



**T.C.
AKSARAY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

**TÜRKİYE'DE YAYILIŞ GÖSTEREN *GAZELLA GAZELLA* (PALLAS,
1766) TÜRÜNÜN FİLOCOĞRAFYASI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Eylül İLASLAN

DANIŞMAN

Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ

AKSARAY, 2019

Aksaray Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü'nün 132307007 numaralı Yüksek Lisans öğrencisi, Eylül İLASLAN tarafından hazırlanan “TÜRKİYE'DE YAYILIŞ GÖSTEREN GAZELLA GAZELLA (PALLAS, 1766) TÜRÜNÜN FİLOCOĞRAFYASI” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından OY BİRLİĞİ ile Biyoloji Anabilim Dalında YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Danışman: Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ

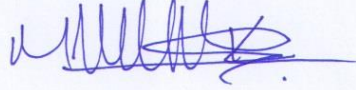
Aksaray Üniversitesi



Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum.

Üye: Doç. Dr. Mehmet KARACA

Aksaray Üniversitesi



Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum.

Üye: Doç. Dr. Hakan GÜR

Ahi Evran Üniversitesi



Bu tezin, kapsam ve kalite olarak Yüksek Lisans Tezi olduğunu onaylıyorum.

Tez Savunma Tarihi: 24/05/2019

Jüri tarafından kabul edilen bu tezin Yüksek Lisans Tezi olması için gerekli şartları yerine getirdiğini onaylıyorum.

Doç. Dr. Mehmet Ali HINIS

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

DOĞRULUK BEYANI

Yüksek lisans tezi olarak sunduğum bu çalışmayı, akademik kurallara ve bilimsel etik, ahlak ve geleneklere aykırı düşecek bir yol ve yardıma başvurmaksızın yazdığımı, yararlandığım eserlerin kaynakçada gösterilenlerden oluştuğunu, çalışmamda kullandığım verilerin orijinalliğini ve her türlü intihalden uzak olduğunu beyan ederim.

Enstitü tarafından belli bir zamana bağlı olmaksızın, tezimle ilgili yaptığım bu beyana aykırı bir durumun saptanması durumunda, ortaya çıkacak tüm ahlaki ve hukuki sonuçlara katlanacağımı bildiririm.

Eylül İLASLAN

TEŞEKKÜR

Çalışmam sırasında akademik bilgi ve tecrübelerini, benimle paylaşan, kaygılarımda, telaşlarımda bana hep yol gösteren sevgili danışmanım Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ'a "Aksaray Üniversitesi", her soruma büyük bir sabırla cevap verip, beni hep bilime yönlendiren Doç. Dr. Hüseyin POLAT'a "Aksaray Üniversitesi", araştırmalarımda, laboratuvar çalışmalarımıda beni destekleyen, her vazgeçişimde elimden tutan Arş. Gör. Zeycan HELVACI'ya "Aksaray Üniversitesi", laboratuvar çalışmalarımıda bana destek olan Meryem ŞENYÜREK'e çok teşekkür ederim.

Hayatım boyunca her konu da en büyük destekçilerim annem Şengül GÜZ, babam Orhan İLASLAN'a, yüksek lisansım boyunca tüm kahrımı çeken, beni sürekli teşvik eden iş arkadaşlarım Veteriner Hekim Nezih İNCEER'e ve Veteriner Hekim Ceren DURUM KARAHALLI'ya, dostluğuyla hep yanımda olan Gamze GÜR'e sonsuz teşekkür ederim.

Eylül İLASLAN
AKSARAY, 2019

İÇİNDEKİLER

TEŞEKKÜR	i
İÇİNDEKİLER	ii
ÖZET.....	iv
ABSTRACT	v
ŞEKİLLER DİZİNİ	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	viii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	4
2.1 Bovidae (Gray, 1821)	4
2.2 <i>Gazella</i> (Blainville, 1816)	6
2.3 <i>Gazella</i> Cinsinin Evrimsel Tarihi.....	12
2.4 Ceylanların Anadolu Tarihi.....	14
2.5 <i>Gazella gazella</i> (Pallas, 1766).....	15
2.5.1 <i>Gazella gazella</i> dağ ceylanının Dünya ve Türkiye dağılımı	15
2.5.2 Dağ ceylanının morfolojisi	17
2.5.3 Habitat.....	18
2.5.4 Üreme ve beslenme.....	20
2.6 Filocoğrafya.....	20
2.7 Moleküler Belirteçler	21
2.7.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA).....	21
2.7.1.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA) kontrol (d-loop) bölgesi	23
2.7.1.2 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz alt ünite III gen bölgesi ...	23
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	25
3.1 Araştırma Bölgesinin Tanıtımı	25
3.2 Örneklerin Toplanması.....	26
3.3 DNA Ekstraksiyonu	29
3.4 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ve Reaksiyon Koşulları.....	30
3.4.1 Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi (d-loop) geninin PZR reaksiyonu	
koşulları.....	30
3.4.2 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesinin PZR	
reaksiyonu koşulları	31
3.5 Elektroforez	31
3.6 DNA Dizi Analizi.....	32
3.7 Dizilerin Hazırlanması ve Tanımlayıcı Genetik Analizler.....	32
3.8 Filogenetik Analizler	33
3.9 Filocoğrafik Analizler	35
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	37
4.1 Genetik Çeşitlilik.....	37
4.2 Filogenetik İlişkiler	42
4.2.1 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III (COX-III) Maksimum	
olasılık ağacı.....	42
4.2.2 Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi Maksimum olasılık ağacı	
43	
4.2.3 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III (COX-III) Bayesian ağacı .	45
4.2.4 Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi Bayesian ağacı	45
4.2.5 <i>Gazella</i> cinsinin filogenisine genel bakış	46
4.3 Filocoğrafik Analizler	48
4.3.1 Nötralite testleri	48

4.3.2 Uyumsuzluk dağılım analizleri.....	49
4.3.3 Popülasyon geçmişinin Bayesian Skyline analiziyle belirlenmesi.....	52
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	58
6. KAYNAKLAR	61
7. ÖZGEÇMİŞ.....	71



YÜKSEK LİSANS TEZİ

TÜRKİYE’DE YAYILIŞ GÖSTEREN *GAZELLA GAZELLA* (PALLAS, 1766) TÜRÜNÜN FİLOCOĞRAFYASI

Eylül İLASLAN

Aksaray Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ

ÖZET

Ceylanların, avlanma, kaçak avcılık, habitat kaybı ve bozulması sebepleriyle soyu tükenme tehlikesi altındadır. Türkiye’de iki ceylan türü bulunmaktadır; Dağ ceylanı (*Gazella gazella*) ve Kum ceylanı (*Gazella marica*). Her iki ceylan türünde IUCN kriterlerine göre kırmızı listededir ve sırasıyla “Endangered” ve “Vulnerable” olarak sınıflandırılmaktadır. *Gazella gazella* türü Suriye sınırına yakın Hatay, Kırıkhan-İncirli bölgesinde, *Gazella marica* türü Şanlıurfa çevresinde yayılış göstermektedir. Bu amaç doğrultusunda, Türkiye’de dağılan *Gazella gazella* popülasyonları ile İsrail popülasyonları arasındaki genetik çeşitlilik ve farklılaşma, mtDNA sitokrom-c oksidaz III ve d-loop’un dizi analizi kullanılarak belirlenmiştir. Ayrıca diğer *Gazella* cinsi türleri ile filogenetik ilişkilerinin ortaya çıkarılması hedeflenmiştir. Hatay popülasyonunun genetik analizi, yetersiz çeşitlilik seviyelerini ve diğer İsrail popülasyonlarıyla gen akışının olmadığını ortaya koymuştur. *Gazella* cinsinde bulunan 9 türün tümü monofiletik bir soy oluşturmuştur. Bu çalışmadaki genetik değerlendirmeler Hatay dağ ceylanı için yeni koruma önerileri sunmaktadır.

Anahtar Kelimeler: *Gazella gazella*, filogeni, filocoğrafya, mtDNA, COX-III.

Nisan, 2019; 71 sayfa

M.Sc. THESIS

**PHYLOGEOGRAPHY OF *GAZELLA GAZELLA* (PALLAS, 1766)
DISTRIBUTED IN TURKEY**

Eylül İLASLAN

**Aksaray University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Biology**

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Tolga KANKILIÇ

ABSTRACT

The gazelles are under threat of extinction due to hunting, poaching, habitat loss and degradation. There are two species of gazelles in Turkey, the Mountain gazelle (*Gazella gazella*) and the Sand gazelle (*Gazella marica*). Both gazelle species are in the IUCN Red List of Threatened Species and respectively classified as "Endangered" and "Vulnerable". *G. gazella* is distributed in the Kırıkhan-İncirli region close to the Syrian border, and *G. marica* in the vicinity of Şanlıurfa. In accordance with this aim, genetic diversity and differentiation between *G. gazella* populations distributed in Turkey and Israel were determined using sequence analysis of mtDNA cytochrome-c oxidase III and d-loop. It is also aimed to reveal phylogenetic relationships with other *Gazella* genus species. Genetic analysis of the population of Hatay revealed insufficient diversity levels and no gene flow with other Israel populations. All nine species within the genus *Gazella* represented monophyletic clades. The genus *Gazella* is divided into two main clades. First clade comprising *G. gazelle*, *G. dorcas*, *G. arabica* and *G. spekei* and second clade comprising *G. bennettii*, *G. subgutturosa*, *G. marica*, *G. leptoceros* and *G. cuvieri*. The genetic assessments of this study recognize new conservation priorities for the mountain gazelle species in the Hatay.

Keywords: *Gazella gazella*, phylogeny, phylogeography, mtDNA, COX-III.

