. americana*, *M. flavigula*, *M. gwatkinsii*, *M. melampus*, *M. pennanti*, *M. zibellina*) temsil edilmektedir [3]. *Martes* cinsi üyeleri, eski ve yenedünyanın tropik, ılıman, boreal orman bölgelerinde yayılış göstermektedirler ve grubun çoğu üyesi ormanlık bölge hayvanlarıdır. *Martes* cinsi, genellikle nispeten daha büyük ve daha ağır vücut yapısına, daha uzun ve daha sivri buruna, daha büyük kulaklara, daha uzun uzuvlara ve daha gür ve uzun kıllarla kaplı kuyruğa sahip olmaları ile ayırt edilebilirler [107]. Kürk renklenmesi, türe bağlı olarak sarımtıraktan koyu

kahverengiye kadar değişmektedir. Kafatası nispeten daha dar ve uzamıştır. Diş formülleri I 3/3, C 1/1, P 4/4, M 1/2 = 38 şeklindedir [67].

Martes cinsinin Holoarktik türleri (*M. martes*, *M. foina* *M. americana*, *M. melampus*, *M. zibellina*) morfoloji, diyet, davranış ve habitatları bakımından birçok benzerlik göstermektedir [55]. *Martes foina* hariç diğer dört tür allopatrik veya parapatrik olarak yayılış gösterirken, *Martes foina* ve *Martes martes* türleri özellikle Avrasya'nın büyük bir kısmında simpatrik olarak yayılış göstermekte, aynı habitatı paylaşabilmekte ve kolaylıkla birbiri ile karıştırılmaktadır [55-58]

1.3.1. Tür: *Martes martes* Linnaeus, 1758

Yaygın olarak ağaç sansarı, Avrupa ağaç sansarı, orman sansarı olarak bilinmektedir [139].

1.3.1.1. Genel Özellikleri

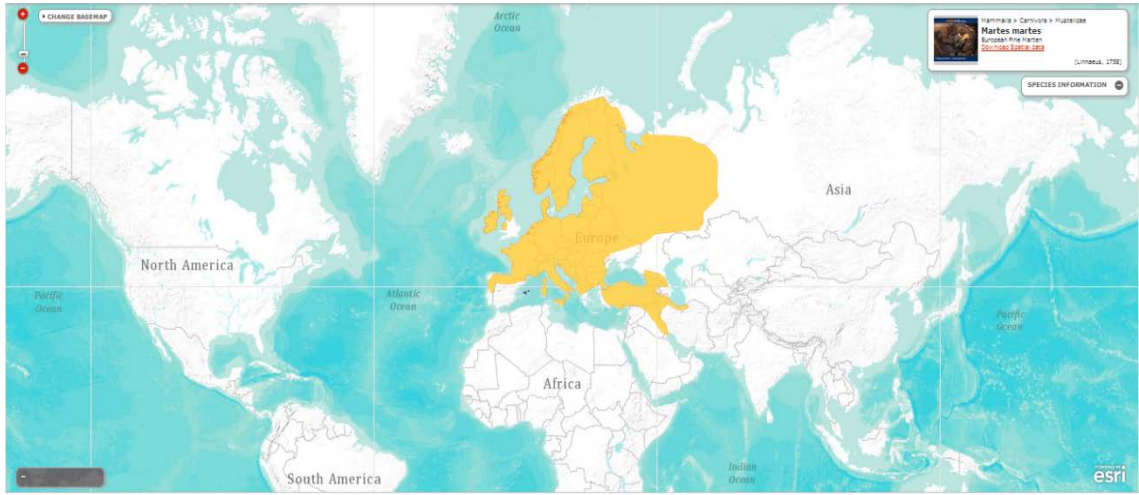
Orta boyutlu mustelidlerdendir ve yaklaşık olarak iri bir evcil kedi büyüklüğündedir. Baş ve vücut uzunluğu yaklaşık olarak 365-580 mm, kuyruk uzunluğu 185-280 mm ve ağırlığı erkeklerde 670-1.950 g, dişilerde 480-1.480 g arasında değişmektedir. Genel kürk rengi kesteneden koyu kahverengine kadar çeşitlilik göstermektedir. Bireylerinde boyun ve boyun altı bölgesinde açık sarı renkte bir bölge mevcuttur. Pençeleri ve ayak tabanı yoğun kıl ile kaplıdır. Dişileri dört memeye sahiptir. Yüz bölgesi kedilerdeki gibi sivri, kulaklar nispeten geniş ve yuvarlak uçlu, bacaklar daha kısa ve kuyruk uzun ve kabarıktır. Anal koku bezleri gibi karın koku bezleri de mevcuttur. Erkek bireyler dişilerden biraz daha büyüktür [107, 139].

Aktiviteleri genel olarak nokturnaldır ve avlanma sırasında 20-30 km karelik bir alanı kullanırlar. Diyeti arasında küçük rodentler, meyve ve yemişler, mantarlar ve leşler yer alırken nadir olarak kuşları, diğer memelileri, yumurta ve bazı omurgasızları da yerler. Çiftleşme yaz ortasında meydana gelir. Fakat implementasyonu geciktirebildiklerinden dolayı doğumlar mart-nisan aylarında gerçekleşir. Gebelik 230-275 gün sürer. Yılda bir kez doğum yaparlar ve her doğumda 2-8 (yaygın olarak 3-5) yavru meydana gelir. Doğan yavruların gözleri kapalıdır ve doğumdan 32-38 gün sonra açılır. Eşeyssel olgunluğa 2-3 yaşlarında ulaşırlar ve doğadaki yaşam uzunlukları 17-18 yıl kadardır [107, 139, 140].

Ağaç sansarı *Martes martes*, diploid sayıda 38 kromozoma sahiptir [141].

1.3.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Ağaç sansarı *Martes martes*, Palaearktik'te geniş bir yayılış alanına sahiptir. Bu kapsamda Avrupa'nın büyük bir kısmında (Güney İberya ve Yunanistan, Belçika ve Hollanda'nın bir kısmı hariç), Anadolu'nun kuzeyi (iğne yapraklı ormanların kuzey sınırı), Kuzey Irak ve İran, Kafkaslar, Rusya'nın Asya kısmının büyük bir kısmında yayılış gösterirler. Ayrıca Akdeniz adalarından Korsika, Sardunya ve Sicilya adalarında da yayılış gösterirler [139, 140, 142].



Şekil 1.3. *Martes martes*'in Dünya'daki yayılış alanı [143]

Ağaç sansarı *Martes martes*, karasal canlılardır. Yaşam alanı genellikle yaprak döken, karışık ve iğne yapraklı yoğun ağaçlık ve makilik alanlardır. Ormanlık habitatları tercih ederler ve çok iyi adapte olmuşlardır. Bununla birlikte ormanlık alan dışında da bulunabilirler. Ayrıca çayırliklar, bozkırların kıyı bölgelerinde de bulunurlar. Kaya altlarında, devrilmiş ağaçlarda, içi boş ağaç içlerinde ve ağaç köklerinde, kısmen de ağaçlarda yuvalanırlar [107, 139, 140].

1.3.2. Tür: *Martes foina* Erxleben, 1777

Kaya sansarı veya beyaz göğüslü sansar olarak bilinmektedir [139].

1.3.2.1. Genel Özellikleri

Orta büyüklükte mustelidlerdendir. Baş ve vücut uzunluğu yaklaşık olarak 420-560 mm, kuyruk uzunluğu 220-320 mm ve ağırlığı 1.100-2.300 g arasında değişmektedir [107, 139]. Genel kürk rengi soluk grimsi kahverenginden koyu

kahverengine kadar çeşitlilik göstermektedir [107]. Çoğu bireyde boyun bölgesinde belirgin beyaz ya da sarı bir bölge mevcuttur. Kuyruk gür ve uzun kıllarla kaplıdır. Ağaç sansarı *Martes martes*'e benzerdir. Fakat kulaklar daha kısa, ekstremiteler daha uzun, kuyruk daha uzun ve kürkü daha kabadır. Ayak tabanı seyrek kıllarla kaplıdır. Dişi ve erkekleri monomorfiktir [107, 139].

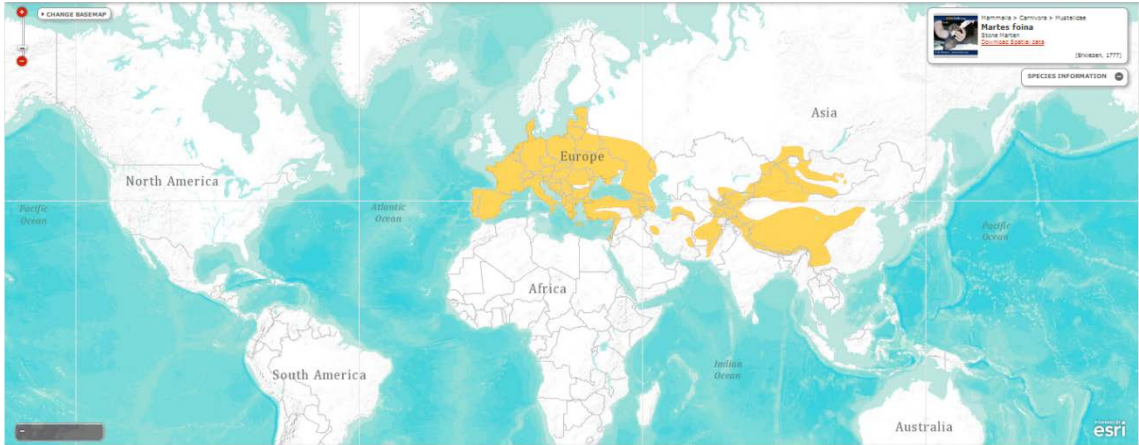
Genel olarak nokturnaldır. Ayrıca krepuskularlık da mevcuttur. Avlanma ve yaşam alanları *Martes martes* kadar geniş olmayıp, daha ziyade küçük bir alanı kullanırlar. Diyeti arasında küçük rodentler, küçük kuşlar, kurbağalar, sürüngenler, böcekler, amfibiler, kuş yumurtaları, meyve ve yemişler ve bazen de kümes hayvanları yer almaktadır. Diğer *Martes* türlerine oranla diyetlerinde bitki materyalleri daha çok yer alır [107, 139].

Çiftleşme yaz ortasında meydana gelir. Fakat implementasyonu geciktirebildiklerinden dolayı doğumlar, ilkbahar aylarında gerçekleşir ve gebelik 230-275 gün sürer. Yılda bir kez doğum yaparlar ve her doğumda 3-8 (yaygın olarak 3-4) yavru meydana gelir. Doğan yavruların gözleri kapalıdır ve doğumdan 30-36 gün sonra açılır. Eşeyssel olgunluğa 1-2 yaşlarında ulaşırlar ve doğadaki yaşam uzunlukları ortalama 3 yıl, maksimum 10 yıl kadarken özel koşullar altında 14-18 yıla kadar uzatılabilir [107, 139, 142, 144].

Kaya sansarı *Martes foina*, diploid sayıda 38 kromozoma sahiptir [141].

1.3.2.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Kaya sansarı *Martes foina*, Avrupa'nın büyük bir kısmından Orta Asya'ya kadar geniş bir yayılış alanına sahiptir. Bu kapsamda batıda İspanya ve Portekiz'den, Orta ve Güney Avrupa'ya, Anadolu, Orta Doğu ve Orta Asya'ya, doğuda Altay ve Tien Shan Dağları ve Kuzeybatı Çin'e kadar yayılış göstermektedirler. Ayrıca Akdeniz adalarından Girit, Rodos ve Korfı adalarında da yayılış gösterirler. Kaya sansarı Pakistan, Hindistan, Afganistan, Nepal ve Butan'da yayılış göstermeye başlamıştır. Avrupa'da, İngiltere, İskandinav Yarımadası, Finlandiya, Kuzey Baltık, İrlanda ve Kuzey Avrupa Rusya'sında bulunmazlar. Kazakistan'da deniz seviyesinden 3.400 m yükseklikte, Himalaya'da 3.600 m yükseklikte ve Nepal'de 4.200 m yükseklikte bulunabilirler. Ayrıca bu tür Wisconsin, ABD'ye de sonradan sokulmuştur [139, 142, 144].



Şekil 1.4. *Martes foina*'nın Dünya'daki yayılış alanı [145].

Kaya sansarı *Martes foina* karasal canlılardır. Ormanlık alanlara *Martes martes*'den daha az bağımlıdır. Kayalık ve açık alanları tercih ederler. Ayrıca yerleşim yerlerine girerek binalar içerisinde yuvalanabilirler. Doğal yaşam alanları, kaya yarıkları, taş yığınları, yaprak döken ormanlık alanlar, diğer hayvanların terk ettiği yuvalar, içi boş ağaçlar, kanyonlar, çalılık yamaçlar, orman kenarları, şehir kenarları ve tarım arazileridir. Deniz seviyesinden 4.000 metre yüksekliğe sahip alanlarda yayılış gösterirler [107, 139, 144].

1.4. Cins: *Mustela* Linnaeus, 1758

Mustelidae familyasının Mustelinae altfamilyası içerisinde yer alan *Mustela* cinsi, 17 tür ile (*M. erminea*, *M. frenata*, *M. nivalis*, *M. subpalmata*, *M. altaica*, *M. kathiah*, *M. lutreola*, *M. putorius*, *M. eversmanni*, *M. nigripes*, *M. sibirica*, *M. itatsi*, *M. lutreolina*, *M. africana*, *M. felipei*, *M. nudipes*, *M. strigidorsa*) temsil edilmektedir ve familya içerisinde en çok tür içeren cinstir [3]. Genel olarak küçük veya orta boyutlu mustelidlerden olan *Mustela* cinsi üyeleri, Geç Pliyosen dönemde ortaya çıkmışlardır ve günümüzde Asya, Avrupa, Kuzey Afrika, Kuzey Amerika ve Güney Amerika'nın kuzey kısımlarında geniş bir yayılış göstermektedirler [68, 99, 145]. Yayılış alanı içerisinde tropik yağmur ormanlarından tundralara, step ve çöllerden sulak alanlara kadar çok çeşitli habitatlarda bulunabilirler [68, 69]. Avrasya'da *Mustela* cinsine ait 12 tür (*M. nivalis*, *M. putorius*, *M. altaica*, *M. erminea*, *M. eversmanni*, *M. itatsi*, *M. kathiah*, *M. lutreola*, *M. lutreolina*, *M. nudipes*, *M. sibirica*, *M. strigidorsa*) yayılış göstermektedir. Bunlardan bazıları ya Holoarktik'te (*M. nivalis* ve *M. erminea*) ya da Avrasya'da (*M. eversmanni*, *M. putorius* ve *M. lutreola*) yayılış göstermektedir. Geri kalan türlerin

yayılış alanı ise Asya ile sınırlıdır (*M. altaica*, *M. kathiah* ve *M. sibirica*) ve bazı türler küçük bir alanda (veya adada) yayılış göstermektedir (*M. strigidorsa*, *M. nudipes*, *M. itatsi*, *M. lutreolina*) [69, 136].

Genel olarak *Mustela* cinsi, küçük ve orta büyüklükte mustelid türlerini içermektedir ve en küçük karnivor memeli türü bu cins içerisinde yer almaktadır. *Mustela* cinsi üyelerinde karakteristik olarak vücut ince ve uzun, bacaklar kısa, baş nispeten küçük, yassı ve üçgenimsi, yüz bölgesi kısa, ziygomatik yaylar zayıf, gözler nispeten büyük, parlak siyah renkte, bıyıklar uzundur [67, 99, 145]. Kuyruk uzunluğu değişken olmakla birlikte yaklaşık olarak vücut uzunluğunun yarısı kadar, bazı türlerde daha kısadır. Kulaklar küçük ve yuvarlak uçludur. Digitigrade canlılardır. Anal salgı bezleri tüm türlerde mevcuttur ve bazı türlerde çok iyi gelişmiştir. Kürk ve kuyruk yoğun fakat uzun olmayan kıllarla kaplıdır. Renklenme oldukça değişken olmakla birlikte iki tonludur. Boyun bölgesinde farklı renklenme mevcut değildir. Kuzey bölge formlarında kürk yoğunluğu, uzunluğu ve/veya renklenmesinde mevsimsel dimorfizm çok yaygındır. Dişiler erkeklerden daha küçük olup, özellikle bazı türlerde bu durum oldukça belirgindir. Diş formülleri $I\ 3/3, C\ 1/1, P\ 3/3, M\ 1/2 = 34$ şeklindedir [67].

1.4.1. Tür: *Mustela nivalis* Linnaeus, 1766

Gelincik veya kar gelinciği olarak bilinmektedir ve karnivor memeliler içerisindeki en küçük bireye sahip türdür [139].

1.4.1.1. Genel Özellikleri

Genel görünüş olarak cinsin karakteristik özelliklerini çok iyi bir şekilde göstermektedir. Vücut uzun bir boyuna sahip ve ince, uzun, bacaklar ve kuyruk nispeten kısa, baş nispeten küçük, yassı ve üçgenimsi, yüz bölgesi kısa, gözler büyük ve siyah renkte, kulaklar yuvarlak uçludur. Baş ve vücut uzunluğu 110-260 mm, kuyruk uzunluğu 17-78 mm ve ağırlığı ~45-250 g arasında değişmektedir. Vücut ağırlığı bulunduğu bölgeye göre çeşitlilik göstermektedir. Kuzey Amerika popülasyonları eski dünya popülasyonlarına göre daha küçüktür ve en büyük bireyleri Kuzey Afrika'da yayılış göstermektedir. Ayrıca eşeysel dimorfizm yaygın olarak görülmekte olup erkek bireyler dişi bireylerden daha büyüktürler. Genel kürk rengi olarak yazın sırt bölgesi kırmızı-kahverengi karın bölgesi beyaz renkte, kışın kuzey bölgelerde tamamıyla beyaz,

güney bölgelerde ise kahverengi ve beyazdır. Kış kürkü yaz kürküne göre daha uzun kıllara sahiptir [107, 139, 146].

Tüm yıl boyunca hem gece (nokturnal) hem de gündüz (diurnal) aktiftirler. Avlanma alanı olarak çok geniş bir alanı kullanmazlar ve daha ziyade kendi alanlarında (teritoriallerinde) bulunurlar. Besinleri arasında başlıca küçük memeliler (özellikle rodentler) bulunmakta, bunların kıtlığında ise küçük kuşlar, amfibiler, yumurta ve kümes hayvanları, sürüngenler ve böcekler yer almaktadır. Erkek bireyler dişilere nazaran daha iyi avcılardır ve daha büyük avları da avlayabilirler. Dişi bireyler ise daha ziyade küçük rodentleri avlarlar. Ayrıca kış için besin depo edebilirler [107, 139, 146].

Çiftleşme başlıca Mart-Ağustos aylarında olmakla birlikte tüm yıl boyunca görülebilir. Dişileri poliötrüstur ve yılda iki veya daha fazla doğum yapabilirler. İmplantasyonu erteleme mevcut değildir ve gebelik 34-37 gündür. Bir doğumdaki yavru sayısı 5 olmakla birlikte 3 ile 10 arasında değişmektedir. Doğan yavrular çıplak ve gözleri kapalı ve sağırdırlar. Doğumdan iki hafta sonra vücut beyaz kıllarla kaplanır, dişler 2-3 hafta içinde çıkar, gözler 4 haftada açılır. Dişiler 3-4 ayda, erkekler ise 8 ayda eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Doğadaki yaşam uzunlukları ortalama 1-3 yıl, özel koşullar altında 6-18 yıl kadardır [107, 139, 146].

Mustela nivalis, diploid sayıda 42 kromozoma sahiptir [141].

1.4.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Mustela nivalis, Holoarktik bir yayılışa sahiptir. Bu kapsamda Avrupa, Asya, Kuzey Afrika ve Kuzey Amerika'da geniş bir yayılış alanı göstermektedir. Yeni Zelanda, Malta, Girit ve Azore Adaları'na sonradan sokulmuştur. Avrupa ve çoğu adasında (İrlanda hariç) ve büyük Akdeniz Adaları'nda bulunur. Ayrıca Japonya'da Honshu, Hokkaido, Kunashiri, Etorofu, ve Sakhalin adalarında ve Kuzey Moğolistan'da bulunur [139, 147].



Şekil 1.5. *Mustela nivalis*'in Dünya'daki yayılış alanı [148]

Mustela nivalis karasal canlılardır. Yaşam alanı, karışık ormanlar, ağaçlık bölgeler, bozkırlar, yarı çölsel bölgeler dağlık alanlar, tarım bölgeleri, çayırliklar, nehir kenarları gibi çok çeşitli habitatlardır. Habitat seçimi genellikle bölgesel kemirgen popülasyonunun durumu ile belirlenir. Avlarının yuvalarını işgal ederek buralarda yaşarlar. Deniz seviyesinden 3.860 metre yüksekliğe sahip alanlarda yayılış gösterebilirler [147].

1.4.2. Tür: *Mustela putorius* Linnaeus, 1758

Kokarca veya Avrupa kokarcası, orman veya siyah kokarca olarak bilinmektedir [67, 139].

1.4.2.1. Genel Özellikleri

Oldukça belirgin bir eşeysel dimorfizm gösterirler. Erkekler dişi bireylerden iki kat daha ağır ve iki veya üç kat daha uzun olabilirler. Erkeklerde baş ve vücut uzunluğu 350-460 mm, kuyruk uzunluğu 115-190 mm ve ağırlığı 400-1.500 g arasında değişirken dişilerde baş ve vücut uzunluğu 225-340 mm ve kuyruk uzunluğu 85-123 mm arasında değişmektedir [107, 139]. Genel renklenme koyu kahverenginden siyaha kadar değişmektedir. Kürk altı sarımsı, göz ve kulakların çevresi beyaz gümüşü renklidir. Kuyruk gür ve uzun kıllarla kaplı, kahverengi veya siyahtır. Vücut uzun dar, bacaklar kısa, kulaklar yuvarlak, uçları beyazdır. Kafatası hafif köşelidir [107, 139].

Genel olarak nokturnaldır (gececi) ayrıca diurnalite de (gündüzcül) mevcuttur. Genellikle belli bir bölgede yerleşik olarak bulunurlar ve yaklaşık olarak 100-150

hektarlık bir alanı kullanırlar. Görüş kabiliyetleri zayıf, koku ve duyma iyi gelişmiştir. Yüzebilirler fakat ağaçlara tırmanma kabiliyeti zayıftır. Diyeti arasında küçük memeliler (rodentler ve tavşanlar) önemli yer tutar ve kendinden büyük tavşanları avlayabilirler. Ayrıca besin kıtlığı durumlarında kurbağa, balık, kertenkele, böcek, yılan, kuş (özellikle kümes hayvanları), yumurta ve meyve de yiyebilirler. Fakat sindirim sistemi farklı besinleri kullanabilme bakımından kanidler ve ayılar kadar gelişmiş değildir [107, 139].

Çiftleşme Mart-Haziran aylarında gerçekleşir. Genellikle yılda bir doğum yaparlar. Fakat dişi yavrularını kaybederse aynı sezon içinde tekrar doğum yapabilirler. Gebelik dönemi yaklaşık olarak 40-42 gün kadar sürer ve bir doğumda 2-12, yaygın olarak 3-7 adet yavru birey doğar. Doğan yavruların gözleri yaklaşık bir ay içerisinde açılır, 6-8 hafta içinde sütten kesilirler ve 3 aydan sonra yuvadan ayrılırlar. Eşeyssel olgunluğa altı ay ile iki yıl arasında ulaşırlar. Doğadaki yaşam uzunlukları ortalama 4-6 yıl, özel koşullar altında 8-14 yıl kadardır [107, 139].

Mustela putorius, diploid sayıda 40 kromozoma sahiptir [141].

1.4.2.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Mustela putorius, Batı Palaearktik'ten Ural dağlarına kadar olan bölgede geniş bir yayılış alanına sahiptir. Bu kapsamda, Batı Avrupa'dan Akdeniz'e, kuzeyde Orta İskandinavya'ya ve Finlandiya'ya, doğuda Orta Kazakistan, Rusya, Romanya, Macaristan, Slovakya, Çek Cumhuriyeti, Yugoslavya ülkeleri, Doğu Çin ve Moğolistan'a, güneyde Himalayalar'a kadar yayılış gösterirler. İrlanda, Kuzey İskandinavya, Balkanların bir kısmında ve doğu Adriyatik kıyılarında bulunmaz [139, 149].



Şekil 1.6. *Mustela putorius*'un Dünya'daki yayılış alanı [150].

Mustela putorius karasal canlılardır. Yaşam alanı olarak tatlı su kenarları ve sulak alanları, orman kenarlarını, çayırlıkları ya da makilik alanları tercih ederler. Genel olarak düşük yükseltiye sahip her türlü habitatta bulunabilirler. Kışın çiftlik ve köylere yakın bölgelerde yaşayabilirler. Sıklıkla yerleşim bölgelerine girerler. Deniz seviyesinden 2.400 metre yüksekliğe sahip alanlarda yayılış gösterebilirler fakat dağlık alanlarda pek bulunmazlar. Çukurlarda, kaya yarıklarında, kütüklerin altında, binalarda barınırlar [139, 149].

1.5. Cins: *Meles* Brisson, 1762

Mustelidae familyasının Mustelinae altfamilyası içerisinde yer alan *Meles* cinsi, 3 tür ile (*M. anakuma*, *M. leucurus*, *M. meles*) ile temsil edilmektedir [3]. Yapılan son moleküler temelli çalışmalar *Meles meles canescens* alttürünün *Meles canescens* olarak tür seviyesinde değerlendirilmesi gerektiğini önerilmiştir [15, 50, 51]. Genel olarak Mustelidae familyası içerisindeki orta boyutlu karnivorlardandır. Günümüz *Meles* cinsi üyeleri muhtemelen geç Pliyosen'de Güney Çin'de *Melodon*'dan köken alarak ortaya çıkmıştır ve Avrupa'ya geç Pliyosen ve erken Pleistosen dönem arasında dağılmıştır. Günümüzde Britanya ve çeşitli Akdeniz adaları da dahil olmak üzere Avrupa'dan Filistin, İran, Tibet, Japonya ve Güney Çin'e kadar olan geniş bir bölgede yayılış göstermektedir [52, 53, 107, 151]. Yayılış alanı içerisinde genel olarak ormanlık bölgelerde ve yoğun bitki örtüsü olan alanlarda bulunurlar. Toprak içerisine kazarak açtıkları büyük ve kompleks tünel sistemine sahip çukurlarda yaşarlar. Yuvalarının çok sayıda girişi, geçişi ve bölümleri vardır. Yuvaları girişten 10 metre uzaklıkta, 2-3 metre derinde ve 1.5 metre çapında olabilir. Bu tünel sistemi kuşaklar boyunca kullanılır ve her yeni kuşak yeni tüneller ekleyerek yuva sistemini genişletir. Yaşam alanlarını oldukça temiz tutarlar [107].

Meles cinsinde genel olarak vücut tıknaz yapıda ağır ve büyüktür. Baş ve vücut uzunluğu 560-900 mm, kuyruk uzunluğu 115-202 mm ve ağırlığı genellikle 10-16 kg kadardır. Gözler küçük, bacaklar kısa ve büyük, kuyruk ve kulaklar kısadır. Baş büyük, uzun ve nispeten incedir. Kürk uzun kıllarla kaplıdır. Renklenme olarak üst kısım grimsi, alt kısım ve bacaklar siyahtır. Yüzün her iki tarafında siyah çizgiler mevcut olup, burun ucundan göz çevresini kapsayarak kulaklara kadar devam eder. Siyah çizgiler beyaz çizgiler ile sınırlandırılmıştır. Diş formülleri değişebilmekte ve $I \ 3/3$, $C \ 1/1$, $P \ 3-4/3-4$, $M \ 1/2 = 34-36-38$ şeklindedir ve asimetrik olabilir [67, 107, 139].

1.5.1. Tür: *Meles meles* Linnaeus, 1758

Avrasya porsuğu veya porsuk olarak bilinmektedir [139].

1.5.1.1. Genel Özellikleri

Avrasya porsuğu *Meles meles*, tıknaz bir yapıda ağır ve büyük vücuda, kısa ve güçlü uzuvlara ve kısa bir kuyruğa sahiptir. Baş ve vücut uzunluğu 600-900 mm, kuyruk uzunluğu 110-190 mm ve ağırlığı genellikle 6.6-16.7 kg kadardır. Dişilerin vücut ağırlığı erkekler göre daha az olmakla birlikte baş ve vücut uzunluğu aynıdır. Gözler küçük, bacaklar kısa ve büyük, kuyruk ve kulaklar kısadır. Baş nisbeten büyük, uzun ve incedir. Boyun kısa ve kalındır. Kürk uzun kıllarla kaplıdır. Genel kürk rengi olarak üst kısım grimsi, alt kısım ve bacaklar siyahtır. Karakteristik olarak yüzün her iki tarafında siyah çizgiler mevcut olup, burun ucundan göz çevresini kapsayarak kulaklara kadar devam eder. Siyah çizgiler beyaz bir orta çizgi ile ayrılmıştır [107, 139].

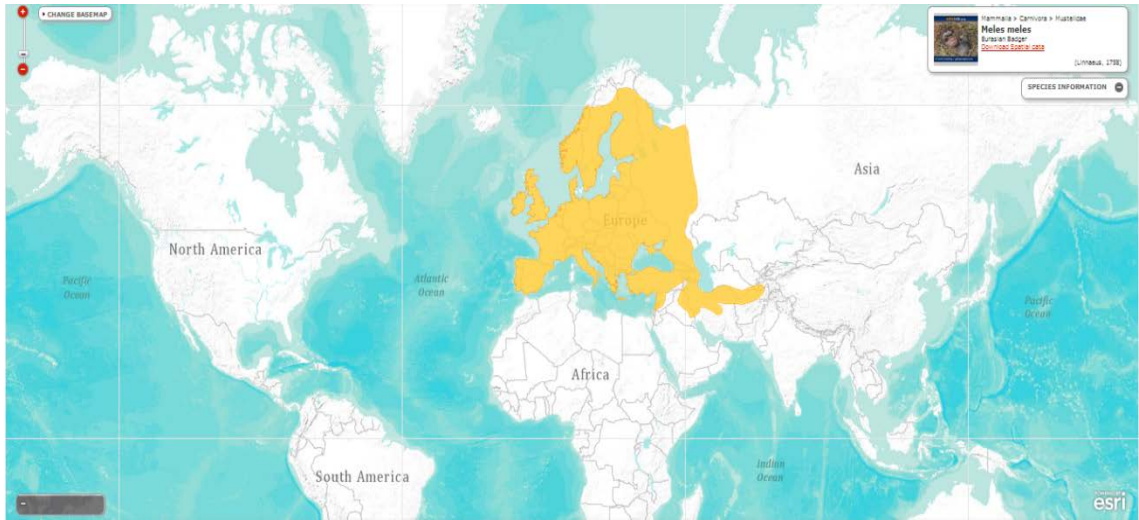
Genel olarak nokturnaldır (gececi) ayrıca krepuskularlık da (alacakaranlık) mevcuttur. Soğuk havalarda kış uykusuna yatarlar. *Meles meles* sosyal karnivorlardır ve diğer bireyler ile ortak bir yuvada bulunabilirler. Yuva alanları toprak altındadır ve oldukça geniş alanları kaplayabilir. Omnivorluk mevcuttur ve hemen hemen tüm mevcut besinleri tüketebilirler. Besinleri arasında başlıca küçük memeliler, kuşlar, sürüngenler, kurbağalar, yumuşakçalar, böcekler, arı ve karınca larvaları, kabuklu meyveler, kök ve yumrular, mantarlar, yemişler, meyveler ve tohumlar yer alır. Bazı bölgelerde toprak solucanları diyetinin önemli bir kısmını oluşturmaktadır [107, 139].

Çok eşlilik yaygın olarak görülmektedir. Çiftleşme, kış sonundan yaz ortasına kadar olmakla birlikte genel olarak ilkbaharda gerçekleşir. İmplantasyonu 10 aya kadar erteleyebilirler ve gebelik süresi implantasyon hariç 7 hafta kadardır. Doğumlar genel olarak şubat mart aylarında gerçekleşir ve bir doğumda 1-6, ortalama 3-4 yavru dünyaya gelir. Doğan yavruların gözleri beş hafta içinde açılır. 1.5-2 yıl içerisinde eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Doğadaki yaşam uzunlukları ortalama 6-11 yıl, özel koşullar altında 19 yıla kadar uzayabilir [107, 139].

Meles meles, diploid sayıda 44 kromozoma sahiptir [141].

1.5.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Avrasya porsuğu *Meles meles*, Palaearktik bölgede oldukça geniş bir yayılışa sahiptir. Bu kapsamda Afganistan, Arnavutluk, Avusturya, Belçika, Bosna Hersek, Bulgaristan, Çin (Sincan), Girit, Hırvatistan, Çek Cumhuriyeti, Danimarka, Estonya, Finlandiya, Fransa, Almanya, İngiltere, Yunanistan, Macaristan, İran, Irak, İrlanda, İsrail, İtalya, Letonya, Litvanya, Lüksemburg, Makedonya, Moldova, Hollanda, Norveç, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya (doğuda Volga Nehrine kadar), Sırbistan ve Karadağ, Slovakya, Slovenya, İspanya, İsveç, İsviçre ve Ukrayna'da bulunur [139, 152].



Şekil 1.7. *Meles meles*'in Dünya'daki yayılış alanı [153].

Meles meles karasal canlılardır. Yayılış alanı içerisinde genel olarak yaprak dökken ormanlık bölgeleri, meralık alanlar ve yoğun bitki örtüsü olan bölgeleri tercih eder. Bununla birlikte makilik bölgeler, çalılıklar, bozkırlar, tarım alanları, açık alanlar, madenler, çöplükler gibi yerlerde de bulunurlar. Deniz seviyesinden 3.300 metre yüksekliğe sahip alanlarda yayılış gösterebilirler [139, 152].

1.6. Cins: *Vormela* Blasius, 1884

Mustelidae familyasının Mustelinae altfamilyası içerisinde yer alan *Vormela* monotipik bir cins olup dünya genelinde tek tür ile (*Vormela peregusna*) ile temsil edilmektedir [3, 67]. Suriye, Filistin ve Kafkasya'dan Pliyosen döneme ait fosil kayıtlar bilinmektedir ve günümüz *Vormela* cinsi üyeleri muhtemelen Pliyosen'de Türkiye'nin Anadolu kısmında ortaya çıkmıştır [67]. Günümüzde cinsin Dünya'daki yayılışı,

nispeten küçük olup, Güneydoğu Avrupa, Türkiye, Orta Asya ve kuzey bölgeleri ve Kazakistan'ı kapsamaktadır. Genel anlamda küçük boyutlu sansar benzeri mustelidlerdendir [154]. Cinsin genel görünüşü oldukça karakteristiktir ve diğer cinslerden oldukça kolay bir şekilde ayrılır. Dış görünüş ve bazı morfolojik karakterler bakımından *Mustela* cinsi üyelerinden *Mustela putorius* türü ile benzerlik göstermekte ve bu sebepten dolayı morfolojik temelli çalışmalarda *Mustela* ile yakın ilişkili olduğu belirtilmiştir. Ayrıca bazı özellikler bakımından (özellikle renklenme) familyanın farklı Afrika formları ile (*Ictonyx*, *Poecilictis*, *Poecilogale*) benzerlikleri mevcuttur ve bazı çalışmalarda Afrika formları ile *Mustela* cinsine oranla daha yakın ilişkili olduğu da ifade edilmiştir. Fakat bu görüş morfolojik temelli çalışmalarda çok fazla kabul görmemiştir [67]. Yapılan moleküler temelli çalışmalarda *Vormela* cinsi Afrika formları ile aynı yerde gruplanmıştır [9, 20]. Dış formülü $I \ 3/3, C \ 1/1, P \ 3/3, M \ 1/2 = 34$ şeklindedir [67, 154].

1.6.1. Tür: *Vormela peregusna* Güldenstädt, 1770

Alacasansar, Avrupa benekli kokarcası olarak bilinmektedir [155].

1.6.1.1. Genel Özellikleri

Vormela cinsi içerisindeki tek tür olan *Vormela peregusna*, küçük ve ince uzun yapıdadır. Genel görünüş olarak *Mustela putorius*'a benzemesine karşın sırt kısmındaki kırık ve benekli renk desenlenmesi ve pençelerinin daha uzun olması ile kolaylıkla ayrılabilir [67, 107]. Ayrıca diğer mustelid üyelerinden alın bölgesinde beyaz bir şeride sahip kahverengi bir baş, göz bölgesindeki siyah bir bant, büyük ve yuvarlak uçlu beyaz kulaklar, düzensiz ve koyu benekli sarımsı bir renk ve uzun, kabarık bir kuyruk ile ayırt edilir [154]. Baş ve vücut uzunluğu 290-477 mm, kuyruk uzunluğu 150-218 mm ve vücut ağırlığı 370-715 g kadardır. Erkek bireyler dişi bireylere göre nispeten daha büyüktür. Ağız bölgesi kısa, kulaklar büyük ve beyaz olması sebebiyle kolaylıkla fark edilebilir. Kuyruk uzun ve kıllıdır. Bacaklar kısa ve pençeleri uzundur, gözler iyi gelişmemiş, bıyıklar seyrek ve uzundur. Dorsal kürk, düzensiz sarımsı benekler ve çizgiler ile koyu kahverengi, bacaklar ve gövde altı siyahımsı kahverengidir. Yüz bölgesi maskelidir. Kürk renklenmesi bireyler arasında farklılık gösterebilir [24, 107, 154, 156]. Diğer çoğu mustelid gibi anal salgı bezlerine sahiptir ve salgıları oldukça kötü kokuludur ve tehlike anında salgırlar. Görme duyusunun zayıf olmasına rağmen koku alma duyusu çok iyi gelişmiştir [107, 154, 156, 157].

Genel olarak gün doğumu ve gün batımında aktiftirler (krepuskular). Ayrıca nokturnallikte (gececi) mevcuttur. Soğuk havalarda gün içerisinde güneş altına çıkabilirler [107, 154]. Radyo izleme çalışmaları ile bir gecede yaklaşık bir kilometre hareket ettiği, aynı yolu çok nadir tekrar kullandığı ve 2-3 günde bir yuva aktif bölgesini değiştirdiğini göstermiştir. Çok iyi tırmanıcılardır. Fakat genellikle yer yüzeyinde beslenirler. Alacasansarlar, generalist ve oportunistik predatörlerdir ve yer sincabı (*Spermophilus*) eğer bulunduğu çevrede mevcutsa diyetinin başlıca kısmını oluşturmakla birlikte diğer kemirgenleri de avlarlar. Bununla birlikte küçük tavşanlar, kertenkeleler, kuşlar, kümes hayvanları, sürüngenler, kurbağa, böcek, meyve ve çimen de yerler [103, 107, 154, 156]. Yuva olarak büyük yer sincabı ve kemirgen yuvalarını işgal edebilir veya kendi yuvasını kazabilir. Bazı alacasansarlar yuvalarına besin depolayabilirler [154].

Çiftleşme dönemi dışında soliterdirler. Çiftleşme genel olarak mart-haziran aylarında gerçekleşir. İmplantasyonu erteleyebilirler ve gebelik süresi yaklaşık 9 hafta kadardır. Doğumlar genel olarak 8-11 ay sonra şubat-mart aylarında gerçekleşir ve bir doğumda 4-8 yavru dünyaya gelir. Doğan yavrular gözleri 38-40 gün içinde açılır ve bir yıl içerisinde eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Yavru bakımıyla sadece dişi birey ilgilenir. Özel koşullar altında 8 yıl 11 ay yaşadığı rapor edilmiştir. Doğadaki yaşam uzunluğu daha kısadır [107, 154, 156].

Vormela peregusna, diploid sayıda 38 kromozoma sahiptir [141].

1.6.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Alacasansar *Vormela peregusna* Güney-Doğu Avrupa'dan Anadolu, Orta Doğu, Kafkasya, Orta Asya, Moğolistan ve Kuzey Çin'e kadar uzanan bir yayılışa sahiptir. Avrupa'da Sırbistan ve Karadağ, Makedonya, Yunanistan, Romanya, Bulgaristan, Türkiye'nin Avrupa kısmında ve Ukrayna'nın güney kesimlerinde, Rusya Federasyonu'nda ve Kuzey Kafkasya'da bulunur. Ayrıca Orta Doğu'da geniş bir yayılışı bilinmektedir [155].



Şekil 1.8. *Vormela peregusna*'nın Dünya'daki yayılış alanı [158].

Vormela peregusna karasal canlılardır. Yayılış alanı içerisinde stepler ve çevresi, çölsel, yarı çölsel ve düşük yükseltili yarı kurak kayalık bölgeler gibi habitatları tercih ederler. Genel olarak yayılış alanı içerisindeki çoğu habitatta yaşayabilirler. Deniz seviyesinden 3.000 metre yüksekliğe sahip alanlarda yayılış gösterebilirler. Genellikle yüksek dağlık bölgelerde bulunmazlar [154, 155].

1.7. Cins: *Lutra* Brisson, 1762

Mustelidae familyasının Lurtinae altfamilyası içerisinde yer alan *Lutra* cinsi, üç tür ile (*L. lutra*, *L. nippon*, *L. sumatrana*) temsil edilmektedir [3]. Dünya'da Avrupa, Asya (Kuzey uç kesimler ve Arap yarımadası hariç) ve Kuzey Afrika'dır. *Lutra* cinsi üyeleri yarı sucul karnivor memelilerdendir ve hem sucul hem de karasal yaşama çok iyi adapte olmuşlardır. Çok iyi yüzücü ve dalıcılarıdır. Genellikle sudan birkaç yüz metreden uzaklıkta bulunmazlar [67, 107, 159]. Bu yarı sucul memeliler hemen hemen tüm iç su tiplerinde bulunabilirler. Genel vücut yapısı ince uzun, oldukça esnek, baş ve kulak nispeten küçük, kulakların uç kısmı yuvarlak, gözler göreceli olarak büyük, kuyruk kalın, kaslı ve uzun, uç kısma doğru incelmış ve dorso-ventral yönde düzleşmiş, bacaklar ve pençeler kısa, arka pençeler öndekine göre daha geniş ve parmaklar arasında perdeler oluşmuştur. Kulak ve burun delikleri özel kapakçıklara sahiptir. Kürk düzgün yoğun kıllarla kaplı, renklenme neredeyse tüm vücut boyunca aynı, alt yüzey biraz daha açık renklidir. Kuyruk altı bölgesindeki salgı bezi bölgesi kaybolmuştur. Diş formülleri $I \ 3/3, C \ 1/1, PM \ 4/3, M \ 1/2 = 36$ şeklindedir [67].

1.7.1. Tür: *Lutra lutra* Linnaeus, 1758

Avrasya su samuru, Avrupa su samuru, su samuru, Avrupa nehir su samuru, eski Dünya su samuru olarak bilinmektedir [160].

1.7.1.1. Genel Özellikleri

Lutra cinsi içerisinde yer alan 3 türden biri olan Avrasya su samuru, yarı sucul yaşama çok iyi adapte olmuşlardır. Genel vücut yapısı ince uzun ve silindirik. Bacaklar kısa, parmak araları perdeli, kuyruk uzun, kalın ve kaslıdır. Baş ve vücut uzunluğu 500-950 mm, kuyruk uzunluğu 260-550 mm ve vücut ağırlığı 3.1-15 kg kadardır. Erkekler dişilerden ortalama olarak daha büyüktür. Baş, gözler ve kulak nispeten küçük, kulakların uç kısmı yuvarlak, kuyruk kalın, kaslı ve uzun, uç kısma doğru incelmış ve dorso-ventral yönde düzleşmiş, bacaklar ve pençeler kısa, arka pençeler öndekine göre daha geniş ve parmaklar arasında perdeler oluşmuştur. Kulak ve burun delikleri özel kapakçıklara sahiptir. Renklenme genel itibariyle tek tip ve kahverengi, alt bölge üst bölgeye göre biraz daha açık renktedir. Kürk yoğun kıllarla kaplıdır. Bıyıklar belirgindir [67, 107, 139].

Genel olarak nokturnaldır. Ayrıca diurnallik de mevcuttur. Daha çok geceleri avlanırlar. Genel olarak soliter canlılardır. Diyeti arasında balıklar başlıca yeri tutmaktadır. Bununla birlikte su sıçanları, su kuşları, sucul böcekler, yengeçler, kabuklular, amfibiler ve az miktarda da bitki diyeti arasına girebilir [67, 107, 139].

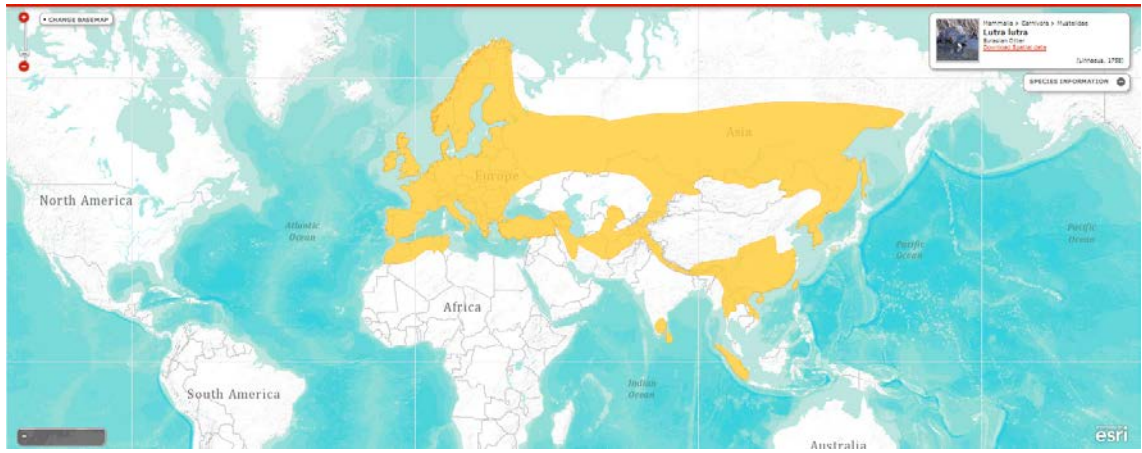
Su samurlarında sürekli bir üreme döngüsü vardır. Fakat genel olarak şubat-mart ve temmuz aylarında gerçekleşir. Dişiler poliötrudur. Çiftleşme karada ya da suda gerçekleşebilir. Gebelik süresi 60-63 gündür ve doğumlar mart-ağustos aylarında daha yoğundur. Bir doğumda 1-5 genellikle 2-3 yavru dünyaya gelir. Yavrular kürklü doğar ve gözleri 4-5 hafta içerisinde açılır. 2-3 yıl içerisinde eşeyssel olgunluğa ulaşırlar. Yaşam uzunlukları 12-20 yıl kadardır [67, 107, 139].

Lutra lutra, diploid sayıda 36 kromozoma sahiptir [141].

1.7.1.2. Yayılış Alanı ve Habitatı

Avrasya su samuru tüm Palaearktik memeliler içerisinde en geniş yayılış alanına sahip türlerden biridir. Asya, Avrupa ve Afrika olmak üzere 3 kıtada yayılış gösterirler. Mevcut yayılış alanı içerisine Avrupa ve Asya'nın kuzeyinin büyük kısmı (Sibirya

tundraları hariç), Kuzey Afrika, Arabistan, İran'ın güneyinden Malay yarım adası, Güney Hindistan, Sri Lanka, Tayvan, Sumatra'ya kadar olan bölgede yayılış gösterir [139, 160]. Yayılış gösterdiği ülkeler, Afganistan, Arnavutluk, Cezayir, Avusturya, Azerbaycan, Bangladeş, Belarus, Belçika, Bosna Hersek, Bulgaristan, Çin, Çek Cumhuriyeti, Hırvatistan, Danimarka, Estonya, Finlandiya, Fransa, Gürcistan, Almanya, İngiltere, Yunanistan, Macaristan, Hindistan, Endonezya, İran, Irak, İrlanda, İsrail, İtalya, Ürdün, Kazakistan, Kırgızistan, Laos, Letonya, Litvanya, Makedonya, Malezya, Moldova, Moğolistan, Karadağ, Fas, Kuzey ve Güney Kore, Norveç, Pakistan, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya, Sırbistan ve Karadağ, Slovakya, Slovenya, İspanya, Vietnam, Sri Lanka, İsveç, Tacikistan, Tayvan, Tunus, Türkiye ve Ukrayna'dır [3].



Şekil 1.9. *Lutra lutra*'nın Dünya'daki yayılış alanı [161].

Lutra lutra yarı sucul canlılardır ve yarı sucul yaşama çok iyi adapte olmuşlardır. Genel olarak tatlı su canlılarıdır. Akarsu, göl ve gölet, nehir bataklık, sulak alanlar ve kıyısız bölgeler gibi çeşitli sucul habitatlarda bulunabilirler. Su kenarlarında kökler, taşlar ya da toprak içerisine oluşturdukları yuvalarda yaşarlar [67, 107, 160].

1.8. Filogeni Çalışmalarında Moleküler Yöntemlerin Kullanılması

Organizmalar arasındaki evrim ve akrabalık ilişkilerini araştırmak için çok çeşitli veriler kullanılabilmektedir. Türler arasındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesindeki klasik yol, morfolojik karakterlerin karşılaştırılmasına dayanmaktadır [162]. Günümüzde taksonomik çalışmalar hala büyük ölçüde morfolojiden temel almaktadır. Ayrıca fizyoloji, davranış ve uygun diğer organizma özelliklerinden elde edilen fenotipik verilerde organizmalar arasındaki akrabalık ilişkilerinin belirlenmesinde sıklıkla kullanılmıştır [163]. Buna karşın gelişen teknik, yöntem ve

imkanlar sayesinde moleküler temelli bilgi birikimi her geçen gün artmaktadır ve bu bilgiler filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılabilmektedir [164]. Moleküler yöntemler ile elde edilen bilgiler, populasyon ya da bireyler arasındaki var olan benzerlik ya da farklılıkların saptanmasında ve taksonomik birimlerin belirlenmesinde kullanılabilmektedir. Bu amaçla moleküler yöntemlerin kullanılması, 1960'lara kadar dayanmaktadır ve kuramsal çerçeveleri Emile Zuckerkand, Emanuel Margoliash, Linus Pauling ve Walter M. Fitch tarafından atılmıştır. Moleküler sistematığın ilk uygulamalarına Charles G. Sibley (kuşlarda), Herbert C. Dessauer (sürüngenlerde) ve Morris Goodman (primatlarda) öncülük etmiş ve bunları Allan C. Wilson, Robert K. Selander ve John C. Avise takip etmiştir [165]. Populasyon ve türlerin genetik çeşitliliği, polimorfizm ve heterozigotluk seviyelerinin belirlenmesinde kullanılan ilk moleküler yöntemleri protein ve allozim elektroforezi oluşturmaktadır [163, 166, 167]. 1974-1986 dönemi arasında kullanılan yaygın moleküler yöntem ise DNA-DNA hibridizasyon tekniği olmuştur [168]. Daha sonra PCR temelli teknikler yaygın olarak kullanılmaya başlamıştır. Kullanılan DNA temelli moleküler yöntemlerden etkili bir tanesi de DNA dizi analizi yöntemidir ve son zamanlarda moleküler filogenetik çalışmalarda yaygın bir şekilde kullanılmaktadır [169].

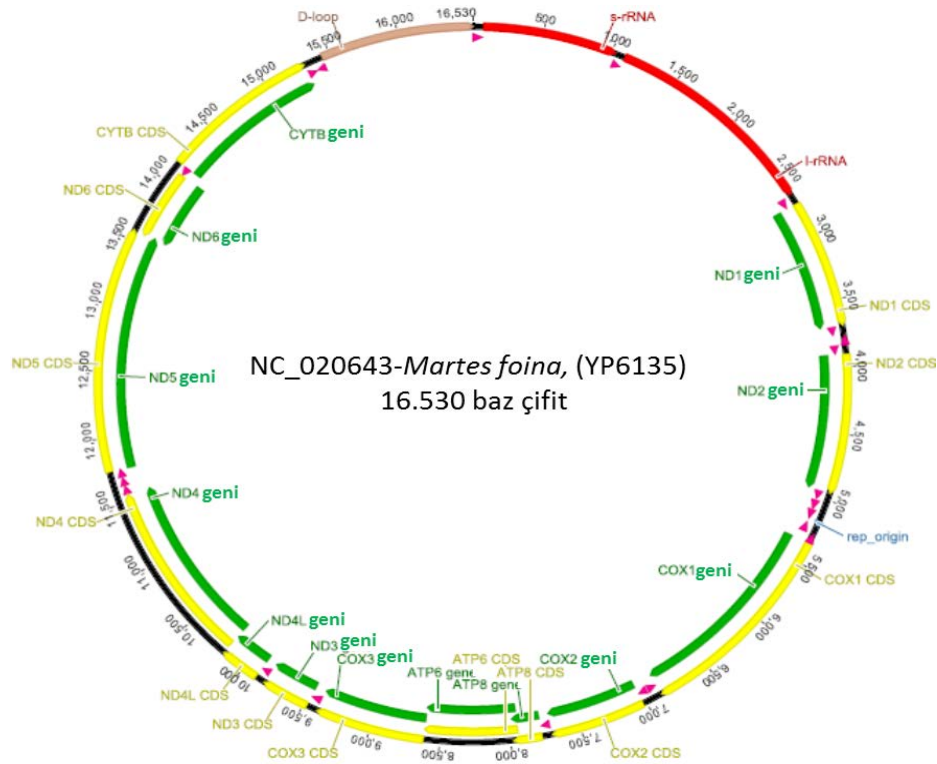
1.9. Moleküler Belirteç Olarak Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Mitokondri tüm çekirdekli memeli hücrelerinde bulunan ve enerji metabolizmasında temel işlev gören, maternal kalıtmalı, çift zarlı, kendine ait DNA'sı olan bir hücre içi organelidir. Ayrıca hücre içi haberleşmede, planlanmış hücre ölümünde, Krebs ve trikarboksilik asit döngüsünde, lipid, amino asit, kolesterol, steroid ve nükleotid metabolizmalarında rol alır [170, 171]. Memeli mitokondriyal DNA'sı (mtDNA), küçük, halkasal ve çift sarmal yapıda çıplak bir DNA molekülüdür. Çift sarmal yapıdaki DNA iplikçiklerinin her birinin baz kompozisyonunun farklı olması ve bu sebepten meydana gelen moleküler ağırlıktaki farktan dolayı zincirlerden biri H zincir (ağır zincir) diğeri ise L zincir (hafif zincir) olarak bilinmektedir [172]. Mitokondriyal genom, organizma genomunun küçük bir kısmını oluşturmakta ve memelilerde yaklaşık olarak 16.6 (15.3–17.7 kb; NCBI) kilo baz çifti uzunluğundadır ve aerobik solunumla ilgili genleri taşımaktadır [170, 173, 174]. Omurgalılarda bunlardan 22 tanesi tRNA'ları, 2 tanesi rRNA'ları ve 13 tanesi oksidatif fosforilasyon ve elektron taşıma sisteminde görev alan proteinleri kodlayan mRNA'ları olmak üzere

toplam 37 tane gen bölgesi taşır. Ayrıca 1 tane 1.1 kilo baz çifti büyüklüğünde olan ve kodlama yapmayan, mtDNA'nın replikasyon ve transkripsiyonunun başlaması ve düzenlenmesinde görev alan kontrol bölgesi olarak adlandırılan (D – loop) bir bölge de mevcuttur [167, 171, 174].

Son 30 yılda moleküler filogenetik çalışmalarda mtDNA'daki dizi farklılıklarının analizi, yoğun olarak kullanılan ve oldukça popüler bir belirteçtir [169, 174-177]. Mitokondriyal DNA molekülü, bireyler, populasyonlar ve türler arasındaki evrimsel ilişkinin belirlenmesinde etkili bir moleküldür [87]. Bu amaçla mtDNA'nın ilk olarak kullanımı 1980'lerde başlamıştır [170]. Mitokondriyal DNA'nın moleküler çalışmalarda etkili bir araç olarak yaygın bir şekilde kullanılmasının çeşitli sebepleri vardır. Bunların başında mtDNA molekülünün çok iyi bir şekilde bilinmesi gelmektedir. Ayrıca her bir hayvansal hücrede, hücre tipine bağlı olarak 100 ile 100.000 arasında mitokondri bulunmaktadır ve her bir mitokondride 2 ile 10 arasında mtDNA molekülü mevcuttur. Bu sebepten dolayı deneysel olarak dokulardan mtDNA izolasyonu nispeten daha kolaydır. Mitokondriyal genler hayvan grupları arasında oldukça korunmuş ve çok az dublikasyon içeren, intron bulunmayan ve kısa intergenik bölgeler mevcuttur [176]. Ayrıca mtDNA molekülü halkasal yapıda ve ikili sarmal tek bir DNA molekülünden oluştuğu için çekirdek DNA molekülünde homolog kromozomlar arasında gerçekleşen parça değişimi (cross-over) meydana gelmemektedir. Böylece de yavru döllerde yeni kombinasyonlar oluşmamaktadır. Meydana gelen nükleotid farklılıkları yavru döllere eklemeli olarak aktarılmaktadır. Mitokondriyal DNA molekülü, memeli hayvanlarda anaya ait kalıtım modeliyle (maternal kalıtım) kalıtılır. Bu sayede geçmişe dönük takipler yapılabilmekte ve maternal soy hatlarının coğrafik hareketleri ve kökenleri takip edilebilmektedir [170, 174]. Diğer bir özelliği de mtDNA molekülünün doğal populasyonlarda evrim hızının çekirdek DNA molekülünün evrim hızından daha yüksek olmasıdır. Memelilerde bu oran, çekirdek DNA'sından 5-10 kez daha fazladır ve ortalama değişme oranı bir milyon yılda yaklaşık olarak % 2'dir ve nispeten sabittir. Bunun sebebi mtDNA molekülünün oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması, koruyucu ve tamir mekanizmalarının bulunmayışındır. Bu yüzden mtDNA molekülü mutasyona daha açıktır. Bu sayede kısa zaman dilimleri içerisindeki popülasyon tarihi hakkında çeşitli sinyaller üretilebilmektedir [170, 174]. Mitokondriyal DNA üzerindeki her bir gen bölgesinin evrim hızı farklıdır [170]. Mitokondriyal genom üzerinde bulunan

çeşitli bölgelerin (kontrol bölgesi gibi) kanat kısımlarında oldukça korunmuş bölgeler mevcuttur ki bu bölgeler sayesinde farklı organizmalarda da kullanılabilen PCR primerleri kolaylıkla dizayn edilebilmektedir. Bu sebeplerden dolayı açık bir şekilde doğada yeni bir türün genetik olarak araştırılmasının en uygun ve ucuz yoludur [174]. Mitokondriyal DNA dizi verileri populasyon yapılarının belirlenmesi, coğrafik varyasyonların ortaya konması, zoocoğrafya ve filogeni çalışmalarında önemli bilgi sağlamaktadır [178].



Şekil 1.10. *Martes foina* türüne ait mitokondriyal genomun genel görüntüsü (NC_020643 erişim numaralı [19] örneğin mtDNA genomu Geneious programı [179] ile oluşturulmuştur)

1.9.1. Moleküler Belirteç Olarak Mitokondriyal Sitokrom *b* (Cyt *b*) Geni

Mitokondriyal genom üzerinde bulunan sitokrom *b* geni, memeliler arasındaki filogenetik ilişkilerin araştırıldığı çok sayıdaki çalışmada kullanılmıştır ve birçok farklı memeli türüne ait dizi bilgisi mevcuttur [87, 180, 181]. ND6 ve tRNA^{ser} gen bölgeleri arasında yer alan sitokrom *b* gen bölgesi, oksidatif fosforilasyonda görev alan bir proteini kodlayan, yaklaşık 1.140 baz çifti uzunluğunda bir gen bölgesidir. Sitokrom *b* gen bölgesi, tür altı kategoriler dahil tüm taksonomik grupların tanımlanmasında çok etkili bir moleküler araçtır [87, 88]. Sitokrom *b* gen bölgesi filogenetik çalışmalarda etkili bir araç olmasının çeşitli sebepleri bulunmaktadır. Bunlardan biri bu gen

bölgesinin memeli takımlarında kolay bir şekilde protein kodlayan dizi şeklinde düzenlenebilmesidir. Diğer bir özelliği ise diğer gen bölgelerine oranla daha çok korunmuş bir bölge olması yani evrimleşme hızının düşük olmasıdır [87]. Ayrıca en iyi bilinen gen bölgelerinden biridir ve çok sayıda farklı güvenilir genel primerler dizayn edilmiştir. Farklı bölgelerdeki çeşitli organizma grupları için sitokrom *b* verisi mevcuttur [180]. Bu sayede taksonların filogenetik ilişkilerini çok iyi bir şekilde yansıtmaktadır. Bu özelliklerinden dolayı sitokrom *b* gen bölgesindeki dizi farklılıkları türlerin, cinslerin ve familyaların karşılaştırılmasında yoğun olarak kullanılmaktadır [87] ve filogenetik çalışmalarda en yaygın olarak kullanılan genlerden biridir [180].

1.10. Moleküler Belirteç Olarak Tip I STS Bölgeleri

Mitokondriyal gen bölgelerine ilave olarak, farklı kalıtım modeline sahip, evrimleşme hızı daha yavaş olan protein kodlayan nüklear gen bölgeleri Tip I STS (Sequence Tagged Sites) belirteçleri olarak ifade edilmektedirler ve genomda tek kopya kodlama yapan genlerdir (intron ve ekzonlar). Tip I STS belirteçler çeşitli sebeplerden dolayı (primer bölgeleri taksonlar arasında oldukça korunmuştur ve bu primerler genomdaki tek bir bölgeyi amplifiye ederler, memelilerde bol miktarda Tip I lokus tanımlanmıştır ve Tip I lokuslar genellikle intron bölgelerini hedef almasıyla evrimsel ayrılmadaki derin ve yüzeysel seviyeler için daha fazla bilgi taşırlar) moleküler sistematik çalışmalarında oldukça kullanışlıdır [13]. STS bölgeleri nispeten daha küçük diziler olup (200-500 veya 1.000 bp) PCR ile amplifiye edilmeleri oldukça kolaydır [13, 182]. Protein kodlayan nüklear gen bölgesi dizileri, memeli filogenisinde daha derin ilişkilerin ortaya çıkarılmasında mtDNA dizilerine göre daha başarılıdır. Ayrıca omurgalılarda nüklear genomun evrimleşme oranı, mitokondriyal genoma oranla 10 kat daha yavaştır. Bu sayede nüklear gen dizilerinden elde edilen veriler, mitokondriyal genomdan elde edilen verilerin taksonlar arasındaki daha derin ayrılma süreçlerini açıklamada yetersiz kaldığı yerlerde problemin çözümü için daha kullanışlıdır [89].

GHR bölgesi, rodentler, primatlar, karnivorlar ve artiyodaktillerin dahil olduğu pek çok memeli grubunda bulunmaktadır. Bu bölge ortak olarak ya da atasal olarak kalıtılmaktadır [90]. Ayrıca, 5' ile 3' uçlarındaki oldukça korunmuş bölgeler sayesinde primer dizayn edilmesi de oldukça kolaydır ve bu primerler farklı memeli gruplarında başarılı bir şekilde çalışmaktadır [91, 183].

2. BÖLÜM

GEREÇ VE YÖNTEM

2.1. Mustelid Örneklerine Ait Dokuların Toplanması ve Saklanması

Bu çalışmada, Mustelidae familyasının Türkiye’de yayılış gösteren beş cinsine (*Martes*, *Vormela*, *Mustela*, *Lutra* ve *Meles*) ait toplam 123 örneğin moleküler çalışmalarda kullanılacak dokuları, 2000-2013 yılları arasında toplanmıştır. Tez çalışması süresince doku örnekleri toplamak için T.C. Çevre ve Orman Bakanlığı’ndan izin alınmıştır. Çalışma sırasında kullanılan yöntem, Erciyes Üniversitesi, Deney Hayvanları Yerel Etik Kurulu tarafından onaylanmıştır.

Çalışma materyali toplanırken dikkat edilen husus, karnivor memeli hayvanların ölüm oranlarında, trafik kazalarının önemli bir yer tutması sebebiyle herhangi bir canlı hayvanın yaşamı sonlandırılmadan karayollarında motorlu taşıtlar tarafından çarpma sonucu kaza ile veya değişik sebeplerden dolayı zaten ölmüş mustelidlerden çeşitli doku örneklerini (kas, kulak, kuyruk, böbrek vb.) elde etmektir (Şekil 2.1-5). Bu kapsamda toplanan doku örnekleri, % 99.9’luk etanol içeren vidalı-kapaklı tüpler içersine steril ve tek kullanımlık bisturi ile tüplere alınarak tüpler etiketlenmiştir. Her örneğin alındığı yerin koordinatları, tarih ve adres bilgileri arazi defterine kaydedildi.

Bu çalışmada kullanılan tüm örneklere ait detaylı bilgi (lokalite, koordinat, tarih vb.) Tablo 2.1-6’da verilmiş, bu örneklerin taksonlara göre dağılımları Şekil 2.5 ve 2.6’da, harita üzerinde gösterilmiştir. Ayrıca örneklere ait kalan dokular, -20 °C’de Erciyes Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümünde muhafaza edilmektedir.



Şekil 2.1. Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir porsuk örneği, Tuzluca / Iğdır, 1521, 30.05.2013 (Fotoğraf O. İbiş)



Şekil 2.2. Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir kaya sansarı örneği, Karakurt/ Kars, 1464, 16.06.2012 (Fotoğraf O. İbiş)



Şekil 2.3. Motorlu taşıt çarpması sonucu yaşamını yitirmiş bir alacasansar örneği, Merkez/ Kars, 1463, 16.06.2012 (Fotoğraf O. İbiş)



Şekil 2.4. Arazi çalışması sonucu elde edilmiş kış kürküne (beyaz renk) sahip bir gelincik örneği, Merkez/Kars, 1442, 13.01.2012 (Fotoğraf O. İbiş)



Şekil 2.5. Arazi çalışması sonucu elde edilmiş bir gelincik örneği, Merkez/Kars, 1443, 14.01.2012 (Fotoğraf O. İbiş)

Tablo 2.1. *Martes* cinsine ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / 49	387	<i>Martes spp.</i> / D	Kutluşar Köyü / Sabanözü / ÇANKIRI	30° 24'15" N 33° 15'30" E 989m	20.02.2005
2 / 58	454	<i>Martes spp.</i> / D	Harman Mh. / Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m	16.06.2006
3 / 38	521	<i>Martes spp.</i> / E	Gürağaç güney sınırı / KONYA	37° 15'093" N 32° 41'328" E 1215m	16.07.2007
4 / 48	592	<i>Martes spp.</i> / ?	Baltalı yol sapağı / BOLU	40° 44'522" N 31° 50'421" E 905m	01.08.2007
5 / 43	613	<i>Martes spp.</i> / D	Yakabaşı / Gümüşova / DÜZCE	40° 51'277" N 30° 59'284" E 124m	05.08.2007
6 / 59	749	<i>Martes spp.</i> / ?	ERÜ. Kampüsü / KAYSERİ	38° 41' 28" N 35° 33' 32" E m	12.04.2008
7 / 72	762	<i>Martes spp.</i> / ?	Kızıl iniş (Tokat'a 8 km) / TOKAT	40° 14'327" N 36° 32'601" E 860m	08.06.2008
8 / 71	774	<i>Martes spp.</i> / ?	Özfındıklı / Turhal / TOKAT	40° 29'420" N 36° 09'122" E 633m	10.06.2008
9 / 64	787	<i>Martes spp.</i> / ?	Gökçekışla / YOZGAT	39° 40'998" N 34° 52'527" E 1112m	12.06.2008
10 / 65	819	<i>Martes spp.</i> / ?	Karaveli /Sorgun / YOZGAT	39° 37'667" N 35° 14'175" E 1094m	21.06.2008
11 / 67	820	<i>Martes spp.</i> / E	ÇORUM	40° 34'589" N 35° 01'078" E 989m	21.06.2008
12 / 84	855	<i>Martes spp.</i> / ?	RİZE	41° 09'419" N 40° 47'837" E 7m	29.06.2008
13 / 77	1040	<i>Martes spp.</i> / E	4 km B. Refahiye / ERZİNCAN	39° 56'186" N 38° 44'093" E 1540	18.08.2008
14 / 79	1065	<i>Martes spp.</i> / E	Torul / GÜMÜŞHANE	40° 32'709" N 39° 19'422" E 959m	28.08.2008
15 / 78	1071	<i>Martes spp.</i> / E	Gümüşgöze / Kelkit / GÜMÜŞHANE	40° 07'555" N 39° 20'995" E 1371m	29.08.2008
16 / 34	1120	<i>Martes spp.</i> / ?	Düzlerçamı / ANTALYA	36° 58'271" N 30° 5'131" E 301m	13.09.2008
17 / 37	1121	<i>Martes spp.</i> / ?	Seydişehir / KONYA	37° 20'407" N 31° 52'924" E 1173m	14.09.2008
18 / 53	1136	<i>Martes spp.</i> / ?	Çallıgedik Geçidi / Çalış / NEVŞEHİR	38° 58'846" N 34° 54'890" E 1316m	25.10.2008
19 / 3	1223	<i>Martes spp.</i> / ?	Sofu Halil Köyü / Babaeski/KIRKLARELİ	41° 25'336" N 27° 08'495" E 40m	18.06.2009
20 / 31	1250	<i>Martes spp.</i> / ?	Kaş / ANTALYA	36° 12'745" N 29° 32'684" E 66m	20.07.2009
21 / 74	1253	<i>Martes spp.</i> / ?	SİVAS	39° 30'748" N 36°51'022" E 1386m	28.07.2009
22 / 75	1255	<i>Martes spp.</i> / E	Yalıköy / ORDU	41° 02'706" N 37° 36'305" E 70m	29.07.2009
23 / 82	1256	<i>Martes spp.</i> / ?	Kirazlık/ Vakfıkebir/ TRABZON	41° 03'158" N 39° 17' 800" E 4m	29.07.2009
24 / 83	1258	<i>Martes spp.</i> / D	Çarşıbaşı / TRABZON	41° 04' 414" N 39° 21' 311" E 4m	03.08.2009
25 / 85	1272	<i>Martes spp.</i> / E	Borçka /ARTVİN	41°21' 530" N 41° 40' 440" E 135m	14.08.2009

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.1.'in devamı.

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
26 / 60	1314	<i>Martes spp.</i> / ?	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m	11.06.2009
27 / 6	1315	<i>Martes spp.</i> / E	Demirköy / İğneada / KIRKLARELİ	41° 50' 03" N 27° 50' 38" E 250 m	10.08.2002
28 / 70	1316	<i>Martes spp.</i> / ?	Sekibaşı sapağı / Osmancık / ÇORUM	41° 00' 16" N 34° 39' 09" E 618m	29.07.2004
29 / 63	1317	<i>Martes spp.</i> / ?	Sarıoğlu / KAYSERİ	39° 02' 713" N 35° 58' 142" E 1147m	31.08.2008
30 / 35	1322	<i>Martes spp.</i> / ?	Beyşehir / KONYA	37° 40' 50" N 31° 43' 24" E 1150m	21.06.2010
31 / 4	1324	<i>Martesspp.</i> / ?	Babaeski / KIRKLARELİ	41° 26' 14" N 27° 06' 02" E 180 m	27.06.2010
32 / 29	1327	<i>Martes spp.</i> / ?	Gelendost / ISPARTA	38° 08' 20" N 30° 59' 52" E 950 m	08.07.2010
33 / 28	1328	<i>Martes spp.</i> / ?	Gönen / ISPARTA	37° 57' 14" N 30° 31' 09" E 1030 m	08.07.2010
34 / 13	1329	<i>Martes spp.</i> / ?	Turgutreis / MUĞLA	37° 03' 41" N 27° 30' 33" E 100m	11.07.2010
35 / 16	1331	<i>Martes spp.</i> / ?	Marmaris / MUĞLA	36° 51' 20" N 28° 14' 57" E 100 m	17.07.2010
36 / 42	1333	<i>Martes spp.</i> / ?	Kızılören / KONYA	38° 08' 55" N 33° 12' 00" E 1500m	19.07.2010
37 / 68	1338	<i>Martes spp.</i> / ?	ÇORUM	40° 32' 18" N 34° 56' 53" E 800 m	27.09.2010
38 / 76	1340	<i>Martes spp.</i> / ?	Fatsa / ORDU	41° 02' 07" N 37° 30' 00" E 10 m	30.09.2010
39 / 73	1341	<i>Martes spp.</i> / D	TOKAT	40° 19' 38" N 36° 32' 50" E 690 m	30.09.2010
40 / 9	1363	<i>Martes spp.</i> / ?	Edincik / Bandırma / BALIKESİR	41° 21' 23" N 27° 52' 07" E 180 m	30.12.2010
41 / 61	1364	<i>Martes spp.</i> / ?	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m	22.04.2011
42 / 50	1365	<i>Martes spp.</i> / ?	Keskin / KIRIKKALE	39° 41' 36" N 33° 38' 18" E 1140 m	01.07.2011
43 / 52	1366	<i>Martes spp.</i> / E	KIRŞEHİR (Merkez)	39° 08' 26" N 34° 09' 41" E 1000m	02.07.2011
44 / 41	1376	<i>Martes spp.</i> / ?	Altınapa barajı / KONYA	37° 52' 949" N 32° 16' 289" E 1298m	16.07.2011
45 / 22	1384	<i>Martes spp.</i> / ?	Çobanisa / Kuyucak / AYDIN	37° 54' 146" N 28° 31' 093" E 94m	18.07.2011
46 / 11	1386	<i>Martes spp.</i> / D	Çayırılı / Tire / İZMİR	38° 04' 055" N 27° 38' 022" E 82m	20.07.2011
47 / 23	1390	<i>Martes spp.</i> / ?	Demirci / MANİSA	38° 59' 380" N 28° 34' 671" E 547m	20.07.2011
48 / 27	1393	<i>Martes spp.</i> / ?	Kazık köyü / Atlıhisar / AFYONKARAHİSAR	38° 27' 488" N 30° 38' 074" E 1111m	21.07.2011
49 / 26	1395	<i>Martes spp.</i> / ?	Osmanköy / İhsaniye / AFYONKARAHİSAR	39° 00' 231" N 30° 16' 820" E 1065m	22.07.2011
50 / 30	1399	<i>Martes spp.</i> / ?	Fele / Şarkıkaraağaç / ISPARTA	37° 58' 418" N 31° 29' 194" E 1214m	03.08.2011

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.1.'in devamı.

