

**T.C.
ARTVİN ÇORUH ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI**

**ARTVİN'DE YAYILIŞ GÖSTEREN BAZI MEMELİ TÜRLERİNİN
DNA BARKODLAMASI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Serap ÖZDEMİR

Danışman

Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER

AĞUSTOS, 2025

BİLİMSEL ETİK BEYANNAMESİ

Artvin Çoruh Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsüne Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Artvin’de Yayılış gösteren Bazı Memeli Türlerinin DNA Barkodlaması” başlıklı bu çalışmayı;

☒ Baştan sona kadar danışmanım Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER’in sorumluluğunda tamamladığımı, başka kaynaklardan aldığım bilgileri metin içerisinde ve kaynakçada eksiksiz olarak gösterdiğimi, çalışma sürecinde bilimsel araştırma ve etik kurallara uygun olarak davrandığımı taahhüt ederim.

☐ Turnitin benzerlik programından alınmış olan özgünlük raporuna göre tezin benzerlik oranının % 7 olduğunu beyan ederim.

Aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim.

Lisansüstü Eğitim-Öğretim yönetmeliğinin ilgili maddeleri uyarınca gereğinin yapılmasını arz ederim.

☐ Tezimin tamamı her yerden erişime açılabilir.

☐ Tezim sadece Artvin Çoruh Üniversitesi yerleşkelerinden erişime açılabilir.

☒ Tezimin 6 ay süreyle erişime açılmasını istemiyorum. Bu sürenin sonunda uzatma için başvuruda bulunmadığım takdirde, tezimin tamamı her yerden erişime açılabilir.

.../.../2025

Serap ÖZDEMİR

ORCID NO: 0000-0002-0680-2384

İmza

T.C.
ARTVİN ÇORUH ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI

ARTVİN'DE YAYILIŞ GÖSTEREN BAZI MEMELİ TÜRLERİNİN
DNA BARKODLAMASI

Serap ÖZDEMİR
ORCID NO: 0000-0002-0680-2384

Başkan : Dr. Öğr. Üyesi Hayal AKYILDIRIM BEĞEN
Jüri Üyesi : Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER
Jüri Üyesi : Dr. Öğr. Üyesi Münir UÇAK

ONAY:

Bu Yüksek Lisans tezi, Artvin Çoruh Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulunca belirlenen yukarıdaki jüri üyeleri tarafından 15/08/2025 tarihinde oybirliği ile uygun görülmüş ve kabul edilmiştir.

.../.../2025

Prof. Dr. Kerem ÇOŞKUN

Enstitü Müdürü

ÖN SÖZ

“Artvin’de Yayılış gösteren Bazı Memeli Türlerinin DNA Barkodlaması” konusunda yapılan bu çalışma; Artvin Çoruh Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında yüksek lisans tezi olarak hazırlanmıştır.

Tez konusundaki bu araştırma için beni yönlendiren, karşılaştığım zorlukları bilgi ve tecrübesi ile aşmamda yardımcı olan değerli danışman hocam Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER’e teşekkürlerimi sunarım. Tez çalışmasında örneklerini kullanmama izin veren Artvin Meslek Yüksekokulu Ormancılık Bölümü Avcılık ve Yaban Hayatı Programı’nda görev yapan başta danışman hocam Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER olmak üzere, Dr. Öğr. Üyesi Yasin UÇARLI, Dr. Öğr. Üyesi Ahmet Yesari SELÇUK ve Öğr. Gör. Dr. Gökçe Ali KELEŞ’e teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmalarında, elde edilen verilerin analiz edilmesinde ve tezin yazım aşamasında yardımlarını esirgemeyen hocam Dr. Öğr. Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER ile Dr. Öğr. Üyesi Ahmet Yesari SELÇUK’a ve BİLTEKMER’deki değerli hocalarım ile personele teşekkür ederim.

Serap ÖZDEMİR

Artvin – 2025

İÇİNDEKİLER

KISALTMA DİZİNİ	VI
ŞEKİL LİSTESİ	IX
TABLO LİSTESİ.....	X
ÖZET	XI
ABSTRACT	XII
1 GİRİŞ.....	13
2 MATERYAL VE YÖNTEM	20
2.1 Çalışmada Kullanılan Örnekler	20
2.2 Laboratuvar Çalışmaları.....	20
2.2.1 Örneklerden DNA Saflaştırılması	20
2.2.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu ve Agaroza Jel Elektroforezi	22
2.3 Biyoinformatik Analizler.....	25
3 BULGULAR	29
3.1 <i>Rupicapra rupicapra asiatica</i> 'nın BLAST Sonuçları.....	29
3.2 <i>Rupicapra rupicapra asiatica</i> 'nın Filogenisi ve Moleküler Tarihlemesi..	30
3.3 <i>Ursus arctos</i> 'un BLAST Sonuçları.....	35
3.4 <i>Ursus arctos</i> 'un Filogenetik Analizi.....	36
3.5 <i>Lepus europaeus</i> 'un BLAST Sonuçları	38
3.6 <i>Lepus europaeus</i> 'un Filogenetik Analizi	39
3.7 <i>Glis glis</i> 'in BLAST Sonuçları.....	41
3.8 <i>Glis glis</i> 'in Filogenetik Analizi	43
4 SONUÇ VE ÖNERİLER	45
KAYNAKLAR.....	49
EKLER	53
İNTİHAL RAPORU İLK SAYFASI	58
KURUM İZNİ YAZILARI.....	59

KISALTMA DİZİNİ

%	Yüzde
π	Nükleotid Çeşitliliği
°C	Santigrat Derece
μ l	Mikrolitre
μ mol	Mikromol
A	Adenin
BİLTEKMER	Bilim-Teknoloji Uygulama ve Araştırma Merkezi
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
BOLD	The Barcode of Life Data System (Yaşamın Barkodu Veri Sistemi)
β -ME	Beta Merkaptoethanol
C	Sitozin
CITES	Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (Nesli Tehlike Altında Olan Yaban Hayvan ve Bitki Türlerinin Uluslararası Ticaretine İlişkin Sözleşme)
<i>COI</i>	sitokrom c oksidaz altünite I geni
<i>CYTB</i>	Sitokrom <i>b</i>
CTAB	Setiltrimetilamonyum bromür
dATP	Deoksiadenozin Trifosfat
dCTP	Deoksisitidin Trifosfat
<i>D-loop</i>	Kontrol bölgesi
DD	Data Deficient (Veri Yetersiz)
ddNTP	Deoksiribonükleotid Trifosfat

DNA	Deoksiribonükleik asit
dTTP	Deoksitimidin Trifosfat
EDTA	Etilendiamintetraasetik asit
G	Guanin
IUCN	International Union for Conservation of Nature (Uluslararası Doğa Koruma Birliği)
LC	Least Concern (Asgari Endişe, En Az Endişe Veren Tür)
mg	Miligram
ml	Mililitre
mM	Milimolar
M	Molar
MA	Molekül Ağırlığı
MAKK	Merkezi Av Komisyon Kararı
MDD	Mammal Diversity Database (Memeli Çeşitliliği Veritabanı)
n	Örnek sayısı
NaCl	Sodyum Klorür
NCBI	National Center for Biotechnology Information
ng	Nanogram
NJ	Neighbour Joining (Komşu Birleştirme)
pH	Power of Hydrogen (Hidrojen Gücü)
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RNA	Ribonükleik Asit
RNase	Ribonükleaz
rpm	Dakikadaki Devir Sayısı
rRNA	Ribosomal RNA
T	Timin
TAE	Tris asetat EDTA

<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i>
TE	Tris-EDTA
tRNA	Transfer RNA
V	Volt



ŞEKİL LİSTESİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 2.1 CTAB ile DNA saflaştırmada kullanılan çözeltiler ve gereçler.....	22
Şekil 2.2 PZR çalışmalarında kullanılan ısısal döngü cihazı.....	23
Şekil 2.3 Elektroforez sistemi.....	24
Şekil 2.4. Jel görüntüleme sistemi.....	25
Şekil 2.5 BioEdit programı ile oluşturulan konsensüs diziler	26
Şekil 2.6 <i>Rupicapra rupicapra asiatica</i> örneğinin BLAST analizi.....	27
Şekil 2.7 Verilerin MEGA programı ile analizi	28
Şekil 3.1 BI filogenetik ağacı	35
Şekil 3.2 <i>Ursus arctos</i> örneklerine ait ML filogenetik ağacı	38
Şekil 3.3 <i>Lepus europaeus</i> örneklerine ait ML filogenetik ağacı.....	41
Şekil 3.4 <i>Glis glis</i> örneklerine ait ML filogenetik ağacı	44

TABLO LİSTESİ

Sayfa No

Tablo 3.1 İki farklı <i>R. rupicapra asiatica</i> örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri.....	29
Tablo 3.2 Analizlerde kullanılan örnekler.....	31
Tablo 3.3 <i>R. rupicapra asiatica</i> ve GenBank örneklerinin haplotip listesi.....	33
Tablo 3.4 <i>Ursus arctos</i> örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri	36
Tablo 3.5 <i>Ursus arctos</i> ve GenBank örneklerinin haplotip listesi	37
Tablo 3.6 <i>Lepus europaeus</i> örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri.....	39
Tablo 3.7 <i>Lepus europaeus</i> ve GenBank örneklerinin haplotip listesi.....	40
Tablo 3.8 <i>Glis glis</i> örneklerine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri	42
Tablo 3.9 <i>Glis glis</i> ve GenBank örneklerinin haplotip listesi.....	43

ARTVIN’DE YAYILIŞ GÖSTEREN BAZI MEMELİ TÜRLERİNİN DNA BARKODLAMASI

Serap ÖZDEMİR

Bu çalışma, Türkiye'nin kuzeydoğusunda yer alan Artvin ilinde yayılış gösteren çengel boynuzlu dağ keçisi (*Rupicapra rupicapra asiatica*), bozayı (*Ursus arctos*), yaban tavşanı (*Lepus europaeus*) ve yediuyur (*Glis glis*) gibi bazı memeli türlerinin, mitokondriyal DNA (*COI* gen bölgesi) barkodlaması yoluyla genetik yapılarını belirlemeyi amaçlamıştır. Elde edilen veriler, memeliler için *COI* gen bölgesinin tür teşhisi açısından güvenilir bir moleküler belirteç olduğunu ortaya koymuştur. *Rupicapra rupicapra asiatica*'da daha önce tanımlanmamış yeni bir haplotip tespit edilmiş ve tür içi yüksek haplotip çeşitliliği ile düşük nükleotid çeşitliliği birlikte gözlemlenmiştir. *Ursus arctos* örnekleri Avrupa ve Asya geneliyle yüksek benzerlik göstermiştir. *Lepus europaeus* bireylerinde İran örnekleriyle ortak haplotipler bulunmuş, *Glis glis* ise Türkiye'ye özgü ancak Avrupa populasyonlarından kısmen farklı bir genetik yapı sergilemiştir. Bu bulgular, Artvin'in yalnızca yüksek tür çeşitliliğiyle değil, aynı zamanda genetik çeşitlilik ve türler arası filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde de önemli bir biyocoğrafik merkez olduğunu ortaya koymuştur. Anadolu'nun türlerin geçiş ve temas alanı olması, koruma biyolojisi ve sürdürülebilir yönetim açısından genetik verilerin önemini bir kez daha vurgulamaktadır. İleride yapılacak çalışmalarda daha geniş coğrafi örneklemelerle, mitokondriyal (*CYTB*, *D-loop* gibi) ve nükleer belirteçlerin kullanılması, türlerin evrimsel geçmişi ve populasyonlar arası gen akışı hakkında daha kapsamlı sonuçlar elde edilmesini sağlayacaktır.

Anahtar Kelimeler: Artvin, Memeliler, DNA Barkodlama, Genetik Yapı, Türkiye

ABSTRACT

DNA BARCODING OF SOME MAMMAL SPECIES DISTRIBUTED IN ARTVIN

Serap ÖZDEMİR

The research seeks to assess the genetic structure of selected mammal species — *Rupicapra rupicapra asiatica* (Anatolian chamois), *Ursus arctos* (brown bear), *Lepus europaeus* (European hare), and *Glis glis* (edible dormouse) — inhabiting the Artvin province in northeastern Türkiye through mitochondrial DNA barcoding (*COI* gene region). The results validate the *COI* gene as a dependable tool for species-level identification. A previously undescribed haplotype was detected in *Rupicapra rupicapra asiatica*, with high haplotype but low nucleotide diversity, indicating limited but significant genetic differentiation within populations. *Ursus arctos* sequences were highly similar to widespread Eurasian haplotypes, suggesting gene flow or historical connectivity. Shared haplotypes between *Lepus europaeus* samples and those from Iran highlight Anatolia's role as a biogeographic bridge. *Glis glis* exhibited unique haplotypes within Türkiye, partially distinct from European populations, pointing to possible local adaptations. These findings underscore the importance of the Artvin region not only for its rich species diversity but also as a potential center of genetic variation and phylogeographic transitions. The study contributes to the molecular documentation of Türkiye's mammalian biodiversity and offers a scientific basis for conservation and sustainable management efforts. Future research should integrate broader geographic sampling and utilize both mitochondrial (e.g., *CYTB*, *D-loop*) and nuclear markers to elucidate historical dispersal, isolation processes, and gene flow dynamics among these species.

Keywords: Artvin, Mammals, DNA Barcoding, Genetic Structure, Türkiye

2025 yılı itibarıyla Memeli Çeşitliliği Veritabanı'nın (Mammal Diversity Database, MDD) güncel taksonomik sınıflandırmasına göre, dünya genelinde memeliler yaklaşık 6.703 yaşayan türü kapsamaktadır. Bu türler, 27 takım, yaklaşık 167 aile ve yaklaşık 1.359 cins içerisinde sınıflandırılmaktadır (URL-1). Tür zenginliği bakımından en büyük takımlar arasında yer alan Rodentia (kemiriciler) yaklaşık 2.726 tür ile toplam memeli çeşitliliğinin yaklaşık %40'ını temsil etmektedir. Chiroptera (yarasalar) takımı ise yaklaşık 1.490 tür ile memelilerin %20'sini oluşturur. Üçüncü en çeşitli takım olan Eulipotyphla (köstebekler, kirpiller ve sivri fareleri içeren grup), yaklaşık 602 tür ile önemli bir biyolojik çeşitlilik sunar. Bu üç takım, birlikte ele alındığında, tüm memeli türlerinin %70'inden fazlasını barındırmaktadır. Bunların yanı sıra, Primates (primatlar, ~512 tür), Artiodactyla (çift toynaklılar, ~365 tür) ve Carnivora (etoburlar, ~313 tür) gibi takımlar da ekolojik ve evrimsel açıdan dikkat çekici gruplardır. Bu hiyerarşik yapı içerisinde Tubulidentata gibi tek tür ile temsil edilen (monotipik) taksonomik kategoriler de bulunmaktadır. Bu sayısal veriler, memelilerin dünya genelindeki biyocoğrafik dağılımları, taksonomik durumları ve ekolojik rollerine ilişkin değerlendirmeler açısından önemli bir temel teşkil etmektedir (URL-1).

