

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

***Triturus vittatus* (ŞERİTLİ SEMENDER)'UN TÜRKİYE'DEKİ TAKSONOMİK
DURUMUNUN MORFOMETRİK, İSKELET KASI PROTEİNLERİ VE
MİTOKONDRIYAL 16SrRNA VE CYTB GENLERİ İLE İNCELENMESİ**

DOKTORA TEZİ

Ufuk BÜLBÜL

**EKİM 2007
TRABZON**

***Triturus vittatus* (ŞERİTLİ SEMENDER)'UN TÜRKİYE'DEKİ TAKSONOMİK
DURUMUNUN MORFOMETRİK, İSKELET KASI PROTEİNLERİ VE
MİTOKONDRIYAL 16SrRNA VE CYTB GENLERİ İLE İNCELENMESİ**

Ufuk BÜLBÜL

**Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde
“Doktor (Biyoloji)”
Unvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir**

**Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : 10. 08. 2007
Tezin Savunma Tarihi : 14. 09. 2007**

Tez Danışmanı : Doç. Dr. Bilal KUTRUP

Jüri Üyesi : Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ

Jüri Üyesi : Prof. Dr. İbrahim OKUMUŞ

Jüri Üyesi : Doç. Dr. Mustafa YAMAN

Jüri Üyesi : Prof. Dr. Kurtuluş OLGUN

Enstitü Müdürü : Prof. Dr. Emin Zeki BAŞKENT

Trabzon 2007

ÖNSÖZ

“*Triturus vittatus* (Şeritli Semender)’un Türkiyede’ki Taksonomik Durumunun Morfometrik, İskelet Kası Proteinleri ve Mitokondriyal 16S rRNA ve *cytB* Genleri ile İncelenmesi” adlı bu çalışma Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında “Doktora Tezi” olarak hazırlanmıştır.

Araştırma konusunun seçiminde ve çalışmaların planlanıp değerlendirilmesinde değerli eleştiri ve önerileri ile yol gösteren danışman hocam sayın Doç. Dr. Bilal KUTRUP’a, tez izleme komitesinde yer alan ve tezin tamamlanmasında değerli önerileriyle katkıda bulunan sayın Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ’e ve sayın Prof. Dr. İbrahim OKUMUŞ’a ve laboratuvar imkanlarının sunumunda her türlü kolaylığı gösteren bölümümüzün kıymetli Öğretim Üyeleri’ne teşekkür etmeyi bir borç bilirim. Ayrıca, laboratuvar çalışmalarında yardımlarıyla bana destek olan Arş. Gör. Aykut SAĞLAM’a, Arş.Gör. İkbâl Ağah İNCE’ye, Arş. Gör. Mutlu GÜLTEPE’ye ve Hakan KARAOĞLU’na; istatistik analizlerini değerlendirmede yardımcı olan Arş. Gör. Yusuf BEKTAŞ’a ve Uğur UZUNER’e ve bu teze maddi destek veren KTÜ Bilimsel Araştırma Fonu (2005.111.004.3)’na teşekkür ederim.

Özellikle, manevi destekleriyle bana her zaman güç veren kıymetli aileme ve eşime minnet ve şükranlarımı sunarım.

Ufuk BÜLBÜL
Trabzon 2007

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖNSÖZ	II
İÇİNDEKİLER	III
ÖZET	VI
SUMMARY	VII
ŞEKİLLER DİZİNİ	VIII
TABLolar DİZİNİ	X
SEMBOLLER DİZİNİ	XI
1. GENEL BİLGİLER	1
1.1. Giriş	1
1.2. Neden Mitokondriyal DNA (mtDNA) ?	2
1.3. Mitokondriyal DNA'nın Yapısı ve Evrimi	3
1.4. Moleküler Evrim	4
1.4.1. Dizin Değişiminin Miktar ve Hızı	5
1.4.2. Moleküler Evrimin Nötral Teorisi	5
1.5. Türleşme Mekanizmaları	6
1.5.1. Tür Kavramları	7
1.5.1.1. Biyolojik Tür Kavramı	7
1.5.1.2. Filogenetik Tür Kavramı	8
1.5.1.3. Morfolojik Tür Kavramı	8
1.5.1.4. Alttür Kavramı	9
1.6. İzolasyon Mekanizmaları	10
1.6.1. Fiziksel İzolasyon	11
1.6.2. Vikaryans Yoluyla Coğrafik İzolasyon	11
1.6.3. Kromozomlarda Değişiklikler	11

1.7.	Varyasyon ve Varyasyonun Nedenleri	12
1.7.1.	Genetik Varyasyon	12
1.7.1.1.	Kendileştirme Baskısı	12
1.7.1.2.	Protein Polimorfizmi	13
1.7.1.3.	Kromozomal Polimorfizm	13
1.7.1.4.	DNA Baz Dizisi Polimorfizmi	14
1.7.2.	Fenotipik Varyasyon	14
1.8.	DNA Dizin Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması	15
1.8.1.	Modeltest 3.8 ile En Uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması	16
1.8.1.1.	Modeltest 3.8'deki Baz Değişim Modelleri	17
1.8.2.	TCS (The Method of Templeton, Crandall and Sing) Analizi	17
1.9.	Filogenetik Analizler	18
1.9.1.	Maksimum Parsimoni	18
1.9.2.	Maksimum Olasılık, Neighbor Joining ve Genetik Uzaklık	19
1.9.3.	Ağaçların Değerlendirilmesi	20
1.9.3.1.	Seç-bağla Testi (Bootstrapping)	20
2.	YAPILAN ÇALIŞMALAR	22
2.1.	Materyal	22
2.1.1.	Türün Morfolojik Karakterleri ve Kromozom Sayısı	22
2.1.2.	<i>Triturus vittatus vittatus</i> (Jenyns, 1835)	23
2.1.3.	<i>Triturus vittatus cilicensis</i> (Wolterstorff, 1906)	24
2.1.4.	<i>Triturus vittatus ophryticus</i> (Berthold, 1846)	25
2.2.	Yöntem	28
2.2.1.	Örneklerin Toplandığı Alan	28
2.2.2.	Örneklerin Toplanması ve Morfometrik Ölçümler	28
2.2.3.	Mann-Whitney U Testi ve ANOVA Analizi	29
2.2.4.	Moleküler Analizler	30
2.2.4.1.	Semender Parmaklarından Genomik DNA'ların İzolasyonu	30
2.2.4.2.	Mitokondriyal 16S rRNA ve <i>cytB</i> Genlerinin PCR Yardımıyla Arttırılması ve DNA Dizin Analizi	30
2.3.	DNA Dizin Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması	30
2.3.1.	Modeltest 3.8 ile En Uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması	31
2.3.2.	TCS Analizi	31

2.3.3.	Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi	31
2.3.4.	Maksimum Olasılık Analizi	32
2.3.5.	Neighborjoining Analizi ve Genetik Uzaklık	32
2.3.6.	Tree View Programı	32
2.4.	SDS-PAGE	32
3.	BULGULAR	34
3.1.	Morfolojik Analizler	34
3.1.1.	One-Way ANOVA, Tukey Testi.....	34
3.1.2.	Mann-Whitney U Testi	40
3.2.	Moleküler Analizler	45
3.2.1.	DNA Dizin Analizi	45
3.2.2.	DNA Dizilerinin Clustal W Programıyla Karşılaştırılması ve BioEdit Programına Aktarılması	50
3.2.3.	TCS Analizi	51
3.2.4.	Modeltest 3.8 Programı ile En Uygun Baz Değişimin Modelinin Bulunması	52
3.2.5.	Maksimum Parsimoni (Maksimum Tutumluluk) Analizi	55
3.2.6.	Maksimum Olasılık (Maksimum Likelihood) Analizi	58
3.2.7.	Neighborjoining ve Genetik Uzaklık Analizleri	61
3.2.8.	Dört Ana Grupta Toplanan Haplotipler Arasındaki % Benzerlikler	67
3.3.	SDS-PAGE	70
4.	TARTIŞMA	71
5.	SONUÇLAR	74
6.	ÖNERİLER.....	76
7.	KAYNAKLAR	77
	ÖZGEÇMİŞ	82

ÖZET

Bu çalışmada, Şeritli Semender (*Triturus vittatus*)'in Türkiye'deki taksonomik durumu morfometrik, 16S rRNA ve *cytB* genleri ile iskelet kası proteinleri arasındaki farklılıklara göre incelenmiştir. Morfometrik incelemelerde 9 ilden 18 ayrı populyasyondan toplam 179 birey (86 ♂ ve 93 ♀) erkekler için 8, dişiler içinse 7 ayrı karakter bakımından karşılaştırılmıştır. *T. vittatus*'un bireylerinin 4 ana gruba (Hatay, Mersin ve Adana, Batı Karadeniz ve Doğu Karadeniz) ayrılarak yapılan One-Way ANOVA Tukey testine göre bu 4 grubun ölçülen tüm değerlere göre birbirinden önemli derecede ($p < 0,05$) farklı olduğu görülmüştür. Bu 4 grubu birbirleri arasında ikili olarak karşılaştırmak amacıyla gerçekleştirilen Mann-Whitney U testi sonucunda da hem dişiler hem de erkekler için önemli derecede ($p < 0,05$) farklılıklar bulunmuştur.

T. vittatus bireyleri moleküler bakımdan da 11 ilden 20 ayrı populyasyonda 16S rRNA ve *cytB* genleri incelenerek karşılaştırılmıştır. TCS analizine göre 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmı için baz dizilişi elde edilen 118 bireyde 15 haplotip ve *cytB* geninin 397 bazlık kısmı için baz dizilişi elde edilen 112 bireyde 25 haplotip bulunmuştur. TCS analizinde hem 16S rRNA hem de *cytB* geni için bulunan haplotiplerin morfolojik incelemelerde de ortaya çıkan 4 ana grupta toplandıkları görülmüştür. PAUP programı kullanılarak yapılan analizleri sonucunda ortaya çıkan filogramlarda da *T. vittatus*'un 4 ana kola ayrıldığı görülmüştür.

Semenderler için Türkiye'de ilk kez iskelet kası proteinleri kullanılarak gerçekleştirilen SDS-PAGE sonucunda ise Batı ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki bireyler arasında farklılık bulunmuştur. Batı Karadeniz Bölgesi'ne ait bireylerde toplam 25 adet protein bantı bulunurken Doğu Karadeniz Bölgesi'ne ait bireylerde ise toplam 26 adet protein bantı bulunmuştur.

Bu çalışma sonucunda, Türkiye'deki Şeritli Semender (*T. vittatus*)'in, *T. v. vittatus* (Hatay), *T. v. cilicensis* (Adana ve Mersin), *T. v. nestrovi* (Batı Karadeniz) ve *T. v. ophryticus* (Batı Karadeniz) adlı 4 alttüre ayrılabilceği önerilmiştir.

Anahtar Kelimeler: *T. vittatus*, Morfometrik, 16S rRNA, *CytB*, İskelet kası, Türkiye

SUMMARY

Study of Taxonomical Status of the Banded Newt (*Triturus vittatus*) by Morphology, Skeletal Muscle Proteins and 16S rRNA and CytB Data

In this study, taxonomical status of the banded newt (*Triturus vittatus*) was investigated through morphometrical features, 16S rRNA and *cytB* genes, and skeletal muscle differences. In the morphometrical investigations, 179 specimens (86 ♂ ve 93 ♀) from 18 different populations in 9 provinces were compared by 7 characters for females and 8 characters for males. According to One-Way ANOVA Tukey test performed by putting the *T. vittatus* specimens into 4 basic groups (Hatay, Mersin and Adana, Bati Karadeniz and Dogu Karadeniz) it was found that those 4 groups were different significantly ($p < 0,05$). Also it was shown from the results of the Mann Whitney U test conducted to compare these groups each other, that these 4 groups are significantly different ($p < 0,05$) for both sexes.

T. vittatus specimens were also compared in 20 different populations from 11 provinces by 16S rRNA and *cytB* genes. According to TCS analysis for the 541 bp part of the 16S rRNA gene 15 haplotypes were found in 118 specimens while for the 397 bp part of the *cytB* gene 25 haplotypes were found in 112 specimens. It was shown in TCS analysis that, neither for 16S rRNA nor for *cytB* genes haplotypes were joined into the 4 basic groups. It was found also in the phylograms obtained from the PAUP program analyses that *T. vittatus* specimens were joined into 4 basic branches.

Some differences were found between Western and Eastern Black Sea specimens with the result of the SDS-PAGE performed using the skeletal muscle proteins of the newts for the first time. Overall 25 protein bands were found in Western Black Sea specimens while there were 26 protein bands in Eastern Black Sea specimens.

In conclusion, we suggest that the banded newt (*T. vittatus*) in Turkey could be classified in 4 subspecies, namely *T. v. vittatus* in Hatay, *T. v. cilicensis* in Adana and Mersin, *T. v. nestrovi* in Western Black Sea and *T. v. ophryticus* in Eastern Black Sea.

Key Words: *T. vittatus*, Morphometric, 16S rRNA, CytB, Skeletal Muscle, Turkey

ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 1. Mitokondriyal DNA Haritası	3
Şekil 2. Hatay'dan yakalanan bir erkek <i>T. v. vittatus</i> bireyi (dorsalden görünüm).....	23
Şekil 3. Hatay'dan yakalanan bir erkek <i>T. v. vittatus</i> bireyi (ventralden görünüm).....	24
Şekil 4. Mersin'den yakalanan bir dişi ve bir erkek <i>T. vittatus cilicensis</i> bireyi (dorsalden görünüm)	25
Şekil 5. Mersin'den yakalanan bir dişi ve bir erkek <i>T. vittatus cilicensis</i> bireyi (ventralden görünüm)	25
Şekil 6. Batı Karadeniz (Zonguldak)'den yakalanan bir erkek <i>T. v. ophryticus</i> bireyi	26
Şekil 7. Doğu Karadeniz (Trabzon)'den yakalanan bir erkek <i>T. v. ophryticus</i> bireyi (dorsalden)	27
Şekil 8. Doğu Karadeniz (Trabzon)'den yakalanan bir erkek <i>T. v. ophryticus</i> bireyi (ventalden)	27
Şekil 9. Örneklerin yakalandıkları iller.....	28
Şekil 10. Tüm semender örneklerinde ölçülen morfometrik değerler.....	29
Şekil 11. Erkek bireylerde ilaveten ölçülen Krista Yüksekliği (KB) değeri.....	29
Şekil 12. TCS analizi sonucunda 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmı için bulunan haplotipler.....	51
Şekil 13. TCS analizi sonucunda <i>cytB</i> geninin 397 bazlık kısmı için bulunan haplotipler	52
Şekil 14. 16S rRNA geni için maksimum parsimoni analizi strict consensus filogramı....	56
Şekil 15. 16S rRNA geni için maksimum parsimoni analizi bootstrap filogramı.....	56
Şekil 16. <i>CytB</i> geni için maksimum parsimoni analizi strict consensus filogramı	57
Şekil 17. <i>CytB</i> geni için maksimum parsimoni analizi bootstrap filogramı	58
Şekil 18. 16S rRNA geni için maksimum olasılık analizi strict consensus filogramı	59
Şekil 19. 16S rRNA geni için maksimum olasılık analizi bootstrap filogramı.....	59

Şekil 20.	<i>CytB</i> geni için maksimum olasılık analizi strict consensus filogramı	60
Şekil 21.	<i>CytB</i> geni için maksimum olasılık analizi bootstrap filogramı	61
Şekil 22.	16S rRNA geni için neighborjoining analizi strict consensus filogramı.....	62
Şekil 23.	16S rRNA geni için neighborjoining analizi bootstrap filogramı.....	62
Şekil 24.	<i>CytB</i> geni için neighborjoining analizi strict consensus filogramı	63
Şekil 25.	<i>CytB</i> geni için neighborjoining analizi bootstrap filogramı	64
Şekil 26.	16S rRNA geni için; 4 ana gruptaki haplotipler ve dış grup sal (<i>Salamandra salamandra</i>)'ın baz dizilişleri arasındaki % benzerlikleri.....	68
Şekil 27.	<i>CytB</i> geni için; 4 ana gruptaki haplotipler ve dış grup neu (<i>Neurergus crocatus</i>)'nun baz dizilişleri arasındaki % benzerlikleri	69
Şekil 28.	SDS-PAGE sonucu	70

TABLolar DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Tablo 1. <i>T. vittatus</i> diři bireyelerine ait morfometrik ölçüm deęerleri.....	34
Tablo 2. <i>T. vittatus</i> erkek bireyelerine ait morfometrik ölçüm deęerleri.....	37
Tablo 3. Diři bireyelere ait ANOVA analizi sonuęları.....	39
Tablo 4. Erkek bireyelere ait ANOVA analizi sonuęları.....	39
Tablo 5. Diři bireyelere ait Mann-Whitney U testi sonuęları	41
Tablo 6. Erkek bireyelere ait Mann-Whitney U testi sonuęları	42
Tablo 7. Diři bireyeler için Mann-Whitney U testi sonucunda istatistiki olarak önemli derecede farklı bulunan karakterlere ait ortalama deęerler.....	43
Tablo 8. Erkek bireyeler için Mann-Whitney U testi sonucunda istatistiki olarak önemli derecede farklı bulunan karakterlere ait ortalama deęerler	44
Tablo 9. <i>Triturus vittatus</i> bireyelerinin 16S rRNA geni için incelenen toplam 118 bireyin ait oldukları lokasyonlar	45
Tablo 10. <i>Triturus vittatus</i> bireyelerinin <i>cytB</i> geni için incelenen toplam 112 bireyin ait oldukları lokasyonlar	46
Tablo 11. 16S rRNA geni için analiz edilen gen sırası.....	47
Tablo 12. <i>CytB</i> geni için analiz edilen gen sırası	49
Tablo 13. 16S rRNA geni için Modeltest 3.8 programının analiz sonuęları.....	53
Tablo 14. <i>CytB</i> geni için Modeltest 3.8 programının analiz sonuęları	54
Tablo 15. 16S rRNA geni için haplotipler arasındaki genetik varyasyon	65
Tablo 16. <i>CytB</i> geni için haplotipler arasındaki genetik varyasyon	66

SEMBOLLER DİZİNİ

AAM	: Ayaklar Arası Mesafe
AAU	: Arka Ayak Uzunluğu
AIC	: Akaike Bilgi Kriteri
ANOVA	: Varyans Analizi Tablosu
ATP	: Adenozin Trifosfat
BG	: Baş Genişliği
BB	: Baş Boyu
CBB	: Coomassie Brilliant Blue
CytB	: Sitokrom b
ddH ₂ O	: Didistile Su
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
HIV	: Human Immunodeficiency Virus (AIDS Virüsü)
hLRT	: Hiyerarşik Olasılık Oranı Testleri
KB	: Krista Yüksekliği
LRT	: Logaritmik Hiyerarşik Olasılık Oranı Testleri
mtDNA	: Mitokondriyal Deoksiribonükleik Asit
MYÖ	: Milyon Yıl Önce
NADH	: Nikotinamid Adenin Dinükleotid
ÖAU	: Ön Ayak Uzunluğu
PAGE	: Poliakrilamid Jel Elektroforezi
PAUP	: Parsimoniyi Kullanan Filogenetik Analiz
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RNA	: Ribo Nükleik Asit
rRNA	: Ribozomal Ribo Nükleik Asit
SDS	: Sodyum Dodesil Sülfat
TB	: Toplam Boy
TBR	: Tree Bisection Reconnection
TCS	: Templeton, Crandall ve Sing Metodu
TEMED	: TetraMetil Etilen Diamin
tRNA	: Taşıyıcı Ribo Nükleik Asit

VB : Vücut Boyu
µl : Mikrolitre

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Giriş

Türkiye’de bulunan Amfibiler (İki Yaşamlılar) Anura (Kuyruksuz kurbağalar = Salientia, Ecaudata) ve Urodela (Kuyruklu kurbağalar = Caudata, Gradientia) olmak üzere iki takıma aittirler. Ülkemizde Urodela takımına ait 12 semender türü bulunmaktadır. Bunların hepsi Salamandridae familyası mensubudurlar. Bu 12 türün ülkemizdeki subspecies durumu yani alttür durumu ile ilgili çok sayıda taksonomik çalışma yapılmış olup, bu çalışmalar çeşitli yeni yöntemler kullanılarak sürdürülmektedir (Olgun ve Baran 1993; Baran vd., 1994; Olgun vd., 1997; Litvinchuk vd., 2005; Kutrup vd., 2006). Yakın zamana kadar yurdumuzdaki türler ve alttürler hakkında yapılan sistematik çalışmaların büyük çoğunluğunda morfolojik (Baran ve Atatür, 1998; Baran vd., 2001; Baran vd., 2004) veya kan serum proteinlerini konu alan serolojik (Özeti ve Arıkan, 1989) yöntemler kullanılarak araştırma yapılmıştır. Moleküler biyolojideki ilerlemelerle birlikte, hayvan taksonomisinde belirli genlere ait baz dizilişlerinin tespit edilerek sistematik çalışma yapmak daha güvenilir sonuçları elde etmek için kaçınılmaz olmuştur. Ülkemizdeki semender türlerinden biri olan *Triturus vittatus* (Jenyns, 1835) (Şeritli Semender)’un alttür durumu da günümüzde hala mevcudiyetini sürdüren bir araştırma konusudur. Bu türün yurdumuzda morfolojik tasnife göre belirlenmiş 3 alttürü bulunmaktadır. Bunlar; *T. v. vittatus* (Jenyns, 1835), *T. v. cilicensis* (Wolterstorff, 1906) ve *T. v. ophryticus* (Berthold, 1846) adlı alttürlerdir. *T. v. vittatus* alttürü Antakya (Yolbaşı köyü, Altınözü, Harbiye, Samandağ ve Teknepınar), ve Gaziantep (Kömürler, Sakçagözü, Islahiye)’te, *T. v. cilicensis* alttürü Mersin, Adana, Osmaniye, Kilis ve Adıyaman (Gölbaşı)’da (Franzen ve Schmidtler, 2000; Franzen, 2001) ve *T. v. ophryticus* alttürü ise Kafkaslardan Anadolu’nun Karadeniz sahili boyunca Bursa ve İstanbul civarına kadar olan yerlerde yayılış göstermektedir (Özeti ve Yılmaz, 1994). Buna karşın, Steinitz (1965) Güney Anadolu’da sadece *T. v. vittatus* alttürünün bulunduğunu ve Türkiye’de *T. vittatus*’a ait 2 alttür olduğunu rapor etmiştir. Buna ek olarak Litvinchuk vd. (2005) omur sayıları, genom büyüklüğü ve allozim verilerine dayanarak Türkiye’de 2 türün (*T. vittatus* ve *T. ophryticus*) olduğunu ve *T. ophryticus*’un Batı Karadeniz’deki bireylerinin *T. o. nestrovi* alttürüne, Doğu Karadeniz’deki bireylerinin ise *T. o. ophryticus* alttürüne ait olduğunu rapor

etmişlerdir. Bunu destekler şekilde Arntzen ve Olgun (2000); Litvinchuk vd. (2001, 2004) de Batı Karadeniz'deki bireylerin omur sayıları ve genom büyüklükleri bakımından Doğu Karadeniz'dekilerden farklı olduklarını belirtmişlerdir .

Bugüne kadar Türkiye'deki taksonomik durumu henüz tam olarak aydınlatılmamış olan *Triturus vittatus* (Şeritli Semender)'un konu edildiği bu çalışmanın amaçları; i) Şeritli Semender'in Türkiye'deki taksonomik durumunun ilk defa 16S rRNA ve *cytB* genlerinin baz dizilişlerine göre moleküler yönden araştırılması ii) yine ilk defa iskelet kasındaki protein bantları arasındaki farklılıklarının SDS-PAGE yöntemiyle incelenmesi; iii) son zamanlardaki çalışmalarda rapor edilen *T. vittatus*'un Batı ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki popülasyonlara ait bireylerin birbirinden farklı olup olmadığının araştırılmasıdır.

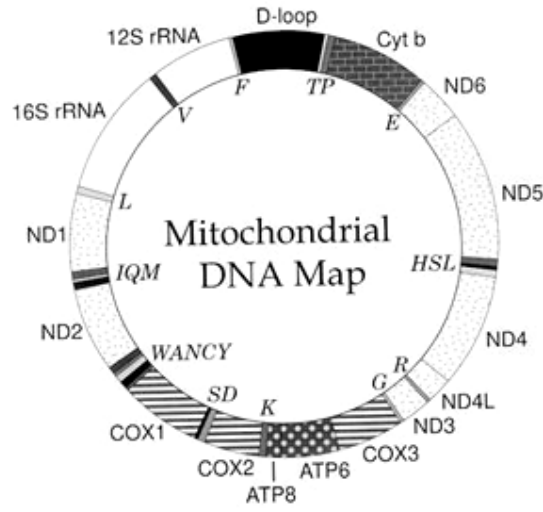
1.2. Neden Mitokondriyal DNA (mtDNA) ?

Bir filogenetik çalışmada seçilen genler ilgili taksonomik seviyede filogenetik geçmişi yansıtan korunmuş geçmişi içermelidir. Mitokondriyal ribozomal genler, çok geniş alandaki canlı gruplarında birçok filogenetik soruyu cevaplamaktadır (Hertwig vd., 2004).

Omurgalı hayvanların mitokondriyal DNA'sı halkasal yapıda ve çoğunda olduğu gibi 16-18000 baz çifti uzunluğundadır. 13 protein kodlayan bölge, iki rRNA geni, bir replikasyon kontrol bölgesi ve 22 tRNA geni vardır. Bunların sırası genelde omurgalılarda korunmuştur. Mitokondriyal DNA'da intronlar yoktur ve tRNA'ların ikizi mRNA kalıplarını üretir ve mtDNA kendi kendine olur. Sitokrom oksidaz, ATP sentetaz ve NADH sistemleri sayesinde hücre solunum sistemlerine katkıda bulunur. mtDNA'nın en önemli özelliği de anne tarafından nesilden nesile aktarılıyor olmasıdır. Böylece rekombinasyonun olmaması kalıtımın daha kolay izlenilmesini sağlar ve popülasyonların geçmişleri hakkında güçlü bir bilgi sağlar.

Nüklear ribozomal geni ve mtDNA'nın tamamı çok eskiye dayalı filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılmasında kullanılır. Hayvanlar üzerinde yapılan çalışmaların çoğunda ise popülasyon ve daha düşük seviyedeki ilişkilerin ortaya koyulmasında bazı mtDNA genleri kullanılır. Bunlar 12S, 16S ve sitokrom b (*cytB*) genleridir (Farias vd., 2001). Mitokondriyal DNA'da yer alan genler Şekil 1'deki mitokondriyal DNA haritasında (Özdemir, 2005) gösterilmiştir.

Mitokondriyal DNA'nın 16S rRNA, 12S rRNA ve *cytB* genlerinin bazı sıralarının karşılaştırılmasına dayanan çok sayıda taksonomik ve filogenetik çalışma bulunmaktadır (Caccone vd., 1997; Özdemir, 2005; Sotiropoulos vd., 2007;. Bu yüzden bu genlerin çoğaltılmasında kullanılan primerler, oldukça geniş bir kullanım alanına sahiptir. Canlı gruplarındaki farklılıkları belirlemek için en doğrusu, DNA'daki değişiklikleri de gösterdiği için mtDNA'nın baz sırasının analiz edilmesidir (Kocher vd., 1989; Özdemir, 2005).



Şekil 1. Mitokondriyal DNA haritası

1.3. Mitokondriyal DNA'nın Yapısı ve Evrimi

Mitokondrilerde şekerlerde depolanan enerji adenzin trifosfat (ATP)'ın sentezi için güç kaynağı olarak kullanılmaktadır. Hüresel solunumda kullanılan proteinlerin çoğunluğu mitokondriyal DNA (mtDNA) tarafından kodlanmaktadır. Kloroplast DNA'sı gibi, mtDNA'da genellikle kromozomal proteinlerinden yoksun halkasal bir çift sarmalıdır.

Her bir hücre başına mitokondri sayısı, bazı tek hücreli mantarlarda olduğu gibi dörtten omurgalıların kas hücrelerinde olduğu gibi bine kadar çok değişkenlik göstermektedir (Özdemir, 2005).

Hayvanların mitokondriyal DNA'ları nispeten küçük türler arasında nispeten az varyasyon olan, çoğu yaklaşık 16 kb ve tümü halkasaldır. İntronları yoktur, rekombinasyon yok veya çok nadirdir, anadan kalıtlıdır (Freeman ve Herron, 2002).

1.4. Moleküler Evrim

Protein ve DNA dizilerini çalışmak için tekniklerin keşfi evrim çalışmaları için yeni bir alan açmıştır. 1960'larda ilk büyük ölçekli aminoasit dizisi çıkarma çalışmaları ile başlayan ve günümüzde toplam genom dizilerini çıkarma üzerine veri patlaması şeklinde devam eden çalışmalar sonucunda, araştırmacılar zaman içinde proteinler ve nükleik asitlerin nasıl değiştikleri hakkında pek çok soruya cevap bulmuşlardır (Toto ve Annoni, 1964; Bailly, 1984; Tiffocche vd., 1993).

Moleküler evrimsel çalışmaların en temel hedeflerinden biri dört evrimsel gücün (mutasyon, göç, sürüklenme ve seçim) dizilerde günümüzde gözlenen çeşitliliği nasıl ürettiğini anlamaya çalışmaktır. Nötral teori bu girişimde önemlidir, çünkü uyum gücü bakımından nötr olan ve bu yüzden yalnızca sürüklenme nedeniyle frekansları değişen aleller için sabitlenmenin hızını belirtir. Sonuç olarak; moleküler evrimin gözlenen hız ve modellerinden pozitif seçilimin mi yoksa sürüklenmenin mi sorumlu olduğunu sınamak için bir sıfır model sağlar. Populasyon büyüklüğünün bir fonksiyonu olarak sürüklenme ve seçilimin nasıl etkileştiklerini belirlediğinden, yaklaşık nötral model teorisinin önemli bir uzantısıdır.