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
51 / 18	1400	<i>Martes spp.</i> / ?	Tekkeköy / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 564" N 29° 10' 010" E 1127m	04.08.2011
52 / 19	1401	<i>Martes spp.</i> / ?	Tekkeköy / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 564" N 29° 10' 010" E 1127m	04.08.2011
53 / 20	1402	<i>Martes spp.</i> / ?	Akyar / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 301" N 29° 08' 042" E 1066m	04.08.2011
54 / 21	1403	<i>Martes spp.</i> / ?	Akyar / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 301" N 29° 08' 042" E 1066m	04.08.2011
55 / 10	1407	<i>Martes spp.</i> / ?	Kuşadası / AYDIN	37° 54' 234" N 27° 16' 243" E 40m	09.08.2011
56 / 12	1411	<i>Martes spp.</i> / ?	Karaköy / Turgutlu / MANİSA	38° 30' 223" N 27° 53' 191" E 130m	10.08.2011
57 / 25	1412	<i>Martes spp.</i> / ?	KÜTAHYA (Kütahya – Eskişehir il sınırı)	39° 35' 055" N 30° 07' 454" E 917m	10.08.2011
58 / 51	1414	<i>Martes spp.</i> / D	Keskin / KIRIKKALE	39° 40' 268" N 33° 36' 113" E 1120m	11.08.2011
59 / 57	1416	<i>Martes spp.</i> / ?	Süksün / KAYSERİ	38° 46' 24" N 35° 16' 11" E 1050m	11.08.2011
60 / 45	1422	<i>Martes spp.</i> / ?	Kaynaşlı / DÜZCE	40° 46' 50" N 31° 20' 17" E 320 m	29.08.2011
61 / 66	1427	<i>Martes spp.</i> / ?	Büyükincirli / YOZGAT	39° 41' 29" N 34° 51' 23" E 1130 m	01.09.2011
62 / 62	1428	<i>Martes spp.</i> / E	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m	25.09.2011
63 / 55	1429	<i>Martes spp.</i> / ?	Yeşilhisar / KAYSERİ	38° 17' 37,5" N 35° 06' 04,2" E 1133m	28.10.2011
64 / 40	1430	<i>Martes spp.</i> / ?	Narlıkuyu / Erdemli / MERSİN	36° 26' 06,6" N 34° 06' 07,0" E 40 m	28.10.2011
65 / 36	1433	<i>Martes spp.</i> / ?	Tol / Seydişehir / KONYA	37° 35' 27,9" N 31° 54' 04,1" E 1140m	05.11.2011
66 / 80	1444	<i>Martes spp.</i> / ?	Maçka / TRABZON	40° 48' 14" N 39° 36' 14" E 360 m	16.12.2011
67 / 1	1447	<i>Martes spp.</i> / ?	Havsa / EDİRNE	41° 33' 46" N 26° 48' 00" E 110 m	22.02.2012
68 / 86	1464	<i>Martes spp.</i> / ?	Karakurt / KARS	40° 10' 11,7" N 42° 41' 21,5" E 1401m	16.06.2012
69 / 7	1465	<i>Martes spp.</i> / ?	İğneada / Demirköy / KIRKLARELİ	41° 52' 31,0" N 27° 57' 41,4" E 24 m	21.06.2012
70 / 2	1466	<i>Martes spp.</i> / ?	2 km D. EDİRNE	41° 40' 17" N 26° 34' 40" E 60 m	22.06.2012
71 / 8	1467	<i>Martes spp.</i> / ?	Büyük Yoncalı köyü Çerkezköy/Tekirdağ	41° 21' 26" N 27° 51' 56" E 150 m	25.06.2012
72 / 56	1471	<i>Martes spp.</i> / ?	9 Km. güney-İncesu / KAYSERİ	38° 34' 00" N 35° 11' 00" E 1150 m	02.06.2012
73 / 39	1478	<i>Martes spp.</i> / ?	Palantepe, Mut / MERSİN	36° 37' 20" N 37° 27' 20" E 275 m	05.06.2012
74 / 14	1499	<i>Martes spp.</i> / ?	Bodrum / MUĞLA	37° 03' 33" N 27° 22' 42" E 100 m	19.08.2012
75 / 15	1500	<i>Martes spp.</i> / ?	Bodrum / MUĞLA	37° 03' 33" N 27° 22' 42" E 100 m	19.08.2012

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.1.'in devamı.

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
76 / 17	1501	<i>Martes spp.</i> / ?	Sarayyanı / Köyceğiz / MUĞLA	36° 58' 14" N 28° 41' 45" E 30 m	25.08.2012
77 / 32	1502	<i>Martes spp.</i> / ?	Küçükü / Korkuteli / ANTALYA	36° 57' 11" N 29° 45' 37" E 1390 m	25.08.2012
78 / 33	1503	<i>Martes spp.</i> / ?	Korkuteli / ANTALYA	37° 04' 25" N 30° 12' 16" E 1000 m	25.08.2012
79 / 5	1504	<i>Martes spp.</i> / ?	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m	15.11.2012
80 / 87	1505	<i>Martes spp.</i> / ?	Dicle Üni. Memeli Hayv. Koleksiyonu		
81 / 44	1510	<i>Martes spp.</i> / ?	DÜZCE	40° 50' 43" N 31° 09' 31" E 150 m	06.02.2013
82 / 46	1511	<i>Martes spp.</i> / ?	Abant / BOLU	40° 36' 23" N 31° 16' 41" E 1330 m	06.02.2013
83 / 24	1512	<i>Martes spp.</i> / ?	Gediz / KÜTAHYA	39° 00' 27" N 29° 24' 15" E 765 m	26.03.2013
84 / 47	1513	<i>Martes spp.</i> / ?	Efteni / DÜZCE	40° 47' 33" N 31° 03' 51" E 120 m	11.04.2013
85 / 54	1527	<i>Martes spp.</i> / D	Ortahisar / NEVŞEHİR	38° 36' 53,2" N 34° 49' 82,6" E 1325m	26.06.2013
86 / 69	1528	<i>Martes spp.</i> / ?	Hacıhasan / Osmancık / ÇORUM	40° 58' 06" N 34° 54' 08" E 700 m	28.06.2013
87 / 81	1529	<i>Martes spp.</i> / ?	Tirebolu / GİRESUN	41° 00' 00" N 38° 49' 16" E 10 m	28.06.2013

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.2. *Meles* cinsine ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / M3	1349	<i>Meles meles</i> / ?	Feki / ADANA	37° 52' 16" N 35° 55' 30" E 1100 m	18.11.2010
2 / M1	1405	<i>Meles meles</i> / D	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m	08.08.2011
3 / M5	1420	<i>Meles meles</i> / ?	Karakurt / KARS	40° 05' 18" N 42° 31' 52" E 1550 m	13.08.2011
4 / M2	1421	<i>Meles meles</i> / D	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m	18.08.2011
5 / M4	1508	<i>Meles meles</i> / ?	Dicle Üni. Memeli Hayv. Koleksiyonu		
6 / M6	1519	<i>Meles meles</i> / ?	Koyun yurdu / Selim / KARS	40° 25' 23,09" N 42° 55' 49,4" E 1887m	01.05.2013
7 / M7	1521	<i>Meles meles</i> / ?	Tuzluca / IĞDIR (D-070 karayolu)	40° 07' 27,28" N 43° 37' 46,30" E 962m	30.05.2013
8 / M8	1537	<i>Meles meles</i> / ?	Çandır / Kalecik / ANKARA	40° 15' 33" N 33° 28' 02" E 860m	26.06.2013

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.3. *Vormela peregusna* türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / 13	72	<i>Vormela peregusna</i> / D	ERÜ Kampüsü / KAYSERİ	38° 4' 39" N 35° 34' 16" E 1070 m	12.06.2000
2 / 16	540	<i>Vormela peregusna</i> / E	İlgaz / ÇANKIRI	40°52' 367" N 33° 38' 172"E 1259m	23.07.2008
3 / 12	710	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Yeşilhisar / KAYSERİ	39° 13' 261" N 35° 01' 867" E 1362m	23.09.2007
4 / 2	1348	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Dazkırı / AFYONKARAHİSAR	37° 52' 26" N 29° 46' 43"E 1025m	21.06.2010
5 / 6	1371	<i>Vormela peregusna</i> / ?	KONYA (Girişi)	37° 52' 21" N 32° 35' 09"E 1005 m	12.07.2011
6 / 10	1372	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Saratlı kasabası / AKSARAY	38° 28'321" N 34° 12'984"E 1188m	16.07.2011
7 / 8	1373	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Yenice / KONYA	38° 10'441" N 33° 17'232"E 1004m	16.07.2011
8 / 9	1374	<i>Vormela peregusna</i> / E	Kızören / KONYA	38° 08'621" N 33° 11'152"E 1024m	16.07.2011
9 / 7	1375	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Zincirli / KONYA	38° 01'745" N 32° 53'018"E 1010m	16.07.2011
10 / 5	1378	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Bayındır / Beyşehir / KONYA	37° 43'926" N 31° 46'635"E 1187m	16.07.2011
11 / 3	1392	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Anayurt / Şuhut / AFYONKARAHİSAR	38° 27'963" N 30° 34'674' E 1132m	21.07.2011
12 / 4	1398	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Kireli / Hüyük / KONYA	37° 53' 461" N 31° 33' 105"E1157m	03.08.2011
13 / 14	1415	<i>Vormela peregusna</i> / ?	Hamit / Akpınar/ KIRŞEHİR	39° 31'181" N 33° 45'544" E 900m	11.08.2011
14 / 15	1423	<i>Vormela peregusna</i> /	Ağcın / Sorgun / YOZGAT	39° 53' 00" N °35 '05 "00 E 1220m	01.09.2011
15 / 1	1461	<i>Vormela peregusna</i> / D	Azatlı / Havsa / EDİRNE	41° 29' 00" N 26° 41' 00"E 120 m	11.05.2012
16 / 17	1463	<i>Vormela peregusna</i> / D	Sanayi çıkışı / KARS	40° 33' 30" N 43° 04' 32"E 1780 m	16.06.2012
17 / 11	1475	<i>Vormela peregusna</i> / ?	6 Km. batı-Ulukışla / NİĞDE	37° 32' 26" N 34° 30' 30"E 1500 m	03.06.2012

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.4. *Lutra lutra* türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / L3	1417	<i>Lutra lutra</i> / ?	KARS	40° 36' 13" N 43° 05' 00"E 1770 m	11.08.2011
2 / L1	1457	<i>Lutra lutra</i> / ?	Terkos Gölü / İSTANBUL	41° 19' 45" N 28° 36' 11"E 4 m	01.11.2011
3 / L2	1520	<i>Lutra lutra</i> / E	Sarıkm / SİNOP	40° 01' 36" N 34° 54' 37"E 2 m	02.02.2013

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.5. *Mustela nivalis* türüne ait örneklerin listesi, müze numarası ve koordinat bilgileri

Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / N1	426	<i>Mustela nivalis</i> /?	Halıkköy / Malkara / TEKİRDAĞ	40° 52' 10" N 26° 47' 57" E 235 m	09.08.2002
2 / N5	1347	<i>Mustela nivalis</i> /E	Ulubey / ORDU	40° 51' 10" N 37° 45' 41" E 580 m	05.11.2010
3 / N2	1351	<i>Mustela nivalis</i> /?	Orhangazi / BURSA	40° 30' 00" N 29° 18' 00" E 275 m	26.12.2010
4 / N4	1353	<i>Mustela nivalis</i> /?	KAYSERİ	38° 43' 36" N 35° 29' 22" E 1100 m	15.11.2000
5 / N6	1442	<i>Mustela nivalis</i> /E	Kafkas Üni. Kampüsü Paşacayır / KARS	40° 34' 24,9" N 43° 02' 27,9" E 1752m	13.01.2012
6 / N7	1443	<i>Mustela nivalis</i> /D	Kafkas Üni. Kampüsü Paşacayır / KARS	40° 34' 24,9" N 43° 02' 27,9" E 1752m	14.01.2012
7 / N3	1456	<i>Mustela nivalis</i> /D	Subaşı / Altınova / YALOVA	40° 42' 00" N 29° 30' 00" E 115 m	18.03.2012

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.6. *Mustela putorius* türüne ait örneğin listesi, müze numarası ve koordinat bilgisi

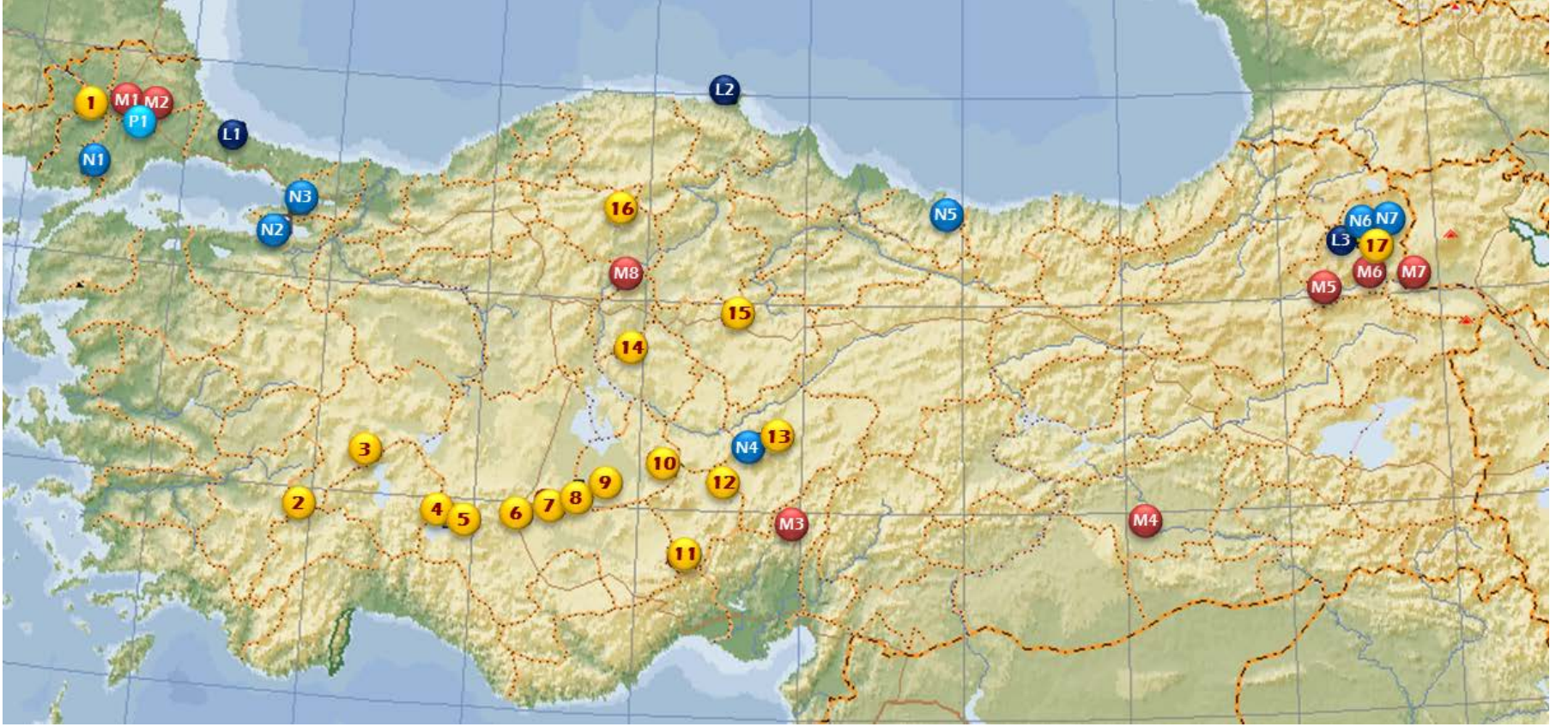
Sıra No / Harita No	Koleksiyon No	Takson Adı / Cinsiyet	Lokalite	Koordinat	Tarih
1 / P1	1397	<i>Mustela putorius</i> / ?	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 33" N 27° 13' 51" E 70m	25.07.2011

D: Dişi, E: Erkek, ?: Cinsiyeti belirlenemeyen, N: Enlem, E: Boylam, m: Metre

Tablo 2.1-6'da verilen 1510, 1511, 1513 ve 1457 numaralı örnekler Yrd. Doç. Dr. Akif KETEN, 1528, 1529, 1537 ve 1520 numaralı örnekler Yrd. Doç. Dr. Tarkan YORULMAZ, 1505 ve 1508 numaralı örnekler Prof. Dr. Yüksel COŞKUN, 1414 numaralı örnek Doç. Dr. Servet ÖZCAN, 1347 numaralı örnek Cesur KIRMANOĞLU, 1461 numaralı örnek Eren AKSÖYEK tarafından temin edilmiştir. Geriye kalan mustelid örnekleri Prof. Dr. Coşkun TEZ ve/veya Uzman Osman İBİŞ tarafından toplanmıştır.



Şekil 2.6. Türkiye’den *Martes* cinsine ait 87 örneğin toplandığı lokaliteler



Şekil 2.7. Türkiye’den *Vormela*, *Mustela*, *Lutra* ve *Meles* cinslerine ait 36 örneğin toplandığı lokaliteler

2.1.1. Gen Bankası'ndan DNA Dizi Verilerinin Elde Edilmesi

Değişik araştırmacılar tarafından üretilerek bu çalışmada adı geçen taksonlara ait uygun DNA dizi verileri, Gen Bankası'ndan alınarak bu çalışmada kullanılmıştır. Bu DNA dizi verileri, Türkiye mustelidlerinin Dünya'daki yerini belirlemek için yapılan analizlere dahil edilmiştir. Gen Bankası'ndan alınan mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) ve nükleer DNA GHR gen bölgesi dizilerinin erişim numaraları, lokaliteleri ve yayınlandığı çalışmalar Tablo 2.7-14'de verilmiştir.

Tablo 2.7. Gen Bankası'ndan elde edilen *Martes foina* türüne ait mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite ve Örnek kodu	Kaynak
1.	HM106325 (NC_020643)	Çin	[19]
2.	HQ386886	Danimarka, Jutland, 2001-4005	Li 2011 [yayınlanmamış]
3.	HQ386887	Danimarka, Jutland, 2007-4000	Li. 2011[yayınlanmamış]
4.	HQ386888	Danimarka, Jutland, 2002-4058	Li. 2011[yayınlanmamış]
5.	EF987750 (AF448245)	Almanya, AFTC 17568	[9] [63]
6.	EF689069	Portekiz, 02-0001	[184]
7.	EF689070	Portekiz, Mf32m0403	[184]
8.	EF689071	İspanya, MfFAlves	[184]
9.	AF448246	Almanya, AFTC17569	[63]
10.	AB051236	Çin: Kunming, HS1396	[185]

Tablo 2.8. Gen Bankası'ndan elde edilen *Martes martes* türüne ait mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	HQ386889	Danimarka: Zealand, 2005-3008	Li 2011 [yayınlanmamış]
2.	HQ386890	Danimarka: Jutland, 2006-3009	Li 2011 [yayınlanmamış]
3.	HQ386891	Danimarka: Jutland, 2003-3002	Li 2011 [yayınlanmamış]
4.	HQ386892	İsveç: Güney kısım, 2006-3005	Li 2011 [yayınlanmamış]
5.	EF987751 (AF154975)	Almanya, AFTC 17559	[9] [186]
6.	EF689072	İspanya Mma1m1102	[184]
7.	AF448239	Almanya - AFTC17560	[63]
8.	AF448240	İsveç - AFTC21213	[63]
9.	AF448241	İsveç - AFTC21214	[63]
10.	KC660129	Bilinmiyor	[187]
11.	AB051237	Rusya: Moskova Bölgesi, HS1356	[185]

Tablo 2.9. Gen Bankası'ndan elde edilen *Vormela peregusna* türüne ait mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	AB564108	Ermenistan; Sevan Gölü Bölgesi, IPEE 345	[20]
2.	EF987740	Bilinmiyor, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris	[9]
3.	EF581357	Transkafkasya, Ermenistan, Sevan gölü kıyısı, 2005 - VP5-2_ARM	[66]
4.	EF581358	Transkafkasya, Azerbaycan, Lachin Çevresi, Zabukh nehri, 1999 - VP5-3_AZR	[66]
5.	EF581359	Türkmenistan, Güneydoğu Kara Kum, 1964 - VP4-7_TRK	[66]
6.	EF581360	Türkmenistan, Güneydoğu Kara Kum, 1964- VP4-4_TRK	[66]
7.	EF581361	Türkmenistan, Kushka çevresi, 1956 (ZIN: C.40194), - VP4-6_TRK	[66]
8.	DQ138079	Özbekistan (Kysyl Kum), Bukhara bölgesi, 25 km Güney Bukhara, - VP3-2_UZB	[66]
9.	AY789052	Güney Rusya, Kalmykia, 2002 - VP1_KLM	[66]
10.	AY789053	Güney Rusya, Rostov bölgesi, 1999- VP2_RST	[66]

Tablo 2.10. Gen Bankası'ndan elde edilen *Lutra lutra* türüne ait mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	AF057124	Norveç	[12]
2.	AB564050	Polonya, Wetlina, Bieszczady Mts., JS 331	[20]
3.	EF689067	İberya Yarımadası	[184]
4.	EF689068	İberya Yarımadası, Portekiz, LI28m0304a	[184]
5.	X94923	Bilinmiyor	[6]
6.	EF672696	Kore, College of Veterinary Medicine, Seoul National University,	[188]
7.	FJ236015 (NC_011358)	Güney Kore	[189]

Tablo 2.11. Gen Bankası'ndan elde edilen *Meles* cinsine ait mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	AB285330	Japonya, Miyazaki, Kyushu,	[20]
2.	HQ711941	Almanya	[51]
3.	HQ711942	İngiltere	[51]
4.	HQ711943	İspanya	[51]
5.	HQ711944	Norveç	[51]
6.	HQ711945	İsrail	[51]
7.	HQ711946	İsrail	[51]
8.	HQ711947	Yunanistan: Girit Adası	[51]
9.	HQ711948	Yunanistan: Girit Adası	[51]
10.	HQ711949	Rusya: Orenburg	[51]
11.	HQ711950	Moğolistan	[51]
12.	HQ711951	Rusya: Chelyabinsk	[51]
13.	AM711900 (NC_011125)	İsveç	[190]
14.	EF689063	Portekiz, 99-0829	[184]
15.	EF689064	Portekiz, Mm10m0402a	[184]
16.	EF689065	İspanya, 04122601-Fa,	[184]
17.	EF689066	İspanya, 04101901-Far	[184]
18.	AB291075 (NC_009677)	Japonya: Kanagawa, Sagamihara, Tsukui	[18]
19.	AB049790	Japonya: Yamaguchi-shi, Yamaguchi Pref. MEL-YMG4	[49]
20.	AB049791	Japonya: Morioka-shi, Iwate Pref. MEL-MR1	[49]
21.	AB049792	Japonya: Gifu Pref. MEL-5 (JPN5(5))	[49]
22.	AB049793	Japonya: Chiba Pref. MEL-CHI2	[49]
23.	AB049794	Japonya: Takayama-shi, Gifu Pref. MEL-2 (JPN2(2))	[49]
24.	AB049795	Japonya: Yamaguchi-shi, Yamaguchi Pref. MEL-YMG1	[49]
25.	AB049796	Japonya: Wakayama Pref. MEL-3 (JPN3(3))	[49]
26.	AB049797	Japonya: Yamaguchi-shi, Yamaguchi Pref. MEL-YMG3	[49]
27.	AB049798	Japonya: Machida-shi, Tokyo MEL-MAT1	[49]
28.	AB049799	Japonya: Kitakyushu-shi, Fukuoka Pref. MEL-K8	[49]
29.	AB049800	Japonya: Oita Pref. MEL-K6	[49]
30.	AB049801	Japonya: Kawauchi-cho, Ehime Pref. MEL-TOB1	[49]
31.	AB049802	Japonya: Takeda-shi, Oita Pref MEL-K7	[49]
32.	AB049803	Japonya: Hinode-cho, Tokyo MEL-TKY1	[49]
33.	AB049804	Japonya: Gifu Pref. MEL-4 (JPN4(4))	[49]
34.	AB049805	Japonya: Chichibu-shi, Saitama Pref. MEL-TKY12	[49]
35.	AB049806	Japonya: Beppu-shi, Oita Pref. MEL-K1	[49]
36.	AB049807	Rusya: Transbaikalia, Batı Goose gölü kıyısı MEL-ZUD33 (ZIS33)	[49]
37.	AB049808	Rusya: Leningrad MEL-ZUD36	[49]
38.	AB049809	Rusya: Leningrad MEL-ZUD35	[49]
39.	X94922	İsveç	[6]

Tablo 2.12. Gen Bankası'ndan elde edilen *Mustela nivalis* türüne ait mitokondriyal Cyt b gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	AM749048	Yunanistan: Messinia,Filiatra	[48]
2.	AM258837	Fransa: Bouches du Rhone, Montmajour	[48]
3.	AM258838	Fransa: Morbihan, Sarzeau	[48]
4.	AM258839	Fransa: Doğu Pireneler, Nohedes	[48]
5.	AM258843	Fransa: Aveyron, St Martin du Larzac	[48]
6.	AM258844	Fransa: Aveyron, St Martin du Larzac	[48]
7.	AM258845	İtalya: San Polo dei Cavaliere	[48]
8.	AM258846	İtalya: Toskana, Pratolino	[48]
9.	AM258848	İtalya: Toskana	[48]
10.	AM258874	İtalya: Cosenza, Valle Capra	[48]
11.	AM258875	İtalya: Cosenza Rende	[48]
12.	AM258876	İtalya: Cosenza, Cellara	[48]
13.	AM258877	İtalya: Parma Collecchio	[48]
14.	AM258878	İtalya: Parma, Sala Baganza	[48]
15.	AM258879	İtalya: Parma, Berceto	[48]
16.	AM258882	İtalya: Po Ovası	[48]
17.	AM258855	İtalya: Sardunya	[48]
18.	AM258870	İtalya: Sardunya	[48]
19.	AM749050	İtalya: Sicilya, Castellammare del Golfo,	[48]
20.	AM258847	Avusturya: Grinzling	[48]
21.	AM258849	Fransa: Doğu Pireneler, Banyuls	[48]
22.	AM258851	Fransa: Korsika	[48]
23.	AM258852	Fransa: Haute Corse, Muro	[48]
24.	AM258854	İsviçre: Tessin, Lac Cadagno	[48]
25.	AM258856	Romanya: Tuna deltası	[48]
26.	AM258857	Yunanistan: Girit, Nida Yaylası	[48]
27.	AM258858	Yunanistan: Girit, Karteros Iraklion	[48]
28.	AM258859	Finlandiya: Helsinki	[48]
29.	AM258860	Finlandiya: Tampere	[48]
30.	AM258861	Birleşik Krallık: Kielder	[48]
31.	AM258862	Birleşik Krallık: Kielder	[48]
32.	AM258864	Polonya: Bialowieza	[48]
33.	AM258865	Polonya: Bialowieza	[48]
34.	AM932882	Polonya: Kampinos	[48]
35.	AM258866	Polonya: Kampinos	[48]
36.	AM258869	İspanya: Huelva	[48]
37.	AM258871	Belçika: Blegny, Trembleur	[48]
38.	AM258872	Almanya: Bielefeld	[48]
39.	AM932885	Almanya: Konz	[48]
40.	AM258873	İspanya: Barselona, Tabiat Parkı	[48]
41.	AM258880	Fransa: Landes, Mont de Marsan	[48]
42.	AM258840	Fransa: Korsika	[48]
43.	AM258841	Fransa: Haute Corse, Querciolo	[48]

Tablo 2.12.'in devamı.

Sıra	Erişim Numarası	Lokale	Kaynak
44.	AM258842	Fransa: Haute Corse, Linguezzata	[48]
45.	AM258850	Fransa: Corse du Sud, Portovecchio	[48]
46.	AM258881	İspanya: Balears, Minorqua	[48]
47.	AM258883	Fas: Kazablanka	[48]
48.	AM258863	Polonya: Białowieża	[48]
49.	AM258884	Sırbistan ve Karadağ: Dobanovci	[48]
50.	AM258885	Sırbistan ve Karadağ: Dobro Polje	[48]
51.	AM258886	Sırbistan ve Karadağ: Svilajnac, Seldlare	[48]
52.	AM258887	Danimarka: Glesborg	[48]
53.	AM258888	Danimarka: Lemvig	[48]
54.	AM258889	Danimarka: Tyvmose	[48]
55.	AM258890	Danimarka: Billund, Vandel Barajı	[48]
56.	AM258891	Danimarka: Olgod	[48]
57.	AM749049	Yunanistan: Atina, Vravrova,	[48]
58.	AM749051	İtalya: Sicilya, Vicari, Palermo	[48]
59.	AM749052	İtalya: Sicilya, St Stefano, Palermo	[48]
60.	AM749053	İtalya: Doğu Sicilya	[48]
61.	AM749054	İtalya: Sicilya	[48]
62.	AM749055	İtalya: Sicilya	[48]
63.	AM749056	İtalya: Sicilya	[48]
64.	AM932883	Lüksemburg: Berbourg	[48]
65.	AM932884	Lüksemburg: Berbourg	[48]
66.	AM258853	Fas: Marakeş	[48]
67.	AM258867	Fas: Marakeş	[48]
68.	AM258868	Fas: Marakeş	[48]
69.	AF457461	Bilinmiyor	[191]
70.	JN860931	Polonya: Słotwina	[71]
71.	JN819553	Polonya: Pożary	[71]
72.	JN819552	Polonya: Łąki Famułkowskie	[71]
73.	JN819551	Polonya: Wymiarki	[71]
74.	JN819550	Polonya: Sobibor	[71]
75.	JN819549	Polonya: Itawa	[71]
76.	JN819548	Polonya: Czaniec ,Porąbka (gmina)	[71]
77.	JN819547	Polonya: Morskie Oko	[71]
78.	JN819546	Çek Cumhuriyeti: Opava	[71]
79.	JN819545	Polonya: Niepust	[71]
80.	JN819544	Polonya: Nowa Słupia	[71]
81.	JN819543	Polonya: Kalnica, Bieszczady	[71]
82.	JN819542	Polonya: Swierzawa	[71]
83.	JN819541	Polonya: Białowieża	[71]
84.	JN819540	Polonya: Białowieża	[71]
85.	JN819539	Polonya: Słubice (Zielony Bór)	[71]
86.	JN819538	Polonya: Płaska	[71]
87.	JN819537	Polonya: Międzyzdroje	[71]

Tablo 2.12.'in devamı.

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
88.	JN819536	Polonya: Darżlubie	[71]
89.	AB026106	Japonya: Hokkaido	[136]
90.	AB564130	Almanya: Thuringia	[192]
91.	AB564129	Tayvan: Nantou, Hohuanshan Mt.	[192]
92.	AB564128	Güney Kore: Odaesan Mt.	[192]
93.	AB564127	Almanya: Thuringia	[192]
94.	AB564126	Özbekistan: Chizchik Nehri	[192]
95.	AB564125	Rusya: Primorye, Kedrovaya	[192]
96.	AB564124	Güney Kore: Yeongyang	[192]
97.	AB564123	Japonya: Aomori	[192]
98.	AB564122	Japonya: Hokkaido, Eniwa	[192]
99.	AB046612	Taiwan: Nantou, Hohuanshan Mt.	[192]
100.	EF987744	University of Alaska Museum; AFTC 201	[9]
101.	EF689081	Portekiz	[184]
102.	EF689080	Portekiz	[184]
103.	DQ533943	Jason Hanson (Alberta Fish and Wildlife)	[193]
104.	AB051241	Japonya: Hokkaido	[185]
105.	HM106319 (NC_020639)	Güney Kore CGRB	[19]
106.	GQ153573	Amerika: Wisconsin	[194]

Tablo 2.13. Gen Bankası'ndan elde edilen *Mustela putorius* türüne ait mitokondriyal Cyt b gen bölgesi verileri (1.140 bç)

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
1.	AB026107	Rusya, Leningrad Bölgesi	[136]
2.	AF057128	Bilinmiyor (Brookfield Hayvanat Bahçesi, A.B.D.)	[12]
3.	EF987746	Zoological Society of San Diego, A.B.D; OR 1481	[9]
4.	EF689083	Portekiz, Mp7m	[184]
5.	EF689082	Portekiz, 02-0356	[184]
6.	AB026103	Domestik	[136]
7.	X94925	Bilinmiyor	[6]
8.	HM106318 (NC_020638)	Kanada, Royal Ontario Müzesi	[19]

Tablo 2.14. Gen Bankası'ndan elde edilen nükleer DNA GHR gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Lokalite	Kaynak
<i>Martes foina</i>			
1.	EF987783		[9]
<i>Martes martes</i>			
1.	EF987784		[9]
<i>Vormela peregusna</i>			
1.	AB564107	Ermenistan: Sevan Gölü Bölgesi	[20]
2.	EF987773		[9]
<i>Mustela nivalis</i>			
1.	EF987777		[9]
2.	DQ205809		[193]
<i>Mustela putorius</i>			
1.	EF987779		[9]
2.	DQ205808		[14]
<i>Lutra lutra</i>			
1.	AB564049	Polonya: Wetlina, Bieszczady Dağı	[20]
2.	AF498190		[9]
<i>Meles meles</i>			
1.	AF498202		[9]

2.2. Laboratuvar Çalışmaları

2.2.1. Çeşitli Dokulardan Total DNA İzolasyonu

Türkiye'nin değişik lokalitelerinden toplanan mustelid türlerine ait 123 örneğin etil alkolde saklanan değişik dokularından (kas, kulak, kuyruk, böbrek vb.) total DNA elde edilmiştir. Total DNA izolasyonu için QIAGEN adlı firma tarafından üretilmiş ve ticari olarak satılmakta olan QIAGEN DNeasy® Blood & Tissue Kit kullanılmıştır. Bu çalışmada, total DNA izolasyonu sırasında kit ile birlikte gönderilen üretici firmanın protokolü takip edilmiştir.

Bu protokole göre, total DNA izolasyonuna başlamadan önce thermal block cihazı 56°C'ye ayarlanmıştır. Total DNA izolasyonu sırasındaki tüm santrifüj aşamaları oda sıcaklığında (15-25°C) gerçekleştirilmiştir. Vorteks işlemi 5-10 saniye arasında 3.000 rpm'de yapılmıştır. Gerekli olması durumunda Buffer ATL ve Buffer AL 56°C'ye ısıtılarak tekrar çözünmüştür. Kitin ilk kullanımında Buffer AW1 ve AW2'ye

% 99.9'luk etil alkol eklenerek kullanıma hazır hale getirilmiştir. Steril 1.5 ml'lik Ependorf tüpleri ve kitle birlikte gelen DNeasy Mini spin kolonlar etiketlenerek hazırlanmıştır.

Ön hazırlıklar ve etiketleme işlemleri tamamlandıktan sonra, etil alkolde saklanan dokulardan 25 mg'dan fazla olmayacak şekilde steril kaplar içerisine alınarak alkol uzaklaştırılmış ve lizis aşamasının daha etkili olabilmesi için tek kullanımlık steril bisturiler (No: 11) ile küçük parçalara ayrılmış ve etiketlenerek 1.5 ml'lik Ependorf tüplere alınmıştır. Ependorf tüpler içerisine konulan doku parçaları üzerine 180 µl ATL Buffer (Tissue lysis buffer) eklenerek Ependorf tüpler vortekslenmiştir. Daha sonra bu Ependorf tüpler içerisine 20 µl Proteinaz K enzimi (Qiagen) eklenip tekrar vortekslenmiştir. Hazırlanan bu Ependorf tüpleri daha önce 56 °C'ye ayarlanmış thermal block cihazına alınmıştır. Dokular tamamen lizis oluncaya kadar burada bekletilmiştir (yaklaşık 3-4 saat). Bu süre boyunca Ependorf tüpleri düzenli aralıklarla (25-30 dk'da bir) vortekslemeye devam edilmiştir. Tamamen lizis olan doku örnekleri thermal block cihazından alınarak yaklaşık 15 saniye 3.000 rpm'de vortekslenmiştir. Üzerlerine 200 µl AL Buffer (Lysis buffer) eklenip tekrar vortekslenmiştir. Daha sonra hızlı bir şekilde 200 µl % 99.9'luk etil alkol eklenip tekrar vortekslenmiştir.

Elde edilen karışımın tamamı önceden etiketlenerek hazırlanmış DNeasy Mini spin kolon'a pipetlenmiş ve spin kolonlar 2 ml'lik koleksiyon tüpleri içerisine yerleştirilmiştir. DNeasy Mini spin kolonlar 6.000 rcf/8.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Altta biriken sıvı koleksiyon tüpü ile birlikte atılarak DNeasy Mini spin kolon yeni bir 2 ml'lik koleksiyon tüpü içerisine yerleştirilmiştir. Bunun üzerine 500 µl Buffer AW1 (Wash Buffer 1) eklenip DNeasy Mini spin kolonlar 6.000 rcf/8.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Altta biriken sıvı ve koleksiyon tüpü atılarak DNeasy Mini spin kolon yeni bir 2 ml'lik koleksiyon tüpü içerisine yerleştirilmiştir. Bunun üzerine 500 µl Buffer AW2 (Wash Buffer 2) eklenerek DNeasy Mini spin kolonlar 20.000 rcf/14.000 rpm'de 3 dakika santrifüj edilmiştir. Spin kolonlar dikkatli bir şekilde sıvıya değdirmeden alınarak yeni Ependorf tüpleri içerisine yerleştirilmiş ve etanolün daha sonraki PCR işlemlerinde olumsuz sonuç doğurabileceğinden kuru bir DNeasy Mini spin kolon membranı elde etmek için 20.000 rcf/14.000 rpm'de 1 dakika daha santrifüj edilmiştir. Altta biriken sıvı ve Ependorf tüpü atılarak DNeasy Mini spin kolonlar önceden etiketlenmiş 1.5 ml'lik Ependorf tüpleri içerisine yerleştirilmiştir.

Doğrudan membran üzerlerine 200 µl Buffer AE eklenerek DNeasy Mini spin kolonlar oda sıcaklığında 1 dakika inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon sonrası 6.000 rcf/8.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. İsteğe bağlı olarak bu son basamak tekrarlanabilmektedir. Daha sonra DNeasy Mini spin kolonlar atılmış ve ependorfda biriken sıvı kısım sonraki işlemler için kalıp DNA olarak kullanılmak üzere +4 °C'de saklanmıştır. Uzun süreli saklama gerekli durumlarda ise tüpler -20 °C'ye alınmıştır.

2.2.2. Total DNA'ların Agaroz Jel Elektroforezi ve Görüntülenmesi

Örneklerden alınan dokulardan total DNA elde edilip edilmediğini anlamak ve elde edilen DNA'nın niteliği ve niceliği hakkında fikir edinmek için agaroz jel elektroforez yöntemi kullanılmıştır. Total DNA'lar, % 1'lik agaroz jelde yürütülmüş ve görüntülenmiştir. Kullanılan tanka bağlı olmakla birlikte % 1'lik (w/v) agaroz jel için bir erlen içerisine 1.5 gram agaroz konmuş ve üzerine 150 ml 1X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Acid, EDTA) çözeltisi eklenerek karıştırılmıştır. Elde edilen karışım mikrodalgada agaroz tamamen çözünene kadar ısıtılmıştır. Agaroz tamamen çözündükten sonra üzerine 10 mg/ml'lik Ethidium Bromide çözeltisinden 8.5 µl eklenmiştir. Manyetik karıştırıcıda karışımın sıcaklığı 50-55 °C'ye gelinceye kadar karıştırılmıştır. Hazırlanan elektroforez tepsisine karışım kabarcık oluşturmayacak şekilde yavaşça dökülmüş ve taraklar yerleştirilmiştir. Agaroz jel tamamen katılaşıncaya kadar beklenmiş ve katılaştıktan sonra taraklar dikkatli bir şekilde jelden alınmıştır. Elektroforez tepsisi elektroforez tankına yerleştirilmiş ve üzerine jeli tamamen kaplayacak kadar 1X TAE çözeltisi eklenmiştir. Elde edilen total DNA'dan 10 µl alınıp temiz bir PCR tüpüne konup ve üzerine 2 µl 6X yükleme boyası (Loading Dye (% 40'luk Sükroz, Xylene Cyanol FF ve Bromophenol Blue)) eklenerek, pipetle karıştırılmıştır. Elde edilen karışım jelde açılan kuyucuklara pipetlenmiştir. Jele 80 volt doğrusal akım verilerek örneklerin jel üzerinde oluşturulan elektriksel alanda 60 dakika yürümesi sağlanmıştır. Süre sonunda jel, elektroforez tankından çıkarılıp görüntüleme cihazına yerleştirilmiş ve UV altında KODAK Gel Logic 1500 jel görüntüleme sistemi ile görüntülenmiştir.

2.2.3. Mitokondriyal (Sitokrom *b*) ve Nüklear (GHR) DNA Bölgelerinin PCR Yöntemiyle Çoğaltılması

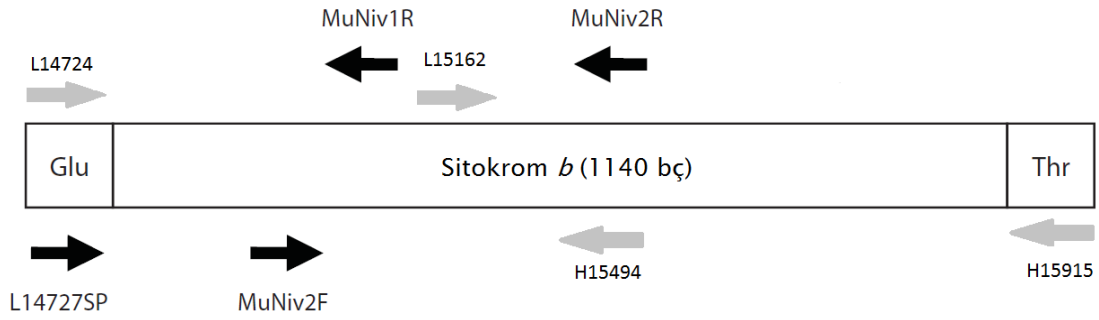
Elde edilen total DNA'lar, mitokondriyal ve nüklear DNA için kaynak olarak kullanılmıştır. Her bir örneğin mitokondriyal DNA'sının diğer mitokondriyal gen bölgelerine oranla oldukça korunmuş olan sitokrom *b* gen bölgesi (1.140 bç) ve nüklear DNA'sının GHR (~630 bç) gen bölgesi PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile çoğaltılmıştır. Bunun için kullanılan spesifik primer çiftleri, Tablo 2.15'de verilmiştir.

Tablo 2.15. Mitokondriyal DNA Cyt *b* (Sitokrom *b*) ve Nüklear DNA GHR gen bölgeleri için kullanılan primer çiftleri

Primer	Baz Dizisi	Bağlanma sıcaklığı (°C)	Kaynak
L14724 H15494	5'-CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG-3' 5'-TAGTTGTCAGGGTCTCCTAG-3'	53°C	[12, 87]
L15162 H15915	5'-GCAAGCTTCTACCATGAGGACAAATATC-3' 5'-AACTGCAGTCATCTCCGGTTTACAAGAC-3'	53°C	[87]
L14727SP MuNiv1R	5'- GACAGGAAAAATCATCGTTG -3' 5'- GCCGATGTTTCATGTTTCG -3'	41°C	[71, 195] [71]
MuNiv2F MuNiv2R	5'- TCCGATACATACATGCAAACG -3' 5'- GGGATTCTCTGAAGGGTTGTT -3'	42°C	[71]
Cb-M1 Cb-MR1	5'-CTCACATGGAATCTAACCATGAC-3' 5'-TCTTCCTTGAGTCTTAGGGAG-3'	50°C	[136]
GHR-F GHR-R	5'- CCAGTTCCAGTTCCAAAGAT -3' 5'- TGATTCTTCTGGTCAAGGCA-3'	56°C	[13, 183]

2.2.3.1. Mitokondriyal DNA Cyt *b* Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması

Mitokondriyal DNA sitokrom *b* (Cyt *b*) gen bölgesinin tamamı (1.140 bç), PCR ile çoğaltılmıştır. Bunun için *Meles* cinsine ait örneklerin Cyt *b* gen bölgesinin tamamını çoğaltmak için Cb-M1- Cb-MR1 spesifik primer çifti kullanılmıştır. *Mustela* cinsine ait örneklerin cyt *b* gen bölgesinin ilk 700 bç'lik kısmı çoğaltmak için L14727SP- MuNiv1R ve MuNiv2F- MuNiv2R, son 700 bç'lik kısmı çoğaltmak için L15162- H15915 spesifik primer çiftleri kullanılmıştır. *Martes*, *Vormela* ve *Lutra* cinslerine ait örneklerin Cyt *b* gen bölgesinin ilk 700 bç'lik kısmı çoğaltmak için L14724-H15494, son 700 bç'lik kısmı çoğaltmak için L15162-H15915 spesifik primer çiftleri kullanılmıştır. Primerlerin gen üzerindeki yaklaşık yerlerinin şematik görünümü Şekil 2.8'de verilmiştir.



Şekil 2.8. Sitokrom *b* geninin tamamını PCR ile çoğaltmak için kullanılan primerlerin yaklaşık yerlerinin şematik gösterimi [71]'den değiştirilmiştir)

Her bir primer çifti için PCR bileşenlerinin optimizasyon çalışmaları yapılmış ve primerlerin en uygun bağlanma sıcaklığı gradient PCR ile belirlenmiştir. PCR bileşenleri için iki farklı firmanın farklı ürünleri (Qiagen Multiplex PCR Kit ve Thermo Scientific, Maxima Hot Start Taq DNA Polymerase) kullanılmıştır. PCR bileşenlerinin miktarı ve en uygun bağlanma sıcaklığı belirlendikten sonra, hedeflenen gen bölgesinin çoğaltılması sırasında primerlerin en uygun ve doğru şekilde bağlanması ve özgülüğünün artırılması için TouchDown PCR yapılmıştır. PCR bileşenlerinin hazırlanması aşamasında her bir örnek için 10 µl veya 50 µl reaksiyon hacmi olacak şekilde Master Mix hazırlanmıştır. Her bir örnek için PCR tüplerine Master Mix karışımından 8.5 µl veya 49 µl alınarak bunun üzerine 1.5 veya 1 µl Total DNA eklenmiştir. PCR bileşenleri ve konsantrasyonları Tablo 2.16 ve 2.17'de verilmiştir.

Tablo 2.16. Qiagen Multiplex PCR Kit ile oluşturulan PCR bileşenleri ve miktarları

Bileşenler	Alınan Hacim	Son Konsantrasyon
2x QIAGEN Multiplex PCR Master Mix, (HotStarTaq® DNA Polimeraz, Multiplex PCR Buffer*, dNTP Mix)	5.0 µl	1X
Q-Solution, 5x	1.0 µl	1X
BSA (10mg/ml)	0.4 µl	4µg
Primer Mix (2 µM)	1.0 µl	2µM
Steril Distile Su (sdH ₂ O) (RNAse-Free)	1.1 µl	---
Total DNA	1.5 µl	---
Toplam	10 µl	

*6 mM MgCl₂ içermektedir

Tablo 2.17. Maxima Hot Start Taq DNA Polimeraz ile oluşturulan PCR bileşenleri ve miktarları

Bileşenler	Alınan Hacim	Son Konsantrasyon
10X Taq Buffer	5.0 µl	1X
10mM dNTPmix (Fermentas)	1.0 µl	0.2mM
10µM L Primer (IDT)	4.0 µl	0.8 µM
10µM H Primer (IDT)	4.0 µl	0.8 µM
25mM MgCl ₂	3.0 µl	1.5 mM
sdH ₂ O	31.7 µl	---
Maxima Hot Start Taq DNA Polymerase (5u/µl)	0.3 µl	1.5 u
Total DNA	1.0 µl	---
Toplam	50 µl	

Elde edilen karışımının oluşturulduğu PCR strip tüplerin kapakları kapatılarak istenilen gen bölgesinin çoğaltılması için Thermo-Cycler'ra (Eppendorf Mastercycler ve/veya SensoQuest LabCycler) alınarak Hot Start TouchDown PCR yapılmıştır. Her bir primer çifti için PCR döngü programları Tablo 2.18-20'de verilmiştir.

Tablo 2.18. Mitokondriyal DNA Cyt *b* gen bölgesinin L14724-H15494 ve L15162-H15915 primer çiftleri için Hot Start TouchDown PCR döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	15 Dakika	1 Döngü
Denatürasyon	94 °C	30 Saniye	14 Döngü
Primer Bağlanma	60 °C (-0.5°C/döngü)	90 Saniye	
Zincir Uzama	72°C	60 Saniye	
Denatürasyon	89°C	30 Saniye	
Primer Bağlanma	53°C	90 Saniye	33 Döngü
Zincir Uzama	72°C	60 Saniye	
Sonlandırma	60°C	30 Dakika	
Saklama	+4°C	Süresiz	1 Döngü

Tablo 2.19. Mitokondriyal DNA Cyt *b* gen bölgesinin L14727SP-MuNiv1R ve MuNiv2F- MuNiv2R primer çiftleri için Hot Start PCR döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	15 Dakika	1 Döngü
Denatürasyon	94 °C	30 Saniye	30 Döngü
Primer Bağlanma	41-42 °C	30 Saniye	
Zincir Uzama	72°C	60 Saniye	
Sonlandırma	72°C	7 Dakika	1 Döngü
Saklama	+4°C	Süresiz	

Tablo 2.20. Mitokondriyal DNA Cyt *b* gen bölgesinin Cb-M1- Cb-MR1 primer çifti için Hot Start PCR döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	15 Dakika	1 Döngü
Denatürasyon	94 °C	1 Dakika	35 Döngü
Primer Bağlanma	50 °C	1 Dakika	
Zincir Uzama	72°C	2 Dakika	
Sonlandırma	72°C	10 Dakika	1 Döngü
Saklama	+4°C	Süresiz	

2.2.3.2. Nüklear DNA GHR Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması

Nüklear DNA GHR (Growth Hormone Receptor) geninin intron 9 bölgesinin yaklaşık 630 baz çifti uzunluğundaki kısmı tüm türler için GHR-F ve GHR-R spesifik primer çifti kullanılarak çoğaltılmıştır. Primer çifti için PCR bileşenlerinin optimizasyon çalışması yapılmış ve primer çiftinin en uygun bağlanma sıcaklığı gradient PCR ile belirlenmiştir. PCR bileşenlerinin hazırlanması aşamasında her bir örnek için 50 µl reaksiyon hacmi olacak şekilde Master Mix hazırlanmıştır. Her bir örnek için PCR tüplerine Master Mix karışımından 49 µl alınarak bunun üzerine 1 µl total DNA eklenmiştir. PCR bileşenleri ve konsantrasyonları Tablo 2.21’de verilmiştir.

Tablo 2.21. Nüklear DNA GHR gen bölgesinin PCR işlemi için kullanılan kimyasallar ve miktarları

Bileşenler	Alınan Hacim	Son Konsantrasyon
10X Taq Buffer	5.0 µl	1X
10mM dNTPmix (Fermentas)	1.0 µl	0.2mM
10µM L Primer (Iontek)	4.0 µl	0.8 µM
10µM H Primer (Iontek)	4.0 µl	0.8 µM
25mM MgCl ₂	3.0 µl	1.5 mM
sdH ₂ O	31.7 µl	---
Taq DNA Polimeraz (5u/µl) (Thermo)	0.3 µl	1.5 u
Total DNA	1.0 µl	---
Toplam	50 µl	

Elde edilen karışımının oluşturulduğu PCR strip tüplerin kapakları kapatılarak istenilen gen bölgesinin çoğaltılması için Thermo-Cycler’a (SensoQuest LabCycler) alınarak PCR yapılmıştır. PCR döngü programı Tablo 2.22’de verilmiştir.

Tablo 2.22. Nüklear DNA GHR gen bölgesi PCR döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	3 Dakika	1 Döngü
Denatürasyon	94 °C	30 Saniye	30 Döngü
Primer Bağlanma	56 °C	30 Saniye	
Zincir Uzama	72°C	60 Saniye	
Sonlandırma	72°C	7 Dakika	1 Döngü
Saklama	+4°C	Süresiz	

2.2.4. PCR Ürünlerinin Agaroz Jel Elektroforezi ve Görüntülenmesi

Elde edilen PCR ürünlerinin kalitesi ve büyüklüğünü kontrol etmek amacıyla PCR ürünleri, % 1.0'lik ve/veya % 1.5'lik agaroz jelde yürütülmüş, SYBR®Safe DNA Jel (10.000X in DMSO) çözeltisi veya Ethidium Bromide çözeltisi (sırasıyla) kullanarak UV altında görüntülenip fotoğrafı alınmıştır. Ethidium Bromide çözeltisi kullanılarak oluşturulan % 1.5'lik agaroz jelin hazırlanması total DNA'ların agaroz jel elektroforezi kısmında tarif edilen yöntemle aynıdır. Farklılık olarak elde edilen PCR ürünlerinin yürütüldüğü agaroz jel % 1.5'luk konsantrasyonuna sahiptir ve ilk kuyucuğa 5 µl 100 bp DNA Ladder konulmuştur.

SYBR®Safe DNA Jel (10.000X in DMSO) çözeltisi kullanılarak oluşturulan % 1.0'lik agaroz jelin hazırlanması için bir erlen içerisine 1 g agaroz konmuş ve üzerine 100 ml 1X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Acid, EDTA) çözeltisi eklenerek karıştırılmıştır. Elde edilen karışım mikrodalgada agaroz tamamen çözünene kadar ısıtılmış ve agaroz tamamen çözündükten sonra üzerine SYBR®Safe DNA Jel (10.000X in DMSO) çözeltisinden (invitrogen) 3 µl eklenmiştir. Karışım 50-55 °C'ye gelinceye kadar hafif bir şekilde çalkalanarak soğutulmuştur. Daha sonra elektroforez tepsisine karışım yavaşça dökülmüş ve taraklar yerleştirilmiştir. Agaroz jel tamamen katılaşıncaya kadar beklenmiş ve daha sonra taraklar dikkatlice jelden alınmıştır. Elektroforez tepsi elektroforez tankına yerleştirilmiş ve üzerine jeli tamamen kaplayacak kadar 1X TAE çözeltisi eklenmiştir. Elde edilen total DNA'dan temiz bir PCR tüpüne 3.0 µl alınmış ve üzerine 2 µl 6X Loading Dye (% 40'lık Sükroz, Xylene Cyanol FF ve Bromophenol Blue) eklenip, pipetle karıştırılmıştır. Karışım jelde açılan kuyucuklara pipetlenmiştir. Jele 100 volt doğrusal akım verilerek örneklerin jel üzerinde, elektriksel alanda 60 dakika yürütmesi sağlanmıştır. Süre sonunda jel

elektroforez tankından çıkarılıp görüntüleme cihazına yerleştirilerek UV altında görüntülenip fotoğrafı alınmıştır (UVP GelDoc-It jel görüntüleme sistemi) (Şekil 3.2).

2.2.5. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması ve Çoğaltılan Gen Bölgelerinin DNA Dizi Analizi

2.2.5.1. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması

Her bir örnek için elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforezinde kontrolü yapıldıktan sonra tek ve doğru büyüklükte bant verenlerin DNA dizi analizi yapılmıştır. Dizi analizi yapılacak örneklerin PCR ürünlerinin saflaştırılma işlemi ya hizmet alımı şeklinde ya da laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

Laboratuvarında PCR ürünlerinin saflaştırılması işlemi sırasında ExoSAP-IT PCR Product Clean-Up (Affymetrix) kiti kullanılmış ve kit ile birlikte gönderilen üretici firmanın protokolü takip edilmiştir. Bu protokole göre kullanılan kimyasallar ve miktarları, Tablo 2.23’de verilmiştir. PCR ürününün saflaştırılması sırasında öncelikle PCR ürünü içermeyen mastermix hazırlanmış, hazırlanan bu karışımdan 2 µl alınarak temiz 0.2 ml’lik PCR tüplere konulmuştur. Bunun üzerine 3 µl PCR ürünü eklenerek tüplerin ağızları kapatılmıştır ve Thermal cycler cihazına (Eppendorf Mastercycler) alınarak Tablo 2.24’deki protokole göre cihaz çalıştırılmıştır.

Tablo 2.23. PCR ürünlerinin saflaştırılması için kullanılan kimyasallar ve miktarları

Bileşenler	Alınan Hacim
sddH ₂ O	1.0 µl
Dilution Buffer	0.25 µl
EXO I (exonuclease)	0.25 µl
SAP (shrimp alkaline phosphatase)	0.50 µl
PCR ürünü	3.0 µl
Toplam	5.0 µl

Tablo 2.24. PCR ürünlerinin saflaştırılması için sıcaklık döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre Döngü	Sayısı
İnkübasyon	37°C	30 Dakika	1 Döngü
İnaktivasyon	80°C	15 Dakika	1 Döngü
Saklama	+4°C	Süresiz	

2.2.5.2. PCR Ürünlerinin DNA Dizi Analizi

Her bir örnek için spesifik primer çiftleri ile üretilen PCR ürünlerinin bir kısmı saflaştırma işlemi yapılmadan doğrudan dizi analizine gönderilmiş ve PCR ürünlerinin saflaştırılması ve PCR aşamasındaki aynı primerler kullanılarak hem ileri hem de geri yönde DNA dizi analiz işlemleri hizmet alımı şeklinde yaptırılmıştır. *Meles* cinsi için PCR aşamasındaki primerlere ek olarak Tablo 2.25'deki altı internal (iç) primer ile dizi analizleri tekrarlanmıştır. Dizi analizi için PCR ürünleri RefGen (ODTÜ-Teknopark/Ankara) Gen Araştırmaları ve Biyoteknoloji Laboratuvarı'nda ABI 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) cihazında ve Beckman Coulter Genomics Inc. (ABD) firmasında (<http://www.beckmangenomics.com>) BigDye Terminator v3.1 (Applied Biosystems) kullanılarak ABI PRISM 3730xl DNA analyzer (Applied Biosystems) cihazında yürütülerek ham DNA dizi verileri elde edilmiştir.

Tablo 2.25. *Meles* cinsi Mitokondriyal DNA Cyt *b* (Sitokrom *b*) gen bölgesinin dizi analizi için kullanılan internal primerler

Primer	Baz Dizisi	Kaynak
Cb-L3	5'-CTTACATGTAGGACGAGGCCT-3'	[136]
Cb-L4	5'TCCCATTCATCCATATTACAC-3'	
Cb-LR3	5'GATTGCGTATGCGAATAAGAA-3'	
Cb-LR4	5'-CGGTTGCACCTCAAAAAGACA-3'	
Cb-LR5	5'-AGGGGATACCAGAGGGGTT-3	
Cb-LR6	5'-GTAAGATTGCGTATGCGAATAAG-3'	

ExoSAP-IT PCR Product Clean-Up kiti ile laboratuvarında saflaştırılan PCR ürünlerinin DNA dizi analizleri her bir örnek için hem ileri hem de geri yönde yapılmıştır. Sekans reaksiyonu için BigDye Terminator cycle sequencing kit (Applied Biosystems) kullanılmıştır. Bunun için kit ile birlikte gönderilen üretici firmanın protokolü takip edilmiştir. Bu protokole göre kullanılan kimyasallar ve miktarları Tablo 2.26'da verilmiştir. PCR ürününün saflaştırılması sırasında öncelikle PCR ürünü içermeyen mastermix hazırlanmış, hazırlanan bu karışımdan 5 µl alınarak temiz 0.2 ml'lik PCR tüplerine konulmuştur. Bunun üzerine 5 µl saflaştırılmış PCR ürünü eklenerek tüplerin ağzları kapatılmıştır ve Thermal cycler cihazına (Eppendorf Mastercycler) alınarak Tablo 2.27'deki protokole göre cihaz çalıştırılmıştır. Daha sonra alınan ürünler UCLA (University of California, Los Angeles) GenoSeq Core laboratuvarlarında ABI PRISM 3730xl DNA analyzer (Applied Biosystems) cihazında yürütülerek ham DNA dizi verileri elde edilmiştir.

Tablo 2.26. Saf PCR ürünlerinin BigDye işleminde kullanılan kimyasallar ve miktarları

Bileşenler	Alınan Hacim
sddH ₂ O	3.0 µl
BigDye	1.5 µl
SeqSaver (Sequence Saver Solution™)	0.5 µl
Primer (3 µM)	1.0 µl
Saflaştırılmış PCR ürünü	3.0 µl
Toplam	10.0 µl

Tablo 2.27. PCR ürünlerinin BigDye işlemi için sıcaklık döngü programı

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
1. Basamak	96 °C	10 Saniye	1 Döngü
2. Basamak	96 °C	10 Saniye	35 Döngü
3. Basamak	50 °C	20 Saniye	
4. Basamak	60°C	4 Dakika	
Saklama	+4°C	Süresiz	

2.3. Mitokondriyal ve Nüklear DNA Bölgelerinin Veri Analizi

2.3.1. Mitokondriyal ve Nüklear DNA Bölgelerinin Dizi Analiz Verilerinin Okunması ve Düzenlenmesi

Her bir örnek için otomatik DNA dizi analizi sisteminden elde edilen tüm ham DNA dizi verileri, dizilerin düzenlenmesi ve hizalanması (Sequence alignment and editing) için Geneious® version 6.1.6 [179] programlarına aktarılarak her örneğe ait her bir DNA dizisi için ayrı ayrı değerlendirilmiştir. Her bir örneğe ait ileri ve geri (Forward ve Revers) yöndeki DNA dizi verileri seçilerek program üzerindeki “De Novo Assemble” komutu seçilerek ileri ve geri yöndeki DNA baz dizileri ve kromatogramları en uygun şekilde alt alta gelecek şekilde birleştirilmiştir. Daha sonra ileri ve geri primerler ile elde edilen dizilerin kromatogramları birlikte gözden geçirilmiş ve her bir örnek için ilgili bölgenin en ortak (consensus) dizisi oluşturulmuştur.

Nüklear DNA bölgelerindeki (GHR) mevcut heterozigotik bölgeleri bulmak için program üzerindeki “Find Heterozygotes” komutu seçilerek potansiyel heterozigotik bölgeler belirlenerek bu bölgedeki bazlara ait kromatogramlar gözle kontrol edilmiş ve heterozigotik bölge olup olmadığına karar verilmiştir. Heterozigotik bölge olarak karar verilen bölgedeki bazlar, IUPAC (International Union of Pure and Applied Chemistry)’ın belirlemiş olduğu kritere göre düzeltilmiştir. Hizalanan ve düzenlenen dizilerin başlangıç ve sondaki fazlalıkları ve primer bölgeleri alınmadan consensus

diziler ayrı bir klasöre çıkarılarak yeniden isimlendirilmiştir. Her bir örnek için bu işlemler tekrarlanarak her bir örneğin consensus dizileri elde edilmiştir. Sitokrom *b* bölgesi için elde edilen her bir örneğe ait consensus dizileri birleştirilerek 1.140 bp uzunluğunda tek bir dizi elde edilmiştir. Her bir taksona ve gen bölgesine ait consensus dizilerinin tamamı seçilerek program üzerindeki “Multiple Alignment” seçeneklerinden olan “MAFFT Alignment” [196] ve “Geneious Alignment” algoritmaları ayrı ayrı seçilerek diziler birleştirilmiştir. Birleştirme işleminden sonra gözle kontrol yapılmıştır. Ayrıca her bir örneğe ait DNA dizileri “Concatenate Sequences” komutu ile uç uca eklenerek birleştirilmiştir. Aynı uzunluğa getirilen ve birleştirilen tüm diziler diğer programlar tarafından da okunabilmesi ve diğer formlara dönüştürülebilmesi için FASTA ve NEXUS dosya formatlarında kaydedilmiştir.

2.3.2. Mustelid Örneklerinin Filogenetik Analizleri

Filogenetik analizler için ilk önce Türkiye örneklerinden elde edilen mitokondriyal Cyt *b* gen bölgesine ait DNA dizileri, her bir takson için ayrı ayrı bir araya getirilerek tüm taksonlar için DNA veri setleri oluşturulmuştur. Oluşturulan veri seti içerisindeki haplotip sayısını (farklı baz dizisine sahip diziler) ve her bir haplotipe sahip kaç örneğin olduğunu belirlemek için DnaSP version 5.00.04 [197] adlı programı kullanılmıştır. Farklı baz dizisine sahip örnekler alınarak sadece haplotipleri içeren yeni bir veri seti oluşturulmuştur. Bundan sonraki tüm filogenetik analizlerde haplotiplerden oluşan bu veri seti kullanılmıştır.

İkinci bir veri seti olarak bu çalışmada tespit edilen haplotipler ile Gen Bankası’ndan elde edilen tüm mitokondriyal Cyt *b* bölgesine ait DNA dizileri, her bir takson için ayrı ayrı bir araya getirilerek tüm taksonlar için daha geniş DNA veri setleri oluşturulmuştur. Oluşturulan bu veri setleri içerisindeki haplotiplerin belirlenmesi için DnaSP version 5.00.04 [197] adlı programı kullanılmıştır. Farklı baz dizisine sahip örnekler alınarak Türkiye ve Gen Bankası’ndan alınan dizileri içeren daha geniş ikinci bir veri seti elde edilmiş ve filogenetik analizlerde bu veri seti kullanılmıştır.

Elde edilen veri setlerinin filogenetik analizleri farklı evrimsel ağaç oluşturma metotları olan uzaklık (distance), parsimoni ve likelihood- tabanlı metotlar kullanılarak yapılmıştır. Bunun için Maksimum Parsimoni (MP), Distans (uzaklık) tabanlı yöntemlerden Neighbor Joining (Komşu birleştirme) (NJ) [198] ve Maksimum

Likelihood metotları MEGA5 [199] ve Geneious R6 programları [179] ile yapılmıştır. Ayrıca veri setlerinin Bayesian metodu ile Bayesian inference analizi [200], MrBayes [201] ve Geneious R6 programları [179] ile yapılmıştır. Bayesian metodu hariç kullanılan metotlar ile oluşturulan farklı evrimsel ağaçlardaki soy hatlarının hangi oranda desteklendiğini saptamak için 10.000 tekrarlı (replikasyon) bootstrap analizi yapılmıştır. Filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanılan DNA dizileri, Tablo 2.28’de verilmiştir.

Tablo 2. 28. Filogenetik analizlerde kullanılan dış gruplar

Sıra	Erişim Numarası	Takson	Kaynak
<i>Martes</i> cinsine ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1.	AF057131	<i>Martes pennanti</i>	[12]
2.	AF498154	<i>Eira barbara</i>	[13]
<i>Vormela peregusna</i> türüne ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1.	EF987751	<i>Martes martes</i>	[9]
2.	AF498155	<i>Galictis vittata</i>	[13]
<i>Meles</i> cinsine ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1.	AB049810	<i>Arctonyx collaris</i>	[49]
2.	EF987755	<i>Mellivora capensis</i>	[9]
<i>Mustela nivalis</i> türüne ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1	AB026101	<i>Mustela erminea 1</i>	[136]
2	AF271061	<i>Mustela erminea 2</i>	[191]
3	AB026102	<i>Mustela eversmanni</i>	[136]
4	AB026104	<i>Mustela itatsi</i>	[136]
5	AB026105	<i>Mustela lutreola</i>	[136]
6	AB026107	<i>Mustela putorius</i>	[136]
<i>Mustela putorius</i> türüne ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1.	AB026109	<i>Neovison vison</i>	[136]
<i>Lutra lutra</i> türüne ait tüm veri setlerinde kullanılan dış gruplar			
1.	EF472347	<i>Lutra sumatrana</i>	[9]
2.	AF057125	<i>Lutra maculicollis</i>	[12]

Elde edilen Nüklear DNA GHR bölgesine ait diziler, her bir takson için ayrı ayrı bir araya getirilerek tüm taksonlar için DNA veri setleri oluşturulmuştur. Elde edilen veri setlerinin incelenmesi sonucunda tür içinde fazla varyasyon göstermediği, bazı türlerde ise (*Meles meles*, *Lutra lutra*, *Mustela putorius*) tek bir DNA baz dizisi elde edildiği ve Gen Bankası’nda her bir tür için en fazla iki toplamda ise 11 GHR dizisi tespit edildiği için GHR gen bölgesi filogenetik analizlere dahil edilmemiştir. Nüklear GHR gen bölgesinin Türkiye’deki Mustelidae familyasına ait türleri birbirinden ayırt edip edemediği ve Türkiye’deki heterozigotik örneklerin belirlenmesi amacıyla

kullanılmıştır. Ayrıca gelecekte yapılacak daha geniş veri setleri için GHR verileri üretilmiştir.

2.3.2.1. Mitokondriyal Sitokrom *b* ve Nüklear GHR Bölgelerinin Genetik Çeşitlilik Analizleri

Elde edilen haplotiplere ait veri setleri, DnaSP version 5.00.04 [197] adlı programa aktarılmış, program çalıştırılarak monomorfik ve polimorfik bölgeler, parsimoni olarak bilgi içeren bölgeler, haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, H_d), nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) ayrı ayrı hesaplanmıştır. Haplotiplerin baz kompozisyonlarının hesaplanması için oluşturulan DNA veri seti, MEGA version 5.2.1 [199] adlı programa aktarılmış ve analizler gerçekleştirilmiştir.

2.3.2.2. DNA Veri Setleri için En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesi dizilerinden oluşturulan veri setlerinin Maksimum Likelihood ve Bayesian analizleri için en uygun baz değişim modeli, daha sonraki bölümlerde verildiği üzere her takson için jModelTest2 [202, 203] ve MEGA5 [199] programları kullanılarak belirlenmiştir. Ayrıca Neighbor Joining (NJ) [198] analizi için Kimura-2-Parametre (K2P) [204] baz değişim modeli kullanılmıştır.

2.3.2.3. Mitokondriyal DNA Sitokrom *b* Haplotiplerinin Genetik Uzaklık (Distance) Analizi

Mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesi dizilerinden oluşturulan her bir taksona ait veri setlerindeki haplotipler arasındaki genetik uzaklık (Distance) değerleri, MEGA5 [199] ve Geneious R6 programlarıyla [179] Kimura 2-Parametre [204] baz değişim modeli seçilerek hesaplanmıştır.

2.3.2.4. Neighbor Joining (Komşu Birleştirme) (NJ) Analizi

Örneklerin mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesine ait veri setleri, ayrı ayrı MEGA5 adlı programa [199] aktarılmış ve Kimura-2-Parametre (K2P) [204] baz değişim modeli kullanılarak Neighbor Joining (NJ) [198], analizi yapılmış. NJ ağaçlarındaki soy hatlarının istatistiksel olarak ne kadar desteklendiğini belirlemek için 10.000 tekrarlı (replikasyon) bootstrap değerlemesi yapılmıştır.

2.3.2.5. Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) (MP) Analizi

Örneklerin mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesine ait veri setleri, ayrı ayrı MEGA5 [199] adlı programa aktarılmış ve tutumluluk (Maksimum parsimoni) analizi bu programda gerçekleştirilmiştir. Parsimoni analizi için MP metodu kullanılmıştır. Maksimum Parsimoni ağacının bootstrap analizi 10.000 tekrar kullanılarak yapılmıştır ve TBR swapping algoritması kullanılarak sonuçlar karşılaştırılmıştır. Üretilen olası en kısa ağaçların ağaç uzunlukları (tree lenght, TL), tutarlılık indeksi (consistency index, CI) ve koruma indeksi (retention index, RI) belirlenmiştir. Üretilen olası en kısa ağaçları özetleyen konsensus ağaçları oluşturulmuştur.

2.3.2.6. Maksimum Likelihood (Olasılık) (ML) Analizi

Örneklerin mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesine ait veri setlerinin maksimum likelihood (ML) analizi, MEGA5 [199] programı ile jModelTest2 [202, 203] ve MEGA5 [199] programları tarafından önerilen en uygun baz değişim modeli kullanılarak yapılmıştır.

ML analizi ile elde edilen ML ağacında oluşan ana haplotip kümelerinin desteklenme derecesini tespit etmek için 10.000 tekrarlı (replikasyon) bootstrap analizi yapılmıştır. ML ağacındaki bootstrap değerleri, ana haplotip kümelerinin dallanma noktasında % olarak belirtilmiştir.

2.3.2.7. Bayesian Filogenetik Analizi

Örneklerin mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesine ait veri setlerinin bayesian analizinde her takson için farklı sayıda nesilden oluşmuş olan 4-MCMC (Markov Chain Monte Carlo) kullanılmış ve ağaçların örnekleme her 1.000 basamak için 100 nesile göre yapılmıştır. Ayrılma frekanslarının ortalama standart sapması, < 0.01 olduğu zaman örneklerin ilk % 25'i burn-in olarak çıkarılmıştır. Burn-in ağaçlarının çıkarılması ve konvergens değerlendirmesinden sonra kalan örnekler, % 95 Bayesian güven aralıkları ve posterior olasılıkları hesaplanmak suretiyle konsensus ağaçları (50% majority rule) üretmek için tutulmuş ve elde edilen bayesian ağaçlarının çizimi ve düzenlenmesi FigTree v1.3.1 [205] programı ile yapılmıştır.

2.3.3. Network Analizi

Tüm taksonlar için Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen sitokrom *b* gen bölgesi dizilerinden oluşturulan haplotip veri setinin tür içi genolojisini göstermek için Network 4.6.1.1 software [206] ile Median-joining (MJ) metodu kullanarak haplotip networkü ortaya çıkarılmıştır.

3. BÖLÜM

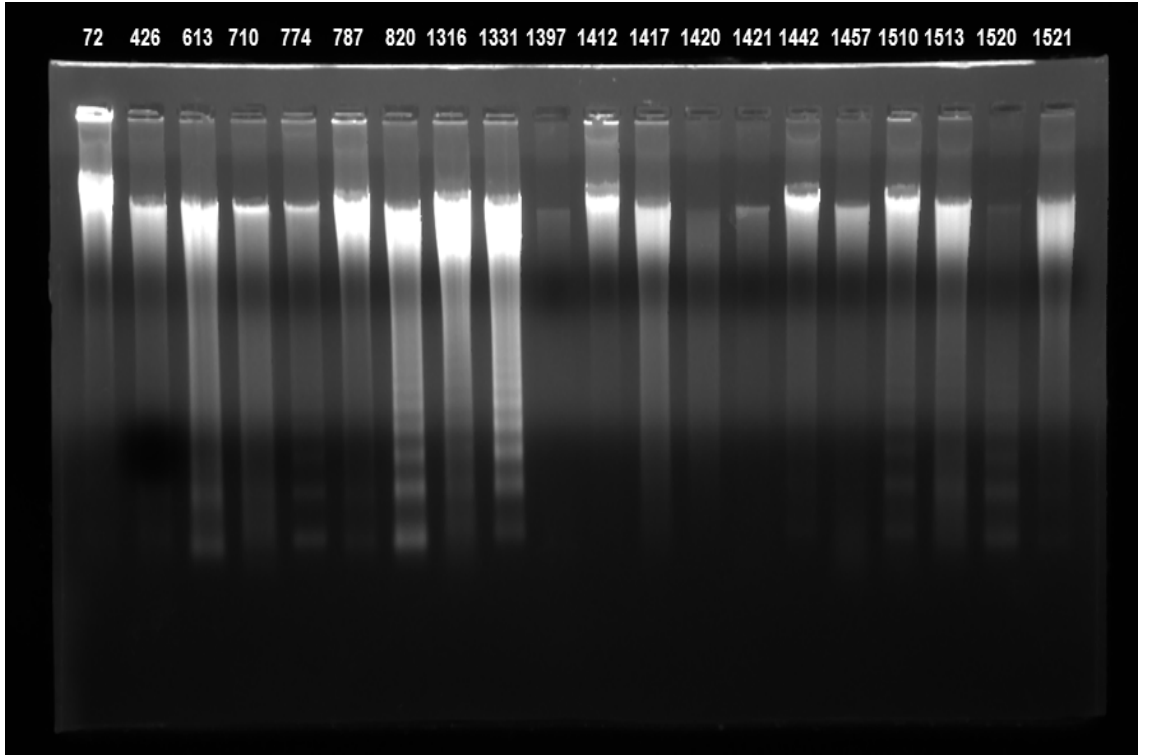
BULGULAR

3.1. Türkiye Mustelidlerinin Mitokondriyal ve Nüklear DNA Dizi Analizleri

Mitokondriyal ve nüklear DNA dizi analizleri için gerekli total DNA, mustelid örneklerine ait dokulardan elde edilmiştir. Total DNA'lar kullanılarak hedeflenen gen bölgelerinin (mitokondriyal sitokrom *b* ve nüklear GHR), PCR ile çoğaltılması işlemi yapılmıştır.