Türkiye, üç kıtanın kesişim noktasında yer alması ve barındırdığı farklı fitocoğrafik bölgeler (Avrupa-Sibirya, İran-Turan ve Akdeniz) sayesinde, zengin ve çeşitli bir memeli faunasına ev sahipliği yapmaktadır (Seyfi vd., 2021). Yakın zamanda yapılan çalışmaların sonuçları ve Memeli Çeşitliliği Veritabanı'nın güncel verilerine göre, ülkemizde 176 memeli türü doğal olarak bulunmaktadır; bu türler 6 farklı takıma (Lagomorpha, Rodentia, Eulipotyphla, Chiroptera, Carnivora ve Artiodactyla), 33 aileye ve 83 cins içinde sınıflandırılmıştır (URL-1, Seyfi vd., 2021). Taksonomik açıdan en zengin grubu oluşturan Rodentia (kemiriciler), 8 aile ve 28 cins içinde dağılmış 71 tür ile memeli çeşitliliğinin büyük bir bölümünü oluştururken, Chiroptera (yarasalar) ise 6 aile ve 14 cins içine dağılmış yaklaşık 41 tür ile ikinci sırada yer almaktadır. Carnivora

(etçiller) yaklaşık 21 tür, Artiodactyla (çift toynaklılar) ise yaklaşık 19 tür ile temsil edilirken; Lagomorpha (tavşanlar ve akrabaları) ve Eulipotyphla (kırpiller, köstebekler gibi böcekçil memeliler) gibi takımlar ise daha sınırlı sayıda türe sahiptir. Ayrıca, kıyı ve açık deniz habitatlarında yaşayan balinalar ve yunuslar (Cetacea) ile Akdeniz foku (*Monachus monachus*) gibi sucul memeliler de Türkiye memeli faunasına dahildir (Karataş, 2006).

Türkiye memelileri habitat dağılımı bakımından, oldukça geniş bir ekolojik spektrum göstermektedirler. Orman, bozkır, dağ, sulak alan, tarım arazileri gibi karasal habitatlara ek olarak, kıyı ve denizel ekosistemlerde de çeşitli türler gözlemlenmektedir. Örneğin, boz ayı ya da kahverengi ayı olarak bilinen *U. arctos* ve yaban keçisi ya da çengel boynuzlu dağ keçisi olarak bilinen *R. rupicapra* gibi büyük memeliler yüksek dağ ve ormanlık alanlarda yaşarken, Akdeniz foku (*Monachus monachus*) gibi türler Türkiye kıyılarındaki mağara ve koylar gibi farklı habitatlarda sınırlı populasyonlar halinde yaşamlarını sürdürmektedir (Karataş, 2006). Söz konusu habitat çeşitliliği, Türkiye'nin yüksek rakım değişkenliği (deniz seviyesinden 4.000 metreye kadar), farklı iklim kuşakları ve geçiş bölgelerinin etkisiyle şekillenmektedir (Şekercioğlu vd., 2011).

Türkiye'de memeliler yalnızca tür zenginliği bakımından değil, koruma açısından da önem arz etmektedir. Uluslararası Doğayı Koruma Birliği (IUCN) kriterlerine göre, ülkede bulunan memeli türlerinin yaklaşık 45'i tehdit altında kabul edilmektedir (URL-2). Bu türler arasında Akdeniz foku (CR - Kritik Tehlike Altında), bazı yarasa türleri, Hatay dağ ceylanı (*Gazella gazella*) ve Anadolu yer sincabı (*Spermophilus xanthoprimum*) gibi türler yer almaktadır (Seyfi vd., 2021). Türkiye faunasındaki yaklaşık 8 memeli türü endemiktir ve büyük ölçüde İç Anadolu, Doğu Anadolu ve Toros Dağları gibi zoocoğrafik ve fitocoğrafik bakımdan özel habitatlara uyum sağlamışlardır (Karataş, 2006).

Artvin ilinin memeli faunasını belirlemek amacıyla bazı çalışmalar gerçekleştirilmiştir. Göktürk vd. (2011) tarafından yapılan bir araştırma kapsamında doğrudan arazi gözlemleri, yerel halkla yapılan görüşmeler ve mevcut literatür verileri kullanılarak memeli türlerinin varlığı değerlendirilmiştir. Çalışma sonucunda 55 memeli türü tespit edilmiş; bunların 29'u doğrudan gözlemlere dayanarak, 26'sı ise literatür verilerine göre potansiyel olarak belirlenmiştir. Tespit edilen türler taksonomik olarak böcekçil memeliler (7 tür), Yarasalar (14 tür), Tavşanımsılar (1 tür), Kemirgenler (18 tür), Etçiller (10 tür) ve Çift Toynaklılar (5 tür) olmak üzere altı takıma dağılmıştır. Türlerin koruma

durumları IUCN Kırmızı Listesi'ne göre değerlendirilmiş; 5 tür “Neredeyse Tehdit Altında (NT)”, 1 tür “Hassas (VU)”, 1 tür “Veri Yetersiz (DD)” ve 48 tür ise “Asgari Endişe (LC)” kategorisinde yer almıştır. Ayrıca, bazı türlerin Bern Sözleşmesi Ek II ve Ek III listelerinde bulunduğu belirlenmiş, bunun da bölgenin biyolojik çeşitliliğinin korunması açısından önemli olduğu vurgulanmıştır. Çalışma sonuçları, Artvin'in Türkiye memeli faunası açısından yüksek tür çeşitliliğine sahip olduğunu göstermektedir ve bu çeşitliliğin korunması gerektiğine dikkat çekmektedir.

Benzer şekilde, Artvin'de daha dar bir alanda Şeker ve Keleş (2022) tarafından yapılan bir diğer çalışma, Arhavi (Artvin) sınırları içindeki Kamilet Vadisi'nin memeli faunasını analiz ederek, habitat çeşitliliğinin biyolojik zenginliğe olan katkısını ortaya koymayı amaçlamıştır. Araştırmada doğrudan (gözlem, fotokapan) ve dolaylı (iz, dışkı) saha yöntemleri ile literatür kaydı ve yerel halk anketleri kullanılarak, beş memeli takımına ait 12 familyadan toplam 22 küçük ve büyük memeli türü tespit edilmiştir. Alanda belirlenen tüm türlerin IUCN, BERN, CITES ve MAKK kapsamında güncel koruma statüleri sunulmuştur. Bu çalışma ile; Kamilet Vadisi'nin memeli çeşitliliği ve koruma statülerine dair ilk kapsamlı bilgiler sunulmuş ve bölgenin korunmasına yönelik bilimsel temelli yaklaşımın önemi vurgulanmıştır.

Bir diğer çalışma da Şeker (2023) tarafından Arhavi'ye bağlı Kemerköprü Köyü'nün (Artvin) Kafkasya biyolojik sıcak noktası içinde bulunan zengin yaban hayatı çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla gerçekleştirilmiştir. Araştırmada doğrudan yöntemler (nokta gözlem, fotokapan, fotoğraf) ile dolaylı yöntemler (ayak izi, dışkı tespiti) kullanılmış, ayrıca literatür verileri ve yerel halk görüşlerine başvurulmuştur. Elde edilen bulgular, alanda dört memeli takımından (Insectivora, Chiroptera, Carnivora ve Rodentia) 12 aileden toplamda 22 farklı memeli türünün yanı sıra beş kuş takımından 11 familyayı kapsayan 11 kuş türünün yaşadığını ortaya koymuştur. Tespit edilen memeli türlerinin IUCN Kırmızı Liste'sinde “LC (Az Endişe Verici)” kategorisi içinde değerlendirildiği; Bern Sözleşmesi kapsamında yedi memeli türünün Ek III, bir türün ise Ek II'de, CITES listelerinde ise üç türün Ek III, bir türün Ek II ve iki türün hem Ek I hem Ek II'de yer aldığı belirlenmiştir. Ayrıca, MAKK kapsamında da türlerin güncel koruma statüleri listelenmiştir. Bu araştırma ile, Kemerköprü Köyü ile yakın çevresindeki yaban hayatı çeşitliliğinin sistematik şekilde belgelenmesi, sürdürülebilir yönetim ve korunma stratejilerinin geliştirilmesine yönelik önemli bilimsel veriler sağlanmıştır.

Sonuç olarak, Türkiye memelileri, taksonomik çeşitlilik, habitat farklılığı ve koruma öncelikleri bakımından Avrupa ve Yakın Doğunun en dikkat çekici faunalarından birini oluşturmaktadır. Bu zenginlik hem bilimsel araştırmalar hem de koruma biyolojisi açısından yüksek öneme sahiptir.

DNA barkodlama, canlı organizmaların tür düzeyinde tanımlanmasını ve ayrımını kolaylaştırmak amacıyla, belirli bir kısa ve standart DNA dizisinin analizine dayanan moleküler bir tanımlama yöntemidir. Bu method, bilhassa fenotipik olarak benzer veya tanımlanması güç türlerin ayrılmasında önemli bir araç olarak kullanılmaktadır. DNA barkodlama, bitkilerde genellikle *matK* ve *rbcL* gibi kloroplast gen bölgelerine odaklanırken, hayvanlar için en yaygın olarak kullanılan barkod bölgesi, mitokondriyal DNA üzerinde yer alan *COI* genidir (Hebert vd., 2003).

Barkodlama yaklaşımı, klasik taksonominin karşılaştığı sınırlamaları aşmada önemli katkılar sunmuş; özellikle erken yaşam evrelerinde (yumurta, larva gibi) ya da yalnızca doku örnekleriyle tanımlama yapılması gereken durumlarda büyük avantaj sağlamıştır. Ek olarak, çevresel DNA (eDNA) ve metagenomik yaklaşımlar ile birleştirildiğinde, DNA barkodlama, biyolojik çeşitliliğin izlenmesi, istilacı türlerin tespiti, kaçak yaban hayatı ticaretinin belirlenmesi ve ekosistem yönetimi gibi çok çeşitli uygulamalarda kullanılabilir (Valentini vd., 2009; Taberlet vd., 2012).

DNA barkodlama çalışmalarının etkinliği, barkod veri tabanlarının (örneğin, BOLD - Barcode of Life Data System, GenBank) kapsamlı ve doğrulanmış referans dizileriyle desteklenmesine bağlıdır. Ancak bazı türlerin bireylerindeki genetik çeşitlilik ile türler arası genetik benzeşme (haplotip paylaşımı) gibi sorunlar, barkodlama ile tür teşhisini zorlaştırabilmektedir. Bu nedenle, DNA barkodlama genellikle morfolojik, ekolojik ve davranışsal verilerle birlikte entegre bir şekilde kullanılmakta ve bu yaklaşıma "entegre taksonomi" adı verilmektedir (Dayrat, 2005).

The Barcode of Life Data System (BOLD), biyolojik türlerin genetik düzeyde tanımlanması ve sınıflandırılmasında kullanılan DNA barkodlama yöntemine dayalı, açık erişimli ve standartlaştırılmış bir veri tabanıdır. 2007 yılında Kanada'daki Guelph Üniversitesi bünyesinde geliştirilen bu sistem, özellikle mitokondriyal *COI* (Cytochrome c oxidase I) gen bölgesine ait kısa DNA dizilerini kullanarak türlerin hızlı ve güvenilir şekilde tanımlanmasına olanak tanır. BOLD, sadece DNA dizilerini değil; aynı zamanda örneklere ait tür isimleri, coğrafi konumları, görselleri ve toplama bilgilerini de içeren

çok boyutlu bir veri sunar. Araştırmacılara filogenetik analiz, tür teşhisi ve harita temelli dağılım görselleştirmeleri gibi çeşitli araçlar sağlayan sistem, özellikle taksonomi, koruma biyolojisi, ekoloji ve çevresel DNA (eDNA) çalışmalarında yoğun olarak kullanılmaktadır (Hajibabaei vd., 2007). Uluslararası ölçekte yürütülen iBOL (International Barcode of Life) projesinin teknik altyapısını oluşturan BOLD, küresel biyoçeşitliliğin belgelenmesi ve türlerin moleküler düzeyde standart biçimde tanımlanmasına katkı sağlayan önemli bir bilimsel platformdur (Ratnasingham ve Hebert, 2007).

Türkiye memeli faunası üzerine yapılan moleküler temelli tür teşhis çalışmaları son yıllarda artış göstermesine karşın, özellikle *COI* (sitokrom c oksidaz I) gen bölgesini esas alan DNA barkodlama uygulamaları sınırlı sayıdadır ve daha çok Carnivora (etçil memeliler) ve Rodentia (kemiriciler) takımındaki bazı türler üzerinde yoğunlaşmıştır. Bu bağlamda yapılan çalışmalar hem taksonomik ayrımların netleştirilmesi hem de türlerin filocoğrafik yapılarının anlaşılması açısından önemli katkılar sağlamaktadır.

Etçil memeliler üzerine yapılan bir araştırmada, Aksöyek vd. (2017), Türkiye ve İran'dan örneklenen üç Canidae türü (*Canis lupus*, *Canis aureus* ve *Vulpes vulpes*) üzerinde gerçekleştirdikleri DNA barkodlama çalışmasında, her türün kendine özgü barkod dizilerine sahip olduğunu ve bu dizilerin türler arasında paylaşılmadığını ortaya koymuştur.

Diğer taraftan kemiriciler üzerinde yapılan çalışmalardan birinde, Taş vd. (2024), Kuzey Anadolu'daki *Clethrionomys glareolus* (kızıl sırtlı orman faresi) populasyonlarının mitokondriyal sitokrom *b* (*CYTB*) ve *COI* genlerinin kısmi dizilerini analiz etmiştir. Çalışmada ulaşılan filogenetik sonuçlar, *Clethrionomys glareolus*'un Türkiye'de iki belirgin genetik grubunun (Klad 1 ve Klad 2) varlığını ortaya koyarken; *Clethrionomys glareolus* populasyonlarında Pleistosen iklim değişikliklerinin neden olduğu genetik darboğazdan sonra hızlı populasyon genişlemesine dair işaretler olduğunu göstermiştir. Ayrıca, türün Bursa-Uludağ örneklerinin, coğrafi olarak farklı bölgede olsalar da kuzeydoğu populasyonlarıyla daha yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlar ile, Türkiye'deki kızıl sırtlı orman faresi populasyonlarının evrimsel geçmişine dair karmaşık filocoğrafik dinamiklerin varlığı ortaya konulmuştur.

Çetintürk (2022) tarafından yapılan bir diğer çalışma da ise, Türkiye'nin doğusunda bulunan Dağıstan çayır faresi (*Microtus daghestanicus*) üzerine mitokondriyal *COI* gen

bölgesine dayalı DNA barkodlama analizleri gerçekleştirmiştir. Bu çalışma, *Pitymys (Microtus) daghestanicus*'un Türkiye popülasyonlarına yönelik *COI* dizilerinin ilk değerlendirmelerinden birini sunarak türün genetik çeşitliliğine dair temel verileri ortaya koymuştur. Elde edilen sonuçlara göre, *M. daghestanicus*'un Buzul Çağı (Pleistosen Dönemi) sırasında farklılaştığı ve *Terricola* alt cinsi içinde yer alan *M. subterraneus*'a, *M. majori*'den daha yakın olduğunu göstermiştir.