Sürüklenme yoluyla evrim oranı, yalancı genler çalışılarak saptanabilir. Nötral teori tarafından ön görüldüğü gibi yalancı genler, kodlayıcı ve kodlayıcı olmayan diziler arasında gözlenmiş değişimin en yüksek oranına sahiptir. Kodlayıcı dizilerin büyük bir çoğunluğunda, baz değişimleri, değiştirici baz değişimlerinden çok daha hızlı birikirler. Lokuslar arasında, moleküler evrim hızı, bir genin hücre için öneminin bir fonksiyonu olarak değişkenlik gösterir. Bu gözlemler, moleküler evrimin zararlı mutasyonlara karşı sürüklenme ve seçim yolu ile kontrol altında tutulduğunu önermektedir. Bununla birlikte, araştırmacılar önemli örnekler de değiştirici baz değişimlerinin yüksek oranının, yararlı mutasyonlar üzerinde seçilimin bir ürünü olarak oluştuğunu gösterebilmişlerdir. Baz değişimlerinin, proteinlerin amino asit dizilerini değiştirmeseler bile, doğal seçilime cevap olarak frekansları azalır veya artabilir. tRNA'ların bulunuş durumlarındaki varyasyon, translasyon etkinliği için seçilime neden olabilir ve kodon değişimine yol açabilir.

Avantajlı mutasyonlar üzerindeki seçim, bağlantılı suskun baz değişimlerini sabitlenmeye götürebilir; zararlı mutasyonlar üzerine seçim ise bağlantılı suskun baz değişimlerinin ayıklanmasına yol açabilir.

Hareketli elementler ökaryotik ve prokaryotik genomların belirgin bileşenleridir. Bu lokuslar aracı RNA veya DNA'larla hareket ederler, fakat konak organizmanın uyum gücünü artıran ürünler için kodlama yapmazlar. Çünkü bunlar genomda yeni bir yere hareket ettiklerinden zararlı mutasyonlara neden olduklarından parazit olarak tanımlanırlar. Kloroplast ve mitokondriler endosimbiyotik bakteriler olarak ortaya çıkmışlardır ve evrim tarihinin en büyük yatay gen transfer olaylarını temsil ederler. Kloroplastik ve mitokondriyal DNA'da gen sırası, gen organizasyonu ve dizi değişim oranı değişmekle birlikte bu organellerin bilgi içerikleri oldukça iyi korunmuştur (Freeman ve Herron, 2002).

1.4.1. Dizin Değişiminin Miktar ve Hızı

Moleküler evrim sahası, 1960'ların ortasında biyokimyacıların hemoglobin, sitokrom c ve özellikle insan ve omurgalılarda bol miktarda bulunan ve iyi çalışılmış diğer proteinlerin amino asit dizin tayininde başarılı olmaları ile başlatıldı. Türler arasında moleküler değişimin hız ve miktarını karşılaştırmada evrimci biyologlara ilk fırsatı bu veri setleri sağladı (Freeman ve Herron, 2002).

1.4.2. Moleküler Evrimin Nötral Teorisi

Kimura (1968, 1983), amino asit dizi farklılaşmasının gözlenen modellerini açıklamak amacıyla, moleküler evrimin nötral teorisini formüle etmiştir. Bu teori, populasyonlarda sabitlenen baz değişimlerinin çoğunun uyum gücü açısından nötr olduğu ve DNA dizileri düzeyindeki evrimde, genetik sürüklenmenin baskın olduğunu iddia eder. Kimura (1968, 1983), türler arasında moleküler düzeyde gözlenen farklılıkların, yararlı mutasyonlar üzerine doğal seçilimin işlemesi şeklindeki bir açıklamanın büyük ölçüde geçersiz olduğuna inanmaktadır.

Kimura (1968, 1983) nötr mutasyonların evrimini aşağıdaki şekilde modellendirir:

- Eğer diploid bir populasyonda N birey varsa söz konusu populasyona her

bir genin 2N kopyası mevcuttur.

- Şimdiki popülasyonda yer alan 2N kopyaların tümü geçmişte her hangi bir dönemde var olmuş olan tek bir alelden türemiştir. Buna karşın günümüzde varlığını sürdüren 2N kopyalarından yalnızca bir tanesi, gelecekte bir zaman, popülasyonda bulunan bütün kopyaların atası olacaktır.

- Eğer genlerin tüm 2N kopyaları seçim bakımından eşdeğerse veya taşıyıcının uyum gücü üzerindeki etkileri açısından nötr iseler, her birinin popülasyonda sabitlenecek alel olma bakımından şansları eşittir. Bu şans $1/2N$ 'ye eşittir.

- Her nesilde mutasyon popülasyona yeni nötr aleller katacaktır. Eğer v her bir başarılı gamet başına her bir gen mutasyon oranı ise $2Nv$ her bir neslin popülasyona katacağı yeni mutantları olacaktır.

- Yukarıdaki saptamalara dayalı olarak yeni nötr mutantların popülasyonda sabitlenme oranları ($2Nv$) ($1/2N$) veya basitçe v 'ye eşittir (Özdemir, 2005).

1.5. Türleşme Mekanizmaları

Bugün yaşayan tüm organizmaların ataları yaşamın açığa çıktığı yaklaşık 3,8 milyar yıl öncesine dayanmaktadır. O günden bugüne popülasyonların bölünmesi ve yeni türler oluşturmak üzere farklılaşması şeklinde, milyarlarca değilse de milyonlarca dallanma olayı meydana gelmiştir. Mutasyon, doğal seçim, göç ve genetik sürüklenme, popülasyon içi alel frekanslarını değiştiren süreçlerdir ve bu popülasyonlar arasında genetik farklılaşmaya sebep olurlar.

Türleşmeyi incelemek, yaşam tarihi çalışmalarında bir temel sağlamanın yanında, bazı önemli pratik uygulamalara da sahiptir. İnceleyeceğimiz materyalin çoğu, farklılaşmış organizma grupları arasındaki gen akışının boyutları ve nedenleri (ya da gen akışının olmaması) üzerine odaklanmaktadır. Bu konuları anlamak biyolojik çeşitliliğin korunması ve gen mühendisliği ile üretilip çevreye bırakılan organizmaları yönetmek açısından önemlidir (Freeman ve Herron, 2002).

1.5.1. Tür Kavramları

Pek çok tür kavramı ortaya atılmış ise de, hepsi bir türün ayırt edici karakteristiğinin evrimsel bağımsızlık olduğu konusunda uzlaşırlar. Farklı tür kavramları evrimsel bağımsızlığı belirlemek için uyguladıkları kriterler açısından farklıdırlar.

Türleşme üç aşamalı bir süreç olarak analiz edilebilir: (1) Dağılıp, vikaryans, ya da poliploidi gibi küçük çaplı kromozomal deęişimler nedeniyle populasyonların izole olması. (2) Genetik sürüklenme veya seçilim sayesinde farklılaşma ve (3) İkincil temas ile farklılaşmanın eliminasyonu (çıkarılması) ya da tamamlanması. Bununla birlikte, bu sıraya uymayan çok sayıda istisna vardır. Bazı durumlarda farklılaşmayı sağlayan seçilim baskısı o kadar güçlüdür ki populasyonlar fiziksel izolasyon olmadan da farklılaşabilir. Ayrıca, ikincil temas olduktan sonra çok çeşitli sonuçların ortaya çıkması olasıdır. Bunlar kararlı hibrit zonların oluşması ve her iki atasal populasyondan genler içeren yeni bir türün oluşmasını kapsar (Özdemir, 2005).

1.5.1.1. Biyolojik Tür Kavramı

Biyolojik tür kavramına göre, evrimsel bağımsızlığı tanımlayan kriter, üreme izolasyonudur. Yani eğer populasyon veya organizmalar hibritleşemez veya hibritleşme bile verimli döller veremezlerse o zaman populasyon üreme izolasyonuna sahiptir ve geçerli bir tür olarak kabul edilir. Biyolojik tür kavramı, Ernst Mayr tarafından 1942 yılında ortaya atılmasından bu yana ders kitaplarında verilen tür tanımı olmuştur. Bu kavram pek çok zoolog tarafından pratikte kullanılmaktadır ve Birleşik Devletlerin simgesi haline gelmiş, soyu tehlike altındaki türlerin korunması için atılacak adımları düzenleyen (Endangered Species Acts) temel biyolojik çeşitlilik yasasında uygulanan yasal bir tanımlamadır.

Üreme izolasyonu, gen akışı olmadığının kesin bir kanıtı olduğundan, tür kavramında kullanılabilir gerçekten uygun bir kriterdir. Üreme izolasyonu evrimsel bağımsızlığın turnusol testidir. Biyolojik tür kavramının şartları kavramsal olarak zorlayıcı ve bazı durumlarda faydalı sonuçlar verse de çoğunlukla uygulanması zordur. Örneğin eğer komşu populasyonların yayılışı çakışmıyorsa, bu populasyonlar arasında üreme izolasyonu olup olmadığını hiçbir zaman bilemeyiz. Bu yüzden biyologlar şöyle bir somut yaklaşım içerisine girmek zorundadırlar: “bu populasyon zaten yeter derecede farklılaşmış

olduğundan gelecekte bir araya gelseler bile aralarında çiftleşme olmayacaktır ve bu yüzden biz farklı türler olarak adlandırırız.” Bu durumda, tür teşhislerini verilerle test etmek mümkün değildir. Bunun dışında, biyolojik tür kavramı fosil formlara uygulanamaz. Eşeysiz üreyen populasyonlara uygulanması zaten söz konusu değildir (Freeman ve Herron, 2002).

1.5.1.2. Filogenetik Tür Kavramı

Filogenetik tür kavramına göre, yakın akraba populasyonlar arasındaki filogeninin ortaya çıkartılması ve en küçük monofiletik grupların bulunmasıyla türler belirlenir. Böylesi bir filogenetik ağaçta, tür ağacın uç kısımlarını oluşturur.

Filogenetik tür kavramının arkasındaki mantığa göre, eğer populasyonlar izolasyon sonucu birbirinden ayrılmışlarsa, sadece özellikler bir filogeni üzerinde populasyonları ayırt edebilir. Bu populasyonların, karakterler yardımıyla, filogenetik olarak ayırt edilmesi mümkündür. Başka bir deyişle, filogenetik tür kavramına göre ayrı bir tür tanımlamak için tanımlayıcı özelliklerin ortaya çıkışına yetecek kadar uzun süre populasyonların evrimsel olarak bağımsız olmuş olmaları gerekmektedir. Bu yaklaşımın cazip tarafı, test edilebilir olmasıdır. Tür filogeninin tahmininde kullanılan özelliklerdeki önemli istatistiksel farklılıklar doğrultusunda isimlendirilir.

Tahminler değişse de genel görüş, filogenetik tür kavramı uygulandığı takdirde bugünkü tür sayısının ikiye katlanacağı şeklindedir. Filogenetik tür kavramının önde gelen savunucuları bu durumdan rahatsız değildirler. Bu kavramın savunucuları buna “eğer tür sayısında böyle bir artış olursa bu sadece biyolojik çeşitliliği yansıtır” şeklinde cevap vermektedir (Özdemir, 2005).

1.5.1.3. Morfolojik Tür Kavramı

Paleontologlar, türlü fosiller arasındaki morfolojik farklılıkları esas alarak tanımlarlar. Morfolojik tür kavramının en büyük avantajı, yaygın olarak uygulanabilir olmasıdır. Ancak, dikkatli bir şekilde uygulanmadığında tür tanımlamaları keyfi ve kişiye özgü olabilmektedir. En kötü durum ise, farklı araştırmacılar tarafından yapılan tanımlamaların karşılaştırılabilir olmamasıdır. Genomik DNA'ya dayalı sınıflandırma

metotları, genellikle tür içi farklılıkların belirlenmesinde kullanılmaktadır. Bu metotlar sayesinde, fenotipik verileri destekleyici sonuçlar elde edilmektedir. Genomik DNA parmak izlerinin belirlenmesinde iki ana teknik kullanılmaktadır.

Türleri tanımlarken paleontologlar başka sıkıntılarla da uğraşmak zorundadırlar. Yumuşak doku anatomileri veya renkleri farklı olan fosil türler ayırt edilemezler. Aynı şekilde, morfolojik olarak benzer fakat ötüş, ısıya ve kuraklığa tolerans, habitat kullanımı veya kur davranışları gibi özellikleri yönünden oldukça farklılaşmış olabilirler. Bunlara kriptik türler adı verilir (Freeman ve Herron, 2002).

1.5.1.4. Alttür Kavramı

Türün altında yer alan, bugün için kabul edilen en küçük sistematik kategoridir. Mary'e göre alttür; türün diğer benzeri alt bölümlerinden taksonomik olarak farklı ve coğrafik olarak sınırlandırılmış olan mahalli popülasyonlara ait bir topluluktur. Bu tarife göre:

1. Alttürün coğrafik olarak tarif edilmesi gerekir ve alttürün yayılış sahası türün coğrafi yayılış sahası içinde bulunur.

2. Alttürler genellikle bir tek popülasyondan teşkil edilmeyip, popülasyon topluluklarından yapılmıştır. Çok nadir durumlarda bir alttür, hatta bir tür tek bir popülasyondan ibaret olabilir.

3. Diğer benzeri gruplardan taksonomik olarak ayrılabilirdir. Bu sebepten, herhangi bir hayvan grubuna, bilinen bir türün yeni bir alttürüdür diyebilmek için, o türün bilinen popülasyonlarından hangi taksonomik karakterler bakımından farklı olduğu kesin ve net olarak belirtilmelidir. Diagnostik taksonomik karakterler kalitatif (nitelik olarak) ve kantitatif (sayısal olarak ölçülebilen) olarak belirtilebilecek özellikler olmalıdır. Renk ve desen özellikleri kalitatif, bütün ölçülebilen karakterler ise kantitatifdir.

Alttürler taksonomik bir kaide olarak üç isimle isimlendirilirler ve bu duruma trinomial isimlendirme denilir. Mesela; *Triturus vulgaris kosswigi*, *Lyciasalamandra luschani finikensis*, *Anguis fragilis colchicus* gibi.

Herhangi bir tür monotip olduğu takdirde, onun alttürü yok demektir. Alttürler politipik türler için söz konusudur ve politipik bir türün belirli bir sahada birden fazla alttürü bulunamaz. Çünkü aynı sahada yaşayan fertler aynı gen havuzuna sahip olduklarından üreme izolasyonu söz konusu değildir. Monotipik olarak bilinen bir türün

yeni bir alttürü bulunarak politipik hale geçmesi söz konusu olduğunda monotipik tür ismi nominat alttürün ismi olur.

Alttürler normal olarak kendine ait özel bir coğrafi alanı işgal ettiğine göre bir çok sistematikçinin kabul ettiği şekilde bu durum aynı zamanda bir coğrafi ırk demektir. Dünyadaki ekolojik şartlar bakımından birbirinin tamamen aynısı olan iki coğrafi saha bulunamayacağından her alttür teorik olarak farklı ekolojik şartlarda yaşıyor ve oraya uyum göstermiş demektir. Bu durumu göz önünde tutan bazı sistematikçiler ekolojik ırk tabirini kullanırlar. Coğrafi ırkta esas olan mesafe olduğu halde, ekolojik ırkta esas olan farklı çevre şartlarına sahip olmadır. Sıcak kanlı ve çevre değiştirme kabiliyetleri yüksek olan hayvanlar ekolojik şartlar bakımından çok fazla sınırlandırılmayacağından bunlar coğrafi ırk kabul edilir. Ancak fazla yer değiştiremeyen, çevre şartlarına çok bağımlı soğuk kanlı hayvanlar için ekolojik ırk veya ekotip tabiri daha uygun görülmektedir. Mesela; coğrafi olarak birbirine çok yakın bir bölgedeki bataklıkta, çayırdaki ve ormanlık sahada yaşayan bir *gastropod* türü *Arianta arbustorum*'un her üç biotopta farklı bir alttürü yaşar.

Ekotipler özellikle habitata ait şartlar tarafından meydana getirilir ve fenotipteki değişikliklerin genetik bir temeli yoksa bunlara ekofenotip denir. Özellikle tatlısularında yaşayan salyangoz ve midyelerde sıklıkla rastlanan bu durumun tespit edilmesiyle çok sayıdaki alttürün yanlış olduğu anlaşılmış ve sadece biyotop özelliklerine bağlı olup genotip karşılığı olmadan meydana gelen fenotipik farklılıkların aynı tür veya alttür yapılmasının önüne geçilmiştir.

Mayr ve bazı sistematikçiler ekolojik ırk yerine mikrocoğrafik ırk terimini de kullanırlar, çünkü coğrafik olarak çok fazla bir mesafe olamamakla birlikte ekolojik şartların farklı olduğu çok kısa mesafeler söz konusudur. Dolayısıyla her coğrafi ırk aynı zamanda bir ekolojik ırk ve her ekolojik ırk da mesafeye bağlı olarak coğrafi veya mikrocoğrafiktir.

Neticede ister coğrafi ırk, ister ekolojik ırk, isterse de biyolojik ırk olsun hepsi de alttür kategorisi içinde kabul edilirler. Genellikle biyolojik ve ekolojik ırklar nadir olmalarına karşılık coğrafi ırklar çok yaygındır (Yılmaz, 1997; Özdemir, 2005).

1.6. İzolasyon Mekanizmaları

Türleşme üç-evreli bir süreç olarak analiz edilebilir: ilk basamak popülasyonun izole olma süreci, ikinci basamak çiftleşme taktikleri ve habitat kullanımı gibi özelliklerin

değişime uğraması ile sonuçlanan süreç ve son basamak ise üreme izolasyonu oluşturan süreçtir.

1.6.1. Fiziksel İzolasyon

Fiziksel izolasyon, gen akışını durduran önemli bir bariyerdir ve şüphesiz türleşme sürecinin ikinci basamağı olan genetik ve ekolojik farklılaşmayı başlatan önemli bir tetikleyicidir. Coğrafi izolasyonun ortaya çıkışı, dağılma ve yeni bir habitata yerleşme yoluyla ya da vikaryans olayları yani mevcut bir dağılım alanının yeni bir fiziksel bariyer ile bölünmesi yoluyla olabilir (Freeman ve Herron, 2002).

1.6.2. Vikaryans Yoluya Coğrafik İzolasyon

Vikaryans türün yayılış alanını, birbirinden izole olmuş iki veya daha fazla alana bölerek aralarındaki gen akışını engelleyen olaydır. Vikaryansın pek çok mekanizması vardır. Bu mekanizmalar, dağların yükselmesi ve ormanlık alanların bölünmesine neden olan uzun süreli kuraklıklar gibi yavaş süreçli olabileceği gibi, bir salyangoz popülasyonunun ikiye bölünmesine neden olabilen kilometrelerce uzunluktaki lavlar gibi hızlı süreçler de olabilir (Freeman ve Herron, 2002).

1.6.3. Kromozomlarda Değişiklikler

Eğer bir mutasyon bir bireyin kromozomlarında büyük çapta değişikliğe neden olursa, bu olay mutasyona uğramış bireyin meydana getireceği döllerin ata popülasyondan hızlı ya da ani izolasyonuna sebep olabilir.

Yakın akraba türlerin karyotipleri karşılaştırıldığında, küçük çapta kromozomal değişiklikler oldukça yaygındır. Böylesine mutasyonlar, popülasyonlar arasında genetik farklılaşmaya neden olması açısından önemli olabilse de (White, 1978), bugüne kadar kromozom farklılaşması üzerine yapılan ayrıntılı çalışmaların büyük bir kısmı nadiren korelasyon göstermektedir (Freeman ve Herron, 2002).

1.7. Varyasyon ve Varyasyonun Nedenleri

Bir populasyon çok sayıda bireyden meydana gelir. Her insanın kendine özgü anatomik ve fiziksel özelliklerinin olduğu, farklı yetenek ve davranışsal özelliklere sahip bulunduğu bilinmektedir. Aynı şekilde, yakından tanıdığımız köpeklerde, kedilerde ve atlarda da bu gibi bireysel varyansların (farklılıkların) olduğu çok iyi görülmektedir. Fakat nar bülbülü, sincaplar, toprak solucanları, denizyıldızları, karahindiba ve mısır bitkisi gibi uzaktan tanıdığımız türlerdeki bireysel varyasyonlara genellikle dikkat etmeyiz. Bütün bu fenotipik varyasyonlar tüm canlılarda görülür ve genellikle bireylerin genetik yapılarındaki farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Bu nedendir ki, varyasyonları genetik ve fenotipik varyasyonlar diye ayırmak mümkündür (Bahçeci, 2000).

1.7.1. Genetik Varyasyon

Genetik varyasyonun meydana çıkarılması zor bir iştir; ancak çeşitli tekniklerin kullanılması ile mümkün olmaktadır. Bu tekniklerden bazıları; kendileştirme baskısı, protein polimorfizmi, kromozomal polimorfizm ve DNA sekansı polimorfizmi'dir.

1.7.1.1. Kendileştirme Baskısı

Genetik varyasyonu ölçmenin yollarından birisi, populasyondaki alellerin hangi fonksiyonlarının zararlı olduğunun saptanmasıdır. Zararlı aleller kendileşmenin bir sonucu olan homozigotlukta artışın gözlenmesiyle araştırılabilir. Kendileşme ile önceden heterozigot durumda bulunan resesif aleller homozigot duruma geçecekler ve eğer bu aleller zararlı iseler, kendileştirme baskısı olarak ifade edilen yaşama yeteneğindeki azalma sonraki nesillerde ortaya çıkacaklardır.

Zararlı aleller heterozigot durumda muhafaza edildiklerine göre elbette ki nötr ya da potansiyel olarak avantaj sağlayan aleller de heterozigot durumda muhafaza edilecek ve populasyonları karakterize eden normal heterozigot genotipler içerisindeki gizli genetik varyasyonu temsil edeceklerdir (Bahçeci, 2000).

1.7.1.2. Protein Polimorfizmi

Mendel genetiğinin kullanılmasıyla genetik varyasyonun ortaya konması hem yorucu ve hem de uzun süre gerektiren bir iştir. Bunun yerine, jel elektroforezi tekniğı daha kısa zaman içerisinde elektrik yüklerinin farklılığında yararlanılarak protein moleküllerinin birbirlerinden ayırt edilmesinde güvenilir bir şekilde kullanılmaktadır. Örneğın yapısal bir gendeki varyasyon glutamik gibi yüklü bir aminoasidin glisin gibi yüksüz bir aminoasidin yerini almasıyla sonuçlanıyorsa, protein üzerindeki net yük değışecektir; yükteki bu değışim ise elektroforez ile ortaya çıkarılabilecektir.

Bir lokusa ait iki alel hafifçe farklı elektroforetik form meydana getirdikleri zaman yani henüz aynı fonksiyon gerçekleştirildiğı zaman meydana gelen proteinler allozimler diye isimlendirilir. incelenen farklı türlere ait lokusların büyük bir oranı sürpriz bir şekilde allozimleri meydana getirmektedir. Elektroforeziz, muhtemelen aminoasit substitüsyonuna (aminoasitlerin birbirinin yerine geçmesi) bağı gerçek varyasyonun sadece % 30'unu ortaya koymaktadır; çünkü birçok substitüsyon olayı molekül üzerindeki net elektrik yükünü değıştirmemektedir (Bahçeci, 2000).

1.7.1.3. Kromozomal Polimorfizm

Herhangi bir canlı türü için kromozom sayısı sabit olmakla beraber, inversiyonlar ve translokasyonların meydana gelmesine bağı olarak türün kromozom materyalinin düzenlenmesi genellikle polimorfiktir.

Inversiyonlar alel frekanslarını değıştirmediğı gibi onun varlığı herhangi bir yeni genin oluşumuna da yol açmaz. Ancak inversiyon, krosingoverli gametlerin gözlenmesini engeller. Böyle olunca inversiyonlar, ilgili kromozomun inversiyon yapan kısmı boyunca sıralanmış spesifik alelleri koruma eğilimi gösterir. Bu nedenle, eğer bir türde inversiyonlar varsa, inversiyon heterozigotlarının lehine işleyen selektif bir etkinin ortaya çıktığına inanılır. Bir başka ifade ile inversiyon elverişli bir gen düzenlenmesini koruyarak populasyonun spesifik bir habitata uyumunu kısmen de olsa sağlar. Bu durumda gen bağlantı, seleksiyon için olası bir kriter durumuna gelir.

Heterozigot translokasyonların genellikle semisteril (yarı fertil) olmaları ve %50 oranında normal gametleri meydana getirmeleri nedeniyle, genetik varyasyonu azaltırlar.

Translokasyonlar hayvan populasyonlarında nadir olarak görülürseler de, heterozigot translokasyonlar birçok bitkide bulunmaktadır (Bahçeci, 2000).

1.7.1.4. DNA Baz Dizisi Polimorfizmi

Genetik varyasyonu ortaya koymanın en kestirme yolu, bir populasyonun bireyleri arasında DNA'larının baz dizilişindeki gerçek farklılaşmayı incelemektir. Genetik varyasyonun sebeplerine gelince; eşeyssel olarak çoğalan organizmalarda varyasyonun üç temel kaynağı vardır. Bunlar mayoz bölünme sırasında ortaya çıkan krosingover, haploid gametlerin birleşmesi, yeni gen kombinasyonları ve mutasyondur. Bunlardan ilk ikisinin yeni alellerin oluşumuna herhangi bir etkileri yoktur. Ancak onlar var olan alellerin yeni kombinasyonlar meydana getirmesine yol açarak varyasyonlara sebep olurlar. Bunlara karşılık nokta mutasyonları ve ekzon rekombinasyonu gibi büyük ölçekli mutasyonlar yeni alellerin oluşmasını sağlayan potansiyel kaynaklardır.

Bütün bu işlemler birlikte ele alındığında, yeni alelleri ve yeni gen kombinasyonlarını meydana getirerek yeni genetik değişikliklere sebep olurlar ve bunların üzerine de doğal seleksiyon etki ederek evrimsel değişimleri başlatır (Bahçeci, 2000).

1.7.2. Fenotipik Varyasyon

Doğal seleksiyon sadece, fenotipte ifade edilen genetik varyasyonlar üzerinde etkili olabilir. Bir populasyon içerisinde herhangi bir fenotipik varyasyon iki birey arasında gelişmede farklılaşmaya sebep olabilir. Örneğin, gelişim sırasında farklı çevresel koşullara, bir hastalığa veya kazaya maruz kalma sonucu ortaya çıkan varyasyon doğal seleksiyondan etkilenir. Eğer, küçük bir populasyonda, nadir bulunan alellerin taşıyıcısı bir kaza sonucu ölürse, populasyonun genel frekansları değişecektir.

Buna karşılık, somatik mutasyonlar tarafından meydana getirilen varyasyonlar evolüsyoner değişimler için ham materyal olmaz. Örneğin, bir hayvanın gelişimi sırasında, erken embriyonik dönemde ektodermal bir hücrede önemli bir mutasyonun olmadı mümkündür. Bu mutant hücreden meydana gelerek bütün hücreler aynı mutant tipte olacaktır. Bunun sonucunda hayvanın sinir sisteminde önemli bir değişiklik meydana gelecek fakat bu değişim hayvanın yavrularına geçemeyecektir; ektoderm hücreleri

gametleri verecek olan ana hücreler değildir. Bu nedenle, somatik mutasyonlar tarafından meydana getirilen varyasyonlar üzerinde doğal seleksiyon iş görmeyecektir.

Doğal seleksiyon yoluyla evrim teorisi 19. yüzyılda J.B. Lamarck'ın kazanılmış karakterlerin katılımı yoluyla evrim görüşüne rakip olarak ortaya çıkmıştır. Lamarck, bir bireyin yaşama süresinde kazanmış olduğu somatik karakterlerin kendi yavrularına aktarıldığını düşünmekteydi. Lamarck'a göre her neslin özellikleri vücut parçalarının kullanılması ve kullanılmaması sonucu ortaya çıkan modifikasyonlar tarafından belirlenmekte ve sonraki nesillere aktarılmaktaydı. Lamarck'a göre evrimsel değişimler, birçok nesil boyunca kazanılan bu gibi modifikasyonları tedrici olarak birikmesiyle olmaktadır ve bunun en klasik örneği uzun boyunlu zürafaların evrimidir. Lamarck'çı görüşe göre, kısa boyunlu atasal zürafalar, beslenmek amacıyla boyunlarını ağaçların yapraklarına erişecek şekilde uzatmak durumundaydılar. Boynun bu şekilde sık sık uzatılması onların yavrularının boyunlarının da azar azar uzamasına sebep olmuştur. Daha yüksekteki ve daha yeşil yapraklara ulaşmak için boynunun sürekli olarak uzatılmasının sonucu olarak her nesil kendinden öteki nesilden daha uzun boyunlu olmuştur.

Diğer taraftan C. Darwin'in doğal seleksiyon teorisi, atasal zürafaların muhtemelen kısa boyunlu olduklarını fakat boynun uzunluğunun -farklı genotiplere sahip olmaları nedeniyle- bir bireyden diğerine değiştiğini ileri sürer. Beslenme bakımından ortam koşullarında bir olumsuzluk ortaya çıktığında, daha uzun boyunlu zürafalar yaşamlarını sürdürmek ve yavru vermek yani nesillerini devam ettirmek açısından daha avantajlı bir duruma geçmişlerdir. Bu bütün kısa boyunlu bireylerin telef olduklarını ya da bütün uzun boyunlu bireylerin yaşamlarını sürdürerek çoğaldıklarını ifade etmez; fakat uzun boyunlu olanların oransal olarak daha çok sayıda hayatta kaldıklarını ve yavru bıraktıklarını ifade eder. Sonuç olarak, uzun boyunlu olmayı sağlayan genlere sahip olan bireylerin oranı müteakip nesillerde giderek artmıştır. Ağaçlar üzerindeki besinlere ulaşmak bakımından rekabetin artması uzun boyunlu bireyler için selektif bir avantaj sağlamış ve zürafaların evrimi böylece devam etmiştir (Bahçeci, 2000).