3.1.1. Total DNA Elde Edilmesi

Mustelidae familyasına ait örneklerin dokularından elde edilen total DNA'lar, % 1'lik agaroz jelde yürütüldü ve UV altında görüntülenmiştir (Şekil 3.1).



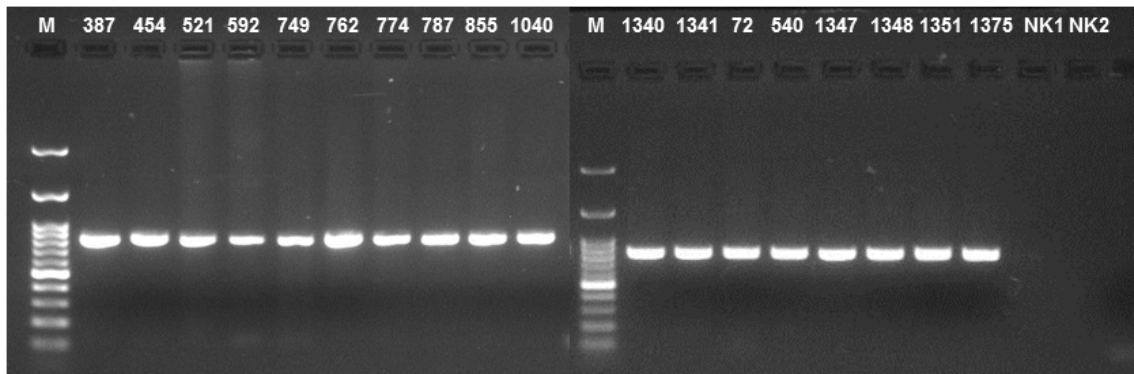
Şekil 3.1. Bazı mustelid örneklerine ait Total DNA'ların agaroz jel görüntüsü

3.1.2. Hedeflenen Gen Bölgelerinin PCR ile Çoğaltılması

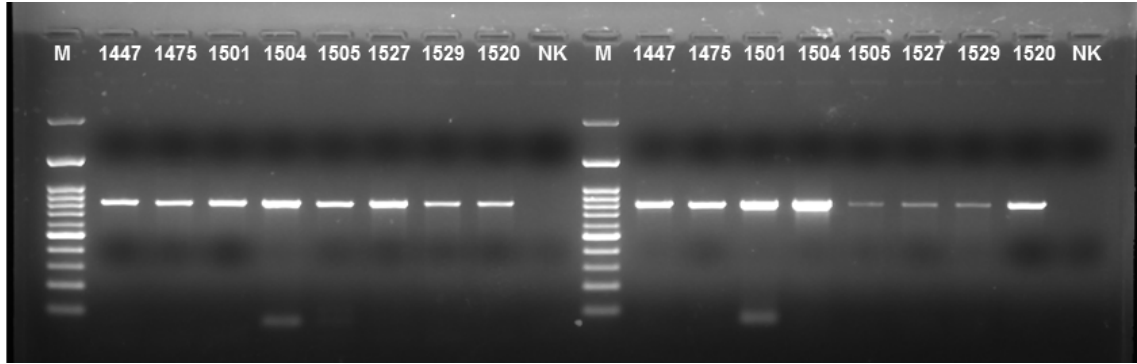
Elde edilen total DNA'lar, mitokondriyal (Cyt *b*) ve nüklear gen (GHR) bölgelerinin spesifik primer çiftleri ile çoğaltılması için kaynak olarak kullanılmıştır. Elde edilen PCR ürünlerinin kalitesi ve büyüklüğünü kontrol etmek amacıyla PCR ürünleri agaroz jelde yürütülerek jel fotoğrafları elde edilmiştir.

3.1.2.1. Mitokondriyal Sitokrom *b* Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması

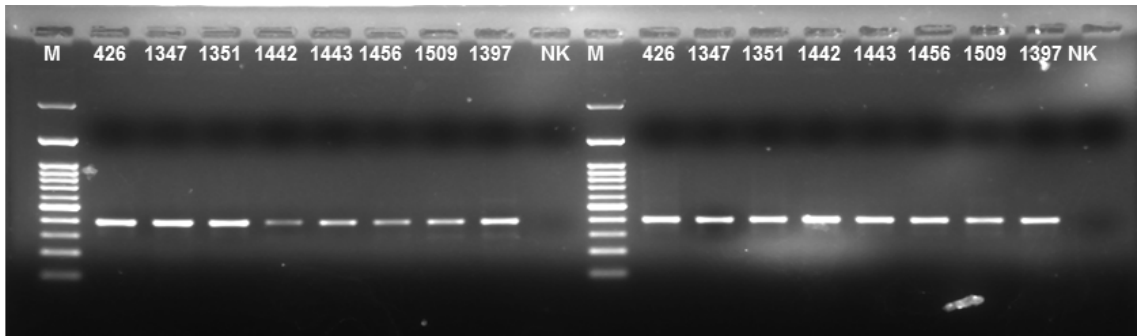
Mitokondriyal sitokrom *b* (Cyt *b*) gen bölgesinin tamamı (1.140 bp) spesifik primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltıldı (Şekil 3.2-4). Çoğaltılan gen bölgelerinin hedeflenen gen bölgesi olması ve yanlışlıkla pseudogenlerin çoğaltılmaması için literatürde mevcut ve aynı organizmalar için çeşitli çalışmalarda kullanılmış olan spesifik primer çiftleri seçildi. Ayrıca seçilen spesifik primerler çiftleri ile çoğaltılan parçaların beklenen büyüklükte olup olmadığı agaroz jel elektroforezi ile kontrol edildi. Jelde istenilen büyüklükte bantın olup olmadığı ve spesifik olmayan bantların varlığı kontrol edildi. Dizi analizinden gelen sonuçlar incelenerek içerisinde herhangi bir dur kodonunun olup olmadığı ve uygun baz dizisi ile başlayıp başlamadığı kontrol edildi. Elde edilen dizi analiz sonuçlarında kromatogramların kalitesi incelenerek üst üste çakışan piklerin olup olmadığı kontrol edildi. Ayrıca Gen Bankası'nda BLAST analizi yapılarak türlere ait diğer örnek dizileriyle karşılaştırılarak benzer olup olmadığı kontrol edildi. Pseudogenlerde G oranı beklenenden daha yüksek olduğu için elde edilen dizi sonuçlarının Guanin oranları ile literatürdeki değerler karşılaştırılarak pseudogenden ziyade hedeflenen gen bölgesinin çoğaltıldığı tespit edildi.



Şekil 3.2 Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom *b* geni için L14724-H15494 ve L15162-H15915 primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü (M: DNA ladder; NK1: L14724-H15494 için negatif kontrol; NK2: L15162-H15915 için negatif kontrol; 72, 540, 1348, 1375 *V. peregusna*, 1347, 1351 *M. nivalis*; diğerleri *M. foina*)



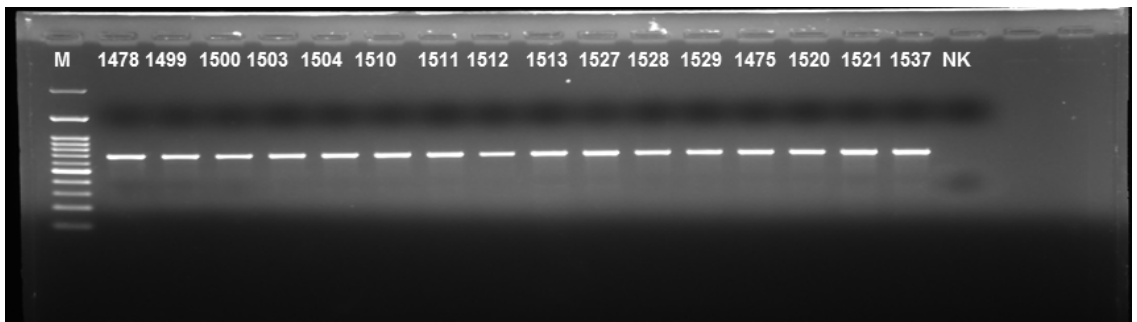
Şekil 3.3. Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom *b* geni için L14724-H15494 ve L15162-H15915 primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü (M: DNA ladder; NK: negatif kontrol; 1520 *L. lutra*; diğerleri *M. foinea*)



Şekil 3.4. Bazı mustelid örneklerine ait sitokrom *b* geninin ilk 700 bp'lık kısmı için L14727SP-MuNiv1R ve MuNiv2F-MuNiv2R primerleri kullanılarak oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü (M: DNA ladder; NK: negatif kontrol; 1397 *M. putorius*; diğerleri *M. nivalis*)

3.1.2.2. Nükleer GHR Gen Bölgesinin PCR ile Çoğaltılması

Tüm mustelid örnekleri için nükleer GHR (Growth Hormone Receptor) geninin intron 9 bölgesinin yaklaşık 630 baz çifti uzunluğundaki kısmı GHR-F ve GHR-R spesifik primer çifti kullanılarak çoğaltılmıştır (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. Bazı mustelid örneklerine ait GHR geni için oluşturulan PCR ürünlerinin agaroz jel elektroforez görüntüsü (M: DNA ladder; NK: negatif kontrol; 1475 *V. peregusna*; 1520 *L. lutra*; 1521-1537 *Meles*; diğerleri *M. foinea*)

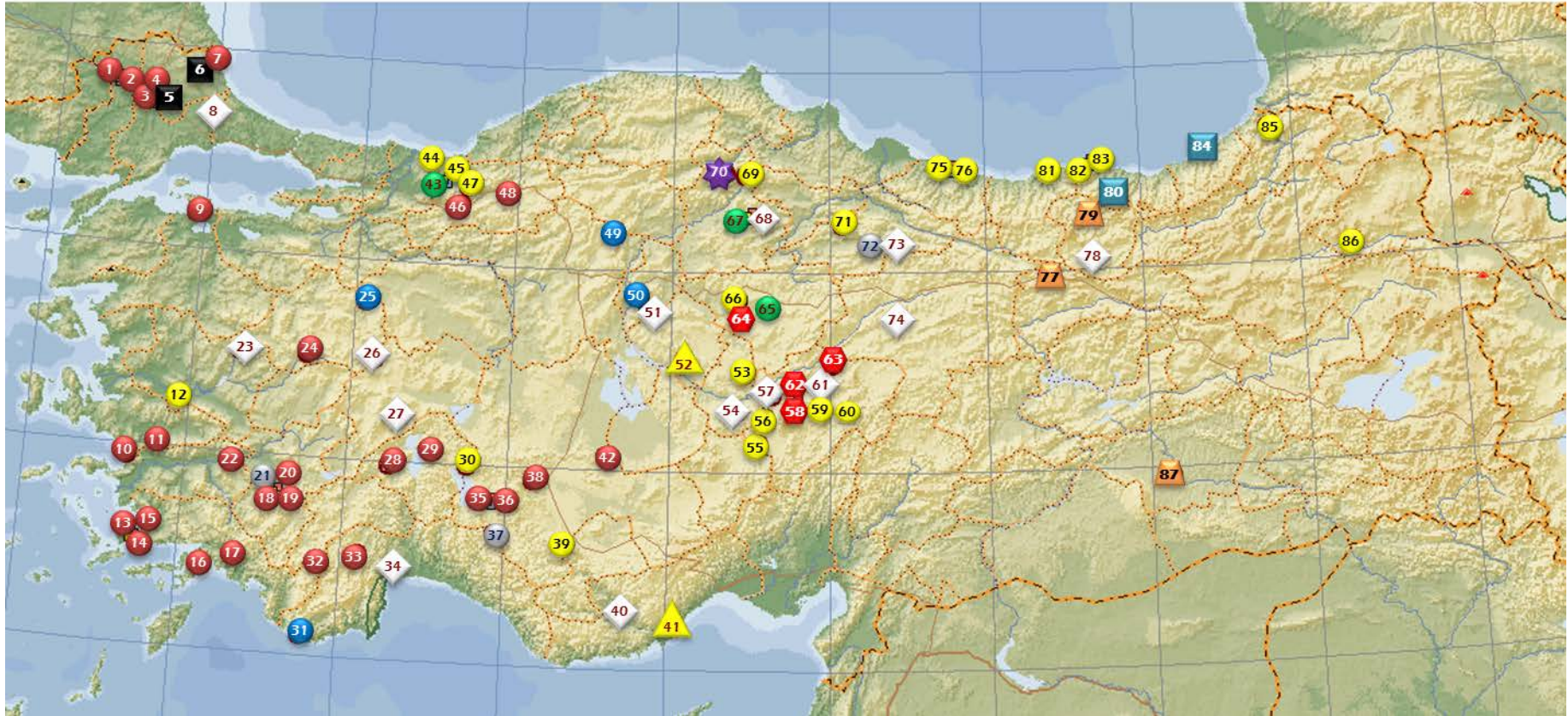
3.2. Türkiye Mustelidlerinde Mitokondriyal Sitokrom *b* Gen Bölgesinin Genetik Analizi

3.2.1. *Martes* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom *b* Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Bu çalışmada Türkiye'nin değişik lokalitelerinden (Şekil 2.1, Tablo 2.1) toplanan *Martes* cinsine ait 87 örnekten 86'sının mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin tamamı (1.140 bp) spesifik primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Çorum'dan elde edilen bir örneğin mitokondriyal sitokrom *b* gen gölgesi, PCR ile çoğaltılamadı. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesine ait diziler, Geneious bilgisayar programına [179] aktararak program üzerinden Gen Bankası'ndaki (NCBI) veri tabanında her bir dizinin BLAST analizi yapılmıştır. BLAST analizi sonucunda elde edilen 86 sitokrom *b* dizisinin *Martes foina* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışmada yapılan analiz sonucunda Türkiye'den elde edilen *Martes* cinsine ait örnekler arasında *Martes martes* türüne ait örneklerle rastlanılmamıştır.

Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanmış ve yapılan analiz sonucunda *Martes foina* türüne ait olduğu belirlenen 86 örneğin sitokrom *b* dizisinin DnaSP [197] programı ile analizi sonucunda 24 adet haplotip tespit edildi (Tablo 3.1).

Türkiye'de yayılış gösteren *Martes foina*'ya ait haplotipler arasında en yaygın haplotip, 28 örnekte tespit edilen MFOTR1 (% 32.56) ve ikinci en yaygın haplotipin 21 örnek ile MFOTR2 (% 24.42) olduğu tespit edildi. Bunu 4 örnek ile (% 4.65) MFOTR3 ve MFOTR4 haplotipleri, 3 örnek ile (% 3.48) MFOTR5, MFOTR6 ve MFOTR8 haplotipleri, 2 örnek ile (% 2.32) MFOTR7, MFOTR9 ve MFOTR10 haplotipleri takip etmektedir. Geriye kalan 14 haplotip ise (% 16.28) bir örnekte tespit edildi. Elde edilen haplotiplerin Türkiye'deki lokalitelere göre dağılımları incelendiğinde MFOTR1 haplotipi, Trakya, Ege, Akdeniz ve Marmara bölgelerinde, MFOTR2 haplotipinin ise İç Anadolu, Doğu Karadeniz ve Marmara bölgelerinde yaygın olarak bulunduğu gözlemlendi (Şekil 3.6 ve Tablo 3.1).



Şekil 3.6. Türkiye’de yayılış gösteren *Martes foina* türüne ait 86 örnekte tespit edilen 24 haplotipin dağılımı (● =MFOTR1, ● =MFOTR2, ● =MFOTR3, ● =MFOTR4, ● =MFOTR5, ● =MFOTR6, ■ =MFOTR7, ▲ =MFOTR8, ■ =MFOTR9, ▲ =MFOTR10, ◆ = tek bir örnekte görülen haplotipler (MFOTR11-MFOTR24), ★ =Cyt b dizisi elde edilemeyen 1316’lı örnek).

Tablo 3.1. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda *Martes foina* türüne ait örneklerde belirlenen haplotipler

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / 38	MFOTR1	521	Gürağaç güney sınırı / KONYA	37° 15'093" N 32° 41'328" E 1215m
2 / 48	MFOTR1	592	Baltalı yol sapağı / BOLU	40° 44'522" N 31° 50'421" E 905m
3 / 3	MFOTR1	1223	Sofu Halil Köyü / Babaeski/KIRKLARELİ	41° 25'336" N 27° 08'495" E 40m
4 / 35	MFOTR1	1322	Beyşehir / KONYA	37° 40' 50" N 31° 43' 24" E 1150m
5 / 4	MFOTR1	1324	Babaeski / KIRKLARELİ	41° 26' 14" N 27° 06' 02" E 180 m
6 / 29	MFOTR1	1327	Gelendost / ISPARTA	38° 08' 20" N 30° 59' 52" E 950 m
7 / 28	MFOTR1	1328	Gönen / ISPARTA	37° 57' 14" N 30° 31' 09" E 1030 m
8 / 13	MFOTR1	1329	Turgutreis / MUĞLA	37° 03' 41" N 27° 30' 33" E 100m
9 / 16	MFOTR1	1331	Marmaris / MUĞLA	36° 51' 20" N 28° 14' 57" E 100 m
10 / 42	MFOTR1	1333	Kızılören / KONYA	38° 08' 55" N 33° 12' 00" E 1500m
11 / 9	MFOTR1	1363	Edincik / Bandırma / BALIKESİR	41° 21' 23" N 27° 52' 07" E 180 m
12 / 22	MFOTR1	1384	Çobanisa / Kuyucak / AYDIN	37° 54'146" N 28° 31'093" E 94m
13 / 11	MFOTR1	1386	Çayırılı / Tire / İZMİR	38° 04'055" N 27° 38'022" E 82m
14 / 18	MFOTR1	1400	Tekkeköy / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 564" N 29° 10' 010" E 1127m
15 / 19	MFOTR1	1401	Tekkeköy / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 564" N 29° 10' 010" E 1127m
16 / 20	MFOTR1	1402	Akyar / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 301" N 29° 08' 042" E 1066m
17 / 10	MFOTR1	1407	Kuşadası / AYDIN	37° 54' 234" N 27° 16' 243" E 40m
18 / 36	MFOTR1	1433	Tol / Seydişehir / KONYA	37° 35' 27,9" N 31° 54' 04,1" E 1140m
19 / 1	MFOTR1	1447	Havsa / EDİRNE	41° 33' 46" N 26° 48' 00" E 110 m
20 / 7	MFOTR1	1465	İğneada / Demirköy / KIRKLARELİ	41° 52' 31,0" N 27° 57' 41,4" E 24 m
21 / 2	MFOTR1	1466	2 km D. EDİRNE	41° 40' 17" N 26° 34' 40" E 60 m
22 / 14	MFOTR1	1499	Bodrum / MUĞLA	37° 03' 33" N 27° 22' 42" E 100 m
23 / 15	MFOTR1	1500	Bodrum / MUĞLA	37° 03' 33" N 27° 22' 42" E 100 m
24 / 17	MFOTR1	1501	Sarayyanı / Köyceğiz / MUĞLA	36° 58' 14" N 28° 41' 45" E 30 m
25 / 32	MFOTR1	1502	Küçükklü / Korkuteli / ANTALYA	36° 57' 11" N 29° 45' 37" E 1390 m
26 / 33	MFOTR1	1503	Korkuteli / ANTALYA	37° 04' 25" N 30° 12' 16" E 1000 m
27 / 46	MFOTR1	1511	Abant / BOLU	40° 36' 23" N 31° 16' 41" E 1330 m
28 / 24	MFOTR1	1512	Gediz / KÜTAHYA	39° 00' 27" N 29° 24' 15" E 765 m

Tablo 3.1.'in devamı.

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / 59	MFOTR2	749	ERÜ. Kampüsü / KAYSERİ	38° 41' 28" N 35° 33' 32" E m
2 / 71	MFOTR2	774	Özfındıklı / Turhal / TOKAT	40° 29' 420" N 36° 09' 122" E 633m
3 / 53	MFOTR2	1136	Çallıgedik Geçidi / Çalış / NEVŞEHİR	38° 58' 846" N 34° 54' 890" E 1316m
4 / 75	MFOTR2	1255	Yalıköy / ORDU	41° 02' 706" N 37° 36' 305" E 70m
5 / 82	MFOTR2	1256	Kirazlık/ Vakfıkebir/ TRABZON	41° 03' 158" N 39° 17' 800" E 4m
6 / 83	MFOTR2	1258	Çarşıbaşı / TRABZON	41° 04' 414" N 39° 21' 311" E 4m
7 / 85	MFOTR2	1272	Borçka / ARTVİN	41° 21' 530" N 41° 40' 440" E 135m
8 / 60	MFOTR2	1314	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m
9 / 76	MFOTR2	1340	Fatsa / ORDU	41° 02' 07" N 37° 30' 00" E 10 m
10 / 30	MFOTR2	1399	Fele / Şarkikaraağaç / ISPARTA	37° 58' 418" N 31° 29' 194" E 1214m
11 / 12	MFOTR2	1411	Karaköy / Turgutlu / MANİSA	38° 30' 223" N 27° 53' 191" E 130m
12 / 45	MFOTR2	1422	Kaynaşlı / DÜZCE	40° 46' 50" N 31° 20' 17" E 320 m
13 / 66	MFOTR2	1427	Büyükincirli / YOZGAT	39° 41' 29" N 34° 51' 23" E 1130 m
14 / 55	MFOTR2	1429	Yeşilhisar / KAYSERİ	38° 17' 37,5" N 35° 06' 04,2" E 1133m
15 / 86	MFOTR2	1464	Karakurt / KARS	40° 10' 11,7" N 42° 41' 21,5" E 1401m
16 / 56	MFOTR2	1471	9 Km. güney-İncesu / KAYSERİ	38° 34' 00" N 35° 11' 00" E 1150 m
17 / 39	MFOTR2	1478	Palantepe, Mut / MERSİN	36° 37' 20" N 37° 27' 20" E 275 m
18 / 44	MFOTR2	1510	DÜZCE	40° 50' 43" N 31° 09' 31" E 150 m
19 / 47	MFOTR2	1513	Efteni / DÜZCE	40° 47' 33" N 31° 03' 51" E 120 m
20 / 69	MFOTR2	1528	Hacıhasan / Osmançık / ÇORUM	40° 58' 06" N 34° 54' 08" E 700 m
21 / 81	MFOTR2	1529	Tirebolu / GİRESUN	41° 00' 00" N 38° 49' 16" E 10 m
1 / 49	MFOTR3	387	Kutluşar Köyü / Sabanözü / ÇANKIRI	30° 24' 15" N 33° 15' 30" E 989m
2 / 31	MFOTR3	1250	Kaş / ANTALYA	36° 12' 745" N 29° 32' 684" E 66m
3 / 50	MFOTR3	1365	Keskin / KIRIKKALE	39° 41' 36" N 33° 38' 18" E 1140 m
4 / 25	MFOTR3	1412	KÜTAHYA (Kütahya – Eskişehir il sınırı)	39° 35' 055" N 30° 07' 454" E 917m
1 / 58	MFOTR4	454	Harman Mh. / Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m
2 / 64	MFOTR4	787	Gökçekışla / YOZGAT	39° 40' 998" N 34° 52' 527" E 1112m
3 / 63	MFOTR4	1317	Sarıoğlu / KAYSERİ	39° 02' 713" N 35° 58' 142" E 1147m
4 / 62	MFOTR4	1428	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m

Tablo 3.1.'in devamı.

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / 43	MFOTR5	613	Yakabaşı / Gümüşova / DÜZCE	40° 51' 277" N 30° 59' 284" E 124m
2 / 65	MFOTR5	819	Karaveli /Sorgun / YOZGAT	39° 37' 667" N 35° 14' 175" E 1094m
3 / 67	MFOTR5	820	ÇORUM	40° 34' 589" N 35° 01' 078" E 989m
1 / 72	MFOTR6	762	Kızıl iniş (Tokat'a 8 km) / TOKAT	40° 14' 327" N 36° 32' 601" E 860m
2 / 37	MFOTR6	1121	Seydişehir / KONYA	37° 20' 407" N 31° 52' 924" E 1173m
3 / 21	MFOTR6	1403	Akyar / Tavas / DENİZLİ	37° 36' 301" N 29° 08' 042" E 1066m
1 / 6	MFOTR7	1315	Demirköy / İğneada / KIRKLARELİ	41° 50' 03" N 27° 50' 38" E 250 m
2 / 5	MFOTR7	1504	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m
1 / 77	MFOTR8	1040	4 km B. Refahiye / ERZİNCAN	39° 56' 186" N 38° 44' 093" E 1540
2 / 79	MFOTR8	1065	Torul / GÜMÜŞHANE	40° 32' 709" N 39° 19' 422" E 959m
3 / 87	MFOTR8	1505	Dicle Üni. Memeli Hayv. Koleksiyonu	
1 / 84	MFOTR9	855	RİZE	41° 09' 419" N 40° 47' 837" E 7m
2 / 80	MFOTR9	1444	Maçka / TRABZON	40° 48' 14" N 39° 36' 14" E 360 m
1 / 52	MFOTR10	1366	KIRŞEHİR (Merkez)	39° 08' 26" N 34° 09' 41" E 1000m
2 / 41	MFOTR10	1376	Altınapa barajı / KONYA	37° 52' 949" N 32° 16' 289" E 1298m
1 / 68	MFOTR11	1338	ÇORUM	40° 32' 18" N 34° 56' 53" E 800 m
1 / 23	MFOTR12	1390	Demirci / MANİSA	38° 59' 380" N 28° 34' 671" E 547m
1 / 27	MFOTR13	1393	Kazık köyü / Atlıhisar / AFYONKARAHİSAR	38° 27' 488" N 30° 38' 074" E 1111m
1 / 26	MFOTR14	1395	Osmanköy / İhsaniye / AFYONKARAHİSAR	39° 00' 231" N 30° 16' 820" E 1065m
1 / 51	MFOTR15	1414	Keskin / KIRIKKALE	39° 40' 268" N 33° 36' 113" E 1120m
1 / 40	MFOTR16	1430	Narlıkuyu / Erdemli / MERSİN	36° 26' 06,6" N 34° 06' 07,0" E 40 m
1 / 78	MFOTR17	1071	Gümüşgöze / Kelkit / GÜMÜŞHANE	40° 07' 555" N 39° 20' 995" E 1371m
1 / 34	MFOTR18	1120	Düzlerçamı / ANTALYA	36° 58' 271" N 30° 5' 131" E 301m
1 / 74	MFOTR19	1253	SİVAS	39° 30' 748" N 36° 51' 022" E 1386m
1 / 73	MFOTR20	1341	TOKAT	40° 19' 38" N 36° 32' 50" E 690 m
1 / 61	MFOTR21	1364	Talas / KAYSERİ	38° 41' 34" N 35° 34' 38" E 1241m
1 / 57	MFOTR22	1416	Süksün / KAYSERİ	38° 46' 24" N 35° 16' 11" E 1050m
1 / 8	MFOTR23	1467	Büyük Yoncalı köyü Çerkezköy/Tekirdağ	41° 21' 26" N 27° 51' 56" E 150 m
1 / 54	MFOTR24	1527	Ortahisar / NEVŞEHİR	38° 36' 53,2" N 34° 49' 82,6" E 1325m

M. foina türünün Türkiye örnekleri için tespit edilen haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 0.8326, haplotip çeşitliliğinin varyansı (variance of haplotype diversity) 0.00087 ve haplotip çeşitliliğinin standart sapması (standard deviation of haplotype diversity) 0.030, nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, π , π) ise 0.00201 olarak hesaplanmıştır.

Tüm *M. foina* örneklerinin 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* dizilerinden oluşan veri setine MEGA5 [199] programı ile yaygın olarak kullanılan nötralite testlerinden olan Tajima'nın Nötralite Testi (Tajima's Neutrality Test) [207] uygulanmıştır (Tablo 3.2). Elde edilen tablo üzerinde "**m**" dizi sayısı, "**S**" segresyona uğrayan pozisyon sayısı, "**p_s**" S/m , "**Θ**" p_s/a_1 , "**π**" nükleotid çeşitliliği, "**D**" Tajima Test istatistiği değerlerini vermektedir.

Tespit edilen haplotipler ile oluşturulan 1.140 baz çifti uzunluğundaki veri setinin analizi sonucunda 1.112 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik bölge) tespit edilirken (% 97.54), 28 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiş (% 2.46) ve delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. Bu pozisyonlardan 6 tanesi (72, 81, 574, 693, 714, 1059. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içeren bölge (% 25), 22 tanesi (54, 98, 114, 177, 282, 301, 345, 355, 364, 372, 444, 528, 591, 686, 721, 722, 748, 786, 788, 855, 867, 930. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içermeyen bölgelerdir (% 75). Bu veri setinin baz kompozisyonu A: % 27.7, C: % 30.9, G: % 14.4, T(U): 27.0 şeklinde tespit edilmiştir. Tespit edilen değerlerde % olarak G oranının düşük olması, elde edilen baz dizilerinin pseudogenden ziyade fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemektedir. Örneklere ilişkin DNA dizileri A-T'ce nispeten zengin olup (% 54.7), G-C oranı daha azdır (% 45.3).

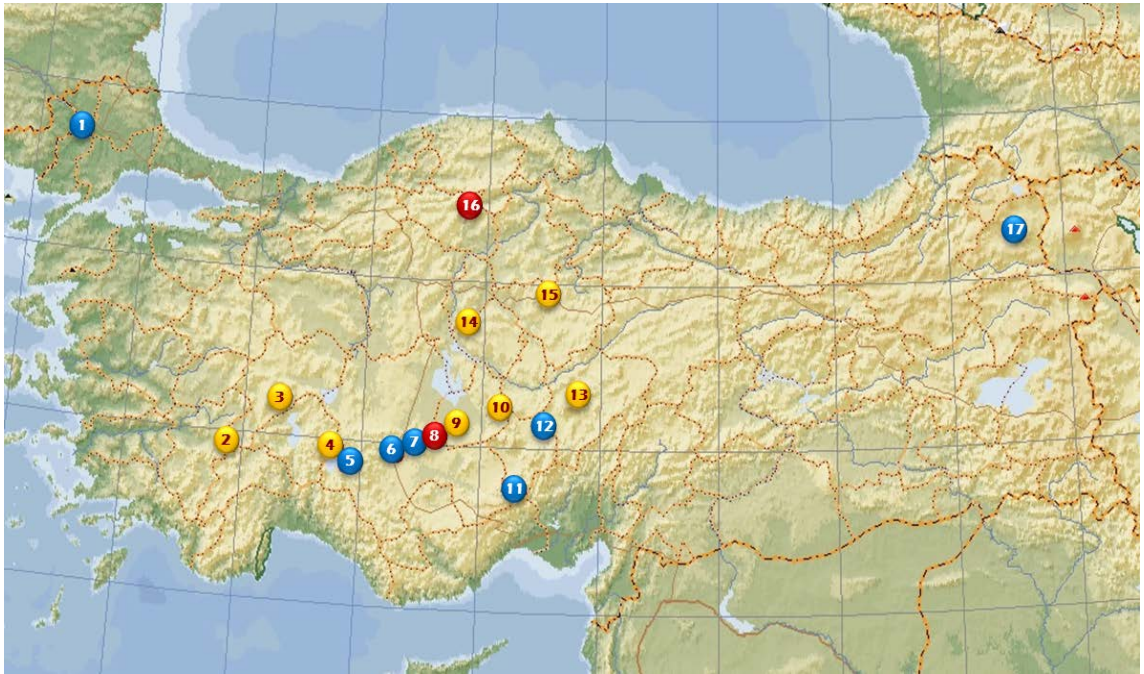
Tablo 3.2. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
86	28	0.024561	0.004887	0.002010	-1.810035

3.2.2. *Vormela* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom *b* Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye'nin 17 değişik lokalitesinden toplanan *Vormela* cinsine ait 17 örneğin mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin tamamı (1.140 bç), spesifik primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltıldı. Elde edilen sitokrom *b* gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizinin BLAST analizi sonucunda her bir sitokrom *b* dizisinin *Vormela peregusna* türüne ait olduğu görülmüştür.

V. peregusna türüne ait sitokrom *b* dizilerini içeren veri setinin DnaSP [197] programı ile analizi sonucunda dokuz adet sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir (Tablo 3.3). *V. peregusna* haplotiplerinin en yaygın sekiz örnek ile VPETR1 (% 47.06) ve ikinci en yaygın haplotipin iki örnek ile VPETR2 (% 11.76) olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan yedi haplotiplerin hepsi ise (% 41.18) birer örnekte görülmüştür. En yaygın haplotip olan VPETR1, Doğu Ege ve İç Anadolu Bölgeleri'nde yaygındır (Şekil 3.7, Tablo 3.3).



Şekil 3.7. Türkiye’de yayılış gösteren *Vormela peregusna* türüne ait 17 örnekte tespit edilen 9 haplotipin dağılımı (●=VPETR1, ●=VPETR2, ●=tek bir örnekte görülen haplotipler (VPETR3-TR9)).

Tablo 3.3. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda *Vormela peregusna* örneklerinde belirlenen haplotipler

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / 13	VPETR1	72	ERÜ Kampüsü / KAYSERİ	38° 4' 39" N 35° 34' 16" E 1070 m
2 / 2	VPETR1	1348	Dazkırı / AFYONKARAHİSAR	37° 52' 26" N 29° 46' 43" E 1025m
3 / 10	VPETR1	1372	Saratlı kasabası / AKSARAY	38° 28' 321" N 34° 12' 984" E 1188m
4 / 9	VPETR1	1374	Kızören / KONYA	38° 08' 621" N 33° 11' 152" E 1024m
5 / 3	VPETR1	1392	Anayurt / Şuhut / AFYONKARAHİSAR	38° 27' 963" N 30° 34' 674" E 1132m
6 / 4	VPETR1	1398	Kireli / Hüyük / KONYA	37° 53' 461" N 31° 33' 105" E 1157m
7 / 14	VPETR1	1415	Hamit / Akpınar / KIRŞEHİR	39° 31' 181" N 33° 45' 544" E 900m
8 / 15	VPETR1	1423	Ağcın / Sorgun / YOZGAT	39° 53' 00" N 35° 05' 00" E 1220m
1 / 16	VPETR2	540	İlgaz / ÇANKIRI	40° 52' 367" N 33° 38' 172" E 1259m
2 / 8	VPETR2	1373	Yenice / KONYA	38° 10' 441" N 33° 17' 232" E 1004m
1 / 7	VPETR3	1375	Zincirli / KONYA	38° 01' 745" N 32° 53' 018" E 1010m
1 / 5	VPETR4	1378	Bayındır / Beyşehir / KONYA	37° 43' 926" N 31° 46' 635" E 1187m
1 / 17	VPETR5	1463	Sanayi çıkışı / KARS	40° 33' 30" N 43° 04' 32" E 1780 m
1 / 11	VPETR6	1475	6 Km. batı-Ulukışla / NİĞDE	37° 32' 26" N 34° 30' 30" E 1500 m
1 / 1	VPETR7	1461	Azatlı / Havsa / EDİRNE	41° 29' 00" N 26° 41' 00" E 120 m
1 / 12	VPETR8	710	Yeşilhisar / KAYSERİ	39° 13' 261" N 35° 01' 867" E 1362m
1 / 6	VPETR9	1371	KONYA (Girişi)	37° 52' 21" N 32° 35' 09" E 1005 m

V. peregusna türüne ait Türkiye örneklerinin haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 0.7868, haplotip çeşitliliğinin varyansı (variance of haplotype diversity) 0.01022 ve haplotip çeşitliliğinin standart sapması (standard deviation of haplotype diversity) 0.101 olarak, nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) ise 0.00273 olarak hesaplanmıştır.

V. peregusna türüne ait Türkiye örneklerinin 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* dizilerinden oluşan veri setine MEGA5 [199] programı ile Tajima'nın Nötralite Testi (Tajima's Neutrality Test) [207] uygulanmıştır (Tablo 3.4).

Tablo 3.4. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
17	13	0.011404	0.003373	0.002735	-0.717158

Tespit edilen haplotiplerden (1.140 bç) oluşturulan veri setinin analizi sonucunda 1.127 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik bölge) tespit edilirken (% 98.8596), 13 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) belirlenmiştir (% 1.1404). Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. Varyasyon gösteren bölgelerden beş tanesi (327, 456, 636, 711 ve 909. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içeren bölge (% 38.46), 8 tanesi (45, 348, 349, 492, 577, 710, 819 ve 954. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içermeyen bölgelerdir (% 61.54). Baz kompozisyonu A: % 30.8, C: % 30.0, G: % 12.0, T(U): 27.2 şeklinde tespit edilmiştir. Elde edilen değerlerde yüzde olarak G oranının düşük olması üretilen baz dizilerinin pseudogenden ziyade fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemektedir. Örneklere ilişkin DNA dizileri A-T'ce (% 58.0) nispeten zengin olup, G-C (% 42.0) oranı daha azdır.

3.2.3. *Meles Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom b Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi*

Türkiye'de yayılış gösteren *Meles* cinsine ait değişik lokalitelerden elde edilen sekiz (2'si Trakya, 6'sı Anadolu Bölgesi'nden) örneğin mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin tamamı (1.140 bç), PCR ile çoğaltılmıştır. Tespit edilen sitokrom *b* gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi sonucunda Türkiye'nin Trakya kısmından elde edilen *Meles* cinsine ait iki örneğin sitokrom *b* dizilerinin *M. meles* türüne ait olduğu görülmüştür. Türkiye'nin Anadolu kısmından elde edilen *Meles* cinsine ait altı örneğin sitokrom *b* dizilerinin ise *M. canescens* türüne ait olduğu tespit edilmiştir.

Türkiye'den elde edilen *Meles* cinsine ait sekiz örneğin sitokrom *b* gen bölgesi dizilerinden oluşan veri setinin DnaSP [197] programı ile analizi sonucunda beş adet haplotip tespit edilmiş olup bu haplotiplerden biri, Türkiye'nin Trakya bölgesinde yayılış gösteren *M. meles* türüne (2 örnek) ve geri kalan dört haplotipin ise Anadolu bölgesinde (6 örnek) yayılış gösteren *M. canescens* türüne ait olduğu görülmüştür (Şekil 3.8, Tablo 3.5). Türkiye'nin Anadolu Bölgesi'nden elde edilen altı örnek içerisinde en

yaygın görülen haplotipler iki örnekte görülmesi ile (% 33.33) MECATR2 (Adana ve Iğdır) ve MECATR3 (Kars) haplotipleridir. MECATR1 (Ankara) ve MECATR4 (Diyarbakır) haplotipleri yalnızca bir örnekte (% 16.66) tespit edilmiştir.



Şekil 3.8. Türkiye’de yayılış gösteren *Meles* cinsine ait 8 örnekte tespit edilen 5 haplotipin dağılımı (■=MEMETR1 (*Meles meles*), ●=MECATR1, ●=MECATR2, ●=MECATR3, ●=MECATR4)

Tablo 3.5. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda *Meles* cinsine ait örneklerde belirlenen haplotipler

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / M8	MECATR1	1537	Çandır / Kalecik / ANKARA	40° 15' 33" N 33° 28' 02" E 860m
1 / M3	MECATR2	1349	Feke / ADANA	37° 52' 16" N 35° 55' 30" E 1100 m
2 / M7	MECATR2	1521	Tuzluca / IĞDIR (D-070 karayolu)	40° 07' 27,28" N 43°37' 46,30"E 962m
1 / M5	MECATR3	1420	Karakurt / KARS	40° 05' 18" N 42° 31' 52" E 1550 m
2 / M6	MECATR3	1519	Koyun yurdu / Selim / KARS	40° 25' 23,09" N 42°55' 49,4"E 1887m
1 / M4	MECATR4	1508	Dicle Üni. Memeli Hayv. Koleksiyonu	
1 / M1	MEMETR1	1405	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m
4 / M2	MEMETR1	1421	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 38" N 27° 14' 14" E 80 m

DnaSP [197] program ile *Meles* cinsinin iki türüne ait tüm haplotiplerden oluşan veri seti için haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 0.8929, haplotip çeşitliliğinin varyansı (variance of haplotype diversity) 0.00736 ve haplotip çeşitliliğinin standart

sapması (standard deviation of haplotype diversity) 0.086 olarak bulunmuş nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) 0.02281 şeklinde hesaplanmıştır.

Meles cinsinin *M. canescens* türüne ait örnekleri içeren veri setinde haplotip çeşitliliği 0.8667, haplotip çeşitliliğinin varyansı 0.01667 ve haplotip çeşitliliğinin standart sapması 0.129 olarak bulunmuş, nükleotid çeşitliliği (P_i , π), 0.00211 şeklinde hesaplanmıştır. *M. meles* türü ait iki örneğin tek haplotipe sahip olmasından dolayı hesaplama yapılamamıştır.

Tüm *Meles* cinsinin 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* haplotiplerden oluşan veri setine MEGA5 [199] programı ile Tajima'nın Nötralite Testi (Tajima's Neutrality Test) uygulanmıştır (Tablo 3.6).

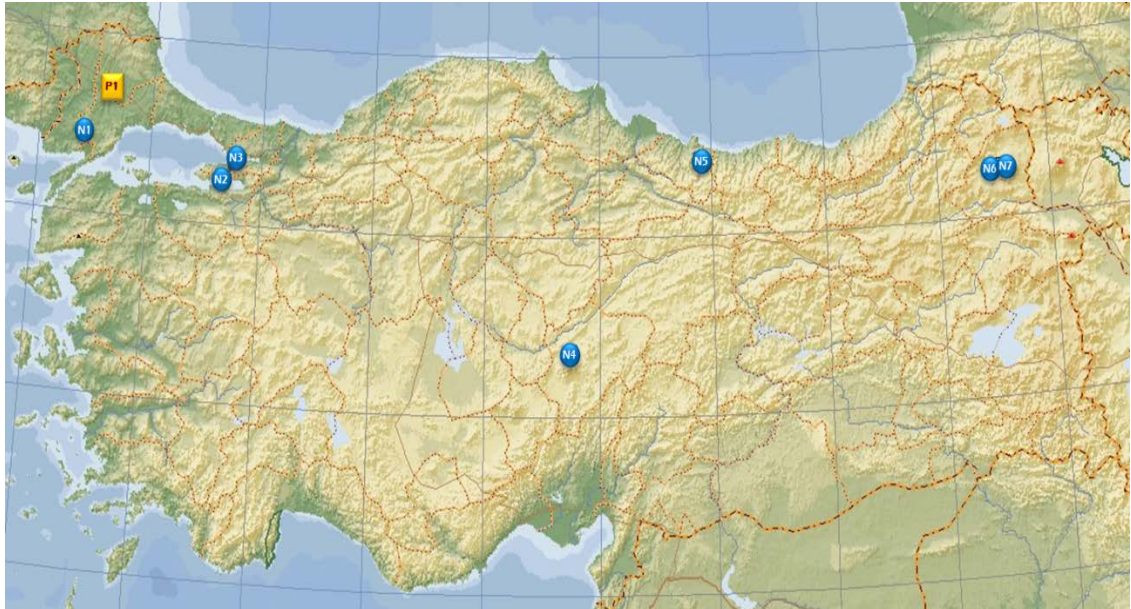
Tablo 3.6. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
8	61	0.053509	0.020637	0.022807	0.568067

Elde edilen 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* haplotiplerden oluşan veri setinin analizi sonucunda 1.079 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik bölge) tespit edilirken (% 94.6491), 61 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiştir (% 5.3509). Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. Bu veri setinin baz kompozisyonu A: % 30.3, C: % 28.5, G: % 12.6, T(U): 28.6 şeklinde tespit edilmiştir. *M. canescens* türüne ait örnekleri içeren veri seti kendi içinde değerlendirildiğinde 1.134 nükleotid pozisyonunda benzerlik tespit edilirken (% 99.47), 6 nükleotid pozisyonunda varyasyon gözlenmiştir (% 0.63). Bu veri setinin baz kompozisyonu A: % 30.4, C: % 28.5, G: % 12.5, T(U): 28.6 şeklinde tespit edilmiştir. *M. meles* türüne ait iki örneği içeren veri setinin baz kompozisyonu A: % 30.2, C: % 28.2, G: % 12.9, T(U): 28.7 şeklinde hesaplanmıştır. Elde edilen değerlerde yüzdesel olarak G oranının düşük olması üretilen baz dizilerinin pseudogenden ziyade fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemiştir. Örneklere ilişkin DNA dizileri A-T'ce nispeten zengin olup, G-C oranı daha azdır.

3.2.4. *Mustela* Cinsine Ait Örneklerinden Elde Edilen Sitokrom *b* Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye’deki sekiz lokaliteden toplanan *Mustela* cinsine ait yedi örneğin (6 *Mustela nivalis*, 1 *Mustela putorius*) mitokondriyal sitokrom *b* gen gölgesinin tamamı (1.140 bç), spesifik primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Kayseri’den bir örneğin mitokondriyal sitokrom *b* gen gölgesi, PCR ile çoğaltılamamıştır. Elde edilen sitokrom *b* gen bölgesi dizileri, Geneious programına [179] aktarılarak program üzerinden NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi yapıldı. BLAST analizi sonucunda Türkiye’nin Trakya kısmında Kırklareli’den elde edilen bir örneğin sitokrom *b* dizisinin *M. putorius* türüne, Türkiye’nin Trakya ve Anadolu kısmından elde edilen altı örneğin sitokrom *b* dizilerinin ise *M. nivalis* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. Türkiye’de yayılış gösteren *Mustela* cinsinin yedi örneğine ait sitokrom *b* dizilerinden oluşan veri setinin DnaSP [197] programı ile analizi sonucunda yedi adet sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir (Şekil 3.9, Tablo 3.7). Elde edilen tüm haplotiplerin her biri yalnızca bir örnekte gözlemlendi. Bu durum geniş bir coğrafik bölgeden birbirine uzak lokalitelerden örnek elde edildiği ve ayrıca tür içi genetik çeşitliliğin fazla olmasından kaynaklanabilir.



Şekil 3.9. Türkiye’de yayılış gösteren *Mustela* cinsine ait 7 örnekte tespit edilen 7 haplotipin dağılımı (■=MUPUTR1 (*Mustela putorius*), ●=*Mustela nivalis* haplotipleri N4 harita kodlu 1353 numaralı örneğin Cyt *b* baz dizisi elde edilememiştir)

Tablo 3.7. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda *Mustela* cinsine ait örneklerde belirlenen haplotipler

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / N1	MUNIVTR1	426	Halıçköy / Malkara / TEKİRDAĞ	40° 52' 10" N 26° 47' 57" E 235 m
2 / N5	MUNIVTR2	1347	Ulubey / ORDU	40° 51' 10" N 37° 45' 41" E 580 m
3 / N2	MUNIVTR3	1351	Orhangazi / BURSA	40° 30' 00" N 29° 18' 00" E 275 m
4 / N6	MUNIVTR4	1442	Kafkas Üni. Kampüsü Paşaçayır / KARS	40° 34' 24,9" N 43° 02' 27,9" E 1752m
5 / N7	MUNIVTR5	1443	Kafkas Üni. Kampüsü Paşaçayır / KARS	40° 34' 24,9" N 43° 02' 27,9" E 1752m
6 / N3	MUNIVTR6	1456	Subaşı / Altınova / YALOVA	40° 42' 00" N 29° 30' 00" E 115 m
7 / P1	MUPUTR1	1397	Kırıkköy / Lüleburgaz / KIRKLARELİ	41° 26' 33" N 27° 13' 51" E 70m

DnaSP [197] programı ile yapılan analiz sonucunda *Mustela* cinsi için haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 1.000, haplotip çeşitliliğinin varyansı (variance of haplotype diversity) 0.00583 ve haplotip çeşitliliğinin standart sapması (standard deviation of haplotype diversity) 0.076 olarak bulunmuştur. Haplotip çeşitliliğinin 1 olması dizi analizi yapılan örneklerin her birinin farklı bir haplotipe sahip olduğu ve çalışılan grubun genetik çeşitliliğinin fazla olduğu anlamına gelmektedir. Nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, π , π), 0.02807 olarak hesaplanmıştır.

Sadece *M. nivalis* türüne ait örnekleri içeren veri setinin analizi sonucunda haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 1, nükleotid çeşitliliği 0.00702 şeklinde hesaplanmıştır.

M. nivalis türüne ait örnekleri içeren veri setine MEGA5 [199] programı ile Tajima'nın Nötralite Testi (Tajima's Neutrality Test) uygulanmıştır (Tablo 3.8).

Tablo 3.8. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
6	21	0.018421	0.008068	0.007018	-0.814765

Tespit edilen haplotipler ile oluşturulan veri setinin analizi sonucunda 1.119 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik bölge) tespit edilirken (% 98.16), 21 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiştir (% 1.84). Delesyon

ve insersiyona rastlanılmamıştır. Varyasyon gösteren bölgelerden 5 tanesi (267, 468, 600, 774, 789. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içeren bölge (% 23.81), 16 tanesi (421, 30, 66, 249, 445, 528, 592, 700, 714, 741, 768, 867, 975, 1042, 1045, 1110. bölgeler) parsimoni olarak bilgi içermeyen bölgelerdir (% 76.19).

M. nivalis türüne ait sitokrom *b* veri setinin baz kompozisyonu A: % 29.0, C: % 29.7, G: % 13.2, T(U): 28.1 şeklinde, *M. putorius* örneğine ait sitokrom *b* dizisinin kompozisyonu A: % 29.3, C: % 30.0, G: % 12.9, T(U): 27.8 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen değerlerde yüzde olarak G oranının düşük olması, üretilen baz dizilerinin pseudogenden ziyade fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemektedir. Örneklere ilişkin DNA dizileri A-T'ce nispeten zengin olup (her iki tür içinde % 57.1), G-C oranı daha azdır (% 42.9).

3.2.5. *Lutra* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen Sitokrom *b* Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye'nin üç farklı lokalitesinden elde edilen *Lutra* cinsine ait örneklerin mitokondriyal sitokrom *b* gen gölgesinin tamamı (1.140 bç), spesifik primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Elde edilen sitokrom *b* gen gölgesi dizileri, Geneious programına [179] aktararak program üzerinden NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi yapılmıştır. BLAST analizi sonucunda her bir sitokrom *b* dizisinin *L. lutra* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. *Lutra lutra* türüne ait sitokrom *b* dizi verilerini içeren veri setinin DnaSP [197] programı ile analizi sonucunda iki haplotip tespit edilmiştir (Şekil 3.10, Tablo 3.9).



Şekil 3.10. Türkiye’de yayılış gösteren *Lutra lutra* türüne ait 3 örnekte tespit edilen 2 haplotipin dağılımı (● =LLUTR1, ● =LLUTR2)

Tablo 3.9. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesinin DNA dizi analizi sonucunda *Lutra lutra* örneklerinde belirlenen haplotipler

Sıra No / Harita No	mtDNA Haplotipi	Koleksiyon No	Lokalite	Koordinat
1 / L3	LLUTR1	1417	KARS	40° 36' 13" N 43° 05' 00"E 1770 m
1 / L2	LLUTR1	1520	Sarıkm / SİNOP	40° 01' 36" N 34° 54' 37"E 2 m
1 / L1	LLUTR2	1457	Terkos Gölü / İSTANBUL	41° 19' 45" N 28° 36' 11"E 4 m

Türkiye’den elde edilen *L. lutra* örnekleri için oluşturulan veri seti, DnaSP [197] programına aktararak haplotip çeşitliliği (haplotype diversity, Hd) 0.6667 haplotip çeşitliliğinin varyansı (variance of haplotype diversity) 0.09877 ve haplotip çeşitliliğinin standart sapması (standard deviation of haplotype diversity) 0.314 olarak bulunmuştur. Nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) 0.00117 şeklinde hesaplanmıştır.

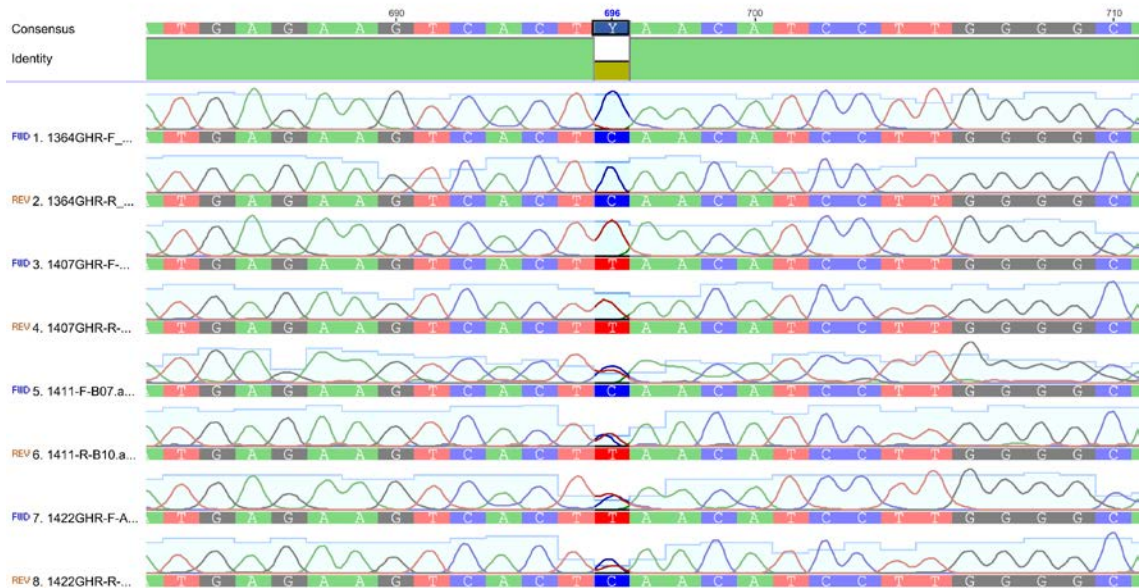
Tespit edilen haplotipler ile oluşturulan veri setinin analizi sonucunda 1.138 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik bölge) tespit edilirken (% 99.82), 2 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge; 492 ve 568. bölgeler) gözlenmiştir (% 0.17). Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. *L. lutra* veri setinin baz kompozisyonu, A: % 30.3, C: % 30.9, G: % 13.2, T(U): 25.7 şeklinde tespit edilmiştir. Elde edilen değerlerde yüzdesel olarak G oranının düşük olması üretilen baz dizilerinin pseudogenden ziyade fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemektedir. Örneklere ilişkin DNA dizileri A-T’ce nispeten zengin olup (% 56.0), G-C oranı daha azdır (% 44.0).

3.3. Türkiye Mustelidlerinde Nüklear GHR Gen Bölgesinin Genetik Analizi

3.3.1. *Martes* Cinsine Ait Örneklerin GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye’deki 87 lokaliteden elde edilen *Martes* cinsine ait örneklerden 79’unun nüklear GHR gen bölgesi PCR ile çoğaltılmıştır. Sekiz *Martes* örneğinin GHR gen bölgesi, PCR ile çoğaltılamamıştır. Elde edilen GHR gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile Gen Bankası (NCBI) veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi sonucunda her bir GHR dizisinin *M. foina* türüne ait olduğu tespit edilmiş ve BLAST analizi sonucunda Türkiye’den elde edilen *Martes* örnekleri arasında *M. martes* türüne ait örneklere rastlanılmamıştır.

Türkiye’den 79 *M. foina* örneğine ait GHR gen bölgesi dizileri incelendiğinde 622 baz çiftlik bölgede dört polimorfik bölge (31, 97, 127 ve 494. bölgeler) tespit edilmiş ve bu bölgenin tamamı heterozigotik (elektroferogramda eşit pik uzunluğuna sahip) bölge olarak bulunmuştur (Şekil 3.11). Heterozigotik bölgelerden birincisi (31. bç) üç örnekte (Konya, Trabzon ve Artvin) görülmekte olup T/C=Y şeklinde geri kalan örnekler ise T şeklindedir. İkinci heterozigotik bölge (97. bç) üç örnekte (Çorum, Düzce ve Çorum) görülmekte olup A/G=R şeklinde geri kalan örnekler ise A şeklindedir. Üçüncü heterozigotik bölge (124. bç), beş örnekte (Kayseri, Manisa, Mersin, Kütahya ve Çorum) görülmekte olup T/C=Y şeklinde geri kalan örneklerden biri (Mersin) C diğerleri ise T bazına sahiptir. Son olan dördüncü heterozigotik bölge (494. bç) 33 örnekte görülmekte olup T/C=Y şeklindedir (Şekil 3.11). Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır.



Şekil 3.11. Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanan *Martes foina* türünde 494. bç’lik pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge

Heterozigotik bölgeler değerlendirildiğinde 79 örneğin 39’unun heterozigot (% 49.37), 40 örneğin (% 50.63) homozigot olduğu bulunmuştur (Tablo 3.10). Türkiye’den *M. foina* için GHR veri setleri için tespit edilen baz oranları A % 29.9, T(U) % 32.3, C % 18.7, G % 19.0 olarak belirlenmiştir. Nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) 0.00096 şeklinde hesaplanmış ve Türkiye’de görülen en yaygın GHR alleli toplam 32 örnekte görülmektedir. *M. foina* türüne ait 79 örneğin analizi sonucunda Türkiye için altı farklı GHR alleli tespit edilmiştir.

Tablo 3.10. Türkiye *Martes foina* türüne ait örnekler arasında gözlenen nükleer GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar (Heterozigot örnekler koyu renkte gösterilmiştir)

Örnek No	31	97	124	494	Örnek No	31	97	124	494	Örnek No	31	97	124	494
	T	A	T	C		T	A	T	C		T	A	T	C
387	.	.	.	Y	1327	.	.	.	Y	1427	.	.	.	.
454	.	.	.	.	1328	.	.	.	Y	1428	.	.	.	.
521	Y	.	.	T	1331	.	.	.	T	1429	.	.	.	.
592	.	.	.	T	1338	.	.	.	.	1430	.	.	C	.
613	.	.	.	Y	1340	.	.	.	Y	1433	.	.	.	.
749	.	.	Y	.	1341	.	.	.	Y	1444	.	.	.	Y
762	.	.	.	Y	1363	.	.	.	.	1447	.	.	.	Y
774	.	.	.	Y	1364	.	.	.	.	1464	.	.	.	Y
787	.	.	.	.	1365	.	.	.	.	1465	.	.	.	.
819	.	.	.	.	1366	.	.	.	.	1466	.	.	.	Y
820	.	R	.	Y	1376	.	.	.	Y	1467	.	.	.	.
855	.	.	.	Y	1384	.	.	.	.	1471	.	.	.	.
1040	.	.	.	Y	1386	.	.	.	.	1478	.	.	Y	Y
1065	.	.	.	.	1390	.	.	Y	.	1499	.	.	.	T
1071	.	.	.	.	1393	.	.	.	Y	1500	.	.	.	Y
1120	.	.	.	.	1395	.	.	.	Y	1501	.	.	.	T
1121	.	.	.	.	1399	.	.	.	.	1503	.	.	.	T
1223	.	.	.	.	1400	.	.	.	Y	1504	.	.	.	.
1250	.	.	.	.	1401	.	.	.	Y	1510	.	.	.	.
1253	.	.	.	.	1402	.	.	.	Y	1511	.	.	.	.
1255	.	.	.	.	1403	.	.	.	.	1512	.	.	Y	Y
1256	.	.	.	.	1407	.	.	.	T	1513	.	.	.	Y
1258	Y	.	.	.	1411	.	.	.	Y	1527	.	.	.	Y
1272	Y	.	.	T	1412	.	.	.	.	1528	.	R	Y	.
1314	.	.	.	Y	1414	.	.	.	Y	1529	.	.	.	Y
1315	.	.	.	Y	1416	.	.	.	T					
1317	.	.	.	Y	1422	.	R	.	Y					

3.3.2. *Vormela* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

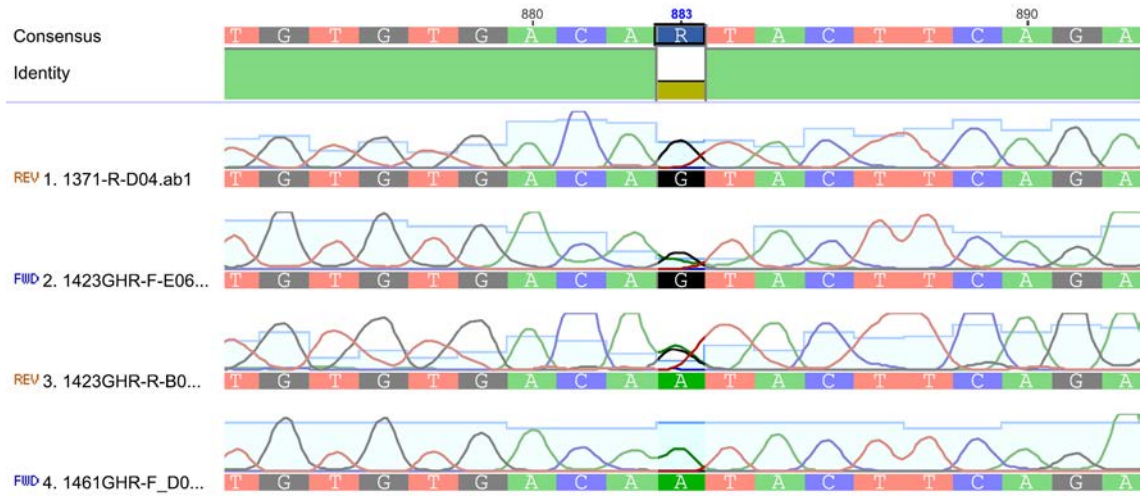
Türkiye'deki 17 lokaliteden elde edilen *Vormela* cinsine ait örneklerin nükleer GHR gen bölgesini PCR ile çoğaltılmıştır. Elde edilen GHR gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi sonucunda her bir GHR gen bölgesi dizisinin *V. peregrusna* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. 17 *V. peregrusna* örneğine ait GHR gen bölgesi dizileri incelendiğinde 622 baz çiftlik bölgede beş polimorfik bölge (148, 225, 228, 539 ve 592. bölgeler) tespit edilmiş (Tablo 3.11) ve bu bölgenin tamamı heterozigotik (elektroferogramda eşit pik uzunluğuna sahip) bölge olarak bulunmuştur (Şekil 3.12). Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır.

Heterozigotik bölgeler değerlendirildiğinde 17 örneğin 10'unun (72-Kayseri, 540-Çankırı, 710-Kayseri, 1348-Afyon, 1374-Konya, 1378-Konya, 1398-Konya, 1423-Yozgat, 1461-Edirne ve 1463-Kars) heterozigot (% 58.82), 7 örneğin (1371-Konya, 1372-Aksaray, 1373-Konya, 1375-Konya, 1392-Afyon, 1415-kırşehir ve 1475-Niğde) homozigot (% 41.18) olduğu bulunmuştur. Homozigot olan örneklerin tamamı tek bir baz dizisine sahiptir.

V. peregusna'ya ait GHR gen bölgesi dizilerinden oluşturulan veri seti için tespit edilen baz oranları A: % 29.6, T(U): % 32.6, C: % 18.1, G: % 18.7 olarak bulunmuştur. *V. peregusna* türüne ait 17 örneğin analizi sonucunda Türkiye örnekleri için beş farklı GHR alleli tespit edilmiştir. Nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) 0.00192 şeklinde hesaplanmıştır.

Tablo 3.11. Türkiye *Vormela peregusna* türüne ait örnekler arasında gözlenen nüklear GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar (Heterozigot örnekler koyu renkte gösterildi)

Örnek No					
	148	225	228	539	592
	A	C	A	C	G
72	.	.	.	Y	R
540	.	.	R	T	R
710	.	.	.	Y	R
1348	R	.	.	T	A
1371	.	.	.	.	.
1372	.	.	.	.	.
1373	.	.	.	.	.
1374	.	.	.	Y	R
1375	.	.	.	.	.
1378	.	.	.	Y	R
1392	.	.	.	.	.
1398	.	.	.	Y	R
1415	.	.	.	.	.
1423	R	.	.	Y	R
1461	.	Y	.	T	A
1463	.	.	.	Y	R
1475	.	.	.	.	.



Şekil 3.12. Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan *Vormela peregusna* türünde 592. bp'lık pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge

3.3.3. Meles Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye'deki sekiz lokaliteden elde edilen *Meles* cinsine ait yedi örneğin nükleer GHR gen bölgesi PCR ile çoğaltılmıştır. Adana'dan bir örneğin GHR gen bölgesi, PCR ile çoğaltılamamıştır. Elde edilen GHR gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi yapılmıştır. Gen Bankası'nda *Meles* cinsine ait sadece iki GHR gen bölgesinin intron 9 segmenti dizisine tespit edilmiştir. Bunlardan AB564068 erişim numaralı dizi *M. anakuma* türüne, diğer AF498202 erişim numaralı dizinin ise *M. meles* türüne ait olduğu belirlenmiştir. Türkiye'den yedi *Meles* örneğine ait GHR gen bölgesine ait diziler incelendiğinde tüm örneklerin aynı baz dizisine sahip olduğu ve tamamının homozigot (% 100) olduğu görülmüştür.

Bu çalışmada Türkiye'den elde edilen *Meles* cinsi örneklerine ait GHR gen bölgesi dizileri ile Gen Bankası'ndaki *M. meles* türüne ait GHR gen bölgesi dizisinin aynı, *M. anakuma* türüne ait GHR gen bölgesi dizisinin ise oldukça benzer olduğu tespit edilmiştir. *Meles* cinsi GHR gen bölgesi dizileri için tespit edilen baz oranları A: % 30.2, T(U): % 32.3, C: % 19.0, G: % 18.5 olarak bulunmuştur. Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. *Meles* cinsine ait yedi örneğin GHR gen bölgesi dizilerinin analizi, mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesi dizilerinin analizinde olduğu gibi iki türün ayırımı ile ilgili bir sonuç vermemiştir. Türkiye'den elde edilen *Meles* cinsine ait örnekler için tek bir GHR alleli tespit edilmiştir.

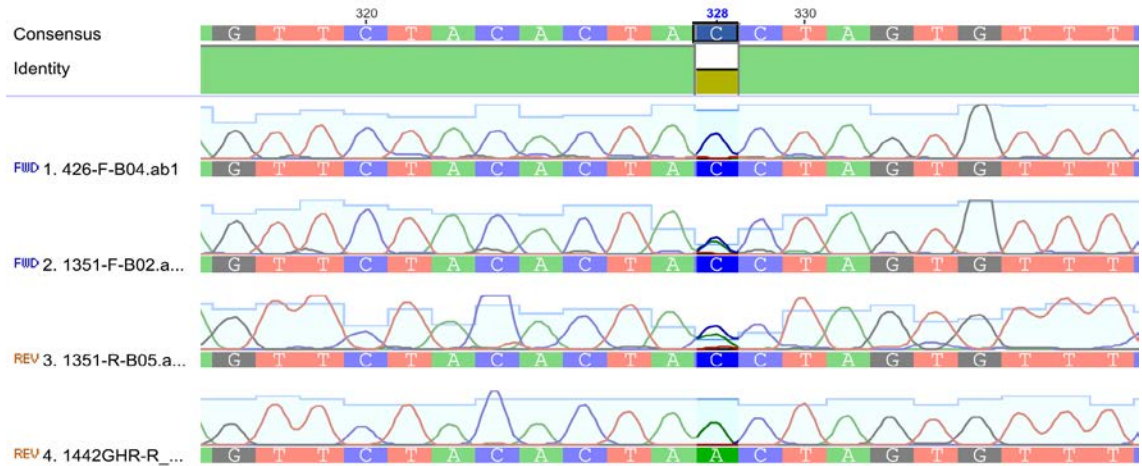
3.3.4. *Mustela* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizlerinin Genetik Analizi

Türkiye’deki sekiz lokaliteden elde edilen *Mustela* cinsine ait örneklerden yedisinin nükleer GHR gen bölgesi PCR ile çoğaltılmıştır. Kayseri’den bir örneğin GHR gen bölgesi, PCR ile çoğaltılamamıştır. Elde edilen GHR gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi sonucunda altı örneğin GHR gen bölgesi dizisinin *M. nivalis* türüne ait olduğu, bir örneğin GHR gen bölgesi dizisinin ise *M. putorius* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen yedi *Mustela* örneğine ait GHR gen bölgesi dizileri incelendiğinde 625 baz çiftlik bölgede 15 polimorfik bölge tespit edilmiş ve bu bölgelerden 11’i (85, 90, 122, 182, 186, 206, 236, 257, 263, 341, 389. bölgeler) heterozigotik (elektroferogramda eşit pik uzunluğuna sahip) bölge olarak bulunmuştur. Veri setindeki *M. putorius* ve *M. nivalis* türleri arasında 169. ve 170. bölgeler indel olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.12).

M. nivalis için iki örneğin (426-Tekirdağ ve 1442-Kars) ve bir *M. putorius* örneğinin (1397-Kırklareli) homozigot (% 42.86), dört *M. nivalis* örneğinin de heterozigot (% 57.14) olduğu gözlenmiştir (Şekil 3.13). Homozigot olan örneklerin her biri farklı baz dizisine sahiptir ve homozigot örnekler arasında üç farklı allel mevcuttur. *M. nivalis* için GHR gen bölgesi dizileri için tespit edilen baz oranları A: % 30.2, T(U): % 31.8, C: % 19.6, G: % 18.4 olarak, *M. putorius* için A % 29.7, T(U) % 31.9, C % 19.6, G % 18.8 olarak bulunmuş ve nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity, P_i , π) 0.00562 (*M. nivalis*) şeklinde hesaplanmıştır. *M. nivalis* türüne ait örneğin analizi sonucunda Türkiye için altı farklı GHR alleli, *M. putorius* için bir GHR alleli tespit edilmiştir.

Tablo 3.12. Türkiye *Mustela* cinsine ait örnekler arasında gözlenen nükleer GHR gen bölgesindeki polimorfik bölgeler ve bu bölgelerde yer alan bazlar (Heterozigot örnekler koyu renkte gösterilmiştir)

Örnek No	85	90	105	121	122	169	170	182	186	206	236	256	257	263	341	389	470
	G	A	C	C	A	A	A	A	C	G	A	A	T	A	G	C	T
426	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.
1347	.	R	.	.	R	.	.	.	.	.	R	.	Y	.	.	.	.
1351	.	.	.	.	.	.	.	.	M	.	.	.	.	.	.	.	.
1442	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
1443	.	.	.	.	R	.	.	M	.	.	R	.	Y	R	.	Y	.
1456	K	.	.	.	R	.	.	M	.	K	R	.	Y	R	R	Y	.
1397	.	.	.	T	G	—	—	.	.	.	G	T	.	.	.	.	C



Şekil 3.13. Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan *Mustela nivalis* türünde 186. bç'lik pozisyonunda tespit edilen heterozigotik bölge

3.3.5. *Lutra* Cinsine Ait Örneklerden Elde Edilen GHR Gen Bölgesi Dizilerinin Genetik Analizi

Türkiye'deki üç lokaliteden elde edilen *Lutra* cinsine ait üç örneğin nükleer GHR gen bölgesi PCR ile çoğaltılmıştır. Elde edilen GHR gen bölgesi dizileri, Geneious programı [179] ile NCBI veri tabanında her bir dizi verisinin BLAST analizi sonucunda her bir GHR gen bölgesi dizisinin *L. lutra* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. Elde edilen üç *Lutra* örneğine ait GHR gen bölgesi dizileri incelendiğinde 622 baz çiftlik bölgenin tamamının monomorfik olduğu ve tüm örneklerin aynı baz dizisine sahip olduğu ve tamamının (% 100) homozigot olduğu görülmüştür. GHR veri setleri için tespit edilen baz oranları A: % 30.7, T(U): % 32.2, C: % 18.8, G: % 18.3 olarak bulunmuştur. Delesyon ve insersiyona rastlanılmamıştır. *L. lutra* türüne ait üç örneğin analizi sonucunda Türkiye için tek bir GHR alleli tespit edilmiştir.

3.4. Türkiye Mustelidlerinin Mitokondriyal DNA Sitokrom *b* Gen Bölgesinden Elde Edilen Verilerin Filogenetik Analizi

3.4.1. *Martes foina* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi

3.4.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Martes foina türüne ait Türkiye örneklerini içeren veri seti için en uygun baz değişim modeli, dış gruplu olarak MEGA5 [199] ve jModelTest2 [202, 203] programları ile hem BIC [208] hem de AICc model seçim taslağına göre [209], HKY+G belirlenmiştir. Dış grupsuz olarak her iki program ile BIC ve AIC seçim taslaklarına göre HKY belirlenmiştir. Belirlenen HKY+G ve HKY baz değişim modelleri ile elde edilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerli ağaçlar, HKY+G modeli

ile elde edilmiştir. Bundan dolayı *M. foina*'ya ait Türkiye haplotiplerinin ML ve BI analizlerinde HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılmıştır. Ayrıca, Neighbor Joining analizinde [198] Kimura-2-Parametre (K2P) [204] baz değişim modeli de kullanılmıştır.