Yakın zamanda *Myomimus roachi* ve *Dryomys laniger* gibi ikisi de dar yayılışlı ve biri endemik olan bazı yediuyur türleri üzerinde mitokondriyal DNA *COI* gen dizilimlerine dayalı olarak yapılan çalışmalarda, bu türlerin genetik çeşitlilik düzeyleri ortaya konularak genetik yapıları araştırılmıştır. Bu çalışmalardan birinde, Türkiye'de ilk kez Roach'un fare-kuyruklu yediuyuru (*Myomimus roachi*) popülasyonlarının genetik yapısı *COI* gen dizilimlerine dayalı olarak moleküler düzeyde değerlendirmiştir. Edirne ve Çanakkale'den elde edilen sekiz örneğe ait *COI* gen bölgesinin kısmi dizileri analiz edilerek türün genetik varyasyon seviyesi ve popülasyon yapısı ortaya konmuştur. Toplam beş haplotip tespit edilmiş, bu haplotipler iki genetik gruba ayrılmış ve Edirne popülasyonunun daha yüksek nükleotid çeşitliliğine sahip olduğu belirlenmiştir. Elde edilen veriler ile, türün evrimsel geçmişi hakkında önemli bilgiler sunulmuş ve türün genetik grupları üzerinde bölgesel düzeyde koruma stratejilerinin geliştirilmesinin gerekliliği ifade edilmiştir (Çolak vd., 2025a). Diğer bir çalışmada ise, Türkiye'ye endemik olan kaya yediuyuru (*Dryomys laniger*) üzerine yapılan genetik analizlerle, türün iki belirgin genetik soyağacına ayrıldığı ortaya konmuştur. *COI* gen bölgesinden elde edilen verilere göre, batı (Niğde'deki dört farklı lokalite) ve doğu (Kahramanmaraş–Malatya) popülasyonları arasında yüksek genetik farklılık ($F_{ST} = 0.92892$) ve düşük gen akışı ($N_m = 0.04$) saptanmıştır. İki genetik gruba ayrılan tür için toplam sekiz haplotip tespit edilmiş, genel olarak yüksek haplotip ve nükleotid çeşitliliği gözlenmiştir. Elde edilen bulguların, doğu popülasyonunun *Dryomys anatolicus sp. novum* (Çetintaş vd., 2025) olarak tür düzeyinde ayrılmasını genetik olarak desteklediği ve her iki genetik grup için ayrı koruma stratejileri belirlenmesi gerektiği belirtilmiştir (Çolak vd., 2025b).

Bu çalışmalar, Türkiye memeli faunası üzerine yapılan *COI* genine dayalı barkodlama çalışmalarının henüz başlangıç aşamasında olduğunu ve kapsamlarının genişletilmesine ihtiyaç duyulduğunu ortaya koymaktadır. Özellikle besin zincirindeki rolleri ve ekosistem işleyişindeki anahtar tür olarak rol oynama gibi önemli özellikleri nedeniyle ekolojik açıdan kritik öneme sahip olan Rodentia, Artiodactyla ve Carnivora gibi takımlarda, tür

düzeyinde *COI* gen bölgesine dayalı dizileme çalışmalarının sayısı oldukça sınırlıdır. Oysa *COI* temelli moleküler izleme çalışmaları, biyolojik çeşitliliğin değerlendirilmesi ve izlenmesi ile koruma biyolojisi uygulamaları açısından önemli bir potansiyel taşımaktadır. Türkiye, yüksek endemizm oranı ve ekosistem çeşitliliği ile biyolojik çeşitlilik açısından küresel ölçekte öneme sahip bir ülkedir. Bu bağlamda, DNA dizi analizlerine dayalı olarak farklı türlerde yürütülen genetik çalışmalar; türlerin genetik çeşitlilik düzeylerinin, populasyon yapılarının, demografik geçmişlerinin, yayılış alanlarının ve habitat tercihlerinin ortaya konulmasında kritik rol oynamaktadır. Ayrıca bu çalışmalar, kriptik ya da yeni türlerin tanımlanmasına ve koruma önceliklerinin belirlenmesine olanak sağlayarak biyolojik çeşitliliğin sürdürülebilirliğine katkı sunmaktadır. Bu bağlamda, memeli tür çeşitliliği açısından zengin bir bölge olan Artvin ve genel olarak Türkiye'de yayılış gösteren çengel boynuzlu dağ keçisi (*Rupicapra rupicapra asiatica*), bozayı (*Ursus arctos*), yaban tavşanı (*Lepus europaeus*), yediuyur (*Glis glis*) gibi bazı memeli türlerinin DNA barkodlaması yoluyla genetik yapılarının belirlenmesi için veri sağlanması hedeflenmiş; bu sayede Türkiye'nin biyolojik çeşitliliğinin belgelenmesine, korunması ve sürdürülebilirliğine bilimsel katkı sunulması amaçlanmıştır.

2 MATERYAL VE YÖNTEM

2.1 Çalışmada Kullanılan Örnekler

Bu tez çalışması kapsamında, Artvin ilinde doğal yayılış gösteren dört farklı memeli türüne ait toplam altı bireyden elde edilen doku örnekleri kullanıldı (örnek sayıları: *Rupicapra rupicapra asiatica* [2], *Ursus arctos* [1], *Lepus europaeus* [1] ve *Glis glis* [2]). Doku örnekleri, DKMP Artvin İl Müdürlüğü'nün E-10663509-622.03-19777262 sayılı ve 23.06.2025 tarihli yazısı ile Avcılık ve Yaban Hayatı Programı Yaban Hayatı Laboratuvarı'na teslim edilen ölü bireylerden elde edildi.

2.2 Laboratuvar Çalışmaları

Tezin deneysel çalışmaları, Artvin Çoruh Üniversitesi BİLTEKMER'de yer alan Moleküler Biyoloji ve Genetik Laboratuvarı'nda gerçekleştirildi. Deneysel çalışmalar iki temel aşamadan oluştu. İlk aşamada, örneklerle ait doku materyalinden toplam genomik DNA saflaştırıldı, ikinci aşamada ise, DNA'nın hücre dışı olarak çoğaltılmasını sağlayan Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) yöntemi kullanılarak *COI* gen bölgesi amplifiye edildi. PZR sunucunda elde edilen ürünler, *COI* gen bölgesine ait dizileme reaksiyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla MSM Ürün ve Hizmet (İstanbul) firmasına gönderildi (URL-3).

2.2.1 Örneklerden DNA Saflaştırılması

Örneklerden DNA saflaştırılması aşamasında CTAB (setiltrimetilamonyum bromür) yöntemi kullanıldı (Doyle ve Doyle, 1990). Bu yöntem, özellikle bitki dokularından DNA izolasyonu için geliştirilmiş klasik ve güvenilir bir protokoldür; ancak çeşitli hayvansal ve mikrobiyal dokularda da başarıyla uygulanabilmektedir. CTAB yöntemi, hücre zarının parçalanması ve polifenolik bileşikler ile polisakkaritlerin uzaklaştırılması açısından etkilidir. CTAB, hücre içeriğindeki DNA'yı çözüp kompleks yapılarla bağlanarak saf DNA'nın ayrıştırılmasını kolaylaştırır. Yüksek verim ve kalite sunması nedeniyle

moleküler genetik alıřmalar iin tercih edilen bir yntemdir. Bu yntemin ařamaları ařağıdaki gibi uygulandı:

Birinci ařamada, DNA saflařtırılmasında kullanılacak doku rnekleri, 600 mikrolitre (μ l) CTAB lizis tamponu varlıęında havan yardımıyla ezilerek homojenize edildi. Bu iřlem ile, hcre yapılarının mekanik olarak paralanması ile lizis ařamasının etkinlięi arttırılması saęlandı. Bu ařamada kullanılan CTAB tamponu, hcre ierięindeki polisakkaritlerin ve polifenolik bileřiklerin uzaklařtırılmasında kullanıldı. Sonraki ařamada homojenize edilen ve lizis ařaması gerekleřtirilen dokulara ait lizatlara, nceden hazırlanmıř 50 μ l β -Merkaptoethanol (Beta Merkaptoethanol, β -ME) ilave edildi ve 65 $^{\circ}$ C'de 45-50 dakika sreyle inkbasyona bırakıldı. Bu ařama ile, hcre membranlarının zlmesi ve DNA'nın serbest kalması saęlandı. Inkbasyondan sonra lizatlara 500 μ l kloroform ve izoamil alkol (24:1) karıřımı eklendi. Daha sonra tpler ters evrilerek homojen bir faz oluřması saęlandı. Bu iřlemi takiben, santrifj iřlemi gerekleřtirildi (12.000 rpm, 10 dakika, 4 $^{\circ}$ C) ve sonrasında, stteki sulu faz dikkatlice alınarak bařka bir tpe aktarıldı. Elde edilen sulu faza 500 μ l soęuk izopropanol eklenerek karıřım homojenize hale getirildi ve -86 $^{\circ}$ C'de 30-40 dakika bekletildi. Sonrasında santrifj yapıldı (12.000 rpm, 10 dakika, 4 $^{\circ}$ C) ve sonrasında dibe ken DNA pelleti alındı. DNA pelleti, %70'lik soęuk etil alkol kullanılarak yıkandı ve kısa sreli santrifjleme ile kelti halindeki pellet toparlandı. Ardından tplerdeki etanol tamamen uzaklařtırılarak DNA pelletleri oda sıcaklıęında ya da dřk ısıda kurumaya bırakıldı. Son ařamada, kurutulan DNA pelletleri, 100-200 μ l TE tampon zeltisi ierisinde zld ve mteakip alıřmalar ncesi -20 $^{\circ}$ C'de saklandı. DNA saflařtırma sırasında kullanılan zelti ve gereler řekil 2.1'de gsterildi.



Şekil 2.1 CTAB ile DNA saflaştırmada kullanılan çözeltiler ve gereçler

2.2.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu ve Agaroz Jel Elektroforezi

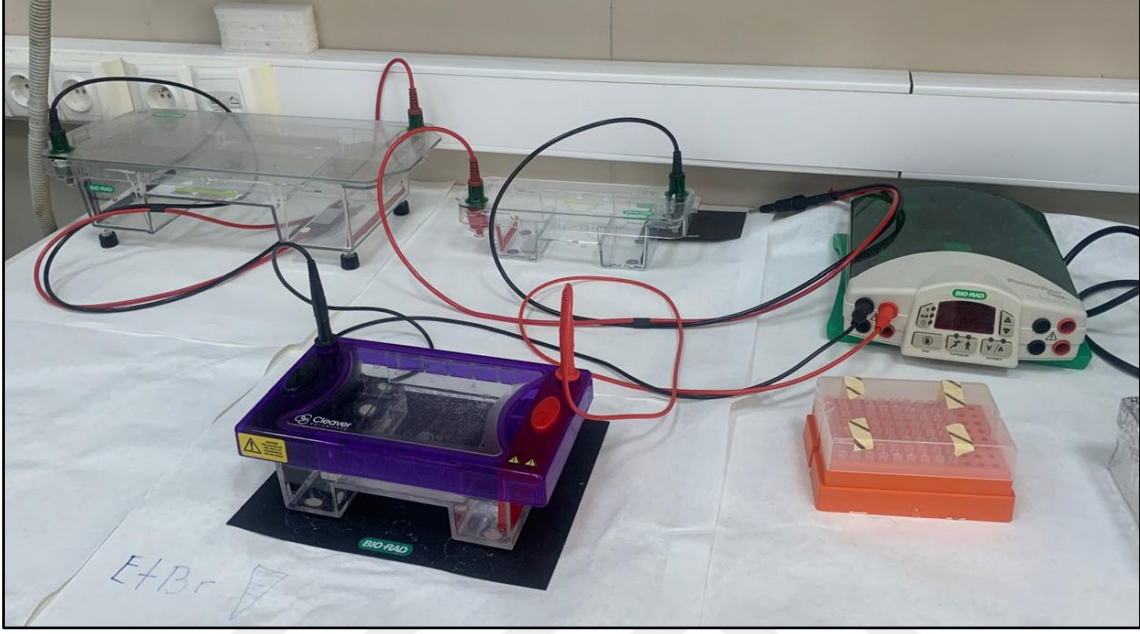
Çalışmada kullanılan farklı memeli türlerine ait örneklerden saflaştırılan genomik DNA'ların, *COI* gen bölgesine ait yaklaşık 650 baz çifti uzunluğundaki barkod bölgesinin çoğaltımı, Folmer vd., (1994) tarafından geliştirilen evrensel primer çiftleri LCO1490 ve HCO2198 kullanılarak gerçekleştirildi. Polimeraz Zincir Reaksiyon (PZR) karışımı toplamda 50 µl hacminde hazırlanmış olup, bu karışım şu bileşenleri içermektedir: 27 µl 2X PCR Master Mix (Taq DNA polimeraz, dNTP'ler, MgCl₂ ve tampon), 2'şer µl primerler (10 µM), 2 µl tamamlayıcı DNA ve 17 µl nükleaz barındırmayan saf su. PZR ile DNA amplifikasyonu, aşağıdaki reaksiyon koşulları altında BIO-RAD T100 Thermal Cycler cihazında yürütüldü: Ön ayrılma 2 dakika süreyle 94 °C'de gerçekleştirildi. Ardından yarım dakika 94 °C'de ayrılma, primerlere özgü olarak optimize edilen 50 °C sıcaklıkta 45 saniyelik annealing (primer bağlanması), 72 °C'de 1 dakika uzama adımlarından oluşan toplam 35 tur reaksiyon uygulandı. Reaksiyonun son uzatma evresi ise 72 °C'de 5 dakika süresince gerçekleştirildi (Şekil 2.2). PZR sonrasında ürünlerinin çoğalıp çoğalmadığı, %1.5 agaroz jel elektroforezi kullanılarak kontrol edildi.



Şekil 2.2 PZR çalışmalarında kullanılan ısısal döngü cihazı

Amplifikasyonların doğrulanması amacıyla PZR ürünleri %1 yoğunluğunda agaroz jel vasıtasıyla elektroforez yöntemiyle analiz edildi. Jel, 50 ml Tris-Asetik Asit-EDTA (1X TAE) tamponu içerisinde 0,50 gram agaroz çözündürülerek hazırlandı ve 1 µl güvenli nükleik asit boyası (Invitrogen™ SYBR™ Safe DNA Gel Stain) ilave edildi. PZR ürünlerinden 5 µl, 1 µl ilerleme boyası ile karıştırıldı ve kuyucuklara yüklendi. PZR ile çoğaltılan ürünlerinin boyutunu ölçmek için 100 bp'lik DNA merdiveni (Invitrogen™ 100 bp DNA Ladder) referans olarak kullanıldı. Elektroforez işlemi, 90 V sabit voltajda

yaklaşık 40–50 dakika süreyle yürütüldü (Şekil 2.3). İşlem sonunda jel, UV transilluminatör (BIO-RAD Gel Doc XR+) altında görüntülendi (Şekil 2.4) ve hedef gen bölgesine (~650 bp) karşılık gelen bantlar doğrultusunda amplifikasyonun başarı düzeyi değerlendirildi.