1.8. DNA Dizin Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması

Bir grubun evrimsel tarihi, onun filogenisi olarak adlandırılır. Bir filogenetik ağaç, bu tarihin grafiksel bir özetidir. Ağaç, dallanmış olaylarının modelini ve bazı durumlarda

zamanını tanımlar. Türleşme sırasını kaydeder ve hangi taksonların yakın ya da uzak akraba olduklarını belgelerir.

Filogeni tahmininde ilk adım, filogenetik olarak bilgi verici karakterlerin seçimi ve ölçülmesidir. Filogenetik tahminde kullanılacak moleküler ve morfolojik karakterler bağımsız homolog çalışmadaki taksonlar arasındaki farklılık gösteren ve homoplasiye dirençli olmak zorundadırlar. Filogenetik tahminde ikinci adım, elindeki verinin analizinde parsimoni, maksimum olasılık ya da uzaklık metotlarından hangisinin en uygun olduğuna karar vermektir. Parsimoni yöntemleri her bir karakterdeki değişme modelini oluşturmak yoluyla karakter durumunu değişmez sayısı en az olan durumlara uygulanır. Bu işlem her bir aday ağaç üzerinde her bir karakter için tekrarlanır. Birkaç farklı bilgisayar algoritması oldukça çok sayıdaki olası ağaç arasından tarama yapmak ve bunları değerlendirmek için uygulanmaktadır. Parsimoni kriterine göre, örneğin en iyi ağaç mevcut veri için değişmez sayısı en küçük olanı (tüm karakterler için) ortaya koyan ağaçtır. Daha sonra, çeşitli istatistiksel teknikler tüm ağaç ya da belli kladlar (monofiletik grup) için destek derecesini değerlendirmede kullanılır.

Filogenetik uslamlama, evrimsel biyolojide HIV (Human Immunodeficiency Virus) bulaşmasından yaşam çeşitliliğini sınıflandırma sistemlerine kadar çok çeşitli problemlere uygulanmaktadır. Filogenlerin bilgi verici olarak kullanımları, fosil kayıtlarında iyi belgelenmemiş olayların zamanlarının saptanması, filogeni oluşturmada kullanılan karakterler dışında kalan karakterlerin verimleşme modeli ve oranı çalışmaları ve bunlarla birlikte evrim çalışmalarını kapsamaktadır (Freeman ve Herron, 2002).

1.8.1. Modeltest 3.8 ile En uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması

DNA dizilerinin analizinde özellikle filogenetik ağaçların oluşturulmasında ve evrimsel parametrelerin tahmininde, baz değişim modelleri sıkça kullanılır. Bir araştırmacının genelde karşılaştığı problem objektif olarak doğru modeli seçmesidir. Modeltest (Posada ve Crandall, 1998) iki istatistiksel yolla bu sorunu çözen bir bilgisayar programıdır. Modeltest, PAUP programı tarafından oluşturulan olasılık skor değerlerini (scores dosyası) kullanan bir çalışma prensibine sahiptir (Posada, 2003).

En sık kullanılan baz değişim modelleri frekans ve değişim oranlarını tanımlayan parametreleri içerir. Bazı modeller, baz frekanslarının eşit olduğunu varsayarken, bazıları da birbirinden farklı olduklarını varsayar. Bir i bazının j bazına dönüşme olasılığı, j 'nin

i'ye dönüşme olasılığına eşit olduğundan dört baz arasında altı olası değişim oranı söz konusudur (rAC, rAG, rAT, rCG, rCT, rGT). Kompleks modellerde bu altı oranın değeri birbirinden farklı olabilir.

Modeltest, en uygun baz değişim modelini hesaplanan hRLT (Hierarchical Likelihood Ratio Tests) veya AIC (Akaike Information Criterion) değerlerine göre karar verir. hRLT veya AIC sonuçlarının hangisinin kullanılacağı isteğe bağlıdır.

$$LRT=2(\ln L1-\ln L0)$$

L1= Daha kompleks olan modelin olasılığı (alternatif hipotez)

L0= Basit olan modelin olasılığı (sıfır hipotezi)

LRT değeri her zaman sıfıra eşit veya ondan büyüktür. LRT değeri sıfıra yaklaştıkça kompleks modelin uygunluğu azalıyor demektir. AIC (Akaike, 1974) bir modelin doğruluğunu araştırılırken kaybolan bilginin ölçüsüdür. AIC değeri ne kadar küçükse model, o veri setine o kadar uygun demektir (Posada, 2003).

1.8.1.1. Modeltest 3.8'deki Baz Değişim Modelleri

Uygun baz modeli, olası modellerin birçok hipotezin hiyerarşik olarak test edilmesiyle bulunur. Bu hipotezler; Baz frekansları eşit mi? Transisyon / transversiyon (ti / tv) eğilimi var mı? Transisyon oranları eşit mi? Değişmeyen sabit bölgeler var mı? Bölgeler arasında oransal homojenlik var mı? Örneğin; baz frekanslarının eşit olup olmadığını test etmek için JC ile F81, LRT ile karşılaştırılır. Çünkü iki model arasındaki tek fark F81 modelinde eşit olmayan baz frekansları (alternatif hipotez) söz konusuken JC modeli eşit baz frekansları üzerine (sıfır hipotezi) kurulmuştur.

1.8.2. TCS (The Method of Templeton, Crandall and Sing) Analizi

TCS, DNA baz dizileri dikkate alınarak genlerin soy ağacını (şeceresini) tahmin etmede kullanılan bir bilgisayar programıdır (Templeton vd., 1992). Bu metod; maksimum parsimoni, maksimum olasılık, neighbour joining gibi geleneksel yöntemlerle birlikte kullanılan tür içi varyasyonu gösteren bir analizdir ve TCS adı verilen bir paket program kullanılır. (Clement vd., 2000).

TCS programı Nexus (Madison vd., 1997) veya PHYLIP (Felsenstein, 1981) formatındaki DNA dizi dosyalarını açar. Haplotipleri bulur ve örnek içindeki frekanslarını hesaplayarak haplotipler arasındaki ikili uzaklık matrislerini oluşturur. Parsimoni metoduna dayanır ve haplotipleri bir ağ şeklinde birbirine bağlar. Analiz sonucunda sekanslar ikili uzaklık matrisleri % 95'lik sınırın ötesindeki mutasyonel adımların parsimoni olasılıkları ve ağ şeklinde bir grafik dosyası olarak ortaya çıkar (Clement vd., 2000). TCS, Java formatında yazılmış bir programdır ve oluşturulan ağ Postscript dosyası olduğundan görmek için başka grafik programlarına ihtiyaç duyar.

1.9. Filogenetik Analizler

1.9.1. Maksimum Parsimoni

Evrimsel akrabalık ilişkisini belirlemenin en temel düzeydeki mantığı basittir: En yakın akraba taksonlar en fazla ortak özelliğe sahip olmalıdırlar. Üzerinde çalışılan taksonlar arasındaki değişken, kalıtsal ve biri diğerinden bağımsız her bir özellik ya da karakterin, kimin kimden geliştiğini ortaya koymak için bize yardım eder. Bu karakterler DNA dizisi belli iskelet elementleri ya da çiçek kısımlarının varlığı ya da yokluğu gibi özellikler olabilir. Tek koşul, farklı karakterlerin birbirlerinden bağımsız olmaları ve her birinin çalışılan tüm türlerde homolog bir karakter durumu olarak kodlanabilmeleridir. Ancak çalışılacak karakterleri seçerken evrimsel akrabalık ilişkilerinin sadece ortak bir atadan geldikleri için benzer olan özelliklerin yardımıyla açıklanabileceğini kavramak gerekir. Bu paylaşılan türemiş karakter durumları grubun bütün üyelerinin ortak atasındaki karakter durumlarında bir değişime ağıl olarak ortaya çıkan benzerliklerdir. Böyle ortak bir atadan değiştikleri için paylaşılan özellikler sinapomorfi olarak bilinirler.

Parsimoni, olası birçokları arasından hangi dallanma modelinin evrimsel tarihi en doğru biçimde yansıttığını tanımlamada bir yaklaşım sağlar. Parsimoniye göre tercih edilen ağaç, açığa çıkmış olan evrimsel değişimin toplam miktarını en aza indirgeyen ağaçtır. Parsimoniyi davet eden mantık basit ve zorlayıcıdır. Birçok durumda, konvergens ve geriye dönüşün, ortak bir aradan gelen değişime bağlı olan benzerliğe oranla daha az olacakları var sayılabilir. Öyleyse en parsimonik ağacın veriden çıkarılan homoplasi (konvergens ve geriye dönüş) miktarını azaltacağını ve bunun çalışılan türler arasındaki

gerçek filogenetik akrabalığın en iyi tahmini olacağını söylemek mümkündür (Freeman ve Herron, 2002).

1.9.2. Maksimum Olasılık, Neighbor Joining ve Genetik Uzaklık

Parsimoni metotlarının bir sakıncası bir araştırmacıya sunulan bütün bilgiyi kullanamamasıdır. Moleküler filogeniler için olasılık yaklaşımı şu soruyu sormaktadır: farklı tipteki nükleotit değişikliğinin açığa çıkma olasılıklarını tanımlayan bir matematiksel formül veya uzunlukları bilinen belli bir ağaç verildiğinde, bu belli DNA dizisi setini elde etme olasılığı nedir? Bu stratejiyi hayata geçirmek için bir bilgisayar programı her ağaç topolojisini değerlendirir veya gözlenen verinin oluşturulması olasılığını hesaplar. Eğer ağaç doğruysa her dalın oluşturulma olasılıkları toplamı gözlenen verinin oluşturulması olasılığını temsil eder. Bu olasılık ağaçların olasılığı olarak rapor edilir. Şu halde yarışan ağaç topolojilerinin kabul ya da reddi için kriter en yüksek olasılığı olan ağacı seçmektir. Maalesef, olasılık metotları hesaplamada yavaşlar ve bu teknikle çok büyük veri setleri, daha hızlı parsimoni metotları kullanarak yapıldığı kadar kapsamlı analiz edilemezler.

Oldukça radikal bir yaklaşım, karakterler verisini (morfolojik bir özelliğin varlığı veya yokluğu ya da bir gendeki homolog bir bölgede bir nükleotitin kimliği gibi) bir uzaklık değerine düşürmektedir. Örneğin, iki takson arasında nükleotid pozisyonu yüzdesi farklılıkları hesaplanabilir (% 10 farklılık, 100 baz başına ortalama 10 nükleotidin değiştiği anlamına gelir). Ayrık karakterlerin tek bir uzaklık ölçüsüne dönüştürülmesi, spesifik bilginin kaybı ile sonuçlanır, fakat taksonlar arasındaki toplam benzerlik derecesini ifade edebilir (Freeman ve Herron, 2002). Filogeni çalışmalarında kullanılan bir diğer filogenetik analiz ise neighbor joining analizidir.

Olasılık metotlarında olduğu gibi uzaklık analizleri de, araştırmacıların çoklu karakterlerden gelen bilgiyi iki takson arasındaki ek bir bütün uzaklığın ölçümüne çevirmek için bir karakter evrim modeli öngörmelerine gereksinim duyar. DNA dizileri için yaygın biçimde kullanılan bir formül, aynı yerdeki çoklu baz değişimleri ile transisyon ve trasversiyon baz değişimlerinin frekansındaki farklılıkları düzeltir (Kimura, 1980). Uzaklık verisinden bir filogeni tahmini yapmak için taksonları kümeleyen bilgisayar programları kullanılır.

Taksonları kümelemeyi benzerlikler temelinde yapan bu genel stratejiye fenetik yaklaşım adı verilir. Sneath ve Sokal (1973)'e göre tercih edilen ağaç, taksonlar arasında

toplam mesafeyi en aza indirgeyen ağaçtır. Birkaç farklı kümeleme algoritması yaygın biçimde kullanılmakta olup analiz edilen mesafenin doğası konusunda az ya da çok sınırlayıcı öngörülerde bulunabilir. Bu yaklaşım sonucunda diziler arasındaki genetik uzaklık çiftleri matrisi oluşturulur, aynı pozisyonlardaki çoklu değişiklikleri ortaya koymak için geliştirilen bir formül kullanılarak hesaplanır (Kimura, 1980). Küçük genetik uzaklık ortak atadan yakın zamanda ayrılmaya ve yakın filogenetik ilişkiye işaret etmelidir (Freeman ve Herron, 2002).

1.9.3. Ağaçların Değerlendirilmesi

Birkaç ya da tüm olası ağaçları karşıladıktan sonra sorulması gereken soru, en parsimonik ağacın ne kadar iyi olduğudur. Birçok araştırmacı optimal ağaca yakın ağaç topolojilerini gözle inceler ve optimalden nasıl farklı oldukları üzerine tahmini bir yargıya varırlar. Eğer optimale yakın ağaçlar, optimal ağaçtan az derecede farklıysalar, en optimal ağacı grubun evrimi konusunda sonuca varmak için kullanmak daha güvenli olabilir. Buna ek olarak, bilgisayar programları çok sayıda ağacı değerlendirebilir ve optimale yakın bütün ağaçlarca desteklenen bir topolojiyi temsil eden bir uyumluluk ağacı oluşturabilirler (Freeman ve Herron, 2002).

1.9.3.1. Seç-bağla Testi (Bootstrapping)

En tutumlu ağaçların güvenilirlik dereceleri istatistiksel olarak da değerlendirilebilir (Swofford vd., 1996; Huelsenbeck ve Rannala, 1997). Bu probleme yönelik yaklaşımlardan biri seç-bağla testi (bootstrapping) olarak adlandırılır. Seç-bağla testinde, bilgisayar mevcut veri setinden tekrarlı örnekleme yoluyla yeni bir veri seti oluşturulur. Örneğin, çalışmada 300 baz çiftlik bir dizi bulunuyorsa bilgisayar bu pozisyonlardan birini rastgele seçmek ve bunun yeni veri setinde ilk öge olarak kullanmakla seç-bağla testine başlar. Daha sonra, rastgele seçtiği bir pozisyon yeni veri setinin ikinci veri noktasını oluşturur (ikinci veri noktasının birincisinin aynı olma şansı 1/300'dür). Bilgisayar orijinal verinin rastgele bir örneklemesini temsil eden 300 baz çifti içeren yeni bir veri seti oluşturuncaya kadar bu işleme devam eder. Sonra, bu yeni veri seti filogeniyi hesaplamak için kullanılır. Bu işlemi tekrarlamak suretiyle araştırmacı yeniden örneklenmiş veri

setinden oluřan ağalarda belli bir dalın aıĝa ıkma yzdesini % 50, %80 ya da % 100 Őekilde ortaya koyabilir. Se-baĝla tahmininde bir dal ne kadar ok kere aıĝa ıkarsa, bu dalın gerekte var olduĝu konusunda ki gvenimiz artmaktadır. Eĝer belli bir dal iin se-baĝla desteĝi az ise arařtırmacı genellikle ağacın bu kısmındaki dallanma modelini belirleyemediĝi sonucuna vararak ve bunun sonucunda da yayınladıĝı ağata bu dalı tek dĝmden ok atallı olarak verir (Freeman ve Herron, 2002).

2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

2.1. Materyal

Bu çalışmada materyal olarak şeritli semender, *Triturus vittatus*, (Jenyns, 1835) kullanılmıştır. Kuzey’de Kafkaslar’dan (Rusya ve Gürcistan) Türkiye’ye ve güneyde İsrail’e kadar uzanan bir yayılış gösteren bu türün bugüne kadar Türkiye’de üç alttür (*T. v. vittatus*, *T. v. cilicensis* ve *T. v. ophryticus*) ile temsil edildiği rapor edilmiştir (Schmidtler ve Schmidtler, 1967; Atatür, 1974; Özeti ve Yılmaz, 1994; Arntzen ve Olgun, 2000; Borkin vd., 2003).

Türün sistematigi aşağıdaki gibidir.

Alem : Animalia

Şube : Chordata

Altşube : Vertebrata

Sınıf : Amphibia

Takım : Urodela

Aile : Salamandridae

Cins : *Triturus*

Tür : *Triturus vittatus* (Jenyns, 1835)

2.1.1. Türün Morfolojik Karakterleri ve Kromozom Sayısı

Şeritli semender (*Triturus vittatus*)’de kuyruk yanlardan basıktır. Üreme zamanında erkeklerde sırt yüzgeci (krista) meydana gelir, fakat bu yüzgeçle kuyruk yüzgeci arasında bir kesinti (açıklık) bulunur. Diğer *Triturus* türlerinden bu türü ayırt eden en önemli karakter, vücudun yan taraflarında (ön ve arka bacakların kaide kısımları arasında) uzanan gümüşü renkli bir şerittir. Bu şerit kuyruğun yan taraflarında da görülür, fakat koyu lekelerle kısmen örtülü olabilir (Özeti ve Yılmaz, 1994). *Triturus vittatus* türündeki kromozom sayısı $2n = 24$ olarak rapor edilmiştir (Bucci-Innocenti vd., 1983). Diğer tüm *Triturus* türlerinde olduğu gibi *T. vittatus*’ta da 12 çift vücut kromozomu bulunmaktadır (Horner ve Macgregor, 1985).

2.1.2. *Triturus vittatus vittatus* (Jenyns, 1835)

Triturus vittatus'un bu alttürüne ait bireyler morfolojik yapı bakımından *T. vulgaris* türüne ait bireylerden çok farklı değildir; yalnız boyu biraz daha fazladır. En büyüklüğü 12–13 cm kadar olabilir (genel olarak 8–10 cm. dir). Sırt yüzgeci nispeten daha yüksek (7-17 mm. kadar) olduğu gibi, bu yüzgeç ile kuyruk yüzgeci arası kesiklidir. Genel olarak çok tırtıklı olan sırt yüzgecinde dikey olarak uzanan siyah şeritler mevcut olup, bunların arası açık renklidir. Üreme zamanındaki bireylerde sırt tarafında esas rengi oldukça değişiktir. Grimsi, kahverengi, zeytin yeşili veya tunç rengi olabilir (Şekil 2 ve Şekil 3).

Güney Anadolu'da yaşayan *T. v. vittatus*'un İsrail'e kadar uzanan bir yayılımı vardır. Anadolu'da tespit edilen yerler Antakya (Yolbaşı köyü, Altınözü, Harbiye, Samandağ ve Teknepınar) ve Gaziantep (Kömürler, Sakçagözü, Islahiye)'dir (Franzen ve Schmidtler, 2000).



Şekil 2. Hatay'dan yakalanan bir erkek *T. v. vittatus* bireyi (dorsalden görünüm)



Şekil 3. Hatay'dan yakalanan bir erkek *T. v. vittatus* bireyi (ventralden görünüm)

2.1.3. *Triturus vittatus cilicensis* (Wolterstorff, 1906)

İlk bakışta dış görünüş bakımından nominat ırka, diğerinden (*T. v. ophryticus*'dan) daha çok benzer. *T. v. cilicensis* tipik iki özelliği ile *T. v. vittatus*'tan ayrılır. Biri, üreme zamanındaki erkeklerin sırt yüzgecinin serbest kenarının kuyruk bölgesinde bariz olarak tırtıklı olması; diğer özelliği ise vücut yanlarında uzanan gümüşü şeridi sınırlayan koyu bantların, özellikle ventraldekinin devamlı olmayıp kesikli oluşudur. Toplam uzunlukları 6-10 cm. kadar olabilir. Sırt yüzgeci en fazla 9 mm. kadar ölçülmüştür. Üreme zamanında sucul devrede olan erkek bireylerde sırt tarafın zemin rengi açık kahverengi-bej'den bronz renge kadar değişir. Üzerinde daha koyu olan kirli zeytin yeşili muntazam olmayan lekeler ve noktalar bulunur. Vücut üzerindeki gümüşü şeridin dorsalindeki koyu bant, kirli zeytin yeşilinden siyaha kadar değişir. Bu bant ya devamlı veya kesikli yahut tamamen noktalara ayrılmış durumdadır. Kuyruk ucu genellikle aniden incelerk küt bir şekilde son bulur (Şekil 4 ve Şekil 5).

Bu alttür Türkiye'de Mersin, Adana, Osmaniye, Kilis ve Adıyaman (Gölbaşı)'da yayılış göstermektedir (Franzen ve Schmidtler, 2000).



Şekil 4. Mersin'den yakalanan bir dişi ve bir erkek *T. vittatus cilicensis* bireyi (dorsalden görünüm)



Şekil 5. Mersin'den yakalanan bir dişi ve bir erkek *T. vittatus cilicensis* bireyi (ventralden görünüm)

2.1.4. *Triturus vittatus ophryticus* (Berthold, 1846)

Bu alttürü tanımlayan özelliklerden biri genel olarak diğer alttürlerden daha büyük bireylere sahip olmasıdır. Bu özellik, bilhassa Kafkaslarda yaşayan populasyonlarda göze çarpar. Erkeklerin boyu 16 cm., dişilerin ise 14.5 cm kadar olabilir. Kuzey Anadolu'nun yüksek yerlerinde yaşayanlar da büyük boyludur. Kuzeybatı Anadolu'nun ovalık

yerlerinde yaşayanlar (örneğin Adapazarı civarında) nispeten daha kısa boyludur. Bu alttürde sırt yüzgecinin yüksekliği de genel olarak daha fazladır: 19 mm. ve hatta 24 mm. kadar olabilir (Thorn, 1968; Eiselt, 1970). Bu alttürün bireyleri dağlık kesimlerde 16 yaşına kadar ulaşabilmektedir (Bülbul, 2002; Kutrup vd., 2005). Bu alttürde üreme zamanında bulunan erkeklerde sırtın esas rengi oldukça değişik olmakla beraber, ekseriyetle tunç rengindedir. Hayvan için tipik olan bu renk, bazı bireylerde sarı veya yeşile doğru değişiklik gösterir. Esas renk üzerinde daha koyu ve ekseriyetle küçük lekeler bulunur. Vücudun yan taraflarındaki gümüşü şerit daima iyi gelişmiştir. Bunun üst ve alt yanlarında uzanan siyah şeritler genellikle devamlıdır veya fazla parçalara ayrılmış değildir (Şekil 6-8).

Bu alttür Kafkaslardan Anadolu'nun Karadeniz sahili boyunca Bursa ve İstanbul civarına kadar yayılır (Özeti ve Yılmaz, 1994). Son zamanlarda Arntzen ve Olgun (2000); Litvinchuk vd. (2001, 2004) adlı araştırmacıların yaptıkları çalışmalarda; vücuttaki omur sayıları ve genom büyüklüklerine göre Türkiye'nin Batı ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki *T. v. ophryticus* populasyonlarının birbirinden farklı olduğu rapor edilmiştir. Son olarak Litvinchuk vd. (2005) Türkiye'deki *T. v. ophryticus* alttürünü *T. ophryticus* ismi ile tür olarak kabul ettiklerini ve Batı Karadeniz'deki populasyonların *T. o. nestrovi* ve Doğu Karadeniz'deki populasyonların ise *T. o. ophryticus* alttürüne dahil olduklarını rapor etmişlerdir.



Şekil 6. Batı Karadeniz (Zonguldak)'den yakalanan bir erkek *T. v. ophryticus* bireyi



Şekil 7. Doğu Karadeniz (Trabzon)'den yakalanan bir erkek *T. v. ophryticus* bireyi (dorsalden)



Şekil 8. Doğu Karadeniz (Trabzon)'den yakalanan bir erkek *T. v. ophryticus* bireyi (ventalden)

2.2. Yöntem

2.2.1. Örneklerin Toplandığı Alan

Bu çalışmada incelenen *Triturus vittatus* örnekleri; Artvin, Rize, Trabzon, Giresun, Ordu, Bartın, Karabük, Zonguldak, Mersin, Adana ve Hatay illerinde 2004-2007 yılları arasında gerçekleştirilen arazi çalışmalarında yakalanmıştır. Örneklerin alındığı iller Şekil 9 (URL-1, 2007)'da gösterilmiştir.

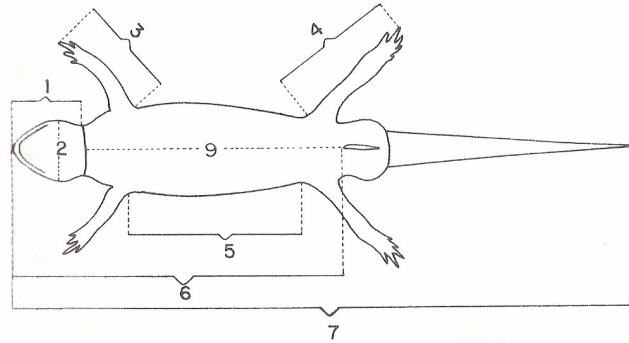


Şekil 9. Örneklerin yakalandıkları iller. 1. Artvin, 2. Rize, 3. Trabzon, 4. Giresun, 5. Ordu, 6. Bartın, 7. Karabük, 8. Zonguldak, 9. Mersin, 10. Adana, 11. Hatay

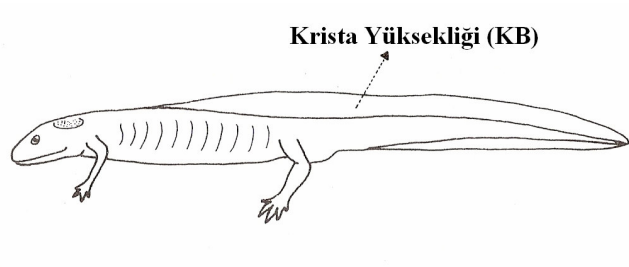
2.2.2. Örneklerin Toplanması ve Morfometrik Ölçümler

Çalışma kapsamında araziden yakalanan toplam 179 adet örneğin tümü için yakalandıkları yerlerde Total Boy (TB), Vücut Boyu (VB), Baş Genişliği (BG), Baş Boyu (BB), Ön Ayak Uzunluğu (ÖAU), Arka Ayak Uzunluğu (AAU), Ayaklar Arası Mesafe (AAM) değerlerine (Şekil 10) sadece erkek bireyler için Krista Yüksekliği (KB) değeri de eklenerek morfometrik ölçümler gerçekleştirilmiştir (Şekil 11). Şekil 10 ve Şekil 11, Özeti ve Yılmaz (2004)'den alınmıştır. Ölçümler 0,05 mm. hassasiyetindeki dijital kumpas yardımıyla alınmıştır. İskelet kası proteini almak için KTÜ Biyoloji Bölümü, Zooloji

Araştırma Laboratuvarına getirilen toplam 96 adet örneğin dışındaki bireyler DNA incelemesi için gerekli olan parmak örnekleri alındıktan sonra habitatlarına geri bırakılmıştır.



Şekil 10. Tüm semender örneklerinde ölçülen morfometrik değerler. 1. Baş Boyu (BB), 2. Baş Geniliği (BG), 3. Ön Ayak Uzunluğu (ÖAU), 4. Arka Ayak Uzunluğu (AAU), 5. Ayaklar Arası Mesafe (AAM), 6. Vücut Boyu (VB), 7. Total Boy (TB)



Şekil 11. Erkek bireylerde ilaveten ölçülen Krista Yüksekliği (KB) değeri

2.2.3. Mann-Whitney U Testi ve ANOVA Analizi

Toplam 9 ile ait 18 farklı lokaliteden 179 bireyin (86 ♂ ve 93 ♀) erkekler için ölçülen 8 ve dişiler için ölçülen 7 farklı karakter bakımından eşeyler ve alttürlerin dağıldığı lokaliteler arasında fark olup olmadığı Varyans Analizi Tablosu (ANOVA) kullanılarak hesaplanmıştır. Alttürler arasında ikili karşılaştırmaları ise Mann-Whitney U testi yardımıyla gerçekleştirilmiştir.

ANOVA analizi ve Mann-Whitney U testi SPSS adlı bilgisayar programı kullanılarak yapılmıştır. Farklılık katsayısı (p değeri) $\leq 0,05$ olarak alınmıştır.

2.2.4. Moleküler Analizler

2.2.4.1. Semender Parmaklarından Genomik DNA'ların İzolasyonu

Genomik DNA'ların izolasyonu, bireylerin parmak uçları kesilerek elde edilen örneklerden Qiagen ve Nucleospin marka kitler kullanılarak gerçekleştirilmiş ve PCR işleminde kullanılmaya kadar bu örnekler -20 °C' de saklanmıştır.

2.2.4.2. Mitokondriyal 16S rRNA ve *cytB* Genlerinin PCR Yardımıyla Arttırılması ve DNA Dizin Analizi

16S rRNA geninin 541 bazlık kısmi baz dizini genomik DNA'dan 16SA-L (CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT) düz ve 16SB-H (CCGGTCTGAACTCAGATCACGT) ters primerleri kullanılarak, *cytB* geninin 397 bazlık kısmi baz dizini ise MVZ15L (GAA CTA ATG GCC CAC AWW TAC GDK AA) düz ve CYTB2-H (AAA CTG CAG CCC CTC AGA ATG ATA TTT GTC CTC A) ters primerleri yardımıyla polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltıldı (Veith vd., 2004). Reaksiyon karışımı; 5 µl (10X) PCR tamponu, 1µl dNTP karışımı (10 mM), 1' er µl 1' e 4 oranında sulandırılmış düz ve ters primerler, 3 µl MgCl₂ (1,5 mM), 0.5 µl Taq DNA (2,5 u) ve 50 µl'ye tamamlanacak şekilde steril ddH₂O ilave edilerek hazırlandı. PCR reaksiyonu; 16S geni için, 94 °C'de 45 saniye denatürasyon için bekletildikten sonra 50 °C'de 45 saniye primer annealing işlemi ve 72 °C'de 60 saniye uzatma işleminden sonra 72 °C'de 10 dakika son adım ve 35 döngü şeklinde ve *cytB* geni için 92 °C de 45 saniye denatürasyon, 45 °C'de 60 saniye primer annealing, 72 °C'de 90 saniye uzatma ve 72 °C'de 10 dakika son adım ve 35 döngü şeklinde gerçekleştirildi. PCR işlemi sonucunda ortaya çıkan ürün % 1,2'lik agaroz jelde yürütüldü ve bir jel görüntüleyicide görüntülendi. PCR işlemi başarıyla tamamlanan örneklerin DNA dizin analizleri Macrogen Korea firmasında PCR örneklerinden saflaştırma yapılması suretiyle gerçekleştirildi.