3.4.1.2. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması

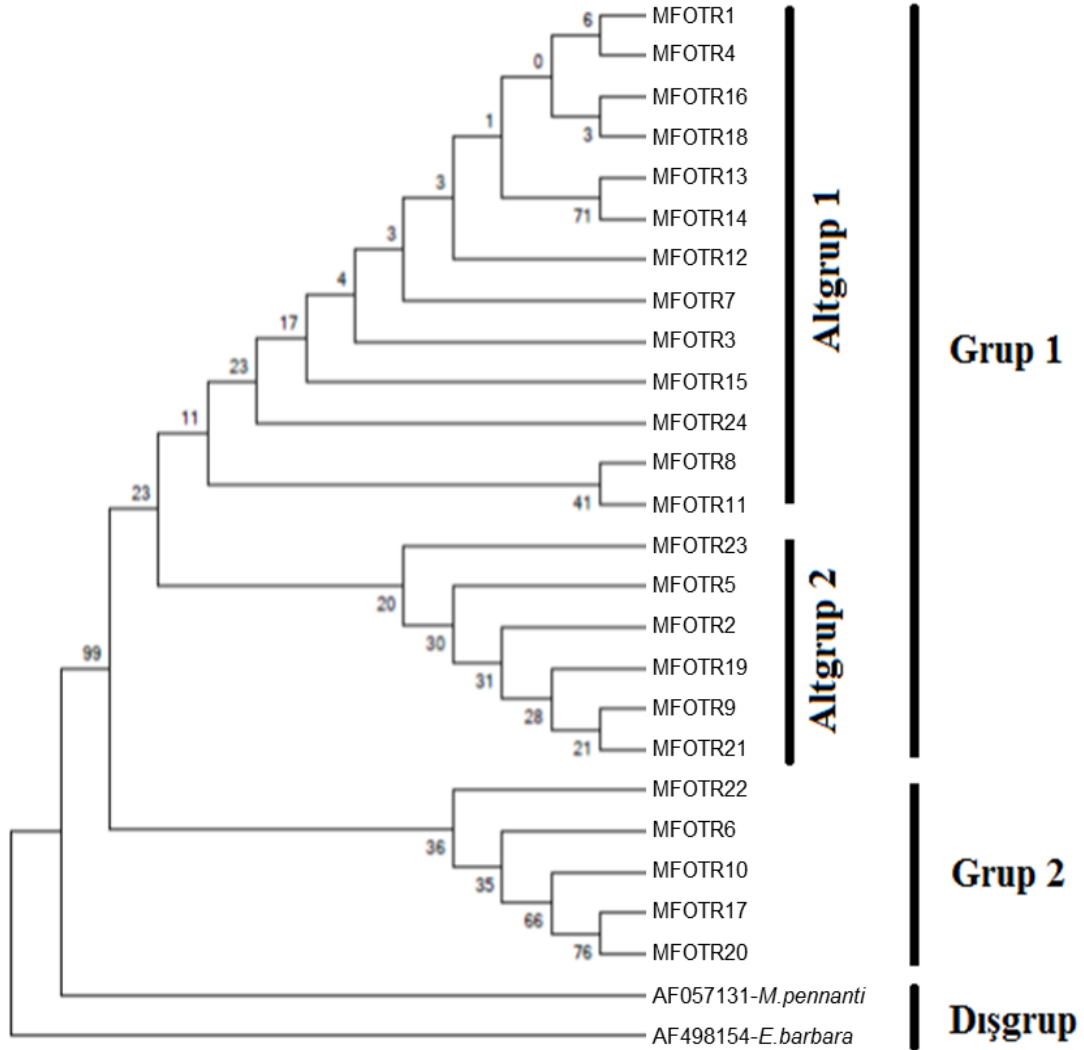
Martes foina'ya ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri MEGA5 programı [199] ve K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak elde edilmiştir (Tablo 3.13). Genetik uzaklık değerleri incelendiğinde en büyük genetik uzaklık değeri (0.008, % 0.8) MFOTR4 (Yozgat ve Kayseri) ve MFOTR20 (Tokat) haplotipleri arasında gözlenmiştir. En küçük genetik uzaklık değeri ise 0.001 (% 0.1) olarak (MFOTR1 ile MFOTR3, MFOTR7, MFOTR11, MFOTR12, MFOTR14, MFOTR15, MFOTR16 ve MFOTR18 haplotipleri, MFOTR2 ile MFOTR5, MFOTR6, MFOTR9, MFOTR11 MFOTR19 ve MFOTR21 haplotipleri, MFOTR8 ile MFOTR11, MFOTR13 ile MFOTR14 ve MFOTR17 ile MFOTR20 haplotipleri arasında) tespit edilmiştir. Ortalama genetik uzaklık değeri 0.003 (% 0.3) olarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklık değerleri, *M. foina*'nın Türkiye haplotipleri içerisinde önemli derecede farklılıklar olmadığını göstermektedir.

Tablo 3.13. Kimura 2-Parametre baz değışim modeli kullanılarak oluşturulmuş *Martes foina* türüne ait haplotipler arasındaki genetik uzaklık değeri

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
1. MFOTR1	*																							
2. MFOTR2	0.002	*																						
3. MFOTR3	0.001	0.003	*																					
4. MFOTR4	0.003	0.004	0.004	*																				
5. MFOTR5	0.003	0.001	0.004	0.005	*																			
6. MFOTR6	0.003	0.001	0.004	0.005	0.002	*																		
7. MFOTR7	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	*																	
8. MFOTR8	0.002	0.002	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	*																
9. MFOTR9	0.003	0.001	0.004	0.005	0.002	0.002	0.004	0.003	*															
10. MFOTR10	0.004	0.003	0.005	0.007	0.004	0.002	0.005	0.004	0.004	*														
11. MFOTR11	0.001	0.001	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002	0.001	0.002	0.004	*													
12. MFOTR12	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.005	0.002	*												
13. MFOTR13	0.002	0.004	0.003	0.004	0.004	0.004	0.003	0.004	0.004	0.006	0.003	0.003	*											
14. MFOTR14	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.005	0.002	0.002	0.001	*										
15. MFOTR15	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.005	0.002	0.002	0.003	0.002	*									
16. MFOTR16	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.005	0.002	0.002	0.003	0.002	0.002	*								
17. MFOTR17	0.004	0.003	0.005	0.007	0.004	0.002	0.005	0.004	0.004	0.002	0.004	0.005	0.006	0.005	0.005	0.005	*							
18. MFOTR18	0.001	0.003	0.002	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.005	0.002	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	0.005	*						
19. MFOTR19	0.003	0.001	0.004	0.005	0.002	0.002	0.004	0.003	0.002	0.004	0.002	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	*					
20. MFOTR20	0.005	0.004	0.006	0.008	0.004	0.003	0.006	0.005	0.004	0.003	0.004	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	0.001	0.006	0.004	*				
21. MFOTR21	0.003	0.001	0.004	0.005	0.002	0.002	0.004	0.003	0.002	0.004	0.002	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.002	0.004	*		
22. MFOTR22	0.004	0.003	0.005	0.007	0.004	0.002	0.005	0.004	0.004	0.004	0.004	0.005	0.006	0.005	0.005	0.005	0.004	0.005	0.004	0.004	0.004	*		
23. MFOTR23	0.004	0.002	0.004	0.006	0.003	0.003	0.004	0.004	0.003	0.004	0.003	0.004	0.005	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.003	0.005	0.003	0.004	*	
24. MFOTR24	0.002	0.002	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.004	0.003	0.004	0.003	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.004	0.003	0.003	0.005	0.003	0.004	0.004	*

3.4.1.3. *Martes foina* Türüne ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi

Martes foina türüne ait örneklerden tespit edilen 24 sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek için Neighbor Joining algoritması [198] ve 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak NJ ağacı (Şekil 3.14) elde edilmiştir. *Martes pennati* ve *Eira barbara*'nın dış grup olarak kullandığı NJ ağacı (Şekil 3.14) incelendiğinde haplotiplerin % 99'luk bootstrap değeriyle desteklenen iki haplotip grubu (burada Grup 1 ve Grup 2 olarak anılacak) içerisinde toplandığı görülmektedir. Grup 1'deki haplotipler, % 23'lük düşük bootstrap değeriyle desteklenen iki altgruba ayrılmıştır: Altgrup 1 ve Altgrup 2. Bunlardan Altgrup 1, MFOTR1 (ağırlıklı olarak Ege ve Trakya, Akdeniz ve Marmara bölgeleri), MFOTR3 (Çankırı, Kırıkkale, Kütahya ve Antalya), MFOTR4 (Kayseri ve Yozgat), MFOTR7 (Kırklareli), MFOTR8 (Erzincan, Gümüşhane ve Diyarbakır), MFOTR11 (Çorum), MFOTR12 (Manisa), MFOTR13 (Afyon), MFOTR14 (Afyon), MFOTR15 (Kırıkkale), MFOTR16 (Mersin), MFOTR18 (Antalya) ve MFOTR24 (Nevşehir) haplotiplerinden oluşmuştur. Altgrup 2 ise MFOTR2 (yoğun olarak İç Anadolu, Doğu Karadeniz ve Marmara bölgeleri), MFOTR5 (Yozgat, Çorum ve Düzce), MFOTR9 (Rize ve Trabzon), MFOTR19 (Sivas), MFOTR21 (Kayseri) ve MFOTR23 (Tekirdağ) haplotiplerinden oluşmuştur. Grup 2'de ise MFOTR6 (Tokat ve Denizli), MFOTR10 (Konya ve Kırşehir), MFOTR17 (Gümüşhane), MFOTR20 (Tokat) ve MFOTR22 (Kayseri) haplotipleri % 36'luk düşük bootstrap değeriyle birlikte gruplanmıştır (Şekil 3.14). Elde edilen ağaç üzerinde oluşan grup ve altgruplar incelendiğinde Grup 1 içerisindeki Altgrup 1, Türkiye genelinde en geniş yayılışa sahip olup, ağırlıklı olarak Ege, Akdeniz, Trakya örnekleri ve İç Anadolu ve Güneydoğu Anadolu örneklerinden oluşmuştur. Altgrup 2 ağırlıklı olarak İç Anadolu, Doğu Karadeniz örnekleri ve Marmara örneklerinden oluşmuştur. Ayrıca Trakya bölgesinden bir örnek bu grup içerisinde kümelenmiştir. Grup 2 ise ağırlıklı olarak İç Anadolu örneklerinden oluşmuştur. Ayrıca Ege Bölgesi'nden bir örnek bu grup içerisinde kümelenmiştir. Özellikle Marmara ve İç Anadolu bölgelerine ait örnekler farklı gruplar altında kümelenmiştir. Akdeniz ve Ege Bölgesi'ne ait örnekler ise birlikte gruplanmıştır.



Şekil 3.14. Türkiye’den *Martes foinea* türüne ait 24 haplotip arasındaki filogenetik ilişkisi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

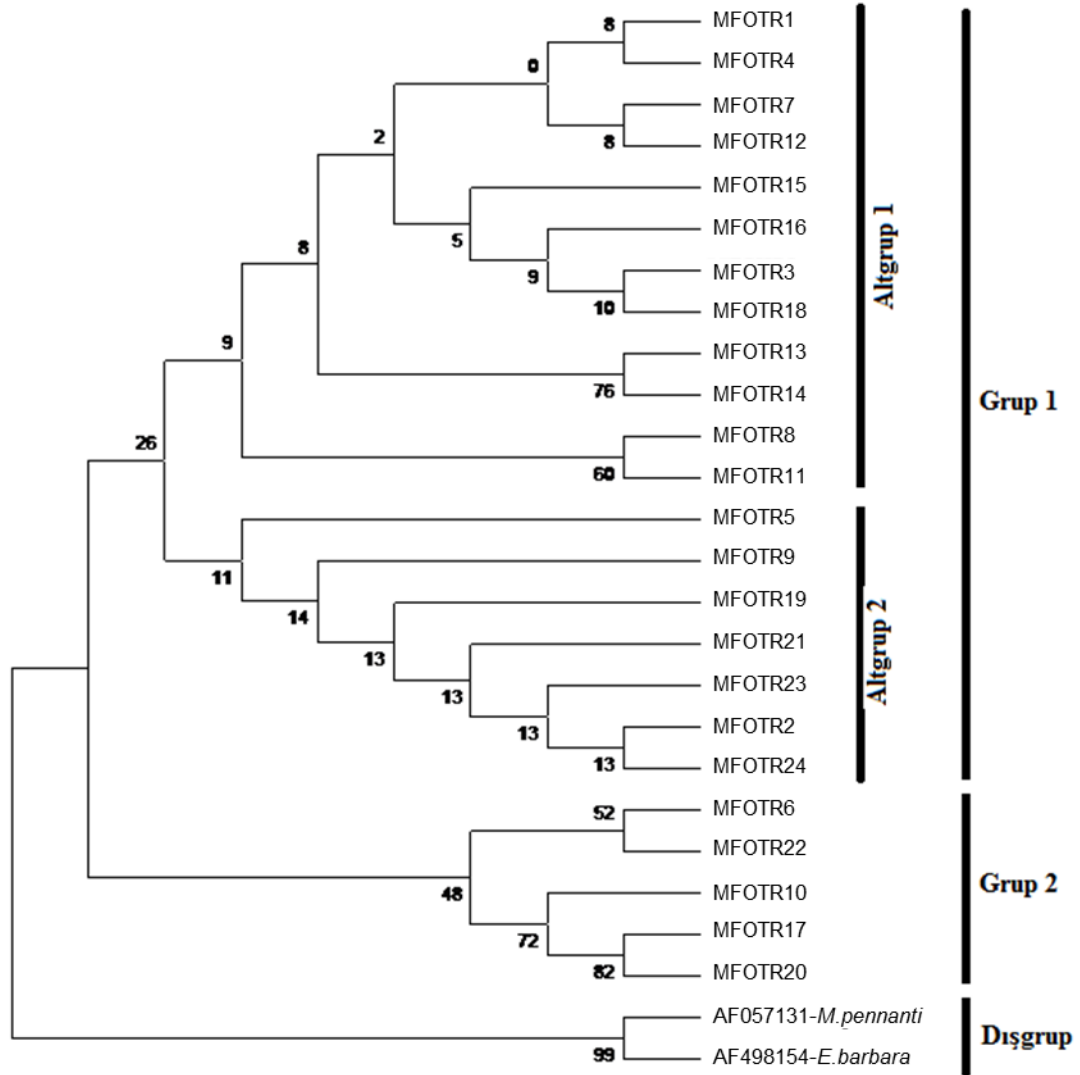
3.4.1.4. *Martes foinea* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Martes foinea türüne ait Türkiye haplotiplerinin MEGA5 [199] programında yapılan 10.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi sonucunda ağaç uzunluğu (TL, tree lenght) 276, tutarlılık indeksi (CI, consistency index) 0. 8260 ve koruma indeksi (RI, retention index) 0. 8518 olan eşit olasılıkta 25 parsimonik ağaç üretilmiştir.

MP analizi ile elde edilen parsimonik ağaç (Şekil 3.15) incelendiğinde NJ ağacı ile benzer topoloji gösterdiği ve haplotiplerin iki ana haplogrupta toplandığı görülmektedir. Haplotiplerin büyük kısmının kümelendiği birinci haplogrup iki

altgruptan oluşurken, ikinci haplogrupta beş haplotipin kümelendiği görülmektedir. Grup ve Altgruplar içerisindeki haplotiplerin coğrafik dağılımı elde edilen NJ ağacı ile benzerdir.

NJ ağacında olduğu gibi MP ağacında da haplotipler, düşük bootstrap değerleriyle desteklenmektedir.

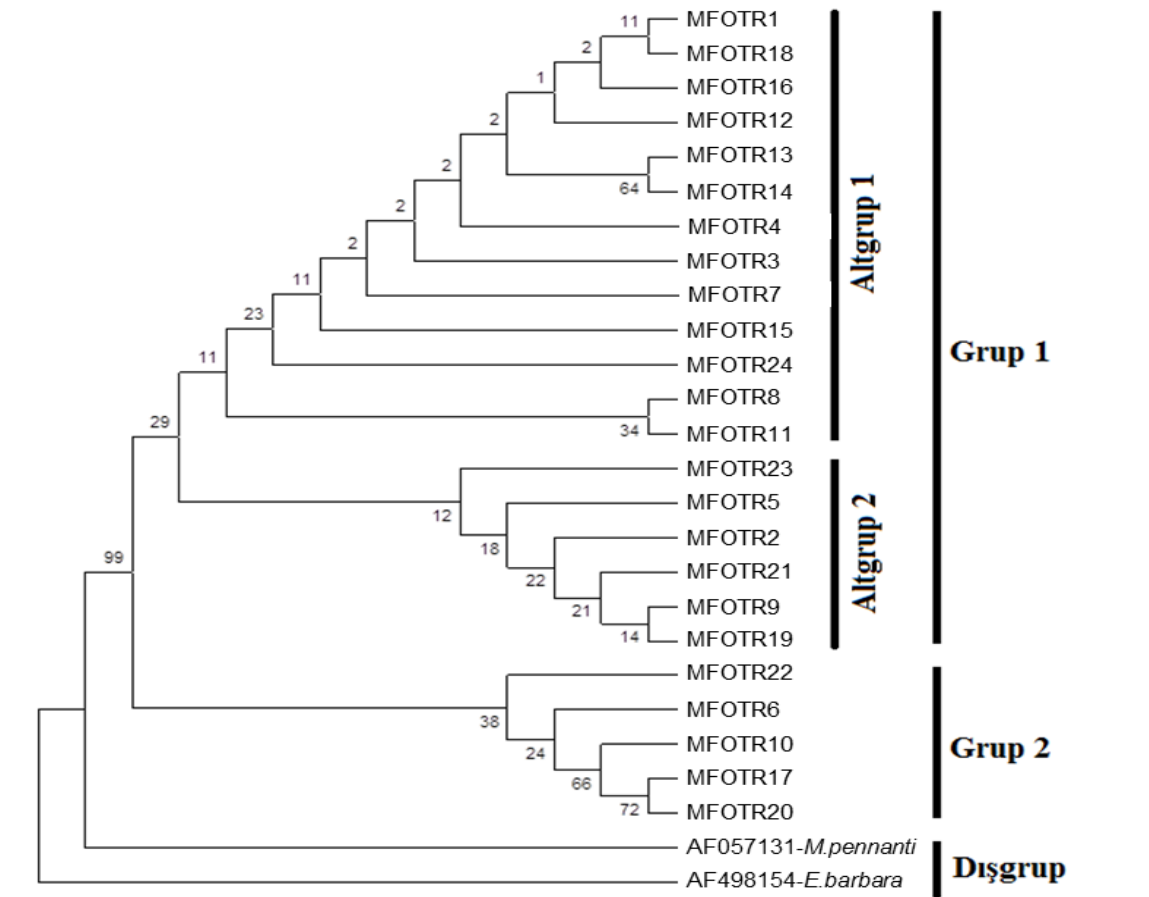


Şekil 3.15. *Martes foina* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.4.1.5. *Martes foina* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Martes foina türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri göstermek için, MEGA5 [199] programı ile HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı, dalların bootstrap değerleri, Şekil 3.16'da

gösterilmiştir. *M. pennati* ve *E. barbara*'nın dış grup olarak kullanıldığı ML ağacı (Şekil 3.16), NJ ve MP ağaçları (Şekil 3.14) ile benzerlik göstermektedir. ML ağacında da (Şekil 3.16), *M. foina* türünün Türkiye haplotiplerinin iki haplotip grubunun (Grup 1 ve Grup 2) içerisinde kümелendiği ve bu iki haplotip grubunun % 99 bootstrap değeriyle destelendiği tespit edilmiştir. NJ ve MP ağaçlarında (Şekil 3.14, Şekil 3.15) olduğu gibi haplotiplerin büyük çoğunluğundan oluşan birinci haplogrup (Grup 1), düşük bootstrap değeriyle (% 29) desteklenen iki altgruba ayrılmaktadır. Her iki altgrup düşük bootstrap değerleriyle (% 11 ve % 12) desteklenmektedir. İkinci haplogrup (Grup 2) ise % 38 bootstrap değeriyle desteklenen beş haplotipten oluşmaktadır (Şekil 3.16).

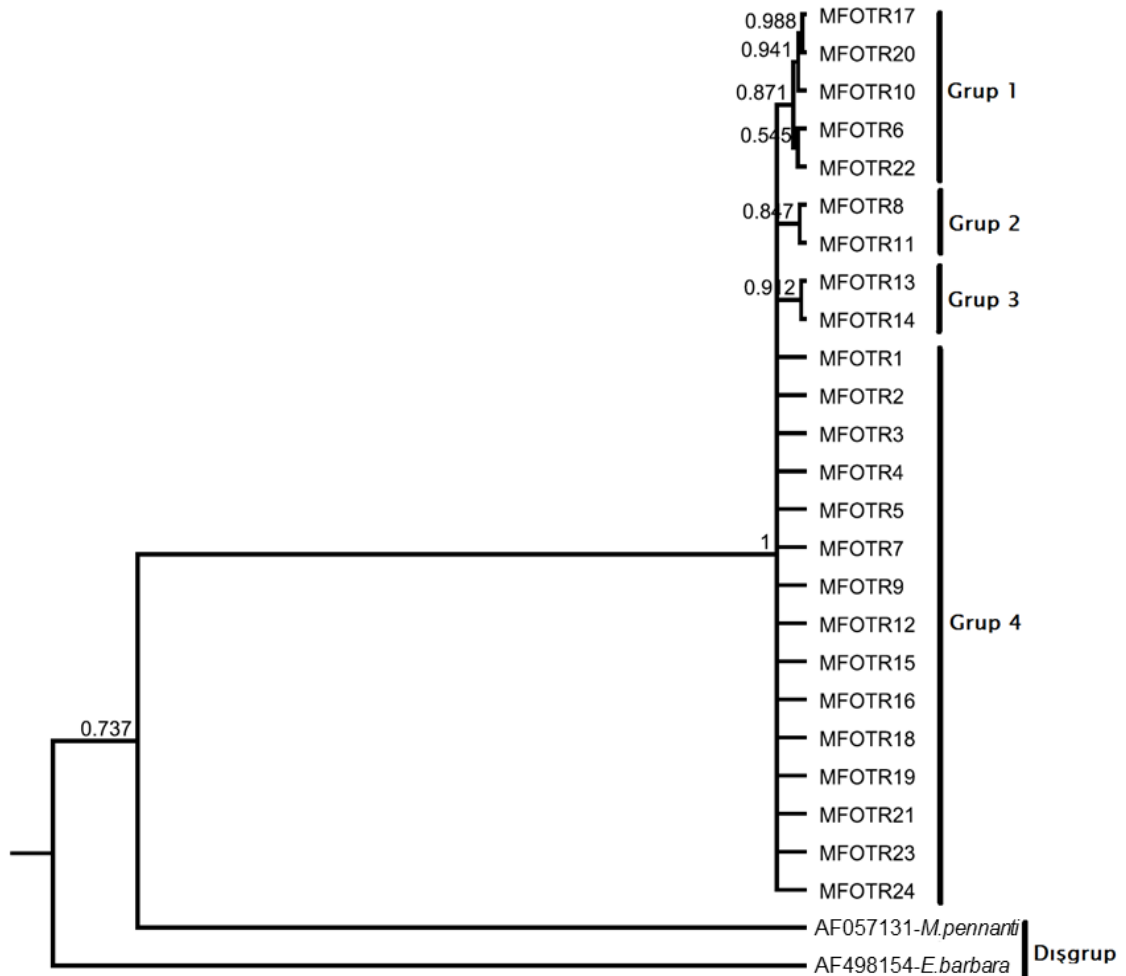


Şekil 3.16. *Martes foina* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.4.1.6. *Martes foina* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian Analizi

M. pennati ve *E. barbara*'nın dış grup olarak kullanıldığı ve Geneious programına [179] entegre edilen MrBayes 3.1 [201] programında 355.000 jenerasyon ile HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi [200]

sonucunda elde edilen Bayesian Inference (BI) ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 3.17’de gösterilmiştir. Elde edilen BI ağacı incelendiğinde *M. foina* türüne ait Türkiye haplotiplerin tamamı, % 100 olasılık değeriyle desteklenmiş dört haplogrup Grup 1, Grup 2, Grup 3 ve Grup 4) içerisinde kümelenmiştir. BI ağacında (Şekil 3.17) Grup 1, Grup 2 ve Grup 3’deki haplotipler, yüksek olasılık değeriyle (sırasıyla % 88, % 83 ve % 92) desteklenmektedir. Buna karşılık Grup 4’te haplotiplerin kümelenmesi, haplotiplerin iyi ayrılmadığını dolayısıyla politomiye ifade etmektedir.



Şekil 3.17. *Martes foina* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı

3.4.2. *Vormela peregusna* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi

3.4.2.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması

Vormela peregusna türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri, MEGA5 [199] programı ve K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak elde edilmiştir (Tablo 3.14). Tablo 3.14 incelendiğinde en büyük genetik uzaklık değeri (0.007 / % 0.7), VPETR9 (Konya) ile VPETR3 (Niğde) haplotipleri arasında olduğu görülmektedir. En küçük genetik uzaklık değeri (0.001 / % 0.1) ise, VPETR1 (Kayseri, Afyon, Aksaray, Konya, Kırşehir ve Yozgat) haplotipi ile VPETR3 (Konya), VPETR4 (Konya), VPETR5 (Kars), VPETR6 (Niğde) haplotipleri arasında ve VPETR2 (Çankırı ve Konya) haplotipi ile VPETR8 (Kayseri) arasında görülmektedir. *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerlerinin ortalaması 0.004 (% 0.4)'tür. Bu değer, *V. peregusna* örnekleri arasında genetik olarak büyük farklılığın olmadığını ifade etmektedir.

Tablo 3.14. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. VPETR1	*								
2. VPETR2	0.005 *								
3. VPETR3	0.001	0.006 *							
4. VPETR4	0.001	0.006	0.002 *						
5. VPETR5	0.001	0.004	0.002	0.002 *					
6. VPETR6	0.001	0.006	0.002	0.002	0.002 *				
7. VPETR7	0.004	0.005	0.004	0.004	0.003	0.004 *			
8. VPETR8	0.004	0.001	0.005	0.005	0.004	0.005	0.004 *		
9. VPETR9	0.006	0.003	0.007	0.007	0.005	0.007	0.006	0.002 *	

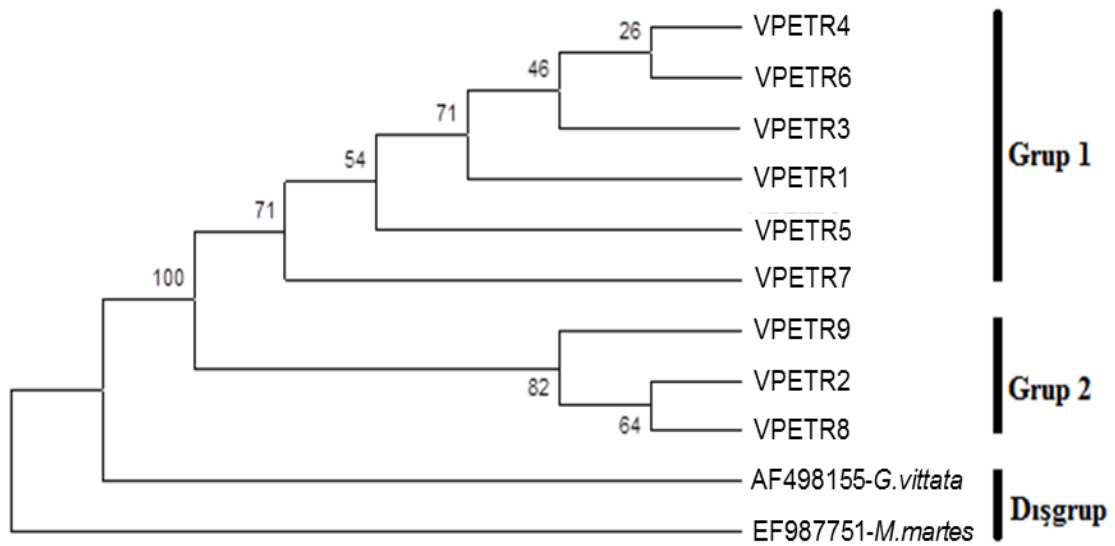
3.4.2.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Vormela peregusna türünün Türkiye haplotiplerini içeren veri seti için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] programı ile dış gruplu olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY+G ve dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY bulunmuştur. jModelTest2 programı [202, 203] ile dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY+G, AICc model seçim taslağına göre GTR+G ve dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY belirlenmiştir. Belirlenen tüm modeller kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlere sahip ağaç, HKY+G baz değişim modeli ile elde

edilmiştir. *V. peregusna* veri seti için yapılan ML ve BI analizleri HKY+G [210] modeli kullanılarak yapılmıştır. Ayrıca, Neighbor Joining metodu [198] ve Kimura-2-Parametre (K2P) baz değişim modeli [204] de kullanılmıştır.

3.4.2.3. *Vormela peregusna* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi

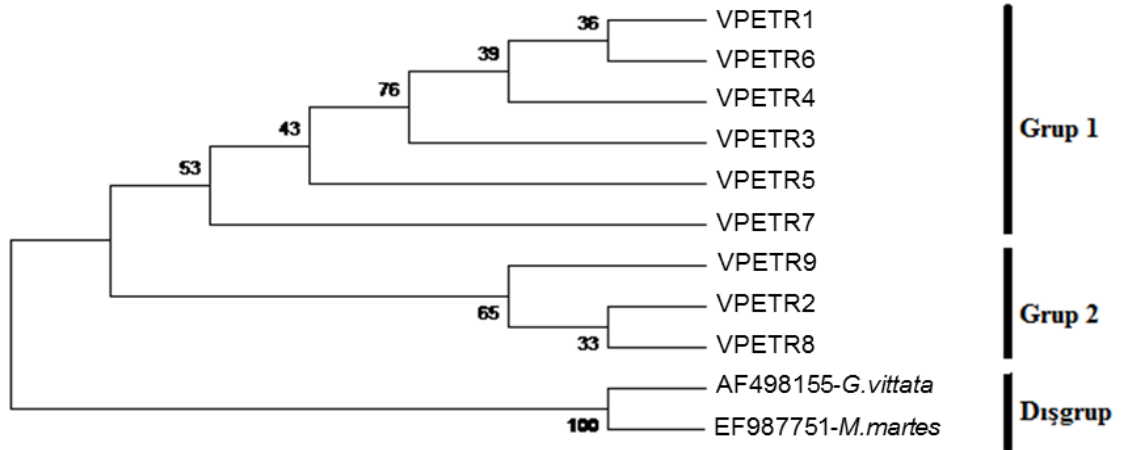
Bu çalışmada *Vormela peregusna* türü için Türkiye’den tespit edilen dokuz sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler, MEGA5 programında [199] *Galictis vittata* ve *Martes martes*’in dış grup olarak kullanıldığı Neighbor Joining algoritması [198] ve K2P baz değişim modeli [204] ile 10.000 tekrarlı (replikasyon) olarak bootstrap değerlemesiyle elde edilen NJ ağacında gösterilmiştir (Şekil 3.18). NJ ağacı (Şekil 3.18) incelendiğinde *V. peregusna* türüne ait Türkiye’den tüm haplotipler, % 100 bootstrap değeri desteklenmiş iki haplogrupta (Grup 1 ve Grup 2) kümelenmiştir. İki haplogruptan Grup 1’deki haplotiplerin (VPETR7: Edirne; VPETR5: Kars; VPETR1: Kayseri, Afyon, Aksaray, Konya, Kırşehir ve Yozgat; VPETR3: Konya; VPETR4: Konya ve VPETR6: Niğde) kümelenmesi, % 71 bootstrap değeri ile Grup 2’deki haplotiplerin (VPETR2: Çankırı, Konya; VPETR8: Kayseri ve VPETR9: Konya) kümelenmesi ise % 82 bootstrap değeri ile desteklenmektedir.



Şekil 3.18. *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.4.2.4. *Vormela peregusna* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Vormela peregusna türüne ait Türkiye haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi, 10.000 tekrarlı (replikasyon) olarak MEGA5 programıyla [199] *G. vittata* ve *M. martes* dış grup kullanılarak yapılmıştır. Analiz sonucunda elde edilen MP ağacı ve bootstrap değerleri Şekil 3.19'da gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analiz sonucunda ağaç uzunluğu (TL, tree lenght) 266, tutarlılık indeksi (CI, consistency index) 0. 9756 ve koruma indeksi (RI, retention index) 0. 9759 olan eşit olasılıkta 9 parsimonik ağaç üretilmiştir. Parsimonik ağaçları özetleyen ağaç, incelendiğinde NJ ağacında (Şekil 3.18) olduğu gibi iki haplogrup oluştuğu görülmektedir. Bu haplogruplardan Grup 1'deki haplotipler, % 53 bootstrap değeri ile desteklenirken Grup 2'deki kümelenme ise % 65 bootstrap değeriyle desteklenmiştir.

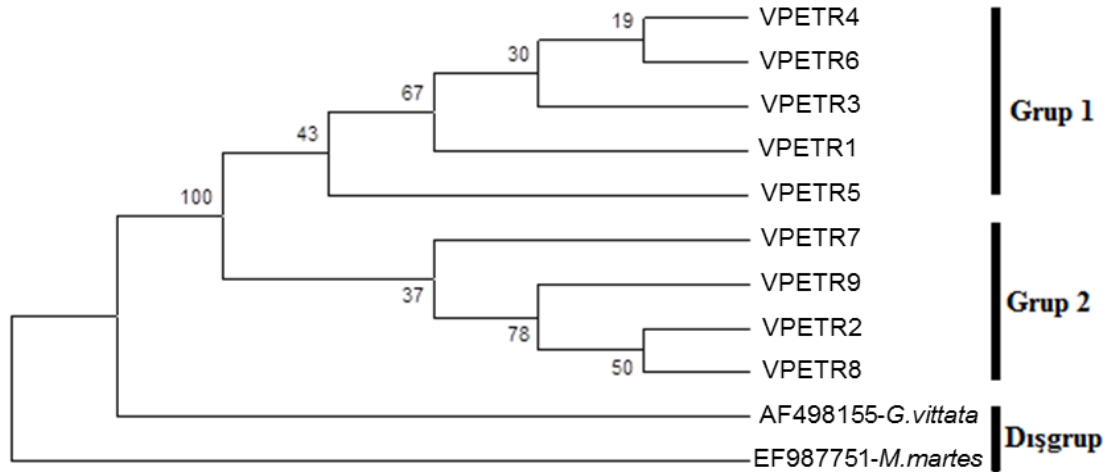


Şekil 3.19. *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.4.2.5. *Vormela peregusna* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Vormela peregusna türüne ait Türkiye haplotiplerinin Maksimum Likelihood (ML) (olasılık) analizi, 1.000 tekrarlı (replikasyon) olarak MEGA5 programıyla [199] *G. vittata* ve *M. martes* dış grup kullanılarak yapıldı. Analiz sonucunda elde edilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.20'de gösterilmiştir. ML ağaç (Şekil 3.20) topolojisi ile NJ ağacının (Şekil 3.18) topolojisi karşılaştırıldığında büyük oranda benzer olduğu görülmektedir. *V. peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri, ML ağacında % 100 bootstrap değeriyle desteklenmiş iki haplogrup (Grup 1 ve Grup 2) içerisinde kümelenmişlerdir. Bu haplogruplardan Grup 1, VPETR1 (Kayseri, Afyon, Aksaray,

Konya, Kırşehir ve Yozgat), VPETR3 (Konya), VPETR4 (Konya), VPETR5 (Kars) ve VPETR6 (Niğde) haplotiplerin oluşmaktadır. Grup 2 ise VPETR2 (Çankırı, Konya), VPETR7 (Edirne) VPETR8 (Kayseri), VPETR9 (Konya) haplotiplerini içermektedir. Ayrıca NJ ağacında (Şekil 3.18) birinci haplogrupta yer alan VPETR7 haplotipi, ML ağacında(Şekil 3.20) ikinci haplogrupta yer almaktadır.

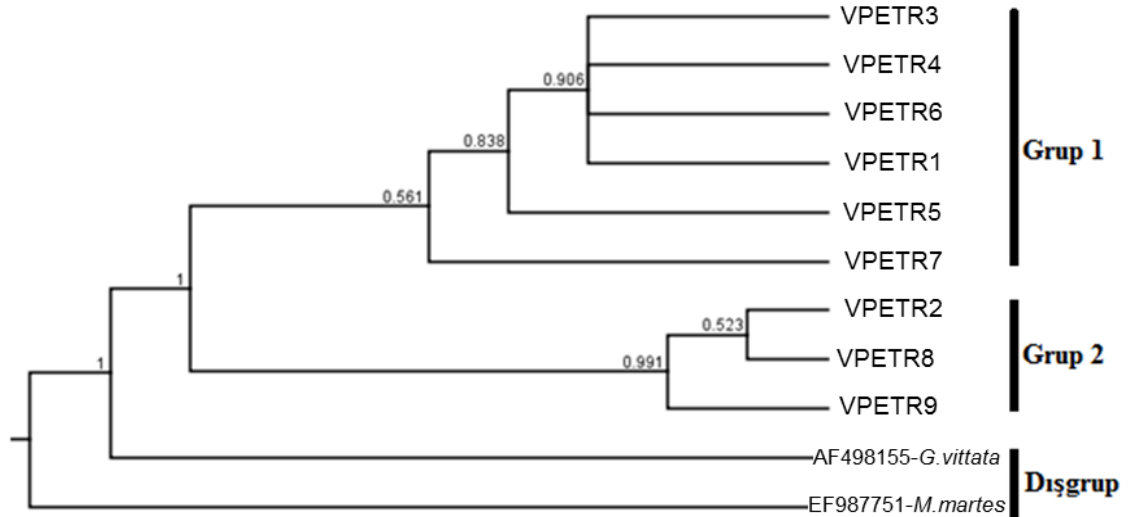


Şekil 3.20. *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.4.2.6. *Vormela peregusna* Türüne Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian Analizi

Geneious programına [179] entegre edilen MrBayes 3.1 [201] programında 305.000 jenerasyon ile HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi sonucunda oluşturulan BI (Bayesian Inference) ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 3.21’de gösterilmiştir. *G. vittata* ve *M. martes*’in dış grup olarak kullanıldığı BI ağacı (Şekil 3.21) ve olasılık değerleri incelendiğinde *V. peregusna* türüne ait tüm Türkiye haplotiplerin % 100’lük olasılık değeriyle desteklenmiş iki haplogrupta (Grup 1 ve Grup 2) NJ ağacına (Şekil 3.18) benzer şekilde kümелendiği görülmektedir. Haplogruplardan birincisinde (Grup 1) yer alan haplotipler, VPETR1 (Kayseri, Afyon, Aksaray, Konya, Kırşehir ve Yozgat), VPETR3 (Konya), VPETR4 (Konya), VPETR5 (Kars), VPETR6 (Niğde) ve VPETR7 (Edirne), % 56 olasılık değeri ile desteklenerek kümelenmiştir. BI ağacında Grup 1 içerisinde politomi görülmektedir. Bu durum populasyon içi veya populasyonlar arasında analiz edilen örnek azlığından veya ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfi) az olmasından kaynaklanmış olabilir. İkinci

haplogrup (Grup 1) ise % 99 olasılık değeri ile desteklenen VPETR2 (Çankırı, Konya), VPETR8 (Kayseri), VPETR9 (Konya) haplotiplerini içermektedir.



Şekil 3.21. *Vormela peregusna* türüne ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı

3.4.3. *Meles* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi

3.4.3.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması

MEGA5 programı [199] ve K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak elde edilen *Meles* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri, Tablo 3.15’de verilmiştir. Genetik uzaklık değerleri incelendiğinde en büyük genetik uzaklık değeri (0.054), *M. meles* türünde tespit edilen MEMETR1 (Trakya, Kırklareli) ile *M. canescens* türünde tespit edilen MECATR1 (Anadolu, Ankara), MECATR3 (Anadolu, Kars) ve MECATR4 (Anadolu, Diyarbakır) haplotipleri arasında gözlenmiştir. En küçük genetik uzaklık değeri ise 0.001 olarak *M. canescens* türünde tespit edilen MECATR2 (Adana, Iğdır) ile MECATR3 (Kars) ve MECATR4 (Diyarbakır) haplotipleri arasında tespit edilmiştir. *M. meles* ve *M. canescens* türlerine ait olduğu belirlenen haplotipler arasındaki ortalama genetik uzaklık değeri % 5.4’tür.

Trakya bölgesinden tespit edilen *M. meles* türüne ait MEMETR1 haplotipinin, Anadolu bölgesinden tespit edilen *M. canescens* haplotiplerinden genetik olarak farklı olduğu görülmektedir. Bu farklılık, Türkiye’nin Trakya ve Anadolu bölgelerinde *Meles* cinsine ait ayrı türlerin yayılış gösterdiği görüşünü desteklemektedir.

Tablo 3.15. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş *Meles* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri

	1	2	3	4	5
1. MECATR1	*				
2. MECATR2	0.004	*			
3. MECATR3	0.005	0.001	*		
4. MECATR4	0.004	0.001	0.002	*	
5. MEMETR1	0.054	0.053	0.054	0.054	*

3.4.3.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Meles cinsine ait Türkiye haplotiplerinin filogenetik analizi için en uygun baz değişim modeli, dış gruplu olarak MEGA5 [199] programı ile BIC model seçim taslağına göre HKY, AICc model seçim taslağına göre TN93+G belirlenmiştir. Dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre en iyi baz değişim modeli, HKY belirlenmiştir. jModelTest2 programı [202, 203] ile hem dış gruplu hem de dış grupsuz olarak BIC model seçim taslağına göre HKY, hem dış gruplu hem de dış grupsuz olarak AICc model seçim taslağına göre HKY+G belirlenmiştir. Önerilen tüm baz değişim modelleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerine sahip ağaç, HKY baz değişim modeli ile elde edilmiştir. Bundan dolayı *Meles* cinsinin Türkiye haplotiplerinin ML ve BI metotları ile yapılan filogenetik analizlerinde HKY [210] baz değişim modeli kullanılmıştır. Ayrıca, Neighbor Joining metodu ve Kimura-2-Parametre (K2P) baz değişim modeli [204] de kullanılmıştır.

3.4.3.3. *Meles* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi

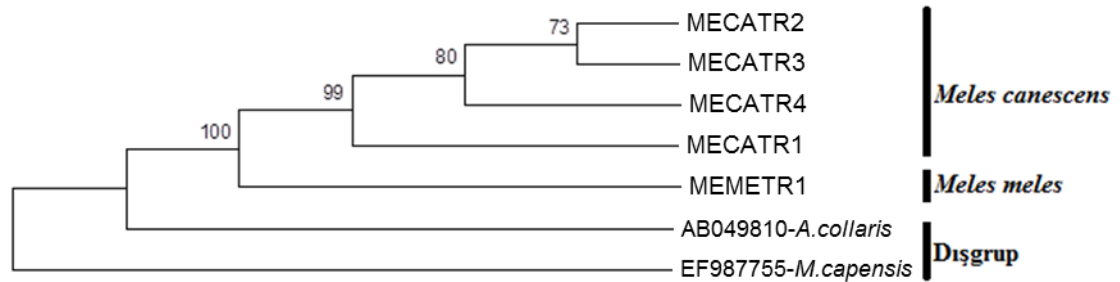
Bu çalışmada *Meles* cinsine ait Türkiye’den tespit edilen beş sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler, MEGA5 programında [199] Neighbor Joining algoritması [198] ve 10.000 tekrarlı (replikasyonlu) K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri Şekil 3.22’de gösterilmiştir. *Arctonyx collaris* ve *Mellivora capensis*’in dış grup olarak kullanıldığı NJ ağacı (Şekil 3.22) incelendiğinde *Meles* cinsine ait Türkiye’de iki ana haplogrubun olduğu görülmektedir. Bu iki ana haplogruptan birincisi, Anadolu haplotiplerinden (MECATR1: Ankara; MECATR2: Adana ve Iğdır; MECATR3: Kars ve MECATR4: Diyarbakır) oluşmakta ve *M. canescens* olarak isimlendirilmiştir. İkinci haplogrup Trakya’dan iki örnekte tespit edilen bir haplotipten (MEMETR1) oluşmuş ve *M. meles*



Şekil 3.23. *Meles* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.4.3.5. *Meles* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

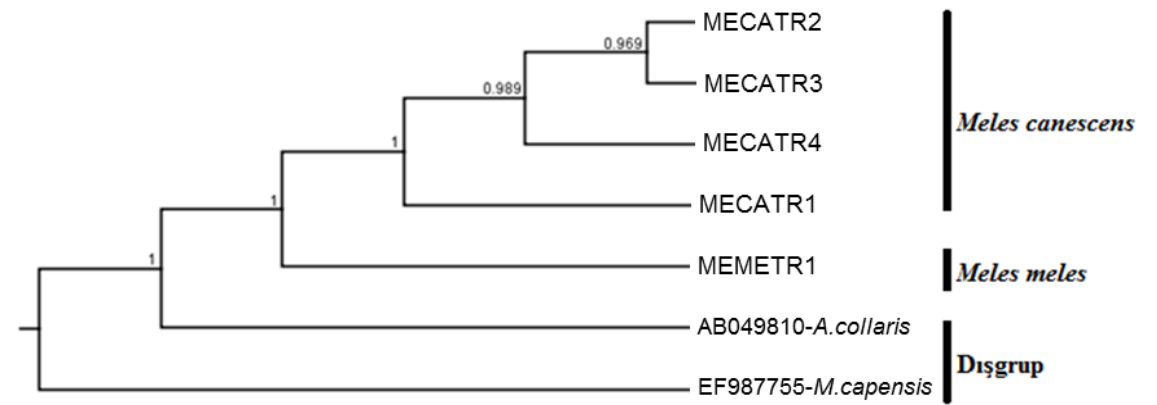
Meles cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya çıkarmak için MEGA5 programı [199] ile 1.000 tekrarlı HKY [210] baz değişim modeli kullanılarak yapılan maksimum likelihood (ML) analizi sonucunda elde edilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.24'te gösterilmektedir. Dış grup olarak *A. collaris* ve *M. capensis*'in kullanıldığı ML ağacının (Şekil 3.24) topolojisi, NJ (Şekil 3.22) ve MP (Şekil 3.23) ağaçlarının topolojisi ile aynı olduğu görülmektedir. ML ağacında beş haplotip, % 100 bootstrap değeri ile desteklenen iki ana haplogruba ayrılmaktadır (Şekil 3.24). Bunlardan ilki, Anadolu Bölgesi'nde yayılış gösteren *M. canescens* türüne ait haplotiplerden oluşmaktadır. İkincisi ise Türkiye'nin Trakya Bölgesi'nde yayılış gösteren *M. meles* türüne ait tek haplotipten oluşmaktadır (Şekil 3.24).



Şekil 3.24. *Meles* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.4.3.6. *Meles Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian Analizi*

Geneious programına [179] entegre dilen MrBayes 3.1 [201] programında 30.000 jenerasyon ile HKY [210] baz değişim modeli kullanılarak gerçekleştirilen Bayesian analizi sonucunda oluşturulan BI ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 3.25’de gösterilmiştir. Dış grup olarak *A. collaris* ve *M. capensis*’in kullanıldığı BI ağacının (Şekil 3.25) topolojisinin NJ (Şekil 3.22) ve MP (Şekil 3.23) ve ML (Şekil 3.24) ağaçlarının topolojileriyle aynı olduğu görülmektedir. BI ağacında *Meles* cinsinin beş haplotipi, % 100’lük olasılık değeri ile iki ana haplogruba ayrılmaktadır. Bunlardan birincisi yüksek olasılık değerleriyle desteklenen haplotipleri içeren Anadolu bölgesinde yayılış gösteren *M. canescens* türüdür. İkincisi ise tek haplotipi içeren Türkiye’nin Trakya Bölgesi’nde yayılış gösteren *M. meles* türüdür (Şekil 3.25).



Şekil 3.25. *Meles* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı

3.4.4. *Mustela Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Filogenetik Analizi*

3.4.4.1. Haplotipler Arasındaki Genetik Uzaklığın Hesaplanması

Mustela cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki, MEGA5 programında [199] K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak elde edilen genetik uzaklık değerleri, Tablo 3.16’da verilmiştir. Genetik uzaklık değerleri incelendiğinde en büyük genetik uzaklık değeri (0.090 / % 9), MUPUTR1 (Trakya, Kırklareli-*M. putorius*) ile MUNIVTR1 (Trakya, Kırklareli-*M. nivalis*) haplotipleri arasında görülmektedir. En küçük genetik uzaklık değeri ise 0.002 (% 0.2) olarak MUNIVTR3 (Bursa, *M. nivalis*) ile MUNIVTR4 (Kars, *M. nivalis*) haplotipleri arasında tespit edildi. *M. nivalis* türü içerisindeki en büyük genetik uzaklık değeri (0.011 / % 1.1), MUNIVTR5 (Kars) ile MUNIVTR1 (Tekirdağ) ve MUNIVTR3 (Bursa) haplotipleri arasında ortalama genetik uzaklık

değeri 0.007 (% 0.7) olarak tespit edildi. Genetik uzaklık değerlerine göre *M. nivalis* türü içerisinde nispeten yüksek bir genetik farklılığın olduğu görülmektedir.

Tablo 3.16. Kimura 2-Parametre baz değişim modeli kullanılarak oluşturulmuş *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri

	1	2	3	4	5	6	7
1. MUNIVTR1	*						
2. MUNIVTR2	0.008	*					
3. MUNIVTR3	0.009	0.006	*				
4. MUNIVTR4	0.007	0.004	0.002	*			
5. MUNIVTR5	0.011	0.008	0.011	0.009	*		
6. MUNIVTR6	0.008	0.004	0.006	0.004	0.010	*	
7. MUPUTR7	0.090	0.085	0.086	0.088	0.084	0.089	*

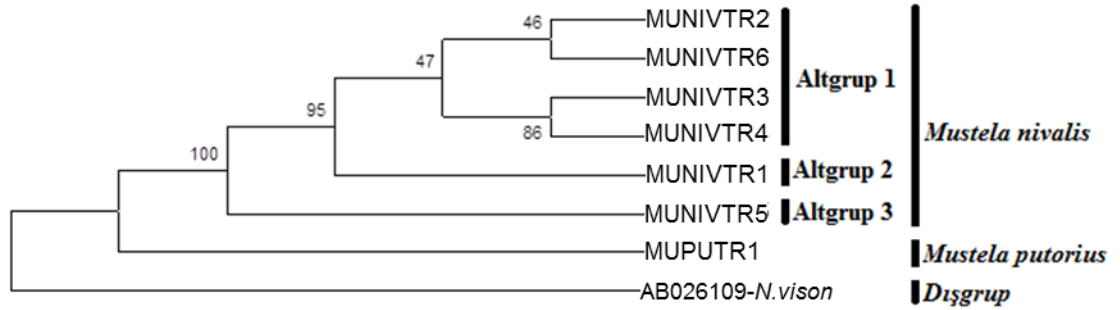
3.4.4.2. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Mustela cinsine ait Türkiye haplotiplerinin filogenetik analizi için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] ve jModelTest2 programları [202, 203] ile dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY+G belirlenmiştir. AICc seçim taslağına göre MEGA5 [199] programı ile TN93+G, jModelTest2 programında [202, 203] ise GTR+G belirlenmiştir. Dış grupsuz olarak BIC ve AIC seçim taslaklarına göre MEGA5 [199] programı ile HKY+G, jModelTest2 programıyla [202, 203] ise HKY+I belirlenmiştir. *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotiplerinin BI ve ML metotları ile filogenetik analizi için en yüksek bootstrap değerlerini verdiğinden HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılmıştır. Ayrıca, Neighbor Joining metodu [198] ile Kimura-2-Parametre (K2P) baz değişim modeli [204] de kullanılmıştır.

3.4.4.3. *Mustela* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Neighbor Joining Analizi

Mustela cinsine ait Türkiye örnekleri arasında tespit edilen yedi sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler, MEGA5 programında [199] Neighbor Joining algoritması [198] ve 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeline [204] göre üretilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri Şekil 3.26'da gösterilmektedir. Dış grup olarak *N. vison*'un kullanıldığı NJ ağacında (Şekil 3.26) *Mustela* cinsine ait Türkiye'de iki ana haplogrup olduğu görülmektedir. Birincisi, % 100'lük bootstrap değeri ile Türkiye'deki *M. nivalis* türüne ait haplotipleri içermekte ve üç alt haplogrupa ayrılmaktadır. Bu alt haplogruplardan birincisi MUNIVTR2 (Ordu), MUNIVTR3 (Bursa), MUNIVTR4 (Kars) ve MUNIVTR6 (Yalova) haplotiplerini, ikincisi MUNIVTR1 (Tekirdağ) haplotipini ve üçüncüsü ise MUNIVTR5 (Kars)

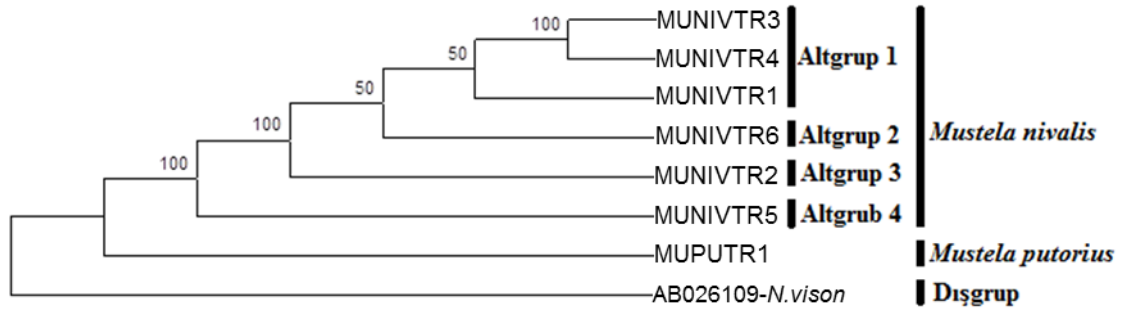
haplotipini içermektedir. İkinci ana haplogrup ise tek haplotipe sahip olup Türkiye'nin Trakya kısmında yayılış gösteren *M. putorius* türüne aittir (Şekil 3.26).



Şekil 3.26. *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.4.4.4. *Mustela* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

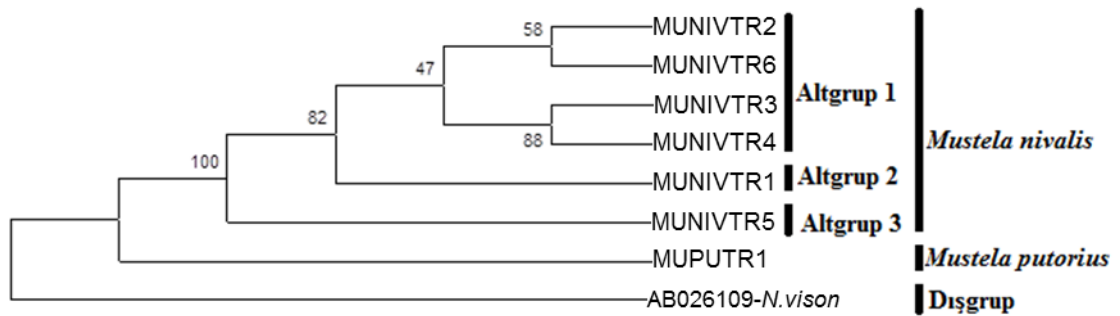
Mustela cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmak için MEGA5 programı [199] ile yapılan 10.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi sonucunda elde edilen MP ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.27'de gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analizi sonucunda ağaç uzunluğu (TL, tree lenght) 213, tutarlılık indeksi (CI, consistency index) 0.8571 ve koruma indeksi (RI, retention index) 0.8507 olan eşit olasılıkta dört parsimonik ağaç üretilmiştir. Dış grup olarak *N. vison*'un kullanıldığı parsimonik ağaçları özetleyen ağaç (Şekil 3.27) incelendiğinde NJ ağacı (Şekil 3.26) ile farklı bir topolojiye sahip olduğu görülmektedir. MP ağacında (Şekil 3.27) yedi haplotip iki ana haplogrubuna ayrılmakta, bu ana gruplardan ilki *M. nivalis* türüne ait haplotipleri içermekte olup kendi içerisinde dört altgruba ayrılmaktadır. Bunlardan birincisi MUNIVTR1 (Tekirdağ), MUNIVTR3 (Bursa) ve MUNIVTR4 (Kars) haplotiplerini, ikincisi MUNIVTR6 (Yalova), üçüncüsü MUNIVTR2 (Ordu) ve dördüncüsü MUNIVTR5 (Kars) haplotipini içermektedir. İkinci ana halogrup ise tek haplotipten ibaret olup Türkiye'nin Trakya bölgesinde yayılış gösteren *M. putorius* türüne aittir. MP ağacındaki haplotipler, % 50'nin üzerindeki bootstrap değerleriyle desteklenmektedir (Şekil 3.27).



Şekil 3.27. *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.4.4.5. *Mustela* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

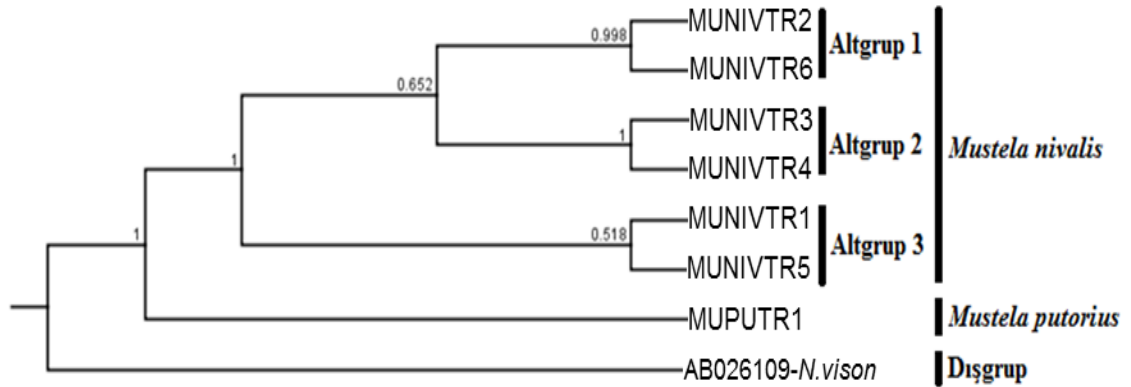
Mustela cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri göstermek için MEGA5 programı [199] ile 10.000 tekrarlı (replikasyon) HKY+G baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan Maksimum Likelihood analizi sonucunda elde edilen ML ağacı ve dalların bootstrap değerleri, Şekil 3.28’de gösterilmiştir. Dış grup olarak *N. vison*’un kullanıldığı ML ağacı (Şekil 3.28) incelendiğinde NJ ağacı (Şekil 3.26) ile aynı topolojiye sahip olduğu görülmektedir. ML ağacında *Mustela* cinsine ait yedi haplotip, iki ana haplogruba ayrılmaktadır. Bu ana haplogrublardan biri, *M. nivalis* türüne diğeri ise *M. putorius* türüne aittir (Şekil 3.28).



Şekil 3.28. *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.4.4.6. *Mustela* Cinsine Ait Türkiye Haplotiplerinin Bayesian Analizi

Mustela cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmak için Geneious programına [179] entegre edilen MrBayes 3.1 programında [201] 95.000 jenerasyon ile HKY+G baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan Bayesian analizi sonucunda elde edilen Bayesian (BI) ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 3.29’da gösterilmektedir. Dış grup olarak *N. vison*’un kullanıldığı BI ağacı ve olasılık değerleri incelendiğinde *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotiplerinin NJ (Şekil 3.26), MP (Şekil 3.27) ve ML (Şekil 3.28) ağaçlarında olduğu gibi % 100 olasılık değeri ile desteklenen *M. nivalis* ve *M. putorius* türlerine ait haplotiplerden oluşan iki ana haplogruba ayrıldığı görülmektedir. Bununla beraber *M. nivalis* türüne ait haplotipler, üç altgrupta kümelenmesine rağmen NJ (Şekil 3.26), MP (Şekil 3.27) ve ML (Şekil 3.28) ağaçlarından farklı kümelenme göstermektedir (Şekil 3.29). Birinci altgrupta MUNIVTR2 (Ordu) ve MUNIVTR6 (Yalova) haplotipleri yer almakta ve % 99.8 olasılık değeriyle desteklenmektedir. İkinci altgrupta % 100 olasılık değeriyle desteklenen MUNIVTR3 (Bursa) ve MUNIVTR4 (Kars) haplotipleri ve üçüncü altgrupta ise % 51.8 olasılık değeriyle desteklenen MUNIVTR1 (Tekirdağ) ve MUNIVTR5 (Kars) haplotipleri birlikte gruplanmıştır (Şekil 3.29).



Şekil 3.29. *Mustela* cinsine ait Türkiye haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı

3.5. Bu Çalışmada Tespit Edilen Türkiye Haplotipleri ile Gen Bankası'ndan Elde Edilen Sitokrom *b* Gen Bölgesi Haplotiplerinin Birlikte Filogenetik ve Network Analizleri

3.5.1. *Martes* cinsi

3.5.1.1. *Martes foina* ve *Martes martes* Türlerine Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik Analizi

Bu çalışmada Türkiye'den tespit edilen *Martes foina* türüne ait 24 haplotip ile Gen Bankası'ndan elde edilen *M. foina* türüne ait 10 adet ve *M. martes* türüne ait 11 adet toplamda 45 (24 Türkiye + 21 Gen Bankası) adet sitokrom *b* (1.140 bç) dizisinden oluşturulan veri seti, DnaSP [197] programı ile analiz edilmiştir. Analiz sonucunda 34 adet (28 *Martes foina*, 6 *Martes martes*) sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. *M. foina* türüne ait haplotiplerin dağılımı incelendiğinde Türkiye'de 21 örnekte görülen en yaygın ikinci haplotip olan MFOTR2 ile EF689071 erişim numaralı İspanya, EF689070 ve EF689069 Portekiz dizilerinin ile aynı haplotip olduğu tespit edildi. Türkiye için bu çalışmada elde edilen 23 sitokrom *b* haplotip yeni olup bu çalışmada ilk kez tespit edilmiştir. Tüm sitokrom *b* haplotiplerini içeren veri setine MEGA5 [199] programı ile Tajima'nın Nötralite Testi uygulanmıştır (Tablo 3.17). 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* haplotiplerinden oluşan veri setinin 131 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiştir (% 11.49). Bu bölgelerden 105 tanesi (% 80.15), parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.17. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
45	131	0.114912	0.026279	0.031409	0.708258

3.5.1.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Martes foina ve *Martes martes* türlerine ait 34 sitokrom *b* (1.140 bç) haplotipinin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] programı ile BIC model seçim taslağına göre dış gruplu ve dış grupsuz olarak HKY+G belirlenirken AICc model seçim taslağına göre ise TN93+G belirlenmiştir. jModelTest2 programı [202, 203] ile dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY+G, AICc model seçim taslağına göre HKY+I+G, dış grupsuz olarak BIC ve AICc model

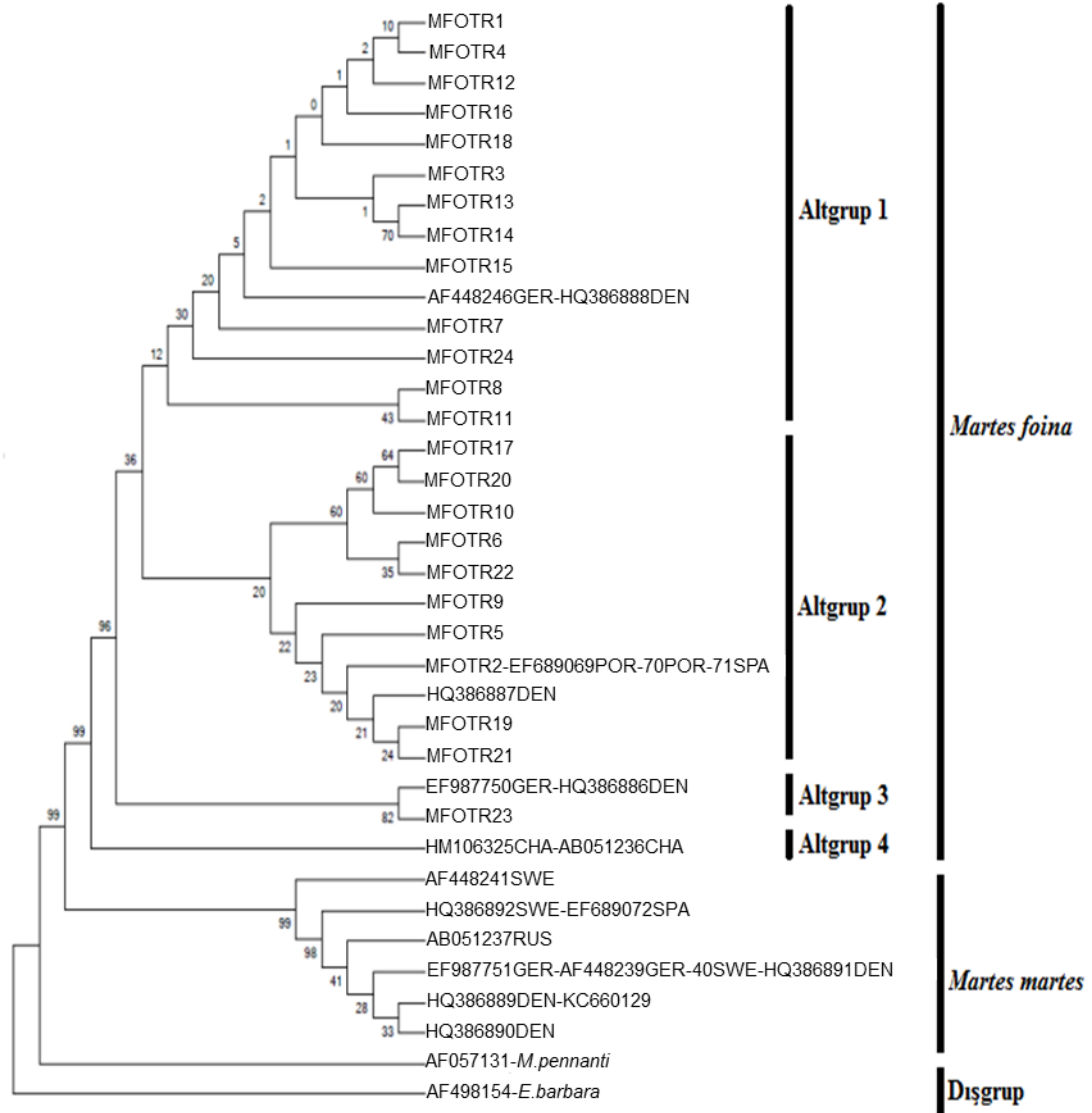
seçim taslaklarına göre HKY+I belirlenmiştir. Belirlenen tüm modeller kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlere sahip ağaç, HKY+G modeli ile oluşturulmuştur. Bu çalışmaya dahil edilen *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotiplerin filogenetik analizleri, HKY+G [210] baz değişim modelinin seçildiği BI ve ML metotları ile birlikte MP metodu, ayrıca K2P baz değişim modelinin [204] seçildiği NJ metodu kullanılarak yapıldı.

3.5.1.1.2. *Martes foina* ve *Martes martes* Türlerine Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

M. foina ve *M. martes* türlerine ait 34 sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmak için MEGA5 programıyla [199] K2P baz değişim modeli [204], Neighbor Joining algoritması [198] ve *Martes pennati* ile *Eira barbara*'nın dış grup kullanılarak elde edilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.30'da gösterilmiştir. NJ ağacı (Şekil 3.30) incelendiğinde haplotiplerin % 99'luk bootstrap değerleriyle birbirinden bağımsız iki ana haplotip grubuna ayrıldığı görülmektedir. Bu gruplardan birincisi *M. foina*, ikincisi *M. martes* türlerine ait haplotipleri içermektedir.

M. foina içerisindeki tüm haplotipler, % 99'luk bootstrap değeriyle desteklenmiş olup kendi içerisinde dört altgrupta kümelenmişlerdir (Şekil 3.30). Birinci altgrup, % 12 düşük bootstrap değeriyle desteklenmekte ve geriye kalan 13 Türkiye haplotipi ile AF448246 (Almanya) ve HQ386888 (Danimarka) erişim numaralı örnekler için haplotipleri içermektedir. Bu altgrup içerisinde MFOTR1 ve MFOTR4 haplotipleri birlikte, MFOTR13 ve MFOTR14 haplotipleri birlikte, MFOTR8 ve MFOTR11 haplotipleri de birlikte bağlandıkları görülmektedir. İkinci altgrup, % 20'lik düşük bootstrap değeriyle desteklenmekte ve Türkiye'de görülen en yaygın ikinci haplotip olan ve EF689069 ve EF689070 erişim numaralı Portekiz ile EF689071 erişim numaralı İspanya örnekleriyle aynı baz dizisine sahip olan MFOTR2 ile MFOTR5, MFOTR6, MFOTR9, MFOTR10, MFOTR17, MFOTR19, MFOTR20 MFOTR21, MFOTR22 ve HQ386887 (Danimarka) haplotiplerinden oluşmaktadır. Üçüncü altgrup, % 82 bootstrap değeriyle desteklenmekte ve MFOTR23 (Tekirdağ) haplotipi ile EF987750 (Almanya) ve HQ386886 (Danimarka) erişim numaralı örneklerin ait olduğu haplotipten oluşurken dördüncü altgrup ise, HM106325 ve AB051236 Çin örneklerine ait olan haplotipten

oluşturmakta ve bazaldan bağlanmıştır (Şekil 3.30). *M. martes* haplotiplerinden oluşan haplotip grubu % 99 bootstrap değeri ile desteklenmektedir (Şekil 3.30).

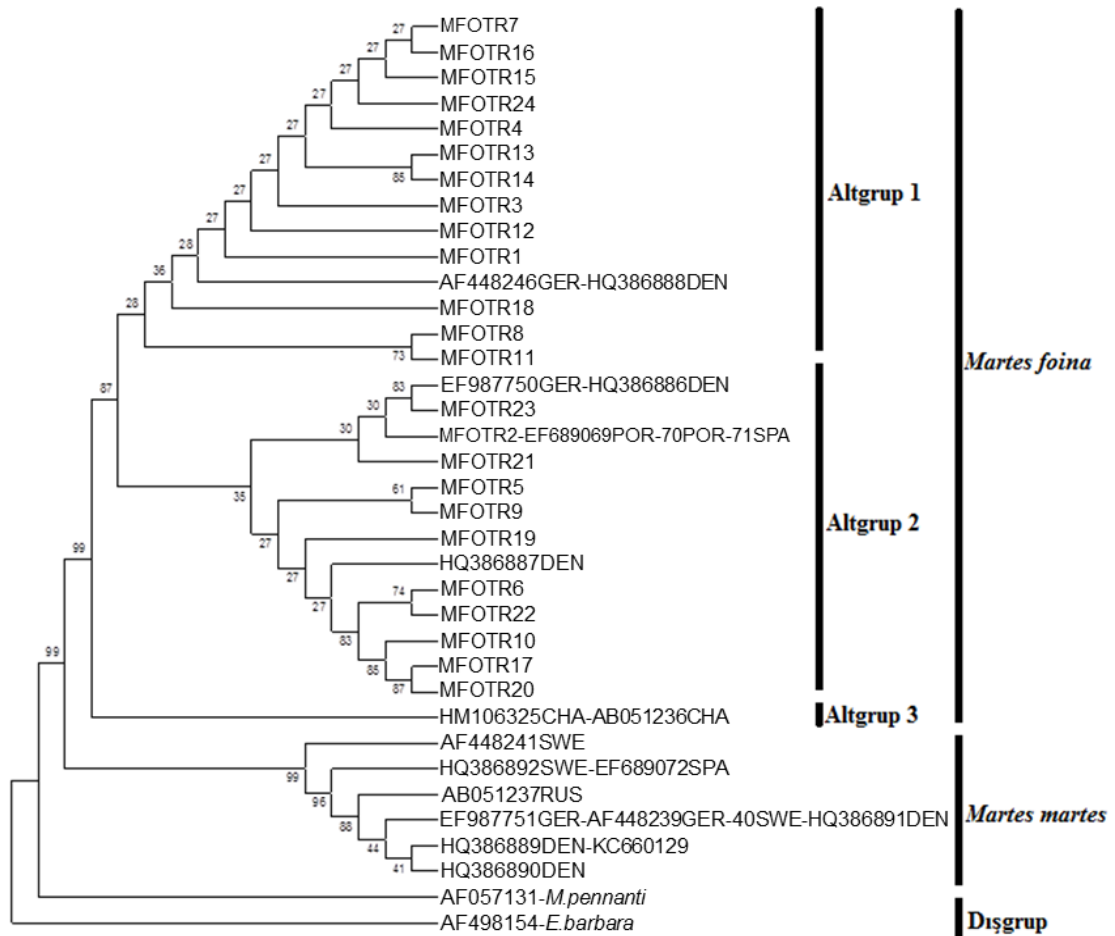


Şekil 3.30. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foinea* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.1.1.3. *Martes foinea* ve *Martes martes* Türlerine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Martes cinsinin iki türüne ait sitokrom *b* haplotiplerinin Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi, MEGA5 programı [199] ile 10.000 tekrarlı (replikasyon) olarak yapıldı ve en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.31'de gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analiz sonucunda ağaç uzunluğu 380, tutarlılık indeksi 0. 6743 ve koruma indeksi 0. 8804 olan eşit olasılıkta altı parsimonik ağaç üretilmiştir.

M. pennati ile *E. barbara*'nın dış grup olarak kullanıldığı parsimoni ağacının (MP) (Şekil 3.31) NJ ağacı (Şekil 3.30) ile nispeten benzer bir topolojiye sahip olduğu ve *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotiplerden oluşan iki ana haplogruba ayrıldığı görülmektedir. MP ağacında (Şekil 3.31) *M. foina* türüne ait haplotiplerin, NJ ağacından (Şekil 3.30) farklı olarak kendi içerisinde dört altgrup yerine üç altgrupta toplandığı görülmektedir. NJ ağacında (Şekil 3.30) ayrı kümelenen MFOTR23 (Tekirdağ) haplotipi ile EF987750 (Almanya) ve HQ386886 (Danimarka) erişim numaralı örneklerle ait haplotip, MP ağacında (Şekil 3.31) MFOTR2, MFOTR5, MFOTR6, MFOTR9, MFOTR10, MFOTR17, MFOTR19, MFOTR20 MFOTR21, MFOTR22, HQ386887 (Danimarka) haplotipleri ile birlikte kümelenmiştir. *M. martes* türüne ait haplotiplerin kümelenmesi (Şekil 3.31), NJ ağacındakine (Şekil 3.30) benzerlik göstermektedir.