Şekil 2.3 Elektroforez sistemi

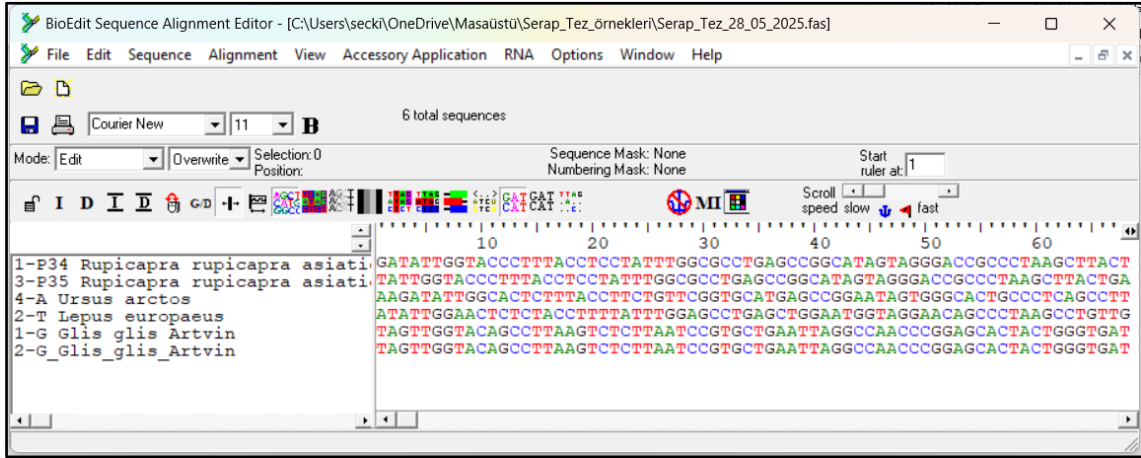


Şekil 2.4. Jel görüntüleme sistemi

2.3 Biyoinformatik Analizler

Bu çalışmada, araştırılan memeli türlerine ait kromatogram dosyalarından konsensüs dizilerin elde edilmesi amacıyla; DNA, RNA ve protein dizilerinin düzenlenmesi, hizalanması ve karşılaştırılması gibi işlemler için yaygın olarak kullanılan, ücretsiz bir biyoinformatik yazılım olan BioEdit versiyon 7.7.1 programı kullanıldı (Hall, 1999). Bu program ile her bir örneğe ait ileri ve geri yönlü dizileme okumalarından elde edilen kromatogram dosyaları incelenerek, her bir nükleotide karşılık gelen pik (tepe) sinyalleri üzerinden DNA dizilerinin kalitesi değerlendirildi. Düşük kaliteli bölgeler uçlardan

kırıldıktan sonra, ileri (forward) ve geri (reverse) primerlere ait DNA dizileri hizalanarak her örnek için bir konsensüs DNA dizisi oluşturuldu (Şekil 2.5).



Şekil 2.5 BioEdit programı ile oluşturulan konsensüs diziler

Her bir örneğe ait konsensüs dizileri, NCBI veri tabanında yer alan BLAST aracı kullanılarak, varsayılan parametreler altında gerçekleştirilen karşılaştırmalar sonucunda tanımlandı (Şekil 2.6). NCBI sitesinde yer alan BLAST, bir DNA, RNA ya da protein dizisinin, veri tabanlarında yer alan bilinen dizilerle benzerliğini karşılaştırmak amacıyla kullanılan çevrim içi bir biyoinformatik araçtır. Nükleotid ve protein dizilerinin tanımlanması, işlevsel analizleri ve evrimsel ilişkilerin incelenmesi gibi birçok moleküler biyoloji uygulamasında yaygın olarak kullanılmaktadır. BLAST, farklı algoritmaları sayesinde (BLASTn, BLASTp, BLASTx vb.) kullanıcıya dizi tipine göre özelleştirilmiş arama seçenekleri sunar. Bu sayede araştırmacılar, bilinmeyen bir diziyi tanımlayabilir veya bilinen bir dizinin farklı türlerdeki homologlarını tespit edebilir (Altschul vd., 1990).

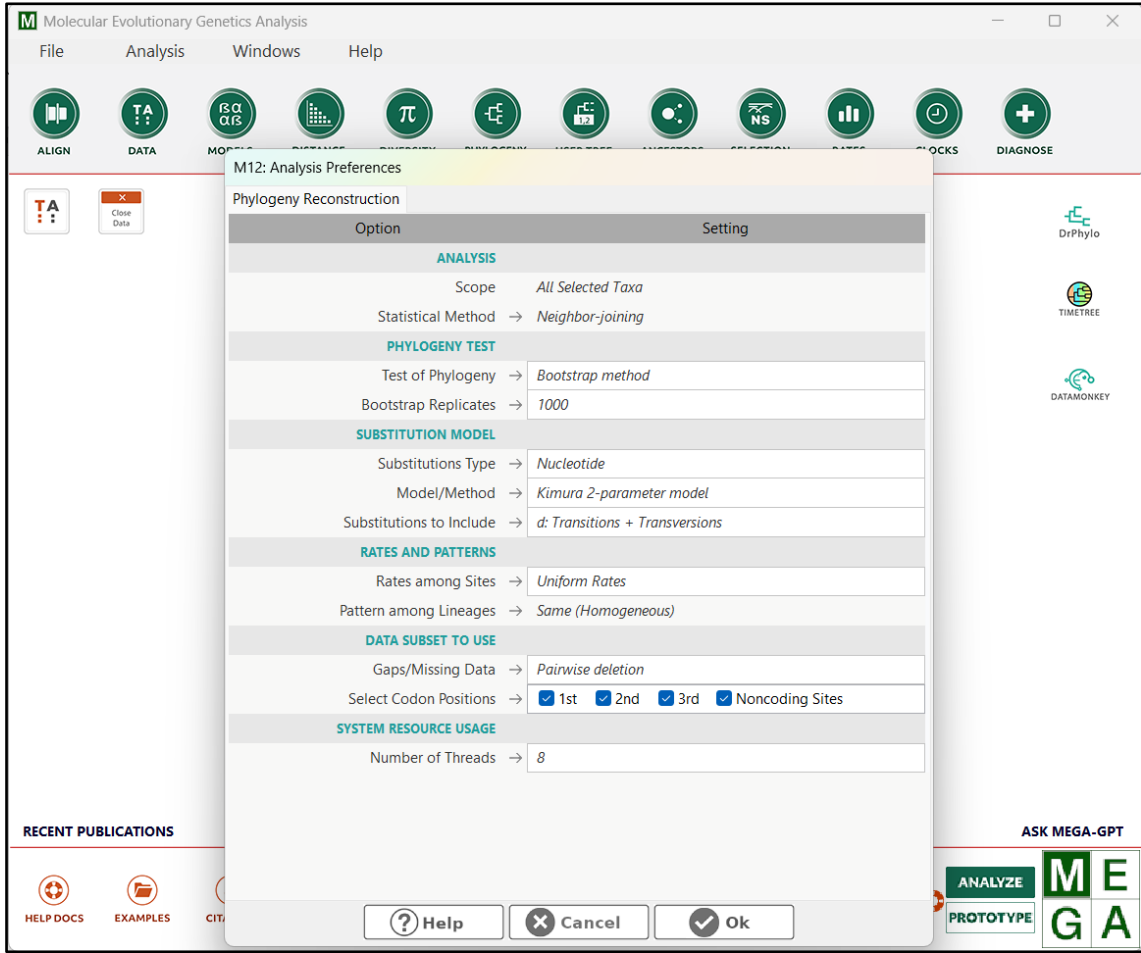
The screenshot displays the NCBI BLAST search page. The browser address bar shows the URL: blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome. The page header includes the NIH logo and the text "National Library of Medicine National Center for Biotechnology Information". Below the header, the "BLAST® » blastn suite" section is visible, with links for "Home", "Recent Results", "Saved Strategies", and "Help". An "Important update" banner states: "Effective August 2025, the **ClusteredNR** database will become the default Protein BLAST database. [Learn more about ClusteredNR](#)". The "Standard Nucleotide BLAST" section is active, with tabs for "blastn", "blastp", "blastx", "tblastn", and "tblastx". The "blastn" tab is selected. The "Enter Query Sequence" section contains a text area with the following sequence:

```
>1-P34_Rupicapra rupicapra asiatica
GATATTGGTACCCTTTACCTCCTATTGGCGCCTGAGCCGGCATAGTAGGG
ACCGCCCTAAGCTTACTGATTGCGCGCTGAACCTAGGCCAACCCGGAACCT
ACTCGGAGACGATCAAATCTACAACGTAATTGTAACCGCATGCATTCTGT
```

 Below the sequence, there are fields for "Query subrange" (From and To), "Or, upload file" (Dosya Seç, Dosya seçilmedi), "Job Title" (Enter a descriptive title for your BLAST search), and a checkbox for "Align two or more sequences". The "Choose Search Set" section includes a "Database" dropdown menu with options: "Standard databases (nr etc.)", "rRNA/ITS databases", "Genomic + transcript databases", "Betacoronavirus", and "Experimental databases". The "Organism" dropdown menu is set to "Core nucleotide database (core_nt)". There is also a field for "Enter organism name or id—completions will be suggested" and a checkbox for "exclude". A "Feedback" button is located on the right side of the page.

Şekil 2.6 *Rupicapra rupicapra asiatica* örneğinin BLAST analizi

Türler arasındaki evrimsel ilişkiler, MEGA 12 (Kumar vd., 2024) yazılımı kullanılarak analiz edildi (Şekil 2.7). Filogenetik ağaçlar, türler arasındaki genetik uzaklıkların Kimura 2-parametresi (K2P) modeline göre hesaplanmasıyla ve Neighbour-Joining (Komşu Birleştirme) yöntemiyle oluşturuldu (Kimura, 1980). Filogenetik ağaçların istatistiksel güvenilirliği, 1000 tekrarlı bootstrap analizi ile değerlendirildi (Felsenstein, 1985). Veri setinde yer alan diziler temel alınarak, DnaSP v6 yazılımı ile haplotipler tanımlandı (Rozas vd., 2017). Ayrıca, sadece *Rupicapra rupicapra asiatica* örnekleri için BEAST v1.8 (Drummond vd., 2012) programı kullanılarak moleküler tarihlendirme analizi yapıldı (Sıkı saat, Yule proses, Zincir uzunluğu 10.000.000, kalibrasyon noktası 9.2 ± 1.8 milyon yıl önce Caprinae farklılaşması, Hassanin vd., 2012).



Şekil 2.7 Verilerin MEGA programı ile analizi

3 BULGULAR

Laboratuvarda yapılan CTAB ile DNA saflaştırma ve PZR ile DNA amplifikasyonu çalışmaları sonucunda hizmet alımı ile *COI* gen bölgesinin kısmi dizileri elde edilen *Rupicapra rupicapra asiatica*, *Ursus arctos*, *Lepus europaeus* ve *Glis glis* örneklerine ait DNA dizileri NCBI BLAST ile analiz edildi ve filogenetik analizlere tabi tutuldu.

3.1 *Rupicapra rupicapra asiatica*'nın BLAST Sonuçları

Artvin ilinden elde edilen iki farklı *Rupicapra rupicapra asiatica* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın *COI* gen bölgesine ilişkin 653 baz çifti uzunluğundaki kısmi dizileri, NCBI sitesinde yer alan BLAST biyoinformatik aracı vasıtasıyla analiz edildi. Bu analiz kapsamında, elde edilen diziler veri tabanında bulunan referans dizilerle ikili benzerlik oranları (Pairwise Identity, PI) temelinde karşılaştırıldı. BLAST analiz sonuçlarına göre, her iki örneğe ait dizilerin en yüksek benzerlik gösterdiği ilk 10 taksona ilişkin eşleşme verileri Tablo 3.1'de sunuldu.

Tablo 3.1 İki farklı *R. rupicapra asiatica* örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri

Örnek No	Benzerlik gösterdiği tür	PI (%)	GenBank Erişim Numarası
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra asiatica</i>	99.85	PV138217
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra asiatica</i>	99.69	KM527365
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra balcanica</i>	99.54	MW713529
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.39	KF317908
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.39	KY754546
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.39	OZ022300
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra tatraica</i>	99.08	MW713527

Tablo 3.1 (devam)

1-P34	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.08	KF317909
Örnek No	Benzerlik gösterdiği tür	PI (%)	GenBank Erişim Numarası
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra balcanica</i>	99.08	MW713528
1-P34	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.22	OM980696
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	100	PV138217
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.85	KM527365
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra balcanica</i>	99.69	MW713529
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.54	KF317908
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.54	KY754546
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.54	OZ022300
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra tatrica</i>	99.23	MW713527
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.23	KF317909
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra balcanica</i>	99.23	MW713528
3-P35	<i>Rupicapra rupicapra</i>	99.37	OM980696

3.2 *Rupicapra rupicapra asiatica*'nın Filogenisi ve Moleküler Tarihlendirmesi

Filogenetik analizler, genetik yapı değerlendirmeleri ve moleküler tarihlendirme çalışmaları kapsamında, *Rupicapra rupicapra asiatica* alttürüne ait iki farklı örneğe ek olarak, Bovidae familyası ve Caprinae alt familyasına mensup çeşitli taksonların GenBank veri tabanından temin edilen *COI* gen bölgesine ait DNA dizileri de analizlerde kullanıldı (Tablo 3.2).

Tablo 3.2 Analizlerde kullanılan örnekler

Tür	Lokaliteler	Örnek Sayısı	Koleksiyon/GenBank Erişim Numarası
<i>R. r. asiatica</i>	Artvin (TR)	2	1-P34 ve 3-P35
<i>R. r. asiatica</i>	Artvin (TR)	1	PV138217
<i>R. r. carpatica</i>	Romanya	1	MW713526
<i>R. r. tatrica</i>	Polonya	1	MW713527
<i>R. r. balcanica</i>	Sırbistan	1	MW713528
<i>R. r. balcanica</i>	Makedonya	1	MW713529
<i>R. r. asiatica</i>	Tunceli (TR)	1	MW713530
<i>R. r. caucasica</i>	Gürcistan	1	MW713531
<i>R. r. cartusiana</i>	Fransa	1	KJ184175
<i>R. rupicapra</i>	Fransa	1	FJ207539
<i>R. rupicapra</i>	Avusturya	1	KY754546
<i>R. rupicapra</i>	Yeni Zelanda	1	KF317909
<i>R. rupicapra</i>	Yeni Zelanda	1	KF317908
<i>R. r. balcanica</i>	Hırvatistan	1	KM527365
<i>R. p. ornata</i>	İtalya	1	KJ184173
<i>R. p. parva</i>	İspanya	1	MW713525
<i>R. p. pyrenaica</i>		1	KJ184174
<i>C. caucasica</i>	Türkiye	1	PV138215

Tablo 3.2 (devam)

Tür	Lokaliteler	Örnek Sayısı	Koleksiyon/GenBank Erişim Numarası
<i>C. caucasica</i>	Türkiye	1	PV138215
<i>C. caucasica</i>	Türkiye	1	PV138216
<i>C. aegagrus</i>	Türkiye	1	PV138188
<i>O. aries</i>		1	NC_001941
<i>O. orientalis</i>		1	NC_026063
<i>B. primigenius</i>		1	NC_013996
<i>B. taurus</i>		1	NC_006853