April, 2019; 71 pages

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. <i>Gazella dorcas</i> türünün coğrafik dağılımı.....	8
Şekil 2.2. <i>Gazella spekei</i> türünün coğrafik dağılımı.....	8
Şekil 2.3. <i>Gazella leptoceros</i> türünün coğrafik dağılımı	8
Şekil 2.4. <i>Gazella cuvieri</i> türünün coğrafik dağılımı.....	9
Şekil 2.5. <i>Gazella subgutturosa</i> türünün coğrafik dağılımı.....	9
Şekil 2.6. <i>Gazella bennettii</i> türünün coğrafik dağılımı.....	10
Şekil 2.7. <i>Gazella arabica</i> türünün coğrafik dağılımı.	11
Şekil 2.8. <i>Gazella marica</i> türünün coğrafik dağılımı.	11
Şekil 2.9. <i>Gazella</i> cinsinin biyocoğrafik dağılımı. Afrika (kırmızı), OrtaDoğu (sarı),Orta Asya (mavi) ve Hindistan (yeşil)	13
Şekil 2.10. <i>Gazella gazella</i> türünün coğrafik dağılımı.	16
Şekil 2.11. Dağ ceylanı dişi birey	18
Şekil 2.12. Dağ ceylanı erkek birey.	18
Şekil 2.13. Dağ ceylanının yaşadığı habitatlar.....	19
Şekil 2.14. Dağ ceylanının yaşadığı habitatlar.....	19
Şekil 3.1. Hatay ili ve çalışma alanının haritası.....	25
Şekil 4.1. Haplotipler ve haplotipleri oluşturan baz değişimleri.	40
Şekil 4.2. <i>Gazella</i> türlerinin mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III dizilerine göre oluşturulan Maksimum olasılık (ML) ağacı	43
Şekil 4.3. <i>Gazella</i> türlerinin mitokondriyal DNA bölgesi dizileriyle oluşturulan Maksimum olasılık (ML) ağacı.	44
Şekil 4.4. <i>Gazella</i> türlerinin mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III dizilerine göre Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan ağaç.....	45
Şekil 4.5. <i>Gazella</i> türlerinin mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizilerine göre Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan ağaç.....	46
Şekil 4.6. <i>G. gazella</i> türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri	50
Şekil 4.7. <i>G. arabica</i> türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri	51
Şekil 4.8. <i>G. dorcas</i> türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri	51
Şekil 4.9. <i>G. subgutturosa</i> türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri	52
Şekil 4.10. <i>G. gazella</i> türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim	53
Şekil 4.11. <i>G. arabica</i> türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim	54
Şekil 4.12. <i>G. dorcas</i> türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim.	55
Şekil 4.13. <i>G. subgutturosa</i> türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim	56

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. <i>Gazella</i> cinsinin taksonomisi.....	7
Çizelge 3.1. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.....	26
Çizelge 3.1 (devam). Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.....	27
Çizelge 3.1 (devam). Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.....	28
Çizelge 3.2. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.....	28
Çizelge 3.2 (devam). Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.....	29
Çizelge 3.3. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri	30
Çizelge 3.4. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri	31
Çizelge 3.5. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesi ile Maksimum olasılık (ML) ağacı oluşturulmasında kullanılacak en uygun model testi sonuçları.....	34
Çizelge 3.6. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri ile Maksimum olasılık (ML) ağacı oluşturulmasında kullanılacak en uygun model testi sonuçları.....	35
Çizelge 4.1. <i>Gazella gazella</i> dizilerinde transisyon ve transversiyon değişim oranları.....	38
Çizelge 4.2. Mitokondrial DNA kontrol bölgesi dizilerine göre ceylan popülasyonunun genetik çeşitliliği	39
Çizelge 4.3. <i>G. gazella</i> türü için belirlenen haplotiplerin dağılımı.....	40
Çizelge 4.3 (devam). <i>G. gazella</i> türü için belirlenen haplotiplerin dağılımı.....	41
Çizelge 4.4. Ceylan türlerinin kontrol bölgesi dizileri kullanılarak yapılan nötralite testleri.....	49
Çizelge 4.5. Bazı ceylan türlerinin uyumsuzluk dağılım analizi istatistikleri	50

SİMGELER VE KISALTMALAR

AIC	Akaike information criterion (Akaike bilgi kriterleri)
bç	Baz çifti
BI	Bayes inference (Bayes yaklaşımı)
BIC	Bayesian information criterion (Bayesian bilgi kriterleri)
COX	Sitokrom-c oksidaz
d-loop	Displacement <i>loop</i> (Kontrol bölgesi)
dNTP	Deoksinükleozittrifosfat
EDTA	Etilendaimintetraasetikasit
H	Haplotip sayısı
Hd	Haplotip çeşitliliği
IUCN	The International Unionfor Conservation of Nature (Uluslar arası Doğa Koruma Birliği)
K	Pairwise nükleotit farklılıkları ortalaması
MCC	The maximum clade credibility (Maksimum klad güvenilirliği)
MgCl₂	Magnezyum klorür
ML	Maximum likelihood (Maksimum olasılık)
mtDNA	Mitokondriyal DNA
MYÖ	Milyon yıl önce
NADH	Nikotinamidadenindinükleotid
ATP	Adenozintrifosfat
PZR	Polimeraz zincir reaksiyonu
rRNA	Ribozomal RNA
S	Polimorfik sitelerin sayısı
TBE	TrisBorikasit EDTA
tRNA	Taşıyıcı RNA
µl	Mikro litre
π	Nükleotit çeşitliliği

1. GİRİŞ

İnsan nüfusunun artmasıyla ilişkili olarak habitat kaybının devam etmesi doğal komüniteler üzerinde önemli tehditler oluşturmaktadır. Doğal habitatlar ve canlı türlerine yönelik bu tehditler insan faaliyetlerinin hızlı bir şekilde genişlemesi nedeniyle özellikle sanayi devriminden sonra artmıştır (Davidson vd. 2009; Hoffmann vd., 2010). Dünya biyoçeşitliliği, artan insan kaynaklı bu etkenler nedeniyle altıncı küresel yok oluşu yaşamaktadır. Bu küresel yok oluşta tespit edilmiş tükenme oranı en fazla olan canlı grubu, kuşları ve memelileri içeren omurgalı hayvanlardır. Omurgasız canlılarda yok oluş hakkında bilgi eksikliği oldukça fazladır.

Memelilerin yaklaşık olarak dörtte biri yok olma tehlikesiyle karşı karşıya olmakla birlikte popülasyonlarının yarısından fazlası azalma eğilimindedir (Davidson vd., 2009). Büyük vücutlu memelilerin tükenme olasılığı daha fazladır ve bunun en önemli sebebi insanlar tarafından av değeri için ya da doğrudan öldürülmeleridir (Ripple vd., 2017). Bununla birlikte, habitat tahribatı ve parçalanması, tarım alanlarının açılması gibi nedenlerle oluşan habitat kayıpları, geniş yaşam alanları gereksinimi duymaları ve insan çatışması gibi nedenler diğer tükenme sebepleri olarak verilebilir (IUCN, 2015).

Türkiye biyoçeşitlilik açısından oldukça zengin bir ülkedir. Dünya biyolojik çeşitliliğinin 36 sıcak noktasından üçünün kesiştiği bir coğrafyadır. Akdeniz, İran-Anadolu ve Kafkasya kesişen sıcak noktalardır. Anadolu'nun biyolojik çeşitliliği ve endemizm oranı oldukça yüksektir, aynı zamanda biyolojik çeşitliliğinin yok olma tehlikesi fazla olan bir coğrafyadır (Gür vd., 2017; Şekercioğlu vd., 2011). Günümüzde, Türkiye'de 27 karasal büyük memeli türü yaşamaktadır (Kryštufek ve Vohralík 2001, 2005, 2009). 20. yüzyıla kadar etkileyici büyük memeli türleri Anadolu'da yaşamaktaydı, ancak günümüze kadar olan tarihsel süreçte çoğunluğunun popülasyonları küçülerek tehlike altındaki tür kapsamına girmiştir, bazıları ise ortadan kalkmıştır. Pers Aslanı (*Felis leo persica*), Hazar kaplanı (*Panthera tigris virgata*), Asya çitası (*Acinonyx jubatus venaticus*), Anadolu parsı (*Panthera pardus tulliana*) gibi etkileyici karnivor memeli türlerinin yanı sıra İran alageyiği (*Dama mesopotamica*) ve Asya yaban eşiği (*Equus hemionus*) gibi

herbivor büyük memeli türlerinin Anadolu’da soyu tamamen tükenmiştir (Chynoweth vd., 2016; Demirsoy, 2000; Johnson, 2002).

Dağ ceylanı (*Gazella gazella*), Arap kum ceylanı (*Gazella marica*), Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelinii anatolica*) ve Ala geyik (*Dama dama*) ile birlikte yüksek koruma statüsüne sahip ve Anadolu’da popülasyonları son yüzyılda küçülmüş büyük otçul memeli türlerinden biridir. Dağ ceylanı, birçok ceylan türünde olduğu gibi son yüzyılda hızlı bir popülasyon azalması yaşadığından dolayı, IUCN tarafından nesli tükenme tehlikesi altında olan kırmızı listesinde “vulnerable” yani “duyarlı” kategorisinde bulunmaktaydı. Ancak 2017 yılında yayınlanan IUCN raporunda “endangered” yani “tehlikede” kategorisine alınmıştır (IUCN, 2017). İsrail’de dağ ceylanlarının sayısı, 1990’ların sonunda 10.000 olarak tahmin edilmiştir (Clark ve Frankenberg, 2001), ancak o zamandan beri keskin bir şekilde popülasyon azalması yaşamışlardır. 2015 yılında Dağ ceylanlarının İsrail’deki birey sayısı 1.210 olarak belirtilmiştir (IUCN, 2017). Bu bağlamda ceylan türleri için dünyanın birçok bölgesinde üretme çiftlikleri oluşturulmuş ve koruma programları sürdürülmektedir (Mallon ve Kingswood, 2001). Ülkemizde her iki ceylan türü için üretme çiftlikleri oluşturulmuş ve koruma açısından önemli kazanımlar elde edilmiştir. Ancak morfolojik değerlendirmelere dayanan yanlış taksonomik sınıflandırmalar, yeniden tanımlama ve üretim çiftlikleri koruma programların da farklı alt türlerin gen havuzunun karışmasına neden olup, koruma çalışmalarını engelleyebilir (Lerp vd., 2013; Wronski vd., 2010).

Gazella cinsi, memeliler arasında en karmaşık ve en az incelenen birimdir. Taksonomik çalışmalarda, *Gazella* cinsine dair genetik çalışmalar son yıllarda artmasına karşın, cins hem morfolojik hem de genetik bilgilere dayanan sınıflandırmalarda çatışmalar barındırmaktadır. Son yıllarda, *Gazella* cinsine ait, Türkiye’de yayılış gösteren *Gazella gazella* ve *Gazella marica* olmak üzere iki tür tanımlanmıştır (Kankılıç vd., 2012). Ancak Şanlıurfa bölgesinde yayılış gösteren *Gazella marica* türü olmasına rağmen, Türkiye’nin resmi kurumları tarafından *Gazelle subgutturosa* olarak yanlış bir taksonomik sınıflandırmayla tanımlanmaktadır. Ülkemizde dahi ceylan türleri üzerindeki taksonomik tartışmalar halen devam etmektedir. Ayrıca Dağ ceylanı popülasyonunun varlığı yakın bir

zamanda ortaya konmuş olup popölasyonun evrimsel tarihi ya da filocoğrafyası ile ilişkili bilgiler oldukça azdır.

Yapılan bu tez çalışmasıyla, Hatay bölgesinde yayılış gösteren Dağ ceylanının, mitokondriyal DNA kontrol bölgesi ve sitokrom-c oksidaz III gen dizisi kullanılarak popölasyonun genetik çeşitliliği, diğer dünya popölasyonları ile evrimsel ilişkileri ve filocoğrafik yapılarının ortaya çıkarılması hedeflenmiştir. Dünya ölçeğinde nesli tehlike altında olan bu türün, evrimsel ve genetik çeşitliliği bakımından korunmasına yönelik önlemler belirlenmeye çalışılmıştır.