2.3. DNA Dizin Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması

Elde edilen baz dizileri çeşitli metodlar kullanılarak analiz edilmiştir. PAUP* 4.0b10 (Phylogenetic Analysis Using Parsimony*, Swofford, 1998) paket programı kullanılarak maksimum parsimony (en yüksek tutumluluk), maksimum likelihood (en yüksek olasılık ve genetik uzaklık) ve neighborjoining analizleri; TCS (The Method of Templeton, Crandal and Sing) (Clement vd., 2000) programı kullanılarak alttürlerin içinde tür içi varyasyon analizi ve MrBayes 3.0b4 (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001) programı kullanılarak Bayesian Analizi yapılmıştır. Bunlara ilaveten filogenetik analizler için en uygun baz değişim modelini bulmak için PAUP* ile birlikte Modeltest 3.8, baz dizilişlerinin bu programlar için uygun formatlara dönüştürülmesi için Clustal W (Thompson vd., 1997) ve BioEdit programı ve ayrıca ağaç dosyalarını görüntülemek içinde TreeView programı kullanılmıştır (Özdemir, 2005).

2.3.1. Modeltest 3.8 ile En Uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması

En uygun evrimsel baz değişim modeli Modeltest (Posada ve Crandall, 1998) programı kullanılarak, hRLT (Hierarchical Likelihood Ratio Tests) değerlerine göre tespit edilmiştir.

2.3.2. TCS Analizi

DNA baz dizilişi öncelikle Nexus formatına dönüştürülüp, TCS (Clement vd., 2000) programı kullanılarak haplotipler belirlenmiş ve tür içi varyasyonu gösteren bir ağ oluşturulmuştur (Özdemir, 2005).

2.3.3. Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi

Elde edilen baz dizilişleri, PAUP* 4.0b10 paket programı kullanılarak maksimum parsimoni analizi gerçekleştirilmiştir.

Maksimum parsimoni analizi, buluşsal (höristik) (heuristik search) inceleme metoduna göre Modeltest'te bulunan baz değişim modellerini (HKY85) dikkate alarak 20 rastgele ilave tekrarlar oluşturularak, TBR (Tree-bisection-reconnection) ve MulTree yöntemleri kullanılarak yapılmıştır. Seç-bağla testi (Boot-straping) ise 100 tekrar ile yapılmıştır.

2.3.4. Maksimum Olasılık Analizi

Maksimum olasılık analizi höristik metoda göre HKY85 modeli dikkate alınarak 20 rastgele ilave kopya, TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi ve 100 tekrarlı seç-bağla testi ile yapılmıştır.

2.3.5. Neighborjoining Analizi ve Genetik Uzaklık

Neighborjoining analizi höristik metoda göre HKY85 modeli dikkate alınarak 20 rastgele ilave kopya, TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi ve 100 tekrarlı seç-bağla testi ile yapılmıştır. Genetik uzaklık ise HKY+G baz değişim modeline göre höristik metoda göre yapılmıştır.

2.3.6. TreeView Programı

Filogenetik analizler sonucu oluşan ağaçların görüntülenmesi için TreeView programı kullanılmıştır.

2.4. SDS-PAGE

Triturus vittatus bireylerinin iskelet kasındaki protein bantlarını karşılaştırmak için Bülbül ve Kutrup (2007)'un Türkiye'deki *B. viridis* populasyonları için kullandığı yönteme uygun olarak, semenderler dietil eterle bayıldıktan sonra arka ayaklarının ikisi birden kesilerek sıvı azotta öğütülmüştür. Daha sonra öğütülen bu proteinlerden her bir örnekleme tübüne 0,1 g alınmıştır. Üzerine 0,1 ml ddH₂O ve 0,2 ml 2X numune tamponu (100 mM Tris pH 6.8, % 4 SDS, % 0,2 Bromofenol blue ve % 20 gliserol) eklenmiştir (Sambrook

vd., 1989). Bu karışım proteinleri jele yüklemeyen önce denatüre etmek için bir termal blok cihazında 99 °C'de 2 dakika kaynatıldıktan sonra SDS-PAGE örnekleri hazır hale getirilmiştir (Lutz vd., 2001). Deneylerde kullanılan mini jellerin boyutları 8,3 x 7,3 cm olup, çözücü jel (resolving jel) % 12'lik hazırlanmıştır (Bülbül ve Kutrup, 2007). % 12'lik jel; 3,3 ml ddH₂O, 4 ml % 30'luk akrilamid karışımı, (% 29,2 akrilamid ve % 0,8 N,N'-methylene-bis-akrilamid), 2,5 ml 1.5 M Tris pH 8.8, 0.1 ml %10'luk SDS, 0,1 ml %10'luk amonyum persülfat ve 0,004 ml TEMED bir beherde karıştırılarak hazırlanmıştır. Proteinleri yüklemek için kullanılan tarakların yerleştirildiği % 5'lik yığıma jel (stacking gel) ise; 2,7 ml ddH₂O , 0,67 ml % 30 akrilamid karışımı, 0,5 ml 1.5 M Tris pH 6,8, 0,04 ml % 10'luk SDS, 0,04 ml amonyum persülfat ve 0,004 ml TEMED bir beherde karıştırılarak hazırlanmıştır (Sambrook vd., 1989). SDS-PAGE deneyleri, her 1 µl örnek için 1,85 mikrogram protein gelecek şekilde jeldeki kuyucuklara protein örnekleri yüklenerek gerçekleştirilmiştir (Bülbül ve Kutrup, 2007). Jeller sürekli akımda 20 mA (miliamper)'de 60 dakika sürece boyunca yürütülmüştür (Lutz vd., 2001). Jelleri boyamak için Coomassie Brilliant Blue (CBB) R-250 boyası kullanılmıştır. Boyanan jeller, 60 dakika süreyle 1. yıkama solusyonuna (50 ml metanol, 10 ml glacial asetic asid ve 40 ml ddH₂O karışımı) ve sonra da 60 dakika süreyle 2. yıkama solusyonunda (7 ml glacial asetik asit, 5 ml metanol ve 88 ml ddH₂O karışımı) yıkanmışlardır (İnan, 2005). Yıkanan jeller bir tarayıcı cihazında taranmış ve görüntüleri elde edilmiştir.

3. BULGULAR

3.1 Morfolojik Analizler

3.1.1. One-Way ANOVA, Tukey Testi

Morfometrik analizler 9 ile ait 18 farklı lokaliteden 179 bireyin (86 ♂ ve 93 ♀) erkekler için ölçülen 8, ve dişiler için ölçülen 7 farklı karakteri üzerinde gerçekleştirilmiştir. Tüm karakterler bakımından ölçülen değerler, dişi bireyler için Tablo 1’de ve erkek bireyler için ise Tablo 2’de verilmiştir.

Triturus vittatus’un bireylerinin 4 ana grupta toplanarak (1. *T. v. vittatus*, 2. *T. v. cilicensis*, 3. *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve 4. *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz) yapılan One-Way ANOVA analizi Tukey testi sonucuna göre *Triturus vittatus*’un dişi bireylerinde ana gruplar arasında 7 ayrı karakterin hepsinde önemli derecede $F= 0.00$, $p<0.05$ farklı olduğu görülmüştür (Tablo 3). Yine *Triturus vittatus*’un erkek bireylerinde gruplar arasında 8 ayrı karakterde de önemli derecede $F= 0.00$, $p<0.05$ farklı olduğu görülmüştür (Tablo 4).

Tablo 1. *T. vittatus* dişi bireylerine ait morfometrik ölçüm değerleri. Bölgeler: 1. Gürbulak, 2. Of, 3. Şinik, 4. Kaleönü, 5. Hıdırnebi, 6. Beşirli, 7. Uzungöl (Trabzon), 8. Erenköy (Artvin), 9. Gököy (Ordu), 10. Zonguldak, 11. Karabük, 12. Bartın, 13. Ceyhan (Adana), 14. Yolbaşı Köyü (Hatay), 15. Mezitli (Mersin). Total boy (TB), vücut boyu (VB), cinsiyet (cins), baş genişliği (BG), baş boyu (BB), ön ayak uzunluğu (ÖAU), arka ayak uzunluğu (AAU), ayaklar arası mesafe (AAM). Dişi bireyler (D) şeklinde gösterilmiştir. *Triturus vittatus*’un bireyleri 4 ana grupta toplanarak (1. *T. v. vittatus*, 2. *T. v. cilicensis*, 3. *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve 4. *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz) tür başlığı altında gösterilmiştir. Ölçüm değerleri mm. cinsinden verilmiştir.

Örnek no	Bölge	TB	VB	cins	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM	Alttür
1	1	115,5	64,0	D	11	15,2	23	23,5	35	4
2	1	97	53,8	D	9	13	17	15,8	31,3	4
3	1	93,5	47,4	D	9	12,7	18	17	29,1	4
4	1	97	49	D	8,3	12,7	11,6	10	30,3	4
5	1	107,4	52	D	9,4	15,2	20,5	18,3	34,4	4
6	1	107,7	57,8	D	10	14,1	19,4	18,3	32,7	4
7	1	113	60,5	D	10	14,4	20,5	19,2	32,2	4
8	1	97,2	51	D	9,4	11,2	17,7	15	21	4
9	1	111,1	65,7	D	11	16,6	22	19,6	37,5	4

Tablo 1'in devamı

10	1	128,8	67,7	D	12	18,3	24,4	22	37	4
11	1	103,3	59,4	D	11	16,1	21,3	19	33	4
12	1	105,2	56,9	D	11,1	14	21,6	20,5	36	4
13	1	90,5	49,6	D	9,4	13	17,7	16,5	27,2	4
14	1	102,2	56	D	10	14	19,1	17,4	30,2	4
15	1	96,6	53,8	D	9,9	14,1	19,9	17	31,1	4
16	1	102,7	63,3	D	11,1	16,1	21,6	18,8	35,8	4
17	1	104,6	59,4	D	11,1	15	20,5	18,9	32,2	4
18	1	110	58,3	D	10,7	14,4	21,1	19,9	32,7	4
19	1	102,2	55,5	D	9,9	14,9	19	17,7	32,2	4
20	1	101	55,5	D	10,5	14,9	19,1	19	26,8	4
21	1	102,2	54,6	D	9,6	14,4	19,6	17	29,6	4
22	1	104,6	57,4	D	10,2	15,7	19,1	18	31,8	4
23	1	104,6	51,3	D	9,6	16	17,2	16,9	28,3	4
24	1	71	57,2	D	10,2	15,5	19,1	15,2	29,6	4
25	1	90,5	49,9	D	9,4	13	18	17	26,6	4
26	1	115,2	58,8	D	11,1	15	21	18,3	32,7	4
27	1	102,7	65,2	D	9,9	14,6	18,3	16,3	30	4
28	1	116,6	62,2	D	11,6	17,2	24,1	19,1	34,4	4
29	1	97,1	51,8	D	11	14,4	18,5	17	27,7	4
30	1	112,4	58	D	11,6	15	23	17	29,6	4
31	1	108,3	56	D	11,1	15	19,9	19	28,1	4
32	1	98,8	50,2	D	11	15,2	19,4	17	27	4
33	1	95,7	50,7	D	10,1	13,5	17,7	16,1	28,5	4
34	1	111,8	62	D	11	20	20,2	16,6	35,1	4
35	1	103,3	60,5	D	12,2	14,4	21,1	21,1	37	4
36	1	100,7	55,9	D	11,1	12,7	20,2	19,4	33	4
37	2	98,8	54,4	D	9,6	13,5	19,4	17,2	28,3	4
38	3	98	52,2	D	8,8	12,2	18	17	31	4
39	3	95	53	D	9,4	13	18,3	17	29	4
40	3	83,5	52,9	D	8,5	11,1	18,3	15	31,3	4
41	3	91,6	51,3	D	8,3	11,3	16,6	13,8	32	4
42	3	87,7	51,2	D	8,3	11,8	15,5	13,8	34,1	4
43	3	95,2	52,2	D	9,1	11,6	17,7	17	31,1	4
44	4	131	72,7	D	13,3	18,3	22	21	38,3	4
45	13	57,4	30,5	D	6	8	10	8,3	17,2	2
46	13	58,8	30,5	D	6	8,3	10	9,8	16	2
47	5	94,1	50,5	D	94	11,6	18,8	16,6	26,1	4
48	5	109,4	58,8	D	10,5	13,8	20,3	19,4	31,8	4
49	5	91	47,7	D	9,4	12	16,6	15	26,3	4
50	5	105,2	53,3	D	10,2	13,3	19,1	18	30	4
51	5	96,3	47	D	9,1	13	21,1	19,5	26	4
52	5	112,1	62,7	D	11,8	14,1	22,2	21,3	36,6	4
53	5	100	55,2	D	11,3	14,4	20,2	18,1	30	4
54	5	107,2	58,8	D	11,3	16,6	21,6	19,1	34,4	4
55	5	114,1	63,3	D	11,8	15,2	22,2	19,4	38,8	4
56	5	108,8	62	D	12,4	16,4	22,1	19,4	35,3	4

Tablo 1'in devamı

57	5	100,5	54,9	D	9,6	12,2	20	16,6	27,4	4
58	5	113,3	63,3	D	10,5	13,5	22,2	20	31,6	4
59	5	101,6	55,7	D	9,5	13	19,9	16,3	31	4
60	6	115,2	62,2	D	11,6	15	19,1	18,5	32,2	4
61	6	108,8	58,9	D	10,7	14,6	20	19,4	33,5	4
62	6	107,7	60,5	D	10	13,3	20,5	19,4	33,8	4
63	6	83,7	47,2	D	9,1	12,2	14,9	14,1	28,8	4
64	6	81,1	43,3	D	8,1	11	14,4	13	25,5	4
65	14	82	42,9	D	8	11,6	15,5	13,5	23,8	1
66	14	80,5	41,3	D	8,8	10,5	13,8	13,5	21,3	1
67	7	93,5	48,8	D	3,5	13	18,8	17,3	21	4
68	7	109	57,7	D	10	16	22,7	24,1	33	4
69	8	97,9	52,7	D	9	12,2	19,6	18	28	4
70	8	86,1	53	D	8,8	11,6	19,4	18,3	28,3	4
71	8	99,4	55,5	D	9,6	11,8	19,9	17,7	31,6	4
72	8	109,9	58,8	D	10	15,2	21	20,5	32,2	4
73	8	97	54	D	9,6	12,2	20,2	19	30,7	4
74	8	90,2	51	D	8,5	12,7	17,7	15,6	28,1	4
75	8	81,3	44,9	D	8,3	11,6	16,1	14,6	23,5	4
76	8	85,5	44,6	D	8,8	12,2	15,2	13,5	25,2	4
77	15	62,9	34,5	D	6,1	9,1	12,3	8,5	18,7	2
78	15	65,7	36,3	D	6,2	9,3	12	10,8	22,7	2
79	15	59,8	31,8	D	5,8	8,7	11,9	9,7	20,2	2
80	15	76,5	38,9	D	6,6	10,5	10	10,9	25,6	2
81	10	94,2	50,3	D	8,3	12,5	19	18,3	31,2	3
82	10	107,9	58	D	9,4	15,4	22,4	21,6	37	3
83	10	86	49,4	D	8,1	13,2	18,6	18,1	31,9	3
84	10	94,2	50,3	D	8,3	12,5	19	18,3	31,2	3
85	10	107,9	58	D	9,4	15,4	22,4	21,6	37	3
86	10	86	49,4	D	8,1	13,2	18,6	18,1	31,9	3
87	10	99,6	55,8	D	8,9	13,2	19,8	19,4	31,5	3
88	10	96	53	D	9	11,1	19	16,4	31,3	3
89	10	93,4	52	D	9,2	11,8	16,5	15,3	28,4	3
90	11	107,6	59,7	D	10,4	14	22,4	20,5	35,8	3
91	12	92,5	51,2	D	9,9	12,6	17,6	16	28	3
92	9	9,8	53	D	9,5	12,7	15,5	16	32,5	4
93	9	91,3	50,4	D	9,5	14,4	16,4	14,5	23,6	4

Tablo 2. *T. vittatus* erkek bireylerine ait morfometrik ölçüm değerleri. Bölgeler: 1. Gürbulak, 2. Of, 3. Şinik, 4. Yalıncağ, 5. Kaleönü, 6. Hıdırnebi, 7. Beşirli, 8. Kırazlık, 9. Çamburnu (Trabzon), 10. Gököy (Ordu), 11. Erenköy (Artvin), 12. Zonguldak, 13. Karabük, 14. Bartın, 15. Ceyhan (Adana), 16. Yolbaş Köyü (Hatay), 17. Mezitli (Mersin). Erkek bireyler (E) şeklinde gösterilmiştir.

Örnek no	Bölge	TB	VB	cins	BG	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM	Alttür
1	1	135,2	71,8	E	11,6	15,2	33,3	33,8	9,6	38,3	4
2	1	134,4	67,2	E	10,5	15,2	27,2	28	10	36,9	4
3	1	125,7	60,5	E	10,2	16	21,3	22	14	31	4
4	1	132,4	68,8	E	10,7	15,2	28,3	28,5	6,1	37,2	4
5	1	115,5	59,1	E	10,2	14,9	24,9	26,3	16	30,5	4
6	1	145,2	73,3	E	12	17,2	30,2	31,3	10,7	40,2	4
7	1	137,3	72,2	E	11	15,5	28,3	31,1	4	34	4
8	1	130	68,3	E	12,2	15,7	30,7	32	2	36,8	4
9	1	118	58,3	E	10,5	15,5	22,4	27	11,6	30	4
10	1	122,2	61,1	E	10,7	15,7	24,4	28,5	7,4	31,3	4
11	1	100	52	E	10,5	15,7	18	17,2	9	31,8	4
12	1	111,3	59	E	10,5	14,9	22,2	23,5	6	34,1	4
13	1	120,5	63	E	10,2	13,8	27,2	28,7	10,2	33	4
14	1	117,2	55,5	E	10,2	14,1	24,4	27	9,4	30	4
15	1	115,2	60	E	11,1	14,9	25,7	27,4	10,5	31,3	4
16	1	103,8	53,3	E	9,4	13	26,1	27,1	9,9	28,1	4
17	1	132,2	64,9	E	12,2	17,4	29,6	31,3	12,7	31,6	4
18	1	121,1	60,1	E	11,4	15,7	24,6	26,3	9,1	31,3	4
19	1	130,5	63,3	E	11,3	16,2	28,8	30	10,5	33,3	4
20	1	111,1	60,2	E	11,1	14,9	27,2	27,6	7,2	31,8	4
21	1	122,4	61,7	E	11,2	15,2	28	28,3	14	34,4	4
22	1	125,1	66,2	E	12,1	16,6	26,6	29,4	4,5	36,1	4
23	1	141	65,2	E	12,7	17,4	31	32,2	15	35,7	4
24	1	119,1	59,1	E	10,2	15,5	27,3	28,6	13	29,4	4
25	2	109,4	56,8	E	10	14,4	22,7	23,3	9,9	27,7	4
26	2	138,8	70,7	E	12,4	17,2	28	30,7	10,5	36,3	4
27	2	123,8	61,8	E	11,1	17,4	24,4	26,8	12,2	31,1	4
28	2	134,9	70	E	12,9	17,4	27,7	31,6	12,7	35	4
29	2	126,3	64,1	E	11,3	17,7	25,7	26,6	12,7	31,8	4
30	3	114,9	57,4	E	9,4	12,7	22,4	27,4	19,4	31,6	4
31	3	104,4	55,2	E	8,5	12,6	21,6	22,2	6	30,5	4
32	3	123	61,6	E	9,1	13,3	23,3	27,7	18,3	36,6	4
33	3	136,3	65,7	E	10,5	14,2	27	31,1	24,1	39	4
34	3	123,8	62,7	E	9,9	12,7	26,3	27,4	19,4	33,8	4
35	3	138,3	69,4	E	11,1	16,6	28,3	30,2	22,4	3,94	4
36	3	129,4	63,5	E	10,2	15,2	27,2	29,8	20	34,8	4
37	3	117,2	63,3	E	10	13,8	26,1	26,8	18	33	4
38	3	130,5	63,3	E	10,5	15,5	26,1	27,2	19,8	35,2	4
39	3	118,3	59,4	E	10	13,8	24,4	25,7	20,5	32,7	4
40	3	130,5	64,4	E	11	13,3	25,2	28	19	33,3	4
41	4	127,2	66,6	E	12,7	15,2	28,9	30,1	12,7	36,1	4
42	4	117,7	60,5	E	11,1	14,9	24,6	27,8	7,2	31,3	4

Tablo 2'nin devamı

43	5	149	73,3	E	13,3	19,4	37	38	9	42	4
44	15	68,3	34,1	E	6,6	9,6	13,3	14	2	18,3	2
45	6	130,5	67	E	11,6	14,4	26,9	28	21	33	4
46	6	98,3	55,2	E	9,6	12,7	24,4	24,4	27	29,4	4
47	6	123,5	62,2	E	10,5	14,9	24,9	26,1	10,9	31	4
48	6	131,6	67,2	E	11,6	17,2	27,2	30,5	10,2	35,2	4
49	6	133,8	64,4	E	11,8	15,5	27,2	32,2	9,6	34,9	4
50	6	111,3	56,3	E	10,5	14,1	26	27,7	7,4	31,3	4
51	6	104,4	53,8	E	10	14,4	25,9	26,8	10	27,9	4
52	6	124,1	70	E	12,7	16	28,8	30,5	14,9	34	4
53	6	124,1	59,4	E	13,3	20,6	27,2	31	7,2	32,7	4
54	6	132,7	64,6	E	12	1,52	2,91	3	1,27	3,49	4
55	7	133,5	55,2	E	12,7	16,3	26,6	29,4	25,7	37,2	4
56	7	135,5	67,1	E	11,8	17,7	30	33,3	18,8	38,3	4
57	7	149,6	72,7	E	12	18,8	35	37	17,4	40,2	4
58	7	114,4	61,6	E	9,9	15,2	22,2	23,5	6,1	32,7	4
59	7	123,8	63,5	E	10,5	15	25,7	27,2	8,3	34,9	4
60	7	125,5	70,5	E	12	17	32,2	33,5	13,8	37,7	4
61	7	131,1	67	E	12,2	16,2	27,7	32,7	9,9	33,5	4
62	16	97,2	48,8	E	9,1	13,3	18	19	9,4	27	1
63	16	88,3	44	E	9	13	17,4	19,4	9,1	22,2	1
64	16	85,7	43,8	E	6,7	11	15,5	18	7,2	22,2	1
65	11	128,5	62,7	E	11,3	15,7	27	28	8,3	32,2	4
66	11	111,1	56,6	E	9,6	14	25,2	26	10	29,1	4
67	11	107,2	56,1	E	9,1	13,8	22,2	23,5	11,8	30,2	4
68	11	138,8	69,4	E	12,2	16,6	29,4	30	6,8	33,5	4
69	8	142,2	74,1	E	13,5	17,2	35,9	37	17,7	37,8	4
70	9	112,4	57,4	E	9,9	14,9	22,2	23,5	18,8	31,6	4
71	9	105,2	58,3	E	10,5	14,4	22	17	7	29,9	4
72	17	71,9	36,9	E	6,3	9,3	12,3	16,1	8	26	2
73	17	88	43,8	E	7,2	11,7	13,5	16,5	2,8	27,6	2
74	12	108,7	57,8	E	9,7	14	27	28,1	3	33,3	3
75	12	121,8	62,7	E	10,6	15,8	29,2	30,1	4,1	41,1	3
76	12	103,2	52,2	E	9,2	14,2	25,9	28,1	2,9	33	3
77	12	110,4	57,3	E	9,7	14,3	27,2	28,4	3,4	37,9	3
78	12	108,7	57,8	E	9,9	14	27	28,1	3,6	33	3
79	12	121,8	62,7	E	10,6	15,8	29,2	30,1	4,6	41,1	3
80	12	103,2	52,2	E	9,3	14,2	25,9	28,1	3,5	33	3
81	12	110,4	57,3	E	9,7	14,3	27,2	28,4	3,6	37,9	3
82	13	116,2	58	E	10,1	14,2	23,6	27,4	12,4	32,7	3
83	14	122,7	66,5	E	12	15,5	25	26,3	19,5	36	3
84	10	129	68,1	E	10,1	12,7	26,3	28,3	15,7	50,8	4
85	10	104	59,8	E	10,7	15,5	22,9	26,5	11	40,3	4
86	10	114	54,9	E	9,2	16,4	21	25,3	14,5	38,7	4

Tablo 3. Dişî bireylere ait ANOVA analizi sonuçları

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	Sig.
TB	Gruplar Arası	8411,386	3	2803,795	27,311	,000
	Gruplar İçi	9136,919	89	102,662		
	Toplam	17548,305	92			
VB	Gruplar Arası	2877,337	3	959,112	32,341	,000
	Gruplar İçi	2639,409	89	29,656		
	Toplam	5516,747	92			
BG	Gruplar Arası	87,330	3	29,110	17,792	,000
	Gruplar İçi	145,611	89	1,636		
	Toplam	232,941	92			
BB	Gruplar Arası	154,101	3	51,367	17,077	,000
	Gruplar İçi	267,706	89	3,008		
	Toplam	421,807	92			
ÖAU	Gruplar Arası	430,027	3	143,342	28,839	,000
	Gruplar İçi	442,372	89	4,970		
	Toplam	872,399	92			
AAU	Gruplar Arası	398,723	3	132,908	25,067	,000
	Gruplar İçi	471,884	89	5,302		
	Toplam	870,607	92			
AAM	Gruplar Arası	791,898	3	263,966	18,984	,000
	Gruplar İçi	1237,522	89	13,905		
	Toplam	2029,420	92			

Tablo 4. Erkek bireylere ait ANOVA analizi sonuçları

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	Sig.
TB	Gruplar Arası	10018,427	3	3339,476	25,713	,000
	Gruplar İçi	10649,621	82	129,873		
	Toplam	20668,048	85			
VB	Gruplar Arası	2608,692	3	869,564	30,092	,000
	Gruplar İçi	2369,571	82	28,897		
	Toplam	4978,263	85			
BG	Gruplar Arası	74,065	3	24,688	20,583	,000
	Gruplar İçi	98,357	82	1,199		
	Toplam	172,422	85			
BB	Gruplar Arası	103,743	3	34,581	14,797	,000
	Gruplar İçi	191,640	82	2,337		
	Toplam	295,383	85			
ÖAU	Gruplar Arası	766,393	3	255,464	24,149	,000
	Gruplar İçi	867,452	82	10,579		
	Toplam	1633,845	85			
AAU	Gruplar Arası	707,053	3	235,684	19,067	,000
	Gruplar İçi	1013,591	82	12,361		
	Toplam	1720,644	85			

Tablo 4'ün devamı

AAM	Gruplar Arası	632,150	3	210,717	14,232	,000
	Gruplar İçi	1214,118	82	14,806		
	Toplam	1846,268	85			
KB	Gruplar Arası	498,921	3	166,307	6,209	,001
	Gruplar İçi	2196,235	82	26,783		
	Toplam	2695,156	85			

3.1.2. Mann-Whitney U Testi

Morfometrik olarak birbirinden ayrılan 4 grubu ikişerli olarak birbirleriyle karşılaştırmak için Mann-Whitney U testi gerçekleştirilmiştir. Bu testin sonuçlarına göre dişi ve erkek bireylerde grupları arasında ikili karşılaştırmalarda ölçüm değerlerinin çoğunda önemli derecede farklılıklar bulunmuştur. Hatay'daki bireyler Adana ve Mersin'dekilerden dişilerde baş boyu (BB) ve ayaklar arası mesafe (AAM) değerleri hariç diğer 5 değer bakımından önemli derecede farklı bulunurken, erkeklerde ön ayak uzunluğu (ÖAU) ve arka ayak uzunluğu değerleri önemli derecede farklı bulunmuştur. Hatay'daki bireyler Batı Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişilerde baş genişliği (BG) ve baş boyu (BB) değerleri dışındaki tüm değerler arasında önemli farklılık görülürken, erkeklerde krista boyu (KB) değeri hariç tüm değerler arasında önemli farklılıklar görülmüştür. Hatay'daki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişilerde ölçülen tüm değerlerin birbirinden önemli derecede farklı olduğu, erkeklerde ise krista boyu (KB) değeri hariç ölçülen tüm değerler arasında önemli derecede fark olduğu tespit edilmiştir. Adana ve Mersin'deki bireyler Batı Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişi bireylerde ölçülen tüm değerler arasında önemli derecede fark bulunurken, erkeklerde krista boyu (KB) değeri hariç tüm değerler arasında önemli derecede farklılıklar bulunmuştur. Adana ve Mersin'deki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; hem dişi, hem de erkek bireylerde ölçülen tüm değerler arasında önemli farklılıklar görülmüştür. Son olarak Batı Karadeniz'deki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında dişi bireylerde baş genişliği (BG) değeri bakımından önemli derecede fark bulunurken diğer değerler arasında önemli fark bulunamamıştır. Erkek bireylerde ise toplam boy (TB), vücut boyu (VB), baş genişliği (BG) ve krista boyu (KB) değerleri arasında önemli derecede farklılık bulunurken, baş boyu (BB), ön ayak uzunluğu (ÖAU),

arka ayak uzunluğu (AAU) ve ayaklar arası mesafe (AAM) değerleri bakımından önemli derecede fark bulunamamıştır.