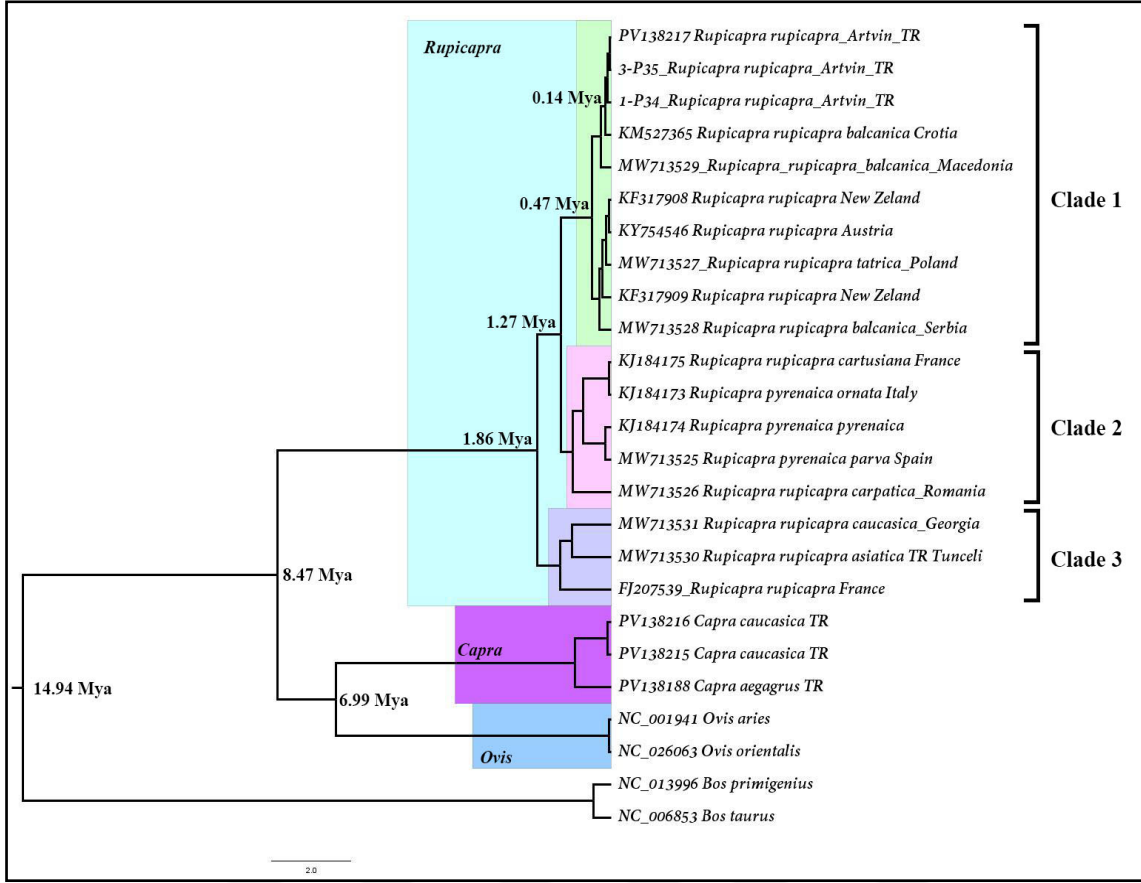
Artvin ilinden elde edilen iki bireyden oluşan *Rupicapra rupicapra asiatica* (çengel boynuzlu dağ keçisi) popülasyonuna ait 653 baz çifti uzunluğundaki kısmi *COI* gen dizileri (EK-1), parsimoni-informative bölge içermemekle birlikte, bir adet singleton değişken bölge içerdiği tespit edildi. Bu popülasyon, görece düşük nükleotid çeşitliliği ($\pi = 0,00153$) ve yüksek haplotip çeşitliliği ($h = 1,00$) gösterdi. Toplam iki örnekten iki farklı haplotip belirlendi. Çalışmada analiz edilen *R. rupicapra asiatica* örneklerine ait haplotiplerin yanı sıra, GenBank veri tabanından elde edilerek filogenetik analizlerde kullanılan referans haplotiplerin lokalitelere göre dağılımı Tablo 3.3'te sunuldu. Belirlenen haplotiplerden biri (Haplotip 1), Türkiye'ye özgü ve bu çalışmada ilk kez tanımlanan yeni bir haplotip olarak kaydedildi. Diğer haplotip (Haplotip 2) ise, daha önce GenBank'ta *COI* dizisi yer alan başka bir Artvin örneğiyle paylaşılan, yine Türkiye'ye özgü bir haplotip olduğu tespit edildi.

Tablo 3.3 *R. rupicapra asiatica* ve GenBank örneklerinin haplotip listesi

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Koleksiyon / GenBank Numarası	Lokalite	Tür
1	1	1-P34	Artvin	<i>R. r. asiatica</i>
2	2	3-P35, PV138217	Artvin	<i>R. r. asiatica</i>
3	1	MW713526	Romanya	<i>R. r. carpatica</i>
4	1	MW713527	Polonya	<i>R. r. tatrica</i>
5	1	MW713528	Sırbistan	<i>R. r. balcanica</i>
6	1	MW713529	Makedonya	<i>R. r. balcanica</i>
7	1	MW713530	Tunceli (TR)	<i>R. r. asiatica</i>
8	1	MW713531	Gürcistan	<i>R. r. caucasica</i>
9	1	KJ184175	Fransa	<i>R. rupicapra</i>
10	1	FJ207539	Fransa	<i>R. rupicapra</i>
11	2	KY754546, KF317908	Avusturya, Yeni Zelanda	<i>R. rupicapra</i>
12	1	KF317909	Yeni Zelanda	<i>R. rupicapra</i>
13	1	KM527365	Hırvatistan	<i>R. r. balcanica</i>
14	1	KJ184173	İtalya	<i>R. p. ornata</i>
15	1	MW713525	İspanya	<i>R. p. parva</i>
16	1	KJ184174		<i>R. p. pyrenaica</i>
17	1	PV138215	Türkiye	<i>C. caucasica</i>
18	1	PV138216	Türkiye	<i>C. caucasica</i>
19	1	PV138188	Türkiye	<i>C. aegagrus</i>
20	2	NC_001941 NC_026063		<i>O. aries, O. orientalis</i>
21	1	NC_013996		<i>B. primigenius</i>
22	1	NC_006853		<i>B. taurus</i>

HKY+I nükleotid ikame modeline dayalı olarak ve 1000 bootstrap tekrarıyla gerçekleştirilen Maksimum Likelihood (ML) analizine göre, *Rupicapra* cinsinin üç ana klada ayrıldığı ve *R. rupicapra* türünün parafiletik bir yapıda olduğu belirlendi. Birinci kladda (Clade 1), *R. r. asiatica* olarak sınıflandırılan ve Türkiye'nin Artvin ilinden elde edilen örnekler *R. r. balcanica* alttürü ile kümelendi; Avusturya ve Polonya'dan *R. r. tatrica* örneklerinin ise Yeni Zelanda örnekleriyle aynı grupta yer aldığı gözlemlendi. İkinci klad (Clade 2), Fransa'dan *R. r. cartusiana*, İtalya'dan *R. p. ornata*, Fransa'dan *R. p. pyrenaica* ve İspanya'dan *R. p. parva* örneklerinden oluştu. Romanya'dan elde edilen *R. r. carpatica* örneği ise bu kladın dış dalında konumlandı. Üçüncü klad (Clade 3) ise Gürcistan'dan *R. r. caucasica*, Türkiye'nin Tunceli ilinden *R. r. asiatica* ve Fransa'dan *R. r. rupicapra* bireylerini kapsadı (Şekil 3.1).

Bayesian Çıkarsamasına (BI) dayalı moleküler tarihlendirme analizi sonucunda elde edilen filogenetik ağaç ile ML analizi ile elde edilen filogenetik ağaçlar aynı dallanma biçimine sahipti. Moleküler tarihlendirme analizi sonuçları ile *Rupicapra* cinsi içerisindeki ilk farklılaşmanın yaklaşık 1,86 milyon yıl önce (mya) başladığı tahmin edildi. *R. pyrenaica* ile *R. rupicapra* arasındaki ayrımın ise (Clade 1 / Clade 2) yaklaşık 1,27 mya meydana geldiği tahmin edilmiş olup, bu durum Pleyistosen döneminde nispeten daha yakın bir zamanda gerçekleşen bir çeşitlenmeye işaret etmektedir (Şekil 3.1).



Şekil 3.1 BI filogenetik ağacı

Filogenetik analizler sonucunda, çengel boynuzlu dağ keçisinin Türkiye örneklerinin (bu çalışmadaki Artvin ve GenBank'ta önceden *COI* dizisi bulunan Tunceli örneği, MW713530) ayrı kladlarda yer aldığı belirlendi. Kimura-2 Parametresine göre, Artvin ve Tunceli örnekleri arasında yaklaşık %2 oranında bir genetik mesafenin olduğu hesaplandı.

3.3 *Ursus arctos*'un BLAST Sonuçları

Artvin'den elde edilen bir *Ursus arctos* örneğine ait *COI* geninin 662 nükleotid uzunluğundaki kısmi dizisi (EK-2), NCBI sitesinde yer alan BLAST biyoinformatik aracı vasıtasıyla analiz edildi. Bu analizde, söz konusu DNA dizisi, veri tabanında kayıtlı referans DNA dizileri ile ikili benzerlik oranları (PI, pairwise identity) temelinde karşılaştırıldı. BLAST sonuçlarına göre, elde edilen dizilerin en yüksek benzerlik gösterdiği ilk 10 BLAST eşleşme verileri Tablo 3.4'te sunuldu.

Tablo 3.4 *Ursus arctos* örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri

Örnek No	Benzerlik gösterdiği tür	PI (%)	GenBank Erişim Numarası
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.85	MG066702
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.70	OK512887
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.70	OK512908
4-A	<i>Ursus arctos</i>	100	GQ901981
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.11	KX882043
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.11	KX882044
4-A	<i>Ursus arctos</i>	98.97	KU922906
4-A	<i>Ursus arctos</i>	99.11	MW991401
4-A	<i>Ursus arctos</i>	98.96	OK512967
4-A	<i>Ursus arctos</i>	98.96	AP012573

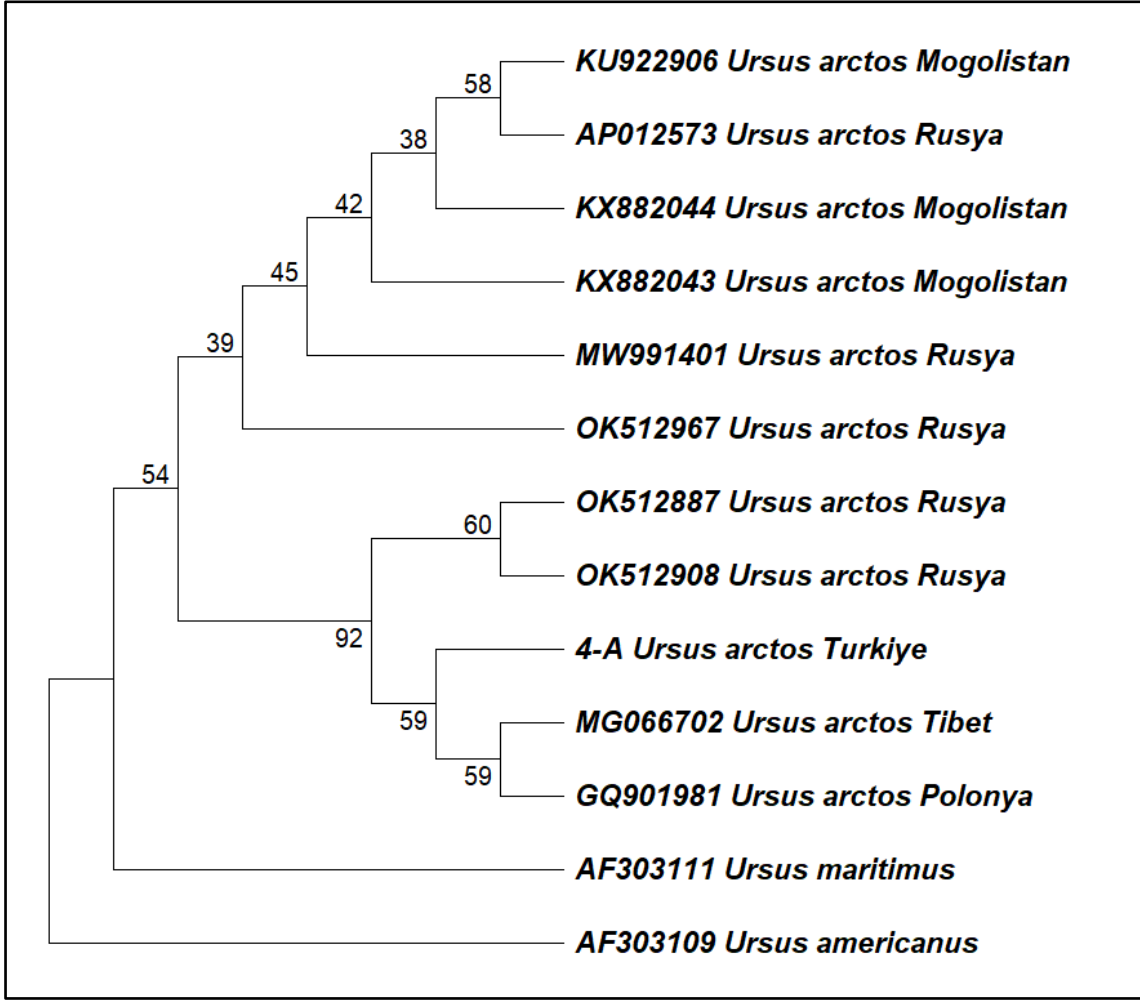
3.4 *Ursus arctos*'un Filogenetik Analizi

Çalışmada analiz edilen *U. arctos* örneğine ait *COI* gen dizisinin yanı sıra, GenBank veri tabanından elde edilen referans DNA dizilerinde toplam 8 haplotip belirlendi. Artvin örneğinde de tespit edilen Haplotip 1'in Türkiye'ye özgü olmadığı, Tibet ve Polonya örnekleri ile paylaşılan bir haplotip olduğu belirlendi (Tablo 3.5).

Tablo 3.5 *Ursus arctos* ve GenBank örneklerinin haplotip listesi

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Koleksiyon / GenBank Numarası	Lokalite	Tür
1	3	4-A, MG066702, GQ901981	Artvin, Tibet, Polonya	<i>U. arctos</i>
2	2	OK512887, OK512908	Rusya	<i>U. arctos</i>
3	3	KX882043, KX882044, AP012573	Moğolistan, Moğolistan, Rusya	<i>U. arctos</i>
4	1	KU922906	Moğolistan	<i>U. arctos</i>
5	1	MW991401	Rusya	<i>U. arctos</i>
6	1	OK512967	Rusya	<i>U. arctos</i>
7	1	AF303109	Kanada	<i>U. maritimus</i>
8	1	AF303111	Kanada	<i>U. americanus</i>

BLAST analizinde yüksek benzerlik gösteren GenBank dizileri ile birlikte yapılan filogenetik analiz sonucunda, Kimura 2-Parametresi (K2P) modeline dayalı ve 1000 bootstrap tekrarı ile desteklenen Neighbour-Joining (Komşu Birleştirme) yöntemi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç, *Ursus arctos* örneklerinin düşük bootstrap destekli iki ayrı klada ayrıldığını ortaya koydu. Birinci klad, Rusya ve Moğolistan kökenli örnekleri içerirken; Artvin (Türkiye) örneği, Rusya, Tibet ve Polonya'dan elde edilen örneklerle birlikte ikinci klad içerisinde yer aldı (Şekil 3.2).