Ülkemizdeki bu tür ceylan popölasyonu için mitokondriyal DNA kontrol bölgesi ve sitokrom-c oksidaz III gen dizisi farklılığı bu tez kapsamında ilk defa çalışılmıştır. Bu sayede Türkiye biyolojik çeşitliliğine ve memeli hayvan faunasıyla ilgili literatürdeki eksik bilgiye katkı sağlanmıştır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

2.1 Bovidae (Gray, 1821)

Bovidae (Boynuzlugiller) geniş getiren, çift toynaklı familyasıdır. Dünya'nın çoğu bölgesinde geniş yelpazeli habitatlarda yaşarlar ve toynaklı memeliler içerisinde en fazla çeşitlilik gösteren familyadır. Bovidae familyasının evrimsel tarihi yaklaşık olarak 23 (MYÖ) milyon yıl öncesine yani Miyosene kadar dayanmaktadır (Bibi vd., 2009). Günümüzde Bovidae familyası 45 cins içerisinde sınıflandırılan 137 türü kapsamaktadır (Grubb, 1993). Avrasya, Afrika ve Kuzey Amerika'da yaşayan türlere sahiptir, ancak en fazla tür çeşitliliği Afrika'dadır. Biyocoğrafik dağılımlarına baktığımızda var olan tür grupları belirli coğrafyalarda özelleşmişlerdir. Keçi ve koyunlar Avrasya'da, antiloplar Afrika'da, ceylanlar Asya ve Afrika'da bulunmaktadır. Ancak Kuzey Amerika'da Rocky Dağı keçisi ve bizonlar gibi çok daha az tür yayılımı göstermektedir (Groves ve Grubb, 2011).

Bovidae familyasının taksonomisi ve filogenetik ilişkileri üzerinde belirsizlikler vardır. Ancak morfolojik ve moleküler analizler familyayı iki ana klada ayırmıştır (Gatesy vd., 1997; Gentry, 1992; Hassanin ve Douzery, 1999; Kuznetsova vd., 2002; Mattheve Davis, 2001; Ropiquet, 2006). İki klad, Bovinae ve Antilopinae alt familyaları olarak sınıflandırılmıştır. Filogenetik ilişkiler düşünülerek yapılan bu sınıflandırma aşağıda verilmiştir (Groves ve Grubb, 2011).

Alt Familya Bovinae Gray, 1821

Tribus Bovini Gray, 1821

Bos, Bubalus, Syncerus, Pseudoryx

Tribus Boselaphini Knottnerus-Meyer, 1907

Boselaphus, Tetracerus

Tribus Tragelaphini Blyth, 1863

Ammelaphus, Nyala, Tragelaphus, Taurotragus,

Strepsiceros

Alt Familya Antilopinae Gray, 1821

Tribus Neotragini Sclater ve Thomas, 1894

Neotragus (muhtemelen *Hylarnus*,

Nesotragus'u içeriyor.)

Tribus Aepycerotini Gray, 1872

Aepyceros

Tribus Antilopini Gray, 1821

Raphicerus, *Antidorcas*, *Ammodorcas*,

Litocranius, *Saiga*, *Antilope*, *Nanger*,

Gazella, *Eudorcas*, *Dorcatragus*, *Madoqua*,

Ourebia, *Procapra*

Tribus Reduncini Kottnerus-Meyer, 1907

Redunca, *Kobus* (muhtemelen *Adenota*,

Hydrotragus'u içeriyor.), *Pelea*

Tribus Hippotragini Sundevall, 1845

Hippotragus, *Addax*, *Oryx*

Tribus Alcelaphini Brooke, Wallace, 1876

Alcelaphus, *Beatragus*, *Damaliscus*,

Connochaetes

Tribus Caprini Gray, 1821

Pantholops, *Oreamnos*, *Budorcas*, *Ammotragus*,

Arabitragus, *Hemitragus*, *Pseudois*, *Capra*,

Nilgiritragus, *Ovis*, *Rupicapra*, *Naemorhedus*,

Capricornis, *Ovibos*

Tribus Cephalophini Blyth, 1863

Philantomba, *Cephalophus*, *Sylvicapra*

Tribus Oreotragini Pocock, 1910

Oreotragus

Bovidae ailesine ait ülkemizde doğal yayılış gösteren türler, Dağ ceylanı (*Gazella gazella*), Arap kum ceylanı (*Gazella marica*), Yaban keçisi (*Caprae gagrus*), Çengel boynuzlu dağ keçisi (*Rupicapra rupicapra*), Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelinii anatolica*) ve Yaban koyunu (*Ovis gmelinii gmelini*) türleridir. Bu türlere geçmişte doğal olarak yayılış gösteren, ancak günümüzde soyu tamamen tükenen Yaban öküzü (*Bos primigenius*) türünü de dahil edebiliriz (URL-2).

2.2 *Gazella* (Blainville, 1816)

Gazella (Ceylanlar) cinsi taksonomik olarak Artiodactyla ordosu, Bovidae familyası, Antilopinae altfamilyası içerisinde bulunan en karmaşık cinstir (Groves, 1997). Dağılımı, Kuzey Afrika'dan, Arap Yarımadası, Orta Doğu ve Hindistan üzerinden Çin ve Moğolistan'ın geniş ovalarına kadar uzanmaktadır (Lerp, 2013). *Gazella* cinsinin taksonomisinde bazı tartışmalar söz konusudur. Groves ve Grubb (2011) tarafından hazırlanan morfolojik analize dayanarak oluşturulan taksonomi ile Lerp vd., (2013) filogenetik ilişki temelinde hazırladığı revizyonda, *Gazella* cinsine ait 11 farklı tür ve alt türlerle beraber 24 farklı takson olduğu belirtilmiştir (Çizelge2.1).

Ceylanların çoğunluğu, bugün IUCN'e göre tehlike altında olan tür listesinde yer almaktadır. 2008 yılında IUCN Antilop uzmanları (IUCN/SSC Antelope Specialist Group, 2008) tarafından hazırlanan raporda, ceylan türleri küresel ölçekte “vulnerable” yani “duyarlı” kategorisinde gösterilmiştir. Birçok ülkede eş zamanlı olarak koruma çalışmaları başlamış ve üretme çiftlikleri kurulmuştur. Ancak 2017 IUCN raporunda ceylan türlerinin hepsinde popülasyonlarının azaldığı tespit edilmiş ve bazı türlerin kategorisi “endangered” yani “tehlikede” olarak değiştirilmiştir. Ayrıca iki ceylan türünün soyu tamamen tükenmiştir (IUCN, 2017; Çizelge2.1).

Ceylanlar kurak ve yarı kurak ortamlara, özellikle su kaynaklarının az olduğu çöl koşullarına uyum sağlamışlardır. Çoğunlukla yarı kurak habitatlarda otlu ovalar ve küçük tepelik alanları tercih ederler. Afrika’da dört ceylan türü bulunmaktadır. Bu türler Dorcas ceylanı (*G. dorcas*), Speke ceylanı (*G. spekei*), ince boynuzlu ceylan (*G. leptoceros*) ve Cuvier ceylanı (*G. cuvieri*)’dır. Afrika’da yayılış gösteren türlerin dağılımı Şekil 2.1, 2.2, 2.3 ve 2.4’de gösterilmiştir. Dorcas ceylanı geçmişte Arap Yarımadası’na uzanan bir yayılışa sahipti, ancak günümüzde bu bölgedeki tüm alt

türlerinin soyu tükenmiştir (Habibi ve Williamson, 1997). İsrail ve Etiyopya popülasyonları dışında, sayıları hızla azalmış ve popülasyon parçalanması türün geleceğini tehlikeye atmıştır (Lafontaine vd.,1999). Speke ceylanı için etkili bir koruma yoktur ve Etiyopya’da tükenmiştir (Heckel vd., 2008). Son 3 nesilde popülasyonun %50’si azalmıştır ve yoğun bir av baskısı söz konusudur (Thurrow, 2013). Cuvier ceylanı, aşırı avlanma ve popülasyon parçalanmasından dolayı azalma eğilimindedir. Beudels vd. (2013), tüm popülasyonların birey sayısını 1750-2950 arasında olduğunu belirtmiştir. *G. leptoceros* Nil nehrinin batısındaki Sahra’nın kumlu tepeliklerine endemiktir (Devillers vd., 2005). IUCN kriterlerine göre “endangered” yani “tehlikede” kategorisinde olup birey sayısı 300-600 olarak tahmin edilmiştir. Bilinen tüm popülasyonları çok küçüktür. Kaçak avcılık bu tür için en önemli tehdittir (IUCN, 2017).

Çizelge 2.1. *Gazella* cinsinin taksonomisi (Groves ve Grubb, 2011; Lerp vd., 2013).

Tür	Alttür	IUCN Kriteri
<i>Gazella arabica</i>		Duyarlı
<i>Gazella bennettii</i>	<i>G.b.bennettii</i> <i>G.b. christii</i> <i>G.b. fuscifrons</i> <i>G.b. shikarii</i> <i>G.b. salinarum</i>	Düşük Riskli
<i>Gazella bilkis</i>		Tükenmiş
<i>Gazella cuvieri</i>		Duyarlı
<i>Gazella dorcas</i>	<i>G.d. dorcas</i> <i>G. d. pelzelni</i>	Duyarlı
<i>Gazella gazella</i>	<i>G. g. gazella</i> <i>G. g. dareshurii</i> <i>G.g. erlangeri</i> <i>G. g. karamii</i>	Tehlikede
<i>Gazella leptoceros</i>		Tehlikede
<i>Gazella marica</i>		Duyarlı
<i>Gazella saudiya</i>		Tükenmiş
<i>Gazella spekei</i>		Tehlikede
<i>Gazella subgutturosa</i>	<i>G. s. subgutturosa</i> <i>G. s. gracilicornis</i> <i>G. s. yarkandensis</i>	Duyarlı



Şekil 2.1. *Gazella dorcas* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).



Şekil 2.2. *Gazella spekei* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).



Şekil 2.3. *Gazella leptoceros* türünün dağılımı (IUCN, 2017) (Mor renkli alanlarda tür tükenmiş olabilir.).



Şekil 2.4. *Gazella cuvieri* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).

Cinsin Asya temsilcileri Chinkara ceylanı (*G. bennetti*) ve Kursaklı ceylan (*G. subgutturosa*) türleridir. Kursaklı ceylan dağılım alanı en geniş olan türdür (Mallon, 2008a,b). Asya’da yayılış gösteren her iki türün dağılım alanları Şekil 2.5 ve 2.6’da verilmiştir. *G. subgutturosa* en geniş dağılım gösteren, en büyük vücutlu ceylan türüdür. 1990’ların başında 100.000 bireylik büyük popülasyonlara sahipken (Mallon ve Kingswood, 2001), geçen on yıllık sürede aşırı avlanma ve habitat kaybından dolayı popülasyonlarının %30’unu kaybetmişlerdir (Mallon, 2008a). IUCN, 2017 kırmızı listesinde ise tüm popülasyonun yaklaşık olarak 42000-49000 bireyden oluştuğu belirtilmiş ve “vulnerable” yani “duyarlı” kategorisindedir. *G. bennetti* türü IUCN kriterlerine göre soyu tükenme tehlikesinde olmayan tek ceylan türüdür. Günümüzde yaşayan popülasyon yaklaşık olarak 50-70 bin bireyden oluşmakta olup kararlılığını sürdürmektedir (IUCN, 2017). Bunun en önemli sebebi en büyük popülasyonun olduğu Hindistan’da düşük av baskısı ve geniş bir koruma ağının oluşturulmuş olmasıdır (Mallon ve Kingswood, 2001).



Şekil 2.5. *Gazella subgutturosa* türünün coğrafik dağılımı (IUCN,2017).