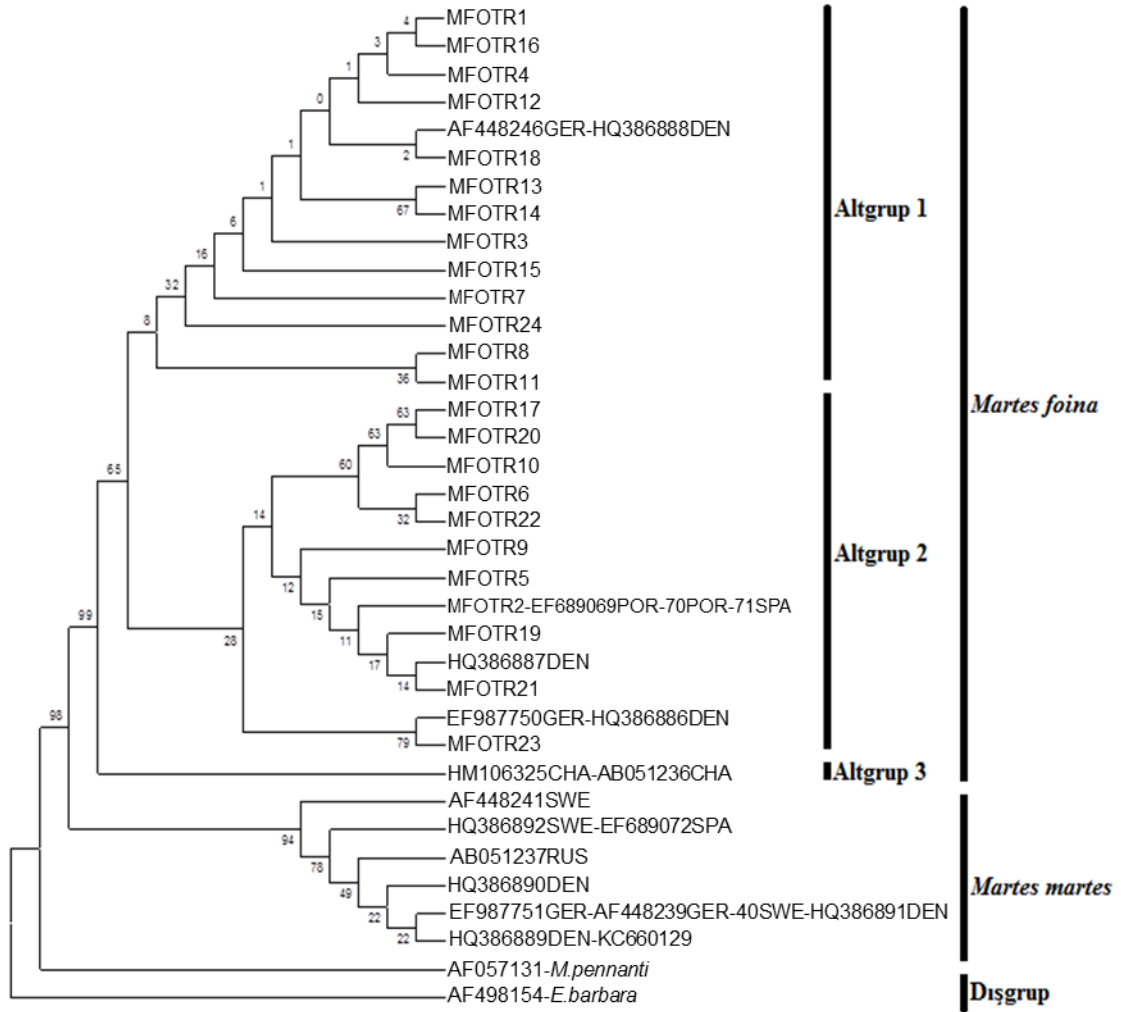


Şekil 3.31. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.5.1.1.4. *Martes foina* ve *Martes martes* Türlerine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Türkiye örneklerinden ve Gen Bankası'ndan elde edilen *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkileri göstermek için MEGA5 programıyla [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) olarak HKY+G baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan Maksimum Likelihood (ML) (olasılık) analizi sonucunda üretilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.32'de gösterilmiştir. *M. pennati* ile *E. barbara*'nın dış grup olarak kullanıldığı ML ağacının topolojisi (Şekil 3.32) incelendiğinde *M. foina* ve *M. martes* türleri için elde edilen MP ağacı (Şekil 3.31) ile benzer topolojiye sahip olduğu ve *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotiplerden oluşan iki ana haplogruba ayrıldığı görülmektedir. *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotiplerin oluşturduğu iki ana haplogrup, % 98 bootstrap değeri ile desteklenmektedir. *M. foina* türüne ait haplotipleri içeren haplogrup, kendi içinde üç altgruba ayrılmaktadır. *M. foina* türüne ait olduğu tespit edilen Türkiye haplotipleri, % 65 bootstrap değeri ile desteklenen iki alt grubun içerisinde yer almaktadır. *M. foina* türünün üçüncü alt grubu tek haplotipten oluşmaktadır (Şekil 3.32).

M. martes türüne ait haplotiplerden oluşan ikinci ana haplogrubun % 94 bootstrap değeri ile desteklendiği görülmektedir (Şekil 3.32).



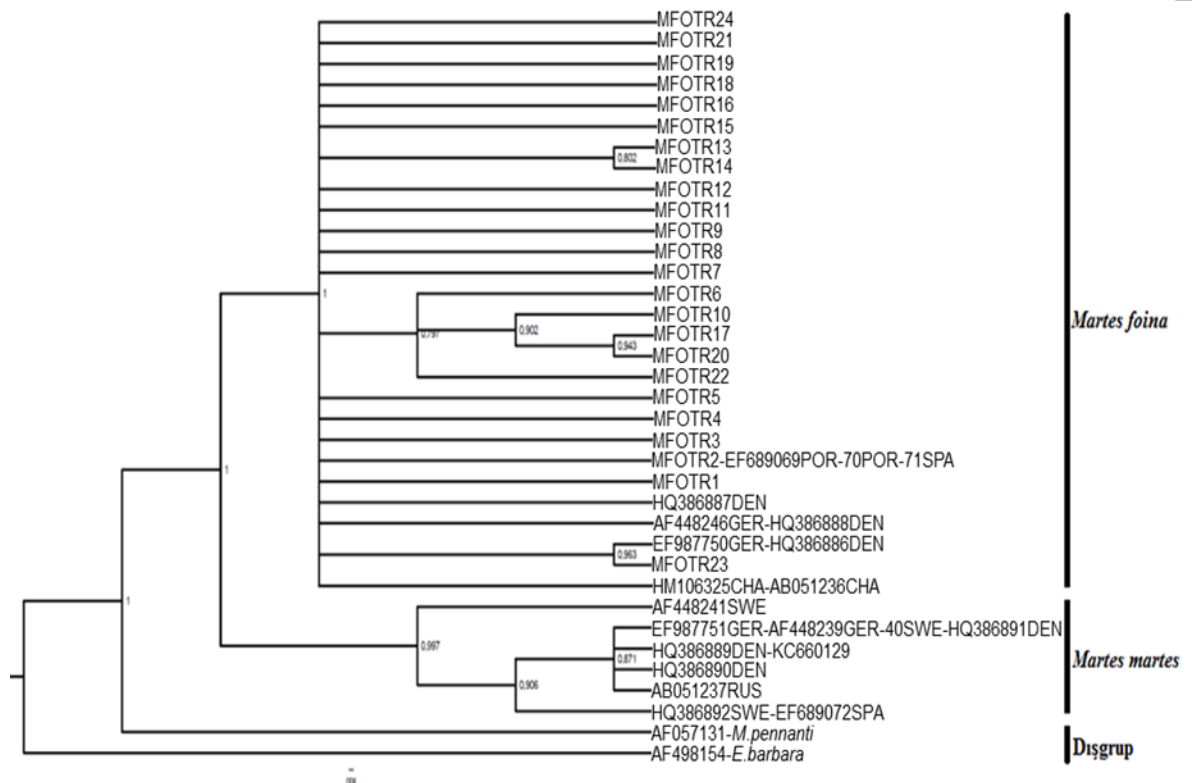
Şekil 3.32. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.5.1.1.5. *Martes foina* ve *Martes martes* Türlerine Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi

MrBayes 3.1 programı [201] ile 600.000 jenerasyon ve HKY+G baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan Bayesian analizi sonucunda oluşturulan Bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.33'de gösterilmektedir. *M. pennanti* ile *E. barbara*'nın dış grup olarak kullanıldığı BI ağacı (Şekil 3.33) incelendiğinde *M. foina* ve *M. martes* türlerine ait haplotiplerinden oluşan iki ana haplogrup, % 100 olasılık değeriyle desteklenmektedir. Birinci haplogrup içerisindeki *M. foina* haplotipleri, % 100 olasılık değeriyle kümelenmesine rağmen yaygın bir politomi göstermektedir. Bu durum popülasyon içi ve popülasyon arası daha fazla örneğin analizlerde kullanımı ile

ortadan kalkabilir veya ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfi) az olmasından kaynaklanmış olabilir. Politomi gösteren haplotipler dışında yaklaşık olarak % 80 ve % 96 olasılık değerleriyle desteklenen altgruplar da görülmektedir (Şekil 3.33). BI ağacında (Şekil 3.33), Türkiye’de tespit edilen haplotiplerden MFOTR13 ve MFOTR14 (Afyon) % 80.2 olasılık değeriyle, MFOTR6 (Tokat, Konya, Denizli), MFOTR10 (Kırşehir, Konya), MFOTR17 (Gümüşhane), MFOTR20 (Tokat) ve MFOTR22 (Kayseri) haplotipleri, % 79.7’lik olasılık değeriyle ve MFOTR23 (Tekirdağ) haplotipi ile EF987750 (Almanya) ve HQ386886 (Danimarka) erişim numaralı örneklerle ait haplotip, % 96.3 olasılık değeri ile desteklenmekte ve birlikte kümelenmektedir.

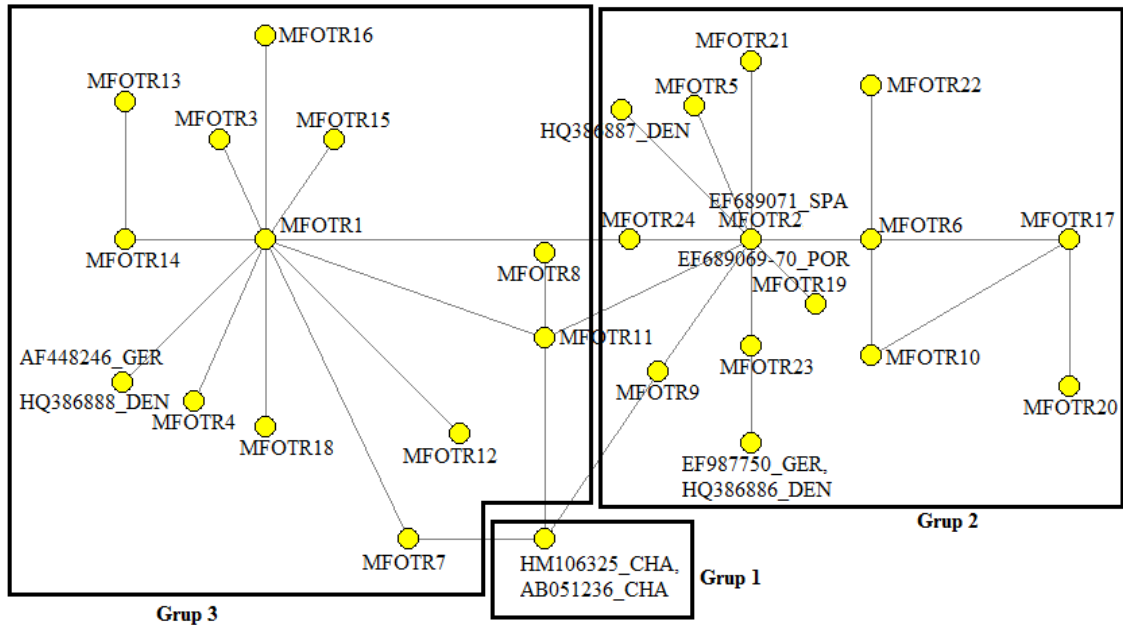
M. martes’e ait haplotiplerden ikinci ana haplogrup içerisinde diğer filogenetik ağaçlardan farklı olarak % 99.7 olasılık değeriyle desteklenen iki alt grubun olduğu ve AF448241 (İsveç) haplotipinin diğer haplotiplerden ayrıldığı görülmektedir (Şekil 3.33).



Şekil 3.33. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Martes foinea* ve *Martes martes* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen BI ağacı

3.5.1.1.6. *Martes foina* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi

Martes foina türünün tür içi soy ağacını daha iyi ortaya çıkarmak için Median-joining metodu [206] kullanılarak networkü elde edilmiştir (Şekil 3.34). Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen *M. foina* haplotipleri Median-joining networkünde, MP (Şekil 3.31) ve ML (Şekil 3.32) ağaçlarında olduğu gibi üç grupta kümelenmiştir. HM106325-AB051236 (Çin) erişim numaralı örneklere ait haplotip tek başına kümelenirken, geri kalan 27 haplotip iki büyük grup içerisinde yer almışlardır. *M. foina*'nın haplotip networkü (Şekil 3.34) incelendiğinde Türkiye örneklerinin iki grup içerisinde yer aldığı görülmektedir.



Şekil 3.34. Bu çalışmada tespit edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Martes foina* türüne ait sitokrom *b* haplotiplerinin Median-joining networkü.

3.5.2. *Vormela cinsi*

3.5.2.1. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian, ML, MP ve NJ Metotları Kullanılarak Filogenetik Analizi

Bu çalışmada Türkiye'den tespit edilen *V. peregusna* türüne ait dokuz haplotip ile Gen Bankası'ndan elde edilen on adet sitokrom *b* (1.140 bç) dizisinden oluşturulan veri seti, analiz edilmiş ve 16 adet sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. *V. peregusna* türüne ait haplotiplerin dağılımı incelendiğinde Türkiye'de sekiz örnekte tespit edilen ve en yaygın haplotip olan VPETR1 haplotipi ile AB564108 ve EF581357 erişim numaralı Ermenistan örnekleri aynı baz dizisine sahip olduğu görülmüştür. Türkiye'den elde edilen diğer sekiz haplotip ise ilk kez bu çalışmada belirlenmiştir. Tüm haplotipleri

içeren veri setine, MEGA5 [199] programı ile Tajima'nın Nötralite Testi uygulandı (Tablo 3.18). Elde edilen 1.140 baz çifti uzunluğundaki veri setinin 17 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlemlendi (% 1.49). Bu bölgelerden 9 tanesi (% 52.94) parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.18. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
19	17	0.014938	0.004274	0.003196	-0.955339

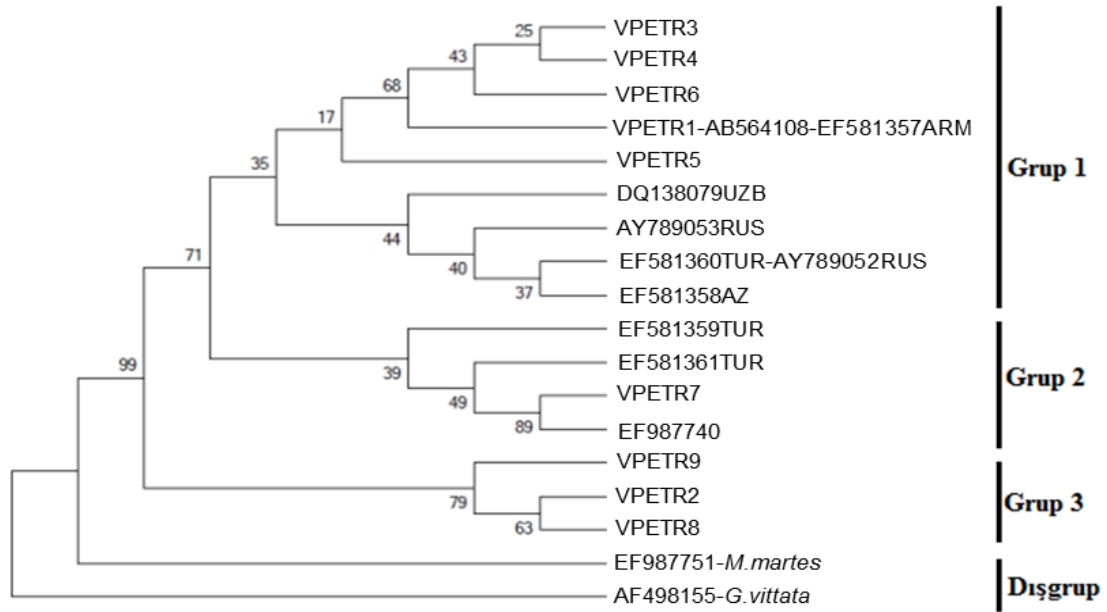
3.5.2.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Vormela peregusna'ya ait 16 haplotipten oluşan veri seti için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] programıyla dış gruplu olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY+G [210], dış grupsuz olarak BIC model seçim taslağına göre HKY, AICc model seçim taslağına göre ise HKY+G belirlenmiştir. jModelTest2 programıyla [202, 203] ise dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY+G, AICc model seçim taslağına göre GTR+G, dış grupsuz olarak ise BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY belirlenmiştir. Belirlenen tüm baz değişim modelleri kullanılarak oluşturulan ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerli ağaç, HKY+G baz değişim modeli ile elde edilmiştir. *V. peregusna* haplotiplerini içeren veri seti için yapılan filogenetik analizlerde ML ve BI metotları ve HKY+G [210] baz değişim modeli ile NJ metodu ve K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak yapılmıştır.

3.5.2.1.2. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

Bu çalışmada *V. peregusna* türüne ait 16 sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler, MEGA5 programında [199], K2P baz değişim modeli [204] ve Neighbor Joining algoritması [198] kullanılarak oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.35'te gösterilmiştir. Dışgrup olarak *Martes martes* ve *Galictis vittata*'nın kullanıldığı NJ ağacı (Şekil 3.35) incelendiğinde *V. peregusna* türüne ait haplotipler, % 35 ile % 79 arasında değişen bootstrap değeriyle desteklenen üç haplogruba ayrılmaktadır. Bunlardan Grup 1, % 35 düşük bootstrap değeriyle desteklenmekte Özbekistan, Rusya, Türkmenistan, Azerbaycan, Ermenistan ve Türkiye (VPETR1: Kayseri, Afyon, Aksaray, Konya, Kırşehir, Yozgat; VPETR3: Konya;

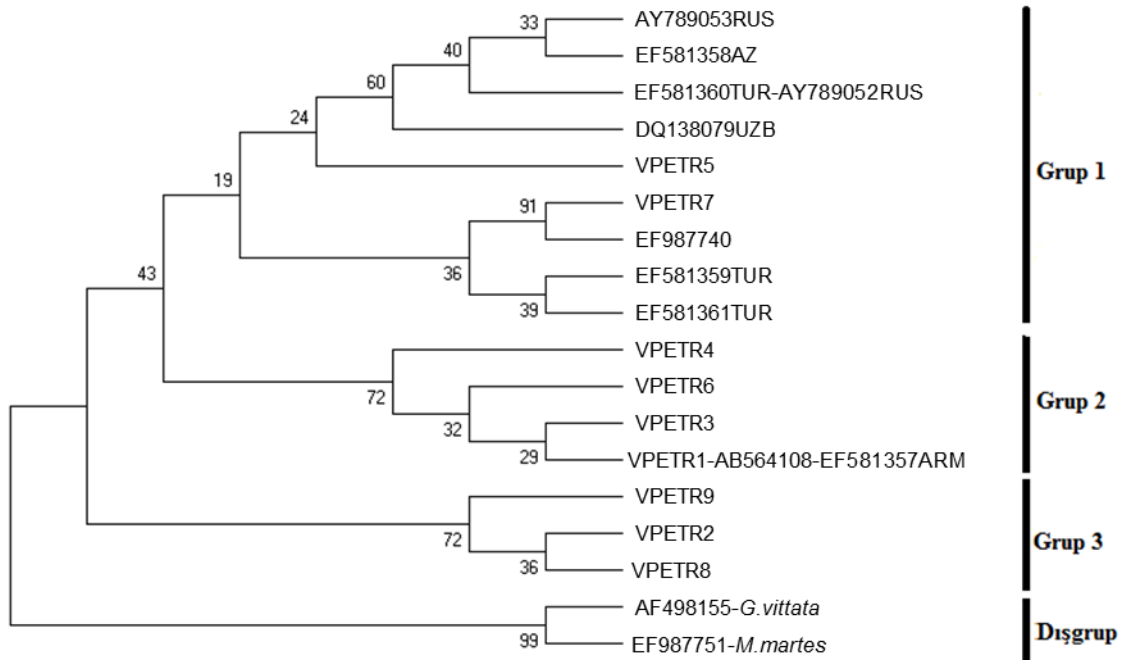
VPETR4: Konya VPETR5: Kars ve VPETR6: Niğde) haplotiplerinden oluşmaktadır. Grup 2 ise % 39 düşük bootstrap değeriyle desteklenmekte ve VPETR7 (Edirne), bilinmeyen lokasyona ait EF987740 ve Türkmenistan'dan EF581359 ve EF58136 haplotiplerini içermektedir. Son haplogrup olan Grup 3 ise, sadece Türkiye'den VPETR2 (Çankırı, Konya), VPETR8 (Kayseri) ve VPETR9 (Konya) haplotiplerinden oluşmakta ve % 79'luk bootstrap değeri ile desteklenmektedir.



Şekil 3.35. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.2.1.3. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

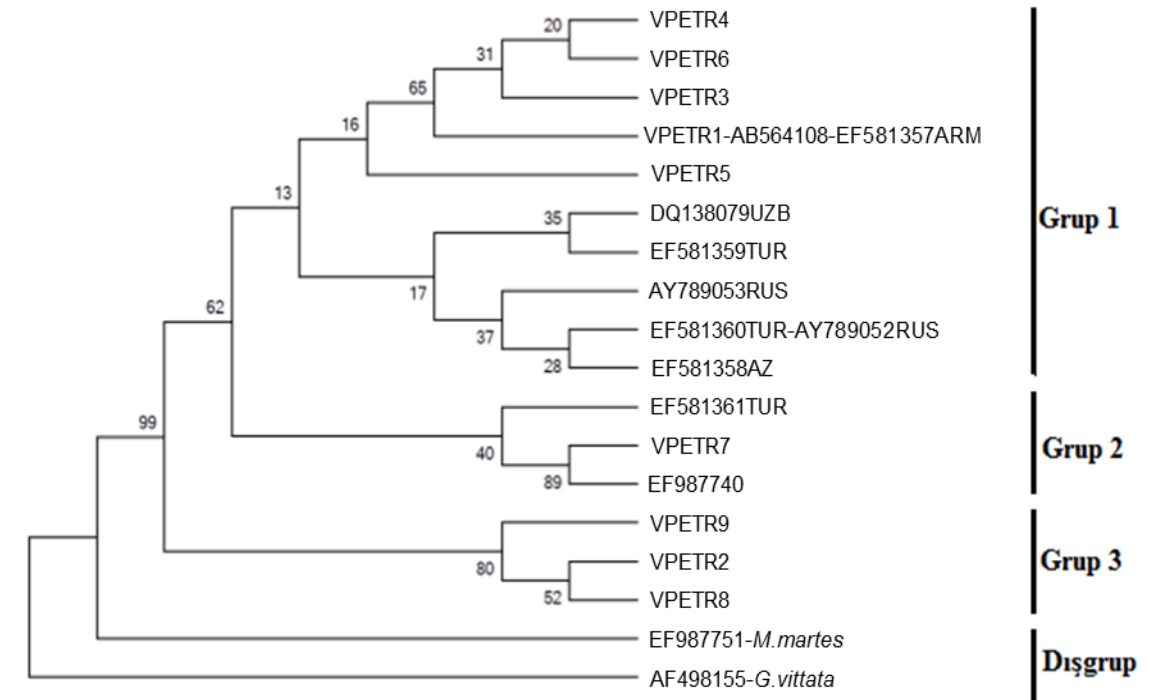
Vormela peregusna türüne ait sitokrom *b* haplotiplerinin 10.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi, MEGA5 programı [199] ile yapılmış ve en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.36'da gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analiz sonucunda ağaç uzunluğu 273, tutarlılık indeksi 0.9655 ve koruma indeksi 0.9674 olan eşit olasılıkta 16 parsimonik ağaç üretilmiştir. Dışgrup olarak *M. martes* ve *G. vittata*'nın kullanıldığı parsimonik ağaç (Şekil 3.36) incelendiğinde NJ ağacında (Şekil 3.35) olduğu gibi MP ağacında da *V. peregusna* türüne ait tüm haplotipler, üç grupta toplanmıştır. Üç haplogrubu destekleyen bootstrap değerleri % 19 ile % 72 arasında değişmektedir.



Şekil 3.36. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türlerine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.5.2.1.4. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen *V. peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişiyi göstermek için MEGA5 programında [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) HKY+G [210] baz değişim modeli kullanılarak yapılan maksimum likelihood analizi (ML) sonucunda elde edilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.37'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *M. martes* ve *G. vittata*'nın kullanıldığı ML ağacı (Şekil 3.37) incelendiğinde NJ (Şekil 3.35) ağacı ile aynı topolojiye sahip olup ve MP ağacından (Şekil 3.36) özellikle VPETR5 haplotipin bağlanma yeri bakımından farklılık görülmektedir. Haplotipler % 13 ile % 80 arasında değişen nispeten düşük bootstrap değerleriyle desteklenen üç gruba ayrıldığı görülmektedir. Bu gruplardan birincisi, Özbekistan, Rusya, Türkmenistan, Azerbaycan, Ermenistan ve Türkiye haplotiplerini içermektedir. İkinci grup, Türkiye, bilinmeyen bir lokasyon ve Türkmenistan'dan haplotipleri içerirken üçüncü grubun ise sadece Türkiye haplotiplerinden oluştuğu görülmektedir (Şekil 3.37).



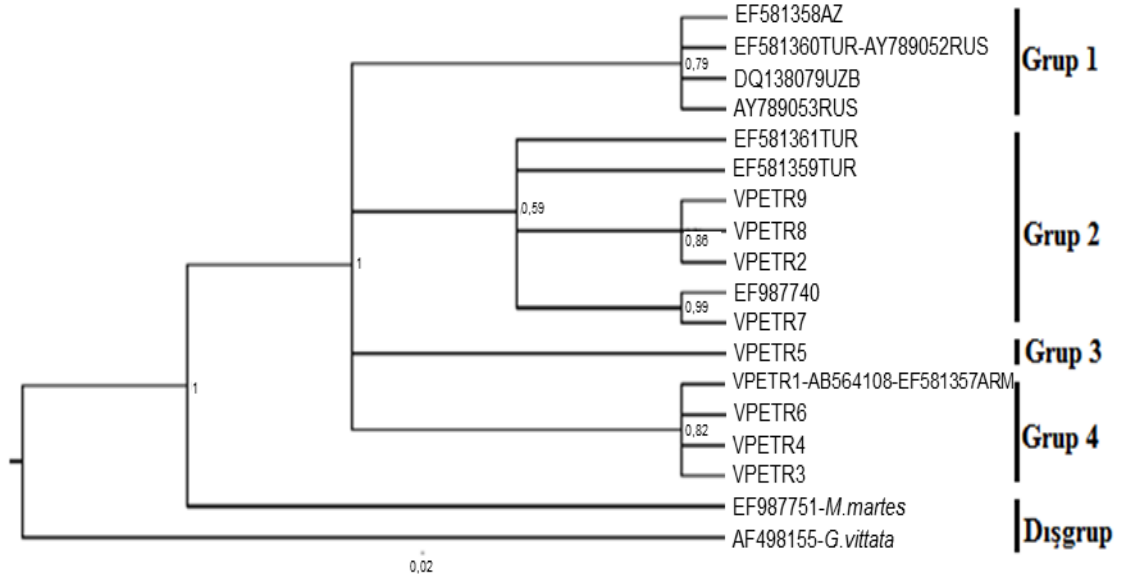
Şekil 3.37. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.5.2.1.5. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi

Vormela peregusna türüne ait tüm haplotiplerin 100.000 jenerasyonlu HKY+G baz değişim modeli [210] kullanılarak MrBayes 3.1 programı [201] ile yapılan Bayesian analizi sonucunda oluşturulan bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.38'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *M. martes* ve *G. vittata*'nın kullanıldığı BI ağacı (Şekil 3.38) incelendiğinde *V. peregusna* türüne ait tüm haplotipler, % 100'lük olasılık değeri ile desteklenerek kümelenmektedir. *V. peregusna* türüne ait tüm haplotipler, kendi içerisinde dört haplogrupa ayrılmakla birlikte her grupta politomi görülmektedir. Bu durum populasyon içi ve populasyon arası daha fazla örneğin analizlerde kullanımı ile ortadan kalkabilir veya ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfi) az olmasından kaynaklanmış olabilir.

Tespit edilen haplogruplardan Grup 1, % 79 olasılık değeri ile desteklenen Rusya, Türkmenistan, Özbekistan ve Azerbaycan haplotiplerini, Grup 2 ise % 59 olasılık değeri ile desteklenen Türkmenistan, bilinmeyen bir lokasyon ve Türkiye haplotiplerini içermektedir. Grup 3 ise sadece bir Türkiye haplotipini içermektedir. Son grup olan Grup 4 ise Türkiye ve Ermenistan haplotipleri oluşturmaktadır.

BI ağacı (Şekil 3.38), NJ (Şekil 3.35), MP (Şekil 3.35) ve ML (Şekil 3.37) ağaçlarıyla karşılaştırıldığında nispeten farklı bir topoloji göstermektedir.

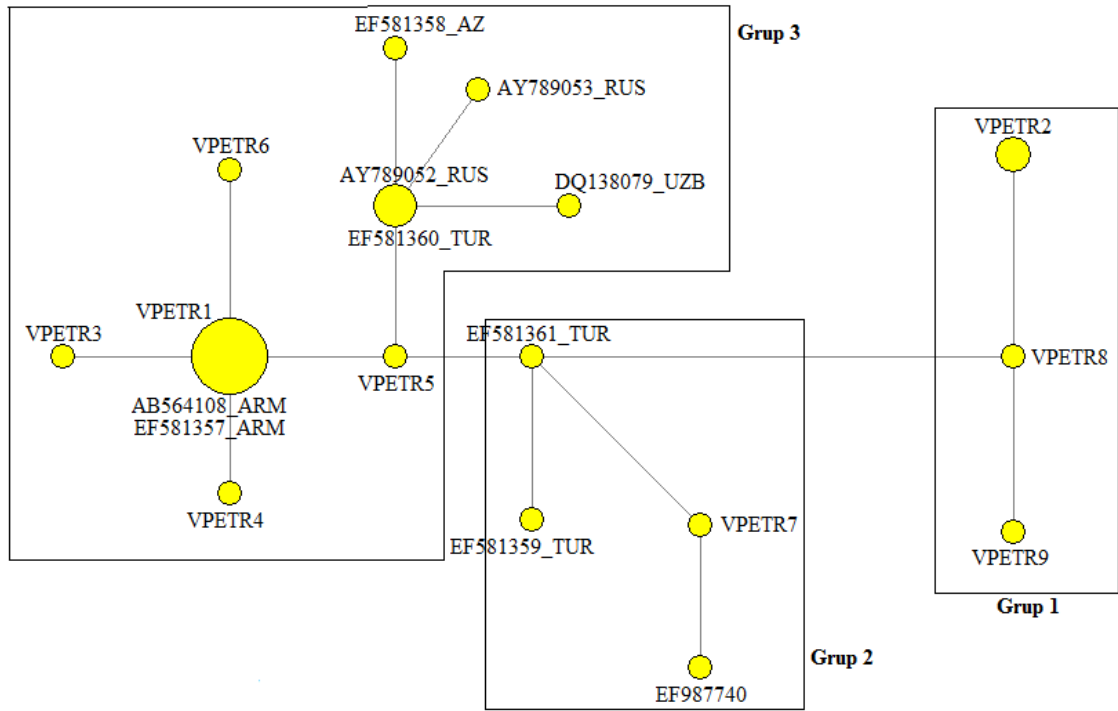


Şekil 3.38. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı

3.5.2.1.6. *Vormela peregusna* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi

Vormela peregusna türünün tür içi soy ağacını daha iyi ortaya çıkarmak için Median-joining metodu [206] kullanılarak networkü elde edilmiştir (Şekil 3.39).

Haplotip networkü (Şekil 3.39) incelendiğinde NJ, MP ve ML (Şekil 3.35-3.37) ağaçlarında gözlendiği gibi üç ana haplotip grubu oluşmuştur. Bu haplotip gruplarından birincisi, VPETR2 (Çankırı, Konya), VPETR8 (Kayseri) ve VPETR9 (Konya) haplotiplerinden oluşurken ikinci grup, VPETR7 (Edirne), EF987740 (Bilinmeyen lokasyon), EF581359 ve EF581361 (Türkmenistan) haplotiplerini içermektedir. Üçüncü grup ise Özbekistan, Rusya, Türkmenistan, Azerbaycan, Ermenistan ve Türkiye haplotiplerinden oluşmaktadır (Şekil 3.39).



Şekil 3.39. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Vormela peregusna* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı Median-joining network kullanılarak çizilen ağ modeli

3.5.3. Meles Cinsi

3.5.3.1. Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik Analizi

Bu çalışmada Türkiye'den tespit edilen *Meles* cinsine ait beş haplotip ile Gen Bankası'ndan elde edilen 39 adet sitokrom *b* (1.140 bç) dizisinin analizi sonucunda 40 adet mtDNA haplotipi tespit edilmiştir. *Meles* cinsine ait haplotiplerin dizileri incelendiğinde EF689063 (Portekiz), EF6890656 (İspanya) ve EF689066 (İspanya) erişim numaralı dizilerin aynı haplotip ve AB049807, HQ711949 ve HQ711951 (Rusya) erişim numaralı dizilerin de aynı haplotip olduğu görülmüştür. Türkiye için bu çalışmada elde edilen beş sitokrom *b* haplotipi ilk kez bu çalışmada tespit edildi. MEGA5 [199] programı ile tüm sitokrom *b* (1.140 bç) haplotiplerinden oluşan veri setine Tajima'nın Nötralite Testi uygulanmıştır (Tablo 3.19). Yapılan analiz sonucunda 1.140 baz çifti uzunluğundaki haplotiplerden oluşan veri setinin 178 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiştir (% 15.61). Bu bölgelerden 149 tanesi (% 83.71) parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.19. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
40	178	0.156140	0.036708	0.051722	1.516162

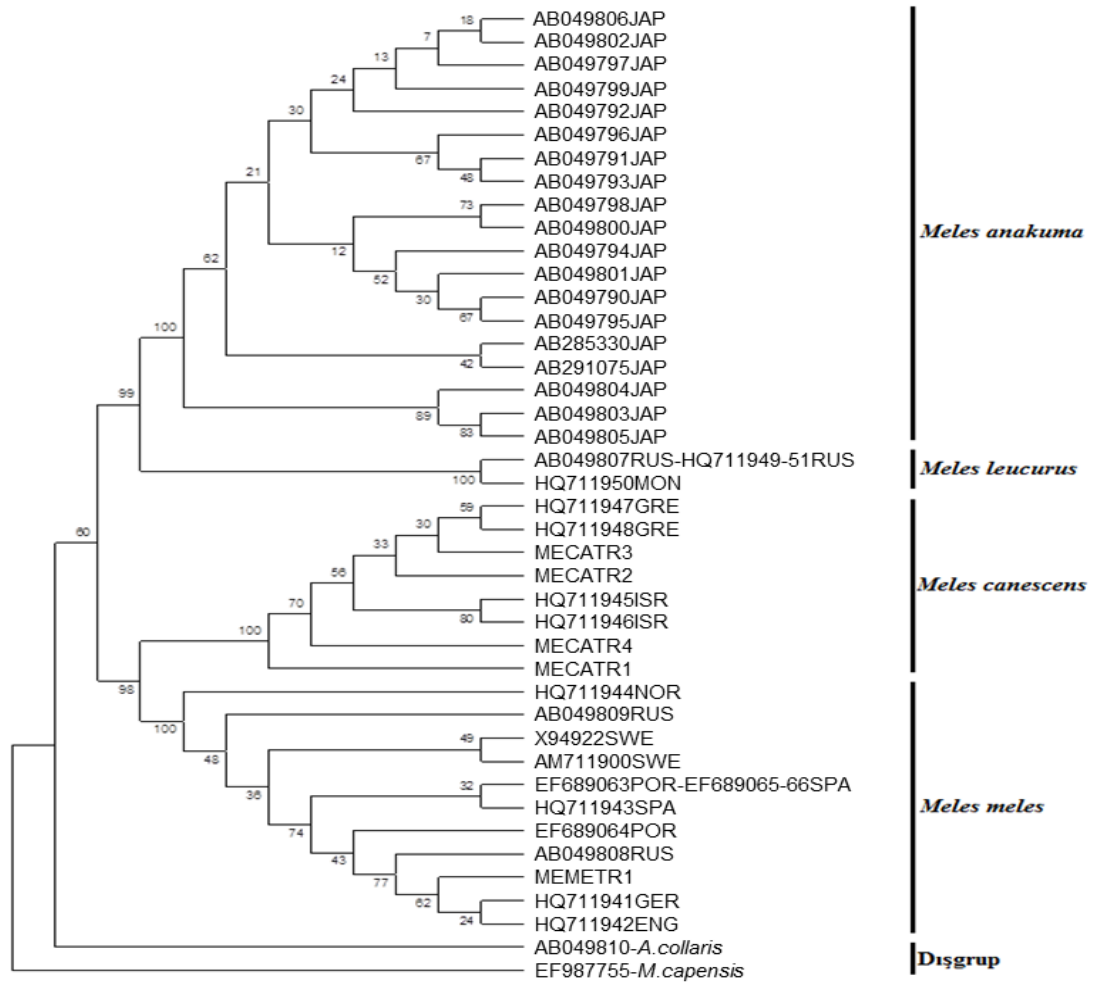
3.5.3.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Meles cinsine ait tespit edilen 40 sitokrom *b* (1.140 bç) haplotipinin filogenetik analizlerinde kullanılacak en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] ve jModelTest2 [202, 203] programlarıyla dış gruplu olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY+I, dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY+G belirlenmiştir. Önerilen her iki model kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlere sahip ağaç, HKY+I baz değişim modeli ile oluşturulmuştur. *Meles* cinsine ait haplotiplerin filogenetik analizleri, ML ve BI metotları ve HKY+I baz değişim modeli [210] ile NJ metodu [198] ve K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak yapılmıştır.

3.5.3.1.2. *Meles* Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

Meles cinsine ait 40 sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler belirlemek için MEGA5 programında [199] Neighbor Joining algoritması [198] ve 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeli [204] kullanılarak elde edilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.40'ta gösterilmiştir. Dışgrup olarak *Arctonyx collaris* ve *Mellivora capensis*'in kullanıldığı NJ ağacı (Şekil 3.40) incelendiğinde *Meles* cinsine ait haplotipler, % 100 bootstrap değerleriyle desteklenen her biri bir türe ait dört ana haplotip kümesine ayrıldığı görülmektedir. Birinci haplotip kümesi, Japonya'ya endemik olan ve Japonya'dan elde edilmiş *M. anakuma* türüne ait haplotiplerden oluşmaktadır. İkinci küme, Moğolistan ve Rusya (Transbaikalia, Orenburg ve Chelyabinsk)'dan elde edilmiş *M. leucurus* türüne ait haplotiplerden oluşmaktadır. Üçüncü küme, Türkiye (Anadolu), Yunanistan (Girit adası), İsrail'den elde edilmiş ve Güneybatı Asya'da yayılış gösterdiği ileri sürülen [15, 51-54] ve bundan sonra *M. canescens* ifade edilecek olan türe ait haplotiplerden oluşurken dördüncü küme ise Norveç, Rusya (Leningrad), İsveç, Portekiz, İspanya, Almanya, İngiltere ve Türkiye'den (Trakya) elde edilen *M. meles* türüne ait haplotipleri içermektedir (Şekil 3.40).

Türkiye'nin Trakya Bölgesi'nden elde edilen *M. meles* türüne ait olduğu tespit edilen MEMETR1 haplotipinin NJ ağacında (Şekil 3.40) İngiltere ve Almanya örnekleriyle birlikte kümelendiği ve % 62 bootstrap değeriyle destelendiği görülmektedir. *M. canescens* türüne ait tüm haplotipler, % 100'lük bootstrap değeri ile desteklenmiş ve bu küme içerisinde İsrail ve Yunanistan'dan elde edilen haplotipler kendi içinde birbirine yakın gruplanırken, Türkiye'den elde edilen ve *M. canescens* türüne ait olduğu ifade edilen haplotipler, NJ ağacında (Şekil 3.40) farklı dallarda yer almıştır. Bu durum Türkiye'de yayılış gösteren *M. canescens* popülasyonu içerisinde genetik çeşitliliğin fazla olmasından kaynaklanabilir. NJ ağacı (Şekil 3.40) incelendiğinde *M. canescens*'e ait olduğu ifade edilen haplotipler ile *M. meles*'e ait haplotiplerin % 98'lik bootstrap değeri ile desteklendiği görülmektedir.

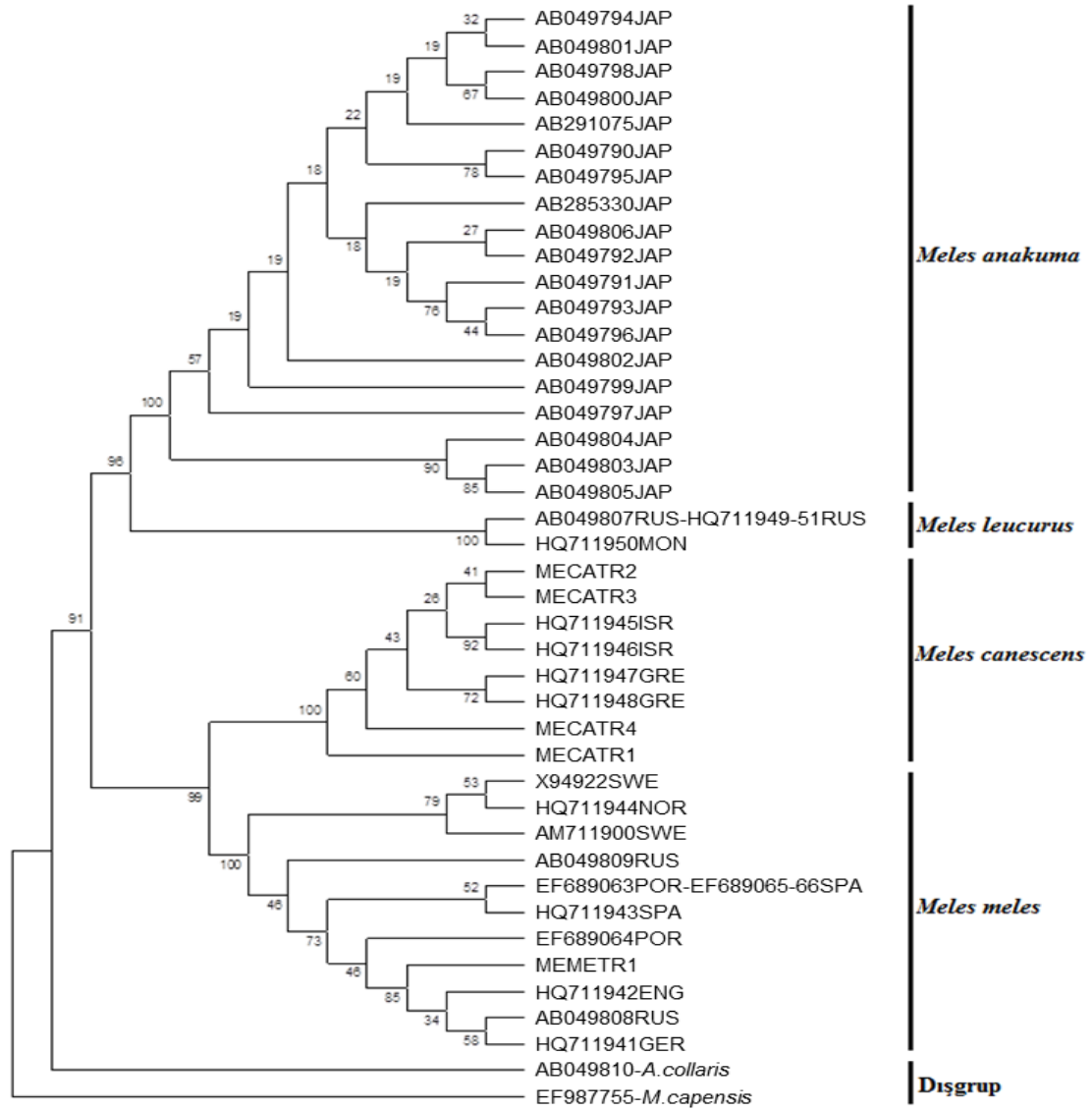


Şekil 3.40. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.3.1.3. *Meles* Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Meles cinsine ait sitokrom *b* haplotiplerin MEGA5 programı [199] ile 10.000 tekrarlı (replikasyon) yapılan Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi, sonucunda elde edilen en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.41’de gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analiz sonucunda ağaç uzunluğu 434, tutarlılık indeksi 0. 6655 ve koruma indeksi 0. 9465 olarak hesaplanmıştır. Dışgrup olarak *A. collaris* ve *M. capensis*’in kullanıldığı parsimonik ağaç (Şekil 3.41), NJ ağacı (Şekil 3.40) ile benzer topoloji göstermekte ve *Meles* cinsine ait tüm haplotipler, % 100’lük bootstrap değeri ile desteklenen dört türe ait olduğu belirlenen dört ana haplotip kümesinde toplandığı görülmektedir. Dört kümedeki haplotipler, NJ ağacındaki (Şekil 3.40) gibi *M. meles*, *M. canescens*, *M. leucurus* ve *M. anakuma* türlerine ait olduğu görülmektedir (Şekil 3.41).

M. canescens türü olarak ifade edilen haplotip kümesinde yer alan Türkiye haplotipleri, NJ ağacına göre farklı yerlerde kümelenmiştir. *M. canescens*’e ait küme içerisinde İsrail’den elde edilen iki haplotip, ağaç üzerinde % 92’lik bootstrap değeri ile desteklenirken, Yunanistan’dan elde edilen iki haplotip ise ağaç üzerinde % 72 bootstrap değeri ile desteklenmiştir. *M. meles* türüne ait haplotip kümesi içerisinde Türkiye haplotipi olan MEMETR1 % 85’lik bootstrap değeri ile Almanya, Rusya ve İngiltere örnekleri ile birlikte kümelendiği görülmektedir (Şekil 3.41).



Şekil 3.41. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.5.3.1.4. *Meles* Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi tespit etmek için MEGA5 parogramıyla [199] 1.000 tekrarlı (replikasyon) HKY+I baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan maksimum likelihood (olasılık) analizi sonucunda elde edilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.42'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *A. collaris* ve *M. capensis*'in kullanıldığı ML ağacının topolojisi incelendiğinde NJ (Şekil 3.40) ve MP (Şekil 3.41) ağaçları ile benzer topolojiye sahip olup ve yüksek bootstrap değerli dört türe ait (*M. meles*, *M.*

canescens, *M. leucurus* ve *M. anakuma*) dört ana haplotip kümesi görülmektedir. *M. canescens* kümesi içerisinde MECATR1 haplotipi, diğer haplotiplere bazaldan bağlanmış ve Türkiye haplotipleri farklı dallar üzerinde yer almaktadır. Diğer filogenetik ağaçlarda olduğu gibi İsrail haplotipleri birbirine yakın, Yunanistan haplotipleri birbirine yakın yerde yer almıştır. *M. meles* türüne ait haplotipler içerisinde Türkiye haplotipi olan MEMETR1, Almanya, Rusya ve İngiltere örnekleri ile birlikte gruplanmaktadır (Şekil 3.42).

3.5.3.1.5. *Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi*

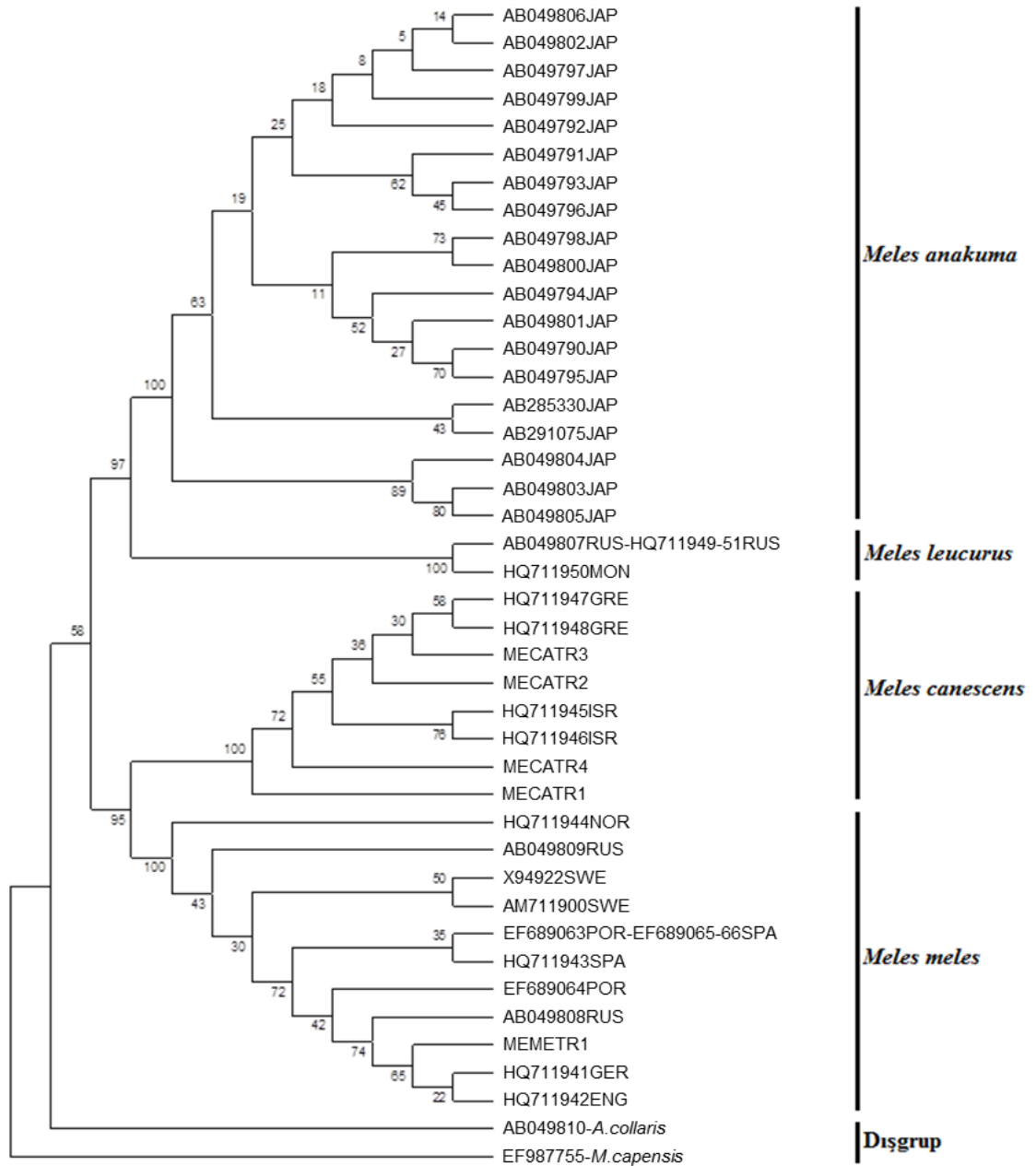
Meles cinsine ait tüm haplotiplerin 500.000 jenerasyonlu HKY+I baz değişim modeli [210] kullanılarak MrBayes 3.1 programı [201] ile yapılan Bayesian analizi sonucunda elde edilen Bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.43'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *A. collaris* ve *M. capensis*'in kullanıldığı BI ağacı incelendiğinde *Meles* cinsine ait haplotipler, % 100 olasılık değeriyle desteklenmiş dört ana haplotip kümesinde yer almakta ve her bir ana haplotip kümesi NJ, MP ve ML filogenetik ağaçlarında olduğu gibi dört türü ifade etmektedir (*M. meles*, *M. canescens*, *M. leucurus* ve *M. anakuma*) (Şekil 3.43). Hemen hemen tüm türlere ait haplotip gruplarında politomi görülmektedir. Politomi durumu, populasyon içinden ve değişik populasyonlardan daha fazla örneğin analizlerde kullanımı ile ortadan kalkabilir ve/veya ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfî) az olmasından kaynaklanmış olabilir. Ayrıca Türkiye haplotiplerinden birinin *M. meles* türüne, dört haplotipin ise *M. canescens* türüne ait haplotip kümesi içerisinde yer aldığı görülmektedir.

3.5.3.1.6. *Meles Cinsine Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi*

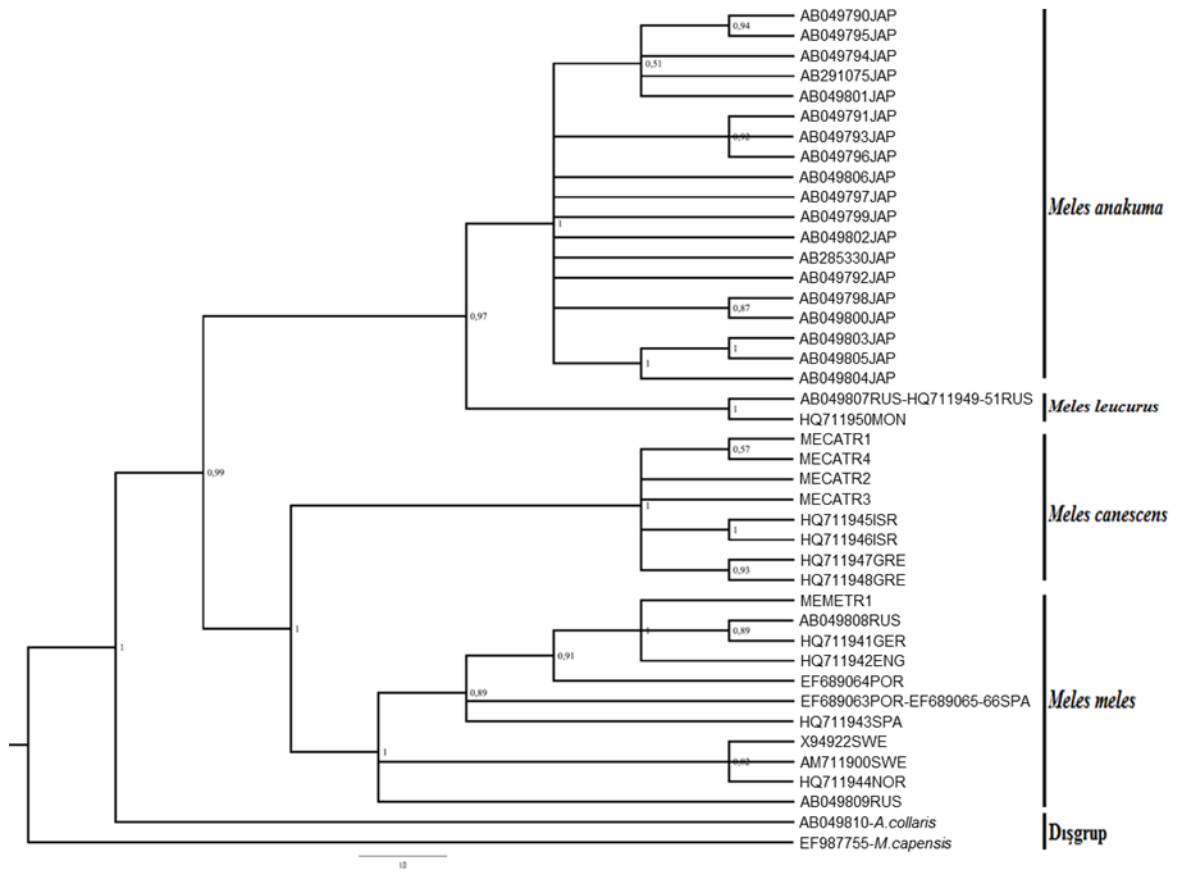
Meles cinsine ait türlerin tür içi soy ağaçlarını daha iyi göstermek için Türkiye'den ve Gen Bankası'ndan elde edilen haplotiplerin Median-joining metodu [206] ile network analizi yapılmış ve network, Şekil 3.44'te gösterilmiştir. Median-joining networkü incelendiğinde NJ, MP, ML ve BI filogenetik ağaçlarında olduğu gibi dört ana haplotip kümesi görülmektedir (Şekil 3.44). Median-joining haplotip networkündeki sol baştaki haplotip kümesi içerisinde yer alan haplotiplerin *M. canescens* türüne, soldan sağa doğru ikinci haplotip kümesinde yer alan haplotiplerin *M. meles* türüne, üçüncü kümede yer alan haplotiplerin ise *M. leucurus* türüne ait olduğu

sonucuna varılmıştır. Haplotip networkündeki en sağdaki kümedeki haplotipler ise *M. anakuma* türüne aittir (Şekil 3.44).

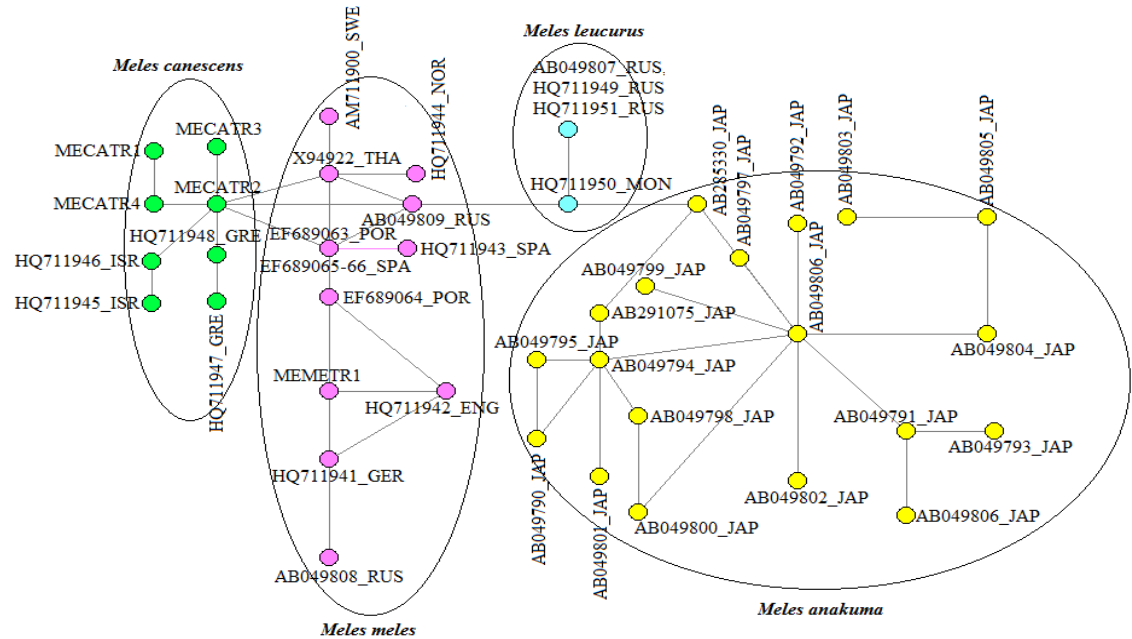
Median-joining haplotip networkü de NJ, MP, ML ve BI filogenetik ağaçlarında olduğu gibi, Türkiye’de iki türün (*M. meles* ve *M. canescens*) yayılış gösterdiğini desteklemektedir.



Şekil 3.42. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı



Şekil 3.43. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı



Şekil 3.44. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Meles* cinsine ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı Median-joining networkü

3.5.4. *Mustela* Cinsi

3.5.4.1. *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik Analizi

Gen Bankası'nda yapılan tarama sonucunda 106 adet, 1.140 bç uzunluğunda *Mustela nivalis* sitokrom *b* dizisi tespit edilmiştir. 106 sitokrom *b* dizisinden AM932883 (Lüksemburg), AM258848 (İtalya), AM258888 (Danimarka), AM932885 (Almanya), AM932882 (Polonya), AM258870 (İtalya), AM749051 (İtalya), AM749050 (İtalya) ve AM749053 (İtalya) erişim numaralı *M. nivalis* türüne ait sitokrom *b* dizileri bu çalışmaya dahil edilmemiştir. Bu çalışmada Türkiye'den tespit edilen *M. nivalis* türüne ait altı haplotip ile Gen Bankası'ndan elde edilen 97 adet sitokrom *b* (1.140 bç) dizisinden oluşturulan veri setinin analizi sonucunda 71 adet mtDNA haplotipi tespit edilmiştir. Haplotiplerin dağılımı incelendiğinde Türkiye'den MUNIVTR2 (Ordu) haplotipi ile AM749054, AM749055 (İtalya), AM258840, AM258841, AM258842, AM258850, AM258851, AM258852 (Fransa) ve AM258846 (İtalya) erişim numaralı dizilerin aynı haplotip olduğu görülmüştür. Bu haplotip tüm veri seti içerisinde en yaygın görülen ikinci haplotiptir. Ayrıca bundan başka Türkiye'den MUNIVTR3 (Bursa) haplotipi ile AM258858 (Yunanistan) erişim numaralı örneğin ve MUNIVTR4 (Kars) haplotipi ile de AM258857 (Yunanistan) ve AM258881 (İspanya) erişim numaralı örneklerin aynı haplotipe sahip olduğu görülmüştür. Bu çalışmada Türkiye'den elde edilen MUNIVTR1 (Tekirdağ), MUNIVTR5 (Kars) ve MUNIVTR6 (Yalova) haplotipleri ise ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. Diğer haplotip dağılımları incelendiği zaman en yaygın görülen haplotip, AB564127 (Almanya), AM258854 (İsviçre), AM258861, AM2588620 (İngiltere), AM258874, AM258875, AM258876, AM258877, AM258878, AM258882 (İtalya) ve AM258887 (Danimarka) erişim numaralı 11 baz dizisini temsil etmektedir. MEGA5 [199] programı ile tüm sitokrom *b* (1.140 bç) haplotiplerine Tajima'nın Nötralite Testi uygulandı (Tablo 3.20). Analizler sonucunda 1.140 baz çifti uzunluğundaki haplotiplerden oluşan veri setinin 124 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlemlendi (% 10.88). Bu bölgelerden 56 tanesi (% 45.16) parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.20. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
103	122	0.107394	0.020625	0.011644	-1.438823

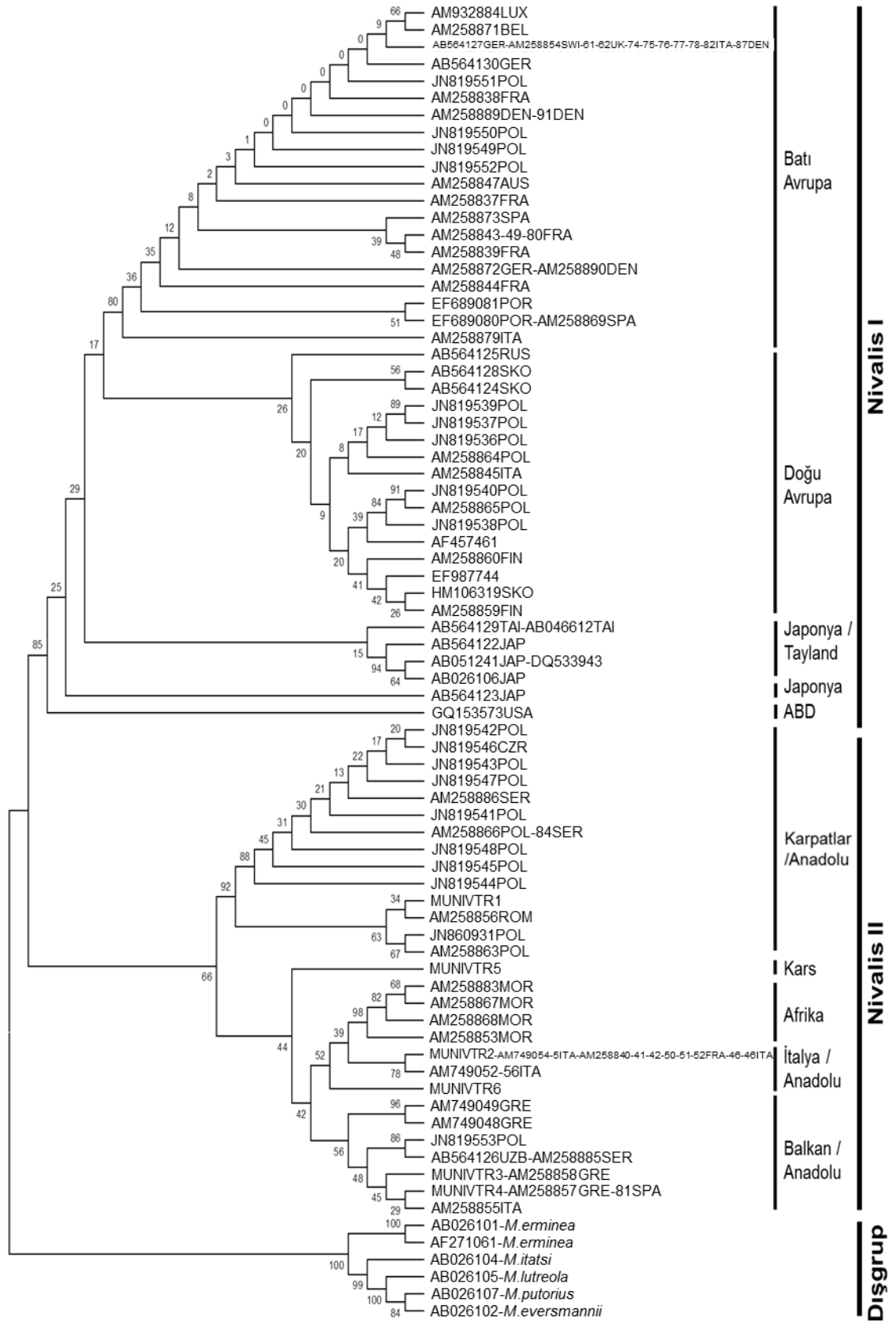
3.5.4.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Mustela nivalis türüne ait tespit edilen 71 sitokrom *b* (1.140 bç) haplotipinin filogenetik analizi için en uygun baz değişim modeli olarak MEGA5 [199] ve jModelTest2 [202, 203] programları tarafından dış gruplu olarak BIC model seçim taslaklarına göre HKY+G, AICc model seçim taslaklarına göre GTR+G önerilmiştir. Dış grupsuz olarak MEGA5 [199] ve jModelTest2 [202, 203] programları tarafından BIC model seçim taslaklarına göre HKY+G baz değişim modelini önerirken, AICc model seçim taslağına göre jModelTest2 [202, 203] GTR+I+G baz değişim modelini, MEGA5 [199] programı TN93+G baz değişim modelini önermiştir. Önerilen baz değişim modelleri kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlerine sahip ağaç, HKY+G baz değişim modeli ile oluşturulmuştur. *M. nivalis* türüne ait haplotiplerin filogenetik analizi, MP metodu, HKY+G baz değişim modelinin [210] seçildiği ML ve BI metotları ve K2P baz değişim modelinin [204] seçildiği NJ metodu [198] kullanılarak yapılmıştır.

3.5.4.1.2. *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

Bu çalışmada tespit edilen *Mustela nivalis* türüne ait 71 sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmak için MEGA5 programında [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeli [204] ve Neighbor Joining algoritması [198] kullanılarak üretilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3. 45'te gösterilmiştir. Dış grup olarak *M. erminea* 1, *M. erminea* 2, *M. itatsi*, *M. lutreola*, *M. putorius* ve *M. eversmannii* kullanıldığı NJ ağacı incelendiğinde *M. nivalis* türüne ait haplotiplerin iki ana soyhattı (Nivalis I ve Nivalis II) altında toplandığı görülmektedir (Şekil 3. 45). Bu gruplardan birinci soyhattı (Nivalis I) % 85 bootstrap değeri ile desteklenmekte ve Avrupa, Amerika, Japonya, Güney Kore ve Tayland örneklerini içermektedir. Nivalis I, kendi içerisinde beş altsoyhattına (Batı Avrupa, Doğu Avrupa, Japonya/Tayland, Japonya ve Amerika) ayrılmıştır. Batı Avrupa altsoyhattı, % 80 bootstrap değeri ile desteklenmekte ve Lüksemburg, Belçika, Almanya, İsveç, İngiltere, İtalya, Danimarka, Fransa, Avusturya, İspanya ve Portekiz örneklerini içermektedir. Doğu Avrupa altsoyhattı düşük bootstrap değeri ile desteklenmekte ve Rusya, Polonya, İtalya, Finlandiya ve Güney Kore bölgelerine ait örnekleri kapsamaktadır. Nivalis I, içerisindeki üçüncü altsoyhattı olan Japonya/Tayland soyhattı içerisinde Japonya ve Tayland örnekleri, dördüncü altsoyhattı Japonya'dan tek haplotipten ibaret olup beşinci

altsoyhattı da Amerika'dan tek haplotipi içermektedir. Ana soyhatlarından ikincisi olan Nivalis II, % 66 bootstrap değeriyle desteklenmekte ve kendi içerisinde beş altsoyhattına (Karpatlar/Anadolu, Kars, Afrika, İtalya/Anadolu, Balkan/Anadolu) ayrılmaktadır (Şekil 3. 45). Bunlardan Karpatlar/Anadolu altsoyhattı, % 92 bootstrap değeriyle, diğer altsoyhattı ise nispeten düşük olan (% 44) bir bootstrap değeriyle desteklenmektedir. Türkiye örnekleri Afrika altsoyhattı hariç geri kalan dört altsoyhattı içerisinde yer almıştır. Bu altsoyhathatlarından Karpatlar/Anadolu soyhattı Polonya, Çek Cumhuriyeti, Sırbistan, Romanya ve Türkiye (MUNIVTR1-Tekirdağ) örneklerini içermektedir ve güçlü bir şekilde (% 92'lik bootstrap değeri ile) desteklenmektedir. Grup içerisinde Tekirdağ örneği Polonya ve Romanya örnekleri ile yakın gruplanmıştır. Afrika altsoyhattı % 98'lik bootstrap değeri ile desteklenmekte olup Fas örneklerinden oluşmaktadır. İtalya/Anadolu altsoyhattı nispeten yüksek bootstrap değeri ile desteklenmekte ve İtalya, Fransa ve Türkiye (MUNIVTR2, MUNIVTR6) haplotiplerini içermektedir. MUNIVTR2 (Ordu) haplotipi İtalya ve Fransa örneklerinden bir kısmı ile aynı baz dizisine sahiptir. Balkan/Anadolu altsoyhattı ise İspanya, İtalya, Yunanistan, Polonya, Sırbistan, Özbekistan ve Türkiye (MUNIVTR3 ve MUNIVTR4) örneklerinden oluşmaktadır. MUNIVTR3 (Bursa) haplotipi ile Girit/Yunanistan örneği aynı, MUNIVTR4 (Kars) haplotipi ile de Girit/Yunanistan ve Balears/İspanya örnekleri aynı baz dizisine sahiptir. Son altsoyhattı olan Türkiye haplotipi MUNIVTR5 (Kars) ise tek başına dallandığı görülmektedir (Şekil 3.45). Ağaç genelinde Polonya, İtalya, İspanya, Fransa ve Türkiye örnekleri farklı kladlar içerisinde yer almıştır. Literatür bulguları ile benzer olarak Polonya, İtalya ve Fransa örnekleri her iki ana soyhattı (Nivalis I ve Nivalis II) içerisinde yer almakta, Türkiye haplotipleri ise Nivalis II içerisindeki dört farklı altsoyhattında gruplanmaktadır. Bu durum Avrupa için Polonya, İtalya ve Fransa'daki sığınak bölgelere ilave olarak Türkiye'nin de Avrupa ve Türkiye'nin çevresi için sığınak bölgesi olabileceğini önermektedir. Ayrıca Türkiye'de yayılış gösteren *M. nivalis* türünün birden fazla altsoyhattına sahip olduğunu göstermektedir.



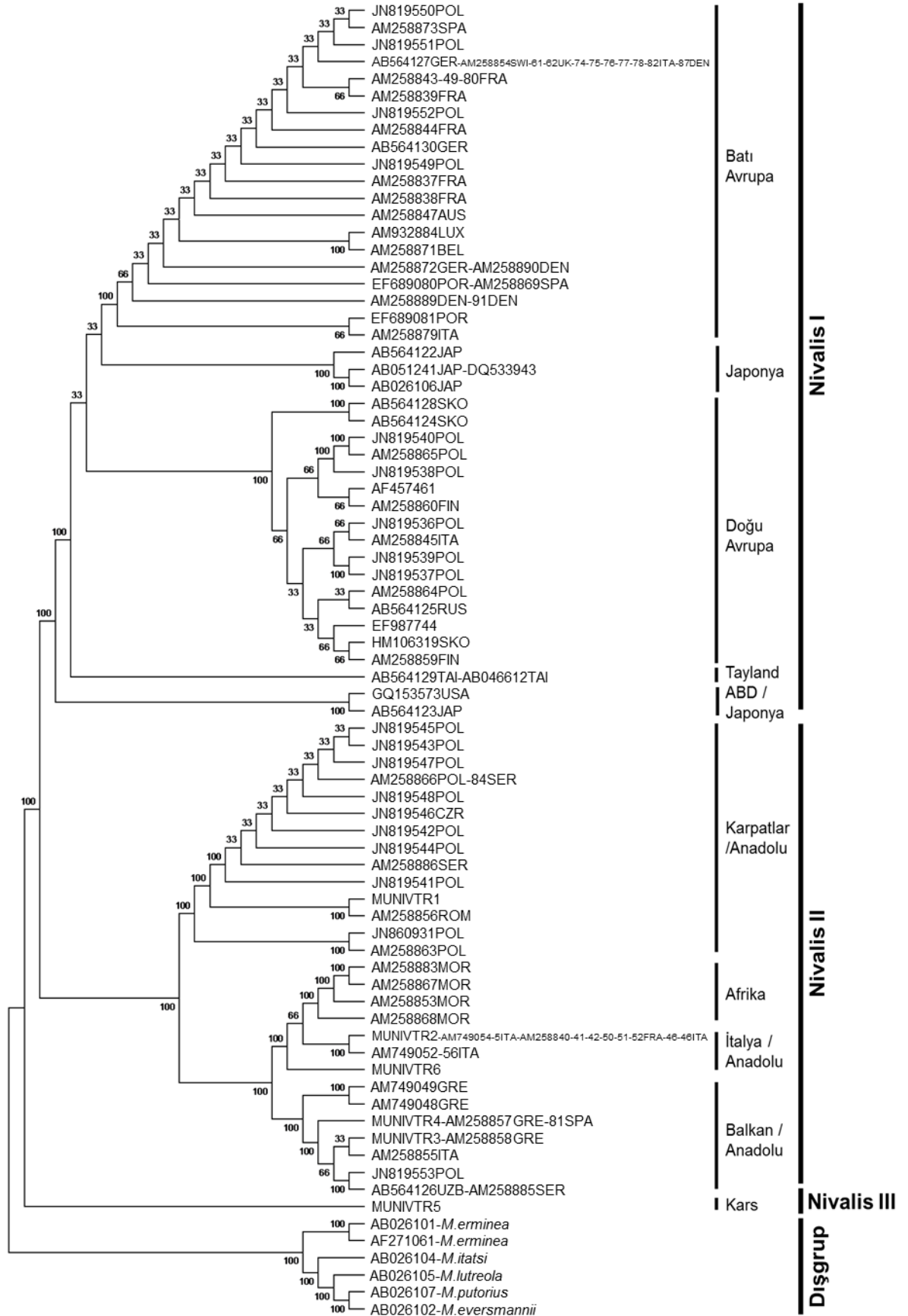
Şekil 3.45. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela nivalis* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.4.1.3. *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Mustela nivalis türüne ait haplotiplerinin MEGA5 programı [199] ile yapılan 10.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi sonucunda elde edilen ve en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.46'da gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analizi sonucunda ağaç uzunluğu 338, tutarlılık indeksi 0.6458 ve koruma indeksi 0.8948 olan eşit olasılıkta üç parsimonik ağaç elde edilmiştir. Dış grup olarak *M. erminea*-1, *M. erminea*-2, *M. itatsi*, *M. lutreola*, *M. putorius* ve *M. eversmannii* kullanıldığı parsimonik ağaçları özetleyen ağaç incelediğinde (Şekil 3.46), NJ ağacından (Şekil 3.45) farklı olarak üç ana soyhattının (Nivalis I, Nivalis II ve Nivalis III) oluştuğu görülmektedir. Nivalis I olarak isimlendirilen soyhattı içerisinde beş altsoyhattının (Batı Avrupa, Doğu Avrupa, Japonya, Tayland, Amerika/Japonya) oluştuğu görülmektedir. Batı Avrupa ve Doğu Avrupa altsoyhatları NJ ağacına benzer olarak dallanmıştır.