Şekil 3.2 *Ursus arctos* örneklerine ait ML filogenetik ağacı

3.5 *Lepus europaeus*'un BLAST Sonuçları

Artvin'den elde edilen bir *Lepus europaeus* örneğine ait *COI* geninin 636 nükleotid uzunluğundaki kısmi dizisi (EK-3), NCBI sitesinde yer alan BLAST biyoinformatik aracı vasıtasıyla analiz edildi. Bu analizde, söz konusu DNA dizisi, veri tabanında kayıtlı referans DNA dizileri ile ikili benzerlik oranları (PI, pairwise identity) temelinde karşılaştırıldı. BLAST sonuçlarına göre, elde edilen dizilerin en yüksek benzerlik gösterdiği ilk 10 BLAST eşleşme verileri Tablo 3.6'da sunuldu.

Tablo 3.6 *Lepus europaeus* örneğine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri

Örnek No	Benzerlik gösterdiği tür	PI (%)	GenBank Erişim Numarası
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	100	PP527134
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.84	OR876275
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.84	OR939639
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.84	OR939640
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.84	OR915849
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.84	PP527133
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.69	KY211023
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.69	KY211025
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.69	KY211021
2-T	<i>Lepus europaeus</i>	99.69	KU250086

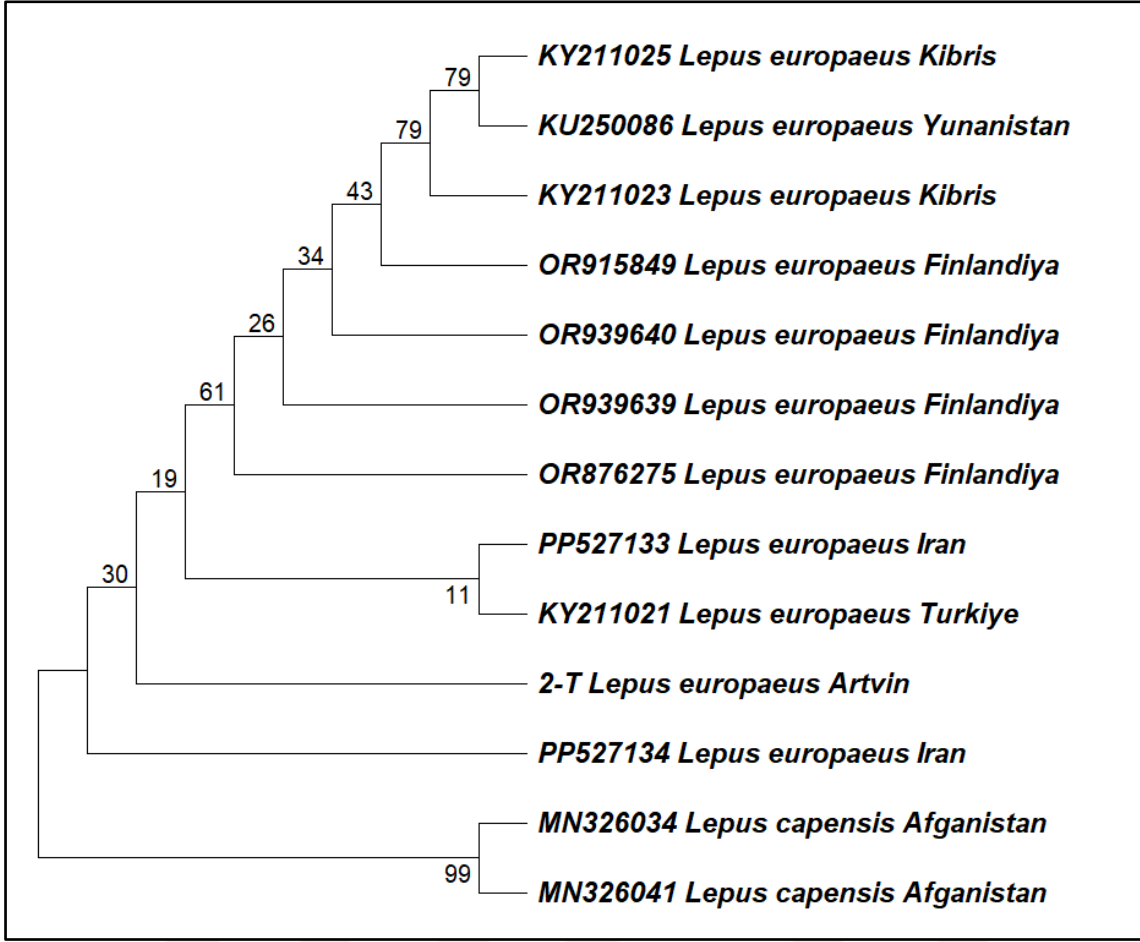
3.6 *Lepus europaeus*'un Filogenetik Analizi

Çalışmada analiz edilen *Lepus europaeus* örneğine ait *COI* gen dizisinin yanı sıra, GenBank veri tabanından elde edilen referans dizilerle birlikte yapılan analizler sonucunda toplam altı farklı haplotip tanımlanmıştır. Artvin örneğinde tespit edilen Haplotip 1'in Türkiye'ye özgü olmadığı ve İran kökenli bir örnekle aynı haplotipi paylaştığı belirlendi (Tablo 3.7).

Tablo 3.7 *Lepus europaeus* ve GenBank örneklerinin haplotip listesi

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Koleksiyon / GenBank Numarası	Lokalite	Tür
1	2	2-T, PP527134	Artvin, İran	<i>Lepus europaeus</i>
2	4	OR876275, OR939639, OR939640, OR915849	Finlandiya (4)	<i>Lepus europaeus</i>
3	1	PP527133	İran	<i>Lepus europaeus</i>
4	3	KY211023, KY211025, KU250086	Kıbrıs (2), Yunanistan	<i>Lepus europaeus</i>
5	1	KY211021	Türkiye	<i>Lepus europaeus</i>
6	2	MN326034, MN326041	Afganistan (2)	<i>Lepus capensis</i>

BLAST analizinde yüksek benzerlik gösteren GenBank dizileri ile birlikte yürütülen filogenetik analiz sonucunda, Kimura 2-Parametresi (K2P) modeline dayalı ve 1000 bootstrap tekrarı ile desteklenen Neighbour-Joining (Komşu Birleştirme) yöntemi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç, *Lepus europaeus* türünün karmaşık bir filogenetik yapıya sahip olduğunu ortaya koydu. Artvin örneği (2-T) ile haplotip paylaşımı gösteren İran kökenli örnek (GenBank erişim numarası: PP527134), filogenetik ağacın bazal konumunda yer aldı (Şekil 3.3).



Şekil 3.3 *Lepus europaeus* örneklerine ait ML filogenetik ağacı

3.7 *Glis glis*'in BLAST Sonuçları

Artvin'den elde edilen iki *Glis glis* örneğine ait *COI* geninin 604 nükleotid uzunluğundaki kısmi dizileri (EK-4), NCBI sitesinde yer alan BLAST biyoinformatik aracı vasıtasıyla analiz edildi. Bu analizde, söz konusu DNA dizisi, veri tabanında kayıtlı referans DNA dizileri ile ikili benzerlik oranları (PI, pairwise identity) temelinde karşılaştırıldı. BLAST sonuçlarına göre, elde edilen dizilerin en yüksek benzerlik gösterdiği ilk 10 BLAST eşleşme verileri Tablo 3.8'de sunuldu.

Tablo 3.8 *Glis glis* örneklerine ait ilk 10 BLAST eşleşmeleri

Örnek No	Benzerlik gösterdiği tür	PI (%)	GenBank Erişim Numarası
1-G	<i>Glis glis</i>	99.84	PQ533848
1-G	<i>Glis glis</i>	99.84	PQ533847
1-G	<i>Glis glis</i>	99.68	OQ706750
1-G	<i>Glis glis</i>	99.68	OQ706751
1-G	<i>Glis glis</i>	99.68	MW478021
1-G	<i>Glis glis</i>	99.68	KY754509
1-G	<i>Glis glis</i>	99.68	FJ808616
1-G	<i>Glis glis</i>	99.52	FJ808614
1-G	<i>Glis glis</i>	99.52	FJ808617
1-G	<i>Glis glis</i>	99.67	OR536769
2-G	<i>Glis glis</i>	100	PQ533848
2-G	<i>Glis glis</i>	100	PQ533847
2-G	<i>Glis glis</i>	99.83	OQ706750
2-G	<i>Glis glis</i>	99.83	OQ706751
2-G	<i>Glis glis</i>	99.83	FJ808616
2-G	<i>Glis glis</i>	99.83	MW478021
2-G	<i>Glis glis</i>	99.83	KY754509
2-G	<i>Glis glis</i>	99.67	FJ808614
2-G	<i>Glis glis</i>	99.67	OR536769
2-G	<i>Glis glis</i>	99.67	FJ808617

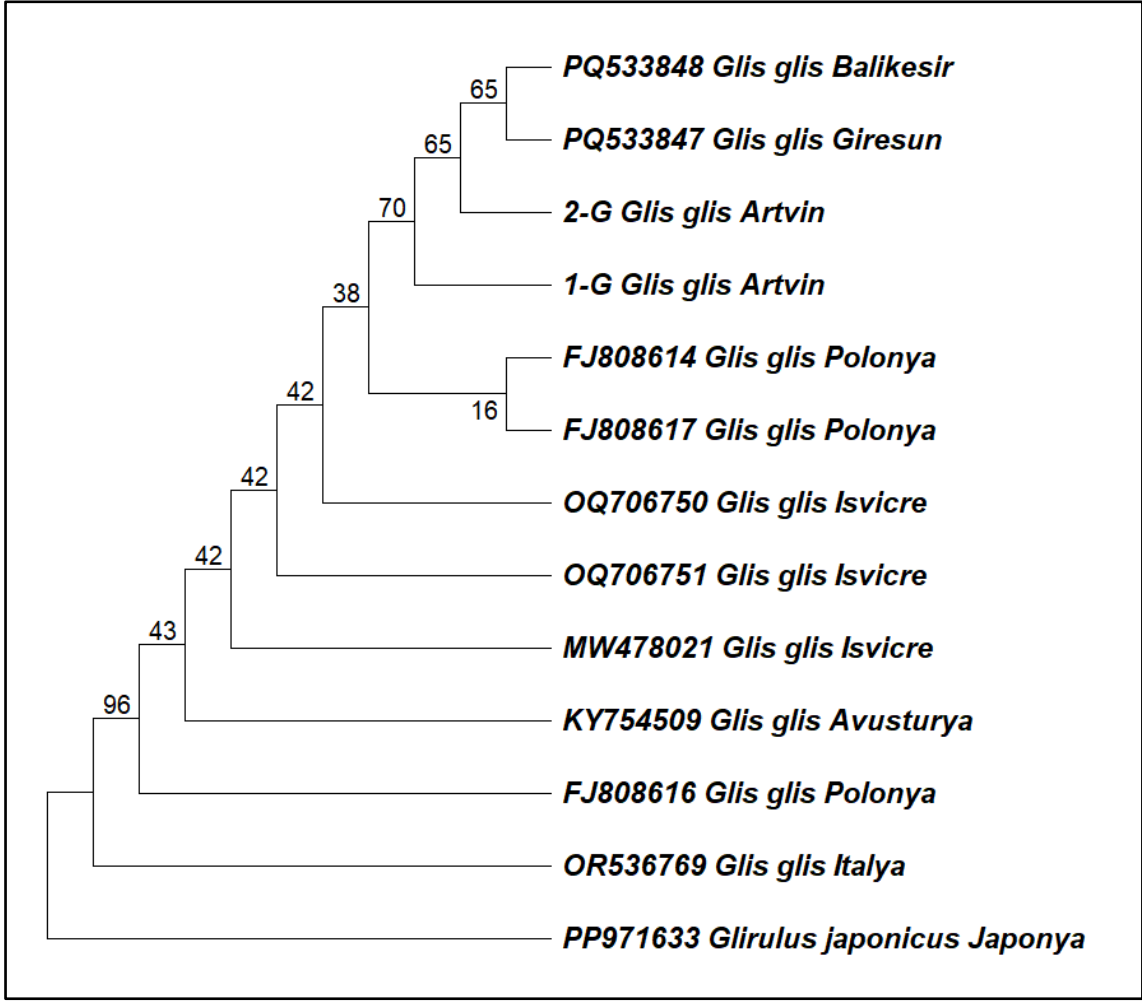
3.8 *Glis glis*'in Filogenetik Analizi

Çalışmada analiz edilen iki *Glis glis* örneğine ait *COI* gen dizilerinin yanı sıra, GenBank veri tabanından elde edilen referans dizilerle birlikte yapılan analizler sonucunda toplam altı farklı haplotip tanımlanmıştır. Artvin örneğinde tespit edilen Haplotip 1'in Türkiye'ye özgü ancak, Balıkesir ve Giresun örnekleriyle paylaşılan bir haplotip olduğu belirlendi (Tablo 3.9).

Tablo 3.9 *Glis glis* ve GenBank örneklerinin haplotip listesi

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Koleksiyon / GenBank Numarası	Lokalite	Tür
1	4	1-G, 2-G, PQ533848, PQ533847	Artvin (2), Balıkesir, Giresun	<i>Glis glis</i>
2	5	OQ706750, OQ706751, MW478021, KY754509, FJ808616	İsviçre (3), Avusturya, Polonya	<i>Glis glis</i>
3	1	FJ808614	Polonya	<i>Glis glis</i>
4	1	FJ808617	Polonya	<i>Glis glis</i>
5	1	OR536769	İtalya	<i>Glis glis</i>
6	1	PP971633	Japonya	<i>Glirulus japonicus</i>

BLAST analizi sonucunda yüksek dizisel benzerlik gösteren GenBank veritabanındaki sekansların da dahil edildiği filogenetik analizde, Kimura 2-Parametresi (K2P) modeline dayalı ve 1000 bootstrap tekrarı ile desteklenen Neighbour-Joining (Komşu Birleştirme) yöntemi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç, Türkiye'den elde edilen *Glis glis* örneklerinin, Avrupa kökenli örneklerden düşük bootstrap desteği alarak ayrı bir grup oluşturduğunu ortaya koydu (Şekil 3.4).



Şekil 3.4 *Glis glis* örneklerine ait ML filogenetik ağacı

Bu çalışmada, Türkiye'nin kuzeydoğusunda yer alan Artvin ilinden elde edilen *Rupicapra rupicapra asiatica*, *Ursus arctos*, *Lepus europaeus* ve *Glis glis* türlerine ait mitokondriyal DNA'nın *COI* gen bölgeleri analiz edilerek hem tür teşhisi doğrulanmış hem de populasyonlar arası filogenetik ilişkiler ortaya konmuştur. BLAST analizi, haplotiplerin belirlenmesi ve filogenetik analizler, bu türlerin Türkiye'deki bireylerinin genetik yapısına ve Avrupa ile Yakın Doğu ölçeğindeki filocoğrafik ilişkilerine ışıktutmuştur.

BLAST analizi sonucunda *Rupicapra rupicapra asiatica* örneklerine ait *COI* dizilerinin, GenBank'ta bulunan referans diziler ile %99.08–100 oranında yüksek dizisel benzerlikler göstermiş ve referans dizilerle yapılan karşılaştırmalarda, özellikle Türkiye (PV138217), Balkanlar (MW713528, MW713529) ve Orta Avrupa (KM527365) kökenli bireylerle yakın eşleşmeler tespit edilmiştir. Bu durum, Türkiye'deki populasyonların Avrasya'daki diğer çengel boynuzlu dağ keçisi populasyonlarıyla genetik süreklilik içinde olduğunu göstermektedir. Artvin'den elde edilen bireylerden biri (1-P34), bu çalışmada ilk kez tanımlanan yeni bir haplotipi (Haplotip 1) temsil ederken; diğer örnek (3-P35), GenBank'ta daha önce kayıtlı olan bir Artvin örneğiyle (PV138217) eşleşerek Haplotip 2 olarak tanımlanmıştır. Çengel boynuzlu dağ keçilerinin *COI* dizilerinde her ne kadar sadece bir singleton değişken bölge saptanmış olsa da haplotip çeşitliliğinin yüksek ($h = 1.00$) ve nükleotid çeşitliliğinin düşük ($\pi = 0.00153$) olması, Artvin populasyonunda belirli düzeyde genetik ayrışmanın yaşandığını göstermektedir.