Şekil 2.6. *Gazella bennettii* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).

Orta Doğu ve Arap Yarımadası'nda cinsin popülasyonları giderek azalmış ve dağılım alanları küçülmüştür. Bu bölgelerde Arap ceylanı (*G. arabica*), Kum ceylanı (*G. marica*) ve Dağ ceylanı (*G. gazella*) olmak üzere üç tür bulunmaktadır. Son yıllarda yapılan genetik çalışmalarla eskiden *G. gazella* türünün güneyde yayılış gösteren alttürleri (*G. g. acaciae*, *G. g. cora*, *G. g. farasani* ve *G. g. muscatensis*) *G. arabica* olarak yenilenmiştir (Hadas vd., 2015; Lerp vd., 2012; Wronski vd., 2010). Arap ceylanı coğrafik dağılımı Şekil 2.7'de verilmiştir. Arap ceylanlarının sayısı son 50 yılda çarpıcı bir şekilde azalmıştır (Magin ve Greth, 1994; Thouless ve Al Bassri, 1991). Kapsamlı avlanma, habitat kaybı ve popülasyonun parçalanması, başlıca gerileme nedenleridir (Magin ve Greth, 1994). IUCN raporuna göre, total popülasyonda yaklaşık olarak 5000-7000 birey bulunmaktadır (IUCN, 2017).

Gazella marica öncesinde *G. subgutturosa* türünün bir alt türü olarak tanımlanıyordu. Wachter vd. (2011), mtDNA dizileri temelinde iki gurubun farklı soy hatları olduğunu belirtmiş ve *G. subgutturosa marica* alt türünü tür seviyesine taşımıştır. Mevcut dağılımı Irak'taki Dicle-Fırat havzasından, Ürdün ve Suriye'den Türkiye'nin güney doğusuna kadar ve güneyde Arabistan çoğunluğunda, açık habitatlarında bulunur (Wachter vd., 2011, Şekil 2.8). Kankılıç vd. (2012), tarafından yapılan çalışmayla, Türkiye'de *G. subgutturosa* yerine *G. marica* ve *G. gazella* olmak üzere iki farklı türün bulunduğu genetik bulgularla saptanmıştır. Ancak, Şanlıurfa bölgesindeki ceylan türü, Türkiye fauna listesinde ve resmî kurumlarda halen *Gazella subgutturosa* olarak tanımlanmakta ve yanlış takson ismi kullanılarak koruma çalışmaları sürdürülmektedir. IUCN (2017) Antilop raporunda ve birçok

makalede Türkiye’de yayılış gösteren türün *G. marica* olduğu belirtilmiştir. Bu türün son 50 yılda popülasyon büyüklüğü hızlı bir şekilde azalmıştır. Üretim çiftlikleri dışında doğal popülasyonların birey sayısı 1750-2150 civarında olduğu tahmin edilmektedir. Türkiye’de yaban hayatı koruma alanında yaşayan doğal popülasyonun birey sayısı 397 olarak raporlanmıştır (URL-3).



Şekil 2.7. *Gazella arabica* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).



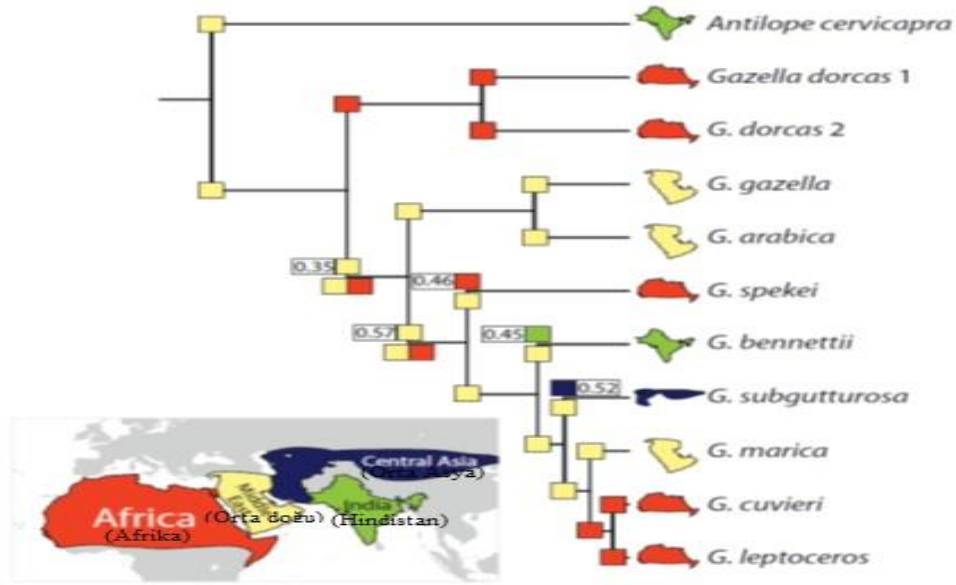
Şekil 2.8. *Gazella marica* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).

2.3 *Gazella* Cinsinin Evrimsel Tarihi

Antilopinae alt familyasına ait en eski fosil kaydı Kenya'nın Barigo havzasında erken Miyosende bulunmuştur (Thomas, 1981). Buna karşın, *Gazella* kökenine dair bilgiler tartışmalıdır. İlk ortaya çıktığı yere dair iki farklı görüş mevcuttur. Kingdon (1988) Afrika kökenli olduğunu, Vrba ve Schaller (2000) ise Asya kökenli olduğunu belirtmişlerdir. Her iki hipotez de büyük ölçüde ceylanların filogenetik olarak eski bir grubu temsil ettiğini ve yaklaşık 14 milyon yıl öncesine yani Orta Miyosene tarihlendiğini belirtmişlerdir (Vrba, 1985). Bu iki görüşe zıt olarak günümüz ceylanlarıyla yapılan mtDNA belirteçlerine dayanan filogenetik analizlere göre, daha yakın bir zamana, 10.5-6.3 milyon yıl öncesi Geç Miyosene işaret etmektedir (Hassanin vd., 2012; Lerp vd., 2013). *Gazella* soyunun Geç Miyosenden Pliyosene doğru, Orta Doğu'da köken aldığını belirtmiştir (Lerp vd., 2016) ve bu dönemde gerçekleşen daha sıcak ve yağışlı iklimle beraber genişleyen tropikal savanalar ve otlaklar çeşitlenmeyi teşvik etmiştir (Salzmann vd., 2011; Strömberg, 2011). Geç Miyosen'de Arap Yarımadası, *Gazella* soyunun ilk çeşitlenmesini destekleyen ortam olmuştur (Kingston ve Hill, 1999).

Ortadoğu'dan köken alan *Gazella* soy hatları (*G. dorcas*, *G. spekei*, *G. cuvieri* ve *G. leptoceros*) Afrika'ya geçmişlerdir. *G. bennettii* ataları Ortadoğu'dan Hindistan'a, *G. subgutturosa* türünün atasal soyları da Ortadoğu'dan Asya'ya geçmişlerdir (Lerp vd., 2016). Lerp vd. (2016), günümüz ceylanlarının coğrafik dağılışı ve mtDNA dizileriyle yaptığı filogenetik analizlere dayanan coğrafik ağaç Şekil 2.9'da verilmiştir. Filogenetik analizler sonucu ayrılma zamanı, *G. dorcas* için 7-2 Myö, *G. spekei* 4-1 Myö ve *G. cuvieri* / *leptoceros* 1.3-0.3 MYÖ'sine tarihlenmiştir.

Geç Miyosen-Erken Pliyosen döneminde, Mezopotamya'da, *Gazella* cinsi temsilcileri (örneğin *G. deperdita* ve *G. rodleri*) ve diğer toynaklıların temsilcileriyle doluydu (Bernor, 1986). Geç Miyosende Mezopotamya, Anadolu ve hatta Avrupa'dan *Gazella* kaydı bulunmaktadır (Bibi ve Güleç, 2008; Gentry, 1990, 2000, 2003). Bu dönemde, Akdeniz'in Atlantik okyanusundan izole olduğu ve su seviyelerinin çarpıcı biçimde azaldığı Messinian Tuzluluk Krizinin (6 MYÖ) başlamasıyla karakterize edilmiştir (Krijgsman vd., 1999). Bu, Afrika ve Avrasya arasında özellikle savana habitatına uyum sağlamış türlerin hızlı fauna değişimlerine yol açmıştır (Agusti vd., 2006).



Şekil 2.9. *Gazella* cinsinin biyocoğrafik dağılımı (Lerp vd., 2016). (Türler dört ayrı coğrafi bölgeden birinde dağılış göstermektedir. Kareler, coğrafi alandaki en olası atalara ait taksonu göstermektedir.) Afrika (kırmızı), Orta Doğu (sarı), Orta Asya (mavi) ve Hindistan (yeşil).

Messinian Tuzluluk Krizinin sonrasında, Arabistan Yarımadası ve Afrika arasındaki bağlantı kopmuştur (Bosworth vd., 2005). Zagros Dağları'nın oluşumu, Arabistan ve Asya arasındaki biyotik değişimleri engellemiştir (Tchernov, 1992). Tüm bu faktörler, Arap faunasının Afrika ve Avrasya'dan daha fazla izole olmasına neden olmuştur. Miyosenden sonra fauna değişimini sağlayacak yollar daha azalmış ve iklim koşullarının daha kurak olması, Pleistosen (2.8 MYÖ) döneminde kuraklığa uyum sağlamış türleri desteklemiştir (DeMenocal, 2004). Pleistosen'de Arap Yarımadası ile Afrika arasındaki faunal değişim asimetrik yapıda olmuştur. Dağa adapte olmuş Asya türleri, Arap Yarımadası ve Sina Dağları boyunca kuzey Afrika'ya daha kolay dağılabilirken, kurağa uyum sağlamış Sahra türleri ise kuzey Sina boyunca dar bir koridoru ile ölü deniz fayını izleyerek yayılmışlardır (Delany, 1989; Tchernov, 1992). Holosen sırasında jeolojik durum aşağı yukarı sabit kalmış ve memeli türleri özellikle ceylanlar giderek artan insan faaliyetlerinden daha fazla etkilenmişlerdir (Bar-Oz vd., 2011).

2.4 Ceylanların Anadolu Tarihi

Tarihsel süreçte yaşamış olan Anadolu medeniyetlerinin kültürleri ve antik eserlerinceylanlarınvarlığına işaret eder. Bu eserlerde kimi zaman bir av hayvanı olarak, bazen de kutsal bir figür olarak gösterilmiştir. Geç Miyosende ve Erken Pliyosende Anadolu'nun hemen hemen her yerinden ceylanların fosil kaydı olmakla birlikte, Güneydoğu Anadolu bölgesinde yapılan arkeolojik kazılarda da ceylan kemikleri mutlaka tespit edilmiştir. Anadolu coğrafyası ceylanlar için uygun vejetasyonu, topografik özellikleri ve iklim koşullarını içermekle birlikte, farklı ceylan türlerinin yaşayabileceği mozaik bir ortamda sağlamıştır.