Nivalis II soyhattı içerisinde ise NJ ağacından farklı olarak dört altsoyhattı (Karpatlar/Anadolu, Afrika, İtalya/Anadolu, Balkan/Anadolu) yer almakla birlikte bu dört altsoyhattı NJ ağacına benzer olarak gruplanmıştır. NJ ağacından farklı olarak Türkiye'den MUNIVTR5 (Kars) haplotipi, MP ağacında en bazalda yer almış olup Anadolu altsoyhattı ve Nivalis III soyhattı olarak isimlendirilmiştir. Türkiye haplotiplerinin NJ ağacında (Şekil 3.45) olduğu gibi Nivalis II soyhattı içerisindeki Karpatlar/Anadolu, İtalya/Anadolu ve Balkan/Anadolu altsoyhatlarında yer aldığı görülmektedir (Şekil 3.46).

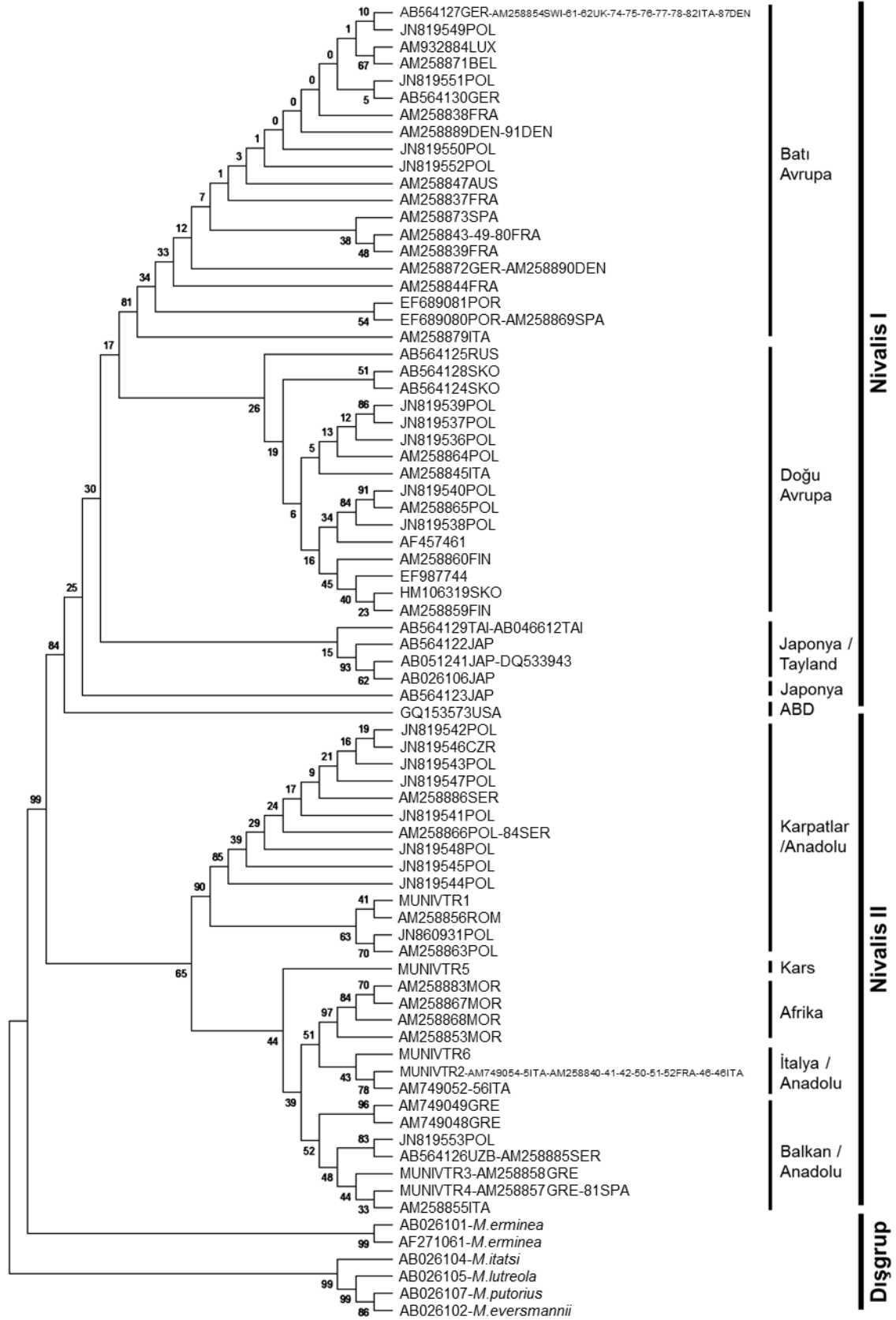
NJ ağacında Japonya/Tayland altsoyhattında yer alan AB564123 haplotipi MP ağacında Amerika örneği ile kümelenmiş, ayrıca Tayland örnekleri Japonya örneklerinden ayrılarak gruplanmıştır. Geriye kalan örneklerin ağaç üzerindeki yerleri NJ ağacına benzerdir ve NJ ağacında oluşan 2 ana soyhattı ve altsoyhatları MP ağacında da oluşmuştur. Polonya, İtalya ve Fransa örnekleri hem Nivalis I hemde Nivalis II içerisinde farklı altsoyhatlarında yer almıştır.



3.5.4.1.4. *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Mustela nivalis* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişiyi göstermek için MEGA5 programında [199] HKY+I baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan 10.000 tekrarlı (replikasyon) maksimum likelihood analizi sonucunda üretilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.47'de gösterilmiştir. Dış grup olarak *M. erminea*-1, *M. erminea*-2, *M. itatsi*, *M. lutreola*, *M. putorius* ve *M. eversmannii* kullanıldığı ML ağacının topolojisi incelendiğinde NJ ağacına (Şekil 3.45) benzer olduğu görülmektedir. ML ağacında tüm haplotiplerin % 99 bootstrap değeriyle desteklenen iki ana soyhattı (Nivalis 1 ve Nivalis II) altında toplandığı görülmektedir. Nivalis 1 içerisindeki tüm haplotipler % 84 bootstrap değeri ile desteklenmiş olup bu soyhattı, kendi içerisinde NJ ağacında olduğu gibi beş altsoyhattına (Doğu Avrupa, Batı Avrupa, Japonya/Tayland, Japonya ve Amerika) ayrılmaktadır. Bu sohyatları % 15 ile % 81 arasında değişen bootstrap değeri ile desteklenmektedir (Şekil 3.47).

Maksimum Likelihood analizi sonucunda oluşan ML ağacında (Şekil 3.47) oluşan ikinci ana soyhattı olan Nivalis II, % 65 bootstrap değeri ile desteklenmiş ve kendi içinde NJ ağacına benzer olarak beş altsoyhattına (Karpattlar/Anadolu, Kars, Afrika, İtalya/Anadolu, Balkan/Anadolu) ayrılmaktadır. Bu altsohyatlarından Karpattlar/Anadolu, % 90 yüksek bootstrap değeri ile desteklenmiş olup Türkiye'den MUNIVTR1 (Tekirdağ) haplotipi bu altsoyhattı içerisinde Polonya ve Romanya örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. Afrika soyhattı % 97'lik yüksek bir bootstrap değeri ile desteklenmiş olup Fas örneklerini, İtalya/Anadolu altsoyhattı % 43'lük bir bootstrap değeri ile desteklenmiş olup Türkiye'den MUNIVTR2 ve MUNIVTR6 haplotipleri bu altsoyhattı içerisinde İtalya örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. Balkan/Anadolu altsoyhattı % 52'lik bir bootstrap değeri ile desteklenmiş olup Türkiye'den MUNIVTR3 ve MUNIVTR4 haplotipleri bu altsoyhattı içerisinde İtalya, İspanya, Yunanistan, Sırbistan Almanya ve Polonya örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. Son altsoyhattı Kars örneğini içermektedir.

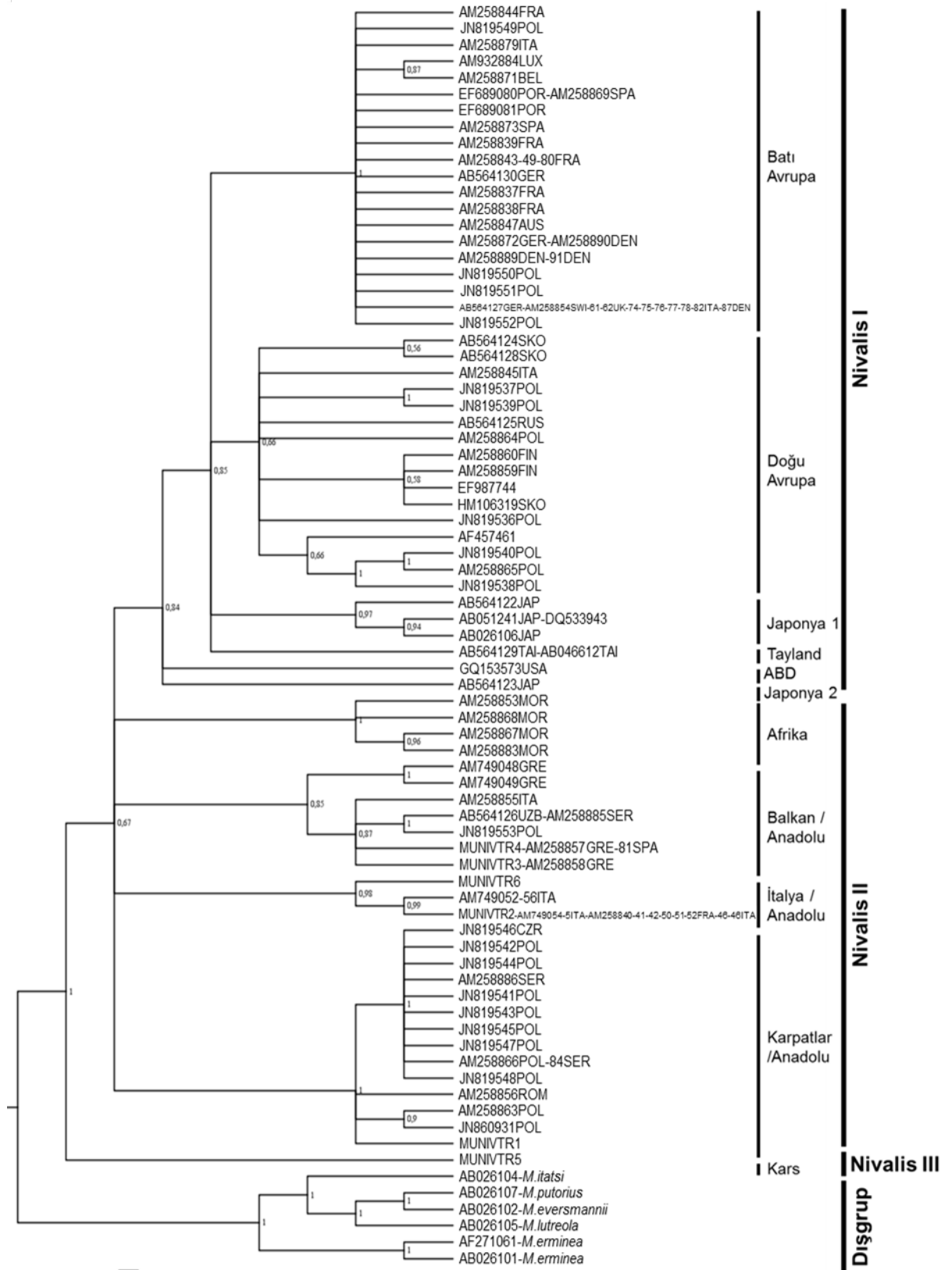


Şekil 3.47. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela nivalis* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.5.4.1.5. *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi

Mustela nivalis türüne ait tüm haplotipler arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek için 1.5 milyon jenerasyonlu HKY+I baz değişim modeli [210] kullanılarak MrBayes 3.1 programında [201] Bayesian analizi sonucunda oluşan Bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.48’de gösterilmiştir. Dış grup olarak *M. erminea*-1, *M. erminea*-2, *M. itatsi*, *M. lutreola*, *M. putorius* ve *M. eversmannii* kullanıldığı Bayesian analizi sonucunda BI ağacında, MP ağacında (Şekil 3.46) olduğu gibi üç ana soyhattı olduğu (Nivalis I, Nivalis II ve Nivalis III) görülmektedir. BI ağacında, Nivalis 1 soyhattının altı altsoyhattından (Doğu Avrupa, Batı Avrupa, Japonya 1, Tayland, Amerika ve Japonya 2), Nivalis II soyhattının ise dört altsoyhattından (Afrika, Balkan/Anadolu, İtalya/Anadolu ve Karpatlar/Anadolu) oluştuğu görülmektedir. MP ağacında olduğu gibi üçüncü bir soyhattı olan Nivalis III (Anadolu altsoyhattı) BI ağacında da görülürken bu soyhattı, NJ ve ML ağaçlarında görülmemektedir. Türkiye’den MUNIVTR5 (Kars) haplotipi tek başına Nivalis III soyhattında yer almaktadır. Diğer Türkiye haplotipleri ise Nivalis II içerisinde yer alan Balkan/Anadolu, İtalya/Anadolu ve Karpatlar/Anadolu altsoyhhatlarında kümelendiği görülmektedir (Şekil 3.48). Bununla beraber tüm soyhatları ve altsoyhhatlarında yaygın politomi görülmektedir. Politomi durumu, populasyon içinden ve değişik populasyonlardan daha fazla örneğin analizlerde kullanımı ile ortadan kalkabilir ve/veya ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfi) az olmasından kaynaklanmış olabilir.

Mustela nivalis türü ile ilgili olarak elde edilen tüm filogenetik ağaçlarda (NJ, MP, ML ve BI) en az iki ana soyhattı ve çok sayıda altsoyhattının olduğu görülmektedir.

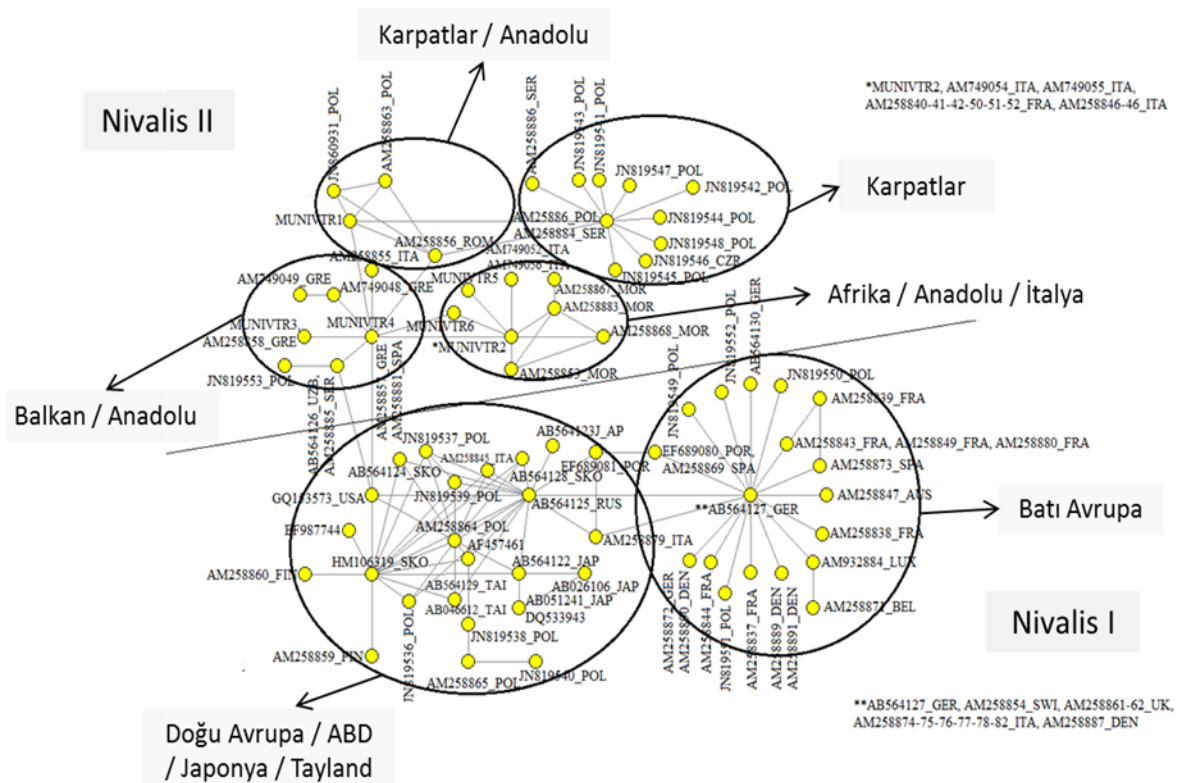


Şekil 3.48. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela nivalis* türüne ait mitokondriyal sitokrom *b* haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY+I baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı

3.5.4.1.6 *Mustela nivalis* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi

Mustela nivalis türüne ait tür içi soy ağacını daha iyi göstermek için Türkiye’den ve Gen Bankası’ndan elde edilen haplotiplerin Median-joining metodu [206] ile network analizi yapıldı ve elde edilen network, Şekil 3.49’da gösterilmiştir. *M. nivalis* türüne ait tüm haplotiplerden elde edilen networkte iki ana haplogrup olduğu görülmektedir. Median-joining networkü (Şekil 3.49) incelendiğinde haplotiplerin kümelenmesi, NJ ve ML ağaçlarıyla benzerlik gösterirken, MP ve BI filogenetik ağaçlarından ise farklılık göstermektedir.

M. nivalis türüne ait Türkiye haplotipleri Median-joining networkündeki Nivalis II haplogrubun içerisinde dört altgrupta kümelenmektedir. Kümelenme büyük oranda NJ (Şekil 3.45), MP (Şekil 3.46), ML (Şekil 3.47) ve BI (Şekil 3.48) ağaçlarındakine benzerlik göstermektedir. Türkiye haplotiplerinin farklı sayıda farklı yerlerde kümelenmesinin nedeni, komşu bölgelerden maternal gen akışının olması, farklı soyhatlarının kurucu etkisinin (founder effect) olması veya zaman içerisinde in-situ olarak mutasyonların birikmesi gibi çeşitli süreçler sonucunda oluşmuş olabilir.



Şekil 3.49. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Mustela nivalis* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı Median-joining networkü

3.5.4.2. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik Analizi

Mustela putorius türüne ait Türkiye'nin Trakya Bölgesi'nden bir haplotip ile Gen Bankası'ndan elde edilen sekiz sitokrom *b* (1.140 bç) dizisi analiz edilmiş ve beş adet sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. Haplotiplerin dağılımı incelendiğinde Türkiye'den MUPUTR1 (Kırklareli) haplotipi ile EF689082 ve EF689083 (Portekiz) erişim numaralı dizilerinin aynı olduğu ve HM106318 (Kanada), AF057128 ve X94925 erişim numaralı örneklerin de aynı haplotipe ait olduğu tespit edilmiştir. MEGA5 [199] programı ile tüm sitokrom *b* (1.140 bç) haplotiplerine Tajima'nın Nötralite Testi uygulanmıştır (Tablo 3.21). Analiz sonucunda 1.140 baz çifti uzunluğundaki haplotiplerden oluşan veri setinin sekiz nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) (% 0.70) gözlenmiştir. Bu bölgelerden bir tanesi (% 12.5) parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.21. Tajima'nın Nötralite Test (Tajima's Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\Theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

m	S	p_s	Θ	π	D
9	8	0.007018	0.002582	0.001852	-1.283522

3.5.4.2.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Mustela putorius türüne ait beş sitokrom *b* (1.140 bç) haplotipinin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] programıyla [202, 203] dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY [210] ve AICc model seçim taslağına göre TN93, dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY belirlenmiştir. jModelTest2 programıyla [202, 203] ise, dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY ve AICc model seçim taslağına göre GTR, dış grupsuz olarak BIC model seçim taslağına göre F81 ve AICc model seçim taslağına göre HKY belirlenmiştir. Önerilen modeller kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlere sahip ağaç, HKY baz değişim modeli ile oluşturulmuştur. *M. putorius* türüne ait haplotiplerin filogenetik analizinde HKY baz değişim modelinin [210] seçildiği ML ve BI metotları ile MP, ayrıca K2P baz değişim modelinin [204] seçildiği NJ metodu [198] kullanılarak yapılmıştır.

3.5.4.2.2. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

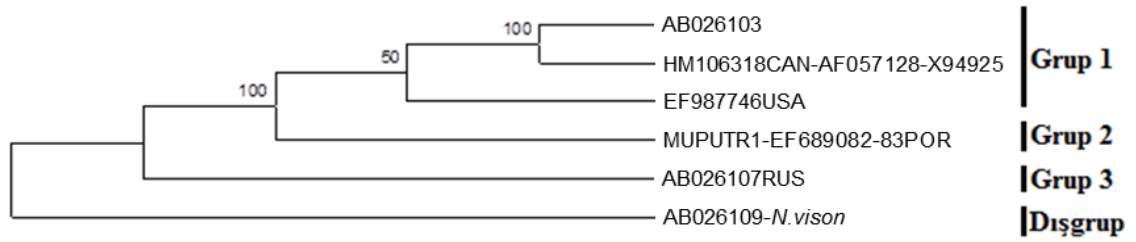
Mustela putorius türüne ait tespit edilen beş sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkiler, MEGA5 programında [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeli [204] ve Neighbor Joining algoritması [198] kullanılarak üretilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3. 50’de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *N. vison*’un kullanıldığı NJ ağacı incelendiğinde *M. putorius* türüne ait haplotipleri için üç haplogrup oluştuğu görülmektedir. Bunlardan birinci haplogrup Amerika ve Kanada haplotipleriyle bir domestik örneği ait haplotipten oluşurken ikinci haplogrup, Türkiye MUPUTR1 haplotipi ile EF689082 ve EF689083 (Portekiz) örneklerini temsil eden haplotipi içermektedir. Üçüncü haplogrup tek haplotip olan AB026107 (Rusya) haplotipinden oluşmakta ve ağaca bazaldan bağlanmıştır. Birinci ve üçüncü haplogruptaki haplotiplerin % 94 bootstrap değeri ile desteklendiği görülmektedir (Şekil 3. 50).



Şekil 3.50. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Mustela putorius* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.4.2.3. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

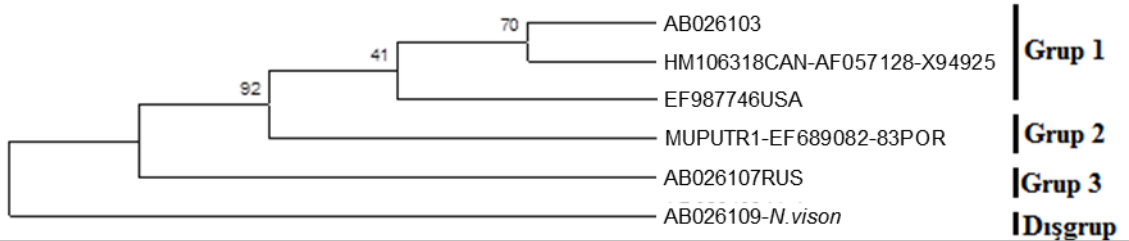
Mustela putorius türüne ait sitokrom *b* haplotiplerin MEGA5 programı [199] ile 10.000 tekrarlı Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi yapılmış ve en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.51’de gösterilmiştir. Maksimum parsimoni analizi sonucunda ağaç uzunluğu 146, tutarlılık indeksi 1 ve koruma indeksi 1 olarak hesaplanmıştır. Dışgrup olarak *N. vison*’un kullanıldığı parsimonik ağaç (Şekil 3.51) incelendiğinde NJ ağacı (Şekil 3.50) ile aynı topolojiyi gösterdiği ve *M. putorius* türüne ait haplotiplerin için üç haplogrup oluşturduğu görülmektedir.



Şekil 3.51. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela putorius* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.5.4.2.4. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

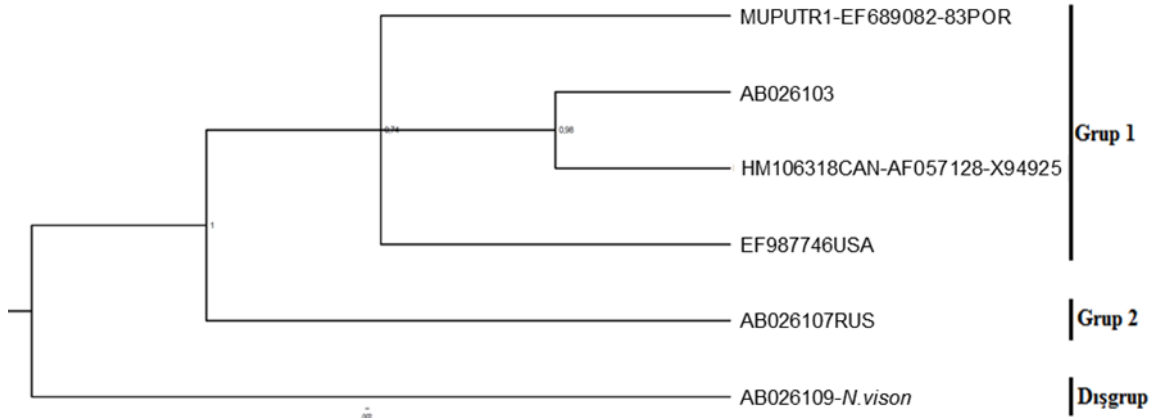
Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Mustela putorius* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi göstermek için MEGA5 programıyla [199] 10.000 tekrarlı HKY baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan maksimum likelihood (ML) analizi sonucunda elde edilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.52'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *N. vison*'un kullanıldığı ML ağacının topolojisi incelendiğinde NJ ve MP ağaçları ile aynı topolojiye sahip olduğu ve *M. putorius* türüne ait haplotiplerin üç haplogrupta kümelendiği görülmektedir.



Şekil 3.52. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela putorius* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.5.4.2.5. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi

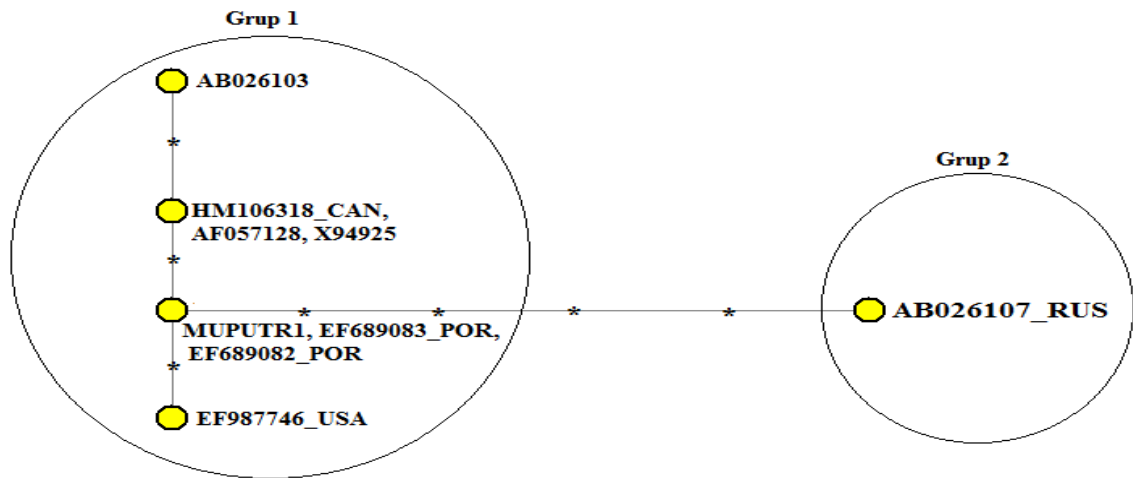
MrBayes 3.1 programıyla [201] 200.000 jenerasyonlu HKY baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan Bayesian analizi sonucunda elde edilen Bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.53'de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *N. vison*'un kullanıldığı BI ağacının NJ (Şekil 3.50), MP (Şekil 3.51) ve ML (Şekil 3.52) fiolojenetik ağaçlarından farklı bir topolojiye sahip olduğu ve haplotiplerin iki grupta toplandığı görülmektedir (Şekil 3.53). NJ, MP ve ML fiolojenetik ağaçlarına benzer olarak AB026107 (Rusya) haplotipi, ağaca bazaldan bağlanırken HM106318 (Kanada), AF057128 ve X94925 haplotipleri birlikte gruplandı. Grup 1'deki politominin ortadan kalkması için daha fazla örneğin analizi gerekli olabilir.



Şekil 3.53. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela putorius* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı

3.5.4.2.6. *Mustela putorius* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi

Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen ve *Mustela putorius* türüne ait haplotiplerin tür içi soy ağacını daha iyi yansıttığından network analizi yapılmıştır. Median-joining metodu [206] kullanılarak elde edilen haplotip networkü, Şekil 3.54'te gösterilmiştir. Median-joining haplotip networkü incelendiğinde AB026107 (Rusya) haplotipi, diğer haplotiplerden uzakta yer alırken geriye kalan dört haplotip arasında yakın ilişki olduğu görülmektedir. Haplotip networkünde haplotiplerin kümelenmesi, BI (Şekil 3.53) ağacına benzerken NJ (Şekil 3.50), MP (Şekil 3.51) ve ML (Şekil 3.52) ağaçlarından farklı olduğu görülmektedir.



Şekil 3.54. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Mustela putorius* türüne ait mitokondriyal sitokrom *b* haplotiplerinin Median-joining networkü

3.5.5. *Lutra* Cinsi

3.5.5.1. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Filogenetik Analizi

Bu çalışmada Türkiye’den tespit edilen *Lutra lutra* türüne ait iki haplotip ile Gen Bankası’ndan elde edilen yedi adet sitokrom *b* (1.140 bç) dizisinin analizi sonucunda yedi adet mtDNA sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. *L. lutra* türüne ait haplotiplerin dağılımı incelendiğinde Türkiye’den tespit edilen LLUTR1 (Sinop, Kars) haplotipi ile AB564050 (Polonya) ve X94923 erişim numaralı dizilerin aynı haplotip olduğu görülmüştür. Bu en yaygın görülen haplotiptir. Bu çalışmada Türkiye’den elde edilen MUNIVTR2 (İstanbul) haplotipi ise ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. MEGA5 [199] programı ile tüm sitokrom *b* (1.140 bç) haplotiplerine Tajima’nın Nötralite Testi uygulandı (Tablo 3.22). Analiz sonucunda 1.140 baz çifti uzunluğundaki haplotiplerden oluşan veri setinin 17 nükleotid pozisyonunda varyasyon (polimorfik bölge) gözlenmiştir (% 1.49). Bu bölgelerden dokuz tanesi (% 52.94) parsimonik bilgi içermektedir.

Tablo 3.22. Tajima’nın Nötralite Test (Tajima’s Neutrality Test) sonucu (m = dizi sayısı, S = segresyona uğrayan pozisyon sayısı, $p_s = S/m$, $\theta = p_s/a_1$, π = nükleotid çeşitliliği, D Tajima Test istatistiği) [207]

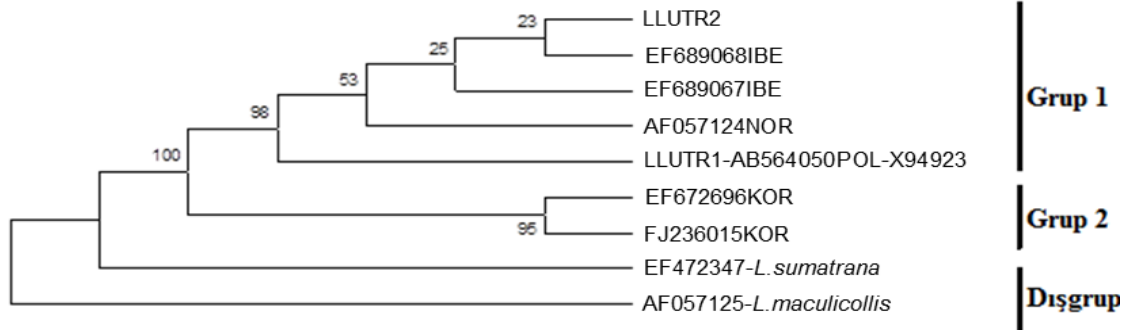
m	S	p_s	θ	π	D
9	17	0.014912	0.005487	0.004630	-0.760504

3.5.5.1.1. En Uygun Baz Değişim Modelinin Belirlenmesi

Lutra lutra türüne ait tespit edilen yedi sitokrom *b* (1.140 bç) haplotipinin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli, MEGA5 [199] ve jModelTest2 [202, 203] programlarıyla dış gruplu olarak BIC model seçim taslağına göre HKY, AICc model seçim taslağına göre HKY+G belirlenmiştir. Dış grupsuz olarak BIC ve AICc model seçim taslaklarına göre HKY belirlenmiştir. Önerilen baz değişim modelleri kullanılarak üretilen ağaçlar karşılaştırıldığında en yüksek bootstrap değerlerine sahip ağaç HKY baz değişim modeli ile oluşturulmuştur. *L. lutra* türüne ait haplotiplerin filogenetik analizi, HKY baz değişim modelinin [210] seçildiği ML ve BI metotları ile MP metot, ayrıca K2P baz değişim modelinin [204] seçildiği NJ metodu [198] kullanılarak yapılmıştır.

3.5.5.1.2. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Neighbor Joining Analizi

Bu çalışmada *L. lutra* türüne ait tespit edilen yedi sitokrom *b* haplotipi (1.140 bç) arasındaki filogenetik ilişkileri göstermek için MEGA5 programında [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) K2P baz değişim modeli [204] ve Neighbor Joining algoritması [198] kullanılarak üretilen NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.55'te gösterilmiştir. Dışgrup olarak *Lutra sumatrana* ve *Lutra maculicollis*'in kullanıldığı NJ ağacı incelendiğinde *L. lutra* türüne ait tüm haplotiplerin % 100 bootstrap değeri ile desteklenen iki gruba ayrıldığı ve bu grupları % 95 ve % 98 bootstrap değerleriyle desteklendiği görülmektedir. Bu gruplardan birincisi, Türkiye'nin Anadolu ve Trakya bölgelerinden tespit edilen LLUTR1 ve LLUTR2 (sırasıyla) haplotipleri ile İberya, Norveç ve Polonya'dan elde edilen sitokrom *b* dizilerine ait haplotiplerin oluşturduğu gruptur. Türkiye haplotiplerinden LLUTR2 (İstanbul) ile EF689068 (İberya) haplotipi birbirine yakın gruplandığı ve LLUTR1 (Sinop, Kars) haplotipinin bazalda yer aldığı görülmektedir. İkinci grup ise Kore'den tespit edilen EF672696 ve FJ236015 haplotiplerden oluşmaktadır (Şekil 3.55).

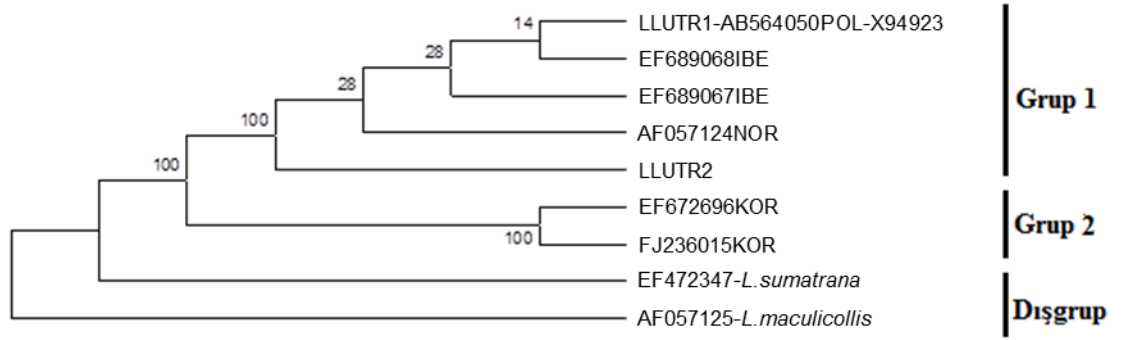


Şekil 3.55. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Lutra lutra* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve K2P modeli kullanılarak oluşturulan NJ ağacı

3.5.5.1.3. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Parsimoni (Tutumluluk) Analizi

Lutra lutra türüne ait tespit edilen sitokrom *b* haplotiplerin MEGA5 programı [199] ile yapılan 10.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsimoni (MP) (tutumluluk) analizi sonucunda elde edilen en parsimonik ağaç ve bootstrap değerleri, Şekil 3.56'da gösterilmiştir. Maksimum Parsimoni analizi sonucunda ağaç uzunluğu 192, tutarlılık indeksi 0.9500 ve koruma indeksi 0.9562 olarak hesaplanmıştır. Dışgrup olarak *L. sumatrana* ve *L. maculicollis*'in kullanıldığı en olası yedi parsimonik ağacı özetleyen

parsimonik ağaçta (Şekil 3.56) haplotipler, NJ ağacına benzer olarak iki grup altında toplandı. MP ağacı (Şekil 3.56) incelendiğinde Türkiye’den tespit edilen LLUTR1 ve LLUTR2 haplotiplerinin NJ ağacından farklı dallanma gösterdikleri görülmektedir.



Şekil 3.56. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Lutra lutra* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren MP ağacı

3.5.5.1.4. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Maksimum Likelihood (Olasılık) Analizi

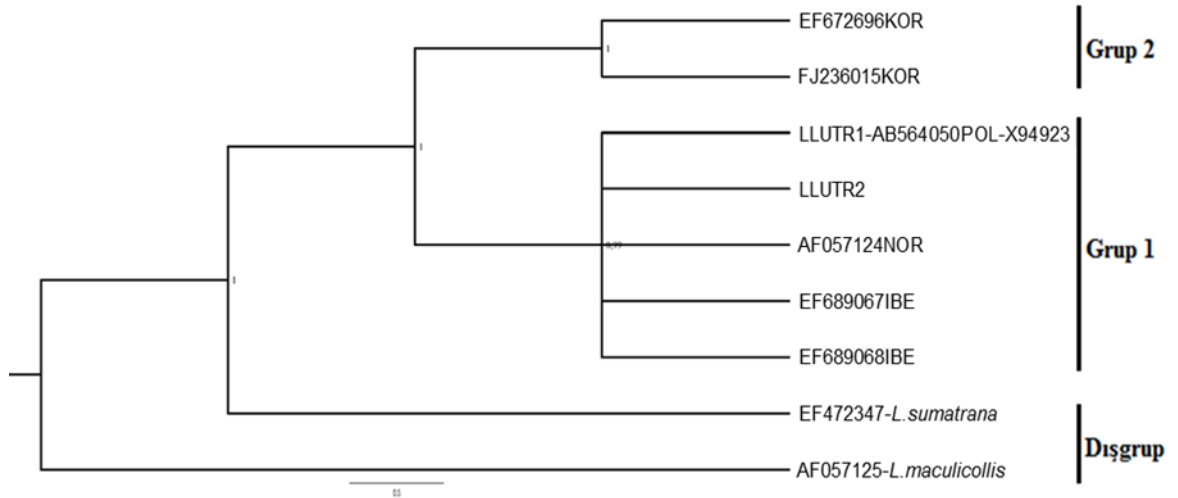
Türkiye ve Gen Bankası’ndan elde edilen *L. lutra* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi göstermek için MEGA5 programında [199] 10.000 tekrarlı (replikasyon) HKY baz değişim modeli [210] kullanılarak yapılan maksimum likelihood (ML) analizi sonucunda üretilen ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 3.57’de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *L. sumatrana* ve *L. maculicollis*’in kullanıldığı ML ağacının (Şekil 3.57) topolojisi incelendiğinde NJ ve MP ağaçlarına ile benzer topolojiye sahip olduğu ve *L. lutra* türüne ait haplotipler iki grupta kümelendiği görülmektedir.



Şekil 3.57. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Lutra lutra* türüne ait haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen ML ağacı

3.5.5.1.5. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Bayesian Analizi

Lutra lutra türüne ait tüm haplotiplerinin 100.000 jenerasyonlu HKY baz değişim modeli [210] kullanılarak MrBayes 3.1 programı ile yapılan Bayesian analizi [201] sonucunda elde edilen Bayesian ağacı (BI) ve olasılık değerleri, Şekil 3.58’de gösterilmiştir. Dışgrup olarak *L. sumatrana* ve *L. maculicollis*’in kullanıldığı BI ağacının (Şekil 3.58) topolojisi incelendiğinde NJ (Şekil 3.55), MP (Şekil 3.56) ve ML (Şekil 3.57) filogenetik ağaçları topolojileri ile benzer olduğu ve *L. lutra* haplotiplerinin iki grupta toplandığı görülmektedir. Bu gruplardan birincisinin % 99 olasılık değeri ile desteklendiği, ikinci grubun ise % 100’lük olasılık değeri ile desteklendiği görülmektedir. Ayrıca Grup 1’de politomi olduğu görülmektedir (Şekil 3.58). Politomi durumunun ortadan kalkabilmesi için, popülasyon içinden ve değişik popülasyonlardan daha fazla örneğin analizlerde kullanımı gerekebilir. Ayrıca bu durum ortak ata ilişkisini belirleyen temel karakterlerin (Sinapomorfi) az olmasından kaynaklanmış olabilir.

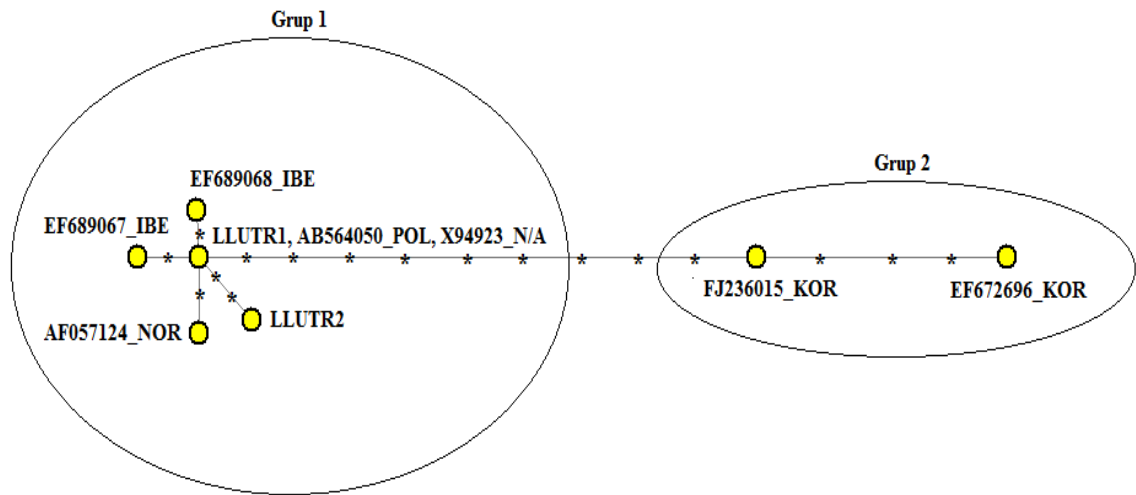


Şekil 3.58. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası’ndan alınan *Lutra lutra* türüne ait haplotipler arasındaki mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine dayalı filogenetik ilişkiyi gösteren ve HKY baz değişim modeli kullanılarak elde edilen Bayesian (BI) ağacı

3.5.5.1.6. *Lutra lutra* Türüne Ait Tüm Haplotiplerin Network Analizi

Lutra lutra türünün tür içi soy ağacını daha iyi ortaya koyduğu için Türkiye ve Gen Bankası’ndan elde edilen haplotiplerin network analizi yapılmıştır. Median-joining metodu [206] kullanılarak yapılan analiz sonucunda elde edilen network, Şekil 3.59’da gösterilmiştir. Median-joining networkünde iki haplogrubun oluşması, NJ, MP, ML ve

BI filogenetik ağaçlarındaki haplotip kümelenmesi ile benzerlik göstermektedir. Haplotip networkünde sol tarafta Türkiye, İberya, Norveç ve Polonya haplotipleri yer aldığı Grup 1 görülürken sağ tarafta ise Kore haplotiplerinin oluşturduğu Grup 2 görülmektedir (Şekil 3.59). Türkiye haplotiplerinin de yer aldığı Grup 1'deki haplotipler arasında yakın bir ilişki görülürken bu haplotiplerle Grup 2'deki Kore haplotipler arasında nispeten uzak bir ilişki görülmektedir.



Şekil 3.59. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Lutra lutra* türüne ait mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine haplotiplerinin Median-joining networkü

4. BÖLÜM

TARTIŞMA VE SONUÇ

4.1. Tartışma

4.1.1. Mustelidae Familyasının Filogenisi

Mustelidae familyası, 22 cins ve 59 tür ile zengin bir çeşitliliğe ve geniş bir yayılışa sahiptir [3, 11, 123]. Biyocoğrafik analizlere göre Avrasya'nın (çoğunlukla Asya) mustelidlerin dağılım merkezi olduğu ve değişik zamanlarda Afrika, Güney Amerika ve Kuzey Amerika'ya kolonize oldukları önerilmiştir [9, 20]. Ülkemizde *Meles meles*, *Lutra lutra*, *Martes foina*, *Martes martes*, *Vormela peregusna*, *Mustela nivalis* ve *Mustela putorius* türlerinin yayılış gösterdiği ifade edilmektedir [1, 3, 4]. Bu çalışmada söz konusu yedi türden *M. martes* türü hariç diğer altı türe ait bireyler elde edilebilmiştir. Yapılan arazi ve moleküler çalışmalar sonucunda *M. martes* türüne ait örneklerle rastlanılamamıştır. Ayrıca *M. meles* türünün Türkiye'deki yayılış alanının sadece Trakya bölgesi ile sınırlı olduğu, bu çalışmada Anadolu'da yayılış gösteren türün son moleküler temelli çalışmalar [50, 51, 211] desteklenerek *Meles canescens* olarak değerlendirilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

Mustelidae familyası, dünya genelinde olduğu gibi Türkiye'de de Carnivora takımının en çok türe sahip familyasıdır [1, 4]. Mustelidae familyası üyelerinin gösterdiği farklı davranış ve beslenme biçimleri, farklı habitatlara uyum sağlaması ve tür sayısının fazla olması, familya içerisindeki özellikle de cinsler arasındaki filogenetik ilişkilerin çözülmesini oldukça zorlaştırmıştır [9, 12, 15]. Son yüzyılda morfolojik karakterler temel alınarak ve cinslerin ekomorfolojik benzerliklerine göre tanımlanıp çeşitli sayıdaki altfamilya içlerine yerleştirildiği birçok taksonomik şema oluşturulmuş, daha sonraki taksonomik şemanın belirlenmesinde ise moleküler yöntemlerden yararlanılmaya başlanmıştır [6-9, 11, 13-20, 41, 59, 60, 63, 93, 106, 114, 118, 119, 121,

123, 133-135, 138, 139, 188, 190, 212]. Pocock [212], mevcut mustelidleri çoğu monofiletik olan 15 altfamilyaya ayırmış, Simpson [121] ise mustelidleri Lutrinae, Melinae, Mellivorinae, Mephitinae ve Mustelinae olarak beş altfamilya içerisinde gruplamayı önermiş ve bu ayırım uzun süre kabul görmüştür. Daha sonraki yapılan çalışmalar ile Mustelinae, Galictinae, Helictidinae, Martinae, Melinae, Lutrinae, Mellivorinae ve Taxidiinae olarak sekiz altfamilyaya kadar çeşitli gruplamalar yapılmıştır [9, 14, 16]. Yapılan son değerlendirmeler ile *Mellivora* ve *Mephitis* hariç olarak Lutrinae ve Mustelinae şeklinde iki altfamilya içerisinde gruplandırmışlardır ve günümüzde bu sınıflandırma yaygın olarak takip edilmektedir [3]. Altfamilyalar arasındaki filogenetik ilişki hala tartışmalıdır ve tam olarak belirlenememiştir [9-19, 94].

4.1.2. *Martes foina* ve *Martes martes* Türlerinin Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Bu çalışmada hem mitokondriyal hem de nükleer DNA dizilerinin analizi sonucunda *M. foina* ve *M. martes* türlerinden sadece *M. foina* türü tespit edilebilmiş, yapılan arazi, koleksiyon tarama ve moleküler çalışmalar sonucunda *M. martes* türüne ait herhangi bir örnek tespit edilememiştir. Elde edilen *M. foina* türüne ait tüm örnekler için genetik çeşitlilik, beklenenden daha düşük çıkmıştır. Türkiye mustelidlerinin genetik çeşitliliği üzerine daha önce yapılmış çalışmalara rastlanılmadığı için elde edilen bulgular ile Türkiye *M. foina* türü için literatür bulgularının karşılaştırması yapılamamıştır. Türkiye *Martes* cinsi ile ilgili tespit edilebilmiş çalışmaların tamamına yakını az sayıdaki örneğe dayanan sınırlı bir bölgedeki yayılış kaydı, morfolojik ve karyolojik çalışmalardır [1, 4, 29, 31, 33-37, 213-217].

Oğurlu [213], Türkiye *M. martes* türünün beslenme davranışı ve habitat seçimi üzerine bir çalışma yapmış ve Balıkesir, Manyas bölgesinden bu türe ait olduğu düşünülen dışkı örnekleri toplamıştır. Ancak herhangi bir ayırt edici karakter veya örnek incelemesi gösterilmemiştir. Yiğit et al. [214], Türkiye'nin dört farklı lokalitesinden elde ettikleri dokuz *M. foina* türüne ait karyolojik ve morfolojik veriler ile taksonomisi ve yayılışına katkıda bulunmuşlardır. Kryštufek ve Vohralik [1, 4], Türkiye ve Kıbrıs'ın memeli tür listesini yayınlamışlar ve mustelidlerin yayılış alanları hakkında kısa bilgiler vermişlerdir. Türkiye'de *Martes* cinsine ait iki türün (*M. martes*, *M. foina*) yayılış gösterdiğinden bahsetmişlerdir. Bunlardan *M. martes* türünün Marmara, Karadeniz dağları, Ege, Toros dağları ve Doğu Anadolu bölgelerinde yayılış gösterdiğini, *M. foina*

türünün ise Türkiye’de geniş bir yayılışa sahip olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmada daha önce yayılış kaydı verilen bölgeler ve yakın çevrelerinden örnekleme yapılmış fakat moleküler analizlere göre elde edilen tüm örneklerin *M. foina* türüne ait olduğu anlaşılmıştır. Johnson [29], Türkiye’deki karnivor memelilerin durumu ile ilgili bir çalışma yayımlamış ve burada, Türkiye’nin coğrafi konumu gereği çoğu karnivor türü için tarihsel ev rolü oynadığını, çoğu büyük karnivorun Anadolu’da neslinin tükenmiş olmasına rağmen hala yayılış gösteren karnivor türlerinin olduğunu belirtmiştir. Türkiye’de *M. martes* türünün geniş bir yayılışa sahip olduğunu, populasyon durumları hakkında bilgi olmadığını ve Türkiye’deki bu tür ile ilgili yapılmış bir çalışmanın olmadığından bahsetmiştir. Turan [31], Ankara, Nallıhan bölgesinin yaban hayatı envanterini, açık alan gözlemleri, literatür taramaları ve yöre halkı ile görüşme yöntemlerini kullanarak çıkarmış ve bu bölgede ağaç sansarı *M. martes*’in yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Yiğit et al. [33], Kazdağı milli parkı ve çevresinden toplanan ve gözlenen türler hakkında bir çalışma yapmış, arazi çalışmaları sonucunda 6 takımdan toplam 40 memeli türü tespit etmişlerdir. Bunlardan biri Balıkesir, Gönen çevresinden elde ettiği *M. foina* türüne ait 2 tane örnektir. Kazdağı milli parkı ve çevresi için daha önceki çalışmalarda yayılış kaydı verilen *M. martes* türünün elde edilemediğini ve bu türün Anadolu’daki yayılışının tartışmalı olduğunu belirtmişlerdir. Soyumert [215], Marmaris bölgesinde orta ve büyük boyutlu memelilerin varlığını foto kapan yardımı ile araştırmış, *M. foina* türünün bölgede bulunduğunu rapor etmişlerdir. Albayrak et al. [34], Türkiye’nin değişik bölgelerinden topladıkları 57 *M. foina* örneğinin morfolojik karakterlerine göre incelemişler ve örneklerin yavru, genç ve ergin olarak üç yaş grubuna ayrıldığını belirtmişler ve kafatası ile bakulum özellikleri hakkında bilgiler vermişlerdir. Can ve Togan [35], Karabük, Yenice ormanında Ocak-Mayıs 2006 tarihleri arasında foto kapan çalışması yapmışlar ve hem foto kapan verilerine hem de yerel halk ve bölgedeki görevli personel ile yaptıkları görüşmelere dayalı olarak bölgede ağaç sansarı *M. martes*’in varlığından bahsetmişlerdir. Ancak bölge için kaya sansarı *M. foina* hakkında bilgi vermemişlerdir. Merinis ve Masseti [36], Antalya Termessos milli parkının memeli faunası üzerine bir çalışma yapmış ve bölgede kaya sansarı *M. foina*’nın varlığını bildirmişlerdir. Soyumert et al. [37], Türkiye’nin güneybatısındaki yanmış çam ormanlarında büyük ve orta boyutlu memelilerin durumu hakkında yaptıkları bir çalışmada *M. foina*’nın varlığını bildirmişlerdir. Göktürk et al. [216], Artvin’in memeli faunası üzerine yaptığı çalışmada bölgede kaya sansarı *M.*

foina'nın yerleşim bölgelerinde ve kayalık alanlarda, ağaç sansarı *M. martes*'in vadi yatağında ve ormanlık alanda bulunduğunu belirtmişlerdir. Albayrak et al. [217], Antalya Beydağları ve çevresi karnivorlarını foto kapan yöntemiyle araştırmışlar ve bölgede kaya sansarı *M. foina*'nın varlığını bildirmişlerdir. Ayrıca Harrison et al. [142], Long [139], Wilson ve Reeder [3], Kranz et al. [140] *M. martes* ve *M. foina* için Türkiye'de geniş bir yayılış alanı vermişlerdir.

Dünya genelinde sekiz türü içeren *Martes* cinsi üyeleri morfolojik olarak birbirine oldukça benzerdir [55]. Özellikle Avrasya'nın büyük bir kısmında simpatrik olarak yayılış gösteren ve aynı habitatı paylaşabilen *M. martes* ve *M. foina* türleri kolaylıkla birbiri ile karıştırılmaktadır [56-58, 218]. Bu iki türün ülkemizdeki durumları ile ilgili çalışmaların büyük kısmı herhangi bir ayırt edici karakter içermeksizin tamamen gözleme, yerel halk ile görüşmelere veya mevcut eski literatür bilgisine dayalı çalışmalardır. Örnek temelli çalışmalarda ise sadece *M. foina* türü kullanılmıştır ve örnek sayısı Albayrak et al. [34]'in çalışması dışındakiler sınırlı bir bölgedeki az sayıda örneğe dayanan çalışmalardır. Bu zamana kadar yapılmış ve tespit edilebilmiş çalışmalar içerisinde gerek örnek sayısı gerekse dağılım olarak en kapsamlı çalışma bu Tez çalışmasıdır. Ayrıca bu çalışmaya kadar Türkiye *Martes* cinsi ile ilgili herhangi bir moleküler temelli çalışma tespit edilememiştir.

Reig [219], Avrupa'daki ağaç sansarı (*M. martes*) ve kaya sansarı (*M. foina*)'nın coğrafik varyasyonlarını araştırmıştır. 15 *M. martes* popülasyonundan ve 13 *M. foina* popülasyonundan elde ettiği kafataslarını 23 karaktere göre karşılaştırmış, *M. martes* için kuzeyden güneye doğru kafatası boyutlarında artma, *M. foina* için batıdan doğuya doğru bir artma tespit etmiştir. Her iki türde de eşeysel dimorfizmde coğrafik varyasyonların önemli olmadığını belirtmiştir. Özellikle *M. foina*'da kafatası genişliği ile iklim arasında güçlü bir ilişkinin olduğunu belirtmiştir.

Martes cinsinin evrimsel tarihini ortaya çıkarmak için çeşitli moleküler temelli filogenetik çalışmalar yapılmıştır [6, 7, 59-63]. Moleküler filogenetik çalışmalarda bu iki türün yakın ilişkili olduğunu göstermiştir [9, 62, 63], *M. martes*'in orta ve kuzey Avrupa'da çeşitli sığınaklardan orijinlendiğini belirtmiştir. Buna karşın Akdeniz sığınak bölgelerinden (Balkanlar, İberya yarım adası, İtalya) ve Doğu Rusya'dan örnek olmaması türün filocoğrafyasının çözülmesinde eksik kalmıştır [58]. Davison et al. [62], *M. martes* türünün Kuzey Avrupa'da geniş bir yayılış göstermesine karşın Güney

Avrupa'nın büyük bir kısmında bulunmadığını veya çok sınırlı bir yayılım gösterdiğini, çoğu kayıtların eski ve doğrulanmasının mümkün olmadığını belirtmişlerdir. Bu kapsamda Yunanistan'da bulunmadığını, Slovenya ve Hırvatistan'da nadir, Sırbistan, Bulgaristan ve Arnavutluk'ta oldukça nadir olduğunu ve Türkiye'nin Karadeniz kıyılarında bulunabileceğini ifade etmişlerdir. *M. martes* için düşük bir genetik çeşitlilik ve az sayıda soyhattı belirtmişlerdir. *M. martes* türünün Avrupa'ya son buzul dönemden sonra tek bir sığınaktan yeniden kolonize olduğunu önermiştir. Yiğit et al. [33], *M. martes* türünün Anadolu'daki yayılımının tartışmalı olduğunu belirtmişlerdir. Bu Tez çalışmasında *M. martes* türünün olası yayılım bölgesi ve alanlarından örnekleme yapılmasına karşın bu türe ait herhangi bir bireye rastlanılmamış ve Türkiye *M. martes* türüne ait herhangi bir müze örneği de bulunamamıştır.

Bazı *Martes* türleri arasında hibridizasyonun tespit edilmesine rağmen *M. martes* ve *M. foina* arasında herhangi bir melezleşme tespit edilememiştir [62, 64]. Farklı *Martes* türleri arasındaki filogenetik ilişkileri hem de tür içi ilişkileri araştırmak için farklı araştırmacılar tarafından mitokondriyal sitokrom *b* kullanılmıştır [62, 63, 72, 129, 185, 187, 220].

Hosoda et al. [185], *Martes* ve *Mustela* cinslerine ait türler içerisindeki mitokondriyal soyhhatlarının farklılaşmasını araştırmışlardır. Bunun için her iki cinse ait toplam 68 bireyin kısmi sitokrom *b* (402 bp) dizilerini kullanmışlardır. Bunun için *M. martes* türüne ait ikisi Rusya, ikisi Almanya'dan, *M. foina* için ise dördü Almanya, biri Çin olmak üzere iki türe ait toplam dokuz örnek kullanılmıştır. K2P baz değişim modeli kullanılarak oluşturulan NJ filogenetik ağacında *M. martes* türüne ait olan soyhattında herhangi bir gruplanma oluşmazken *M. foina* soyhattında Çin'den elde edilen örnek Almanya örneklerinden bariz bir şekilde ayrı gruplanmıştır. Daha fazla örnek ve komple sitokrom *b* baz dizileri kullanılarak gerçekleştirilen bu çalışmada ise bu sonuca benzer olarak Çin'den elde edilen iki örneğe ait haplotip tüm filogenetik ağaçlarda diğer haplotiplerden açık bir şekilde ayrılarak bazalda yer almıştır. Ayrıca *M. martes* türü için daha iyi bir ayırım ortaya çıkmış olup Almanya ve Danimarka haplotipleri birlikte gruplanırken, İsveç ve İspanya'dan haplotipleri bunlardan bariz bir şekilde ayrı gruplandı. *Martes* cinsi içerisindeki türlerin ayrılma sırası olarak ilk önce *M. flavigula* ve *M. pennanti*'nin ayrıldığını, ikinci olarak *M. foina* türünün, en son olarak da *M.*

americana, *M. martes*, *M. melampus* ve *M. zibellina* türlerinin ortaya çıktığını belirtmiştir [185].

Sato et al. [129], Japonya sansarı *Martes melampus*'un genetik çeşitliliğini araştırmışlar ve bunun için Japonya'nın çeşitli bölgelerinden elde ettiği 49 örneğin mitokondriyal sitokrom *b*, kontrol bölgesi ve NADH2 genlerinin kombine baz dizilerinden (2.814 bç) yararlanmışlardır. Tsushima ada popülasyonunun ana kara ve diğer ada popülasyonundan ayrı olarak gruplandığını belirtmişlerdir. 1.140 bç'lik sitokrom *b* gen bölgesi için 23 bç'lik bölgede varyasyon tespit ederken bunlardan 11 parsimonik olarak bilgi içerdiğini belirtmişlerdir. Ayrıca örneklerin nüklear GHR geninin polimorfik intron bölgesinin dizi analizi sonucunda (654 bç) altı heterozigotik bölge bulmuşlar ve Tsushima popülasyonunda homojenite tespit etmişlerdir. Bu çalışmada Türkiye sansarları için böylesi bir coğrafik bariyerin bulunmaması sebebiyle bölgeler arası bariz bir gruplanma elde edilememiş ve Türkiye sansarları için 28 bç'lik bölgede varyasyon tespit edilmiş olup bunlardan 6'sı parsimonik olarak bilgi içermektedir. Bu çalışmada aynı gen bölgesi için Türkiye *M. foina* örnekleri içerisinde 622 bç'lik bölgede dört heterozigotik bölge tespit edildi fakat bölgeler arası bir gruplanma oluşmamıştır.

Nagai et al. [221], Bulgaristan kaya sansarlarının (*M. foina*) popülasyon yapısını ve filoğrafyasını çalışmışlar, bunun için mikrosatellit polimorfizmini ve mtDNA varyasyonlarını araştırmışlardır. Bulgaristan'ın çeşitli yerlerinden elde ettikleri 28 kaya sansarında her bir lokus için 2 ila 7 arasında allel tespit etmişlerdir. Bulgaristan popülasyonu için genetik çeşitliliği diğer bölgelerdeki mustelid türleri için elde edilenden daha düşük tespit etmişlerdir. 28 örneğin kısmi mitokondriyal kontrol bölgesinin 523 baz çiftlik dizisinde 3 varyasyon tespit etmişler ve toplam 4 haplotip elde etmişlerdir. Haplotip çeşitliliğini ve nükleotid çeşitliliğini sırasıyla 0.62 ve 0.001371 olarak hesaplamışlardır. Inoue et al. [222], *M. zibellina*'da homolog mtDNA dizileri için haplotip çeşitliliğini 0.73, nükleotid çeşitliliğini 0.00242 olarak, Rusya popülasyonları için ise 1.00 ve 0.00874 olarak hesaplamışlardır. Bulgaristan *M. foina*'larının genetik çeşitliliğinin *M. zibellina*'ya göre düşük olduğunu belirtmişler ve bu durumun Zachos et al. [223]'un Sırbistan çakallarında (*Canis aureus*) mtDNA kontrol bölgesi (392 bç) analizi sonucunda monomorfik haplotip tespit etmesindeki gibi son zamandaki güçlü bir kurucu etkisi sonucu oluşmuş olabileceğini belirtmişlerdir. Bu

çalışmada Türkiye *M. foina* türü için sitokrom *b* genine dayalı haplotip çeşitliliği 0.8326 ve nükleotid çeşitliliği 0.00201 olarak Bulgaristan'daki durumdan farklı bir şema ortaya koymuştur. Ishida et al. [224], *M. zibellina*'nın sitokrom *b* gen bölgesi için Hokkaido popülasyonlarının Uzak Doğu Rusya popülasyonlarına göre genetik çeşitliliğin oldukça düşük olduğunu belirtmişler, haplotip ve nükleotid çeşitliliğini Hokkaido ve Uzak Doğu Rusya popülasyonları için $h=0.476-0.900$ ve nükleotid çeşitliliğini $\pi=0.00122-0.00909$ olarak hesaplamışlardır. Nagai et al. [221], Tarafından oluşturulan NJ filogenetik ağacında Bulgaristan örnekleri Avrupa örnekleri ile gruplanmış, Avrupa için iki soyhattı oluşmuştur. Çin haplotipi bu çalışmada olduğu gibi dikkate değer bir şekilde ayrı yerde gruplanmıştır. Bu Tez çalışmasında elde edilen haplotipler ile Gen Bankası'ndan alınan sitokrom *b* dizilerinin birlikte analizi sonucunda da Avrupa için iki soyhattı oluşmuş ve Türkiye'ye ait haplotipler bu iki soyhattı içerisinde yer almıştır.

Bu çalışmada *M. foina* türüne ait 86 örnekte tespit edilen toplam 24 haplotipin 23 tanesi ilk kez bu çalışmada tespit edilmiştir. Bununla birlikte Türkiye kaya sansarları için tespit edilen en yaygın ikinci haplotip olan MFOTR2, İspanya (EF689071) ve Portekiz (EF689069, EF689070) [184] bölgelerinden tespit edilen haplotip ile aynı baz dizisine sahiptir. Bu durum ülkemiz popülasyonları ile Avrupa popülasyonları arasında genetik olarak bir yakınlığa işaret etmektedir.

Stone ve Cook [63], *M. gwatkinsi* hariç günümüz tüm sansarlarının mtDNA sitokrom *b* ve nüklear aldolaz C genlerinin baz dizilerini kullanarak filogenisini araştırmışlar ve *Martes* cinsinin *Gulo gulo*'ya göre parafiletik olabileceğini ve *Pekania*, *Charronia*, *Martes* olmak üzere 3 kladın varlığını önermişlerdir. Yapılan analizler sonucu *M. foina* ve *M. melampus*'un durumunun çözülemediğini belirtmişlerdir. Sitokrom *b* gen bölgesi için baz kompozisyonunu diğer memelilere benzer olarak [87, 225, 226] A: % 28.2, C: % 30.6, G: % 14.4, T: % 26.8 şeklinde tespit etmişlerdir. Bu çalışmada *M. foina* türü için ise baz kompozisyonu benzer olarak A: % 27.7, C: % 30.9, G: % 14.4, T(U): 27.0 şeklinde hesaplanmıştır. Nüklear aldolaz C geninin, sitokrom *b* genine göre daha az varyasyon göstermekte olduğunu belirtmişlerdir. Benzer bir durum da Türkiye örnekleri için GHR gen bölgesinde tespit edilmiştir. Li et al. [187], *M. martes* türünün komple mitokondriyal genomunu dizi analizini yapmışlar, total baz kompozisyonunu A: % 31.9, C: % 27.6, G: % 14.7, T(U): 25.8 şeklinde, sitokrom *b* gen

bölgesinin baz kompozisyonunu A: % 28.0, C: % 31.1, G: % 14.8, T(U): % 26.1 şeklinde hesaplamışlardır.

Türkiye sansarları ile ilgili daha önceki zamanlarda yapılmış moleküler temelli çalışmaların tespit edilememiş olması ve var olan çalışmaların da sayısının çok az olması ve sadece sınırlı bir bölgeden, örneklerin morfolojisine ve karyolojisine dayalı olması bu çalışmanın önemini arttırmaktadır. Gerçekleştirilen bu çalışma hem bu zamana kadarki gerek kullanılan örnek sayısı gerekse dağılım bakımından en kapsamlı çalışma olup, moleküler temelli ilk çalışmadır.

4.1.3. *Vormela peregusna* Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Mustelidae familyası içerisinde yer alan *V. peregusna* türü familya içerisindeki moleküler teknikler kullanılarak en az çalışılan türlerden biridir [9, 20, 65, 66]. Tür içi genetik yapısı ve evrimsel tarihi hakkında bilgiler oldukça yetersizdir. Ülkemizde yayılış gösteren bu türle ilgili az da olsa çeşitli çalışmalar [24, 25, 28, 33] mevcut olup morfoloji ve karyoloji temelli veya yayılış ve envanter kaydı şeklindeki çalışmalardır. Bu çalışmada Türkiye alacasansarları için moleküler belirteçler kullanılarak hem genetik çeşitliliğinin hem de filogenisinin ortaya konması bakımından ilk çalışmadır.

Türkiye alacasansarı *V. peregusna* ile ilgili yapılmış çalışmalarda Özkurt et al. [24], Balıkesir/Gönen'den elde edilmiş bir dişi örneğin karyolojik ve morfolojik özelliklerini incelemişler ve bu özelliklerine göre Suriye'den tanımlanan *V. p. syriacus*'a benzediğini bildirmişlerdir. Özkurt et al. [25], Güney Doğu bölgesinden yeni bir kayıt ile birlikte bu örneğe ait karyolojik, morfolojik ve bakular özellikler vermişlerdir. Elde edilen örneğin diploid kromozom sayısının Kafkasya, Suriye, Batı Türkiye ve Romanya örnekleri ile aynı olduğunu, NF ve NFa değerlerinin Batı Türkiye örneklerinden daha yüksek olduğunu, Suriye örnekleri ile aynı olduğunu belirtmişlerdir. Kryštufek ve Vohralík [1, 4], Türkiye ve Kıbrıs memelileri üzerine yaptıkları çalışmada *V. peregusna* türünün Güney Doğu hariç Trakya ve Anadolu'da (Ege, Toroslar, İç Anadolu, Karadeniz dağları, Doğu Anadolu) yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Bu Tez çalışmasındaki örneklere göre Türkiye'nin Trakya, İç Anadolu, Ege ve Doğu Anadolu bölgelerinden yayılış gösterdiği desteklenmektedir. Tez et al. [28], yayılış alanına, üreme biyolojisine ve ekolojisine katkıda bulunmuşlardır. *V. peregusna* üzerine yaptıkları bir çalışmada Yiğit et al. [33], Kazdağı milli parkı ve çevresinin memelileri

üzerine yaptığı çalışmada Balıkesir, Gönen'den yayılış kaydı vermişler, bu türün genellikle Türkiye'de bataklık veya etrafı sazlarla kaplı olan nehir kıyılarını tercih ettiğini belirtmişler ve bir dişi bireyin dış vücut ölçüleri ve ağırlığı hakkında notlar vermişlerdir. Milli park çevresinde yoğun bir popülasyona sahip olduğunu belirtmişlerdir. Türkiye mustelidlerinin genetik çeşitliliği ve filogenisi üzerine yapılmış çalışmalar tespit edilemediğinden dolayı *V. peregusna* türü için bu çalışmada elde edilen bulgular ile daha önce rapor edilmiş bulguların karşılaştırması yapılamamıştır.

Rifai et al. [227], Ürdün alacasansarlarının durumu üzerine bir çalışma yapmışlar ve Ürdün'ün kuzeyinde popülasyonunun arttığını belirtmişlerdir. Dulamtseren et al. [157], *V. peregusna* türü için Moğolistan'daki üç yeni bölgeden yayılış kaydı vermişlerdir. Gorsuch ve Lariviere [154], yaptıkları derleme çalışmasında tür ile ilgili bilgiler vermişlerdir. Rozhnov ve Abramov [228], Türkmenistan'dan elde ettikleri 85 örneğe ait 26 kranial karakterdeki morfometrik varyasyonları araştırmışlar ve tür içerisinde düşük seviyede seksüel dimorfizm rapor etmişlerdir. Tür ile ilgili ilk mitokondriyal DNA temelli çalışma, Rozhnov et al. [65] tarafından yapılmış ve komple sitokrom *b* geninin dizi analizini yapmak suretiyle *V. peregusna*'nın Mustelidae familyası içerisindeki cins konumunu belirleyerek cinsin filogenetik ilişkilerini araştırmışlardır. *Vormela* cinsinin *Ictonyx* ile yakın ilişkili olduğunu göstermişlerdir. Bununla birlikte alacasansar popülasyonlarının filocoğrafik yapıları hakkında bilgi vermemişlerdir. Mitokondriyal sitokrom *b* ve kontrol bölgesi dizilerine dayanarak Rozhnov et al. [66], *V. peregusna* türünün genetik analizini yapmışlar, Güney Rusya, Transkafkasya, Türkmenistan ve Özbekistan'dan elde ettikleri örnekler arasında genetik olarak bir farklılık olmadığını ortaya koymuşlar ve *V. peregusna* türü içerisinde mitokondriyal DNA dizilerinin (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) yüksek derecede genetik homojenite gösterdiğini vurgulamışlardır. Yaptıkları çalışmada beş adet kombine sitokrom *b* ve kontrol bölgesi dizilerinde (2.225 bp) beş haplotip tespit etmişler, 16'sı yer değiştirme, 3'ü indel olan 19 varyasyon gösteren bölge bulmuşlardır. Örneklerin nükleotid çeşitliliğini $\pi = \% 0.325 \pm 0.215$, genetik uzaklığı $\% 0.13-0.63$ arasında bulmuşlardır. Sadece sitokrom *b* dizilerinin analizi sonucunda sekiz örnekte altı haplotip tespit etmişler ve beş varyasyon gösteren bölge bulmuşlardır. Örneklerin nükleotid çeşitliliğini $\pi = \% 0.205 \pm 0.150$, genetik uzaklığı $\% 0.09-0.35$ arasında bulmuşlardır. Gerçekleştirilen bu Tez çalışmasında Türkiye'den elde edilen 17 örnekte toplam dokuz

haplotip, Gen Bankası örnekleri ile birlikte analiz sonucunda *V. peregusna* türüne ait 16 haplotip tespit edilmiştir. Bu Tez çalışmada 16 haplotip için 17 nükleotid pozisyonunda polimorfik bölge tespit edilmiştir. Nükleotid çeşitliliği ise $\pi = \% 0.319$ olarak hesaplanmıştır. Türkiye örnekleri için genetik çeşitlilik değeri $\% 0.1-0.7$ olarak hesaplanmıştır. Elde edilen genetik uzaklık ve nükleotid çeşitlilik değerleri Rozhnov et al. [66]'un tespit ettiği değerlerden daha yüksektir.