Mann-Withney U testine ait tüm sonuçlar dişi bireyler için Tablo 5’de ve erkek bireyler için Tablo 6’da verilmiştir.

Tablo 5. Dişi bireylere ait Mann-Whitney U testi sonuçları. *Triturus vittatus*’un bireyleri 4 ana grupta toplanarak (1. *T. v. vittatus*, 2. *T. v. cilicensis*, 3. *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve 4. *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz) bu ana gruplar birbirleri arasında karşılaştırılmıştır. Karşılaştırmalar: a) 1-2, b) 1-3, c) 1-4, d) 2-3, e) 2-4 ve f) 3-4.

a	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	,000	,500	,000	,000	3,000
Wilcoxon W	21,000	21,000	21,000	21,500	21,000	21,000	24,000
Z	-2,000	-2,012	-2,012	-1,844	-2,049	-2,012	-1,000
Asymp. Sig. (2-tailed)	,046	,044	,044	,065	,040	,044	,317
b	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	2,000	1,000	,000	,000	,000
Wilcoxon W	3,000	3,000	5,000	4,000	3,000	3,000	3,000
Z	-2,089	-2,089	-1,567	-1,833	-2,102	-2,095	-2,089
Asymp. Sig. (2-tailed)	,037	,037	,117	,067	,036	,036	,037
c	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	4,000	,000	12,500	6,000	6,000	5,000	6,000
Wilcoxon W	7,000	3,000	15,500	9,000	9,000	8,000	9,000
Z	-2,279	-2,404	-2,017	-2,219	-2,217	-2,251	-2,217
Asymp. Sig. (2-tailed)	,023	,016	,044	,026	,027	,024	,027
d	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000
Wilcoxon W	21,000	21,000	21,000	21,000	21,000	21,000	21,000
Z	-3,098	-3,102	-3,102	-3,102	-3,119	-3,098	-3,098
Asymp. Sig. (2-tailed)	,002	,002	,002	,002	,002	,002	,002
e	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	1,000	,000	6,000	,000	3,000	2,000	8,000
Wilcoxon W	22,000	21,000	27,000	21,000	24,000	23,000	29,000
Z	-4,046	-4,063	-3,962	-4,067	-4,012	-4,032	-3,922
Asymp. Sig. (2-tailed)	,000	,000	,000	,000	,000	,000	,000
f	TB	VB	BG	BB	ÖAU	AAU	AAM
Mann-Whitney U	222,500	251,500	163,500	208,500	282,500	280,500	273,500
Wilcoxon W	258,500	287,500	199,500	244,500	318,500	3283,500	3276,500
Z	-1,287	-,851	-2,178	-1,499	-,384	-,414	-,519
Asymp. Sig. (2-tailed)	,198	,395	,029	,134	,701	,679	,603

Tablo 6. Erkek bireylere ait Mann-Whitney U testi sonuçları. *Triturus vittatus*'un bireyleri 4 ana grupta toplanarak (1. *T. v. vittatus*, 2. *T. v. cilicensis*, 3. *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve 4. *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz) bu ana gruplar birbirleri arasında karşılaştırılmıştır. Karşılaştırmalar: a) 1-2, b) 1-3, c) 1-4, d) 2-3, e) 2-4 ve f) 3-4.

a	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	1,000	,500	1,000	1,000	,000	,000	1,000	4,000
Wilcoxon W	7,000	6,500	7,000	7,000	6,000	6,000	7,000	10,000
Z	-1,528	-1,771	-1,528	-1,528	-1,964	-1,964	-1,528	-,221
Asymp. Sig. (2-tailed)	,127	,077	,127	,127	,050	,050	,127	,825
b	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	,000	,000	,000	,000	6,000	,000
Wilcoxon W	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	61,000	6,000
Z	-2,550	-2,550	-2,553	-2,560	-2,550	-2,578	-1,523	-2,560
Asymp. Sig. (2-tailed)	,011	,011	,011	,010	,011	,010	,128	,010
c	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	3,000	12,500	,500	6,000	51,500	,000
Wilcoxon W	6,000	6,000	9,000	18,500	6,500	12,000	57,500	6,000
Z	-2,918	-2,918	-2,841	-2,576	-2,906	-2,752	-1,487	-2,919
Asymp. Sig. (2-tailed)	,004	,004	,004	,010	,004	,006	,137	,004
d	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	,000	,000	,000	,000	8,000	,000
Wilcoxon W	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	14,000	6,000
Z	-2,550	-2,550	-2,553	-2,560	-2,550	-2,578	-1,185	-2,557
Asymp. Sig. (2-tailed)	,011	,011	,011	,010	,011	,010	,236	,011
e	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	,000	,000	,000	,000	,000	,000	17,500	,000
Wilcoxon W	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	6,000	23,500	6,000
Z	-2,918	-2,918	-2,924	-2,924	-2,920	-2,919	-2,432	-2,919
Asymp. Sig. (2-tailed)	,004	,004	,003	,003	,003	,004	,015	,004
f	TB	VB	BĞ	BB	ÖAU	AAU	KB	AAM
Mann-Whitney U	141,000	185,000	177,000	236,500	323,000	332,500	122,000	237,000
Wilcoxon W	196,000	240,000	232,000	291,500	2808,000	2817,500	177,000	2722,000
Z	-3,041	-2,401	-2,521	-1,654	-,393	-,255	-3,318	-1,645
Asymp. Sig. (2-tailed)	,002	,016	,012	,098	,694	,799	,001	,100

Mann-Whitney U testi sonucunda 4 ana grup arasında istatistiki olarak önemli derecede farklı olduğu tespit edilen morfometrik karakterlere ait ortalama, minimum ve maksimum değerler dişi bireyler için Tablo 7'de ve erkek bireyler için Tablo 8'de verilmiştir.

Tablo 7. Dişi bireyler için Mann-Whitney U testi sonucunda istatistiki olarak önemli derecede farklı bulunan karakterlere ait ortalama değerler. (1. *T. v. vittatus*, 2. *T. v. cilicensis*, 3. *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve 4. *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz). a) 1-2, b) 1-3, c) 1-4, d) 2-3, e) 2-4 ve f) 3-4.

	N	Ortalama (mm)	Sd	Minimum (mm)	Maksimum (mm)
a					
TB	93	97,8591	13,8110	57,40	131,00
VB	93	53,5667	7,7437	30,50	72,70
BG	93	9,6097	1,5912	3,50	13,30
ÖAU	93	18,7849	3,0794	10,00	24,40
AAU	93	17,1720	3,0762	8,30	24,10
b					
TB	93	97,8591	13,8110	57,40	131,00
VB	93	53,5667	7,7437	30,50	72,70
ÖAU	93	18,7849	3,0794	10,00	24,40
AAU	93	17,1720	3,0762	8,30	24,10
AAM	93	30,1000	4,6967	16,00	38,80
c					
TB	93	97,8591	13,8110	57,40	131,00
VB	93	53,5667	7,7437	30,50	72,70
BG	93	9,6097	1,5912	3,50	13,30
BB	93	13,5054	2,1412	8,00	20,00
ÖAU	93	18,7849	3,0794	10,00	24,40
AAU	93	17,1720	3,0762	8,30	24,10
AAM	93	30,1000	4,6967	16,00	38,80
d					
TB	93	97,8591	13,8110	57,40	131,00
VB	93	53,5667	7,7437	30,50	72,70
BG	93	9,6097	1,5912	3,50	13,30
BB	93	13,5054	2,1412	8,00	20,00
ÖAU	93	18,7849	3,0794	10,00	24,40
AAU	93	17,1720	3,0762	8,30	24,10
AAM	93	30,1000	4,6967	16,00	38,80
e					
TB	93	97,8591	13,8110	57,40	131,00
VB	93	53,5667	7,7437	30,50	72,70
BG	93	9,6097	1,5912	3,50	13,30
BB	93	13,5054	2,1412	8,00	20,00
ÖAU	93	18,7849	3,0794	10,00	24,40
AAU	93	17,1720	3,0762	8,30	24,10
AAM	93	30,1000	4,6967	16,00	38,80
f					
BG	93	9,6097	1,5912	3,50	13,30

Tablo 8. Erkek bireyler için Mann-Whitney U testi sonucunda istatistiki olarak önemli derecede farklı bulunan karakterlere ait ortalama değerler.

	N	Ortalama (mm)	Sd	Minimum (mm)	Maksimum (mm)
a					
ÖAU	86	25,7314	4,3843	12,30	37,00
AAU	86	27,5174	4,4992	14,00	38,00
b					
TB	86	119,7733	15,5934	68,30	149,60
VB	86	60,9860	7,6530	34,10	74,10
CINS	86	1,0000	,0000	1,00	1,00
BG	86	10,6209	1,4243	6,30	13,50
BB	86	15,0616	1,8642	9,30	20,60
ÖAU	86	25,7314	4,3843	12,30	37,00
AAU	86	27,5174	4,4992	14,00	38,00
AAM	86	33,5407	4,6606	18,30	50,80
c					
TB	86	119,7733	15,5934	68,30	149,60
VB	86	60,9860	7,6530	34,10	74,10
CINS	86	1,0000	,0000	1,00	1,00
BG	86	10,6209	1,4243	6,30	13,50
BB	86	15,0616	1,8642	9,30	20,60
ÖAU	86	25,7314	4,3843	12,30	37,00
AAU	86	27,5174	4,4992	14,00	38,00
AAM	86	33,5407	4,6606	18,30	50,80
d					
TB	86	119,7733	15,5934	68,30	149,60
VB	86	60,9860	7,6530	34,10	74,10
CINS	86	1,0000	,0000	1,00	1,00
BG	86	10,6209	1,4243	6,30	13,50
BB	86	15,0616	1,8642	9,30	20,60
ÖAU	86	25,7314	4,3843	12,30	37,00
AAU	86	27,5174	4,4992	14,00	38,00
AAM	86	33,5407	4,6606	18,30	50,80
e					
TB	86	119,7733	15,5934	68,30	149,60
VB	86	60,9860	7,6530	34,10	74,10
CINS	86	1,0000	,0000	1,00	1,00
BG	86	10,6209	1,4243	6,30	13,50
BB	86	15,0616	1,8642	9,30	20,60
ÖAU	86	25,7314	4,3843	12,30	37,00
AAU	86	27,5174	4,4992	14,00	38,00
KB	86	11,0872	5,6310	2,00	25,70
AAM	86	33,5407	4,6606	18,30	50,80

Tablo 8'in devamı

f					
TB	86	119,7733	15,5934	68,30	149,60
VB	86	60,9860	7,6530	34,10	74,10
CINS	86	1,0000	,0000	1,00	1,00
BG	86	10,6209	1,4243	6,30	13,50
KB	86	11,0872	5,6310	2,00	25,70

3.2. Moleküler Analizler

3.2.1. DNA Dizin Analizi

Bu çalışmada 11 ilde bulunan 20 farklı populyasyondan 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmı için toplam 118 ve *cytB* geninin 397 bazlık kısmı için toplam 112 bireyin DNA dizin analizi yapılmıştır. Kullanılan örneklerin alındıkları yerler 16S rRNA geni için Tablo 9'de, *cytB* geni için ise Tablo 10'de verilmiştir. 16S rRNA geni için analiz edilen gen sırası Tablo 11'da ve *cytB* geni için analiz edilen gen sırası Tablo 12'da verilmiştir. Her iki gen için de *mer1* haplotipi üzerinde mutabakata varılan (consensus) dizin olarak gösterilmiştir.

Tablo 9. *Triturus vittatus* bireylerinin 16S rRNA geni için incelenen toplam 118 bireyin ait oldukları lokasyonlar

Populasyon no.	Lokasyon	n
1	Mersin (Mezitli)	8
2	Adana (Ceyhan)	3
3	Hatay (Altınözü)	9
4	Zonguldak (Kilimli)	13
5	Karabük	2
6	Bartın	2
7	Ordu (Gölköy)	5
8	Artvin (Arhavi)	3
9	Rize (Ardeşen)	10 (Larva)
10	Giresun (Kümbet)	18 (Larva)

Tablo 9'nin devamı

11	Trabzon (KTÜ Kampüs)	9 (Larva)
12	Trabzon (Hıdırnebi)	10
13	Trabzon (Uzungöl)	6
14	Trabzon (Çamburnu)	2
15	Trabzon (Gürbulak)	9
16	Trabzon (Uğurlu)	2
17	Trabzon (Akçaabat)	1
18	Trabzon (Pelitli)	1
19	Trabzon (Maçka)	3
20	Trabzon (Yalıncağ)	2

Tablo 10. *Triturus vittatus* bireylerinin *cytB* geni için incelenen toplam 112 bireyin ait oldukları lokasyonlar

Populasyon no.	Lokasyon	n
1	Mersin (Mezitli)	9
2	Adana (Ceyhan)	5
3	Hatay (Altınözü)	8
4	Zonguldak (Kilimli)	12
5	Karabük	2
6	Bartın	2
7	Ordu (Gölköy)	5
8	Artvin (Arhavi)	2
9	Rize (Ardeşen)	10 (Larva)
10	Giresun (Kümbet)	16 (Larva)
11	Trabzon (KTÜ Kampüs)	6 (Larva)
12	Trabzon (Hıdırnebi)	10
13	Trabzon (Uzungöl)	3
14	Trabzon (Kirazlık)	1
15	Trabzon (Gürbulak)	13
16	Trabzon (Uğurlu)	1

Tablo 11'in devamı

	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
mer1	CTCCGAGATAAAACAACCTTAGAAAAGATACTTCGAAGACTAAAACATTTGTTATAAATGATCCACTAAGTGACCAACAAACCAAGTTACCCCTAGGGATAACA									
ada2									
hat1G.....C..G.T.....									
hat2C..G.T.....									
zon1T.....A.....C.A.....									
kar1T.....A.....C.A.....									
kar2T.....A.....C.A.....									
bar1T.....A.....C.A.....									
bar2T.....A.....C.A.....									
ord1A.....T.C.A.....									
ord2A.....T.C.A.....									
ord3A.....T.C.A.....									
arh1A.....T.C.A.....									
zon13T.....A.....C.A.....									
gir13A.....T.C.A.....									
	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
mer1	AGCGCAATCCTTTCTAAGAGTCCCTATCGACGAATGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGACACCCAAATGGTGCAGCCGCTATTAAGGTTTCGTTTG									
ada2									
hat1									
hat2									
zon1T.....A.....									
kar1T.....A.....									
kar2T.....A.....									
bar1T.....A.....									
bar2T.....A.....									
ord1									
ord2									
ord3									
arh1									
zon13T.....A.....									
gir13									
	510	520	530	540						
mer1	TTCAACGATTAAGTCCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGG									
ada2C.....									
hat1									
hat2									
zon1									
kar1C.A.....									
kar2C.....									
bar1G.....									
bar2									
ord1									
ord2C.....									
ord3C.....									
arh1									
zon13									
gir13									

Tablo 12'nin devamı

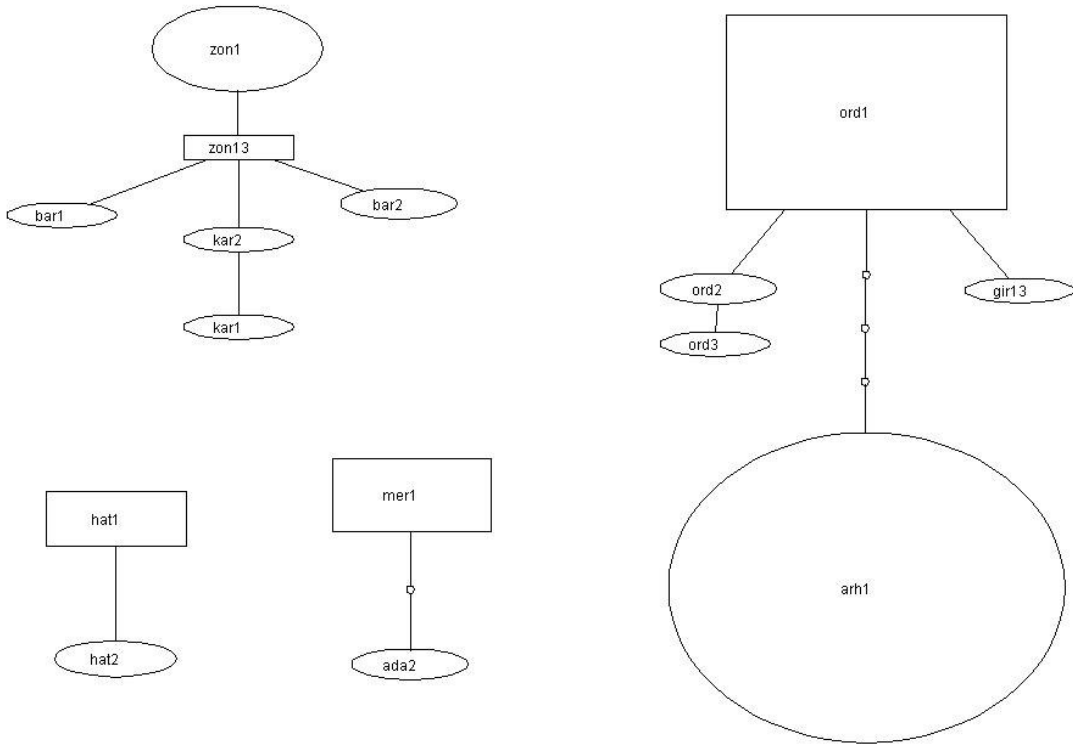
	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
mer1	TAGTACGAAGTATCCACGCCAACGGAGCTTCATTCTTTTTTATTGTATTTACCTTCACATTGGACGAGGGATATACTATGGCTCCTACATGTTTACAGA									
mer4										
ada1										
ada2										
ada3										
ada4										
ada5										
hat1	.G...G.A.....T...C.....C.....T.A...T..									
hat5	.G...G.A.....T...C.....C.....T.A...T..									
hat6	.G...G.A.....T...C.....C.....T.A...T..									
zon1A...T.....G..C.....C..C.....C..T.....A...T..C..A...T.....									
zon8AC...T.....G..C.....C..C.....C..T.....A...T..C..A...T.....									
kar1AC...T.....G..C.....C..C.....C..T.....A...T..C..A...T.....									
kar2AC...T.....G..C.....C..C.....C..T.....A...T..C..A...T.....									
ord1A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
arh1A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
riz1A...T..T.....C.....C..C.....A...T.....A...T.....									
riz3A...T..T.....C.....C..C.....A...T.....A...T.....									
kir1A...T..T.....C.....C..C.....A...T.....A...T.....									
hid2A...T..T.....C.....C..C.....A...T.....A...T.....									
gur2A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
gur6A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
yal2A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....T.....A...T.....									
riz10A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
gir11A...T..T.....C.....C..C.....G...A.....G...T.....									
	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
mer1	AACATTGGGTAAATCTTACTATTCTTAGTAATAGCCACTGCTTTTGTAGGGTACGCTTACCATGAGGACAAATATCATTCTGAGGGGC									
mer4										
ada1										
ada2										
ada3										
ada4										
ada5										
hat1	.T..C..C.....G.....A.....									
hat5	.T..C..C.....G.....A.....G.....									
hat6	.T..C..C.....G.....A.....									
zon1	.T.....G.....C..A..T...C..G..G.....									
zon8	.T.....G.....C..A..T...C..G..G.....									
kar1	.T.....G.....C..A..T...C..G..G.....									
kar2	.T.....G.....C..A..T...C..G..G.....									
ord1	.T..C.....A.....C.....									
arh1	.T..C.....A.....C.....									
riz1	.T.....T..C.....A.....C.....									
riz3	.T..C.....T..C.....G.....A.....C.....									
kir1	.T..C.....T..C.....G.....A.....C.....									
hid2	.T..C.....T.....G.....A.....C.....									
gur2	.T..C.....T.....A.....C.....									
gur6	.T..C.....T.....A.....C.....									
yal2	.T..C.....T..C.....G.....A.....C.....									
riz10	.T..C.....T.....A.....C.....									
gir11	.T..C.....T.....A.....C.....									

3.2.2. DNA Dizilerinin Clustal W Programı ile Karşılaştırılması ve BioEdit Programına Aktarılması

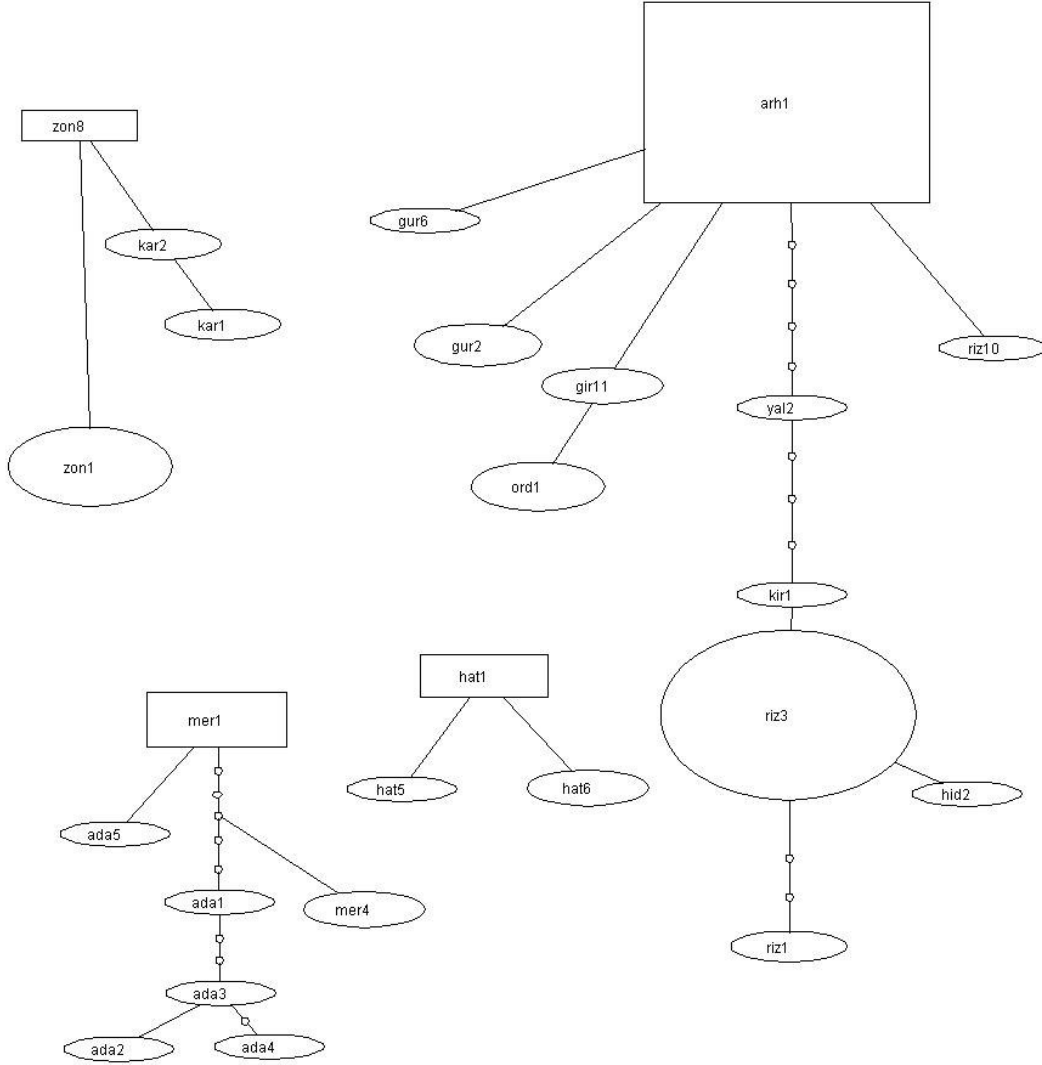
DNA dizilerini TCS ve PAUP analizlerine hazır hale getirmek için bu diziler Clustal W programında karşılaştırıldı ve Bioedit programına yüklendi. Son olarak analizler için uygun olan Fasta, Nexus ve PHYLIP formatlarına dönüştürüldü.

3.2.3. TCS Analizi

TCS (versiyon 1.18) analizine göre; 16S rRNA geni için incelenen 118 DNA dizisi için 15 haplotip (Şekil 12) ve *cytB* geni için incelenen 112 DNA dizisi için 25 haplotip (Şekil 13) bulunmuştur. *CytB* genine ait daha az DNA dizisi olmasına karşın 10 adet daha fazla haplotip belirlenmesi *cytB* geninde değişimlerin (varyasyon) görülme olasılığının daha fazla olduğunu göstermektedir. Haplotipler arasında 16S rRNA geni için 4 baza kadar ve *cytB* geni için 13 baza kadar fark bulunmuştur. 16S rRNA ve *cytB* genleri için yapılan TCS analizi sonucuna bakıldığında örneklerin alındığı bölgeler göz önünde bulundurulunca 4 farklı grup haplotip ayrımı (*T. v. vittatus*, *T. v. cilicensis*, *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz) ortaya çıkmaktadır. 16S rRNA geni için *T. v. vittatus* grubu için atasal haplotip hat 1, *T. v. cilicensis* grubu için atasal haplotip mer 1, *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz grubu için atasal haplotip zon 1 ve *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz grubu için atasal haplotipler ord 1 ve arh 1 olarak belirlenmiştir.



Şekil 12. TCS analizi sonucunda 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmı için bulunan haplotipler



Şekil 13. TCS analizi sonucunda *cytB* geninin 397 bazlık kısmı için bulunan haplotipler

3.2.4. Modeltest 3.8 Programı ile En Uygun Baz Değişimi Modelinin Bulunması

TCS analizi sonucunda saptanan 16S rRNA geni için 15 ve *cytB* geni için 25 haplotipin DNA dizileri Modeltest 3.8 programında analiz edildiğinde hiyerarşik olasılık oran testlerine (hLRTS, 16S rRNA geni için Tablo 13 ve *cytB* geni için Tablo 14) göre en uygun baz değişim modelinin 16S rRNA geni için HKY+G olduğu ($-\ln L=1818.7648$, $K=34$) ve baz frekanslarının ise $A=0.3477$, $C=0.1952$, $G=0.1977$, $T=0.2594$ ve T_i / T_v oranının 2.5891 olduğu, *cytB* geni içinse en iyi modelin yine HKY+G olduğu ($-\ln L=1681.1935$, $K=54$) ve baz frekanslarının ise $A=0.2957$, $C=0.2260$, $G=0.1574$, $T=$

0.3209 ve T_i / T_v oranının 5.1360 olduğu bulunmuştur. Ayrıca analiz sonucunda oluşan 'scores' dosyası filogenetik analizler için PAUP programı tarafından kullanılmıştır.