İngiliz bir gezgin olan William Francis Ainsworth, Mezopotamya'ya yaptığı yolculuk sırasında 1839 yılında Bolvadin (Afyon) civarında "ceylan sürüleri" kaydetmiş ve Çukurova'da çok sayıda ceylanın bulunduğunu belirtmiştir. Ainsworth, bu gözlemlerini, 1842 yılında yayınladığı "Travels and Researches in Asia Minor, Mesopotamia, Chaldea and Armenia" adlı kitabında yayınlamıştır (Kasperek, 1986). Russegger (1843) Adana civarında, Danford ve Alston (1877; 1880) Ceyhan (Adana)'da çok sayıda ceylan varlığından bahsetmişlerdir (Kasperek, 1986). Ainsworth (1842) gözlemlediği ceylanların türleri hakkında bilgi vermemektedir. Kotschy Adana bölgesini iki kere ziyaret etmiştir. İlk raporunda *Gazella dorcas*'a çok benzeyen bir tür olduğunu, ancak büyük yüz hatlarına sahip olduğunu belirtmiştir. İkinci raporunda (1858) Adana ovalarında farklı iki tür olduğunu rapor etmiştir. Danford ve Alston'da (1877) tüm ceylanları *Gazella dorcas* olarak tanımlamışlardır. Ancak ikinci ziyaretlerinde bölgenin doğusundaki alanda farklı bir türün yaşadığını, bu türün de muhtemelen *Gazella subgutturosa* olduğunu belirtmişlerdir.

Kumerloeve (1969, 1975a) ceylanların Türkiye-Suriye sınırından Şanlıurfa'nın kuzey ovalarına kadar özellikle Ceylanpınar civarında dağıldığını belirtmiştir. Turan (1984) tarafından yayınlanan bir diğer çalışma da Türkiye'nin güneydoğu sınırı boyunca ceylanların dağılımını Hatay (Kırıkhan)'dan Şırnak (Cizre)'a kadar olduğunu belirtti. Turan (1984) ayrıca Iğdır ve Aralık (Doğu Anadolu) ovalarında ceylanların görüldüğünü eklemiştir.

Kumerloeve (1975b)'e göre, *Gazella dorcas* Lübnan'dan daha kuzeye yayılışının olmadığını, kayıtların *Gazella gazella*'ya ait olması gerektiğini vurgulamıştır. Ancak,

Turan (1984) Türkiye'nin güney doğusundaki ceylanları *Gazella subgutturosa* olarak tanımlamış, var olması mümkün olan diğer ceylan türünün *Gazella dorcas* olabileceğini belirtmiştir.

Kankılıç vd. (2012), tarafından yapılan genetik çalışmada Türkiye sınırlarında 2 farklı türün olduğu gösterilmiştir. Hatay ve geçmişte Çukurova ve Ceyhan gibi kayıtları verilen türün *Gazella g. gazella* alt türü olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Şanlıurfa bölgesinde yaşayan ceylan türünün *Gazella subgutturosa* türünden farklı olarak *Gazella marica* türüne daha yakın olduğunu vurgulamışlardır. Turan (1984) tarafından Iğdır Aralık ovasında gözlenen türün ise olası olarak *Gazella subgutturosa* olduğu düşünülmektedir. Tüm kayıtlar ve çalışmalar düşünüldüğünde Türkiye’de üç türün yaşamış olduğunu söyleyebiliriz.

2.5 *Gazella gazella* (Pallas,1766)

Takım: Cetartiodactyla

Familiya: Bovidae

Alt familya: Antilopinae

Cins: *Gazella*

Tür: *Gazella gazella* (Pallas, 1766).

İngilizce ismi: Mountain Gazelle

Türkçe İsmi: Dağ Ceylanı

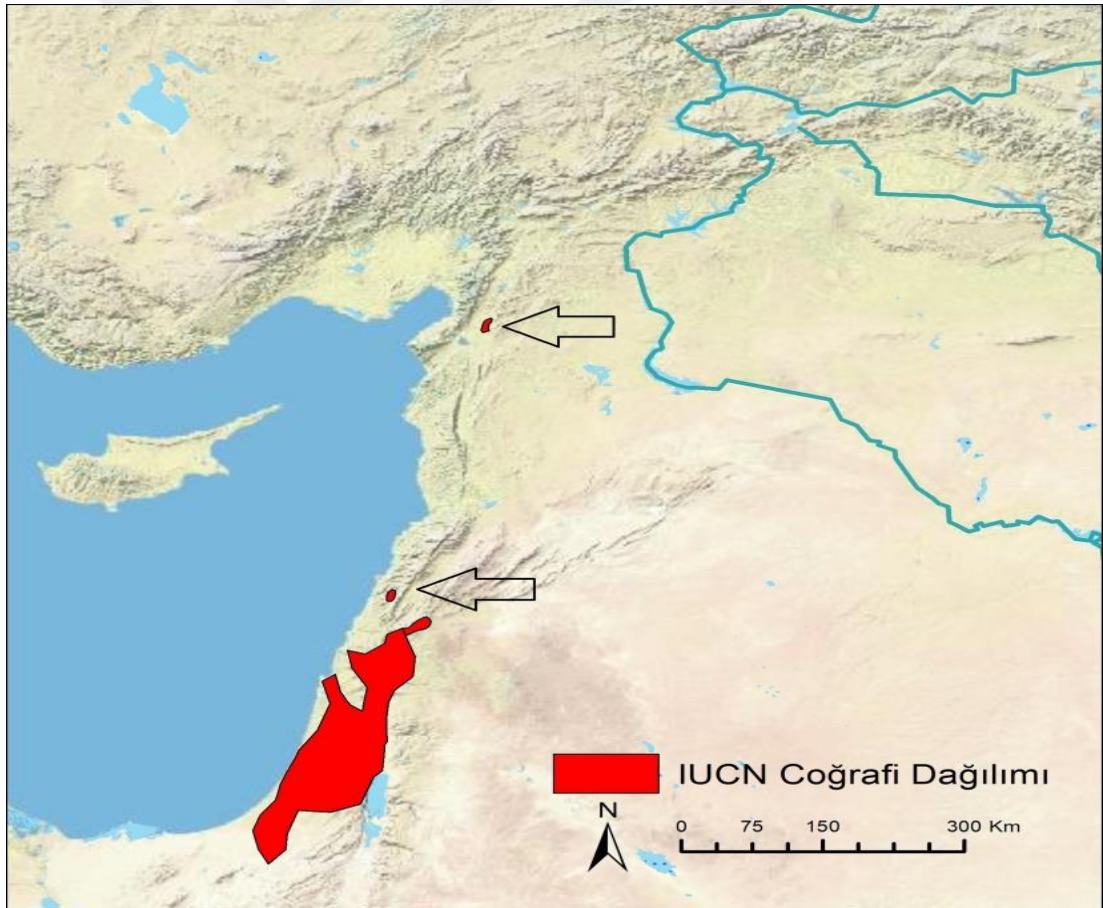
Yöresel ismi: Hatay Dağ Ceylanı

Sinonim: *Gazella gazella ssp. gazella* (Pallas, 1766)

2.5.1 *Gazella gazella* dağ ceylanının Dünya ve Türkiye dağılımı

Gazella gazella türünün Mallon ve Kingswood (2001) ve IUCN (2008)’e göre yayılışı: İsrail (geniş dağılım), Suudi Arabistan, Umman, Birleşik Arap Emirlikleri, Yemen ve Basra Körfezi’nde Farur Adası’nda küçük bir popülasyon olduğu bilinmekteydi.

Ancak, Wronski vd. (2010), *Gazella gazella*'nın iki monofiletik soydan oluştuğunu göstermiştir. Birincisi kuzey soyu Golan Tepeleri'nden alınan örneklerle temsil edilmektedir. İkincisi ise güney soyu Arava Vadisi güneyi dahil olmak üzere, Arap yarımadasında bulunan popülasyonlardır. Lerp vd. (2013), daha fazla örnek ve nükleer DNA kullanarak benzer sonuçlar almıştır. Bu bağlamda türün güney soy hattını oluşturan alt türler ve popülasyonlar *Gazella arabica* türü olarak, kuzey soyu ise *Gazella gazella* olarak tanımlanmıştır. *G. gazella* günümüzde İsrail ve Filistin topraklarında Golan Tepeleri, Orta İsrail, Ürdün Vadisi ve kuzey Negev'de yayılış göstermektedir (Hadas vd., 2015). Kankılıç vd. (2012), tarafından İncirli-Kırıkhan popülasyonu *G. gazella* türüne yani kuzey soyuna dahil edilmiştir. Türün günümüzdeki coğrafik dağılımı Şekil 2.10'da verilmiştir.



Şekil 2.10. *Gazella gazella* türünün coğrafik dağılımı (IUCN, 2017).

Dağ ceylanının İsrail popülasyonunun, 1990'larda 10000 birey civarında olduğu kaydedilmiştir (Clark ve Frankenberg, 2001). Ancak sayıları giderek azalmıştır. 2015

Mart ayında İsrail'in üç ana popülasyonunun birey sayısı 1210 ve tümünün ise 2500 civarında olduğu belirtilmiştir. Hatay popülasyonunun doğadaki birey sayısı 2008'den günümüze kadar artma eğilimindedir. 2008 yılından itibaren başlayan koruma çalışmaları başarılı olmuştur. Tarım ve Orman Bakanlığı Doğa Koruma Milli Parklar'ın envanter rakamlarına göre popülasyon büyüklüğü 2008'de 80 birey, 2017 yılı Ocak ayında yapılan sayımda 492 olarak verilmiştir (URL-3).

2.5.2 Dağ ceylanının morfolojisi

Dağ ceylanlarında eşeysel dimorfizm görülmektedir. Erkekler dişilerden daha büyük ve daha uzun boynuzlara sahiptir. Dişiler 16-25 kg ağırlığında, erkeklerde 17-29.5 kg arasındadır. Ceylanlar uzun boyun ve bacaklarıyla orantılı ince bir yapıya sahiptir. Arka bacaklar daha uzundur. Dağ ceylanlarının alt ve yan kısımları beyaz, uzuvları açık kahverengi, gövdesi koyu kahverengidir. Yüzdeki, yandaki ve gerideki pigal çizgiler daha belirgin ve koyu bantlar halindedir. Siyah kuyruk kısa ve gürdür. Kulakları da nispeten kısadır. Kürkleri yaz aylarında güneş ışınlarını yansıtmak için kısa ve parlak iken, kış aylarında ağır kış yağmurlarından hayvanı korumak için kış boyunca kalın, uzun ve yağmur geçirmezdir. Her iki cinsiyette de boynuz bulunmaktadır. Yaşam alanına bağlı olarak değişse de erkeklerde 220-294 mm, dişilerde 84-153 mm'dir. Erkeklerin boynuzları daha kalın ve boynuzlarda belirgin halkalar var iken dişilerde halka bulunmaz. Erkek boynuzları tabandan dışarı doğru yay şeklinde iken dişilerinki öne kavislidir. Boynuz şekli popülasyonlara göre değişiklik gösterir. Ancak genellikle S şeklindedir (Groves ve Lay, 1985; Mendelssohn vd., 1995; Şekil 2.11., Şekil 2.12.).



Şekil 2.11. Dağ ceylanı dişi birey (Fotoğraf: Tolga Kankılıç).