Koepfli et al. [9], Mustelidae familyasının multigen filogenisini araştırmış, *V. peregusna* ve 3 Afrika türü olan *Ictonyx libyca*, *Ictonyx striatus* ve *Poecilogale albinucha*'yı monofiletik grup olarak tanımlamışlardır. Bu durum Rozhnov et al. [65]'in bulguları ile uyumludur. Bu grup ile *Galictis* (İç ve Güney Amerika) arasında yakın ilişki olduğunu belirtmiştir [9, 65]. Sato et al. [20] yaptıkları çalışma ile Koepfli et al. [9]'in bulgularını desteklemiştir. Bunlara ilave olarak *Vormela* türünün Pliyosen'de Güneybatı Asya'dan orijinlendiği ve Güney Avrupa ve Orta Asya'ya buradan yayıldığı ileri sürülmüşlerdir [65, 67]. Bu Tez çalışmasında elde edilen bulgular bu hipotezi destekler nitelikte olup *Vormela* cinsinin ortaya çıkış yeri muhtemelen Anadolu'dur.

Ayrıca *V. peregusna* türüne ait 17 bireyde tespit edilen toplam dokuz haplotipin sekiz tanesi ilk kez bu çalışmada belirlenmiştir. Bununla birlikte Türkiye alacasansarları için tespit edilen en yaygın ve geniş yayılışlı haplotip olan VPETR1 haplotipi Ermenistan (AB564108 ve EF581357) [66] örneklerine ait sitokrom *b* baz dizileri ile aynı baz dizisine sahiptir ve bu zamana kadar tespit edilen tüm haplotipler içerisinde en çok örnek bulunan ve en geniş yayılışa sahip olan haplotiptir. Bu durum *V. peregusna* türünün Anadolu'da ortaya çıktığını ve buradan diğer bölgelere yayıldığı görüşünü [65-67] desteklemektedir.

Hem Türkiye alacasansarları ile ilgili daha önceki zamanlarda yapılmış moleküler temelli çalışmaların tespit edilememiş olması ve var olan çalışmaların da sayısının çok az olması, hem de Mustelidae familyası içerisinde moleküler teknikler kullanılarak en az çalışılan tür olması [9, 20, 65, 66], tür içi genetik yapısı ve evrimsel tarihi hakkında bilgilerin oldukça kısıtlı olması, gerçekleştirilen bu çalışmanın önemini arttırmaktadır. Gerçekleştirilen bu çalışma hem bu zamana kadarki gerek örnek sayısı gerekse dağılım bakımından en kapsamlı çalışma olup hem de ülkemiz için alacasansarlar ile ilgili DNA dizi analizine dayalı ilk çalışmadır.

4.1.4. *Meles Cinsinin Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi*

Bu tez çalışmasında, Türkiye’de geniş bir yayılışa sahip *Meles* cinsine ait örnekler, hem Trakya hem de Anadolu bölgelerinden örnekler temin edilmiştir. Yapılan mitokondriyal DNA analizi sonucunda Trakya bölgesinden elde edilen iki örneğin *M. meles* türüne, Anadolu bölgesinden elde edilen örneklerin ise *M. canescens* türüne ait olduğu tespit edilmiştir. Türkiye *Meles* cinsi ile ilgili günümüze kadar yapılan ve tespit edilebilmiş çalışmaların tamamına yakını sınırlı bir bölgeden elde edilmiş az sayıdaki örneğe dayanan yayılış kaydı, morfolojik ve ekolojik temelli çalışmalardır [23, 33, 35, 36, 215-217, 229-233]. Ülkemiz *Meles* cinsine ait populasyonlar ile ilgili herhangi bir moleküler temelli çalışma tespit edilememişlerdir.

Özkurt et al. [23], Güney ve Batı Türkiye’den elde ettikleri dört örneği (Çaltılıçukur Köyü, Akseki/Antalya 1, 2; Gönen/Balıkesir 1) morfolojik ve biometrik olarak incelemişler ve sonuçları literatürdeki Suriye, Lübnan, İsrail ve Avrupa örnekleri ile karşılaştırmışlar ve bunlar ile uyumlu olduğunu belirtmişlerdir. Pamukoğlu [229], Batı Türkiye’deki porsukların (Mammalia: Carnivora)’ın ekoloji, biyoloji ve taksonomisi üzerine bir çalışma yapmış ve elde ettiği 54 porsuk verisine dayanarak örneklerin *M. meles*’in nominatif formunu ile benzer olduğunu belirtmiştir. Özen ve Uluçay [233], Kütahya ilinden elde edilen 10 porsuk örneğini morfolojik yönden incelemiş ve Arabistan, Lübnan ve İsrail örnekleri ile benzer olduğunu belirtmiştir. Türkiye’nin Anadolu bölgesinden *M. meles* türü ile ilgili Ege ve İç Anadolu bölgelerinden [230], Elazığ [231], Köprülü Kanyon Milli Parkı [232], Kazdağı Milli Parkı [33], Marmaris [215], Yenice ormanı [35], Termessos Milli Parkı [36], Artvin [216], Beydağları, Antalya [217] bölgelerinden yayılış kayıtları verilmiştir. Kryštufek ve Vohralik [1, 4], *M. meles* türünün Türkiye’de geniş bir yayılışa sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Mustelidae içerisinde yer alan Melinae altfamilyası, *Meles cinsi* ve *Arctonyx collaris* türünden oluşmakta ve bu iki takson arasında yakın (sister) ilişki gösterilmektedir [9, 15, 51]. Abramov [234], Rusya’nın Avrupa kısmı (Leningrad ve Tver bölgeleri), Kuzey-Batı ve Orta Asya (Ural, Kazakistan, Özbekistan, Sibirya ve Moğolistan) ve Japonya’dan elde ettiği porsuk örnekleri arasında bakulum morfolojileri bakımından farklılıklar tespit etmiştir. Ancak bu çalışmada Güney Batı Asya örnekleri kullanılmamıştır. Porsuklar arasındaki elde edilen bu bakulum morfolojisindeki

farklılık, *Martes* ve *Mustela* türleri arasında farklılıktan daha büyüktür [51]. Avrupa, Uzak Doğu Avrupa, Kuzey-Batı ve Orta Asya ve Japonya porsukları arasında açık bir renk desenlenmesi farkı vardır [235]. Bununla birlikte Güney Batı Asya porsuklarının baş bölgesi renk desenlenmesi, Avrupa porsukları ile aynıdır [51]. Avrupa, Sibirya, Japonya ve Çin'den elde edilen porsuklarla ilgili karyoloji temelli çalışmalarda tüm örneklerin aynı sayıda otozomal ve cinsiyet kromozomlarına sahip olduğu gösterilmiştir [236-238]. Fakat Avrupa, Asya'nın ana kara kısmı ve Japonya örnekleri arasında C bantlama desenleri arasında heterokromatin bölge büyüklükleri bakımından farklılıklar vardır [51].

Madurell-Malapeira et al. [239], Avrupa Pilo-Pleisosen porsuklarının taksonomik durumunu İberya'daki krainodental kalıntıları kullanarak araştırmışlar ve günümüz Avrupa porsuğunun Asya porsuklarından ayrıldığını ve Asya'nın porsuk soyhatları için orijin olduğunu belirtmişlerdir.

Kurose et al. [49], Japonya'daki porsuk popülasyonlarının genetik çeşitliliğini mitokondriyal sitokrom *b* geninin komple dizi analizleri yardımıyla araştırmışlar ve Japonya popülasyonunda düşük bir genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir. Bu araştırmacılar, Avrupa (2), Baikal (1) ve Japonya (17) bölgelerinden elde ettikleri 20 örnek için toplam 20 haplotip tespit etmişlerdir. Mitokondriyal sitokrom *b* geninin 1.140 baz çiftlik bölgesinde toplam 97 varyasyon gösteren bölge tespit etmişler ve genetik uzaklığı % 0.09-8.95 (ortalama % 2.31) olarak bulmuşlardır. Japonya popülasyonları içerisindeki (17 örnekte) genetik uzaklığı ise çok daha az (% 0.49) olarak tespit etmişlerdir.

Bu Tez çalışmasında Türkiye porsuk popülasyonları için sekiz örnek için toplam beş haplotip ($H_d = 0.8929$) ve 61 nükleotid pozisyonunun varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Türkiye popülasyonları için genetik uzaklık % 0.1 - % 5.4 arasında, Anadolu popülasyonunun kendi içindeki genetik uzaklık ise çok daha küçük (% 0.1 - % 0.5) olarak tespit edilmiştir. Kurose et al. [49], toplam 20 haplotipin NJ filogenetik ağacında üç gruba ayrıldığını ve Japonya popülasyonunun diğer iki gruptan büyük bir genetik farklılıkla ayrıldığını belirtmişlerdir. Bu Tez çalışmasında Kurose et al. [49]'in sonucuna benzer olarak Türkiye'deki Trakya popülasyonu ile Anadolu popülasyonu arasında büyük bir genetik uzaklık olup (% 5.4), Anadolu popülasyonunun kendi içinde düşük bir genetik çeşitlilik vardır. Ayrıca, Kurose et al. [49] Avrupa'dan elde edilen iki porsuğun yüksek bir değerle birlikte gruplandığını ve Baykal bölgesinden (Sibirya) elde

edilen haplotipten açık bir şekilde farklı olduğunu Asya ve Avrupa'dan yeni örnekler elde edilmesi gerektiğini vurgulamışlardır. Bu çalışmada tüm haplotiplerin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen sonuç, Kurose et al. [49] ile benzer olup Sibirya populasyonları ile Avrupa populasyonları birbirinden farklı türlerden oluşmaktadır. Marmi et al. [50], Avrasya'dan elde ettiği 151 porsuğun filogenetik statüsünü mitokondriyal kontrol bölgesi dizileri yardımıyla araştırmış, Avrasya porsuğunun Avrupa, Güneybatı Asya (Girit, İsrail, Gürcistan ve Tacikistan), Kuzey ve Doğu Asya (Rusya, Kazakistan ve Moğolistan) ve Japonya olarak dört gruba ayrıldığını belirtmişlerdir. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi için nükleotid çeşitliliğini % 4.6 gibi yüksek bir değerde buna karşın coğrafik bölgelerin kendi içinde % 0.5 - % 0.8 olarak tespit etmişlerdir. Tüm örnekler için elde edilen değer oldukça mobil ve geniş yayılışlı olan kurtlarda (*Canis lupus*) aynı lokus için Vila et al. [240] tarafından rapor edilen değerden (% 2.6) daha yüksektir. Bu Tez çalışmasında nükleotid çeşitliliği, kontrol bölgesine göre daha az varyasyon gösteren sitokrom *b* bölgesi için Türkiye örneklerinde (2 *M. meles* ve 6 *M. canescens*) % 2.28, sadece Anadolu populasyonunda (*M. canescens*) % 0.211, tüm örnekler içerisinde ise % 5.17 olarak tespit edilmiştir. Ülkemiz için elde edilen bu değerler Türkiye'de farklı iki porsuk türünün yayılış gösterdiği görüşünü desteklemektedir. Marmi et al. [50], Avrasya bölgesi için mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizilerine dayalı haplotip çeşitliliğini 0.9 olarak bulmuşlar ve literatür karşılaştırmaları sonucu genetik dar boğaz (bottleneck) bulunmadığını belirtmişlerdir. Bu Tez çalışmasında Türkiye porsukları için sitokrom *b* gen bölgesine dayalı haplotip çeşitliliği, 0,8929 olarak tespit edilmiş olup Marmi et al. [50]'un sonuçlarına benzerdir. Ayrıca bu Tez çalışmasında mevcut tüm örneklerin birlikte analizi sonucunda haplotipler, Marmi et al. [50]'un mitokondriyal kontrol bölgesi verileri sonucu elde ettiği dört gruba benzer olarak mitokondriyal sitokrom *b* dizilerine göre de dört gruba ayrılmıştır. Del Cerro et al. [51], Avrasya'da 18 ülkeden elde ettikleri 117 örnekte nüklear (ACTC, BGN, CFTR, CHRNA1, TS ve TTR genleri) ve mitokondriyal DNA dizi (kontrol bölgesi) verilerini kullanarak Avrasya porsuğundaki bu dört grubu doğrulamış ve daha önce alttür olarak kabul edilen Güney Batı Asya'daki grubu ayrı bir tür olarak *M. canescens* şeklinde tanınması gerektiğini önermişlerdir.

Vawter ve Brown [241], omurgalılarda mitokondriyal DNA'nın genel olarak nüklear DNA'ya oranla 5-10 kat daha hızlı evrimleştiğini belirtmişlerdir. Del Cerro et al. [51], yaptığı analizler sonucunda tüm örnekler için nükleotid çeşitliliğini mitokondriyal dizilerde (% 2.08) nüklear dizilere (% 0.34) göre 10 kat daha yüksek tespit etmişlerdir. Güney Batı Asya örnekleri için mitokondriyal dizilerde nükleotid çeşitliliğini % 0.55, nüklear dizilerde % 0.06 olarak bildirmişlerdir. Bu Tez çalışmasında Güney Batı Asya içerisinde yer alan Anadolu örneklerinde mitokondriyal diziler (sitokrom *b*) için % 0.21, nüklear diziler için % 0 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen bu bulgular Del Cerro et al. [51]'in farklı gen bölgeleri için elde ettiği bulgular ile benzerdir. Del Cerro et al. [51] her bir nüklear lokusu ayrı olarak kullanması sonucu elde ettiği filogenetik ağaçların çoğunun çözülmediğini sadece CHRNA1 ve TTR nüklear dizilerinin iki grup olarak ayrıldığını (Avrupa örnekleri Güney Batı Asya örnekleri ile birlikte, Avrupa'nın Doğu sınırı, Kuzey, Batı ve Orta Asya örnekleri ile Japonya örnekleri ile birlikte) rapor etmişlerdir. Bu sonuca benzer olarak bu Tez çalışmasında dizi analizi gerçekleştirilen GHR gen bölgesi sonucunda Trakya ve Anadolu'dan elde edilen porsuk örnekleri aynı baz dizisine sahip olup GHR gen bölgesi, bu iki taksonu birbirinden ayırmamıştır. Benzer olarak aynı gen bölgesi için Koepfli et al. [9], *M. martes* ve *M. americana* türleri arasında 622 baz çiftlik kısımda sadece bir polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Buna karşın tüm örnekleri ve gen bölgelerini içeren süpermatiks'in analizi sonucunda yüksek istatistik değerleriyle Marmi et al. [50] tarafından önerilen dört grup oluşmuştur [51]. Bu Tez çalışmasındaki tüm örneklerin sitokrom *b*'ye dayalı istatistiksel ve filogenetik analizleri daha önceki çalışmalar olan Marmi et al. [50] ve Del Cerro et al. [51] ile oldukça uyumludur.

Tashima et al. [52, 53], *Meles* cinsi için ifade edilen dört grubu hem nüklear hem de mitokondriyal verilerle desteklemişler ve dört türün Avrupa porsuğu (*M. meles*), Güneybatı Asya porsuğu (*M. canescens*), Kuzeybatı ve Orta Asya porsuğu (*M. leucurus*) ve Japon porsuğu (*M. anakuna*) varlığını vurgulamışlardır. Tashima et al. [52], Maternal kalıtlı mtDNA (D-loop) dizilerine ek olarak paternal kalıtım modeline sahip Y kromozom geni olan SRY (1052-1058 bç) geni dizilerini de kullanmışlar ve Japonya, Doğu Avrasya, Kafkasya ve Batı Avrasya olmak üzere porsukların dört soy hattına ayrıldığını belirtmişlerdir. Tashima et al. [53], Avrasya porsuklarında *ZFY* geninin final intronu'ndaki CAN-SINE'leri ve moleküler varyasyonlarını araştırmışlar

ve elde edilen sonuçların Marmi et al. [50] ve Del Cerro et al. [51]'nin sonuçlarıyla benzer olduğunu belirtmişlerdir.

Abramov et al. [54], 692 kafatasına ait 30 kranial karakteri incelemiş Avrupa ve Asya porsuk soyhatlarının *meles – canescens* ve *leucurus – anakuma* olarak belirgin bir biçimde ayrıldığını belirtmişlerdir. Avrupa porsuklarının özellikle kafatası yapısı bakımından morfometrik olarak benzer olduğunu fakat Anadolu, Ortadoğu ve Transkafkasya örneklerinin açık bir şekilde farklı olduğunu ifade etmişlerdir. Abramov et al. [54], kranial morfometrik verileri ile Marmi et al. [50] ve Del Cerro et al. [51]'un önerdiği bu dört grubu desteklemişler ve Güney Batı Asya'daki porsuğun *M. canescens* olarak değerlendirilmesini önermişlerdir.

Akdeniz adalarında (Girit ve Rodos) yayılış gösteren porsuklar bazı çalışmalarda ana kara porsuklarından farklı alttürler olarak (*M. m. arcalus* Miller, 1907 ve *M. m. rhodius*, Festa, 1914, sırasıyla) gruplandırılmışlardır [3, 242-244]. Son zamanlarda yapılan diş morfolojisi [245], Mitokondriyal ve Nüklear DNA verileri [50, 51, 211] yardımıyla Güney Batı Asya örnekleri ile aynı türe sahip olduğunu göstermişlerdir. Bu Tez çalışmasında Girit adasına ait iki Cyt *b* dizisi Güney Batı Asya örnekleri ile birlikte gruplanmıştır.

Bu Tez çalışmasında yapılan analizler sonucunda Türkiye'nin Anadolu bölgesinde yayılış gösteren türün *M. canescens* olduğu tespit edilmiştir. Türkiye mustelidlerinin genetik çeşitliliği üzerine daha önce yapılmış çalışmalar bulunmadığından elde edilen bulgular ile karşılaştırma yapılamamıştır.

4.1.5. *Mustela nivalis* Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Bu Tez çalışmasında Türkiye'de geniş bir yayılış gösteren *M. nivalis* türüne ait örnekler, Malkara/Tekirdağ, Orhangazi/Bursa, Ulubey/Ordu, Kayseri, Kars ve Altınova/Yalova lokalitelerinden elde edilmiştir. Türkiye *M. nivalis* türü ile ilgili yapılmış çalışmaların tamamına yakını sınırlı bir bölgeden toplanmış az sayıdaki örneğe dayanan yayılış kaydı, morfolojik ve karyolojik temelli çalışmalardır [1, 4, 26, 30, 33]. Ülkemiz *M. nivalis* türü ile ilgili tespit edilebilen moleküler temelli çalışmalar sadece Kars ilinden elde edilmiş bir örneğe dayanmaktadır [47, 48].

Çolak et al. [26], Türkiye gelincikleri ile ilgili yaptığı çalışmada Türkiye'nin beş lokalitesinden (Gönen/Balıkesir, Demirköy/Kırklareli, Aksaray, Abant/Bolu, Polatlı/Ankara) toplanan beş örneği karyolojik, morfolojik, bakulum ve bazı ekolojik özelliklerine göre incelemişler, $2n=42$, $NFa=76$ karyolojik değerlere sahip olduğunu ve bakulumun *M. n. dinniki* örneklerinin (Erivan/Ermenistan) bakulumuna benzer olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca Akkuş/Ordu'da bir örneğinde gözlendiğini bildirmişlerdir. Balıkesir ve Aksaray örneklerinin Ankara, Bolu ve Kırklareli örneklerinden daha büyük olduğunu belirtmişlerdir. Yiğit et al. [33], Gönen/Balıkesir bölgesinden bir *M. nivalis* örneğinin dış vücut ölçülerini vermişlerdir. Kryštufek ve Vohralík [1, 4], *M. nivalis* türünün Trakya ve Anadolu bölgelerinde yayılış gösterdiğini belirtmişlerdir. Zima ve Cenevova [30], Orta Avrupa'daki *M. nivalis* populasyonlarının kürk rengi ve kromozom varyasyonlarını, Istranca dağları, Kırklareli/Türkiye'den bir örnek dahil ederek araştırmışlar, Avrupa'da üç büyük filogenetik soyhattının varlığını göstermişlerdir. Çek ve Slovak Cumhuriyeti'nden elde ettiği 1.280 gelincik örneğinde iki kalıtsal kürk rengi tipi tespit etmişlerdir. Ekim-Nisan aylarında elde ettiği 824 örnekten dördünde (% 0.49) beyaz kürk rengi tespit etmişlerdir. Bu Tez çalışmasında elde edilen sekiz örnekten biri (% 12.5) beyaz kürk rengine sahip olup bu örnek (1443 koleksiyon numarasına sahip) Ocak ayında Kars ilinden elde edilmişlerdir (Şekil 2.4). Aynı zaman dilimi ve lokaliteden elde edilen diğer örnek (1443 koleksiyon numarasına sahip) ise beyaz kürk rengine sahip olmayıp karın bölgesi beyaz, sırt bölgesi kırmızı/kahverengindedir ve iki bölge arası düzensiz bir sınırla ayrılmıştır (Şekil 2.5). Zima ve Cenevova [30], Çek Cumhuriyeti'ndeki farklı bölgelerden elde ettikleri beş örnekte altı otozomunun büyük bir heterokromatin kol içerdiğini ve aynı karyotipin Trakya/Türkiye örneğinde de gözlendiğini rapor etmişlerdir. Ayrıca Balkanlar ve Güneydoğu Avrupa'daki populasyonlarda da aynı karyotipin bulunabileceğini bildirmişlerdir. Hem Türkiye hem de diğer bölgelerden elde ettiği gelincikler için kromozom sayısını Çolak et al. [26] ile uyumlu olarak $2n=42$ olarak bildirmişlerdir.

Abramov ve Baryshnikov [68] kranial farklılıklar, vücut ve kuyruk uzunlukları ve yaz kürkü renklenmesini kullanarak Holoarktik *M. nivalis*'in tür içi coğrafik varyasyonlarını araştırmışlar ve gelincikleri üç grup altında toplamışlardır. Bu gruplardan birincisi büyük vücutlu, uzun kuyruklu ve "*nivalis*" renklenmesine sahip olanlar, ikinci grup orta vücut büyüklüğünde uzun kuyruklu ve "*vulgaris*"

renklenmesine sahip olanlar ve üçüncü grup ise küçük vücutlu, kısa kuyruklu ve “*nivalis*” renklenmesine sahip olan gelinciklerden oluşmaktadır. Bu araştırmacılar, tüm karakterlerin birlikte analizi sonucunda Holoarktik gelincikleri 19 alttür altında gruplamıştır. Abramov ve Baryshnikov [68]’un gerçekleştirdiği çalışmada Türkiye’den beş örneği de çalışmaya dahil etmişlerdir. Farklı coğrafik bölgelerden elde ettiği örneklerin faktör analizi sonucunda Türkiye örnekleri, İngiltere, İspanya, Sivilya/İtalya, Yunanistan, Fransa ve Kafkas örnekleri ile yakın gruplanmıştır. Bu Tez çalışmasında ise sitokrom *b* gen bölgesi verilerine dayalı elde edilen NJ ağacı ve Median-joining network ağ modelinde MUNIVTR3 (Bursa) ve MUNIVTR4 (Kars) haplotipleri İspanya, Yunanistan, Sırbistan, Özbekistan ve Polonya örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. MUNIVTR2 (Ordu), MUNIVTR5 (Kars) ve MUNIVTR6 (Yalova) haplotipleri Sicilya/İtalya, Fransa ve Fas örnekleri ile birlikte kümelenmiştir. MUNIVTR1 (Tekirdağ) haplotipi Polonya, Romanya, Sırbistan ve Çek Cumhuriyeti örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. Elde edilen bu sonuçlar Abramov ve Baryshnikov [68]’un sonuçlarıyla uyumludur. Abramov ve Baryshnikov [68], “*nivalis*” ve “*vulgaris*” tiplerinin Türkiye’de bazen aynı bölgede birlikte bulunduğunu ve yüksek kesimlerdeki bireylerin kışın beyaz kış kürküne sahip olabileceğini belirtmişlerdir. Bu Tez çalışmasında Kars’tan aynı ay ve lokaliteden elde edilen iki bireyden biri kış kürküne sahiptir (Şekil 2.4). Bu sonuç, Abramov ve Baryshnikov [68]’un bulgusuyla uyumludur.

Kurose et al. [72], Japonya’daki *M. nivalis* ve *M. erminea* türlerinin mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri (581-584 bç) yardımıyla coğrafik varyasyonlarını araştırmışlar, Japonya’daki bu iki türün son buzul dönem kalıntıları olarak değerlendirilebileceğini belirtmişlerdir. *M. nivalis* türüne ait Hokkaido populasyonlarının bariz bir şekilde Honshu populasyonlarından farklı olduğunu bildirmişlerdir. Her iki bölgedeki *M. erminea* populasyonları arasında ise daha küçük bir DNA dizi farkı olduğunu rapor etmişlerdir. *M. nivalis* türü için 582 baz çiftlik mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizilerinde 2 indel bölgesi hariç 19 polimorfik bölge tespit etmişler, DNA dizi farklılığını % 0.17 - % 2.43, Hokkaido populasyonu içerisinde ise % 0.17 - % 1.39 olarak hesaplamışlardır. Hokkaido populasyonu için 20 örnekte 11 haplotip tespit etmişlerdir. Lebarbenchon et al. [73], mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri yardımıyla Korsika *M. nivalis*’lerinin genetik varyasyonlarını

araştırmış, elde ettikleri 23 örnek için 15 haplotip belirlemişlerdir. 550 baz çifti uzunluğundaki kontrol bölgesi analizi sonucunda 15'i bilgi içeren 17 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Tüm populasyonlarda düşük bir genetik çeşitlilik tespit etmişler, ortalama genetik uzaklığı ise % 1.54 (% 0-2.32 arasında) bulmuşlardır. Bu Tez çalışmasında Türkiye *M. nivalis* örnekleri için elde edilen altı örneğin her birinin farklı haplotip olduğu, 1.140 baz çifti uzunluğundaki sitokrom *b* gen bölgesi için beşi bilgi içeren toplam 21 bölgenin varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Türkiye örnekleri arasında genetik uzaklık, % 0.2 - % 1.1 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen değerler, Kurose et al. [72] ve Lebarbenchon et al. [73]'ün tespit ettiği değerler ile karşılaştırıldığında çok daha fazla korunmuş bir bölge olan sitokrom *b* bölgesi için Türkiye gelincikleri arasında nispeten yüksek bir genetik çeşitlilik mevcuttur. Saarma ve Tumanov [70], üç *M. nivalis* alttürünün (*M. n. dinniki*, *M. n. boccamela*, *M. n. hepteri*) filogenetik ilişkilerini kısmi sitokrom *b* dizileri (312 bç) yardımıyla araştırmış, analiz edilen alttürlerin *M. n. nivalis* kladına ait olduğu ve *M. nivalis* grubun büyük bir coğrafik ve fenotipik çeşitlilik gösteren tek bir tür olduğunu bildirmişlerdir.

Ülkemiz *M. nivalis* türüne ait bir örneğinde kullanıldığı moleküler temelli çalışmalardan birinde Kurose et al. [47], Palearktik ve Nearktik bölgelerdeki *M. nivalis* ve *M. erminea* türlerinin karşılaştırmalı filoğrafyasını mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri yardımıyla araştırmışlardır. Bu bölgelerden elde ettikleri örnek seti içerisinde Türkiye'den de (Kars) bir örneğe yer vermişlerdir. *M. erminea* türünün oldukça düşük bir seviyede genetik çeşitlilik gösterdiğini, *M. nivalis* türünün daha büyük bir genetik çeşitlilik gösterdiğini belirtmişlerdir. Moleküler filogenetik ilişkiler *M. nivalis* türünde iki soyhattı göstermişlerdir. Bunlardan birincisi, Avrasya bölgesinden Kuzey Amerika'ya kadar uzanan bölgede, ikincisi Güney-Doğu Avrupa, Kafkaslar ve Orta Asya bölgelerinde bulunmaktadır. Sonuçlara göre Güney-Doğu Avrupa, Kafkaslar ve Orta Asya populasyonlarına ya mitokondriyal DNA girişlerinin olduğunu ya da atasal polimorfizmin kalıntılarının bu populasyonlarda bulunduğunu belirtmişlerdir. *M. nivalis* türünde mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin 579 baz çiftlik kısmında 61 bölgenin varyasyon gösterdiğini, tür içi DNA dizi farklılaşmasını % 0.17 - % 6.04 (ortalama % 2.91) olduğunu ve NJ ağacında % 55-100'lük bootstrap değerleri ile yedi (A-G) kümenin oluştuğunu belirtmişlerdir. Türkiye örneğinin de içerisinde yer aldığı A kümesi Kafkasya (Gürcistan, Rusya, Türkiye), Güney Ukrayna

ve Türkmenistan örneklerini içermekte olup % 55'lik bootstrap değeri ile desteklenmektedir. B kümesi Moskova/Rusya, Altai/Rusya, İndigirka/Rusya, Leningrad/Rusya ve Kiev/Ukrayna örneklerini, C kümesi Honshu/Japonya, D kümesi Hokkaido/Japonya, E kümesi Michigan/ABD, F kümesi Türkmenistan, G kümesi Crimea/Ukrayna, Lagodehi/Gürcistan, Karakum/Türkmenistan ve Gurjev/Kazakistan örneklerinden oluşmaktadır. Bu Tez çalışmasında tüm *M. nivalis* örnekleri için sitokrom *b* gen bölgesinde 124 bölgenin varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Bu gen bölgesine dayalı NJ ağacında tüm örnekler iki farklı küme içerisinde yer almıştır. Bu kümelerden birincisi (Nivalis I) Doğu ve Batı Avrupa örnekleri ile Güney Kore, Japonya, Tayland ve ABD örneklerinden oluşurken, ikinci küme (Nivalis II) Türkiye, Avrupa, Afrika ve Asya örneklerinden oluşmaktadır. Nivalis II, kendi içerisinde beş alt kümeye (Karpatlar/Anadolu, Afrika, İtalya/Anadolu, Balkan/Anadolu ve Kars) ayrıldı. Türkiye örnekleri Nivalis II kümesi içerisindeki Afrika altkümü hariç geri kalan dört altküme içerisinde yer almaktadır.

Lebarbenchon et al. [48], Batı Palaearktik bölgedeki *M. nivalis* türünün filocoğrafyasını araştırmışlardır. Bu çalışmasında Kurose et al. [47]'un Kars ilinden elde ettiği Türkiye örneğine ait kontrol bölgesi dizisini de kullanmışlardır. Çalışmasında beş Akdeniz adası da dahil olmak üzere Batı Palearktik bölgeden elde ettikleri 88 örneğin mitokondriyal DNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesinin (1.690 bp) dizi analizini yapmışlar ve iki ana kladın (Klad I ve Klad II) varlığından bahsetmişlerdir. Birinci ana klad, Batı Avrupa (İspanya'dan Finlandiya'ya kadar olan bölge) örneklerinden oluşmakta ve düşük bir genetik çeşitlilik göstermektedir. Bu grubun iki alt klada (Klad Ia ve Klad Ib olarak) ayrılabilceğini belirtmişlerdir. Klad Ia, İspanya'dan Finlandiya'ya kadar olan bölgedeki örnekleri içermekte olduğunu ve tek bir filocoğrafik yapının gözlendiğini belirtmişlerdir. Klad Ib, düşük değerler ile desteklenmekte ve yedi örnekten oluşmaktadır. İkinci grubun (Klad II) açık bir şekilde beş alt gruba ayrıldığını, Klad IIa'nın Yunanistan, Klad IIb'nin Girit, Minorka/İspanya, Sardunya/İtalya ve Sırbistan, Klad IIc'nin Polonya, Romanya, Slovenya ve Sırbistan, Klad IId'nin Sicilya/İtalya ve Klad IIE'nin Fas ve Sardunya/İtalya örneklerini içerdiğini belirtmişlerdir. Ada ve Fas örneklerinin Doğu Avrupa'dan köken aldığını belirtmişlerdir. 70 gelincik örneğinde 36 sitokrom *b* haplotipi ve 42'si bilgi içeren bölge olmak üzere toplam 82 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Bu Tez çalışmasında Gen

Bankası ve Türkiye’den elde edilen 103 sitokrom *b* dizisinin analizi sonucunda 71 sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. Türkiye’den elde edilen MUNIVTR2 (Ordu) haplotipi ile AM749054, AM749055 (İtalya), AM258840, AM258841, AM258842, AM258850, AM258851, AM258852 (Fransa) ve AM258846 (İtalya), MUNIVTR3 (Bursa) haplotipi ile AM258858 (Yunanistan) erişim numaralı örneğin ve MUNIVTR4 (Kars) haplotipi ile de AM258857 (Yunanistan) ve AM258881 [48] (İspanya) sitokrom *b* dizileri aynı haplotipe sahiptir. McDevitt et al. [71], Polonya’dan elde ettikleri 49 *M. nivalis* örneğinin sitokrom *b* geninin tamamının dizi analizini gerçekleştirmişler ve Gen Bankası’ndan Avrupa örneklerine ait sitokrom *b* dizilerini alarak analiz etmişler ve 114 dizi için 19’u yeni olmak üzere 57 haplotip tanımlamışlardır. Elde ettikleri veri setinde 54’ü parsimonik olarak bilgi içeren 103 varyasyon gösteren bölge bulmuşlardır. Bayesian ve ML analizleri sonucunda Lebarbenchon et al. [48]’un çalışmasına benzer olarak Avrupa ve Kuzey Afrika örnekleri arasında iki büyük klad belirlemişlerdir. Klad I Avrupa’daki dağılımlarına göre Doğu ve Batı olmak üzere iki soyhattına ayrılmış olup Klad II dağılımlarına göre Afrika, İtalya, Balkan ve Karpat (Dağı) olmak üzere 4 ana soyhattına ayrılmıştır. Polonya örnekleri her iki kaldda toplam dört soyhattına (Batı, Doğu, Balkan ve Karpat) ait örnekler içerdiğini belirtmişlerdir. Bu Tez çalışmasında McDevitt et al. [71]’un bulgularına benzer olarak Gen Bankası’ndan temin edilen Polonya örneklerinden bir kısmı Türkiye örnekleri ile birlikte gruplanmıştır. MUNIVTR3 (Bursa) haplotipi ile MUNIVTR4 (Kars) haplotipi JN819553 (Polonya) haplotipi ile Balkan olarak isimlendirdiği soyhattında yer almıştır. Elde edilen filogenetik ağaçlarda haplotipler, Lebarbenchon et al. [48] ve McDevitt et al. [71]’un gruplama sistemine benzer olarak iki ana soyhattı (Nivlis I ve Nivalis II) oluşmuştur. Nivalis I, Lebarbenchon et al. [48] ve McDevitt et al. [71]’nin çalışmalarına benzer olarak Avrupa haplotiplerini içermekte ayrıca bu çalışmaya dahil edilen ABD, Japonya ve Tayland örneklerini de içermektedir. Nivalis I kendi içerisinde beş soyhattına (Batı Avrupa, Doğu Avrupa, Japonya/Tayland, Japonya ve Amerika) ayrılmakta olup bu bölgelerdeki haplotipleri içermektedir. Batı Avrupa soyhattı içerisindeki tüm haplotipler yüksek bir bootstrap değeriyle desteklenmekte ve Lebarbenchon et al. [48] ile uyumlu olarak tek bir filocoğrafik yapı ve düşük bir genetik çeşitlilik sergilemektedir. Doğu Avrupa soyhattı zayıf bir şekilde desteklenmektedir. Aynı şekilde Nivalis II’de haplotipler Lebarbenchon et al. [48] ve McDevitt et al. [71]’un çalışmalarına benzer olarak gruplanmakta ancak Kars/Türkiye’den elde edilen MUNIVTR5 haplotipi tek

başına ayrı bir grup oluşturmaktadır. Nivalis II ana soyhattı içerisinde haplotipler toplam beş altsoyhattına (Karpatlar/Anadolu, Kars, Afrika, İtalya/Anadolu, Balkan/Anadolu) ayrılmaktadır. Bunlardan Karpatlar/Anadolu soyhattı içerisindeki haplotipler yüksek bir değerle desteklenmekte ve tekrardan kendi içerisinde iki altsoyhattına (Karpat1 ve Trakya-Karpat2 kladları) ayrılmaktadır. Lebarbenchon et al. [48] ve McDevitt et al. [71]'nin çalışmalarına benzer olarak Afrika soyhattı Fas haplotiplerini, İtalya/Anadolu soyhattı İtalya ve Fransa haplotipleri ile birlikte MUNIVTR2 (Ordu) ve MUNIVTR6 (Yalova) haplotiplerinden oluşmaktadır. Balkan-Anadolu soyhattı Yunanistan, Polonya, İspanya Sırbistan, Özbekistan haplotipleri ile birlikte MUNIVTR3 (Bursa) ve MUNIVTR6 (Kars) haplotiplerinden oluşmaktadır. Kars'tan elde edilen örneğe ait soyhattı tek bir haplotipten oluşmakta olup, tüm filogenetik ağaçlarda ayrı bir yerde gruplanmıştır. Türkiye'den elde edilen haplotipler McDevitt et al. [71]'un çalışmasındaki Polonya haplotiplerinin dört farklı klad içerisinde yer almasına benzer olarak farklı soyhatları altında gruplanmıştır.

Buzul dönemlerin türleşme ve çeşitlenme üzerindeki etkileri, literatürde iyi bir şekilde ortaya çıkarılmıştır. Avrupa'da İberya, İtalya ve Balkan yarım adası ana sığınaklardan olup Avrupa'ya yeniden kolonizasyonda kaynak bölgeler olmuştur. Hewitt [246], İberya (İspanya ve Portekiz), İtalya, Balkanlar ve Kafkasların ana Avrupa sığınakları olduğunu önermiştir ve postglasiyal kolonizasyon için DNA farklılaşmasına dayalı olarak üç model tanımlanmıştır. Bunların her üçünde de Balkanlar, Doğudaki ve çoğunlukla da Batıdaki çoğu populasyon için kaynak oluşturmuştur. Bu modellerden birincisinde çayır çekirgesi *Chorthippus parallelus* bireyleri Balkanlar da dahil olmak üzere (Türkiye, İtalya, Yunanistan ve İspanya hariç olarak) tüm Avrupa'da benzer bir genetik yapıya sahiptir [247] ve bu durum Avrupa'nın çoğu bölgesine Balkanlardan yayılmanın olduğunu ve buradaki populasyonlara diğer sığınaklardan göçün iklim şartları veya dağ bariyerleri ile önlediği belirtilmiştir [248]. İkinci modelde Batı Avrupa kirpillerinden (*Erinaceus europeus*) elde edilen dizi verileri üç buzul sığınağından (Batı Avrupa/İspanya, Orta Avrupa/İtalya ve Doğu Avrupa/Balkan) kolonizasyon olduğunu önermektedir [249]. Son modelde ise boz ayı *Ursus arctos*'un Avrupa'nın büyük bir kısmına iki sığınaktan (İberya ve Kafkas/ Karpatlar) desteklemiştir [250, 251]. Anadolu'da ayrıca Avrupa için önemli bir sığınak olma ihtimali yüksek olmasına karşın çok iyi bir şekilde çalışılmamıştır [252]. Orta Avrupa

türler, ırklar ve soyhatları için bir sütur bölgesi olduğu önerilmiştir [71, 253]. *Myodes glareolus* için çok sayıda müze örnekleri kullanılarak yapılan çalışmada yedi Avrupa soyhattından üçünün günümüzde Polonya’da yayılış gösterdiği belirtilmiştir [253]. Aynı bölge için Lebarbenchon et al. [48], Orta Avrupa’dan az sayıda örneği kullanarak Polonya’da küçük bir coğrafik alanda üç gelincik mtDNA soyhattı tanımlamışlardır. Wójcik et al. [253], Karpat sığınağının Avrupa memelileri için önemli bir sığınak olduğunu ve bazı soyhatlarının buradan köken aldığını belirtmişlerdir [71]. Benzer bir durum ülkemiz içinde geçerli olup elde edilen haplotiplerin bir kısmı Avrupa örnekleri ile gruplanırken, bir kısmı Asya ve Afrika örnekleri ile gruplanmıştır. Türkiye Palearktık bölge içerisinde yer almakta ve bünyesinde diğer zoocoğrafik bölgelerden faunistik elementleri bulundurmaktadır [254]. Ülkemiz *M. nivalis* türü ile ilgili moleküler temelli çalışma oldukça sınırlıdır. Bu Tez çalışması, Türkiye gelincikleri için moleküler belirteçler kullanılarak hem genetik çeşitliliğin hem de filocoğrafik yapının ortaya konması açısından ilk detaylı çalışmalardan biridir.

4.1.6. *Mustela putorius* Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Bu Tez çalışmasında Türkiye’nin Trakya bölgesinde yayılış gösteren *M. putorius* türüne ait bir örneğin mitokondriyal DNA sitokrom *b* gen bölgesi komple dizisi, Gen Bankası’ndan elde edilen türe ait diziler ile karşılaştırıldı. Türkiye *M. putorius* türü ile ilgili yapılmış çalışmalar oldukça az olup mevcut çalışmaların tamamına yakını az sayıdaki örneğe dayanan yayılış kaydı ve morfolojik temelli çalışmalardır [1, 4, 22]. Ülkemiz *M. putorius* türü ile ilgili tespit edilebilen moleküler temelli bir çalışma sadece bir örneğe dayanmaktadır [27]. *M. putorius* türü, Türkiye mustelidleri içerisinde en az çalışılanıdır. Kurtonur et al. [22], Türkiye’nin Trakya bölgesinden *M. putorius* türüne ait beş örneğin kafatası (4) ve deri (5) özelliklerini yayınlamış ve Trakya’dan sekiz lokaliteden yayılış kaydı vermiştir. Kryštufek ve Vohralík [1, 4], bu türün Türkiye’deki yayılış alanı olarak Trakya bölgesini vermişlerdir. Bu Tez çalışmasında elde edilen örneğe ait sitokrom *b* dizisi Gen Bankası’ndaki örnekler ile karşılaştırıldığında *M. putorius* türüne ait olduğu tespit edilmiştir.

Ülkemizdeki mustelidler ile ilgili olan sınırlı sayıdaki moleküler temelli çalışmalardan biri Trakya bölgesinden bir *M. putorius* örneğinin de dahil edildiği Britanya’daki *M. putorius* ve *M. furo* arasındaki filogenetik ilişkilerin ve hibridizasyonun araştırıldığı çalışmadır [27]. Davison et al. [27] *M. furo*’nun *M.*

putorius ve *M. eversmannii*'den 2.000 yıl önce evcilleştirildiğini ve Britanya'ya getirildikten sonra kaçan bireylerin yerli *M. putorius* ile hibritleştiğini belirtmişlerdir. Mitokondriyal DNA dizilerini kullanarak genetik çeşitliliğinin araştırılması sonucunda coğrafik olarak farklı iki soyhattı tespit etmişlerdir. Bunlardan biri atasal *M. putorius*, ikincisinin ise evcilleştirmiş *M. furo* olduğunu belirtmişlerdir. Davison et al. [27]'un bu çalışmasında mitokondriyal sitokrom *b* geninin 337 bç'lik kısmı ve kontrol bölgesinin 375 bç'lik kısmının dizi analizlerinden yararlanmışlardır. Mitokondriyal DNA çalışmaları *M. lutreola*'nın *M. putorius* veya *M. eversmanni* ile oldukça yakın ilişkili olduğunu göstermişlerdir. Bu yakınlık geç Pleistosen'deki veya Holosen'deki hibritleşme sonucu olmuş olabilir [248]. Nüklear DNA temelli bir çalışmada bu görüşü destekler niteliktedir ve *M. lutreola*'nın *M. putorius* ile daha yakın ilişkili olduğu belirtilmiştir [123]. Davison et al. [62], *M. martes* ve *M. putorius* için düşük bir genetik çeşitlilik rapor etmiştir ve bu iki türün son buzul dönemden sonra Avrupa'ya bir sığınaktan yeniden kolonize olduğunu önermişlerdir. Fernandes et al. [184], İber Yarım Adası'ndaki simpatrik karnivor memelilerin tür spesifik mitokondriyal DNA belirteçleri ile tanımlanabilmesi için bir çalışma yapmışlardır. İber Yarım Adası'nda yayılış gösteren 16 Carnivora takımına ait türü birbirinden ayırmak için basit, etkili ve güvenilir PCR tabanlı bir protokol geliştirmişler ve bu türler için sitokrom *b* gen bölgesinin kısa parçalarını çoğaltacak primerler dizayn etmişlerdir. *M. putorius* türü için 233 ve 236 baz çiftlik sitokrom *b* bölgesini çoğaltan 2 farklı çift primer dizayn etmişlerdir. Bu primerlerin *M. putorius* türünü diğer türlerden başarılı bir şekilde ayırt ettiğini fakat yabani formlar ile evcil (domestik) formlar arasında ayırt ediciliğinin olmadığını belirtmişlerdir. Sitokrom *b* bölgesi için türe özgü primer dizayn etmek için genel memeli primerleri ile sitokrom *b* geninin tamamının analizini gerçekleştirmişler ve verileri Gen Bankası'na girmişlerdir. Bu Tez çalışmasında elde edilen bir Türkiye *M. putorius* örneğine ait komple sitokrom *b* dizisi ile Fernandes et al. [184]'in Portekiz'den elde ettiği iki örnek aynı baz dizisine sahiptir. Michaux et al. [255], Avrupa *M. lutreola*'nın mitokondriyal DNA varyasyonlarını komple kontrol bölgesi dizilerini kullanarak araştırmışlardır. Karşılaştırma olarak çalışmaya 10 *M. putorius*, iki *M. eversmannii* ve iki *M. nigripes* örneğini de dahil etmişlerdir. *M. lutreola* için Avrupa'da düşük bir genetik çeşitlik rapor etmişlerdir. Bu bulgu Davison et al. [62] ile aynı grup için benzerdir. Ayrıca Avrupa'dan diğer karnivor, özellikle de mustelid türlerden *G. gulo* [256], *L. lutra* [77], *M. martes* [62] ve *Canis lupus* [240] için rapor edilen düşük

genetik çeşitlilik değerleri ile tutarlıdır. Ülkemizde *M. putorius* türü yalnızca Türkiye'nin Avrupa kısmında yayılış göstermektedir [1, 3, 4]. Bu çalışmada elde edilen bir örneğe ait komple sitokrom *b* dizisi EF689082 ve EF689082 erişim numaralı Portekiz (İberya) örnekleri [184] ile aynı haplotipe sahip olduğu bulunmuştur. Michaux et al. [255], üç türün birlikte yer aldığı veri matrisinde mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin baz kompozisyonlarının oranını C: % 26.3, T: % 30.5, A: % 30.7 ve G: % 12.5 olarak tespit etmişlerdir. Bu Tez çalışmasında ise *M. putorius* için mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesi için baz kompozisyonlarının oranı C: % 30.0, T(U): % 27.8, A: % 29.3 ve G: % 12.9 olarak tespit edilmiştir.

M. putorius türü ile ilgili gerçekleştirilen diğer moleküler temelli çalışmalarda mikrosatellit belirteçleri ile türün genetik çeşitliliği ve yapısı araştırılmış ve türün koruma biyolojisi üzerinde durulmuştur [257-259]. Türkiye *M. putorius* türü ile ilgili moleküler temelli çalışmalar, diğer karnivor ve mustelid türlerinde olduğu gibi mevcut değildir ve populasyon durumları hem belirsizdir hem de koruma biyolojisi çalışmalarının gerçekleştirilmesi gerekmektedir.

4.1.7. *Lutra lutra* Türünün Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Bu Tez çalışmasında Türkiye'nin Trakya ve Anadolu Bölgeleri'nden elde edilen üç su samuru (*L. lutra*) örneğine ait mitokondriyal DNA'nın komple sitokrom *b* gen bölgesi dizileri Gen Bankası'ndan elde edilen örnekler ile birlikte değerlendirilmiştir. Türkiye su samurları ile ilgili gerçekleştirilmiş çalışmaların sayısı sınırlı olup mevcut çalışmaların tamamına yakını az sayıdaki örneğe dayanan sınırlı bir bölge ile ilgili yayılış kaydı, morfolojik ve ekolojik temelli çalışmalardır [1, 4, 23, 29, 32, 33, 36, 81-85].

Eroğlu [81], Türkiye'nin Doğu Karadeniz bölgesindeki su samurlarının habitat kayıplarını ve durumlarını araştırmış, Türkiye'deki nehir, akarsu, göl ve sulak alanlarda nadiren bulunabileceğini belirtmiş ve Doğu Karadeniz bölgesinde başlıca Çoruh nehrinde ayrıca, Fırtına deresi (Rize) ve Değirmendere (Trabzon)'de bulunduğunu bildirmiştir. Conroy et al. [82], Asya'daki yayılışını ve durumunu derlemişler, ülkemizdeki su samurlarının eskiden geniş bir yayılışa ve sağlıklı populasyonlara sahip olduğunu, günümüzde güney kesimlerde nesli tükenme tehlikesinde olduğu, kuzey kesimlerde ise tehlikede olduğunu bildirmişlerdir. Populasyondaki azalma sebebi olarak

illegal avcılık, habitat parçalanmasını ve nehir ıslah çalışmalarını göstermişlerdir. Özkurt et al. [23], su samurunun Türkiye’de neslinin tükenme tehlikesi altında olduğunu belirterek nehir ve akarsularda sayısının nadir olarak bulunduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları çalışmada Akseki/Antalya’dan bir kış kürküne sahip su samurunun bazı morfolojik özelliklerini vermişler ve Türkiye su samuru alttürlerinin durumunun belirsiz olduğunu bildirmişlerdir. Kryštufek ve Vohralik [1, 4], *L. lutra*’nın Türkiye’de geniş bir yayılışa sahip olduğunu bildirmişlerdir. Johnson [29], Türkiye’deki su samurlarının neslinin tükenme tehlikesinde olduğunu bildirmiştir. Thol-Schmitz [32], Türkiye’deki su samurlarının durumunu araştırmış, kurulan ve 2002 yılında online olarak yayına başlayan ulusal elektronik su samuru veri tabanını tanıtmıştır (http://www.akyaka.org/otter/eng/otter_database_project.htm). Bu veri tabanında Türkiye su samurlarının tam anlamıyla çalışmadığını, su samurlarının ülkemizde endüstrileşme (su kirliliği), illegal avcılık ve kürkü için kaçak avlanma sebepleriyle tehlike altında olduğu belirtilmiştir. Topal [83], Elazığ ve Malatya bölgesindeki su samurlarını kafatası (5 erkek, 4 dişi) ve post (4 erkek, 3 dişi) karakterleri yardımıyla taksonomik yönden incelemiş, Elazığ-Malatya yöresinde *L. lutra* türüne ait cinsiyet gruplarının ortalamalarının karşılaştırılmasında kafatası ve mandibulaya ait karakter ölçülerinde eksorbital genişlik ve üst molar diş sırası uzunluğu bakımından farklılık olduğunu rapor etmiştir. Tüzün ve Albayrak [84], Kızılırmak (Kırıkkale) nehrindeki su samurlarının aktivitesi üzerine habitat kalitesindeki bozuklukların etkisini araştırmışlardır. Çalışma alanındaki su samurlarının baraj yapımı, petrol rafinerisinin faaliyetleri sonucu oluşan kirlilik ve insan aktiviteleri sonucu habitatlarında daralma olduğunu belirtmişlerdir. Yiğit et al. [33], bölgedeki köylüler ile görüşmelere dayanarak Kazdağı Milli Parkının batı ve kuzey batı nehirlerinde su samurunun bulunduğunu bildirmişlerdir. De Marinis et al. [36], Literatür bilgilerine dayanarak Termessos Milli Parkında su samuru için kayıt bildirmişlerdir. Toyran [85], Kızılırmak su samurunun yayılış alanlarının belirlenmesi üzerine bir çalışma yapmış, Hirfanlı barajı-Kalecik ilçe sınırı arasında kalan 130 km uzunluğundaki alan içerisinde yedi su samuru lokalitesi belirlemiştir. Habitat daralması, trafik kazası, balıkçılık ve su kirliliğinin su samurunu tehdit eden etkenlerin başında geldiği bildirilmiştir.

Ülkemizdeki su samurlarının durumunu belirlemek için “Su Samurunun Türkiye’deki Durumu 1. Sempozyum 1999-Antalya” ve “Su Samurunun Türkiye’deki

Durumu 2. Sempozyum 21-22. 09. 2002 Beymelek-Antalya” olmak üzere iki sempozyum düzenlenmiş ve bu sempozyumlarda çeşitli araştırmacıların katılımıyla su samurunun yeni kayıt yerleri, bazı biyolojik ve ekolojik özellikleri, ulusal ve uluslararası mevzuatlardaki yeri ve su samuru habitatlarının korunması ile ilgili konulara yer verilmiştir.

Elde edilen literatür bulguları sonucunda su samuru (*Lutra lutra*)’nın Türkiye’nin değişik bölgelerindeki nehirlerde bulunabileceği ve Türkiye’deki durumunun tehlike altında olduğu görülmektedir. Günümüze kadar gerçekleştirilmiş çalışmaların tamamına yakını ekolojik temelli ve koruma biyolojisi kapsamındaki çalışmalardır. Sınırlı sayıda morfolojik karakterlere dayanan taksonomi temelli çalışmalarda mevcuttur. Buna karşın ülkemizdeki su samurlarının genetik çeşitliliği, moleküler taksonomisi ve filogenisi üzerine gerçekleştirilmiş çalışmalar tespit edilememiştir. Bu sebepten dolayı bu Tez çalışmasında elde edilen bulgular ile Türkiye su samurları için literatür bulguları karşılaştırması yapılamamıştır. Dünya genelinde de su samuru popülasyonları azalmakta olup çoğu su samuru türünün nesli tükenme tehlikesindedir. Nesli tükenme tehlikesinde olan türlerin popülasyon genetik çalışmalarında moleküler metotlar uygun etkili araçlardır [188].

Dünya genelinde *L. lutra* türü ile ilgi yapılmış moleküler tekniklere dayalı çalışmalarda Avrupa popülasyonları için düşük bir genetik çeşitlilik rapor edilmiştir [77]. Cassens et al. [77], uluslararası su samuru koruma çalışmalarına genetik bilgi katkısı için Doğu Almanya’dan elde ettiği 76 ve Avrupa’daki diğer popülasyonlardan elde ettiği 53 su samurunun mitokondriyal DNA varyasyonlarını araştırmıştır. Bunun için mitokondriyal DNA’nın kontrol bölgesinin kısmi dizi (300 bp) analizini yapmış ve Avrupa popülasyonlarında, diğer memeli türlerinde oldukça polimorfik bir bölgede düşük bir genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir. Tüm örnekler içerisinde 5 haplotip tanımlamış ve popülasyonlar içerisindeki nükleotid çeşitliliğini % 0.00- % 0.17 arasında tespit etmişlerdir. 300 baz çiftlik kısmi kontrol bölgesinde dört polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Doğu Almanya dışında tespit edilen bir haplotip en yaygın olarak görülen haplotip olduğunu ve diğer bir haplotipin ise lokal olduğunu ve bir nokta mutasyonu sonucunda meydana gelmiş olabileceğini belirtmişler ve çalışma alanındaki su samurlarının son buzul dönemden sonra tek bir Pleistosen sığınağından yayıldığını önermişlerdir. Doğu Almanya’da ise yaygın olarak görülen iki haplotip tespit

etmişlerdir. Mucci et al. [76], Danimarka’da su samurları için mitokondriyal DNA kontrol bölgesinde oldukça düşük bir DNA dizi çeşitliliği tespit etmişlerdir. Gerçekleştirdiği çalışmada Danimarka’dan ölü olarak tespit ettikleri 30 su samurunun 894 baz çiftlik kontrol bölgesi dizilerinin analizi sonucunda bir örnek hariç diğerlerinde tek bir haplotip tespit etmişlerdir. Bir örnekte 868. pozisyonda bir A-C transversiyonu bulmuştur ve iki haplotip arasında genetik uzaklığı % 0.1 olarak hesaplamışlardır. Buna sebep olarak son buzul döneminde bir genetik darboğazın (Bottleneck) sonucu olabileceğini vurgulamışlar ve su samurlarının Danimarka’ya 10.000 yıl önce kolonize olmuş olabileceğini belirtmişlerdir. Effenberger ve Suchentrunk [75], Almanya, Avusturya, Macaristan ve İskoçya’dan elde ettikleri 81 su samuru örneğinde 1.500 bp ve 2.500 bp uzunluğundaki mitokondriyal DNA dizilerini RFLP yöntemiyle analiz etmişler ve 1.500 baz çiftlik bölgede (çoğunluğu kontrol bölgesi) tek bir haplotip tanımlamıştır. 2.500 baz çiftlik kısmın RFLP enzimleri ile kesim sonucunda da 3 haplotip bulmuşlardır. Orta Avrupa ve İskoçya için su samurlarında mitokondriyal genomda düşük bir çeşitlilik olduğunu belirtmişlerdir. Ferrando et al. [79], su samurlarının İberya yarım adasından İskandinavya’ya kadar olan bölgede dominant bir mtDNA haplotipe sahip olduğunu bildirmişlerdir. Bunun için sekiz ülkeden toplam 73 örneğin 361 baz çifti uzunluğundaki kontrol bölgesi dizi verilerinden yararlanmıştır. Su samuru örneklerinden % 91.78’inin tek bir dominant haplotipe sahip olduğunu ve bundan başka dominant haplotipten en fazla 2 mutasyona sahip ve her biri bir ülke ile sınırlı altı haplotipin daha var olduğunu belirtmişlerdir. Tüm örnekler için toplam 5 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Ortalama nükleotid çeşitliliğini % 0.06 olarak, İngiltere’de % 0.08, Finlandiya’da % 0.02, Rusya ve Belarus’da % 0.37 ve diğer ülkelerde ise % 0 olarak tespit etmişlerdir. Genetik çeşitliliği Batı Avrupa popülasyonlarında düşük, Doğu ülkelerinde ise daha yüksek bulmuştur ve Avrupa’ya son buzul dönemden sonra yeniden kolonizasyonun tek bir sığınaktan olduğunu belirtmişlerdir. Ketmaier ve Bernardini [80], İtalya’daki su samurları için mitokondriyal DNA kontrol bölgesinde düşük bir genetik polimorfizm bulmuşlar ve İtalya’da açık bir şekilde farklı iki su samuru haplotipinin olduğunu belirtmişler. İberya yarım adasının su samurları için bir sığınak olmadığını belirtmişlerdir. Doğu Avrupa popülasyonlarının daha fazla mutasyon içerdiğini ve Avrupa’ya kolonizasyonun Balkanlar veya Batı Asya’dan olduğunu önermişlerdir. Honnen et al. [260], Doğu ve Kuzey Batı Almanya, Danimarka, Güney İsveç’ten elde ettiği 229 su samurunu mtDNA kontrol bölgesi ve 12

polimorfik nükleer mikrosatellit lokus ile analiz etmişlerdir. Mitokondriyal DNA çeşitliliği diğer çalışmalarda olduğu gibi düşük bulunmuş bununla birlikte İsveç'ten yeni bir haplotip tanımlanmıştır. 226 bireyde toplam dört haplotip tanımlanmıştır. Buna karşın mtDNA verilerinin su samurları için faydasız olmadığını, geniş bir örnek setinde yeni haplotiplerin bulunabileceğini belirtmişlerdir.

Bu Tez çalışmasında Türkiye'nin Trakya bölgesinden bir, Anadolu bölgesinden ise iki (Sinop ve Kars) su samuru örneği elde edilmiş ve biri Anadolu, diğeri Trakya bölgesinden olmak üzere iki haplotip tespit edilmiştir. Mitokondriyal kontrol bölgesine oranla çok daha fazla korunmuş bir bölge olan sitokrom *b* bölgesi için iki haplotip arasında iki nükleotid pozisyonunda varyasyon gözlenmiştir. İki haplotip arasındaki genetik uzaklık, % 0.2 olarak hesaplanmıştır. Tüm örnekler arasındaki nükleotid çeşitliliği ise % 0.117 olarak tespit edilmiştir. Bu değerler daha fazla çeşitlilik göstermesi beklenen kontrol bölgesi dizilerine oranla nispeten daha yüksektir. Türkiye'den elde edilen haplotipler ile Gen Bankası'ndan elde edilen komple sitokrom *b* dizilerinin birlikte analizi sonucunda ise LLUTR1 (Sinop ve Kars) haplotipi ile AB564050-Polonya [20] X94923-lokalitesi bilinmeyen [6] dizileri aynı haplotipe sahip olduğu tespit edilmiştir. Türkiye'nin Trakya bölgesinden elde edilen haplotip ile İberya yarım adası örnekleri birbirine daha yakın kümelenmiştir. Kore örnekleri geri kalan tüm örneklerden açık bir şekilde ayrılarak kümelenmiştir. Bu durum Kore su samurlarının geriye kalan su samurlarından ayrı bir soyhattına sahip olduğunu göstermiştir. Ayrıca Türkiye örneklerinin farklı haplotiplere sahip olması Türkiye'de farklı en az iki soyhattının varlığını göstermekte ve Avrupa'ya kolonizasyonun Balkanlar'dan (Batı Avrupa'ya) ve Anadolu'dan (Doğu Avrupa'ya) olmak üzere iki koldan olduğunu göstermektedir.

Jang et al. [189], Kore su samurunun komple mitokondriyal genomunu (16.536 bç) elde etmiş ve *Lutra* cinsi için tür içi ve türler arası çeşitliliğin araştırılmasında özellikle kontrol bölgesi dizilerinin kullanışlı olabileceğini bildirmişlerdir. Mitokondriyal genomun H zincirinin baz kompozisyonu oranını A: % 32.2, T: % 25.7, G: % 14.4 ve C: % 27.5 olarak bulmuşlar ve mitokondriyal genomun diğer omurgalı mitokondriyal genomuna benzer olarak A/T'ce zengin olduğunu (% 57.99) belirtmişlerdir. Ki et al. [188], Avrasya su samuru *L. lutra*'nın komple mitokondriyal genomunun (16.505 bç) karşılaştırmalı analizini yapmışlardır. 13 protein kodlayan

genden ND5 geninin Mustelidae familyası içerisindeki filogenetik analizlerde çok daha fazla güvenilir olduğunu, ayrıca protein kodlayan diğer genlerden Cyt *b*, ND2 ve CO3 genlerinin de mustelid filogenisinde güvenilir belirteçler olduğunu belirtmişlerdir. Mitokondriyal genomun L zincirinin baz kompozisyonu oranını A: % 32.2, T: % 25.7, G: % 14.5 ve C: % 27.6 olarak bulmuşlar ve G oranının en az olduğunu ve G/C oranının % 42.1 (A/T = % 57.9) olarak belirtmişlerdir. G/C içeriğinin diğer karnivor memelilerden daha yüksek olduğunu belirtmişlerdir. Sitokrom *b* geni için baz kompozisyonunu A: % 30.2, T: % 25.8, G: % 13.1 ve C: % 30.9 olarak bulmuşlardır. Bu Tez çalışmasında *L. lutra* türü için sitokrom *b* gen bölgesinin baz kompozisyonu Ki et al. [188] ile benzer olarak A: % 30.3, C: % 30.9, G: % 13.2, T(U): % 25.7 şeklinde tespit edilmiştir.

Türkiye için elde edilen örnek sayısı oldukça sınırlı olduğu için farklı bölgelerden de elde edilen örnekler ile birlikte hem mitokondriyal DNA'nın farklı belirteç bölgelerinin dizi analizi hem de Nükleer DNA verilerinin de analiz edilmesi gerekmektedir. Ayrıca Türkiye su samuru popülasyonlarının durumunu ve genetik yapısını araştırmak için mikrosatellit gibi diğer moleküler tabanlı metotlardan elde edilecek verilerde oldukça faydalı olacaktır.

4.2. Sonuç ve Öneriler

4.2.1. Mustelidae Familyası

Bu Tez çalışmasında elde edilen dizilerin analizi sonucunda ülkemizde en az yedi mustelid türünün yayılış gösterdiği belirlenmiştir. Bu kapsamda ülkemizde yayılış gösterdiği tespit edilen mustelid türleri; *M. foina*, *V. peregusna*, *M. meles*, *M. canescens*, *M. nivalis*, *M. putorius* ve *L. lutra* olarak belirlenmiştir. Daha önceki yapılmış çalışmalarda *M. martes* türünün ülkemizde yayılış gösterdiği belirtilmiş ve Türkiye'de nispeten geniş bir yayılışa sahip olduğu ifade edilmiştir. Yapılan arazi çalışmaları ve moleküler analizler sonucunda bu türe ait örneklerle rastlanılmamıştır. Bu türün günümüzde en azından Türkiye'nin Anadolu kısmına artık yayılış göstermediği düşünülmektedir. Ayrıca *Meles* cinsi ile ilgili son dönemde yapılan moleküler çalışmalar ile paralel olarak Türkiye'nin Anadolu kısmı ile Trakya kısmında yayılış gösteren porsukların genetik olarak ayrı türler olduğu ilk kez bu Tez çalışmasında

gösterilmiştir. Bu kapsamda *M. meles* türü Türkiye'nin Trakya Bölgesi'nde *M. canescens* türü ise Anadolu Bölgesi'nde yayılış göstermektedir.

Elde edilen mitokondriyal ve nüklear gen bölgelerine ait diziler ile Gen Bankası'ndan alınan dizilerin birlikte analizi sonucunda daha geniş bir veri seti elde edilmiş ve Türkiye'de yayılış gösteren mustelid türlerinin dünyanın diğer bölgelerinde yayılış gösteren populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Türkiye'nin yakın çevresindeki bölgeler ve Avrupa için mustelid dağılımındaki merkezlerden biri ve buzul dönemlerde mustelidler için sığınaklardan biri olduğu düşünülmektedir. Ayrıca bir mustelid türünün (*V. peregrina*) Anadolu'da ortaya çıktığı ve buradan diğer bölgelere yayıldığı sonucuna varılmıştır.

Ülkemizdeki mustelid türleri ile ilgi yapılmış çalışmaların sayısı yok denecek kadar azdır. Ülkemizde yayılış gösteren mustelid türlerinin durumlarını tam olarak açığa çıkarmak için her birinin ayrı ayrı, farklı nitelikteki belirteçler ile değerlendirilmesi ve ülkemizdeki mustelid populasyonlarının genetik yapısının ortaya çıkarılması ve evrimsel tarihlerinin ortaya konması gerekmektedir. Bunun için bu çalışmada örnek temin edilemeyen bölgelerden örnek temin edilmeli ve filogenetik çalışmalar için kullanışlı diğer belirteçler ile elde edilen bilgilerin birlikte analizi ülkemizdeki mustelid türlerinin durumunun belirlenmesinde oldukça faydalı bilgiler sağlayacaktır. Ayrıca ülkemizde yayılış gösteren mustelid populasyonlarının durumu ve genetik yapılarının mikrosatellit gibi oldukça faydalı metotlar ile belirlenmesi ve bu çerçevede koruma çalışmalarının yapılması gerekmektedir.

4.2.1.1. *Martes foina*

Türkiye genelinde *M. foina* türüne ait toplam 87 örnek elde edilerek tür ile ilgili ülkemizden yayılış kayıtları verilmiştir (Tablo 2.1, Şekil 2.6). Yapılan arazi ve koleksiyon taraması sonucunda *M. martes* türüne ait hiçbir örnek tespit edilememiştir. Ayrıca yapılan literatür taramaları sonucunda Türkiye'den *M. martes* türü için örneğe dayalı herhangi bir çalışmaya rastlanılamamıştır. Örnek temelli çalışmalarda *M. foina* türüne ait örnekler kullanılmıştır. *M. martes* türü ile ilgili yapılmış çalışmalarda iki tür arasındaki ayırt edici karakterlerden ziyade gözleme dayalı sonuçların yer aldığı görülmektedir. *M. foina* ve *M. martes* türleri simpatrik olarak yayılış gösterebilen ve morfolojik yönden birbirini oldukça benzer ve görünüşlerine göre ayırt edilmeleri

oldukça zordur. Bu nedenle mevcut çalışmalardaki *M. martes* türü için verilen kayıtlar yanlış tanımlama sonucu verilmiş olma ihtimali yüksek olduğu düşünülmektedir. Bu Tez çalışmasında bu türün en azından Türkiye'nin Anadolu kısmında yayılış göstermediği ve Anadolu kısmında yayılış gösteren *Martes* cinsine ait tek türün *M. foina* olduğu önerilmiştir.

Örneklerin mitokondriyal ve nüklear DNA gen bölgelerinin dizi analiz sonucunda sitokrom *b* gen bölgesi için *M. foina* türüne ait örnekler arasındaki genetik çeşitlilik beklenenden daha düşük (% 0.1 - % 0.8) çıkmıştır. Buna karşın ülkemizde *M. foina* türü için farklı haplotipler tespit edilmiş (24 adet, Hd: 0,8326) olup Türkiye genelinde iki tane haplotipin yaygın olarak görüldüğü bulunmuştur. Bu haplotiplerden birincisinin yoğun olarak Ege ve Trakya, Akdeniz ve Marmara bölgelerinde (MFOTR1), ikincisinin ise yoğun olarak İç Anadolu, Doğu Karadeniz ve Marmara bölgelerinde yayılış gösterdiği görülmüştür (Şekil 3.6). Türkiye kaya sansarları için elde edilen filogenetik ağaçlarda kaya sansarlarının iki alt grup altında toplandığı görülmektedir. Türkiye kaya sansarlarının nüklear DNA gen bölgesi için 4 heterozigotik bölge ve 79 örnekten 39'unun (% 49.37) heterozigot bireyler olduğu görülmüştür. Nüklear GHR gen bölgesi, sitokrom *b* genine göre daha az varyasyon göstermektedir.

Dünya genelinde mustelid filogenisinin oluşturulması için moleküler tabanlı değişik çalışmalar yoğun olarak yapılmıştır. Ülkemizdeki diğer memeli türleriyle ilgili çalışmaların sayısı son on yılda artmaya başlamasına rağmen Türkiye kaya sansarları ile ilgili günümüze kadar yapılmış moleküler temelli çalışmalara rastlanılamamıştır. Türkiye *M. foina* türünün genetik yapısı ve evrimsel durumu hakkında daha ayrıntılı bilgiler elde edebilmek için Türkiye'nin ve Dünya'nın örnek alınamayan diğer bölümlerinden de veriler elde etmek gerekmektedir. Bu sayede türün genetik karakterizasyonu ve mevcut soyhatları ortaya konabilecektir. Filogenetik çalışmalar için kullanışlı diğer yöntemler (diğer gen bölgeleri dizileri, X ve Y kromozom belirteçleri, mikrosatellit gibi) ile elde edilen bilgilerin birlikte analizi ülkemizdeki *M. foina* türünün filogenetik durumunun belirlenmesinde oldukça faydalı bilgiler sağlayacaktır. Ayrıca elde edilen sonuçların zenginleştirilmesi için diğer disiplinler ile birlikte ortak çalışmalar gereklidir.

4.2.1.2. *Vormela peregusna*

Türkiye'nin farklı bölgelerinden *V. peregusna* türüne ait yayılış kayıtları verilmiştir (Tablo 2.3, Şekil 2.7). Yapılan analizler sonucunda Türkiye'de yayılış gösteren türün *V. peregusna* olduğu genetik olarak desteklenmiştir. Bu Tez çalışmasındaki analizler sonucunda Heptner et al. [67] ve Rozhnov et al. [65]'un *Vormela* cinsinin ortaya çıkış yeri olarak Güney Batı Asya veya Anadolu hipotezi, moleküler yönden desteklenmektedir.

Yapılan analizler sonucunda ülkemizde farklı genetik yapıya sahip soyhatlarının mevcut olduğunu göstermektedir. GHR gen bölgesinin analizi sonucunda 5 heterozigotik bölge tespit edilmiş olup 17 örneğin 10'unun (% 58.82) heterozigot bireyler olduğu görülmüştür. Yürütülen filogenetik analizler sonucunda *V. peregusna* türü için üç farklı haplogrup oluşmuş olup tüm gruplar içerisinde Türkiye'ye ait örnekler yer almıştır. Bu durum ülkemizde alacasansarlar için farklı soyhatları olduğu görüşünü desteklemektedir.

Mustelidae familyası içerisinde en az çalışılan grup olan *Vormela* cinsinin genetik yapısı ve evrimsel durumu hakkında daha ayrıntılı bilgiler elde edebilmek için dünya genelindeki yayılış alanından yeni örnekler elde etmek gerekmektedir. Bu sayede türün genetik yapısı ve mevcut soyhatları ortaya konabilecektir. Ayrıca Anadolu'nun bu tür için ortaya çıkış yeri olduğu görüşünü farklı gen bölgelerinden elde edilen veriler ile doğrulanması gerekmektedir. Elde edilecek fosil kayıtları ile birlikte değerlendirilmesi oldukça önemlidir. Ülkemizdeki yayılış sınırlarının tam olarak belirlenmesi ve yayılış alanı içerisinde olan diğer bölgelerden de yeni örnekler elde edilerek analiz edilmesi bu türün ülkemizdeki durumu ve mevcut soyhatları hakkında faydalı bilgiler verecektir.

4.2.1.3. *Meles meles* ve *Meles canescens*

Türkiye'nin farklı bölgelerinden *Meles* cinsine ait her iki tür ile ilgili ülkemizden yayılış kayıtları verilmiştir (Tablo 2.2, Şekil 2.7). Yapılan mitokondriyal sitokrom *b* geni dizi analizleri sonucunda Türkiye'nin Trakya bölgesinde yayılış gösteren türün *M. meles*, Anadolu bölgesinde ise yayılış gösteren türün *M. canescens* türü olduğu sonucuna varılmıştır. Bu kapsamda Anadolu'da *M. canescens* türünün yayılış gösterdiği ve ülkemizde iki türün bulunduğu bu çalışmada moleküler yöntemler ile desteklenmiştir. Her iki türü birbirinden ayırmak için boğazların etkili bir coğrafik

bariyer olduğu düşünülmektedir. Bunun için boğazların Anadolu yakasından daha fazla örneğin analizi gerekmektedir. *M. meles* için bir, *M. canescens* için ülkemizden dört sitokrom *b* haplotipi tespit edilmiştir. Yapılan filogenetik analizlerde ülkemiz *M. canescens* haplotipleri birlikte gruplanmaktan ziyade farklı yerlerde kümelenmiştir. Bu durum bir bölge içerisinde farklı sayıda mtDNA haplotiplerinin bulunması, komşu bölgelerden maternal gen akışının olması, farklı soyhatlarının kurucu etkisinin (founder effect) olması veya zaman içerisinde in-situ olarak mutasyonların birikmesi gibi çeşitli süreçler sonucunda oluşmuş olabilir.

Ülkemiz için elde edilen bu değerler, Türkiye’de farklı iki porsuk türünün yayılış gösterdiğini desteklemekte ve tüm örnekler için ise dünya genelinde birbirinden genetik olarak açık bir şekilde farklı dört türün yayılış gösterdiğini desteklemektedir. Bu Tez çalışmasında tüm örneklerin sitokrom *b*’ye dayalı filogenetik analiz sonuçlarının daha önce Marmi et al. [50] ve Del Cerro et al. [51] tarafından yapılan çalışmalar ile büyük oranda uyumlu olduğu görülmektedir.