Tablo 13. 16S rRNA geni için Modeltest 3.8 programının analiz sonuçları

Eşit baz frekansları

Sıfır hipotezi = JC	-lnL0 = 1876.0320
Alternatif hipotez = F81	-lnL1 = 1846.4281
$2(\ln L_1 - \ln L_0) = 59.2078$	df = 3

$T_i = T_v$

Sıfır hipotezi = F81	-lnL0 = 1846.4281
Alternatif hipotez = HKY	-lnL1 = 1823.8842
$2(\ln L_1 - \ln L_0) = 45.0879$	df = 1
P değeri = < 0.000001	

Eşit T_i oranları

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1823.8842
Alternatif hipotez = TrN	-lnL1 = 1823.8588
$2(\ln L_1 - \ln L_0) = 0.0508$	df = 1
P değeri = < 0.821709	

Eşit T_v oranları

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1823.8842
Alternatif hipotez = K81uf	-lnL1 = 1823.8120
$2(\ln L_1 - \ln L_0) = 0.1443$	df = 1
P değeri = 0.704056	

Karakterler arasında eşit oransal homojenlik

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1823.8842
Alternatif hipotez = HKY+G	-lnL1 = 1818.7648
$2(\ln L_1 - \ln L_0) = 10.2388$	df = 1
P değeri = 0.000688	

Sabit karakterler olmadan

Sıfır hipotezi = HKY+G	-lnL0 = 1818.7648
------------------------	-------------------

Tablo 13'ün devamı

Alternatif hipotez = HKY+G	-lnL1 = 1817.0432
2(lnL1-lnL0) = 3.4431	df = 1
P değeri = 0.031758	

Tablo 14. *CytB* geni için Modeltest 3.8 programının analiz sonuçları

Eşit baz frekansları

Sıfır hipotezi = JC	-lnL0 = 1774.4316
Alternatif hipotez = F81	-lnL1 = 1747.0498
2(lnL1-lnL0) = 54.7637	df = 3

Ti = Tv

Sıfır hipotezi = F81	-lnL0 = 1747.0498
Alternatif hipotez = HKY	-lnL1 = 1697.4402
2(lnL1-lnL0) = 99.2192	df = 1
P değeri = < 0.000001	

Eşit Ti oranları

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1697.4402
Alternatif hipotez = TrN	-lnL1 = 1697.4200
2(lnL1-lnL0) = 0.0403	df = 1
P değeri = < 0.840928	

Eşit Tv oranları

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1697.4402
Alternatif hipotez = K81uf	-lnL1 = 1695.2413
2(lnL1-lnL0) = 4.3977	df = 1
P değeri = 0.035987	

Karakterler arasında eşit oransal homojenlik

Sıfır hipotezi = HKY	-lnL0 = 1697.4402
Alternatif hipotez = HKY+G	-lnL1 = 1681.1935
2(lnL1-lnL0) = 32.4934	df = 1
P değeri = < 0.000001	

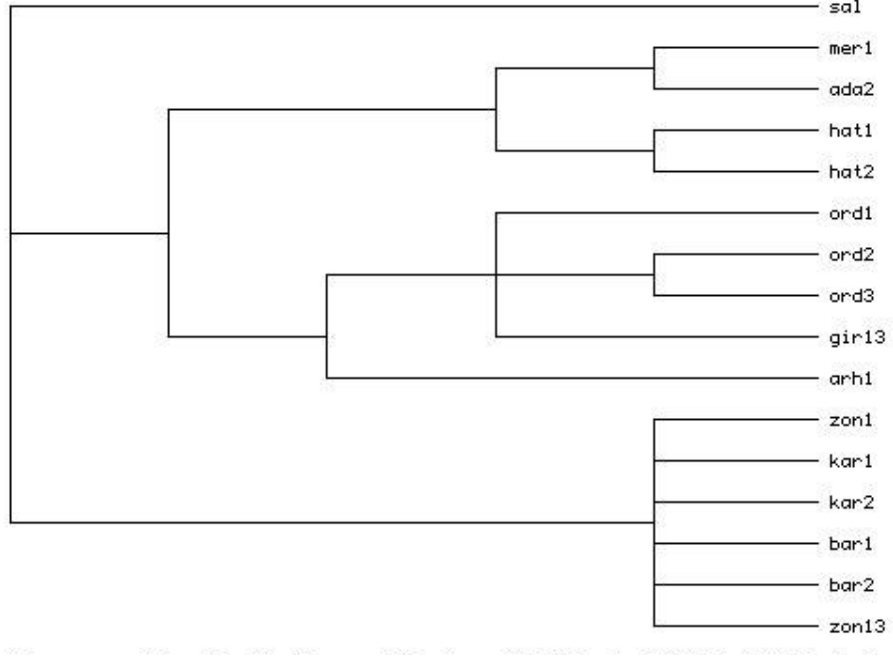
Tablo 14'ün devamı

Sabit karakterler olmadan

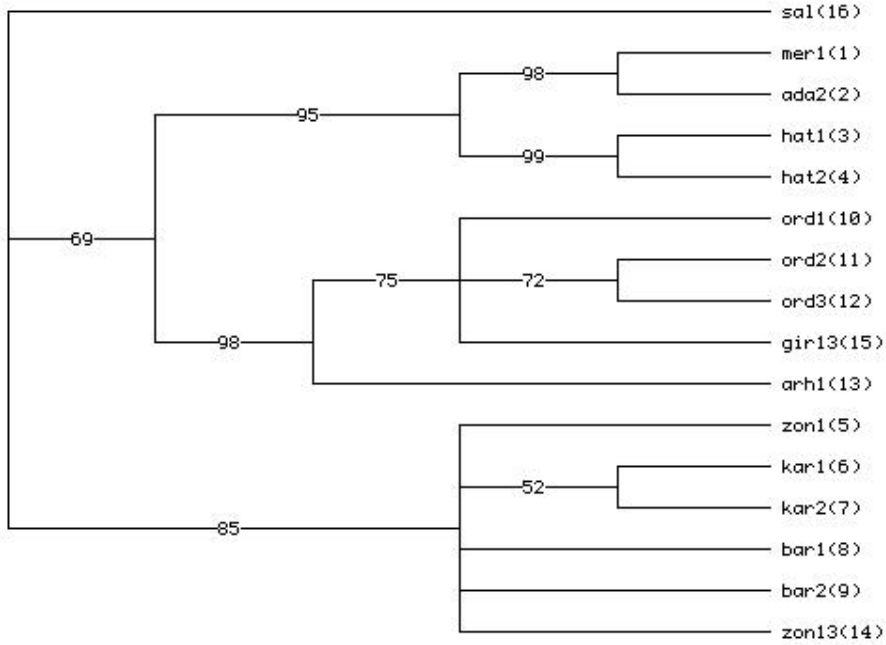
Sıfır hipotezi = HKY+G	-lnL0 = 1681.1935
Alternatif hipotez = HKY+I+G	-lnL1 = 1680.2284
$2(\ln L1 - \ln L0) = 1.9302$	df = 1
P değeri = 0.082370	

3.2.5. Maksimum Parsimoni (Maksimum Tutumluluk) Analizi

Parsimoni analizinde 16S rRNA geni için toplam 541 karakter incelenmiş ve bunların 150'sinin sürekli, 391'inin ise değişken karakterli olduğu görülmüştür. Bu 391 değişken karakterin sadece 43'ünün anlamlı olduğu, 352'sinin ise anlamlı olmadığı belirlenmiştir. Hüristik inceleme sonucunda, toplam 15108 farklı ağaç topolojisi oluşturulmuş ve en iyi parsimonik ağaçların skoru 431 olarak bulunmuştur. Son olarak 4 tane ağaç kaydedilmiştir. Bu 4 ağacın 'strict consensus' (kesin mutabakata varılan) filogramı ve 100 tekrarlı seç-bağla testi değerleri Şekil 14 ve Şekil 15'de verilmiştir. Parsimoni analizinde dış grup olarak *Salamandra salamandra* (Bocxlaer vd., 2006) 'ya ait baz dizilişi (EF017949) kullanılmıştır. TCS analizi sonucunda oluşan ağa benzer olarak 4 ana grubun (*T. v. vittatus*, *T. v. cilicensis*, *T. v. ophryticus* Batı Karadeniz ve *T. v. ophryticus* Doğu Karadeniz haplotipleri birbirinden ayrılmış ve kendi içlerinde dallanmışlardır.

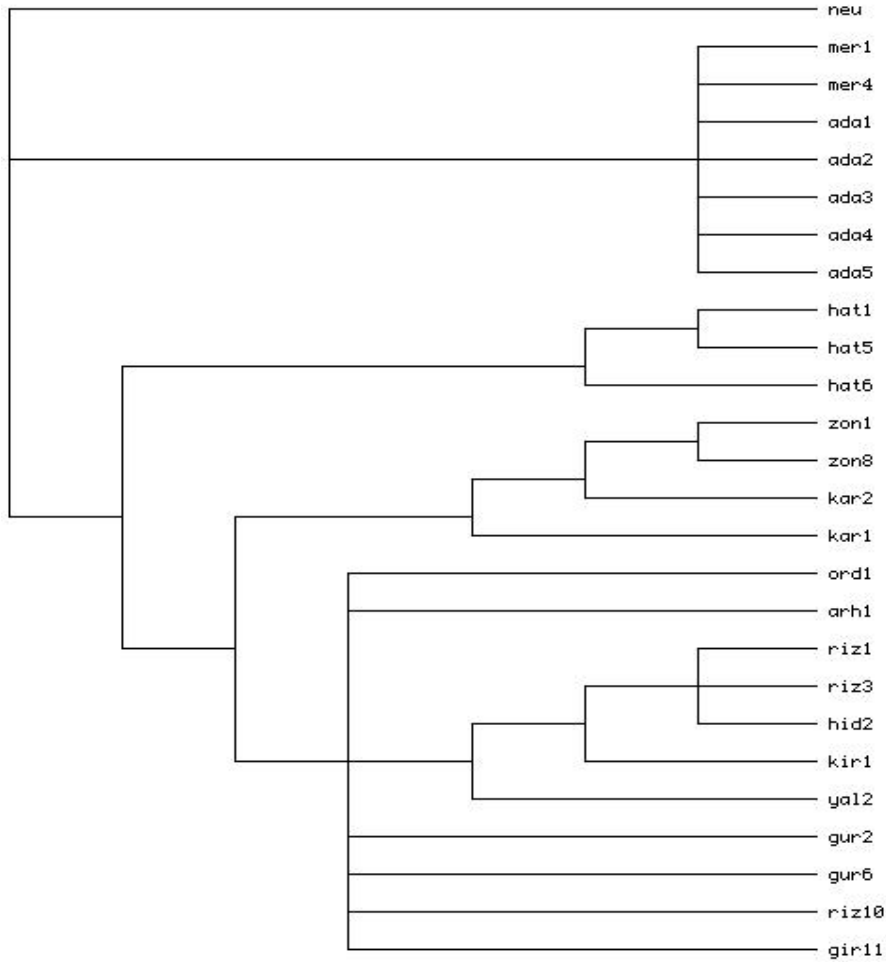


Şekil 14. 16S rRNA geni için maksimum parsimoni analizi strict consensus filogramı

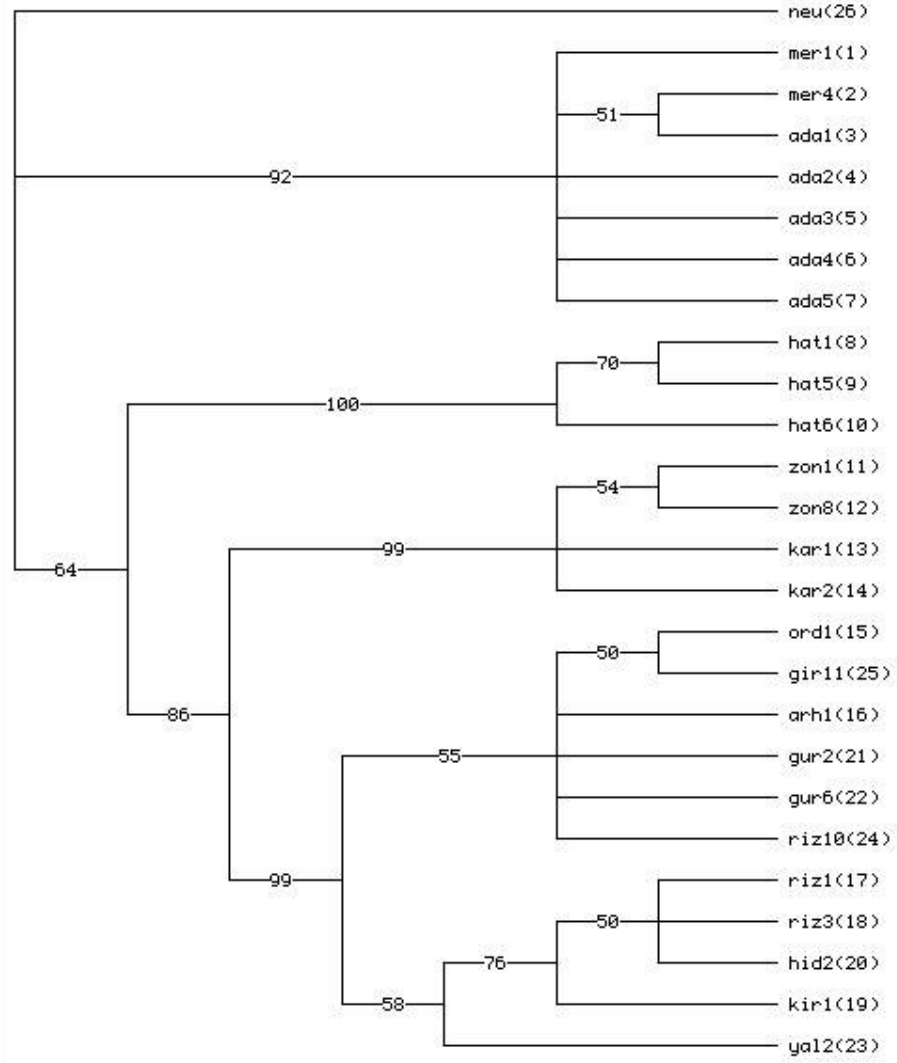


Şekil 15. 16S rRNA geni için maksimum parsimoni analizi bootstrap filogramı

CytB geni için yapılan parsimoni analizinde ise toplam 397 karakter incelenmiş ve bunların 96'sının sürekli, 301'inin ise değişken karakterli olduğu görülmüştür. Bu 301 değişken karakterin sadece 80'inin anlamlı olduğu 221'inin ise anlamlı olmadığı belirlenmiştir. Hüristik inceleme sonucunda, toplam 411701 farklı ağaç topolojisi oluşturulmuş ve en iyi parsimonik ağaçların skoru 385 olarak bulunmuştur. Son olarak 30 tane ağaç kaydedilmiştir. Bu 30 ağacın 'strict consensus' filogramı ve 100 tekrarlı seç-bağla testi değerleri Şekil 16 ve Şekil 17'de verilmiştir. Parsimoni analizinde dış grup olarak *Neuregerus crocatus* (Veith vd., 2004)'a ait baz dizilişi (AY336661) kullanılmıştır. TCS analizi sonucunda oluşan ağa benzer olarak 4 ana grubun haplotipleri birbirinden ayrılmış ve kendi içlerinde dallanmışlardır.



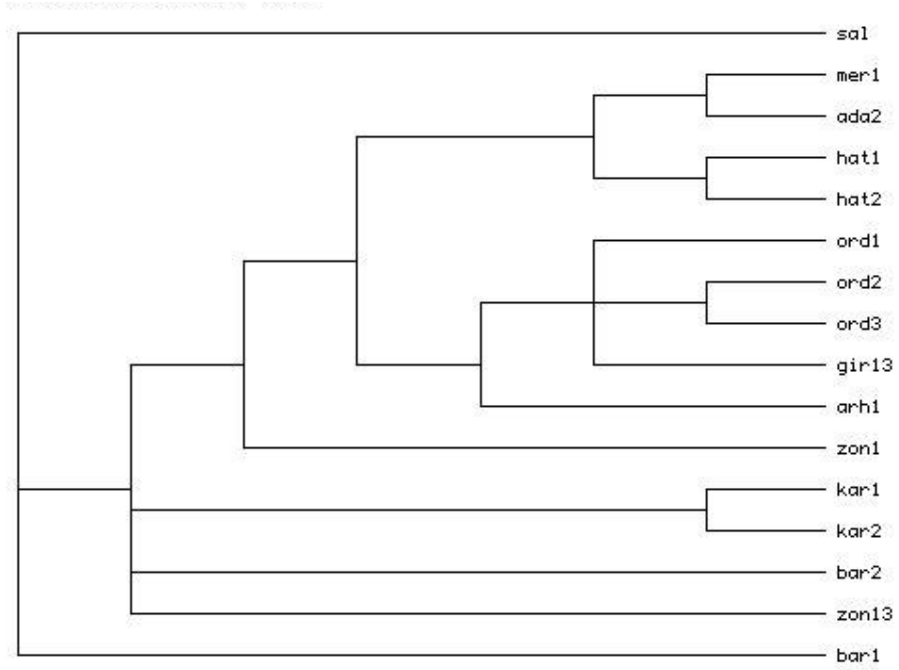
Şekil 16. *CytB* geni için maksimum parsimoni analizi strict consensus filogramı



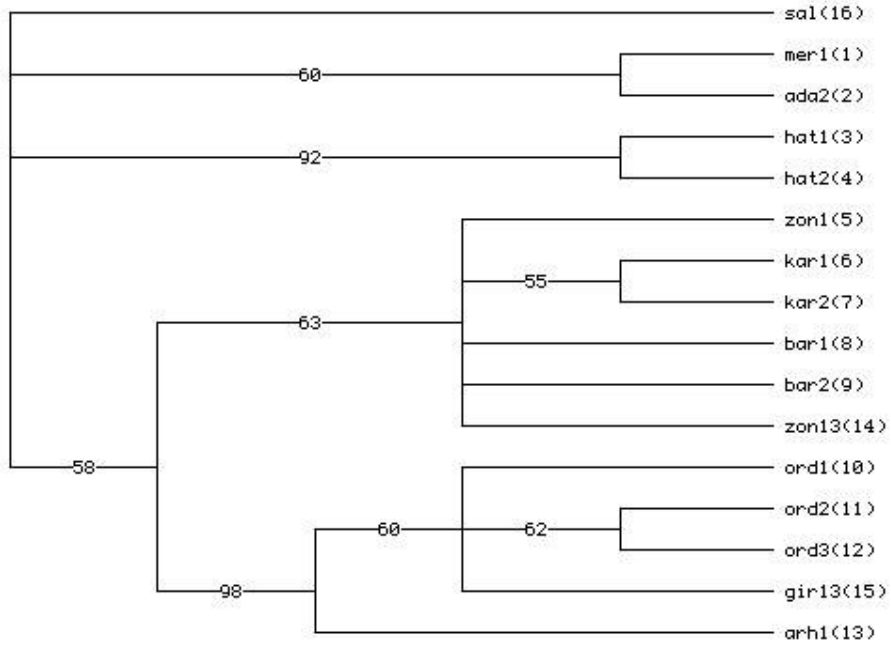
Şekil 17. *CytB* geni için maksimum parsimoni analizi bootstrap filogramı

3.2.6. Maksimum Olasılık (Maksimum Likelihood) Analizi

Maksimum olasılık analizinde 16S rRNA geni için yapılan hüristik incelemede, 16270 ağaç topolojisi oluşturulmuş ve bulunan en iyi ağaç skoru sayısı 1818.21370 olarak ortaya çıkmıştır. Analiz sonucunda 1 ağaç kaydedilmiştir (Şekil 18). 100 tekrarlı seç-bağla testinin değerleri Şekil 19'de gösterilmiştir. Analizde dış grup olarak *Salamandra salamandra* (Bocxlaer vd., 2006) 'ya ait baz dizilişi (EF017949) kullanılmıştır.



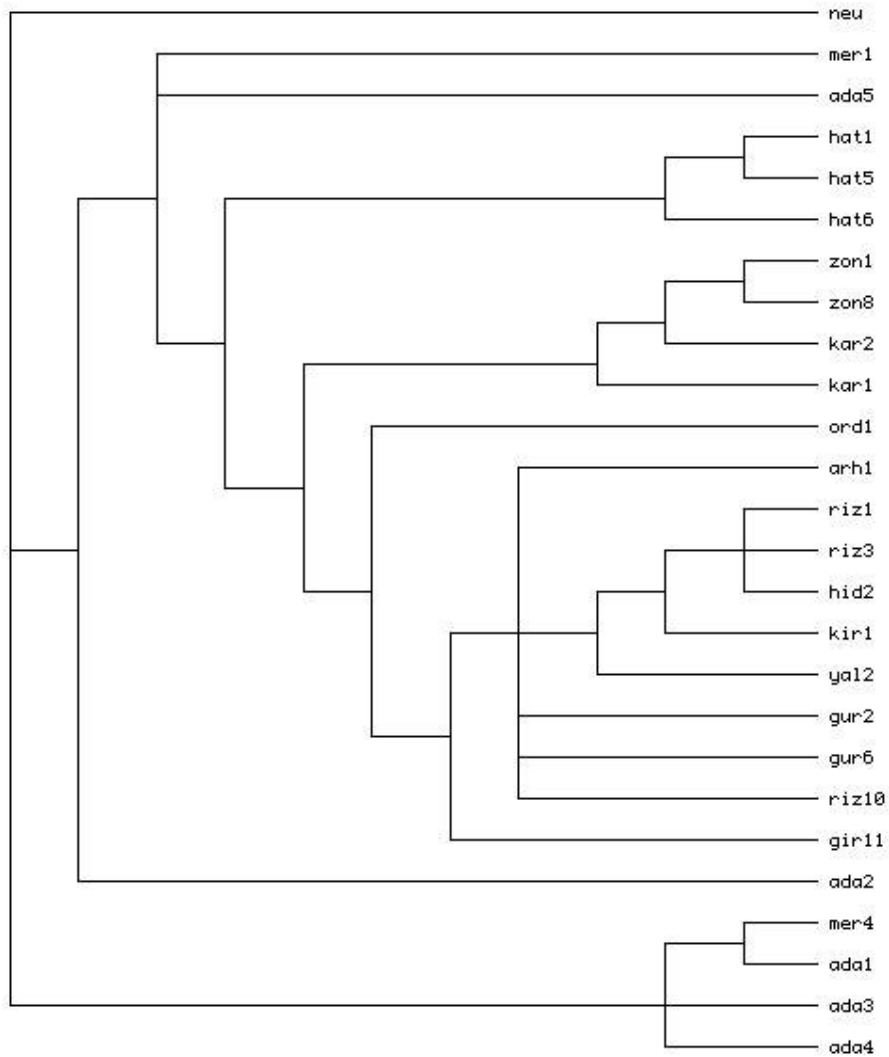
Şekil 18. 16S rRNA geni için maksimum olasılık analizi strict consensus filogramı



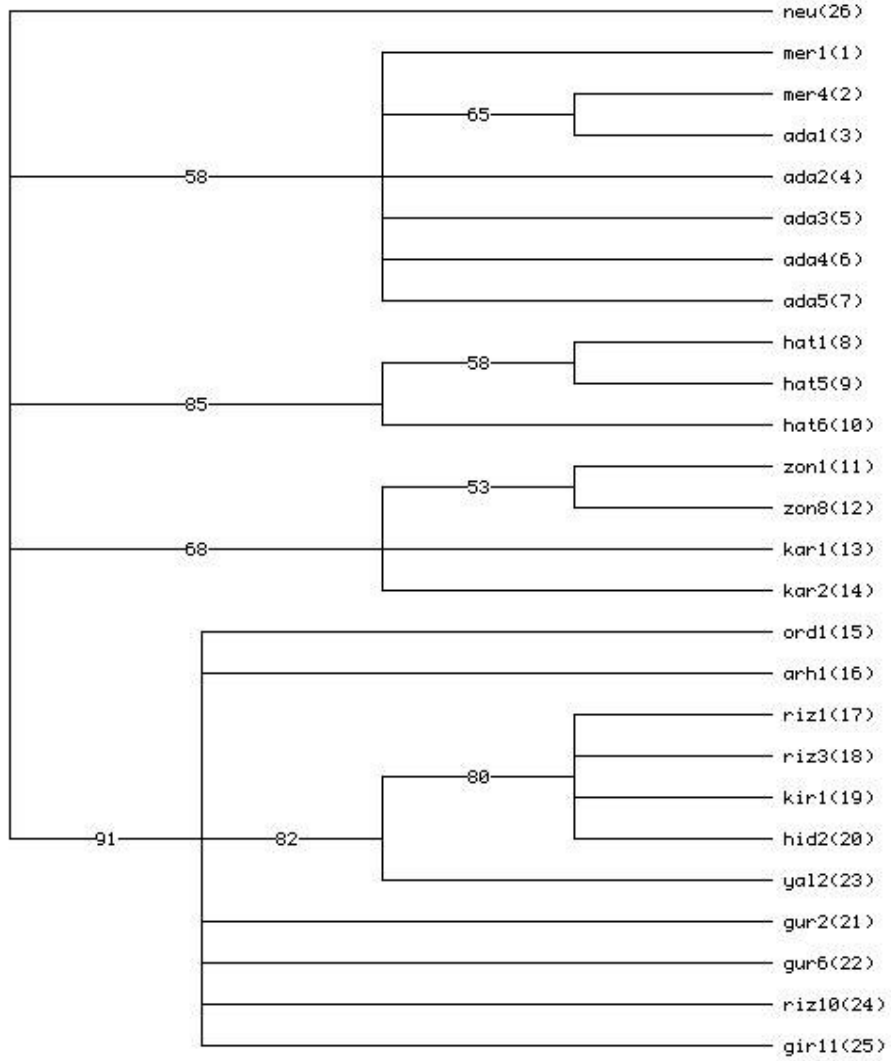
Şekil 19. 16S rRNA geni için maksimum olasılık analizi bootstrap filogramı

CytB geni için yapılan hüristik incelemede, 49878 ağaç topolojisi oluşturulmuş ve bulunan en iyi ağaç skoru sayısı 1681.34673 olarak ortaya çıkmıştır. Analiz sonucunda 1 ağaç kaydedilmiştir (Şekil 20). 100 tekrarlı seç-bağla testinin değerleri Şekil 21’de gösterilmiştir. Analizde dış grup olarak *Neuregus crocatus* (Veith vd., 2004)’a ait baz dizilişi (AY336661) kullanılmıştır.

Maksimum Parsimony analizine benzer olarak, maksimum olasılık analizinde de 4 ana grubun haplotipleri birbirinden ayrılmış ve kendi içlerinde dallanmışlardır.



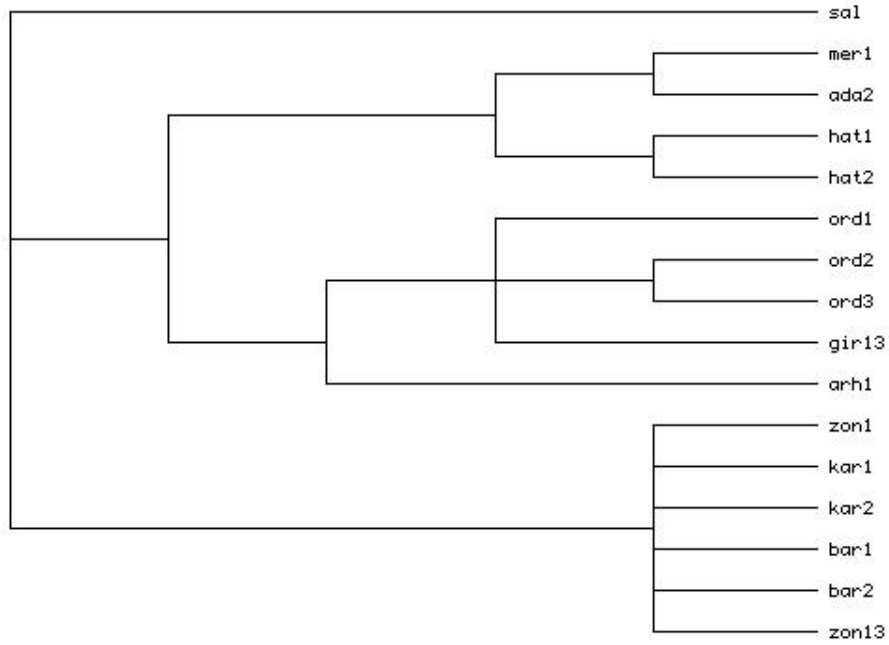
Şekil 20. *CytB* geni için maksimum olasılık analizi strict consensus filogramı



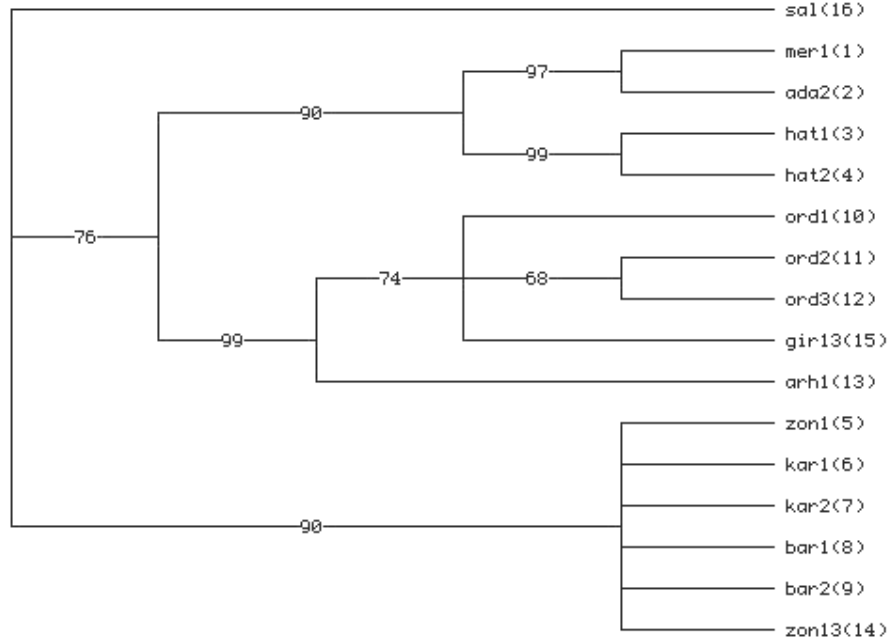
Şekil 21. *CytB* geni için maksimum olasılık analizi bootstrap filogramı

3.2.7. Neighborjoining ve Genetik Uzaklık Analizleri

Neighborjoining analizinde 16S rRNA geni için yapılan hüristik incelemede, 11004 ağaç topolojisi oluşturulmuş ve bulunan en iyi ağaç skoru sayısı 431 olarak ortaya çıkmıştır. Analiz sonucunda 4 ağaç kaydedilmiştir (Şekil 22). 100 tekrarlı seç-bağla testinin değerleri Şekil 23'te gösterilmiştir. Analizde dış grup olarak *Salamandra salamandra* (Bocxlaer vd., 2006)'ya ait baz dizilişi (EF017949) kullanılmıştır.