Şekil 2.12. Dağ ceylanı erkek birey (Fotoğraf: Ahmet Karataş).

2.5.3 Habitat

Dağ ceylanları, tepelik, dağlık alanlar, kurak, yarı kurak ovalar ve ekili alanların kenarları dahil olmak üzere farklı habitatlarda yaşayabilirler. Ormanlık ve yoğun kayalık alanları tercih etmezler. Günlerini genellikle tepeler de geçirirler. Gece veya

sabaha karşı erken saatlerde yem için aşağı ekili alanların kenarlarına inerler. En iyi uyum gösterdikleri bölgeler, ortalama yıllık sıcaklığı 21-23°C olan, kışın ortalama sıcaklığı 14°C'den düşük olmayan yerlerdir (Mendelssohn vd., 1995). Kışın en fazla 1800 mm'ye kadar yağış alan, Akdeniz iklimi görülen bölgelerde yaşarlar (Lerp vd., 2013). Habitatı gösteren bazı fotoğraflar Şekil 2.13 ve Şekil 2.14'te verilmiştir.



Şekil 2.13. Dağ ceylanının yaşadığı habitatlar (Fotoğraf: Tolga Kankılıç).



Şekil 2.14. Dağ ceylanının yaşadığı habitatlar (Fotoğraf: Tolga Kankılıç).

2.5.4 Üreme ve beslenme

Ceylanlar 3-8 bireylik gruplar halinde bulunurlar. Erkeklerin bölgelerinde bir veya daha fazla dişi ve gençler bulunur. Üreme durumuna gelen dişiler öncelikle belirlenir. Çiftleşme Ekim-Kasım aylarında başlar. Ancak gıda sıkıntısı olmadığı durumlarda yıl boyunca devam edebilir. Doğumlar Nisan-Mayıs aylarında gerçekleşir. Dişiler her sezonda bir kere yavru doğurur. Dişiler bir erkekle ilişkiye girer. Hamilelik süresi 180 gündür. Doğum izole bir yerde gerçekleşir ve doğum sonrasında kısa bir sürede, erken olgunlaşan yavrular ayakta durabilir ve yürüyebilirler. Yavrular ilk haftalarda bakıma muhtaçtır. 3-6 haftalık olduğunda katı gıdayla beslenebilir. Emzirme üç aya kadar sürebilir. Bu zaman zarfında anne ve yavru, anneler ve yavruardan oluşan küçük bir sürüye katılır. Dişi yavrular anneleri ile kalabilirken erkek yavrular yaklaşık 6 aylık olduğunda bu sürüden ayrılır. Genç erkekler sürüsüne katılır. Dişiler 18 aylıkken yetişkin boyutlarına ulaşırken erkekler 3 yıldan önce ulaşamazlar (Mendelssohn vd., 1995; Dunham, 1999).

Ceylanlar otobur hayvanlardır. Çim, çalı, yaprak ve otlarla beslenirler. Yedikleri bitki türleri genellikle yaşam alanlarına bağlı olarak değişir. Sadece birkaç bitki türünü yemezler. Ancak birçok otçul hayvanın yemediği zehirli otları bile yiyebilirler. Ceylanlar ekstrem çöl şartlarına fizyolojik olarak çok iyi uyum sağlamışlardır. Onlar su olmadan uzun zaman yaşayabilirler ve etli yapraklı bitkiler ve çiğ damlacıklarını bulmak bile yeterli gelebilir. Ceylanlar en uygun koşullarda bile vücutlarında yağ biriktirmezler (Mendelssohn vd., 1995; URL-1).

2.6 Filocoğrafya

Filocoğrafya, soy hatlarının coğrafi dağılımlarının prensip ve süreçlerini belirleyen bir araştırma alanıdır. Popülasyonlar/ türler/ alt birimlerin soy hatlarının, türleşmenin ve geçmiş iklimsel dalgalanmalarının ortak kalıplarını ve ilgili süreçlerini açıklamakta oldukça kullanışlıdır (Avice, 1998).

Buna ek olarak filocoğrafya, türlerin/soyların dağılımını, taksonların kökenini, geçmiş çevresel faktörlerin etkilerini, taksonların bugünkü popülasyon yapılarını şekillendiren fiziksel bariyerlerini, klasik morfolojiyle ve diğer geleneksel karakter ve metodlarla çözilemeyen taksonların tanımını incelemektedir (Avice, 2000; Challis vd., 2007).

Filocoğrafya, bir türün genetik çeşitliliğinin dağılımını çözmek için güvenilir bir yoldur. Bununla birlikte moleküler belirteçler, incelenen alan ve türlerle ilişkili farklı filocoğrafik hipotezleri test etmek için etkin bir şekilde kullanılmaktadır. Moleküler belirteçlerin gelişimi, aynı zamanda moleküler biyoloji alanındaki ilerlemeler ile doğrudan ilişkilidir ve son yıllarda büyük miktarlarda bilgi birikimleriyle sonuçlanmıştır (Palumbi ve Ferraris, 1996). Son yıllarda farklı hayvan taksonlarında veri elde etmek için bir dizi moleküler teknikler uygulanmaktadır (Jang-Liaw vd., 2008).

Morfolojik olarak ayrımı zor olan taksaların ayrımı, popülasyon farklılaşması, popülasyonların evrimsel tarihi, tür ve alttürlerin belirlenmesi için mtDNA, hızlı evrimi ve ana durumlu kalıtımından dolayı geniş ölçüde uygulanmıştır (Avisé, 1989). *Gazella* türündeki genetik varyasyonun belirlenmesinde özellikle türün koruma programları kapsamında mtDNA sitokrom-b ve sitokrom-c dizi verileri geniş olarak kullanılmıştır (Hammond vd., 2001; Kankılıç vd., 2012; Lorenzen vd., 2008; Rebholz ve Harley, 1997, 1999; Wachter vd., 2011; Wronski vd., 2010).

2.7 Moleküler Belirteçler

2.7.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Mitokondri tüm çekirdekli memeli hücrelerinde bulunan, çift zarlı, maternal kalıtmalı, kendine ait DNA'sı olan ve enerji metabolizmasında görev yapan hücre içi bir organeldir (Bandelt vd., 2006; Iborra vd., 2004).

Mitokondri DNA'sı memelilerde halkasal, küçük ve çift sarmal yapıda bir DNA molekülüdür (Gibson vd., 2005).

Hayvan mitokondriyal DNA'sı, 15-20 kb uzunluğundadır. Bu mtDNA; 22 tRNA, 2 rRNA ve protein kodlayan 13 mRNA'yı bulunduran 37 genden oluşur (Klug ve Cummings, 2000). Ayrıca replikasyon ve transkripsiyon başlangıcı için bir de kontrol bölgesi (*d-loop*) mevcuttur. Protein genleri; sitokrom b, 7 *NADH* dehidrogenaz alt birimi (ND1, 2, 3, 4, 4L, 5, 6), 3 sitokrom-c oksidaz alt birimi (COX-I, II, III) ve 2 ATPaz alt biriminden (ATPaz 6 ve 8) ibarettir (Hillis ve Moritz, 1996).

Mitokondrial DNA'daki dizi farklılıklarının analizi, moleküler filogenetik çalışmalarda son 30 yılda sıklıkla kullanılan ve popüler bir belirteçtir (Bardelen vd., 2005; Galtier vd., 2009; Moritz vd., 1987). Bireyler, türler ve popülasyonlar arasındaki evrimsel ilişkinin tahmin edilmesinde mitokondriyal DNA etkili bir moleküldür (Irwin vd., 1991). Mitokondriyal DNA'nın bu amaçla kullanımı ilk kez 1980'lerde başlamıştır (Bandelt vd., 2006). Mitokondriyal DNA'nın moleküler çalışmalarda kullanılmasının başlıca sebeplerinden biri iyi biliniyor olmasıdır. Bunun yanı sıra hayvansal hücrelerin her birinde, hücre tipine göre değişse de 100 ile 100.000 arasında mitokondri ve her mitokondri de 2 ile 10 arasında mtDNA molekülü bulunmaktadır. Bu nedenle dokulardan mtDNA izolasyonu çok daha kolaydır. Hayvan grupları arasında mitokondriyal genler korunmuştur. Mitokondriyal genlerde intron bulunmayan, az duplikasyon içeren ve kısa intergenik bölgeler bulunmaktadır (Gissi vd., 2008). Ayrıca mtDNA molekülünde, çekirdek DNA molekülündeki gibi homolog kromozomlar arasında parça değişimi (crossover) gerçekleşmemektedir. Bu sebeple de yavru döllerde yeni kombinasyonlar gözlenmemektedir. Oluşan nükleotit farklılıkları eklemeli olarak yavru döllere aktarılmaktadır. Mitokondriyal DNA molekülü, memeli hayvanlarda maternal kalıtım (anaya ait kalıtım) modeliyle kalıtıldığı için geçmişe dönük, maternal soy hatlarının kökenleri ve coğrafik hareketleri gözlemlenebilmektedir (Bandelt vd., 2006; Galtier vd., 2009). Bir diğer özelliği de mtDNA'nın, doğal popülasyonlarda evrim hızı çekirdek DNA'sına göre çok daha yüksektir. Bunun nedeni ise mtDNA molekülünün oksijen radikallerine daha çok maruz kalıp, tamir ve koruyucu mekanizmalarının olmamasıdır. Mitokondriyal DNA molekülü mutasyona bu sebeple daha açıktır. Popülasyon tarihi hakkında çeşitli sinyalleri kısa zamanda üretebilmesinin nedeni de budur (Bandelt vd., 2006; Galtier vd., 2009). Mitokondriyal DNA'daki her gen bölgesinin farklı evrim hızları vardır (Bandelt vd., 2006). Mitokondriyal genom üzerinde kontrol bölgesi gibi korunmuş bölgeler mevcuttur. Farklı organizmalar da kullanılabilen polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) primerleri bu bölgeler sayesinde kolayca dizayn edilebilmektedir (Galtier vd., 2009). Coğrafik varyasyonların ortaya konması, popülasyon yapılarının belirlenmesi, filogeni ve zoocoğrafya çalışmalarında mtDNA dizi verileri önemli bilgiler sağlamaktadır (Harrison, 1989).

Bilimin multidisipliner alanlarından birisi de koruma biyolojisi. Dünyada ki biyolojik çeşitliliğin anlaşılıp korunması için gerekli olan araçları üretmeyi amaçlar. Multi disiplinler çalışmalardan biri olan popülasyon genetiği çalışmaları, geçmiş ve günümüzdeki olayların popülasyonları nasıl etkilediğini anlamamızı sağlar. Mitokondriyal DNA kullanılarak yapılan çalışmalar insanların yaptığı etkilerin ve iklimsel olayların, geçmiş popülasyonları nasıl etkilediğini ve gelecek popülasyonlar için nasıl önlemler almamız gerektiğini anlamamızı sağlar (Hoelzel, 2010).

Yapılan bu tez çalışmasında mitokondriyal DNA'nın kontrol (*d-loop*) bölgesi ve sitokrom-c oksidaz alt ünite III (COX-III) kullanılmıştır.