Nüklear GHR dizi analizi sonucunda iki tür için tek bir GHR alleli tespit edilmiştir. Gen Bankası’ndan elde edilen iki türe ait iki GHR dizisinin de incelenmesi sonucunda GHR gen bölgesinin *M. meles* ve *M. anakuma* türlerini birbirinden ayırt edebildiğini, buna karşın *M. meles* ve *M. canescens* türlerini birbirinden ayırmadığı görülmüştür. Bu bulgu ilk defa bu Tez çalışmasında elde edilmiştir. Bu iki türü birbirinden ayırmaması iki türün birbirine genetik olarak diğer türlerden daha yakın olmasından kaynaklanabilir. Literatür ile uyumlu olarak mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesi nüklear GHR gen bölgesine göre daha fazla varyasyon göstermektedir.

Meles cinsinin genetik yapısı ve evrimsel durumu hakkında daha ayrıntılı bilgiler elde edebilmek için dünya genelindeki yayılış alanından yeni örnekler elde etmek gerekmektedir. Bu sayede türün genetik yapısı ve mevcut soyhatları ortaya konabilecektir. İki türün ülkemizdeki yayılış sınırlarının tam olarak belirlenmesi ve yayılış alanı içerisinde olan diğer bölgelerden de yeni örnekler elde edilerek analiz edilmesi bu iki türün ülkemizdeki durumu ve mevcut soyhatları hakkında faydalı bilgiler verecektir. Ayrıca elde edilen sonuçların zenginleştirilmesi için diğer disiplinler ile birlikte ortak çalışmalar gereklidir.

4.2.1.4. *Mustela nivalis*

Türkiye'nin farklı bölgelerinden *M. nivalis* türüne ait ülkemizden yayılış kayıtları verilmiştir (Tablo 2.5, Şekil 2.7). Yapılan analizler sonucunda Türkiye'de yayılış gösteren türün *M. nivalis* olduğu genetik olarak desteklenmiştir. Sitokrom *b* dizi analizi gerçekleştirilen altı örneğin farklı haplotipler olduğu görülmüştür. Bu durum elde edilen örneklerin Türkiye'deki farklı coğrafik bölgelerden toplanması ve mevcut örnek sayısının sınırlı olmasından kaynaklanmış olabilir. Yapılan analizler sonucunda tür içi genetik uzaklık % 0.2 - % 1.1 olarak bulunmuş olup bu değer Türkiye mustelidleri içerisinde tespit edilen en büyük değerlerdir. Ayrıca nüklear GHR gen bölgesinin dizi analizi sonucunda 12 polimorfik bölge tespit edilmiş ve bu bölgelerden 11'inin heterozigotik bölge olduğu ve altı örnekten dördünün heterozigot olduğu tespit edilmiştir. Bu sonuçlara göre Türkiye gelincikleri arasında nispeten yüksek bir genetik çeşitlilik olduğu sonucuna varılabilir.

Türkiye Palearktik bölge içerisinde yer almakta ve bünyesinde diğer zoocoğrafik bölgelerden faunistik elementleri bulundurmaktadır [254]. Bu sebepten dolayı ülkemizin gelincikler için önemli sığınaklardan biri olma ihtimali yüksek olup elde edilen sonuçlar bu yöndedir.

Ülkemizdeki gelinciklere ait soyhatlarının ortaya çıkarılması ve genetik yapılarının ve populasyon durumlarının araştırılması gerekmektedir. Bunun için örnek temin edilemeyen bölgelerden yeni örnekler temin etmek gerekmektedir. Bu sayede türün genetik yapısı ve mevcut soyhatları ortaya konabilecektir. Ayrıca Türkiye'nin gelincikler için buzul dönemlerde sığınak görevi gördüğü hipotezinin daha kapsamlı veri setleri ve daha fazla örnek ile doğrulanması gerekmektedir. Bu Tez çalışmasındaki bulgular ilk adımları oluşturmakta olup desteklenmesine ve yeni hipotezlerin oluşturulmasına ihtiyaç vardır.

4.2.1.5. *Mustela putorius*

Türkiye'nin Trakya bölgesinde yayılış gösteren *M. putorius* türüne ait ülkemizden bir yayılış kaydı verilmiştir (Tablo 2.6, Şekil 2.7). Nüklear GHR gen bölgesinin analizi sonucunda elde edilen örneğin homozigot olduğu belirlenmiştir. Türkiye *M. putorius* türü ile ilgili moleküler temelli çalışmalar diğer karnivor ve mustelid türlerinde olduğu gibi mevcut değildir ve populasyon durumları hem

belirsizdir hem de koruma biyolojisi çalışmalarının gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Bu bakımdan Türkiye’deki yayılış alanı içerisindeki diğer bölgelerden daha fazla örnek temin etmek gerekmektedir.

4.2.1.6. *Lutra lutra*

Türkiye’nin 3 farklı bölgesinden *L. lutra* türüne ait örnekler elde edilerek yayılış kayıtları verilmiştir (Tablo 2.4, Şekil 2.7). Sitokrom *b* gen bölgesi için toplam iki haplotip belirlenmiştir. Bu haplotiplerden birincisi Türkiye’nin Anadolu kısmında, ikincisi ise Trakya kısmında yayılış gösteren örneklerle aittir. Nükleer GHR gen bölgesinin analizi sonucunda elde edilen örneklerin hepsinin tek aynı baz dizisine sahip olduğu ve homozigot olduğu belirlenmiştir. Mitokondriyal sitokrom *b* gen bölgesi, nükleer GHR gen bölgesine göre nispeten daha fazla varyasyon göstermektedir. Gen Bankası’ndan türe ait yedi komple sitokrom *b* dizisi tespit edilerek toplam 7 haplotip bulunmuştur.

Bu Tez çalışmasında Türkiye için elde edilen örnek sayısı oldukça sınırlı olduğu için farklı bölgelerden de elde edilen örnekler ile birlikte hem mitokondriyal DNA’nın farklı farklı belirteç bölgelerinin dizi analizi hem de nükleer DNA verilerinin de analiz edilmesi gerekmektedir. Ayrıca Türkiye su samuru populasyonlarının durumunu ve genetik yapısını araştırmak için mikrosatellit gibi diğer moleküler tabanlı metotlardan elde edilen verilerde oldukça faydalı olacaktır.

KAYNAKLAR

1. Kryštufek, B., Vohralik, V., 2001. Mammals of Turkey and Cyprus, Introduction, Checklist, Insectivora. University of Primorska, Koper, Slovenia, 138 pp.
2. Karataş, A., 2006. Türkiye'nin memelileri, Türkiye'nin önemli doğa alanları. Doğa Derneği, Ankara, 1: 79 s.
3. Wilson, D. E., Reeder, D. M., 2005. Mammal Species of the World. Smithsonian Institution press Washington USA 2.000 pp.
4. Kryštufek, B., Vohralik, V., 2009. Mammals of Turkey and Cyprus. Rodentia II: Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystriidae, Castoridae. First edition 41 Knjiznica Annales Majora Koper, 372 pp.
5. Gündüz, İ., Jaarola, M., Tez, C., Yenyurt, C., Polly, P. D., Searle, J. B., 2007. Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (*Spermophilus*, Scuridae, Rodentia) in Turkey, with a description of a new species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **43**: 916-935.
6. Ledje, C., Arnason, U., 1996a. Phylogenetic analyses of complete cytochrome *b* genes of the Order Carnivora with particular emphasis on the Caniformia. **Journal of Molecular Evolution**, **42**: 135-144.
7. Ledje, C., Arnason, U., 1996b. Phylogenetic relationships within caniform Carnivores based on analyses of the mitochondrial 12S rRNA gene. **Journal of Molecular Evolution**, **43**: 641-649.
8. Flynn, J. J., ve Nedbal, M. A., 1998. Phylogeny of the Carnivora (Mammalia): congruence vs. incompatibility among multiple data sets. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **9**: 414-26.
9. Koepfli, K., Deere, K. A., Slater, G. J., Begg, C., Begg, K., Grassman, L., Lucherini, M. Veron, G., Wayne, R. K., 2008. Multigene phylogeny of the Mustelidae: Resolving relationships, tempo and biogeographic history of a mammalian adaptive radiation, **BMC Biology**, **6** (10): 1-22.
10. Bryant, H. N., Russell, A. P., Fitch, W. B., 1993. Phylogenetic relationships within the extant Mustelidae (Carnivora): appraisal of the cladistic status of the Simpsonian subfamilies. **Zoological Journal of the Linnean Society**, **108**: 301-334.
11. Dragoo, J. W., Honeycutt, R. L., 1997. Systematics of mustelid-like carnivores. **Journal of Mammalogy**, **78**: 426-443.

12. Koepfli, K. P., Wayne, R. K. 1998. Phylogenetic relationships of otters (Carnivora; Mustelidae) based on mitochondrial cytochrome *b* sequences. **Journal of Zoology**, **246**: 401-416.
13. Koepfli, K. P., Wayne, R. K., 2003. Type 1 STS markers are more informative than cytochrome *b* in phylogenetic reconstruction of the Mustelidae (Mammalia: Carnivora). **Systematic Biology**, **52**: 571-593.
14. Fulton, T. L., Strobeck, C., 2006. Molecular phylogeny of the Arctoidea (Carnivora): effect of missing data on supertree and supermatrix analyses of multiple gene data sets. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **41**: 165-181.
15. Marmi J, López-Giráldez J, Domingo-Roura X., 2004. Phylogeny, evolutionary history and taxonomy of the Mustelidae based on sequences of the cytochrome *b* gene and a complex repetitive flanking region. **Zoologica Scripta**, **33**: 481-499.
16. Sato, J. J., Hosoda, T., Wolsan, M., Suzuki, H., 2004. Molecular phylogeny of arctoids (Mammalia: Carnivora) with emphasis on phylogenetic and taxonomic positions of ferret-badgers and skunks. **Zoological Science**, **21**: 111-118.
17. Sato, J. J., Wolsan, M., Suzuki, H., Hosoda, T., Yamaguchi, Y., Hiyama, K., Kobayashi, M., Minami, S., 2006. Evidence from nuclear DNA sequences sheds light on the phylogenetic relationships of Pinnipedia: single origin with affinity to Musteloidea. **Zoological Science**, **23**: 125-146.
18. Yonezawa, T., Nikaido, M., Kohno, N., Fukumoto, Y., Okada, N., Hasegawa, M., 2007. Molecular phylogenetic study on the origin and evolution of Mustelidae. **Gene**, **396**: 1-12.
19. Yu, L., Peng, D., Liu, J., Luan, P., Liang, L., Lee, H., Lee, M., Ryder, O. A., Zhang, Y., 2011. On the phylogeny of Mustelidae subfamilies: analysis of seventeen nuclear non-coding loci and mitochondrial complete genomes. **BMC Evolutionary Biology**, **11** (92): 1-16.
20. Sato, J. J., Wolsan, M., Prevosti, F. J., D'Elía, G., Begg, C., Begg, K., Hosoda, T., Campbell, K. L., Suzuki, H., 2012. Evolutionary and biogeographic history of weasel-like carnivorans (Musteloidea). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **63**: 745–757.

21. Kasparek, M., 1988. On the occurrence of the weasel, *Mustela nivalis*, in Turkey. **Zoology in the Middle East**, 2: 8–11.
22. Kurtonur, C., Kryštufek, B., Özkan, B., 1994. The European polecat (*Mustela putorius*) in Turkish Thrace. **Small Carnivore Conservation**, 11: 8-10.
23. Özkurt, Ş., Sözen, M., Yiğit, N., Çolak, E., 1998. Notes on distributional records and some characteristics of five carnivore species (Mammalia: Carnivora) in Turkey. **Turkish Journal of Zoology**, 22: 285–288.
24. Özkurt Ş., Sözen, M., Çolak, E., 1999. A study on *Vormela peregusna* Guldenstaedt, 1770 (Mammalia: Carnivora) in Turkey. **Turkish Journal of Zoology**, 23: 141-144.
25. Özkurt, Ş., Sözen, M., Yiğit, N., Çolak, E., Verimli, R., 2000. On colouration and karyology of the marbled polecat, *Vormela peregusna*, in Turkey. **Zoology in the Middle East**, 21: 13–18.
26. Çolak, E., Sözen, M., Özkurt, Ş., 1999. A Study on *Mustela nivalis* Linnaeus, 1766 (Mammalia: Carnivora) in Turkey. **Turkish Journal of Zoology**, 23: 119-122.
27. Davison, A., Birks, J. D. S., Griffiths, H. I., Kitchener, A. C., Biggins, D., Butlin, R. K., 1999. Hybridization and the phylogenetic relationship between polecats and domestic ferrets in Britain. **Biological Conservation**, 87: 155-161.
28. Tez, C., Gündüz, İ., Kefelioğlu, H., 2001. Contributions to distribution, reproduction biology and ecology of *Vormela peregusna* (Guldenstaedt, 1770) (Mammalia: Carnivora) in Turkey. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, 4 (1): 74-76.
29. Johnson, K., 2002. The status of mammalian carnivores in Turkey. **Endangered Species Update**, 19: 232-337.
30. Zima, J., Cenevová, E., 2002. Coat colour and chromosome variation in central European populations of the weasel (*Mustela nivalis*). **Folia Zoologica**, 51 (4): 265–274.
31. Turan, L., 2003. Ankara Nallihan örneğinde yaban hayati envanteri. **Trakya Üniversitesi. Bilimsel Araştırma Dergisi**, 4 (1): 9-16.

32. Thol-Schmitz, H., 2004. Status of the Eurasian otter, *Lutra lutra*, in Turkey, and experiences with establishing a national otter data base. **Zoology in the Middle East**, **33**: 109–118.
33. Yiğit, N., Demirsoy, A., Karataş, A., Özkurt, Ş., Çolak, E., 2006. Notes on the Mammals found in Kazdağı National Park and its environs. **Turkish Journal of Zoology**, **30**: 73–82.
34. Albayrak, İ., Özen, A. S., Kitchener, A. C., 2008. A contribution to the age-class determination of *Martes foina* Erxleben, 1777 from Turkey (Mammalia: Carnivora). **Turkish Journal of Zoology**, **32**: 147-153.
35. Can, Ö. E., Togan, İ., 2009. Camera trapping of large mammals in Yenice Forest, Turkey: Local information versus camera traps. **Oryx**, **43** (3): 427–430.
36. De Marinis, A. M., Masseti, M., 2009. Mammalian fauna of the Termessos National Park, Turkey. **ZooKeys**, **31**: 221–228.
37. Soyumert, A., Tavşanoğlu, Ç., Macar, O., Kaynaş, Y. M., Gürkan B., 2010. Presence of large and medium-sized mammals in a burned pine forest in Southwestern Turkey. **Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy**, **21** (1): 97-102.
38. Gündüz, İ., Tez, C., Malikov, V., Vaziri, A., Polyakov, A. V., Searle, J. B., 2000. Mitochondrial DNA and chromosomal studies of wild mice (*Mus*) from Turkey and Iran. **Heredity**, **84** (4): 458-467.
39. Gündüz, İ., Rambau, R. V., Tez, C., Searle, J. B., 2005. Mitochondrial DNA variation in the western house mouse (*Mus musculus domesticus*) close to its site of origin: studies in Turkey. **Biological Journal of the Linnean Society**, **84**: 473–485.
40. Vogel, P. J., Cosson, J. F., Jurado, L. F .L., 2003. Taxonomic status and orgin of the shrews (Soricidae) from the Canary islands inferred from a mtDNA comparison with the European *Crocidura* species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **27**: 271- 282.
41. Neumann, K., Michaux, .J, Lebedev, V., Yigit, N., Çolak, E., Ivanova, N., Poltoraus, A., Surov, A., Markov, G., Maak, S., Neumann, S., Gattermann, R., 2006. Molecular phylogeny of the Cricetinae subfamily based on the mitochondrial cytochrome *b* and 12S rRNA genes and the nuclear vWF gene. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **39**: 135-148.

42. Dubey, S., Salamin, N., Ohdachi, S. D., Barrière, P., Vogel, P., 2007 Molecular phylogenetics of Shrew (Mammalia: Soricidae) reveal timing of transcontinental colonizations. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **44**: 126-137.
43. Dubey, S., Cosson, J. F., Magnanou, E., Vohralík, V., Benda, P., Frynta, D., Hutterer, R., Vogel, V., Vogel, P., 2007. Mediterranean populations of the lesser white-toothed shrews (*Crocidura suaveolens* groups): an unexpected puzzle of pleistocene survivor and prehistoric introductions. **Molecular Ecology**, **16**: 3438 - 3452.
44. Dubey, S., Cosson, J. F., Vohralík, V., Krystufek B., Diker, E., Vogel, P., 2007. Molecular evidence of Pleistocene bidirectional faunal exchange between Europe and the Near East: the case of the bicoloured shrew (*Crocidura leucodon*, Soricidae). **European Society for Evolutionary Biology**, **20**: 1799 - 1808.
45. Dubey, S., Salamin, N., Ruedi, M., Barrière, P., Colyn, M., Vogel, P., 2008. Biogeographic origin and radiation of the old world crocidurinae shrews (Mammalia: Soricidae) inferred from mitochondrial and nuclear genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **48**: 953-963.
46. Dubey, S. Diker, E., Kurtonur, O., Vogel, P., 2008. Secondary contact zones and hybridization: the case of the lesser white-toothed shrew (*Crocidura suaveolens* group, Soricidae). **Biological Journal of the Linnean Society**, **95**: 557-565.
47. Kurose, N., Abramov, A. V., Masuda, R., 2005. Comparative phylogeography between the ermine *Mustela erminea* and the least weasel *M. nivalis* of Palaearctic and Nearctic regions, based on analysis of mitochondrial DNA control region sequences. **Zoological Science**, **22**: 1069–1078.
48. Lebarbenchon, C., Poitevin, F., Arnal, V., Montgelard, C., 2010. Phylogeography of the weasel (*Mustela nivalis*) in the Western-Palaearctic region: Combined effects of glacial events and human movements. **Heredity**, **105**: 449–462.
49. Kurose, N., Kaneko, Y., Abramov, A. V., Siriaronrat, B., Masuda, R., 2001. Low genetic diversity in Japanese populations of the Eurasian badger *Meles meles* (Mustelidae, Carnivora) revealed by mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. **Zoological Science**, **18** (8): 1145-1151.

50. Marmi, J., Lopez-Giraldez, F., Macdonald, D. W., Calafell, F., Zholnerovskaya, E., Domingo-Roura, X., 2006. Mitochondrial DNA reveals a strong phylogeographic structure in the badger across Eurasia. **Molecular Ecology**, **15**: 1007–1020.
51. Del Cerro, I., Marmi, J., Ferrando, A., Chashchin, P., Taberlet, P., Bosch, M., 2010. Nuclear and mitochondrial phylogenies provide evidence for four species of Eurasian badgers (Carnivora). **Zoologica Scripta**, **39**: 415–425.
52. Tashima, S., Kaneko, Y., Anezaki, T., Baba, M., Yachimori, S., Abramov, A. V., Saveljev, A. P., Masuda R. 2011. Phylogeographic sympatry and isolation of the Eurasian badgers (*Meles*, Mustelidae, Carnivora): implications for an alternative analysis using maternally as well as paternally inherited genes. **Zoological Science**, **28** (4): 293-303.
53. Tashima, S., Kaneko, Y., Anezaki, T., Baba, M., Yachimori, S., Abramov, A. V., Saveljev, A. P., Masuda, R., 2011. Identification and molecular variations of CAN-SINEs from the ZFY gene final intron of the Eurasian badgers (genus *Meles*). **Mammal Study**, **36**: 41–48.
54. Abramov, A. V., Puzachenko, A.Y., 2013. The taxonomic status of badgers (Mammalia, Mustelidae) from Southwest Asia based on cranial morphometrics, with the redescription of *Meles canescens*. **Zootaxa**, **3681** (1): 044–058.
55. Anderson, E., 1970. Quaternary evolution of the genus *Martes* (Carnivora, Mustelidae). **Acta Zoologica Fennica**, **130**: 1-132.
56. Domingo-Roura, X., 2002. Genetic distinction of marten species by fixation of a microsatellite region. **Journal of Mammalogy**, **83** (3): 907-912.
57. Pilot, M., Gralak, B., Goszczyński, J., Posłuszny, M., 2006. A method of genetic identification of pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*) and its application to faecal samples. **Journal of Zoology**, **271** (2): 140–147.
58. Ruiz-González, A., Madeira, M., Randi, E., Abramov, A., Davoli, F., Gómez-Moliner, B., 2013. Phylogeography of the forest-dwelling European pine marten (*Martes martes*): new insights into cryptic northern glacial refugia. **Biological Journal of the Linnean Society**, **109**: 1–18.
59. Wayne, R.K., Benveniste, R. E., Janczewski, D. N., O'Brien, S.J., 1989. Molecular and biochemical evolution of the Carnivora. In Carnivore

- Behavior, Ecology, and Evolution. Edited by: Gittleman J.L. New York: Cornell University Press, 465-494.
60. Masuda, R., Yoshida, M.C., 1994. A molecular phylogeny of the family Mustelidae (Mammalia, Carnivora), based on comparison of mitochondrial cytochrome *b* nucleotide sequences. **Zoological Science**, **11**: 605–612.
 61. Hosoda, T., Suzuki, H., Tsuchiya, K., Lan, H., Shi, L., Kryukov, A., 1997. Phylogenetic relationships within *Martes* based on nuclear ribosomal DNA and mitochondrial DNA, Pages 3–14 in G. Proulx, H. N. Bryant, and P. M. Woodard, Editors. *Martes: Taxonomy, Ecology, Techniques, and Management*. Provincial Museum of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada.
 62. Davison, A., Birks, J. D., Brookes, R. C., Messenger, J. E., Griffiths, H. I., 2001. Mitochondrial phylogeography and population history of pine martens *Martes martes* compared with polecats *Mustela putorius*. **Molecular Ecology**, **10**: 2479–2488.
 63. Stone, K. D., Cook, J. A., 2002. Molecular evolution of holarctic martens (genus *Martes*, Mammalia: Carnivora: Mustelidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **24**: 169–179.
 64. Kyle, C. J., Davison, A., Strobeck, C., 2003. Genetic structure of European pine martens (*Martes martes*), and evidence for introgression with *M. americana* in England. **Conservation Genetics**, **4**: 179–188.
 65. Rozhnov, V. V., Meschersky, I. G., Kholodova, M. V., 2006. Molecular genetic study of marbled polecat (*Vormela peregusna*, Carnivora: Mustelidae). **Doklady Biological Sciences**, **407** (4): 567–570.
 66. Rozhnov, V. V., Meschersky, I. G., Abramov, A. V., 2008. Geographical variation of the marbled polecat *Vormela peregusna* (Carnivora: Mustelidae): Molecular Genetic Study. **Doklady Biological Sciences**, **418** (1): 138-141.
 67. Heptner, V. G., Naumov, N. P., Yurgenson, P. B., Sludskii, A. A., Chirkova, A. F., Bannikov, A. G., 1967. Mlekopitayushchie Sovetskogo Soyuza, vol. 2, part 1b: Morskie korovy i khishchnye (Mammals of the Soviet Union, vol. 2, part 1b: Carnivora), Moscow: Vysshaya Shkola, 1176-1206.
 68. Abramov, A. V., Baryshnikov, G. F., 2000. Geographic variation and intraspecific taxonomy of weasel *Mustela nivalis* (Carnivora, Mustelidae). Zoological Institute, St. Petersburg, 2000. **Zoosystema Rossica**, **8**: 365-402.

69. Kurose, N., Abramov, A. V., Masuda, R., 2008. Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Mustela* (Mustelidae, Carnivora), inferred from mitochondrial DNA sequences: New perspectives on phylogenetic status of the back-striped weasel and American mink. **Mammal Study**, **33**: 25–33.
70. Saarma, U., Tumanov, I. L., 2006. Phylogenetic evaluation of three subspecies from the *Mustela nivalis* Group. **Zoological Studies**, **45** (3): 435–442.
71. McDevitt, A. D., Zub, K., Kawalko, A., Oliver, M. K., Herman, J. S., Wójcik, J. M., 2012. Climate and refugial origin influence the mitochondrial lineage distribution of weasels (*Mustela nivalis*) in a phylogeographic suture zone. **Biological Journal of the Linnean Society**, **106**: 57–69.
72. Kurose, N., Masuda, R., Yoshida, M. C., 1999a. Phylogeographic variation in two mustelines, the least weasel *Mustela nivalis* and the ermine *M. erminea* of Japan, based on mitochondrial DNA control region sequences. **Zoological Science**, **16**: 971–977.
73. Lebarbenchon, C., Poitevin, F., Montgelard, C., 2006. Genetic variation of the weasel (*Mustela nivalis*) in Corsica based on mitochondrial control region sequences. **Mammalian Biology**, **71** (3): 164–171.
74. Hansen, M. M., Jacobsen, L., 1999. Identification of mustelid species: otter (*Lutra lutra*), American mink (*Mustela vison*) and polecat (*Mustela putorius*), by analysis of DNA from faecal samples. **Journal of Zoology**, **247** (2): 177–181.
75. Effenberger, S., Suchentrunk, F., 1999. RFLP analysis of the mitochondrial DNA of otters (*Lutra lutra*) from Europe – implications for conservation of a flagship species. **Biological Conservation**, **90**: 229–234.
76. Mucci, N., Pertoldi, C., Madsen, A.B., Loeschcke, V., Randi, E., 1999. Extremely low mitochondrial DNA control-region sequence variation in the otter *Lutra lutra* population of Denmark. **Hereditas**, **130**: 331–336.
77. Cassens, I., Tiedemann, R., Suchentrunk, F., Hartl, G. B., 2000. Mitochondrial DNA variation in the European otter (*Lutra lutra*) and the use of spatial autocorrelation analysis in conservation. **Journal of Heredity**, **91**: 31–35.
78. Pertoldi, C., Møller-Hansen, M., Loeschcke, V., Madsen, A. B., Jacobsen, L., Baagøe, H., 2001. Genetic consequences of population decline in the European otter (*Lutra lutra*): an assessment of microsatellite DNA variation

- in Danish otters from 1883-1993. **Proceedings of the Royal Society of London, Series B**, **268**: 1775- 1781.
79. Ferrando, A., Ponsà, M., Marmi, J., Domingo-Roura, X., 2004. Eurasian otters, *Lutra lutra*, have a dominant mtDNA haplotype from the Iberian Peninsula to Scandinavia. **Journal of Heredity**, **95**: 430-435.
 80. Ketmaier, V., Bernardini, C., 2005. Structure of the mitochondrial control region of the Eurasian otter (*Lutra lutra*, Carnivora, Mustelidae): patterns of genetic heterogeneity and implications for conservation of the species in Italy. **Journal of Heredity**, **96**: 1-11.
 81. Eroğlu, M., 1994. The status and habitat destruction of the otter (*Lutra lutra* L.) in the eastern Black Sea region of Turkey. In: Seminar on the Conservation of the European otter (*Lutra lutra*), Leeuwarden, the Netherlands, 7-11 June 1994. Pp. 81-83. Council of Europe, Strasbourg.
 82. Conroy, J., Melisch, R., Chanin, P., 1998. The distribution and status of the Eurasian otter (*Lutra Lutra*) in Asia - A preliminary review. **IUCN Otter Specialist Group Bulletin**, **15** (1): 15 – 30.
 83. Topal, F., 2005. Elazığ ve Malatya yöresi su samurlarının *Lutra lutra* (Mammalia: Carnivora)'nın taksonomik yönden incelenmesi. Fırat Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Elazığ, 32 s.
 84. Tüzün, İ., Albayrak, İ., 2005. The effect of disturbances to habitat quality on otter (*Lutra lutra*) activity in the river Kızılırmak (Turkey): a case study. **Turkish Journal of the Zoology**, **29**: 327-335.
 85. Toyran, K., 2010. Kırıkkale Kızılırmak su samuru, *Lutra lutra* (Linnaeus, 1758) yayılış alanlarının belirlenmesi. Kırıkkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Kırıkkale, 112 s.
 86. Wilson, A. C., 1989. Restriction mapping in the molecular systematics of mammals: a retrospective salute. **Elsevier Science Publisher Biomedical Division**, **29**: 407-419.
 87. Irwin, D. M., Kocher, T. D., Wilson, A. C., 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. **Journal of Molecular Evolution**, **32**: 128-44.
 88. Tobe, S. S., Linacre, A. M. T., 2008. A multiplex assay to identify 18 European mammal species from mixtures using the mitochondrial cytochrome *b* gene, **Electrophoresis**, **29**: 340–347.

89. Debry, W. R., Seshadri, S., 2001. Nuclear intron sequences for phylogenetics of closely related mammals: an example using the phylogeny of *Mus*. **Journal of Mammalogy**, **82** (2): 280–288.
90. Adkins, R. M., Nekrutenko, A., Li, W. H., 2001a. Bushbaby growth hormone is much more similar to nonprimate growth hormones than to Rhesus monkey and human growth hormones. **Molecular Biology and Evolution**, **18** (1): 55–60.
91. Adkins, R. M., Gelke, E. L., Rowe, D., Honeycutt, R. L., 2001b. Molecular phylogeny and divergence time estimates for major rodent groups: Evidence from multiple genes. **Molecular Biology and Evolution**, **18** (5): 777–791.
92. Springer, M.S., DeBry, R.W., Douady, C., Amrine, H. M., Madsen, O., de Jong, W. W., Stanhope, M. J., 2001. Mitochondrial versus nuclear gene sequences in deep level mammalian phylogeny reconstruction. **Molecular Biology and Evolution**, **18**: 132–143.
93. Eizirik E., Murphy, W. J., Koepfli, K. P., Johnson, W. E., Dragoo, J. W., Wayne, R. K., O'Brien, S. J., 2010. Pattern and timing of diversification of the mammalian order Carnivora inferred from multiple nuclear gene sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **56**: 49–63.
94. Amrine-Madsen, H., Koepfli, K-P., Wayne, R. K., Springer, M. S., 2003. A new phylogenetic marker, apolipoprotein B, provides compelling evidence for eutherian relationships. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **28**: 225–240.
95. Yu L., Li, Q. W., Ryder, O. A., Zhang, Y. P., 2004. Phylogenetic relationships within mammalian order Carnivora indicated by sequences of two nuclear DNA genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **33**: 694–705.
96. Rokas A., Williams, B. L., King, N., Carroll, S. B., 2003. Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. **Nature**, **425**: 798–804.
97. <http://www.iucnredlist.org/> - (Eriřim tarihi: Ekim 2013).
98. Goswami, A., Friscia, A., 2010. Carnivoran evolution: New views on phylogeny, form and function. Cambridge University Press, New York, USA, 492 pp.
99. Gittleman, J. L., 1989. Carnivore behavior, ecology, and evolution. Cornell University Press, New York, USA, 620 pp.

100. Anyonge, W. N., 2001. Carnivora. In: eLS. John Wiley and Sons Ltd, Chichester.
101. Valkenburgh, S. V., Wayne, R. K., 2010. Carnivores. **Current Biology**, **20** (21): R915–R919.
102. Miller, S., Harley, J.P., 2001. Miller–Harley: Zoology, Fifth Edition, The McGraw–Hill Companies.
103. Kleiman, D. G., Geist, V., McDade, M. C., 2003. Grzimek's Animal Life Encyclopedia, Second Edition, V.14, Mammals III, Gale Group, 608 pp.
104. Bininda-Emonds, O. R. P., Gittleman, J. L., Purvis, A., 1999. Building large trees by combining phylogenetic information: a complete phylogeny of the extant Carnivora (Mammalia). **Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society**, **74**: 143–175.
105. Flynn, J. J., Nedbal, M. A., Dragoo, J. W., Honeycutt, R. L., 2000. Whence the red panda? **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **17**: 190–99.
106. Flynn, J. J., Finarelli, J. A., Zehr, S., Hsu, J. and Nedbal, M. A., 2005a. Molecular phylogeny of the Carnivora (Mammalia): assessing the impact of increased sampling on resolving enigmatic relationships. **Systematic Biology**, **54** (2): 317–337.
107. Novak, R. M., Macdonald, D. W., Kays, R. W., 2005. Walker's Carnivores of the World. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, USA, 328 pp.
108. Macdonald, D. W., Sillero-Zubiri, C., 2004. The biology and conservation of wild canids. Wildlife Conservation Research Unit, Oxford University Press, 465 pp.
109. Sillero-Zubiri, C., Hoffmann, M., Macdonald, D.W., 2004. Canids: Foxes, Wolves, Jackals and Dogs Status Survey and Conservation Action Plan, IUCN – The World Conservation Union. Information Press, Oxford, UK, 443 pp.
110. Vaughan, T., Ryan, J., Czaplewski, N., 2000. Mammalogy, 4th Edition. Toronto: Brooks Cole.
111. Nowak, R. M., 1991. Walker's Mammals of the World, The Johns Hopkins University Press, London, 1306 pp.
112. Savage, J. G., 1977. Evolution in carnivorous mammals. **Palaeontology**, **20** (2): 237–271.

113. Martin, L. D., 1989 Fossil history of the terrestrial Carnivora. in Gittleman. 536-568.
114. Flynn, J. J., Wesley-Hunt, G. D., 2005b. Carnivora. in the rise of placental mammals: Origins and Relationships of the Major Extant Clades, ed. D. Archibald and K. Rose. Baltimore, MD: Johns Hopkins University Press, 175–98 pp.
115. Flynn, J. J., Finarelli, J. A., Spaulding, M., 2010. Phylogeny of the Carnivora and Carnivoramorphs, and the use of the fossil record to enhance understanding of evolutionary transformations. In Goswami, A., Friscia, A., 2010. Carnivoran Evolution: New Views on Phylogeny, Form and Function. Cambridge University Press, New York, USA, 492 pp.
116. Polly, P. D., Wesley-Hunt, G. D., Heinrich, R. E., Davis, G., Houde, P., 2006. Earliest known carnivoran auditory bulla and support for a recent origin of crown-group carnivora (Eutheria, Mammalia). **Palaeontology**, **49**: 1019–27.
117. Eisenberg, J. F., 1989. Mammals of the Neotropics: Volume 1 The Northern Neotropics. University of Chicago Press, Chicago 449 pp.
118. Wozencraft, W. C., 1989. The phylogeny of the recent carnivora. In Carnivore Behavior, Ecology, and Evolution, ed. J. L. Gittleman. New York, NY: Cornell University Press, 495–535 pp.
119. Wyss, A. R., Flynn, J. J., 1993. A phylogenetic analysis and definition of the Carnivora. In Mammal Phylogeny. Placentals, ed. F. S. Szalay, M. J. Novacek and M. C. MacKenna. Berlin: Springer-Verlag, 32–52 pp.
120. Wozencraft, W. C., 1993. Order Carnivora. In Mammal Species of the World – A Taxonomic and Geographic Reference, ed. D. E. Wilson and D. M. Reeder. Washington, London: Smithsonian Institution Press, pp. 279–348.
121. Simpson, G. G., 1945. The principles of classification and a classification of mammals. Bulletin of the American Museum of Natural History, 85: 1–350.
122. Vrana, P. B., Milinkovitch, M. C., Powell, J. R., Wheeler, W. C., 1994. Higher level relationships of the arctoid Carnivora based on sequence data and ‘total evidence. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **3**: 47–58.
123. Sato, J. J., Hosoda, T., Wolsan, M., Tsuchiya, K., Yamamoto, M., Suzuki, H. 2003. Phylogenetic relationships and divergence times among mustelids (Mammalia: Carnivora) based on nucleotide sequences of the nuclear

- interphotoreceptor retinoid binding protein and mitochondrial cytochrome *b* genes. **Zoological Science**, **20** (4): 243-64.
124. Hutchings, M., White, P., 2000. Mustelid scent-marking in managed ecosystems: implications for population management. **Mammal Review**, **30**: 157-169.
 125. Johnson, D., MacDonald, D., Dickman, A., 2000. An analysis and review of models of the sociobiology of the Mustelidae. **Mammal Review**, **30**: 171-196.
 126. Amstislavsky, S., Ternovskaya, Y., 2000. Reproduction in Mustelids. **Animal Reproduction Science**, **60-61**: 571-581.
 127. Thom, M., Johnson, D., Macdonald, D., 2004. The evolution and maintenance of delayed implantation in the Mustelidae (Mammalia: Carnivora). **Evolution**, **58** (1): 175-183.
 128. Kurtén, B., 1968. Pleistocene Mammals of Europe. Weidenfeld and Nicolson, London, 317 pp.
 129. Sato, J.J., Wolsan, M., Minami, S., Hosoda, T., Sinaga, M.H., Hiyama, K., Yamaguchi, Y., Suzuki, H., 2009. Deciphering and dating the red panda's ancestry and early adaptive radiation of Musteloidea. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **53**: 907-922.
 130. Wolsan, M., 1993. Phylogeny and classification of early European Mustelida (Mammalia: Carnivora). **Acta Theriologica**, **38**: 345-384.
 131. Baskin, J.A., 1998. Mustelidae. In: Janis, C.M., Scott, K.M., Jacobs, L.L. (Eds.), *Evolution of Tertiary Mammals of North America*, Vol. 1. Cambridge University Press, Cambridge, UK., 152-173 pp.
 132. Tedford, R.H., Albright III, L.B., Barnosky, A.D., Ferrusquia-Villafranca, I., Hunt Jr., R.M., Storer, J.E., Swisher III, C.C., Voorhies, M.R., Webb, S.D., Whistler, D.P., 2004. Mammalian biochronology of the Arikareean through Hemphillian interval (late Oligocene through early Pliocene epochs). In: Woodburne, M.O. (Ed.), *Late Cretaceous and Cenozoic Mammals of North America: Biostratigraphy and Geochronology*. Columbia University Press, New York, pp. 169-231.
 133. Wurster, D. H., Benirschke, K., 1968. Comparative cytogenetic studies in the Order Carnivora. **Chromosoma**, **24**: 336-382.

134. Ledoux, R. G., Kenyon, A. J., 1975. Protides of the Mustelidae—II. Immunologic Relatedness. **Comparative Biochemistry and Physiology**, **51A**: 213–217.
135. Arnason, U., Widegren, B., Pinniped, 1986. Phylogeny enlightened by molecular hybridizations using highly repetitive DNA. **Molecular Biology and Evolution**, **3**: 356–365.
136. Kurose N., Abramov, A. V., Masuda, R., 2000. Intrageneric diversity of the cytochrome *b* gene and phylogeny of Eurasian species of the Genus *Mustela* (Mustelidae, Carnivora). **Zoological Science**, **17**: 673–679.
137. Ki J. S., Hwang, D. S., Park, T. J., Han, S. H. , Lee, J.S., 2010. A comparative analysis of the complete mitochondrial genome of the Eurasian otter *Lutra lutra* (Carnivora; Mustelidae). **Molecular Biology Reports**, **37**: 1943–1955.
138. Yamada, C., Masuda, R., 2010. Molecular phylogeny and evolution of sex-chromosomal genes and SINE sequences in the Family Mustelidae. **Mammal Study**, **35** (1): 17-30.
139. Long, J. L., 2003. Introduced Mammals of the World: Their History, Distribution and Influence. Csiro Publishing, Collingwood, Australia, 612 pp.
140. Kranz, A., Tikhonov, A., Conroy, J., Cavallini, P., Herrero, J., Stubbe, M., Maran, T., Abramov, A., 2008. *Martes martes*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
141. O'Brien, S. J., Menninger, J. C., Nash, W. G., 2006. Atlas of Mammalian Chromosomes, John Wiley and Sons, Inc., Hoboken, NJ, 759 pp.
142. Harrison, D. J., Fuller, A. K., Proulx G., 2004. Martens and Fishers (*Martes*) in Human-Altered Environments: An International Perspective. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 279 pp.
143. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=12848>** (Erişim tarihi: Ekim 2013).
144. Tikhonov, A., Cavallini, P., Maran, T., Krantz, A., Herrero, J., Giannatos, G., Stubbe, M., Libois, R., Fernandes, M., Yonzon, P., Choudhury, A., Abramov, A., Wozencraft C., 2008. *Martes foina*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
145. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=29672>** (Erişim tarihi: Ekim 2013).

146. Sheffield, J. R., King, C. M., 1994. *Mustela nivalis* Mammalian Species. **The American Society of Mammalogists**, 454: 1-10
147. Tikhonov, A., Cavallini, P., Maran, T., Kranz, A., Herrero, J., Giannatos, G., Stubbe, M., Conroy, J., Kryštufek, B., Abramov, A., Wozencraft, C., Reid, F., McDonald, R., 2008. *Mustela nivalis*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
148. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=14021>** (Erişim tarihi: Ekim 2013).
149. Fernandes, M., Maran, T., Tikhonov, A., Conroy, J., Cavallini, P., Kranz, A., Herrero, J., Stubbe, M., Abramov, A., Wozencraft, C., 2008. *Mustela putorius*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
150. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=41658>**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
151. Neal, E., Cheeseman, C., 1996. Badgers. T and AD Poyser, London.
152. Kranz, A., Tikhonov, A., Conroy, J., Cavallini, P., Herrero, J., Stubbe, M., Maran, T., Fernandes, M., Abramov, A., Wozencraft, C., 2008. *Meles meles*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
153. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=29673>**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
154. Gorsuch, W., Larivière, Serge., 2005. *Vormela peregusna*. **Mammalian Species**, 779: 1–5.
155. Tikhonov, A., P. Cavallini, T. Maran, A. Krantz, J. Herrero, G. Giannatos, M. Stubbe, J. Conroy, B. Kryštufek, A. Abramov, C. Wozencraft., 2008. "*Vormela peregusna*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).
156. Ben-David, M., S. Pellis, V. Pellis., 1991. Feeding habits and predatory Behaviour in the marbled polecat (*Vormela peregusna syriaca*): I. killing methods in relation to prey size and prey behaviour. **Behaviour**, 118: 127-143.
157. Dulamtseren, S., Shar, S., Murdoch, J. M., Reading, R. P., Gantulga, J., Usukhjargal D., Buyandelger, S., 2009. Notes on the distribution of marbled polecat *Vormela peregusna* in Mongolia. **Small Carnivore Conservation**, 40: 29-32.
158. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=29680>**. (Erişim tarihi: Ekim 2013).

159. Hee-Sun, C., Kwang-Hee, C., Sang-Don, L., Young-Seuk, O., 2009. Characterizing habitat preference of Eurasian river otter (*Lutra lutra*) in streams using a self-organizing map. **Limnology**, **10** (3): 203.
160. Ruiz-Olmo, J., Loy, A., Cianfrani, C., Yoxon, P., Yoxon, G., de Silva, P.K., Roos, A., Bisther, M., Hajkova, P., Zemanova, B., 2008. *Lutra lutra*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. **www.iucnredlist.org**. (Eriřim tarihi: Ekim 2013).
161. **<http://maps.iucnredlist.org/map.html?id=12419>**. (Eriřim tarihi: Ekim 2013).
162. Linnaeus, C., 1758. Systema naturae per regna tria naturae :secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis (in Latin) (10th ed.). Stockholm: Laurentius Salvius.
163. Avise, J. C., 2004. Molecular Markers, Natural History, and Evolution (Second Edition). Sinauer, Sunderland, MA. 684 pp.
164. Lemey, P., Salemi, M., Vandamme, A., 2009. The Phylogenetic Handbook, A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing, Second Edition. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 751 pp.
165. Suárez-Díaz, E., Anaya-Muñoz, V. H., 2008. History, objectivity, and the construction of molecular phylogenies. **History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences**, **39**: 451–468.
166. Simonsen, V., 1982. Electrophoretic variation in large mammals. 11. The red fox, *Vulpes vulpes*, the stoat, *Mustela erminea*, the weasel, *Mustela nivalis*, the pole cat, *Mustela putorius*, the pine marten, *Martes martes*, the beech marten, *Martes foina*, and the badger, *Meles rneles*. **Hereditas**, **96**: 299-305.
167. Ruokonen, M., 2001. Phylogeography and conservation genetics of the lesser white-fronted goose (*Anser erythropus*), Department of Biology, University of Oulu, 2001.
168. Ahlquist, J. E., 1999. "Charles G. Sibley: A commentary on 30 years of collaboration". **The Auk**, **116** (3): 856–860.
169. Bardeleben, C., Moore, R. L., Wayne, K., 2005. A molecular phylogeny of the Canidae based on six nuclear loci. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **37**: 815–831.
170. Bandelt, H-J., Macaulay, V., Richards, M., 2006. Human Mitochondrial DNA and the Evolution of *Homo sapiens*, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 2006.

171. Iborra, F. J., Kimura, H., Cook, P. R., 2004. The functional organization of mitochondrial genomes in human cells. **BMC Biology**, 2 (9): 1-14.
172. Gibson, A., Gowri-Shankar, V., Higgs, P. G., Rattray, M., 2005. A comprehensive analysis of mammalian mitochondrial genome base composition and improved phylogenetic methods. **Molecular Biology and Evolution**, 22 (2): 251–264.
173. Jenuth, J. P, Peterson, A. C., Fu, K., Shoubridge, E. A., 1996. Random genetic drift in the female germline explains the rapid segregation of mammalian mitochondrial DNA. **Nature Genetics**, 14 (2): 146-51.
174. Galtier, Nabholz, B., Glemin, S., Hurst, G. D. D. 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. **Molecular Ecology**, 18: 4541–4550.
175. Gissi, C., Reyes, A., Pesole, G., Saccone, C., 2000. Lineage-specific evolutionary rate in mammalian mtDNA. **Molecular Biology and Evolution**, 17: 1022–1031.
176. Gissi, C., Iannelli, F., Pesole, G., 2008. Evolution of the mitochondrial genome of Metazoa as exemplified by comparison of congeneric species. **Heredity**, 101: 301–320.
177. Moritz, C., Dowlin, T. E., Brown, W. M., 1987 Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics. **Annual Review of Ecology and Systematics**, 18: 269–292.
178. Harrison, R. G., 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **Trends in Ecology and Evolution**, 4: 6-11.
179. Geneious version (R6.1.6) created by Biomatters. available from <http://www.geneious.com/>
180. Meyer, A., 1994. Shortcomings of the cytochrome *b* gene as a molecular marker. **Trends in Ecology and Evolution**, 9: 278–280.
181. Johns, G. C., Avise, J. C., 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome *b* gene. **Molecular Biology and Evolution**, 15: 1481-1490.
182. Olson, M., Hood, L., Cantor, C., Botstein, D., 1989. A common language for physical mapping of the human genome. **Science**, 245: 1434-14355.

183. Venta, P. J., Brouillette, J. A., YuzbasiyanGurkan, V., Brewer, G. J., 1996. Gene-specific universal mammalian sequence-tagged sites: Application to the canine genome. **Biochemical Genetics**, **34**: 321–34.
184. Fernandes, C. A., Ginja, C., Pereira, I., Tenreiro, R., Bruford, M. W., Santos Reis, M., 2008. Species-specific mitochondrial DNA markers for identification of non-invasive samples from sympatric carnivores in the Iberian Peninsula. **Conservation Genetics**, **9** (3): 681-690.
185. Hosoda, T., Suzuki, H., Harada, M., Tsuchiya, K., Han, S. H., Zhang, Y., Kryukov, A. P., Lin, L. K., 2000. Evolutionary trends of the mitochondrial lineage differentiation in species of genera *Martes* and *Mustela*. **Genes and Genetic Systems**, **75** (5): 259-267.
186. Demboski, J. R., Stone, K. D., Cook, J. A., 1999. Further perspectives on the Haida Gwaii glacial Refugium. **Evolution**, **53** (6): 2008-2012.
187. Li, B., Wu, D., Malyarchuk, B., 2013. Complete mitochondrial genome of European pine marten, *Martes martes*. **Mitochondrial DNA, Early Online**: 1–2.
188. Ki, J. S., Hwang, D. S., Park, T. J., Han, S. H., Lee, J. S., 2010. A comparative analysis of the complete mitochondrial genome of the Eurasian otter *Lutra lutra* (Carnivora; Mustelidae). **Molecular Biology Reports**, **37** (4): 1943-1955.
189. Jang, K. H., Ryu, S. H., Hwang, U. V., 2009. Mitochondrial genome of the Eurasian otter *Lutra lutra* (Mammalia, Carnivora, Mustelidae). **Genes and Genomics**, **31** (1): 19-27.
190. Arnason, U., Gullberg, A., Janke, A. Kullberg, M., 2007. Mitogenomic analyses of caniform relationships. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **45** (3): 863-874.
191. Fleming, M. A., Cook, J. A., 2002. Phylogeography of endemic ermine (*Mustela erminea*) in Southeast Alaska. **Molecular Ecology**, **11** (4): 795-807.
192. Hosoda, T., Sato, J. J., Lin, L.-K., Chen, Y.-J., Harada, M., Suzuki, H., 2011. Phylogenetic history of mustelid fauna in Taiwan inferred from mitochondrial genetic loci. **Canadian Journal of Zoology**, **89**: 559-569.

193. Fulton, T. L., Strobeck, C., 2007. Novel phylogeny of the raccoon family (Procyonidae: Carnivora) based on nuclear and mitochondrial DNA evidence. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **43** (3): 1171-1177.
194. Harding, L. E., Smith, F. A., 2009. *Mustela* or *Vison*? Evidence for the taxonomic status of the American mink and a distinct biogeographic radiation of American weasels. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **52**: 632–642.
195. Jaarola, M., Searle, J. B., 2002. Phylogeography of field voles (*Microtus agrestis*) in Eurasia inferred from mitochondrial DNA sequences. **Molecular Ecology**, **11**: 2613–2621.
196. Katoh, K., Misawa, K., Kuma, K., Miyata, M., 2002. MAFFT: A novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. **Nucleic Acids Research**, **30**: 3059-3066.
197. Rozas, J., Librado, P., 2009. DnaSP v5, A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. **Bioinformatics**, **25**: 1451-1452.
198. Saitou, N., Nei, M., 1987. The Neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular Biology and Evolution**, **4**: 406-425.
199. Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S., 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular Biology and Evolution**, **28** (10): 2731–2739.
200. Huelsenbeck, J. P., Ronquist, F., 2001. MrBayes: bayesian inference of phylogenetic trees. **Bioinformatics**, **17**: 754-755.
201. Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P., 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, **19**: 1572-1574.
202. Guindon, S., Gascuel, O., 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. **Systematic Biology**, **52**: 696-704.
203. Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., Posada, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. **Nature Methods**, **9** (8): 772.
204. Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide substitutions. **Journal of Molecular Evolution**, **16**: 111–120.

205. Rambaut, A., 2009. FigTree v1.3.1 2006-2009 [Readme file]. Accessed on October 12, 2011. Available with the program package at <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>.
206. Bandelt, H-J., Forster, P., Röhl, A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, **16**: 37-48.
207. Tajima, F., 1989. Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics**, **123**: 585-595.
208. Schwarz, G. E., 1978. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, **6** (2): 461-464.
209. Akaike, H., 1974. A new look at statistical model identification. **IEEE Trans Auto Control**, **19**: 716-723.
210. Hasegawa, M., Kishino, H., Yano, T., 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. **Journal of Molecular Evolution**, **22**: 160-174.
211. Marmi, J., Abramov, A. V., Chashchin, P. V., Domingo-Roura, X., 2005. Phylogeny, subspeciation and genetic structure of the badger (*Meles meles*) in the Iberian Peninsula and the world. In E. Virgo's, J. G. Mangas, E. Revilla, X. Domingo-Roura (Eds) Ecology and Conservation of Badgers in Mediterranean Ecosystems. Ma'laga: Sociedad Espan~ ola para la Conservacio'n y Estudio de los Mam'feros: 13-26.
212. Pocock, R. I., 1922. On the external characters and classification of the Mustelidae. **Proceedings of the Zoological Society of London**. **1921**: 803-837.
213. Oğurlu, Ü., 1997. A study on the habitat use and diet of pine marten, *Martes martes* (L.). **Turkish Journal of Zoology**, **21**: 63-68.
214. Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M., Özkurt, Ş., 1998. Contribution to the taxonomy, distribution and karyology of *Martes foina* (Erxleben, 1777) (Mammalia: Carnivora) in Turkey. **Turkish Journal of Zoology**, **22**: 297-301.
215. Soyumert, A., Macar, O., Gürkan, B., 2007. The use of camera traps for determining the presence of medium and large sized mammals in marmaris, Turkey. In: International Conference on Environment: Survival and Sustainability 19-24 February 2007 Near East University, Nicosia-Northern Cyprus. 2007, 353-358 pp.

216. Göktürk, T., Bucak, F., Artvinli, T., 2011. Mammalian fauna of Artvin. **African Journal of Agricultural Research**, **6** (6): 1418-1424.
217. Albayrak, T., Giannatos, G., Kabasakal, B., 2012. Carnivore and Ungulate populations in the Beydağları Mountains (Antalya, Turkey): Border region between Asia and Europe. **Polish Journal of Ecology**, **60** (2): 419–428.
218. Ruiz-Gonzalez, A., Rubines, J., Berdion, O., Gomez-Moliner, B. J., 2008. A non-invasive genetic method to identify the sympatric mustelids pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*): preliminary distribution survey on the northern Iberian Peninsula. **European Journal of Wildlife Research**, **54**: 253–261.
219. Reig, S., 1992. Geographic variation in pine marten (*Martes martes*) and beech marten (*M. foina*) in Europe. **Journal of Mammalogy**, **73** (4): 744-769.
220. Carr, S. M., Hicks, S. A., 1997. Are there two species of *Marten* in North America? Genetic and evolutionary relationships within *Martes*. Pages 15–28 in G. Proulx, H. N. Bryant, and P. M. Woodard, editors. *Martes: taxonomy, ecology, techniques, and management*. Provincial Museum of Canada, Edmonton, Alberta, 1997.
221. Nagai, T., Raichev, E. G., Tsunoda, H., Kaneko, Y., Ryuichi, M., 2012. Preliminary study on microsatellite and mitochondrial DNA variation of the stone marten *Martes foina* in Bulgaria. **Mammal Study**, **37** (4): 353-358.
222. Inoue, T., Murakami, T., Abramov, A. V., Masuda, R., 2010. Mitochondrial DNA control region variations in the sable *Martes zibellina brachyura* of Hokkaido Island and the Eurasian Continent, compared with the Japanese marten *M. melampus*. **Mammal Study**, **35**: 145–155.
223. Zachos, F. E., Cirovic, D., Kirschning, J., Otto, M., Hartl, G. B., Petersen, B., 2009. Genetic variability, differentiation, and founder effect in golden jackals (*Canis aureus*) from Serbia as revealed by mitochondrial DNA and nuclear microsatellite loci. **Biochemical Genetics** **47**: 241–250.
224. Ishida, K., Sato, J. J., Kinoshita, G., Hosoda, T., Kryukov, A. P., Suzuki, H., 2012. Evolutionary history of the sable (*Martes zibellina brachyura*) on Hokkaido inferred from mitochondrial Cyt *b* and nuclear Mc1r and Tcf25 gene sequences. **Acta Theriologica**, **58** (1): 13-24.

225. Talbot, S. L., Shields, G. F., 1996a. Phylogeography of brown bears (*Ursus arctos*) of Alaska and paraphyly within the Ursidae. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 5: 477–494.
226. Talbot, S. L., Shields, G. F., 1996b. A Phylogeny of bears (Ursidae) inferred from complete sequences of three mitochondrial genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 5: 567–575.
227. Rifai, L. B., Al-Shafee, D. M., Al-Melhim, W., Amr, Z. S., 1999. Status of the marbled polecat, *Vormela peregusna* (Güldenstaedt, 1770), in Jordan. **Zoology in the Middle East**, 17: 1, 5-8.
228. Rozhnov, V. V., Abramov, A. V., 2006. Sexual dimorphism of marbled polecat *Vormela peregusna* (Carnivora: Mustelidae), **Biology Bulletin**, 33 (2): 144–148.
229. Pamukoğlu, N., 2000. Batı Türkiye’deki *Meles meles* (L. 1758) (Mammalia: Carnivora)’in ekoloji, biyoloji ve taksonomisi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 130 s.
230. Pamukoğlu, N., Çakır, A., 2001. Porsukta (*Meles meles*) OS penis (baculum). **Ankara Üniversitesi, Veteriner Fakültesi Dergisi**, 48: 139-140.
231. Şimşek, S., Dumanlı, N., Koroğlu, E., 2003. Prioplasmosis in a badger from Turkey. **The Veterinary Record**, 153 (12): 372.
232. Soyumert, A., 2004. *Vulpes vulpes* (tilki) ve *Meles meles* (porsuk) türlerinin Köprülü kanyon milli parkı’ndaki habitat tercihi üzerine çalışmalar. Hacettepe Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 88 s.
233. Özen, A. S., Uluçay, İ., 2010. Kütahya ili *Meles meles* Linnaeus, 1758 (Mammalia: Carnivora)’in bazı ekolojik, biyolojik ve taksonomik özellikleri. **Dumlupınar Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi**, 21: 9-20.
234. Abramov, A. V., 2002. Variation of the baculum structure of the Palaearctic badger (Carnivora, Mustelidae, *Meles*). **Russian Journal of Theriology**, 1: 57–60.
235. Abramov, A. V., 2003. The head colour pattern of the Eurasian badgers (Mustelidae, *Meles*). **Small Carnivore Conservation**, 29: 5–7.
236. Obara, Y., 1987. Karyological differentiation between two species of mustelids, *Mustela erminea nippon* and *Meles meles anakuma*. **Zoological Science**, 4: 87–92.

237. Graphodatsky, A. S., Sharshov, A. A., Ternovsky, D. V., Ternovskaya, Y. G., 1989. Comparative cytogenesis of Mustelidae (Carnivora). **Zoologicheskyy Zhurnal**, **68**: 96–106.
238. Wang, J., Guo, J., Fan, H., 1990. The chromosomes of sand badger, *Meles meles leptorhynchus* (Carnivora, Mustelidae). **Acta Theriologica Sinica**, **10**: 194–196.
239. Madurell-Malapeira, J., Alba, D. M., Marmi, J., Aurel, J., Moyà-Solà, 2011. The taxonomic status of European Plio-Pleistocene badgers. **Journal of Vertebrate Paleontology**, **31(4)**: 885–894.
240. Vila, C., Amorim, I. R., Leonard, J. A., Posada, D., Castroviejo, J., Petrucci-Fonseca, F., Crandall, K. A., Ellegren, H., Wayne, R. K., 1999. Mitochondrial DNA phylogeography and population history of the grey wolf *Canis lupus*, **Molecular Ecology**, **8**: 2089–2103.
241. Vawter, L., Brown, W. M., 1986.. Nuclear and mitochondrial-DNA comparisons reveal extreme rate variation in the molecular clock. **Science**, **234**: 194–196.
242. Ellerman, J. R., Morrison-Scott, T. C. S., 1966. Checklist of the Palearctic and Indian Mammals, 1758–1946, 2nd edn.: British Museum of Natural History, London, 241 pp.
243. Corbet, G. B., 1978. The mammals of the palaearctic region: a taxonomic review. Publications of the British Museum of Natural History, 788: 1–314.
244. Karandinos, M., 1992. The Red Data Book of Threatened Vertebrates of Greece. Greece: Hellenic Ornithological Society. 356 pp.
245. Baryshnikov, G. F., Puzachenko, A. Y., Abramov, A. V., 2003. New analysis of variability of cheek teeth in Eurasian badgers (Carnivora, Mustelidae, *Meles*). **Russian Journal of Theriology**, **1**: 133–149.
246. Hewitt, G. M., 1999. Post-glacial re-colonization of European biota. **Biological Journal of the Linnean Society**, **68**: 87–112.
247. Lunt, D. H., Ibrahim, K. M., Hewitt, G. M., 1998. MtDNA phylogeography and post-glacial patterns of subdivision in the meadow grasshopper, *Chorthippus parallelus*. **Heredity**, **80**: 630–641.
248. Davison, A., Griffiths, H. I., Brookes, R. C., Maran, T., MacDonald, D., Sidorovich, V. E., Kitchener, A. C., Irizar, I., Villate, I., Gonzalez-Esteban, J., Cena, J. C., Cena, A., Moya, I., Minanon, S. P., 2000. Mitochondrial DNA

- and palaeontological evidence for the origins of the endangered European mink, *Mustela lutreola*. **Animal Conservation**, **4**: 345–355.
249. Santucci, F., Emerson, B., C., Hewitt, G. M., 1998. Mitochondrial DNA phylogeography of European hedgehogs. **Molecular Ecology**, **7**: 1163–1172.
250. Taberlet, P., Bouvet, J., 1994. Mitochondrial DNA polymorphism, phylogeography, and conservation genetics of the brown bear *Ursus arctos* in Europe. **Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences**, **255**: 195–200.
251. Taberlet, P., Swenson, J. E., Sandegren, F., Bjarvall, A., 1995. Localization of a contact zone between highly divergent mitochondrial lineages of the brown bear *Ursus arctos* in Scandinavia. **Conservation Biology**, **9**: 1255–1261.
252. Bilgin, R., 2011. Back to the suture: The distribution of intraspecific genetic diversity in and around Anatolia. **International Journal of Molecular Sciences**, **12**: 4080–4103.
253. Wójcik, J. M., Kawalko, A., Marková, S., Searle, J. B., Kotlík, P., 2010. Phylogeographic signatures of northward post-glacial colonization from high-latitude refugia: a case study of bank voles using museum specimens. **Journal of Zoology**, **281**: 249–262.
254. Kosswing, C. 1955. Zoogeography of the Near East. **Systematic Zoology** **4**: 49–73.
255. Michaux, J. R., Libois, R., Davison, A., Chevret, P., Rosoux, R., 2004. Is the western population of the European mink, (*Mustela lutreola*), a distinct Management Unit for conservation? **Biological Conservation**, **115**: 357–367.
256. Walker, W. K., Vila, C., Landa, A., Linden, M., Ellegren, H., 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. **Molecular Ecology**, **10**: 53–63.
257. Møller, T.B., Pertoldi, C., Madsen, A.B., Asferg, T., Frydenberg, J., Hammershøj, M., Loeschcke, V., 2004. Genetic variability in the Danish polecats as assessed by microsatellites. **Wildlife Biology**, **10**: 51–59.
258. Pertoldi, C., Breyne, P., Cabria, M.T., Halfmaerten, D., Jansman, H. A. H., Van Den Berge, K., Madsen, A. B., Loeschcke, V., 2006. Genetic structure of the European polecat (*Mustela putorius*) and its implication for conservation strategies. **Journal of Zoology**, **270**: 102–115.

259. Cabria, M. T., Michaux, J. R., Gómez-Moliner, B. J., Skumatov, D., Maran, T., Fournier, P., de Luzuriaga, J. L., Zardoya, R., 2001. Bayesian analysis of hybridization and introgression between the endangered European mink (*Mustela lutreola*) and the polecat (*Mustela putorius*). **Molecular Ecology**, **20**: 1176–1190.
260. Honnen, A.-C., Petersen, B., Kassler, L., Elmeros, M., Roos, A., Sommer, R. S., Zachos, F. E., 2011. Genetic structure of Eurasian otter (*Lutra lutra*, Carnivora: Mustelidae) populations from the western Baltic Sea region and its implications for the recolonisation of northwestern Germany. **Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research**, **49**: 169-175.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı, Soyadı: Osman İBİŞ
 Uyuğu: Türkiye (T.C.)
 Doğum Tarihi ve Yeri: 15 Mart 1984, Şefaati /YOZGAT
 Medeni Durumu: Bekâr
 Tel: +90 474 242 6836 – 5197 (+90 535 369 9775)
 Faks: +90 474 242 68 53
 e-posta: ibis.osman@gmail.com
 İnternet adresi: <http://abs.kafkas.edu.tr/arama/goster/550>
 Yazışma Adresi: Kafkas Üniversitesi, Veteriner Fakültesi, Fizyoloji AD. 36100
 Paşacıyır / KARS

EĞİTİM

Derece	Kurum	Mezuniyet Tarihi
Yüksek Lisans	ERÜ, Fen Bilimler Enstitüsü, Biyoloji bölümü Kayseri	2009
Lisans	GÜ, G.E.F. Biyoloji Öğretmenliği Ankara	2007
Lise	Erdoğan Akdağ Anadolu Öğretmen Lisesi, Yozgat	2002

İŞ DENEYİMİ

Yıl	Kurum	Görev
2011- Halen	Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Kars	Uzman

YABANCI DİL

İngilizce

YAYINLAR

A. SCI indeksine kayıtlı dergilerde yayınlanan

1. Tez, C., Özcan, S., Gündüz, İ., Haskılıç, Ş., **İbis, O.**, Toprak, G., Esterase Variation in Turkish White-Toothed Shrews (*Crocidura*): Record of a Trimeric Esterase. Archives of Biological Science Belgrade, 61 (4), 719-722, 2009.
2. **İbis, O.**, Tez, C., Kılıç, M., Telcioğlu, M., Özcan, S., Preliminary Study of the Allozyme Variation in the Grey Hamster, *Cricetulus migratorius* (Mammalia: Rodentia), from the Asian Part of Turkey, Archives of Biological Science Belgrade, 63 (2), 381-391, 2011.

3. Tez C., **İbiş O.**, Tez R., Kılıç M., Telcioğlu M., Distributional, Morphological and Karyotypic Contributions for of the Water Vole, *Arvicola amphibius* (L., 1758) (Rodentia: Mammalia) from Turkey, Archives of Biological Science Belgrade, 63 (2), 407-412, 2011.
4. Tez C., Özkul Y., **İbiş O.**, “Karyological Comparisons of the European Hare (*Lepus europaeus* Pallas, 1778) from the Asian Part of Turkey, With Morphological Contributions”, Archives of Biological Science Belgrade, 64 (3), 935-942, 2012.

B. Ulusal ve Uluslararası Kongrelerde ve Bilimsel Toplantılarda Sunulan Bildiriler

1. **İbiş O.**, Tez C., Tez R., Özcan S., Kılıç M., Kırmancıoğlu C., Gündüz İ., Türkiye’de Karayolları ve Motorlu Taşıtların Karnivor Memeliler Üzerine Ekolojik Etkileri, Ekoloji Sempozyumu, Aksaray 5-7 Mayıs 2010 (Poster Bildiri olarak sunulmuştur).
2. **İbiş O.**, Tez C., Gündüz İ., Özcan S., Kılıç M., Karadeniz Bölgesi’ndeki *Canis aureus* L., 1758’un mtDNA Sitokrom-*b* Geninin Kısmi Dizi (375 bç) Analizi ve Yayılış Kaydı, 20. Ulusal Biyoloji Kongresi, Denizli, 2010 (Sözlü Bildiri olarak sunulmuştur).
3. **İbiş O.**, Tez C., Gündüz İ., Özcan S., Kılıç M., Türkiye’de Yayılış Gösteren *Crocidura* Cinsine Ait İki Türün (*Crocidura leucodon* (Hermann, 1780) ve *Crocidura suaveolens* (Pallas, 1811)) mtDNA Sitokrom-*b* Geninin Kısmi Dizi (333 bç) Analizi, 20. Ulusal Biyoloji Kongresi, Denizli, 2010 (Poster Bildiri olarak sunulmuştur).
4. Tez C., **İbiş O.**, Özcan S., Gündüz İ., Kılıç M., Telcioğlu M., *Neomys* Kaup, 1829 ve *Sorex* Linnaeus, 1758 (Soricidae: Soricomorpha: Mammalia)’ın Allozim Varyasyonları ve Yeni Yayılış Yerleri, 20. Ulusal Biyoloji Kongresi, Denizli, 2010 (Poster Bildiri olarak sunulmuştur).
5. Kılıç M., **İbiş O.**, Tez C., Özcan S., Telcioğlu M., *Martes foina* (Erxleben, 1777) ve *Vormela peregusna* (Güldenstaedt, 1770) (Mustelidae: Carnivora: Mammalia)’nın Allozim Varyasyonları, 20. Ulusal Biyoloji Kongresi, Denizli, 2010 (Poster Bildiri olarak sunulmuştur).
6. **İbiş O.**, Tez C., Gündüz İ., Özcan S., Türkiye Kızıl Tilkilerinin, *Vulpes vulpes* (L., 1758), (Mammalia: Carnivora) Mitokondrial Sitokrom – *b* Sekansı (375 bç) Yardımıyla Genetik Analizi, 1. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, 26–29 Ekim, 2010 (Poster Bildiri olarak sunulmuştur).
7. **İbiş O.**, Tez C., Kılıç M., Özcan S., Ketten A., “Holoarktik’te Yayılış Gösteren Boz Ayılar (*Ursus arctos*) Arasındaki Filogenetik İlişkiler” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum)
8. **İbiş O.**, Tez C., “Türkiye Alacasansarlarının (*Vormela peregusna*) Nükleer DNA GHR Genindeki Genetik Varyasyonun Belirlenmesi ve Yayılış Kayıtları” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum).

9. Kılıç M., Tez C., **İbiş O.**, Özcan S., “Batı Palaearktik Bölge’de Yayılış Gösteren *Crocidura leucodon*’un Filogenetik Analizi” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum).
10. Kılıç M., **İbiş O.**, Tez C., Özcan S., “Türkiye’de Yayılış Gösteren *Cricetulus migratorius*’un Mitokondriyal 12S rRNA Gen Bölgesinin Dizi Analizi” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum).
11. Tez, C., Özcan, S., **İbiş, O.**, Haskılıç, Ş., “Türkiye’de Yayılış Gösteren *Crocidura* Cinsinin İki Türünün (*C. suaveolens* ve *C. leucodon*) Diyagnostik Karakterleri Olarak Allozimler” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum).
12. Tez C., **İbiş O.**, Haskılıç, Ş., Kılıç M., Telcioğlu M., Gürkan Ö.F., “Türkiye’de Yayılış Gösteren *Crocidura suaveolens*’in Morfometrik Analizi” 21. Ulusal Biyoloji Kongresi, İzmir, 03-07 Eylül 2012 (Poster sunum).
13. Beytut E., Ekinci M., Erdem E, **İbiş O.**, Uslu H., Atila G., Eroğlu H.A., “The influence of treatment with bevacizumab on oxidant/antioxidant balance in alkali injury related corneal neovascularization” 4th International Congress on Cell Membranes and Oxidative Stress: Focus on Calcium Signaling and TRP Channels, Isparta, 26 - 29 June 2012, Cell Membranes and Free Radical Research, Volume 4, Number 1, 2012.
14. Beytut E., Ekinci M., Erdem E, **İbiş O.**, Atila G., Uslu H., Eroğlu H.A., Topçu B., “The influence of treatment with ranibizumab on oxidant/antioxidant balance in alkali injury related corneal neovascularization” 4th International Congress on Cell Membranes and Oxidative Stress: Focus on Calcium Signaling and TRP Channels, Isparta, 26 - 29 June 2012, Cell Membranes and Free Radical Research, Volume 4, Number 1, 2012.
15. Beytut E., Karakuş R., Atila G., Uslu H., Eroğlu H.A., **İbiş O.**, Koç., “Uyku Noksanlığının Yol Açtığı Öğrenme ve Hafıza Güçlüğü’nün Giderilmesinde Ginkgo Biloba ve Kirmizi Kore Ginsengi Ekstratlarının Koruyucu Etkinliğinin Araştırılması” 38. Ulusal Fizyoloji Kongresi, Trabzon, 25-29 Eylül 2012, (Poster Bildiri).
16. Uslu H., Atila G., Koç E., Beytut E., Ersan Y., **İbiş O.**, Eroğlu H.A., “Oral Olarak Verilen Ginseng ve Ginseng+Ganoderma Lucidum Ekstraktlarının Hamsterlerin Plazma ve Eritrositlerindeki Total Oksidan ve Antioksidan Seviyeleri Üzerine Etkileri” 38. Ulusal Fizyoloji Kongresi, Trabzon, 25-29 Eylül 2012 (Sözlü sunum).
17. Beytut, E., Akça, A., Gökçe, H. İ., Yılmaz, S., Erişir, M., Uslu, H., Topçu, B., Eroğlu, H. A., Atila, G., **İbiş, O.**, Deneysel F. Hepatica Enfeksiyonuna Farklı Direnç ve Bağışıklıkları Olan Fare ve Ratlarda Aminoguanidin’in Karaciğer ve Böbrek Dokularının A ve E Vitaminleri ile β -Karoten Düzeyleri Üzerine Etkileri. 6. Ulusal Veteriner Biyokimya ve Klinik Biyokimya Kongresi, Poster sunum, s: 166-167, 25-27 Haziran, Kars.

18. Atila, G., Uslu, H., Beytut, E., Koç, E., Ersan, Y., Eroğlu, H. A., **İbiş, O.**, Streptozotocin İle Diyabet Oluşturulan Ratlarda *Momordica charantia*'nın Antihiperlipidemik Etkileri. 6. Ulusal Veteriner Biyokimya ve Klinik Biyokimya Kongresi, Poster sunum, s: 140-141, 25-27 Haziran, Kars.

C. Yer aldığı Projeler

1. Türkiye Kızıl Tiliklerinin (*Vulpes vulpes* (L., 1758)) (Carnivora: Mammalia) Mitokondrial (mtDNA) Sitokrom *b* Sekansı Yardımıyla Genetik Analizi, Erciyes Üniversitesi Araştırma Fonu (2008-2009), E.R.Ü. FBT-08-582.
2. Karadeniz Bölgesi ve Yakın Çevresinin Farklı Habitatlarında Yayılış Gösteren *Crociodura* (Soricidae: Insectivora. Mammalia) Populasyonlarının Allozim Varyasyonlarının Araştırılması, TÜBİTAK Bilimsel Araştırma Geliştirme Fonu (TBAG), (2007-2010), 107T157.
3. Akdeniz Bölgesi ve Yakın Çevresinin Farklı Habitatlarında Yayılış Gösteren *Crociodura* (Soricidae: Insectivora: Mammalia) Populasyonları Arasında Allozim Varyasyonunun Araştırılması. Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi (BAP) (2007-2009), E.R.Ü. BAP .07.15.
4. Türkiye'de Yayılış Gösteren Mustelidae (Mammalia: Carnivora) Türlerinin Nüklear ve Mitokondriyal DNA Dizi Analizi ile Moleküler Filogenisi. Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi (2011 - Devam ediyor), ERÜ. FBD-11-3529.
5. Mitokondriyal ve Nüklear DNA Dizileri Kullanılarak Türkiye'de Yayılış Gösteren *Cricetulus migratorius* (Mammalia: Rodentia) Türünün Filogenetik Analizi. Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi (BAP) (2011-Devam ediyor), E.R.Ü. FBA-11-3582.

D. Görev Aldığı Ulusal ve Uluslar Arası Kongreler ve/veya Bilimsel Toplantılar

1. III. European ground squirrel meeting. 27 September- 01 October 2010, Ordu University, Ordu Turkey, Organizasyon Komitesi Üyesi.

E. Katıldığı Kurs ve Sertifika Programları

1. Deney Hayvanları Kullanım Sertifika Programı Kursu, Erciyes Üniversitesi Sürekli Eğitim Merkezi (ERSEM), 15-25 Haziran 2009.
2. Çevre Toksikolojisinde Hızlı Tarama Testleri kursu, Gazi Üni. ve Ankara Üni., 03-06 Şubat 2010.

F. Uzmanlık Alanı

Moleküler biyoloji ve genetik, Moleküler taksonomi, Gen polimorfizmi, Hayvan genetiği ve ilgili teknolojiler, DNA/Protein marker sistemleri, DNA dizi analizleme, PCR temelli teknikler, Filogenetik ve istatistiksel analiz yöntemleri, Populasyon genetiği.