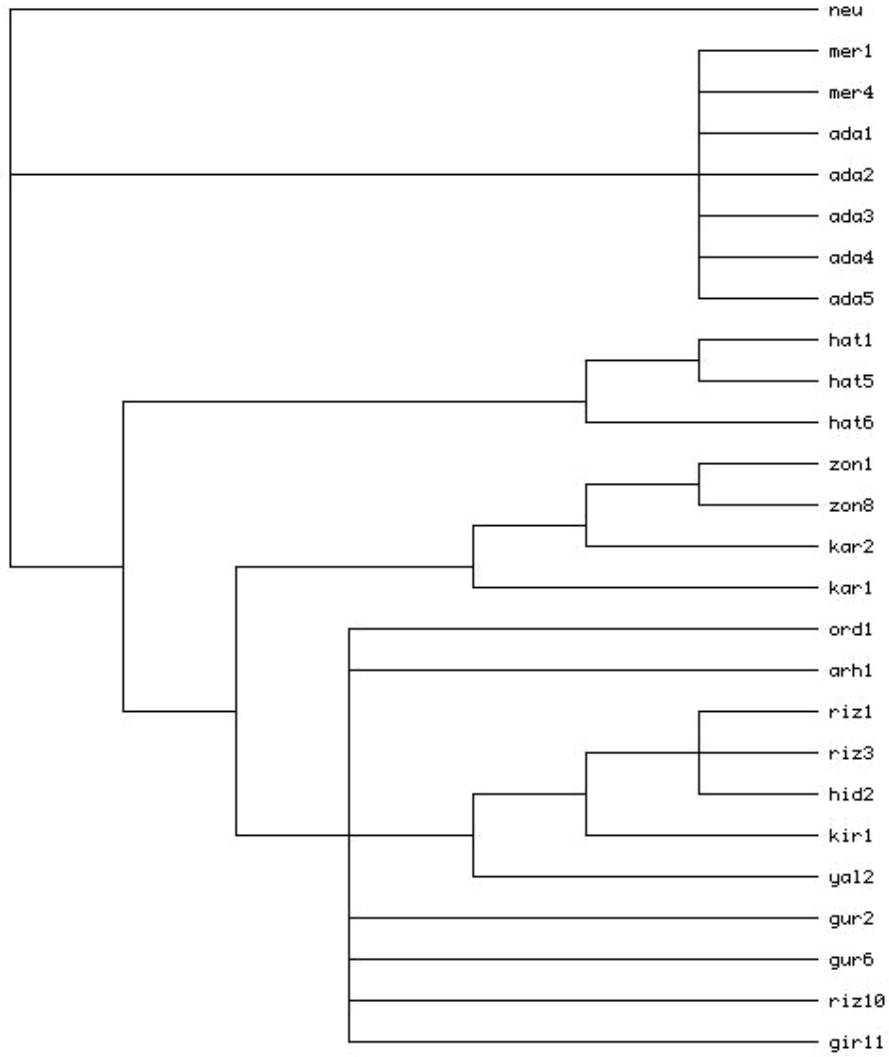


Şekil 22. 16S rRNA geni için neighbor joining analizi strict consensus filogramı

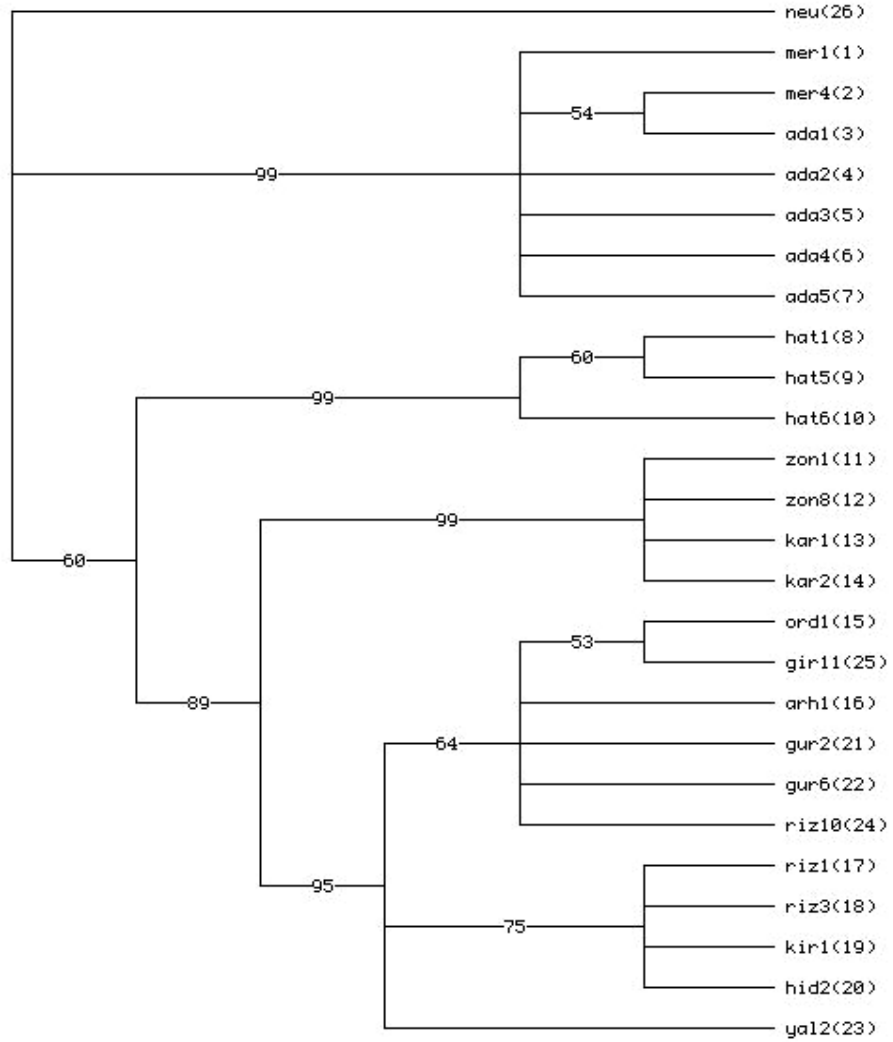


Şekil 23. 16S rRNA geni için neighbor joining analizi bootstrap filogramı

CytB geni için yapılan hüristik incelemede, 11004 ağaç topolojisi oluşturulmuş ve bulunan en iyi ağaç skoru sayısı 385 olarak ortaya çıkmıştır. Analiz sonucunda 30 ağaç kaydedilmiştir (Şekil 24). 100 tekrarlı seç-bağla testinin değerleri Şekil 25'te gösterilmiştir. Analizde dış grup olarak *Neureergus crocatus* (Veith vd., 2004)'a ait baz dizilişi (AY336661) kullanılmıştır.



Şekil 24. *CytB* geni için neighbor joining analizi strict consensus filogramı



Şekil 25. *CytB* rRNA geni için neighbor joining analizi bootstrap filogramı

Haplotiplerin uzaklık matrisi de HKY+G modeli kullanılarak tespit edilmiştir. 16S rRNA geni için en düşük genetik varyasyon 0.00185, en yüksek genetik varyasyon ise 0.05730 olarak bulunmuştur (Tablo 15). En düşük farklılık (0.00185) Hatay 1 (hat 1) ve Hatay 2 (hat 2), Karabük 1 (kar 1) ve Karabük 2 (kar 2) ve Ordu 1 (ord 1) ve Ordu 2 (ord 2) haplotipleri arasında bulunmuştur. Haplotiplerden; hat 1 ve hat 2 haplotipleri arasında 1, kar 1 ve kar 2 haplotipleri arasında 1 ve yine ord 1 ve ord 2 haplotipleri arasında 1 bazlık fark bulunmaktadır. Bir başka deyişle ikili olarak birbirlerine en yakın çıkan haplotipler bunlardır. En yüksek farklılık (0.05730) ise Ordu 3 (ord3) haplotipi ile Adana 2 (ada 2) haplotipleri arasında görülmüştür. Bu iki haplotip TCS analizinde farklı ana gruplarda yer

aldığından aralarındaki baz farkını TCS analizi sonucu ortaya çıkan şekilden anlamak mümkün değildir.

Tablo 15. 16S rRNA geni için haplotipler arasındaki genetik varyasyon

	1	2	3	4	5	6	7
1 mer1	-						
2 ada2	0.00370	-					
3 hat1	0.02773	0.03142	-				
4 hat2	0.02588	0.02957	0.00185	-			
5 zon1	0.04806	0.04806	0.04991	0.04806	-		
6 kar1	0.04991	0.04806	0.05176	0.04991	0.00555	-	
7 kar2	0.04806	0.04806	0.04991	0.04806	0.00370	0.00185	-
8 bar1	0.04806	0.04806	0.04991	0.04806	0.00370	0.00555	0.00370
9 bar2	0.04806	0.04806	0.04991	0.04806	0.00370	0.00555	0.00370
10 ord1	0.04991	0.05360	0.04436	0.04251	0.03327	0.03882	0.03697
11 ord2	0.05176	0.05545	0.04621	0.04436	0.03512	0.04067	0.03882
12 ord3	0.05360	0.05730	0.04806	0.04621	0.03697	0.04251	0.04067
13 arh1	0.04806	0.05176	0.04621	0.04436	0.03697	0.04251	0.04067
14 zon13	0.04621	0.04621	0.04806	0.04621	0.00185	0.00370	0.00185
15 gir13	0.05176	0.05545	0.04621	0.04436	0.03512	0.04067	0.03882
16 sal	0.70425	0.70240	0.70240	0.70425	0.69686	0.69501	0.69501

(nued)

	8	9	10	11	12	13	14
8 bar1	-						
9 bar2	0.00370	-					
10 ord1	0.03697	0.03697	-				
11 ord2	0.03882	0.03882	0.00185	-			
12 ord3	0.04067	0.04067	0.00370	0.00185	-		
13 arh1	0.04067	0.04067	0.00739	0.00924	0.01109	-	
14 zon13	0.00185	0.00185	0.03512	0.03697	0.03882	0.03882	-
15 gir13	0.03882	0.03882	0.00185	0.00370	0.00555	0.00924	0.03697
16 sal	0.69686	0.69686	0.70240	0.70425	0.70425	0.69871	0.69686

(nued)

	15	16
15 gir13	-	
16 sal	0.70240	-

CyrB geni için, en düşük genetik varyasyon 0.00252, en yüksek genetik varyasyon ise 0.12846 olarak bulunmuştur (Tablo 16). En düşük farklılık 0.00252 ile Adana 2 (ada 2) ve Adana 3 (ada 3), Hatay 1 (hat 1) ve Hatay 5 (hat 5), Hatay 1 (hat 1) ve Hatay 6 (hat 6), Zonguldak 1 (zon 1) ve Zonguldak 8 (zon 8), Karabük 1 (kar 1) ve Karabük 2 (kar 2), Karabük 2 (kar 2) ve Zonguldak 8 (zon 8), Rize 3 (riz 3) ve Kirazlık 1 (kir 1), Hıdırnebi 2 (hid 2) ve Rize 3 (riz 3), Gürbulak 2 (gur 2) ve Arhavi 1 (arh 1), Gürbulak 6 (gur 6) ve Arhavi 1 (arh 1), Rize 10 (riz 10) ve Arhavi 1 (arh 1), Giresun 11 (gir 11) ve Arhavi 1 (arh 1) haplotipleri arasında bulunmuştur. Bu yukarıda isimleri ikili olarak verilen haplotiplerin tümünün arasında 1 bazlık fark bulunmuştur. Bir başka deyişle ikili olarak birbirlerine en yakın çıkan haplotipler bunlardır. En yüksek farklılık (0.12846) ise Zonguldak 8 (zon 8) haplotipi ile Mersin 4 (mer 4) haplotipleri arasında görülmüştür. Bu iki haplotip TCS

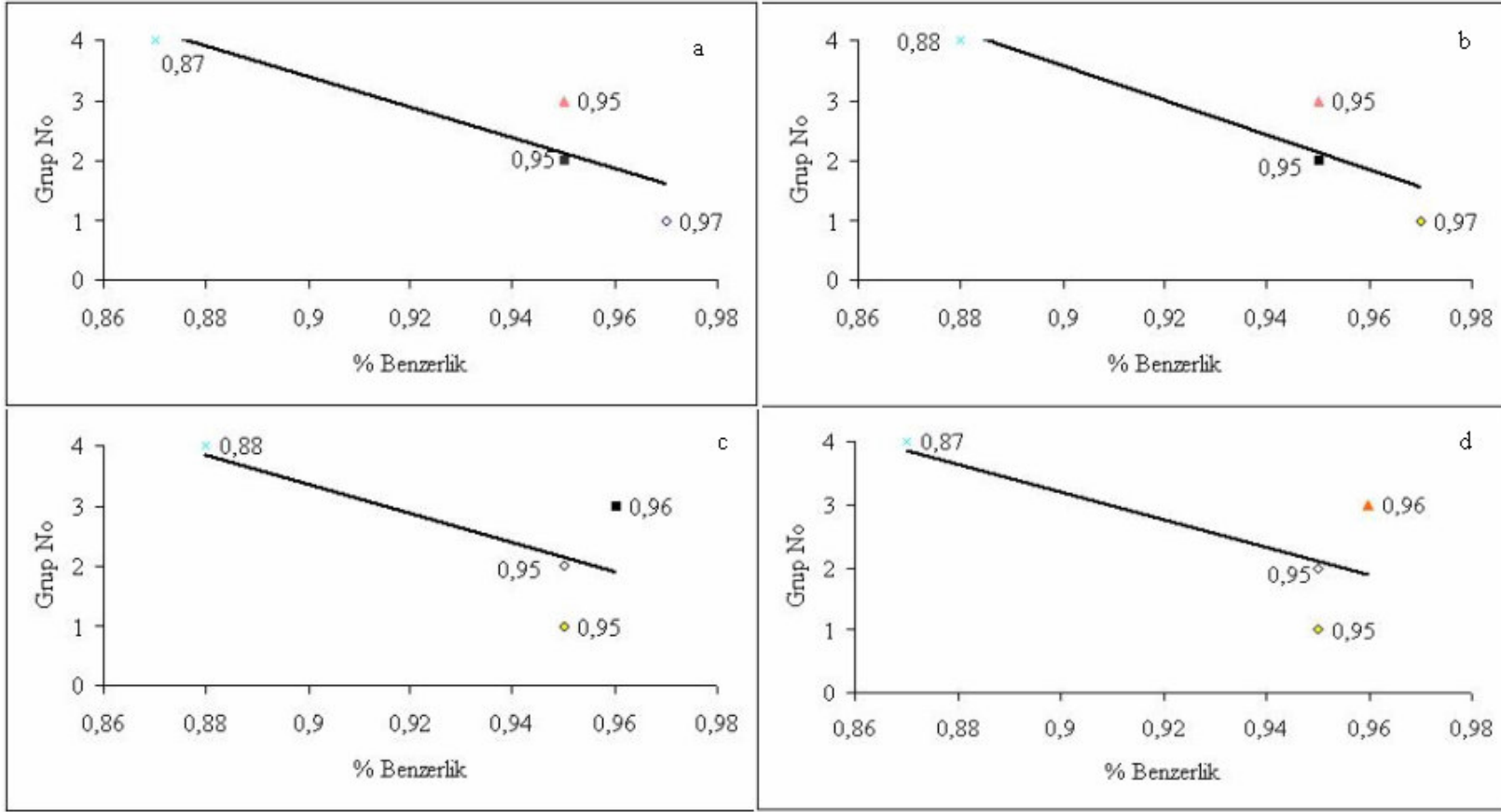
analizinde farklı ana gruplarda yer aldığından aralarındaki baz farkını TCS analizi sonucu ortaya çıkan şekilden anlamak mümkün değildir.

Tablo 16. *CytB* geni için haplotipler arasındaki genetik varyasyon

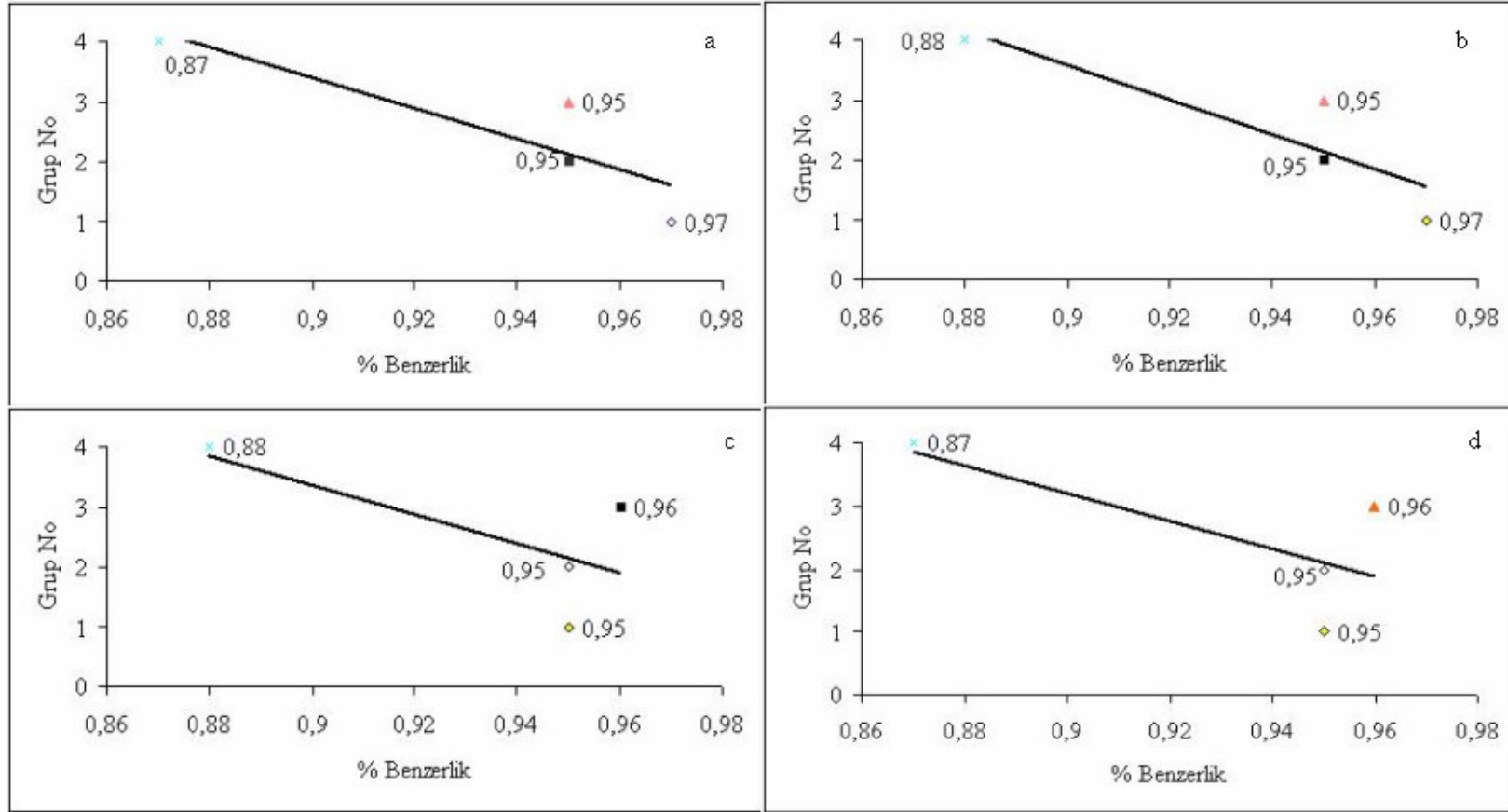
1	mer1	-						
2	mer4	0.01008	-					
3	oda1	0.01511	0.01008	-				
4	oda2	0.00504	0.01511	0.01008	-			
5	oda3	0.00756	0.01763	0.00756	0.00252	-		
6	oda4	0.01259	0.02267	0.01259	0.00756	0.00504	-	
7	oda5	0.00252	0.01259	0.01763	0.00756	0.01008	0.01008	-
8	hat1	0.07053	0.08068	0.08068	0.07557	0.07305	0.07809	0.07305
9	hat5	0.07305	0.08312	0.08312	0.07809	0.07557	0.08068	0.07557
10	hat6	0.06801	0.07809	0.07809	0.07305	0.07053	0.07557	0.07053
11	zon1	0.11587	0.12594	0.12091	0.11587	0.11335	0.11839	0.11839
12	zon8	0.11839	0.12846	0.12343	0.11839	0.11587	0.12091	0.12091
13	kar1	0.11335	0.12343	0.11839	0.11335	0.11083	0.11587	0.11587
14	kar2	0.11587	0.12594	0.12091	0.11587	0.11335	0.11839	0.11839
15	ord1	0.09572	0.10579	0.10076	0.09572	0.09320	0.09824	0.09824
16	arh1	0.09572	0.10579	0.10076	0.09572	0.09320	0.09824	0.09824
17	riz1	0.10327	0.11335	0.10831	0.10327	0.10076	0.10579	0.10579
18	riz3	0.10579	0.11587	0.11083	0.10579	0.10327	0.10831	0.10831
19	kir1	0.10327	0.11335	0.10831	0.10327	0.10076	0.10579	0.10579
20	hid2	0.10327	0.11335	0.10831	0.10327	0.10076	0.10579	0.10579
21	gur2	0.09572	0.10579	0.10076	0.09572	0.09320	0.09824	0.09824
22	gur6	0.09824	0.10831	0.10327	0.09824	0.09572	0.10076	0.10076
23	yal2	0.10579	0.11587	0.11083	0.10579	0.10327	0.10831	0.10831
24	riz10	0.09824	0.10831	0.10327	0.09824	0.09572	0.09824	0.09572
25	gir11	0.09824	0.10831	0.10327	0.09824	0.09572	0.10076	0.10076
26	neu	0.70529	0.71285	0.70529	0.70025	0.70025	0.70277	0.70781
8	hat1	-						
9	hat5	0.00252	-					
10	hat6	0.00252	0.00504	-				
11	zon1	0.11587	0.11335	0.11039	-			
12	zon8	0.11839	0.11587	0.12091	0.00252	-		
13	kar1	0.11839	0.11587	0.11587	0.00756	0.00504	-	
14	kar2	0.12091	0.11839	0.11839	0.00504	0.00252	0.00252	-
15	ord1	0.08816	0.09068	0.08564	0.08816	0.09068	0.08564	0.08816
16	arh1	0.08816	0.09068	0.08564	0.08816	0.09068	0.08564	0.08816
17	riz1	0.09824	0.10076	0.09572	0.08816	0.09068	0.09068	0.08816
18	riz3	0.10076	0.10327	0.09824	0.09068	0.09320	0.09320	0.09068
19	kir1	0.09824	0.10076	0.09572	0.08816	0.09068	0.09068	0.08816
20	hid2	0.09824	0.10076	0.09572	0.08816	0.09068	0.09068	0.08816
21	gur2	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068
22	gur6	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068
23	yal2	0.09824	0.10076	0.09572	0.08816	0.09068	0.09068	0.08816
24	riz10	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068
25	gir11	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068	0.09320	0.08816	0.09068
26	neu	0.70529	0.70529	0.70277	0.71033	0.71033	0.70781	0.70781
15	ord1	-						
16	arh1	0.00504	-					
17	riz1	0.03275	0.02771	-				
18	riz3	0.03023	0.02519	0.00756	-			
19	kir1	0.02771	0.02267	0.01008	0.00252	-		
20	hid2	0.02771	0.02267	0.01008	0.00252	0.00504	-	
21	gur2	0.00756	0.00252	0.02771	0.02519	0.02267	0.02267	-
22	gur6	0.00756	0.00252	0.03023	0.02771	0.02519	0.02519	0.00504
23	yal2	0.01763	0.01259	0.02015	0.01259	0.01008	0.01511	0.01511
24	riz10	0.00756	0.00252	0.03023	0.02771	0.02519	0.02519	0.00504
25	gir11	0.00252	0.00252	0.03023	0.02771	0.02519	0.02519	0.00504
26	neu	0.71788	0.71788	0.71537	0.72040	0.72292	0.72040	0.71788
22	gur6	-						
23	yal2	0.01511	-					
24	riz10	0.00504	0.01511	-				
25	gir11	0.00504	0.01511	0.00504	-			
26	neu	0.71788	0.72040	0.72040	0.71788	-		

3.2.8. Dört Ana Grupta Toplanan Haplotipler Arasındaki % Benzerlikler

TCS analizi sonucuna 16S rRNA ve *cytB* genlerinin ikisinde de 4 ana grupta “ Hatay (*T. v. vittatus*), Adana ve Mersin (*T. v. cilicensis*), Batı Karadeniz (*T. v. ophryticus*) ve Doğu Karadeniz (*T. v. ophryticus*)” toplanan haplotipler arasında PUBMED adlı veri tabanının internet adresindeki (URL-2, 2007) Blast programı kullanılmıştır ve ikili karşılaştırmalar yapılarak bu haplotipler arasındaki % benzerlikler ortaya çıkarılmıştır. 16S rRNA geni için; 4 ana gruptaki birer haplotip seçilmiş ve bu haplotipler (mer 1, hat 1, zon 1 ve arh 1) ile dış grup olan sal (*Salamandra salamandra*) arasındaki baz dizilişlerinin % benzerlikleri Şekil 26’da gösterilmiştir. *Cytb* geni için ise; yine 4 ana gruptan birer haplotip (mer 1, hat 1, zon 1 ve arh 1) seçilmiş ve bu haplotipler ile dış grup olan neu (*Neurergus crocatus*) arasındaki baz dizilişlerinin % benzerlikleri Şekil 27’de gösterilmiştir.



Şekil 26.16S rRNA geni için; 4 ana gruptaki haplotipler ve dış grup sal (*Salamandra salamandra*)'ın baz dizilişleri arasındaki % benzerlikleri. a) mer 1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupla karşılaştırılması. hat1 ◇, zon1 ▲, arh1 ■, dış grup * b) hat 1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupla karşılaştırılması. mer1 ◇, zon1 ▲, arh1 ■, dış grup * c) zon1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupla karşılaştırılması. mer1 ◇, hat1 ◇, arh1 ■, dış grup * d) arh1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupla karşılaştırılması. mer1 ◇, hat1 ◇, zon1 ▲, dış grup *



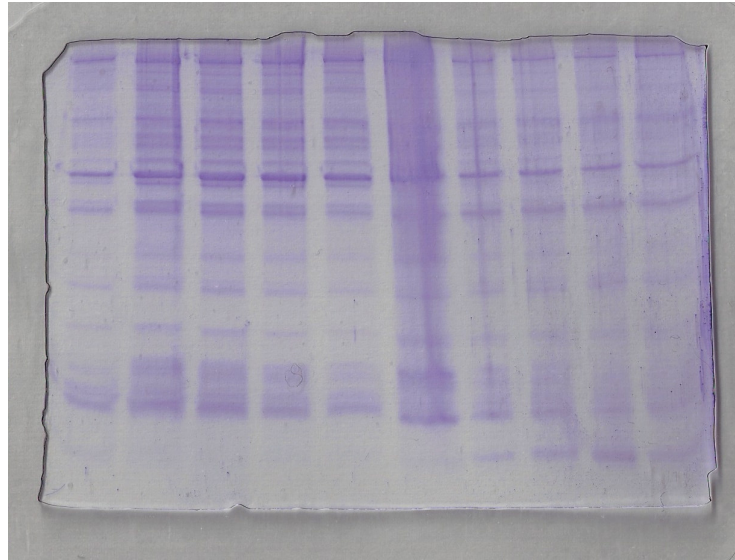
Şekil 27. *CyrB* geni için; 4 ana gruptaki haplotipler ve dış grup *neu* (*Neurergus crocatus*)'nun baz dizilişleri arasındaki % benzerlikleri. a) mer 1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupta karşılaştırılması. hat1 ◇, zon1 ▲, arh1 ■, dış grup * b) hat 1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupta karşılaştırılması. mer1 ◇, zon1 ▲, arh1 ■, dış grup * c) zon1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupta karşılaştırılması. mer1 ◇, hat1 ◇, arh1 ■, dış grup * d) arh1 haplotipinin diğer 3 gruptaki haplotiplerle ve dış grupta karşılaştırılması. mer1 ◇, hat1 ◇, zon1 ▲, dış grup *

3.3. SDS-PAGE

SDS-PAGE deneylerinde 10 ayrı populasyondan toplam 96 ergin şeritli semender (46 dişi ve 50 erkek) (6 ♀♀ ve 6 ♂♂ Zonguldak (Kilimli), 4 ♀♀ ve 6 ♂♂ Giresun (Tamdere), 5 ♀♀ ve 4 ♂♂ Rize (Gündoğdu) ve son olarak 31 ♀♀ ve 34 ♂♂ Trabzon (Akçaabat 3 ♀♀ ve 4 ♂♂; Çamburnu 5 ♀♀ ve 4 ♂♂; Hıdırnebi 4 ♀♀ ve 4 ♂♂; Kirazlık 3 ♀♀ ve 6 ♂♂; Maçka 5 ♀♀ ve 6 ♂♂; Uzungöl 7 ♀♀ ve 6 ♂♂; Gürbulak 4 ♀♀ ve 4 ♂♂) kullanılmıştır (Şekil 28). SDS-PAGE deneylerinde önce her populasyon için 1 örnek jellere yüklenmiş ve sonra deneyler tüm örnekler için tekrarlanmıştır. Populasyonlardaki tüm örnekler için tekrarlar tamamlandığında bant sayıları populasyonlar içinde hep aynı sayıda. Bu yüzden fazla hayvan öldürmemek için tüm populasyonlarda incelenen birey sayısı düşük tutulmuştur.

SDS-PAGE sonucunda Batı Karadeniz Bölgesi'ne ait Zonguldak populasyonunda iskelet kasında toplam 25 adet protein bandı bulunurken, Doğu Karadeniz Bölgesi'ne ait 9 farklı populasyonun her birinde 26 adet protein bandı bulunmuştur (Şekil 28).

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



Şekil 28. SDS-PAGE sonucu.1. Zonguldak, 2. Uzungöl, 3. Hıdırnebi, 4.Akçaabat, 5.Giresun, 6. Rize, 7.Gürbulak, 8. Kirazlık, 9.Çamburnu ve10.Maçka

4. TARTIŞMA

Ülkemizdeki semender türlerinden biri olan *Triturus vittatus* (Jenyns, 1835) (Şeritli Semender)'un alttür durumu da günümüzde hala mevcudiyetini sürdüren bir araştırma konusudur. Bu türün yurdumuzda morfolojik tasnife göre belirlenmiş 3 alttürü bulunmaktadır. Bunlar; *T. v. vittatus* (Jenyns, 1835), *T. v. cilicensis* (Wolterstorff, 1906) ve *T. v. ophryticus* (Berthold, 1846) adlı alttürlerdir. *T. v. vittatus* alttürü Antakya (Yolbaşı köyü, Altınözü, Harbiye, Samandağ ve Tekneşinar), ve Gaziantep (Kömürler, Sakçagözü, İslahiye)'te, *T. v. cilicensis* alttürü Mersin, Adana, Osmaniye, Kilis ve Adıyaman (Gölbaşı)'da (Franzen ve Schmidler, 2000; Franzen, 2001) ve *T. v. ophryticus* alttürü ise Kafkaslardan Anadolu'nun Karadeniz sahili boyunca Bursa ve İstanbul civarına kadar olan yerlerde yayılış göstermektedir (Özeti ve Yılmaz, 1994). Buna karşın, Steinitz (1965) Güney Anadolu'da sadece *T. v. vittatus* alttürünün bulunduğunu ve Türkiye'de *T. vittatus*'a ait 2 alttür olduğunu rapor etmiştir. Buna ek olarak Litvinchuk vd. (2005) omur sayıları, genom büyüklüğü ve allozim verilerine dayanarak Türkiye'de 2 türün (*T. vittatus* ve *T. ophryticus*) olduğunu ve *T. ophryticus*'un Batı Karadeniz'deki bireylerinin *T. o. nestrovi* alttürüne, Doğu Karadeniz'deki bireylerinin ise *T. o. ophryticus* alttürüne ait olduğunu rapor etmişlerdir. Bunu destekler şekilde Arntzen ve Olgun (2000); Litvinchuk vd. (2001, 2004)'de Batı Karadeniz'deki bireylerin omur sayıları ve genom büyüklükleri bakımından Doğu Karadeniz'dekilerden farklı olduğunu belirtmişlerdir.