2.7.1.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA) kontrol (*d-loop*) bölgesi

Mitokondriyal DNA'da kodlanmayan tek bölge *d-loop*(displacement loop) adı verilen bölgedir ve ağır zincirin kısa bir bölümünün tekrarından oluşarak üçüncü kısa bir zincir oluşturmaktadır. *D-loop* bölgesi H-zinciri replikasyon orjinini (OH) ve L ve H-zinciri transkripsiyonu için promotorları bulundurmaktadır. Mitokondriyal DNA genomunun en hızlı evrimleşen bölgesi kontrol bölgesidir (Lopez vd., 1997). Yapısal gen taşımamakla birlikte transkripsiyon ve replikasyon için düzenleyici promotor ve diziler içermektedir. Genellikle bu bölge de tekrarlayan diziler bulunmaktadır (Wu vd., 2007).

2.7.1.2 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz alt ünite III gen bölgesi

Sitokrom-c oksidaz, tüm aerobik hücrelerde yaygın olarak bulunan, enerji metabolizmasının temel oksidazıdır. Ökaryotlarda, bu enzim mitokondrinin iç zarında lokalizedir. İç zar proteini, çift katmanlı lipid tabakası içindedir (Capaldi vd., 1987).

COX-I ve COX-II, mitokondri de oksidasyon-redüksiyon reaksiyonlarının katalizinden sorumludur. Fakat COX-III'ün işlevinin anlaşılmasına yönelik çalışmalar devam etmektedir (Malmström, 1989). Çalışmalar, enzimin biyosentezi sırasında COX-III'ün işlevsel olduğunu düşündürmektedir. Alt birimin merkezinde bulunan glutamik asit bariyerleri, enzime su geçirmez bir özellik kazandırmaktadır. Bu sebeple alt birimin, enzimin mitokondri membranı üzerinde lokalize olmasında ve işlev kazanmasında etkili olabileceğini de düşündürmektedir. İlaveten, Haltia vd.,

(1991) tarafından COX-I alt biriminin üç boyutlu yapısını kazanmasında COX-III'ün yardımcı olduğu bildirilmiştir.



3. MATERYAL VE YÖNTEM

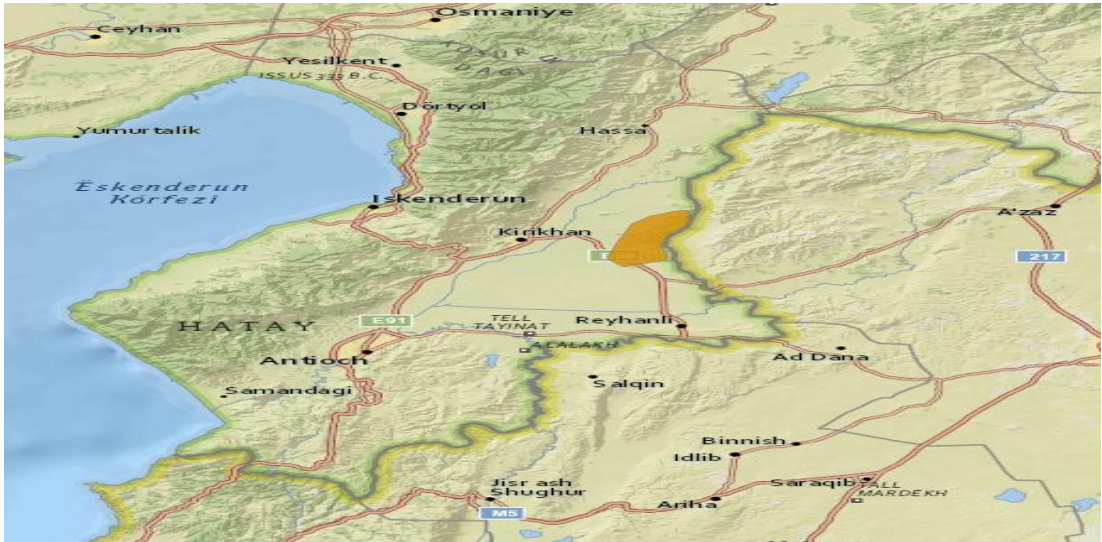
3.1 Araştırma Bölgesinin Tanıtımı

Kırıkhan, coğrafi konum ve yüzölçümü bakımından Hatay'ın en büyük ilçesidir. Kırıkhan'ın doğusunda Suriye ve Kumlu, Batısında Belen, Kuzeyinde Hassa, Güneyinde Antakya bulunmaktadır.

Kırıkhan, 36-37 derece kuzey enlemleri ile 36-37 derece doğu boylamları arasında 715 km² alan üzerinde bulunmaktadır.

İklimi, tipik Akdeniz özellikleri taşımaktadır. Kışları ılık ve yağmurlu, yazları kurak ve sıcak geçmektedir. Yıllık ortalama sıcaklık 18°C, kışın ortalama sıcaklık 7.31°C, yazın ise 32.3°C'dir. Amik gölünün kurutulması ile meydana gelen verimli ova ilçenin bir bölümünü teşkil etmektedir. Amik ovasını baştanbaşa geçen Karasu ile ilçe merkezinden geçen Delibekirli Çayı belli başlı akarsulardır.

İlçenin en önemli dağı batı kısmını boydan boya kaplayan Amanos dağlarıdır. Gölbaşı Gölü, ilçenin tek gölüdür ve su ürünleri üretme ve sulama amaçlı kullanılmaktadır.



Şekil 3.1. Hatay ili ve çalışma alanının haritası.

3.2 Örneklerin Toplanması

Çalışmada kullanılan doku, kıl ve deri örnekleri, Çevre ve Orman Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nden alınan izin çerçevesinde, Hatay bölgesinde yayılım gösteren ceylan popülasyonundan toplanmıştır. Arazi çalışmaları 2014 yılı Haziran-Aralık ayları arasında yapılmıştır. Ayrıca 2008 yılından itibaren bölgede yapılan arazi çalışmaları sırasında toplanan doku örnekleride bu çalışmada kullanılmıştır. Örnekler canlı hayvanlara dokunmaksızın, ölü hayvanlar ya da hayvanların bıraktıkları kıl ve deri kalıntılarından alınmıştır. Daha önceki yapılan çalışmalardan alınan doku örnekleri ile birlikte %96'lık alkol içerisinde, -80 C°'lik derin dondurucuda saklanmıştır. Çalışmada kullanılan 6 bireyden doku örneği, 2 bireyden post örneği ve 2 bireyden kıl örneği alınmıştır. Örnekler İncirli ile Sucu köyü arasından, Başpınar köyü ve Akpınar civarından alınmıştır.

Bu tez çalışmasında Hatay popülasyonu dışında, başka coğrafyadaki diğer ceylan popülasyonlarından dizi örnekleri Gen Bankası'ndan alınarak kullanılmıştır. Bu çalışmada kullanılan tüm örneklerin listesi Çizelge 3.1 ve Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.

Tür	Birey	Lokalite	Gen Bankası	Kaynaklar
<i>Gazella gazella</i>	10	Kırıkhan, Hatay	Bu çalışma	Bu çalışma
<i>Gazelle gazella</i>	61	Kuzey İsrail	KM523538, KM523533, KM523532, KM523522, KM523506, KM523527, KM523543, KM523537, KM523514, KM523542, KM523541, KM523520, KM523519, KM523498, KM523528, KM523504, KM523497, KM523518, KM523536, KM523540, KM523539, KM523535, KM523534, KM523531, KM523530, KM523529, KM523526, KM523525, KM523524, KM523523, KM523521, KM523516, KM523515, KM523513, KM523512, KM523511, KM523510, KM523509, KM523508, KM523507, KM523505, KM523503, KM523502, KM523501, KM523500, KM523499, KM523498, KM523496, KM523495, KM523494, KM523493, KM523492, KM523491, KM523490, KM523489, KM523488, GU384825, GU384817, GU384816, GU384809, GU384808	Hadas vd., 2015, Wronski vd., 2010

Çizelge 3.1 (devam). Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.

<i>Gazella arabica</i>	86	Hai-Bar Yotvata, Negev, Güney İsrail, Arabistan	GU384807, GU384805, GU384804, GU384803, GU384802, GU384801, GU384800, GU384799, GU384798, GU384797, GU384796, GU384795, GU384794, GU384793, GU384792, GU384791, GU384790, GU384789, GU384788, GU384787, GU384786, GU384785, GU384784, GU384783, GU384782, GU384781, GU384780, GU384779, GU384778, GU384777, GU384776, GU384775, GU384774, GU384773, GU384772, GU384771, GU384770, GU384769, GU384768, GU384767, GU384766, GU384765, GU384764, GU384763, GU384762, GU384761, GU384760, GU384759, GU384758, GU384757, GU384756, GU384755, GU384754, GU384753, GU384752, GU384751, GU384750, GU384749, GU384748, GU384747, GU384746, GU384745, GU384744, GU384743, GU384742, GU384741, GU384740, GU384739, JX647825, JX274669, JX274668, JX274665, JX647827, JX647826, KM523546, KM523545, KM523544, KM523465, KM523458, KM523456, KM523455, KM523454, KM523453, KM523452, KM523450, KM523449	Hadas vd., 2015, Wronski vd., 2010
<i>Gazella bennettii</i>	1	Pakistan, Hindistan	JN632635	Hassanin vd., 2012
<i>Gazella cuvieri</i>	2	Senegal	JQ065722, JQ065723	
<i>Gazella dorcas</i>	74		KM523486, KM523485, KM523484, KM523483, KM523482, KM523481, KM523480, KM523479, KM523478, KM523477, KM523476, KM523475, KM523473, KM523472, KM523471, KM523470, KM523469, KM523468, KM523467, KM523466, KM523464, KM523463, KM523462, KM523461, KM523460, KM523459, KM523457, KM523451, JN410313, JN410304, JN410303, JN410302, JN410301, JN410300, JN410299, JN410298, JN410297, JN410296, JN410295, JN410294, JN410293, JN410292, JN410291, JN410290, JN410289, JN410288, JN410287, JN410286, JN410284, JN410285, JN410283, JN410282, JN410281, JN410279, JN410280, JN410278, JN410277, JN410275, JN410274, JN410273, JN410272, JN410271, JN410270, JN410269, JN410268, JN410267, JN410266, JN410265, JN410264, JN410263, JN410304, JN410303, JN410289, JN410288	Hadas vd., 2015, Lerp vd., 2011

Çizelge 3.1 (devam). Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.

<i>Gazella leptoceros</i>	1	JN632641	Hassanin vd., 2012
<i>Gazella marica</i>	2	JN376023, JN376017	Khan vd., 2012
<i>Gazella spekei</i>	1	JN632642	Hassanin vd., 2102
<i>Gazella subgutturosa</i>	58	LC342139, LC342138, LC342137, LC342136, LC342135, LC342134, LC342133, LC342132, LC342131, LC342130, LC342129, LC342128, LC342127, LC342126, LC342125, LC342124, LC342123, LC342122, LC342121, LC342120, LC342119, LC342118, LC342117, LC342116, LC342115, LC342114, LC342113, LC342112, LC342111, LC342110, LC342109, LC342108, LC342107, LC342106, LC342105, LC342104, LC342103, LC342102, LC342101, LC342100, LC342099, LC342098, LC342097, LC342096, LC342095, LC342094, LC342093, LC342092, LC342091, LC342090, LC342089, LC342088, LC342087, LC342086, LC342085, LC342084, LC342083, LC342082,	Abduriyim vd., 2018, Sorokin vd., 2011

Çizelge 3.2. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.