Maksimum Likelihood (ML) ve Bayesian Çıkarsama (BI) yöntemlerine dayalı filogenetik analizler, *Rupicapra* cinsinin üç ana klada ayrıldığını ve *R. rupicapra*'nın parafiletik bir yapıya sahip olduğunu ortaya koymuştur. Artvin örnekleri, Balkan kökenli *R. r. balcanica* bireyleriyle birlikte Clade 1 içinde yer alırken, Avusturya ve Polonya'daki *R. r. tatrica* örnekleri Yeni Zelanda kökenli bireylerle aynı grupta kümelenmiştir. Clade 2 ise, Batı Avrupa kökenli *R. pyrenaica*'nın alttürlerini (İspanya, Fransa, İtalya) içerirken; Clade 3,

Türkiye'nin Tunceli ilindeki *R. r. asiatica*, Gürcistan'dan *R. r. caucasica* ve Fransa'daki *R. r. rupicapra* bireylerinden oluşmuştur. Bu ayrışma, Türkiye'nin doğusunun farklı filogenetik soy hatlarına ev sahipliği yapıyor olabileceğini ve *R. rupicapra* türü içinde alttür düzeyinde yeniden değerlendirme yapılmasının gerekli olabileceğini göstermektedir (Massini ve Lovari vd., 1988; Rodríguez vd., 2009).

Bayesian Çıkarılmasına dayalı moleküler tarihlendirme analizleri, *Rupicapra* cinsinin ilk genetik ayrışmasının yaklaşık 1.86 milyon yıl (my) önce başladığını ve *R. pyrenaica* ile *R. rupicapra* arasındaki ayrımın ise yaklaşık 1.27 my önce meydana geldiğini ortaya koymuştur. Bu genetik farklılaşmalar, Pleyistosen dönemindeki buzul-arası döngülerin habitat parçalanmasına sebep olarak izolasyonu ve genetik çeşitlenmeyi tetiklediği fikrini desteklemektedir (Manceau vd., 1999; Rodríguez vd., 2009). Artvin (1-P34) ve Tunceli (MW713530) örnekleri arasındaki genetik mesafenin ($K2P = \%2$) anlamlı seviyede olması, bu iki coğrafi popülasyonun tarihsel olarak izole olmuş olabileceğini düşündürmektedir (Hebert vd., 2003).

Ursus arctos örneğine ait *COI* dizisi, BLAST analizlerinde GenBank'ta mevcut olan referans DNA dizileri ile %98.96–100 arasında yüksek benzerlik oranları göstermiş; Artvin bireyinin, Tibet (GQ901981) ve Polonya (MG066702) örnekleriyle aynı genetik yapıyı paylaştığı ve Rusya (OK512887) örneğiyle yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir. Haplotip analizinde, Artvin örneği, geniş coğrafi dağılıma sahip olan ve Tibet ile Polonya'dan bireyleri de içeren Haplotip 1 altında gruplanmıştır. Bu durum, *U. arctos*'un Avrupa ve Asya kıtaları boyunca filoğrafik sürekliliğini ve Türkiye'deki bireylerin de bu geniş genetik ağın bir parçası olduğunu göstermektedir (Matsushashi vd., 2001; Davison vd., 2011; Hirata vd., 2013). Ancak, Neighbour-Joining ile oluşturulan filogenetik ağaç düşük bootstrap destekleri sunmakta olup, bu farklılaşmaların daha güçlü biçimde test edilmesi için örnek sayısının artırılması ve daha kapsamlı filogenetik analizler yapılmalıdır.

Lepus europaeus örneği için yapılan BLAST temelli *COI* analizleri, tür düzeyinde doğru tanımlamanın yapıldığını göstermiştir (% 99.69–100). Artvin bireyi, İran örneğiyle aynı haplotipi (Haplotip 1) paylaşmıştır. Bu durum, Anadolu'daki *L. europaeus*'un Yakın Doğu'daki soy hatlarıyla bağlantılı olduğunu ve bölgenin genetik çeşitlilik açısından sekonder temas bölgesi olabileceğini düşündürmektedir (Kasapidis vd., 2005; Stamatis vd., 2009) Filogenetik analizde, Artvin örneğinin İran örneği ile birlikte ağacın bazal konumunda yer alması, bu bireyin daha atasa özellikler taşıyan bir soy hattına ait

olabileceğini düşündürmektedir. Ancak, bu noktada kesin bir çıkarım yapabilmek için geniş örneklem büyüklüğü ve daha kapsamlı filogenetik analizlerin yapılmasına ihtiyaç olduğu da açıktır. Ayrıca, farklı coğrafyalardan gelen *L. europaeus* örneklerinin ayrı haplotiplere sahip olması ve genetik olarak net şekilde ayrılması, tür içi yapının güçlü coğrafi yapılaşmalar içerdiğini ortaya koymuştur.

Glis glis'in analizlerinde, Artvin'den elde edilen iki örnek, Türkiye'de daha önce Balıkesir ve Giresun'da tanımlanan bireylerle %100 benzerlik göstermiş ve Haplotip 1 altında gruplanmıştır. GenBank örnekleriyle beraber toplam altı haplotipin belirlendiği filogenetik analizde, Türkiye'ye ait örneklerin Avrupa kökenli bireylerden genetik olarak ayrıldığı, ancak düşük bootstrap desteklerine sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu durum, *G. glis*'in Türkiye'deki popülasyonlarının Avrupa'dan tamamen izole olmasa da lokal adaptasyon ve sınırlı gen akışıyla farklılaşıyor olabileceğini düşündürmektedir (Hürner vd., 2010; Michaux vd. 2019).

Genel olarak, bu çalışma Artvin bölgesinin, alanda yaşayan bazı memeli türleri için hem tür düzeyinde teşhis hem de popülasyonlar arası genetik yapıların ortaya konması açısından değerli bir alan olduğunu ortaya koymuştur. Türkiye'nin kuzeydoğu kesiminde yer alan bu bölge, sahip olduğu coğrafi konum ve zengin tür çeşitliliği bakımından farklı türler için hem genetik çeşitlilik merkezi hem de filocoğrafi geçiş noktası olabilecek nitelikler taşımaktadır. Ancak, genetik yapıların daha net anlaşılabilmesi için daha geniş coğrafi örnekleme, ek mitokondriyal (örneğin *CYTB*, *D-loop*) ve nükleer belirteçlere dayalı analizlerle desteklenmiş ileri çalışmalar büyük önem arz etmektedir.

Bu çalışma, Türkiye'nin kuzeydoğusunda yer alan Artvin ilinden elde edilen farklı memeli türlerine (*Rupicapra rupicapra asiatica*, *Ursus arctos*, *Lepus europaeus* ve *Glis glis*) ait mitokondriyal DNA *COI* gen bölgelerinin BLAST ve filogenetik analizlerine dayanarak, tür düzeyinde moleküler teşhis sağlamış, makro ölçekte bölgesel olarak (Avrupa ve Asya) ve mikro ölçekte ise türlerin Türkiye'deki doğal yayılım alanları içindeki filogenetik ilişkileri temel seviyede ele almıştır. Bu çalışma ile elde edilen bulgular şu şekilde özetlenebilir:

1. *COI* gen bölgesi, tüm türler için yüksek düzeyde dizisel benzerlik göstererek güvenilir bir moleküler barkod belirteci olduğunu doğrulamıştır.
2. *Rupicapra rupicapra asiatica* örnekleri, Türkiye'de daha önce tanımlanmamış yeni bir haplotip ortaya koymuş ve tür içi yüksek haplotip çeşitliliği ile düşük

nükleotid çeşitliliği birlikte gözlemlenmiştir. Bu durum, bölgedeki populasyonların sınırlı ama anlamlı genetik farklılaşmalar taşıdığını göstermektedir.

3. *Ursus arctos* örneği, Avrupa ve Asya genelinde yaygın olan haplotiplerle yüksek benzerlik göstermiş; Türkiye'deki boz ayı populasyonlarının geniş coğrafi bağlantılara sahip olduğunu ve olası göç yolları üzerinde yer alıyor olabileceğini işaret etmiştir.
4. *Lepus europaeus* için yapılan analizler, İran örneğiyle ortak haplotiplerin varlığına işaret etmiş; Anadolu'nun bu tür için Avrupa ve Asya arasında geçiş bölgesi olabileceğini düşündürmüştür.
5. *Glis glis* örnekleri, Türkiye'ye özgü haplotipler taşımaya rağmen Avrupa populasyonlarından kısmen ayrılmış bir genetik yapı sunmuş; bu durum bu tür için lokal ekolojik adaptasyonların var olabileceğine işaret etmektedir.

Tüm türlerde gözlemlenen haplotip dağılımları ve filogenetik konumlanmalar, Anadolu'nun biyocoğrafik olarak önemli bir genetik temas ve geçiş alanı olduğunu desteklemiştir. Bu da yalnızca türlerin doğru tanımlanması açısından değil, aynı zamanda populasyonların korunması ve yönetimi için sağlanan yeni genetik verilerin bir temel teşkil edebileceğini göstermektedir.

Gelecekteki çalışmalar, daha geniş coğrafi örneklemelerle, hem mitokondriyal (*CYTB* ve *D-loop* gibi) hem de nükleer belirteçler kullanılarak yapılacak filogenetik ve populasyon genetiği analizleriyle desteklenmelidir. Böylece, bu türlerin tarihsel yayılımları, izolasyon süreçleri ve gen akışı hakkında daha ayrıntılı bilgiler elde edilebilecektir.

KAYNAKLAR

- Aksöyek, E., İbiş, O., Özcan, S., Moradi, M., & Tez, C. (2017). DNA barcoding of three species (*Canis aureus*, *Canis lupus* and *Vulpes vulpes*) of Canidae. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 28(5), 747–755. <https://doi.org/10.1080/24701394.2016.1180512>
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2).
- Çetintürk, D. (2022). COI gene analyses of the Daghestan pine vole (*Microtus daghestanicus* Shidlovsky, 1919) population from northeastern Turkey. *Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C: Biology*, 31(2), 177–186. <https://doi.org/10.53447/communc.1133489>
- Çetintaş, O., Sözen, M., Irmak, S., Kalkan, K. K., Çolak, F., & Matur, F. (2025). Phylogeography of an Anatolian endemic and Alpine specialist woolly dormouse *Dryomys laniger* with a description of a new species. *Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C: Biology*, 34(1), 1–35. <https://doi.org/10.53447/communc.1532924>
- Çolak, E., Selvi, E., Kankılıç, T., Şeker, P. S., Çolak, R., & Yiğit, N. (2025a, June 25–27). *Genetic identification of Myomimus roachi (Rodentia: Gliridae) from Türkiye using DNA barcoding* [Conference presentation]. 6th International Eurasian Conference on Science, Engineering and Technology (EurasianSciEnTech 2025), Ankara, Türkiye. <https://www.eurasiansciencetech.org>
- Çolak, E., Şeker, P. S., Selvi, E., Kankılıç, T., Çolak, R., & Yiğit, N. (2025b, July 4-6). *DNA barcoding and genetic structure of Dryomys laniger from Türkiye* [Conference presentation]. Karadeniz 18th International Conference on Social Sciences / Karadeniz 18th International Conference on Applied Sciences / Karadeniz 2nd International Group Exhibition, Rize, Türkiye.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85(3), 407–415. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>
- Davison, J., Ho, S. Y. W., Bray, S. C., Korsten, M., Tammeleht, E., Hindrikson, M., Østbye, K., Østbye, E., Lauritzen, S.-E., Austin, J., Cooper, A., & Saarma, U. (2011). Late-Quaternary biogeographic scenarios for the brown bear (*Ursus arctos*), a wild mammal model species. *Quaternary Science Reviews*, 30(3–4), 418–430. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2010.11.023>
- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12(1), 13–15.
- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., & Rambaut, A. (2012). Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29(8), 1969–1973. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss075>

- Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4), 783–791. <https://doi.org/10.2307/2408678> (Include DOI if available)
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299.
- Göktürk, T., Bucak, F., & Artvinli, T. (2011). Mammalian fauna of Artvin. *African Journal of Agricultural Research*, 6(6), 1418–1425.
- Hajibabaei, M., Singer, G. A. C., Hebert, P. D. N., & Hickey, D. A. (2007). DNA barcoding: How it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*, 23(4), 167–172. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2007.02.001>
- Hall, T. A. (1999). A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.
- Hassanin, A., Delsuc, F., Ropiquet, A., Hammer, C., van Vuuren, B. J., Matthee, C., Ruiz-Garcia, M., Catzeflis, F., Areskoug, V., Nguyen, T. T., & Couloux, A. (2012). Pattern and timing of diversification of Cetartiodactyla (Mammalia, Laurasiatheria), as revealed by a comprehensive analysis of mitochondrial genomes. *Comptes Rendus Biologies*, 335(1), 32–50. <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2011.11.002>
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hebert, P. D. N., Ratnasingham, S., & deWaard, J. R. (2003). Barcoding animal life: Cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(Suppl 1), S96–S99. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>
- Hirata, D., Mano, T., Abramov, A. V., Baryshnikov, G. F., Kosintsev, P. A., Vorobiev, A. A., Raichev, E. G., Tsunoda, H., Kaneko, Y., Murata, K., Fukui, D., & Masuda, R. (2013). Molecular phylogeography of the brown bear (*Ursus arctos*) in northeastern Asia based on analyses of complete mitochondrial DNA sequences. *Molecular Biology and Evolution*, 30(7), 1644–1652. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst077>
- Hürner, H., Kryštufek, B., Sarà, M., Ribas, A., Ruch, T., Sommer, R., Ivashkina, V., & Michaux, J. R. (2010). Mitochondrial phylogeography of the edible dormouse (*Glis glis*) in the western Palearctic region. *Journal of Mammalogy*, 91(1), 233–242. <https://doi.org/10.1644/08-MAMM-A-392R1.1>
- Karataş, A. (2006). *Türkiye'nin memelileri*. Doğa Derneği.
- Kasapidis, P., Suchentrunk, F., Magoulas, A., & Kotoulas, G. (2005). The shaping of mitochondrial DNA phylogeographic patterns of the brown hare (*Lepus europaeus*) under the combined influence of Late Pleistocene climatic fluctuations and anthropogenic translocations. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 34(1), 55–66. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.09.007>

- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111–120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). MEGA12: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution*, 41(12), msae263. <https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>
- Manceau, V., Després, L., Bouvet, J., & Taberlet, P. (1999). Systematics of the genus *Capra* inferred from mitochondrial DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13(3), 504–510. <https://doi.org/10.1006/mpev.1999.0688>
- Masini, F., & Lovari, S. (1988). Systematics, phylogenetic relationships, and dispersal of the chamois (*Rupicapra* spp.). *Quaternary Research*, 30(3), 339–349. [https://doi.org/10.1016/0033-5894\(88\)90009-9](https://doi.org/10.1016/0033-5894(88)90009-9)
- Matsushashi, T., Masuda, R., Mano, T., Murata, K., & Aiurzaniin, A. (2001). Phylogenetic relationships among worldwide populations of the brown bear *Ursus arctos*. *Zoological Science*, 18(8), 1137–1143. <https://doi.org/10.2108/zsj.18.1137>
- Michaux, J. R., Hürner, H., Kryštufek, B., Sarà, M., Ribas, A., Ruch, T., Vekhnik, V., & Renaud, S. (2019). Genetic structure of a European forest species, the edible dormouse (*Glis glis*): A consequence of past anthropogenic forest fragmentation? *Biological Journal of the Linnean Society*, 126(4), 836–851. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/bly176>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355–364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>
- Rodríguez, F., Hammer, S., Pérez, T., Suchentrunk, F., Lorenzini, R., Michallet, J., Martinkova, N., Albornoz, J., & Domínguez, A. (2009). Cytochrome b phylogeography of chamois (*Rupicapra* spp.): Population contractions, expansions and hybridizations governed the diversification of the genus. *Journal of Heredity*, 100(1), 47–55. <https://doi.org/10.1093/jhered/esn074>
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP v6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Seyfi, E., Bulut, Ş., & Karataş, A. (2021). Türkiye'nin tehlike altındaki memeli türleri. *Doğanın Sesi*, (7), 54–72.
- Stamatis, C., Suchentrunk, F., Moutou, K. A., Giacometti, M., Haerer, G., Djan, M., Vapa, L., Vukovic, M., Tvrtković, N., & others. (2009). Phylogeography of the brown hare (*Lepus europaeus*) in Europe: A legacy of south-eastern Mediterranean refugia? *Journal of Biogeography*, 36(3), 546–560. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2008.02013.x>
- Şeker, P. S., & Keleş, G. A. (2022). Kamilet Vadisi (Arhavi, Artvin) memeli türleri ve koruma. *Anadolu Orman Araştırmaları Dergisi*, 8(2), 33–39. <https://doi.org/10.53516/ajfr.1184108>

- Şeker, P. S. (2023). A study on wildlife diversity in Kemerköprü Village (Arhavi, Artvin) and its surroundings. *Turkish Journal of Biodiversity*, 6(2), 97–102. <https://doi.org/10.38059/biodiversity.1405561>
- Şekercioğlu, Ç. H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö. E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M. B., Soyumert, A., İpekdal, K., Sağlam, İ. K., Yücel, M., & Dalfes, H. N. (2011). Turkey's globally important biodiversity in crisis. *Biological Conservation*, 144(12), 2752–2769. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2011.06.025>
- Taberlet, P., Coissac, E., Pompanon, F., Brochmann, C., & Willerslev, E. (2012). Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 21(8), 2045–2050. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05470.x>
- Taş, F. H., Olgun Karacan, G., Çolak, R., & Çolak, E. (2024). Mitochondrial genetic diversity and historical population dynamics of the bank vole *Clethrionomys glareolus* in Northern Anatolia: Insights from *Cytb* and *COI* gene sequences. *Sinop Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 9(2), 483–501. <https://doi.org/10.33484/sinopfb.1522122>
- URL-1. Mammal Diversity Database. (2025). *Mammal Diversity Database (Version 2.2)* [Data set]. Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.15007505>. [https://www.mammaldiversity.org/ adresinden 15 Haziran 2025 tarihinde erişildi].
- URL-2. IUCN Red List of Threatened Species. (2024). *Species assessments: Turkey*. [https://www.iucnredlist.org/ adresinden 18 Haziran 2025 tarihinde erişildi].
- URL-3. MSM Ürün ve Hizmet Şirketi. [https://msm.ist/main/ adresinden 18 Haziran 2025 tarihinde erişildi]
- Valentini, A., Pompanon, F., & Taberlet, P. (2009). DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(2), 110–117. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.09.011>

EKLER

EK-1 *Rupicapra rupicapra*'nın 653 bp uzunluğundaki *COI* haplotipleri

Hap_1_1_P34_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

TACCTCCTATTTGGCGCCTGAGCCGGCATAGTAGGGACCGCCCTAAGCTTAC
TGATTTCGCGCTGAACTAGGCCAACCCGGAAGTCTACTCGGAGACGATCAAA
TCTACAACGTAATTGTA

Hap_2_3_P35_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

TACCTCCTATTTGGCGCCTGAGCCGGCATAGTAGGGACCGCCCTAAGCTTAC
TGATTTCGCGCTGAACTAGGCCAACCCGGAAGTCTACTCGGAGACGATCAAA
TCTACAACGTAATTGTA

Hap_1_1_P34_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

ACCGCACATGCATTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCTATCATAATCG
GAGGTTTTGGCAACTGACTAGTTCCTCTAATAATTGGAGCCCCTGACATAGC
ATTTCTCGGATAAAT

Hap_2_3_P35_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

ACCGCACATGCATTCGTAATAATTTTCTTTATAGTAATACCTATCATAATCG
GAGGTTTTGGCAACTGACTAGTTCCTCTAATAATTGGAGCCCCTGACATAGC
ATTTCTCGGATAAAT

Hap_1_1_P34_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

AACATAAGCTTCTGACTCCTTCCCCCTTCTTTCCTACTACTCCTAGCATCTTC
TATAATCGAAGCCGGAGCAGGAACAGGTTGAACCGTGTATCCCCCTCTAGC
AGGTAACCTGGCCCAT

Hap_2_3_P35_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

AACATAAGCTTCTGACTCCTTCCCCCTTCTTTCCTGCTACTCCTAGCATCTTC
TATAATCGAAGCCGGAGCAGGAACAGGTTGAACCGTGTATCCCCCTCTAGC
AGGTAACCTGGCCCAT

Hap_1_1_P34_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

GCAGGAGCTTCAGTAGACCTAACCATTTTCTCCTTACACCTAGCAGGTGTCT
CCTCAATTCTAGGGGCCATTAACCTTTATCACGACTATCATTAAATATAAAACC
CCCCGCAATATCACAA

Hap_2_3_P35_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

GCAGGAGCTTCAGTAGACCTAACCATTTTCTCCTTACACCTAGCAGGTGTCT
CCTCAATTCTAGGGGCCATTAACCTTTATCACGACTATCATTAAATATAAAACC
CCCCGCAATATCACAA

Hap_1_1_P34_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

TACCAAACCTCCCCTATTTCGTATGATCTGTATTAATTACTGCCGTACTACTCCT
CCTCTCACTCCCTGTATTAGCAGCCGGCATTACAATGCTACTGACTGACCGA
AACCTAAACACAACC

Hap_2_3_P35_ *Rupicapra rupicapra* Artvin

TACCAAACCTCCCCTATTTCGTATGATCTGTATTAATTACTGCCGTACTACTCCT

EK-1 *Rupicapra rupicapra*'nın 653 bp uzunluğundaki *COI* haplotipleri (Devam)

CCTCTCACTCCCTGTATTAGCAGCCGGCATTACAATGCTACTGACTGACCGA
AACCTAAACACAACC

Hap_1_1_P34_*Rupicapra rupicapra*_Artvin

TTCTTCGACCCAGCAGGAGGAGGGGATCCCATCTTATATCAACACCTGTTCT
G

Hap_2_3_P35_*Rupicapra rupicapra*_Artvin

TTCTTCGACCCAGCAGGAGGAGGGGATCCCATCTTATATCAACACCTGTTCT
G



EK-2 *Ursus arctos*'un 662 bp uzunluğundaki *COI* haplotipi

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

TTGGCACTCTTTACCTTCTGTTTCGGTGCATGAGCCGGAATAGTGGGCACTGC
CCTCAGCCTTTTAATTCGTGCCGAGCTAGGCCAGCCCGGGGCTCTGTTGGGG
GATGATCAGATCTACA

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

ATGTAGTCGTAACTGCCCATGCATTCGTGATAATCTTCTTCATGGTTATGCCT
ATTATAATTGGGGGATTCGGGAAGTATTAGTGCCCTTGATGATCGGTGCTC
CCGACATAGCGTTCC

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

CTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGTTGCTGCCACCATCTTTCTTACTGCTT
CTGGCCTCCTCTATGGTAGAAGCAGGTGCAGGGACTGGATGAACTGTCTAC
CCTCCTCTAGCGGGCA

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

ATCTGGCCCATGCAGGAGCGTCGGTAGACTTAACAATCTTTTCTCTGCACCT
AGCAGGCATCTCTTCTATTCTGGGGGCTATCAATTTTCATCACTACTATTGTTA
ACATGAAACCCCCTG

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

CAATATCTCAATATCAAACCCCTCTGTTTGTATGATCAGTCCTAATCACAGC
AGTACTTCTTCTTTTATCTCTGCCAGTCTTAGCAGCTGGAATTACTATACTAC
TTACAGATCGAAACC

Hap_1_4_A_ *Ursus arctos* Artvin

TTAACACTACCTTTTTTGATCCAGCTGGAGGAGGAGACCCTATTTTATATCA
ACACTTGTTTC

EK-3 *Lepus europaeus*'un 636 bp uzunluğundaki *COI* haplotipi

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

GGAGCCTGAGCTGGAATGGTAGGAACAGCCCTAAGCCTGTTGATCCGAGCA
GAATTGGGCCAACCTGGAACCTTACTTGGAGATGATCAAATCTATAATGTTA
TTGTTACCGCACATGCC

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

TTTGTAATAATTTTCTTCATAGTTATACCTATTATGATTGGAGGCTTCGGGAA
CTGACTAGTTCCCCTAATGATTGGAGCCCCTGATATAGCTTTTCCCCGAATA
ACAATATAAGCTTT

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

TGACTTCTCCCACCATCTTTCCTTCTCTTATTAGCCTCATCTATAGTAGAAGC
TGGCGCAGGAACTGGTTGAACTGTTACCCACCCCTGGCTGGTAACTTAGCT
CATGCAGGAGCTTCA

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

GTTGACCTTACTATCTTTTCCTTACACTTAGCCGGAGTTTCATCTATTCTAGG
GGCTATTAATTTTATTACTACTATTATTAATATAAAACCCCCTGCTATATCTC
AATATCAGACACCC

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

CTATTTGTATGGTCCGTTCTCATCACAGCTGTTCTTCTTCTCCTCTCTTTACCA
GTTCTAGCTGCCGGCATTACAATACTTTTAACAGACCGAACTTAAATACAA
CTTTCTTCGACCCA

Hap_1_2_T_ *Lepus_europaeus*_Artvin

GCAGGTGGTGGGGACCCTATTCTCTACCAACACTTA

EK-4 *Glis glis*'in 604 bp uzunluğundaki *COI* haplotipi

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

TAGTTGGTACAGCCTTAAGTCTCTTAATCCGTGCTGAATTAGGCCAACCCGG
AGCACTACTGGGTGATGATCAAATCTATAACGTTATTGTCACAGCCCATGCA
TTTGTCAATAATTTTCT

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

TTATAGTTATACCAATTATGATTGGAGGATTTGGAAACTGATTAGTTCCTTT
AATAATTGGGGCCCCTGATATAGCTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTC
TGACTCCTTCCACCTT

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

CCTTTCTTCTTCTCCTAGCCTCCTCTATAGTAGAAGCAGGGGCAGGTACAGG
TTGAACTGTATATCCCCCTCTTGCAGGAAATTTAGCTCACGCAGGAGCCTCT
GTTGACTTAACTATTT

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

TTTCACTTCATCTAGCAGGAGTTTCCTCAATTTTAGGTGCCATTAATTTTATC
ACAACAATTATTAATATAAAACCTCCCGCAATATCTCAATATCAAACCTCCTT
TATTCGTATGGTCAG

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

TGTTAATTACTGCTGTCTTACTTCTTCTATCTCTTCCAGTACTAGCAGCAGGT
ATTACTATATTACTAACAGACCGTAATCTCAATACTACTTTCTTTGACCCTGC
TGGAGGAGGAGACC

Hap_1_1_G_ve_2_G_*Glis glis*_Artvin

CTAT

İNTİHAL RAPORU İLK SAYFASI

Serap ÖZDEMİR_Son Benzerlik Sonuç Raporu

ORJİNALLİK RAPORU

% 7	% 6	% 3	% 4
BENZERLİK ENDEKSİ	İNTERNET KAYNAKLARI	YAYINLAR	ÖĞRENCİ ÖDEVLERİ

BİRİNCİL KAYNAKLAR

1	Submitted to Artvin Āoruh Āniversitesi Öğrenci Ödevi	% 3
2	acikbilim.yok.gov.tr İnternet Kaynağı	% 1
3	www.artvin.edu.tr İnternet Kaynağı	% 1
4	dspace.ankara.edu.tr İnternet Kaynağı	% 1
5	openaccess.artvin.edu.tr İnternet Kaynağı	<% 1
6	dr.nsk.hr İnternet Kaynağı	<% 1
7	Baş, Keziban Gamze. "Yaşlılarda Fiziksel Aktivitenin Kırılgnlık Düzeyi ile İlişkisinin İncelenmesi", Hitit University (Turkey) Yayın	<% 1
8	turkbiod.artvin.edu.tr İnternet Kaynağı	<% 1
9	Emily A. Wright, Rachael C. Wiedmeier, Emma K. Roberts, David R. Pipkin et al. " Distinct mtDNA lineages in free-ranging (aoudad) from the United States indicate multiple introductions from northern Africa ", Ecology and Evolution, 2022 Yayın	<% 1

KURUM İZNİ YAZILARI



T.C.
DOĞA KORUMA VE MİLLÎ PARKLAR GENEL MÜDÜRLÜĞÜ
12. Bölge Müdürlüğü
Artvin Doğa Koruma ve Milli Parklar Müdürlüğü



Sayı : E-10663509-622.03-19777262
Konu : Bilgi ve Belge Talepleri

23.06.2025

Sayın Gökçe Ali KELEŞ

İlgi : 19.06.2025 tarihli başvurunuz.

İlgide kayıtlı dilekçede; Müdürlüğümüzce 2014 yılından itibaren ilimizde doğada ölü olarak ele geçirilen yaban keçisi, çengel boynuzlu dağ keçisi, ayı, vaşak, karaca, kurt ve kuş gibi yaban hayvanları bilimsel çalışmalara destek olmak, tahnit ve eğitim materyali olarak kullanılması amacıyla Artvin Çoruh Üniversitesi Artvin Meslek Yüksekokulu Avcılık ve Yaban Hayatı Programına teslim edilmektedir.

Bilgilerinize rica ederim.

Sedat KARA
Doğa Koruma ve Milli Parklar Müdürü V.

Bu belge, güvenli elektronik imza ile imzalanmıştır.

Doğrulama Kodu: E3FC4E6E-7BF3-4FB5-9AB9-F483E9DABDD5

Doğrulama Adresi: <https://www.turkiye.gov.tr/turim-ebys>

Çamlık Mah. Çamlık Cad. Aranoğlu Sokak No:26 ARTVIN

Tel: (466) 212 14 45 Faks: (466) 212 60 49

KEP: artvinveormanbakanligi@hs01.kep.tr

KEP Adresi: artvinveormanbakanligi@hs01.kep.tr

Bilgi için: Murat EVBAŞI

Teknisyen

Telefon No: (466) 212 14 45-

144