Bu çalışmada *T. vittatus* bireyleri üzerinde morfometrik karakterler yönünden yapılan One-Way ANOVA Tukey testine göre Hatay (*T. v. vittatus*), Adana ve Mersin (*T. v. cilicensis*), Batı Karadeniz (*T. v. ophryticus*) ve Doğu Karadeniz (*T. v. ophryticus*)'deki popülasyonlarındaki bireylerin ölçülen 7 ve erkeklerde ölçülen 8 karakterin tümünde birbirinden ayrıldıkları görülmüştür. Bu sonuç Litvinchuk vd. (2005); Arntzen ve Olgun (2000); Litvinchuk vd. (2001, 2004)'nin rapor ettikleri Batı ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki bireylerin ayrı oldukları sonucuyla uyum göstermektedir. Yine ayrıca bu çalışmada elde edilen Mann-Whitney U testinin sonuçlarında bu ayrımı desteklediği görülmektedir.

Gerek omur sayısı gerekse de vücut boyu ve total boy gibi morfometrik karakterler ekolojik şartlara ve beslenme durumuna göre değişebilen karakterlerdir (Kutrup vd., 2006). Bu nedenle bu çalışmada *T. vittatus*'un Türkiye'deki taksonomik durumunu incelemek

için sadece bu karakterlerle yetinilmeyip mitokondriyal 16S rRNA ve *cytB* genlerindeki baz dizilişleri de ortaya çıkarılmıştır.

Bu çalışmanın sonuçlarından farklı olarak Litvinchuk vd. (2005)'nin belirttiği Şeritli Semender'in Türkiye'de 2 türe ayrıldığı (*T. ophryticus* ve *T. vittatus*) sonucu omur sayısı ve allozim verileri gibi ekolojik şartlar ve beslenmeye göre değişebilecek nitelikte verilerdir. Daha çok bir türün populasyonları içindeki varyasyon farklılıklarını gösteren bu veriler yerine direkt olarak bir familya içindeki cinslerin monofilik olup olmadığını belirlemek için günümüzde çoğunlukla mitokondriyal genler incelenmektedir (Caccone vd. 1997; Zajc ve Arntzen 2000; Steinfartz vd., 2007). Steinfartz vd. (2007), Salamandridae familyası içerisindeki Avrupa'da yayılış gösteren *Triturus* cinsinin monofilik durumunu incelemek için mitokondriyal 16S, 12S ve *cytB* genlerinin baz dizilişlerini ortaya çıkarmış ve *Triturus* cinsinin tek başına monofilik bir cins olmadığını, bunun aksine 6 tür içeren büyük vücutlu *Triturus* grubu, 5 tür içeren küçük vücutlu *Triturus* grubu, *T. alpestris* grubu ve *T. vittatus* grubu olmak üzere 4 gruba ayrıldığını belirtmişlerdir. Caccone vd. (1997) ise 12S ve 16S rRNA genlerini inceleyerek Salamandridae familyasındaki *Euproctus* cinsine ait 3 türün bir monofilik grup oluşturduğunu ve aynı familyadaki *Triturus carnifex*, *T. vulgaris* ve *Pleurodeles waltl* türlerinin de bu gruba yakınlık gösterdiğini rapor etmişlerdir. Zajc ve Arntzen (2000), *Triturus* cinsi içerisinde 12S rRNA geni için baz dizilişlerindeki genetik uzaklığı *T. montandoni* ve *T. vulgaris* türleri arasında % 0,66 olarak bulurken *T. cristatus* ve *T. alpestris* türleri arasında % 10,6 olarak rapor etmişlerdir. İki tür arası genetik uzaklığın yanı sıra *T. alpestris* türü için % 1,7 tür içi genetik uzaklık ve *T. vittatus* için % 3 tür içi genetik uzaklık bulunduğunu belirtmişlerdir. Buna benzer olarak *T. vittatus*'un Türkiye'deki taksonomik durumunun incelendiği bu çalışmada ise tüm haplotipler arasındaki genetik uzaklık; 16S rRNA geni için % 0,1 - 5,7 aralığında, *cytB* geni için ise % 0,02 - 12,8 aralığında bulunmuştur. Yapılan TCS analizi sonucuna göre hem 16S rRNA hem de *cytB* genleri için *T. vittatus*'a ait 4 farklı haplotip grubu ortaya çıkmıştır (Hatay, Mersin ve Adana, Batı Karadeniz ve Doğu Karadeniz). 16S rRNA ve *cytB* genleri için bulunan en düşük genetik uzaklıklar (% 0,1 ve % 0,02) aynı haplotip grupları içinde (hat1 – hat2 ve ada2-ada3 gibi) en yüksek uzaklıklar ise (% 5,7 – 12,8) farklı haplotip grupları arasında (ord3 – ada2 ve zon8 – mer4 gibi).

TCS analizi sonucunda ortaya çıkan haplotipler arasında 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmı için en çok 4 ve *cytB* geninin 397 bazlık kısmı için en çok 13 bazlık fark

bulunmuştur. Literatüre bakıldığı zaman, Macey vd. (1998) *Bufo andrewsi* populasyonlarında 1063 bazlık kısımda 22 haplotip bulmuşlardır. Bu sonuç, coğrafik olarak oldukça uzak olan bölgelerdeki populasyonlar arasındaki düşük varyasyonları rapor eden Harris vd. (1998); Liu vd. (2000) ve Harris (2001)'in çalışmalarıyla benzerlik göstermektedir. Liu vd. (2000) Asya'da birbirinden oldukça uzak coğrafik bölgelerdeki *Bufo melanostictus*, populasyonlarında sadece 5 baz değişimi bulunmuştur. Harris (2001) ise 16S rRNA geninin 571 bazlık kısmı üzerinde yaptığı çalışmada İngiltere'yi de içine Batı ve Orta Avrupa'da toplam 8 *Bufo calamita* populasyonunu incelemiş ve en fazla 4 bazlık değişim bulunmuştur. Bütün bu sonuçlar, bir türün populasyonları arasında baz değişiminin düşük olduğunu göstermektedir. Benzer olarak bu çalışmada da *T. vittatus* için 16S rRNA geni için 4 bazlık ve *cytB* geni için sadece 13 farklılık bulunmuştur. Bu sonuçlar şeritli semender (*T. vittatus*)'un Türkiye'de sadece 1 türle temsil edildiği ve farklı alttürlerinin görüşünü desteklemekte, Litvinchuk vd. (2005)'nin belirttiği şeritli semenderin Türkiye'de 2 türe ayrıldığı (*T. ophryticus* ve *T. vittatus*) sonucunu desteklememektedir.

Bu çalışmada PAUP programıyla yapılan Maksimum Parsimoni, Maksimum Olasılık ve Neighbor Joining analizleri sonucunda oluşan filogramlar da 4 alttürün varlığını göstermektedir. Bu sonuçlara göre bu çalışmayla birlikte ilk defa Türkiye'deki şeritli semender *T. vittatus*'un 4 ayrı alttürü olduğu rapor edilmiş olmaktadır. Hatay'daki bireylerin *T. v. vittatus* alttürüne, Adana ve Mersin'deki bireylerin *T. v. cilicensis* alttürüne, Batı Karadeniz'deki bireylerin *T. v. nestrovi* (Litvinchuk vd. (2005)'nin rapor ettiği gibi) alttürüne ve Doğu Karadeniz'deki bireylerin ise *T. v. ophryticus* alttürüne ait oldukları ilk defa bu çalışmada rapor edilmiş olmaktadır.

Bu çalışmada ayrıca Batı ve Doğu Karadeniz bölgelerindeki bireyler arasındaki fark SDS-PAGE sonucuyla da desteklenmiştir. Bu çalışma, Türkiye'deki semenderlerin iskelet kası proteinlerini karşılaştıran ilk çalışma olmuştur.

Bu çalışmada yapılan morfometrik, moleküler ve SDS-PAGE incelemeleri sonucunda Şeritli Semender (*T. vittatus*)'in Türkiye'de 4 alttürünün olduğu önerilmiştir.

5. SONUÇLAR

Şeritli Semender (*Triturus vittatus*)'in Türkiye'deki taksonomik durumunun morfolojik ve moleküler yönden incelendiği bu çalışmada aşağıdaki sonuçlar bulunmuştur.

1. Yapılan morfometrik ölçümlerde *Triturus vittatus*'un Hatay (*T. v. vittatus*), Adana ve Mersin (*T. v. cilicensis*), Batı Karadeniz (*T. v. ophryticus*) ve Doğu Karadeniz (*T. v. ophryticus*)'deki popülasyonlarındaki bireylerin One-Way ANOVA Tukey testine göre dişilerde ölçülen 7 ve erkeklerde ölçülen 8 karakterin tümünde birbirinden ayrıldıkları görülmüştür.

2. Mann-Whitney U testi ile bu 4 ayrı grup ikili olarak karşılaştırıldıklarında; Hatay'daki bireyler Adana ve Mersin'dekilerden dişilerde BB ve AAM değerleri hariç diğer 5 değer bakımından önemli derecede farklı bulunurken, erkeklerde ÖAU ve AAU değerleri önemli derecede farklı bulunmuştur. Hatay'daki bireyler Batı Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişilerde BG ve BB değerleri dışındaki tüm değerler arasında önemli farklılık görülürken, erkeklerde KB değeri hariç tüm değerler arasında önemli farklılıklar görülmüştür. Hatay'daki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişilerde ölçülen tüm değerlerin birbirinden önemli derecede farklı olduğu, erkeklerde ise KB değeri hariç ölçülen tüm değerler arasında önemli derecede fark olduğu tespit edilmiştir. Adana ve Mersin'deki bireyler Batı Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişi bireylerde ölçülen tüm değerler arasında önemli derecede fark bulunurken, erkeklerde KB değeri hariç tüm değerler arasında önemli derecede farklılıklar bulunmuştur. Adana ve Mersin'deki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında; dişi bireylerde ölçülen tüm değerlerde önemli derecede fark görülürken, erkeklerde de yine aynı şekilde tüm değerler arasında önemli farklılıklar görülmüştür. Son olarak Batı Karadeniz'deki bireyler Doğu Karadeniz'dekilerle karşılaştırıldığında dişi bireylerde BG değeri bakımından önemli derecede fark bulunurken diğer değerler arasında önemli fark bulunamamıştır. Erkek bireylerde ise TB, VB, BG ve KB değerleri arasında önemli derecede farklılık bulunurken, BB, ÖAU, AAU ve AAM değerleri bakımından önemli derecede fark bulunamamıştır.

3. TCS analizi sonucunda morfolojik ölçümleri destekler nitelikte *T. vittatus*'un haplotiplerinin 4 ana grupta toplandıkları görülmüştür. TCS analizine göre 16S rRNA geninin 541 bazlık kısmında 15 (Hatay'da 2, Adana ve Mersin'de 2, Batı Karadeniz'de 6 ve Doğu Karadeniz'de 5 haplotip) ve *cytB* geninin 397 bazlık kısmında 25 haplotip (Hatay'da 3, Adana ve Mersin'de 7, Batı Karadeniz'de 4 ve Doğu Karadeniz'de 11

haplotip) bulunmuştur. 16S rRNA geninin haplotipleri arasında en çok 4 bazlık fark (arh 1 ve ord 1 haplotipleri arasında) bulunurken, *cytB* geninin haplotipleri arasında en çok 13 bazlık fark (riz 1 ve arh 1 haplotipleri arasında) bulunmuştur.

4. Maksimum parsimoni analizinde; incelemeler neticesinde 16S rRNA geni için en iyi parsimonik 431 ağaç bulunup bunların 4'ü kaydedilirken ve *cytB* geni için en iyi parsimonik 385 ağaç bulunup bunların 30'u kaydedilmiştir. Maksimum olasılık analizinde; 16S rRNA geni için en iyi parsimonik 1818.21370 ağaç bulunup bunların 1'i kaydedilirken, *cytB* geni için en iyi parsimonik 1681.34673 ağaç bulunup bunların 1'i kaydedilmiştir. Neighbor joining analizinde; maksimum parsimoni analizine benzer şekilde 16S rRNA geni için en iyi parsimonik 431 ağaç bulunup bunların 4'ü kaydedilirken, *cytB* geni için en iyi parsimonik 385 ağaç bulunup bunların 30'u kaydedilmiştir. Tüm analizler sonucunda, her iki gen için kaydedilen ağaçlara bakıldığında Türkiye'deki *T. vittatus*'un 4 ayrı kola ayrıldığı görülmüştür.

5. Yapılan SDS-PAGE deneylerinde Batı Karadeniz ve Doğu Karadeniz'deki *T. vittatus* bireyleri arasında iskelet kası proteinleri bakımında farklılık bulunmuştur. Doğu Karadeniz'deki bireylerde toplam 26 adet protein bandı görülürken, Batı Karadeniz'deki bireylerde toplam 25 adet protein bandı tespit edilmiştir.

6. ÖNERİLER

1. Bu çalışmayla birlikte ilk defa Şeritli Semender (*T. vittatus*)'in morfometrik, 16S rRNA ve *cytB* genleri ile iskelet kası proteinlerinin farklılıklarına göre Türkiye'de 4 alttürü olduğu rapor edilmiştir. Mitokondriyal DNA'nın diğer genleri (12S, ND3 vb.) de incelenerek bu çalışmada rapor edilen 4 farklı alttür olduğu görüşü desteklenebilir.

2. Bu çalışmada yalnızca Türkiye içindeki *T. vittatus* bireyleri incelenmiştir. *T. vittatus*'un dünyadaki dağılımını içine alan daha kapsamlı bir moleküler araştırma ile bu türün filogenetik yapısı hakkında detaylı bilgiler elde edilebilir.

7. KAYNAKLAR

- Akaike, H., 1974. A New Look at the Statistical Model Identification, IEEE Trans. Aut. Control, 19, 716-723.
- Arntzen, J.W. ve Olgun, K., 2000. Taxonomy of the Banded Newt, *Triturus vittatus*: Morphological and Allozyme Data, Amphibia-Reptilia, 21, 155-168.
- Atatür, M., 1974. Güney Anadolu'da Yaşayan *Triturus vittatus* (Salamandridae) Populasyonları Üzerinde Morfolojik-Taksonomik Araştırmalar, Ege Üniv. Fen Fak. İlimi Raporlar Serisi, İzmir, 188 s.
- Bailly, S., 1984. Nucleotide Composition of Constitutive Heterochromatin of *Pleurodeles waltlii*, Can J Genet Cytol., 26, 710-716.
- Baran, İ., Kumlutaş, Y., Kaska, Y. ve Türkozan, O., 1994. Research on the Amphibia, Reptilia and Mammalia Species of the Köyceğiz-Dalyan Special Protected Area, Turk. J. Zool., 18, 203-219.
- Baran, İ. ve Atatür, M.K., 1998. Turkish Herpetofauna (Amphibians and Reptiles), Ministry of Environment, Ankara, 214 s.
- Baran, İ., Kumlutaş, Y., Olgun, K., Ilgaz, Ç. ve Kaska, Y., 2001. The Herpetofauna of the Vicinity Silifke, Turk. J. Zool., 25, 245-249.
- Baran, İ., Kumlutaş, Y., Tok, C. V., Ilgaz, Ç., Kaska, Y., Olgun, K., Türkozan, O. ve İret, F., 2004. On two Herpetological Collections Made in East Anatolia (Turkey), Herpetozoa, 16, 99-114.
- Bahçeci, Z., 2000. Evrim, Öğrenci Kitabevi Yayınları, Kırşehir, 216 s.
- Borkin, L.J., Litvinchuk, S.N. ve Zuderwijk, A., 2003. Bandmolch, *Triturus vittatus* (Gray, 1835), Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas, K.G., Grossenbacher ve B., Thiesmeier, Eds., Schwanzlurche (Urodela), IIA, 555-605.
- Bocxlaer, I.V., Roelants, K., Biju, S.D., Nagaraju, J. ve Bossuyt, F., 2006. Late Cretaceous Vicariance in Gondwana Amphibians, PloS One, 1, 74-78.
- Bucci-Innocenti, S., Ragghianti, M. ve Mancino, G., 1983. Investigations of Karyology and Hybrids in *Triturus boscai* and *T. vittatus* with a Reinterpretation of the Species Groups within *Triturus* (Caudata: Salamandridae), Copeia, 3, 667-672.
- Bülbül, U. ve Kutrup, B., 2007. Comparison of Skeletal Muscle Protein Bands among Five Populations of *Bufo viridis* in Turkey, Turk. J. Zool., 31, 419-422.
- Bülbül, U., 2002. Trabzon'da Farklı Rakımlardaki İki *Triturus vittatus ophryticus* Populasyonunun Yaş Yapısının ve Bazı Büyüme Parametrelerinin İncelenmesi, Yüksek Lisans Tezi, KTÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.

- Caccone, A., Milinkovitch, M.C., Sbordoni, V. ve Powell, J.R., 1997. Mitochondrial DNA Rates and Biogeography in European Newts (genus *Euproctus*), Syst. Biol., 46,126-144.
- Clement, M., Posada, D. ve Crandall, K.A., 2000. TCS, A Computer Program to Estimate Gene Genealogies, Mol. Ecol., 9, 1657-1659.
- Eiselt, J., 1970. Kaukasus-Bandmolche aus der Türkei, Aquaterra, 7, 13-17.
- Felsenstein, J., 1981. Evolutionary Trees from DNA sequences: A Maksimum Likelihood Approach, J. Mol. Evol., 17, 368-376.
- Farias, I.P., Orti, G., Sampaio, I., Schneider, H. ve Meyer, A., 2001. The Cytochrome b Gene as a Phylogenetic Marker: The Limits of the Resolution for Analyzing Relationships among Cichlid Fish, J. Mol. Evol., 53, 89-103.
- Franzen, M. ve Schmidtler, J.F., 2000. Verbreitung und Ökologie des Bandmolchs, *Triturus vittatus* (Jenyns, 1835), in der südlichen Türkei, Salamandra, 36, 39-58.
- Franzen, M., 2001. A Distribution Record of the Banded Newt, *Triturus vittatus*, from the Mesopotamian Plain, Southern Turkey, The Herpetol. Bullet., 74, 26-28.
- Freeman, S. ve Herron, J.C., 2002. Evolutionary Analysis, Evrimsel Analiz, B., Çıplak, H.H., Başıbüyük, S., Karaytuğ ve İ., Gündüz, Ed., Palme Yayıncılık, Ankara, 708 s.
- Harris, D.J., Arnold, E.N. ve Thomas, R.H., 1998. Rapid Speciation Morphological Evolution and Adaption to Extreme Environments in Sand Lizards (Meroles) as Revealed by Mitochondrial Gene Sequences, Mol. Phylogenet. Evol., 10, 37-48.
- Harris, D.J., 2001. Reevaluation of 16S Ribosomal RNA Variation in *Bufo* (Anura: Amphibia), Mol. Phylogenet. Evol., 2, 326-329.
- Hertwig, S., De Sa, R.O. ve Haas, A., 2004. Phylogenetic Signal and the Utility of 12S and 16S mtDNA in Frog Phylogeny, J. Zool. Syst. Evol. Res., 42, 2-18.
- Huelsenbeck, J.P. ve Rannala, B., 1997. Phylogenetic Methods Come of Age: Testing Hypotheses in an Evolutionary Context, Science, 276, 227-232.
- Huelsenbeck, J.P. ve Ronquist, F., 2001. MRBAYES: Bayesian Inference of Phylogenetic Trees, Bioinformatics, 17, 754-755.
- Horner, H.A. ve Macgregor, H.C., 1985. Normal Development in Newts (*Triturus*) and Its Arrest as a Consequence of an Unusual Chromosomal Situation, J. Herpetol., 19, 261-270.

- İnan, K., 2005. Türkiye'nin Çeşitli Kaplıcalarından Anoxybacillus Türlerinin İzolasyonu, Karakterizasyonu ve Tanımlanması, Yüksek Lisans Tezi, KTÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Kimura, M., 1968. Evolutionary Rate at the Molecular Level, Nature, 217, 624-626.
- Kimura, M., 1980. A Simple Method for Estimating Evolutionary Rates of Base Substitution Through Comparative Studies of Nucleotide Sequences, J. Mol. Evol., 16, 111-120.
- Kimura, M., 1983. The Neutral Theory of Molecular Evolution, Evolution of Genes and Proteins, M., Nei, ve R.K., Koehn, Eds., Sunderland, Sinauer, 208-233.
- Kocher, T.D., Thomas, W.K., Meyer, A., Edwards, S.V., Paabo, S., Villablanca, F.X. ve Wilson, A.C., 1989. Dynamics of Mitochondrial DNA Evolution in Animals: Amplification and Sequencing with Conserved Primers, Proc. Natl. Acad. Sci., 86, 6196-6200.
- Kutrup, B., Bulbul, U. ve Yilmaz, N., 2005. Age Structure in Two Populations of *Triturus vittatus ophryticus* at Different Altitudes, Amphibia-Reptilia, 26, 49-54.
- Kutrup, B., Bulbul, U. ve Yilmaz, N., 2006. Effects of the Ecological Conditions on Morphological Variations of the Green Toad, *Bufo viridis*, in Turkey, Ecol. Res., 21, 208-214.
- Litvinchuk, S.N., Rosanov, J.M., Borkin, L.J., Khalturin, M.D., Timofeev, B.I., Dzukic, G. ve Kalezic, M.L., 2001. Genome Size and Some Problems of Urodelan Systematics (Salamandridae and Hynobiidae), The Problems of Herpetology, N.B., Ananjeva, Ed., Moscow, 168-170.
- Litvinchuk, S.N., Borkin, L.J., Rosanov, J.M., Skorinov, D.V., Khalturin, M.D., Dzukic, G., Kalezic, M.L. ve Mazanaeva, L.F., 2005a. Geographic Differentiation in Newts (*Triturus*) of Eastern Europe: Genome Size, Allozymes and Morphology, Herpetologia Petropolitana, N.B., Ananjeva ve O., Tsinenko, Eds., St. Petersburg, 57-60.
- Litvinchuk, S.N., Zuiderwijk, A., Borkin, L.J. ve Rosanov, J.M., 2005b. Taxonomic Status of *Triturus vittatus* (Amphibia: Salamandridae) in Western Turkey: Trunk Vertebrae Count, Genome Size and Allozyme Data, Amphibia-Reptilia, 26, 305-323.
- Liu, W., Lathrop, W., Fu, J., Yang, D. ve Murphy, R.W., 2000. Phylogeny of the East Asian Bufonids Inferred from Mitochondrial 12S and 16S Ribosomal RNA Genes, Mol. Biol. Evol., 12, 928-937.
- Lutz, G.J., Brenner, S.N., Bade, M.J. ve Lieber, R.L., 2001. Identification of Myosin Light Chains in *Rana pipiens* Skeletal Muscle and Their Expression Patterns along Single Fibres, The J. Exper., 204, 4237-4248.

- Macey, J.R., Schulte, J.A., Larson, A., Fang, Z., Wang, Y., Tuniyev, B.S. ve Papenfuss, T.J., 1998. Phylogenetic Relationships of Toads in the *Bufo bufo* Species Group from the Eastern Escarpment of the Tibetan Plateau: A Case of Vicairance and Dispersal, Mol. Phylogenet.Evol., 1, 80-87.
- Madison, D.R., Swofford, D.L. ve Madison, W.P., 1997. NEXUS: An Extensible File Format for Systematic Information, Sys. Biol., 46, 590-621.
- Olgun, K. ve Baran, İ., 1993. Orta Karadeniz Bölgesi'nin İç Kesimlerinde Yaşayan *Triturus vittatus* (Gray, 1835) (Urodela: Amphibia) Populasyonları Üzerinde Sistematik Araştırma, Turk. J. Zool., 17, 445-456.
- Olgun, K., Tok, V., Arntzen, J.W. ve Turkozan, O., 1997. The Taxonomic Status of the Banded Newt (*Triturus vittatus*) in Southern Turkey, Herpetol. J., 7, 169-171.
- Özdemir, N., 2005. Siğilli Kurbağa (*Bufo bufo*)'nın Morfolojik ve Moleküler Açından İncelenmesi, Doktora Tezi, KTÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- Özeti, N. ve Arıkan, H., 1989. A Preliminary Survey on Serum Proteins of the Turkish Populations of *Bombina bombina* (Anura: Discoglossidae), İstanbul Üniv. Fen Fak. Mec. Ser. B.51, 13-18.
- Özeti, N. ve Yılmaz, İ., 1994. Türkiye Amfibileri, Ege Üniversitesi Basımevi, İzmir, 221 s.
- Posada, D. ve Crandall, K.A., 1998. Modeltest: Testing the Model of DNA Substitution, Bioinformatics, 14, 817-818.
- Posada, D., 2003. Selecting Models of Evolution, In the Phylogenetic Handbook, A.M., Vandamme ve M., Salemi, Eds., Cambridge University Press, 256-282.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., ve Maniatis, T., 1989. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory, New York, 386-393.
- Schmidtler, J.F. ve Schmidtler, J.J., 1967. Über die Verbreitung der Molchgattung *Triturus* in Kleinasien, Salamandra, 3, 15-36.
- Sneath, P.H.A. ve Sokal, R.R., 1973. Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification, W.H. Freeman, San Francisco, 573 s.
- Sotiropoulos, K., Eleftherakos, K., Dzukic, G., Kalezic, M.L., Legakis, A. ve Polymeni, R.M., 2007. Phylogeny and Biogeography of the Alpine Newt *Mesotriton alpestris* (Salamandridae, Caudata), Inferred from mtDNA Sequences, Mol. Phylogenet. Evol., 45, 211-226.
- Steinitz, H., 1965. *Triturus vittatus* (Jeys) Geographic Distribution and Taxonomic Subdivisions, Israel J. Zool., 14, 234-240.

- Steinfartz, S., Vicario, S., Arntzen, J.W. ve Caccone, A., 2007. A Bayesian Approach on Molecules and Behavior: Reconsidering Phylogenetic and Evolutionary Patterns of the Salamandridae with Emphasis on *Triturus* Newts, J. Exp. Zool B Mol. Dev. Evol., 308, 139-62.
- Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddell, P.J., Hillis ve D.M., 1996. Phylogenetic Inference, Molecular Systematics, D.M., Hillis, C., Moritz ve B.K., Mable, Eds., Sinaeur, Sunderland, 407-514.
- Swofford, D.L., 1998. PAUP, Phylogenetic Analysis Using Parsimony, and Other Methods, Version 4, Sinaeur, Sunderland, 122 s.
- Templeton, A.R., Crandall, K.A. ve Sing, C.F., 1992. A Cladistic Analysis of Phenotypic Associations with Haplotypes Inferred from Restriction Endonuclease Mapping and DNA Sequence Data, III. Cladogram Estimation, Genetics, 132, 619-633.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. ve Higgins, D.G., 1997. The ClustalX Windows Interface: Flexible Strategies for Multiple Sequence Alignment Aided by Quality Analysis Tools, Nucleic Acids Res., 24, 4876-4882.
- Thorn, R., 1968. Les Salamanders d'Europe, d'Asie et d' Afrique du Nord, Editions Paul Lechevailier, Paris, 376 s.
- Tiffoche C, Chesnel, A., Jego, P. ve Le Pennec, J.P., 1993. Isolation and Characterization of a cDNA Clone Encoding a *Pleurodeles* Lectin, Eur. J. Biochem., 213, 901-907.
- Toto, P. ve Annoni, J., 1964. Preliminary Study of the Distribution of DNA Synthesizing Cells In Regeneration of the Newt, J. Dent. Res., 48, 1731-1738.
- URL-1 <http://cografya.artshost.com/> Coğrafyacı. 10 Eylül 2007.
- URL-2 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez> PUBMED. 12 Ağustos 2007.
- Veith, M., Mayer, C., Samraoui, B., Barrosa, D.D. ve Boagerts, S., 2004. From Europe to Africa and Vice Versa: Evidence for Multiple Intercontinental Dispersal in Ribbed Salamanders (Genus *Pleurodeles*), J. Biogeography, 31, 159-171.
- White, M.J.D., 1978. Modes of Speciation, W.H. Freeman, San Francisco 455 s.
- Yılmaz, İ., 1997. Taksonomik Zoolojinin Prensipleri ve Metodları, Oral Yayıncılık, İzmir, 209 s.
- Zajc, I. ve Arntzen, J.W., 2000. Evolutionary Relationships among European Newts (Genus *Triturus*) as Inferred from two mtDNA Fragments, Eur. J. Physiol., 439, 21-22.

ÖZGEÇMİŞ

1977 yılında Samandağ (Hatay)'da doğdu. İlk, Orta ve Lise öğrenimini Adapazarı'nda, tamamladıktan sonra 1995-1996 öğretim yılında K.T.Ü Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümünde Lisans öğrenimine başladı. 1999 yılında bu bölümden biyolog unvanı ile mezun oldu. Aynı yıl KTÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başladı. 2000 yılından beri KTÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında Araştırma Görevlisidir. Evlidir. İngilizce bilmektedir.