Tür	Birey Sayısı	Lokalite	Gen Bankası	Kaynaklar
<i>Gazella gazella</i>	10	Kırıkhan, Hatay	Bu çalışma	Bu çalışma
<i>Gazella gazella</i>	1	İsrail	AF030486	Rebholz ve Harley, 1999
<i>Gazella arabica</i>	5	Umman, Suudi Arabistan Negev, Güney İsrail, Arabistan	AF030485, AF030487, AF030489, JN632639, JN632640	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella bennettii</i>	3	Pakistan, Hindistan	AF030479, AF030480, JN632635	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella cuvieri</i>	2	Afrika	AF030475, JN632636	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012

Çizelge 3.2 (devam). Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III belirteçleri için kullanılan örneklerin listesi.

<i>Gazella dorcas</i>	4	Afrika	AF030482, AF030483, JN632637, JN632638	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella leptoceros</i>	2		AF030476, JN632641	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella marica</i>	2		AF030477, JN632643	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella spekei</i>	2		AF030474, JN632642	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Gazella subgutturosa</i>	2		AF030481, JN632644	Rebholz ve Harley, 1999; Hassanin vd., 2012
<i>Antilope cervicapra</i>	1		JN632598	Hassanin vd., 2012

3.3 DNA Ekstraksiyonu

Toplanan her bir doku örneği steril bisturi ile mekanik olarak parçalanarak 1.5 ml'lik ependorf tüplerine aktarılmıştır. Doku örnekleri QIAGEN marka kit kullanılarak total DNA'nın izolasyonu (Spin kolon) protokolüne göre yapılmıştır. İzolasyon aşamaları aşağıda sıralanmıştır.

- Dokulardan 25 mg kesip, 1.5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne koyulmuştur. Üzerine 180 µl Buffer ATL eklenmiştir.
- Elde edilen karışıma 20 µl Proteinaz-K eklenmiştir. Dokular tamamen parçalanana kadar vortekslenmiştir ve 56°C de inkübe edilmiştir.
- Karışıma 200 µl Buffer AL eklenmiş ve vortekslenmiştir. Sonra 200 µl ethanol (%96-100) eklenmiştir ve homojen bir solüsyon elde edene kadar tekrar vortekslenmiştir.
- Elde edilen homojen solüsyon pipet yardımıyla 2 ml toplama tüpü bulunan DNeasy Mini spin kolonuna alınmıştır. 8.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Toplama tüpü boşaltılmıştır.
- Spin kolona yeni toplama tüpü yerleştirilmiştir. Üzerine 500 µl Buffer AW1 eklenmiştir ve 8.000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Toplama tüpü atılmıştır.

- F. Atılan toplama tüpü yerine yenisi yerleştirilmiştir. Üzerine 500 µl Buffer AW2 eklenmiştir ve DNeasy Mini spin kolonundan etanolü arındırmak için 14.000 rpm’de 3 dakika santrifüj edilmiştir. Toplama tüpü tekrar atılmıştır.
- G. Toplama tüpü yerine DNeasy Mini spin kolonuna, yeni steril bir 2 ml’lik ependorf tüpü yerleştirilmiştir. Pipet yardımıyla 200 µl Buffer AE direk Dneasy membranına konulmuştur. Oda sıcaklığında 1 dakika inkübe edilmiştir ve ardından 8.000 rpm’de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Spin kolonun membranına bağlanmış olan DNA ependorf tüpüne toplanmıştır.

3.4 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ve Reaksiyon Koşulları

Anasal soy hattında filogenetik ve filocoğrafik analizleri için mtDNA’da kontrol bölgesi (d-loop) geni ve sitokrom-c oksidaz III seçilmiştir (Rebholz ve Harley, 1999). Her iki gen bölgesinin PZR reaksiyonları Aksaray Üniversitesi, Bilimsel ve Teknolojik Uygulama ve Araştırma Merkezi, Moleküler Biyoloji ve Metabolizma Laboratuvarı bünyesinde yapılmıştır.

3.4.1 Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi geninin PZR koşulları

Tüm örnekler için mtDNA’nın kontrol (d-loop) bölgesi geni Çizelge 3.3’de verilen primerler kullanılarak PZR ile çoğaltılmıştır. Çoğaltma işlemi için PZR koşulları HL15926-HH16397 primerleri için; başlangıç denatürasyonu 95°C/3 dakika, 45 döngü 94°C/2 dakika denatürasyon, 55°C/35 saniye bağlanma ve 72°C/1 dakika uzama, 72°C/5 dakika son uzama şeklindedir. Reaksiyon karışımı 1.7 µl kalıp DNA, 3 µl tampon, 2.5 mM/2.5 µl dNTP (deoksiniükleozittrifosfat), 1.5 mM/1.5 µl MgCl₂, 0.2 µl primer ve 0.5 µl *Taq* DNA polimeraz toplam reaksiyon hacimini 26 µl’ye tamamlayacak şekilde steril distile su ile hazırlanmıştır.

Çizelge 3.3. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri.

Primerler	Primer dizileri (5’ – 3’)
HL15926	5’-TCAAAGCTTACACCAGTCTTGTAAC-3’
HH16397	5’-TTTCACGCGGCATGGTGATTAA-3’

3.4.2 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesinin PZR koşulları

Tüm örnekler için mtDNA'sının sitokrom-c oksidaz III gen bölgesi Çizelge 3.4'de verilen primerler kullanılarak PZR ile çoğaltılmıştır. Çoğaltma işlemi için PCR koşulları H8928-L9801 primerleri için; başlangıç denatürasyonu 94°C/3 dakika, 35 döngü 94°C/1 dakika denatürasyon, 50°C/35 saniye bağlanma ve 72°C/1 dakika uzama, 72°C/5 dakika son uzama şeklindedir. Reaksiyon karışımı 1,5 µl kalıp DNA, 3 µl tampon, 2.5 mM/2.5 µl dNTP, 3µl tampon 1.5 mM/1.5 µl MgCl₂, 0.2 µl primer, 0.3 µl *Taq* DNA polimeraz toplam reaksiyon hacimini 26 µl'ye tamamlayacak şekilde steril distile su ile hazırlanmıştır.

H16620-L15767 primerleri için; başlangıç denatürasyonu 95°C/3 dakika, 40 döngü 94°C/1 dakika denatürasyon, 55°C/35 saniye bağlanma ve 72°C/1 dakika uzama, 72°C/5 dakika son uzama şeklindedir. Reaksiyon karışımı 1.25 µl kalıp DNA, 3 µl tampon, 2.5 mM/2.5 µl dNTP (deoksinükleozittrifosfat), 3 µl tampon, 1.5 mM/1.5 µl MgCl₂, 0.2 µl primer ve 0.5 µl *Taq* DNA polimeraz toplam reaksiyon hacimini 26 µl'ye tamamlayacak şekilde steril distile su ile hazırlanmıştır.

Çizelge 3.4. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri.

Primerler	Primer dizileri (5' – 3')
H8928	ATTCACCTCTCCTAGTCAGCC
L9801	GAAACTAGCTGATTGGAAGTC
H16220	CCC CAC GAT TTA TGG GCG T
L15767	CCC ACT ATC AAC ACC CAA AGC TG

3.5 Elektroforez

PZR işleminden sonra ürünlerin kontrol edilmesi için mitokondriyal DNA'nın hem kontrol bölgesi hem de sitokrom-c oksidaz III gen bölgesi için %2'lik agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz 1X TBE (Tris-Borik asit-EDTA) tamponu içinde çözününceye kadar mikrodalga fırında kaynatılmıştır. Çözünme gerçekleştikten sonra çözelti soğutulmuştur. Daha sonra yürütme işleminin gerçekleştirileceği elektroforez küvetinin içine dökülmüş ve jelin tamamen donması beklenmiştir. Jel yükleme

kuyularını oluşturan taraklar çıkarıldıktan sonra, elektroforez tankına yerleştirilmiştir. Elektroforez tankı yine 1X TBE ile jelin yüzeyi kapanacak şekilde doldurulmuştur. Her yürütme işlemi için kuyulara 2 µl/6x Brom-fenol mavisi ile boyanmış her bir örneğe ait 5 µl PZR ürünü, ardından PZR karışımı hazırlanırken oluşabilecek herhangi bir kontaminasyonun varlığını tespit edebilmek için DNA koymadan gerçekleştirilen PZR ürünü (negatif kontrol) ve en son kuyuya da 100 baz çifti (Fermentas) DNA işaretleyicisinden 1.5 µl yüklenmiştir. Elektroforez 100 volt'ta 40 dakika süreyle gerçekleştirilmiştir ve tamamlandıktan sonra DNA parçaları UV transilüminatör ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri, jel dokümantasyon sistemi (Uvitec) kullanılarak kaydedilmiştir.

3.6 DNA Dizi Analizi

Her bir örnekten elde edilen PZR ürünlerinin, agaroz jelde temiz ve saf bant verip vermedikleri kontrol edilmiştir. Uygun bant veren örnekler iki yönlü (ileri ve geri) sekans analizine gönderilmiştir. Sekans reaksiyonu için Big Dye Terminator Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems) kullanılmıştır. Sekans ürünleri için ABI Prism 3730 (Applied Biosystems) kapiller sekans cihazı kullanılmıştır. Diziler için “BM Laboratuvar Sistemleri” adlı firmadan hizmet alımı yapılmıştır.

3.7 Dizilerin Hazırlanması ve Tanımlayıcı Genetik Analizler

Çalışılan örneklerden elde edilen her iki gen bölgesine ait diziler ChromasPro 2 (<http://technelysium.com.au/wp/chromaspro/>) yazılımı ile düzenlenmiş ve gen bankasından sağlanan dizilerle beraber veri seti oluşturulmuştur. Tüm diziler Mega 7'de (Kumar vd., 2016) ClustalW analizi ile hizalanmıştır. Nükleotit kompozisyonu, değişken ve parsimonik birimlerin sayısı ve transisyon/transversiyon oranı Mega 7'de (Kumar vd., 2016) tahmin edilmiştir. Değişken siteler (S), haplotip sayısı (H), haplotip (Hd) ve nükleotit çeşitliliği (π), pairwise nükleotit farklılıkları ortalaması (K) ve sitelerin parsimoni bilgisi, her bir gen bölgesi için tüm örneklerde DnaSp 6.1 (Rozas vd., 2017) programında hesaplanmıştır.

G. gazella türünün diğer popülasyonlarına ait COX-III gen bölgesine dair tek bir örnek olduğundan, genetik çeşitlilik analizleri için sadece mtDNA kontrol bölgesi dizileri kullanılmıştır.

3.8 Filogenetik Analizler

Gazella türlerinin filogenetik ilişkilerini belirlemek amacıyla mtDNA kontrol bölgesi (322 bp) ve sitokrom-c oksidaz III (COX-III) gen dizileri kullanılmıştır. Her iki gen bölgesi için her türü temsil edecek bireyler kullanılarak Maksimum olasılık (ML) ve Bayes yaklaşımı (BI) yöntemleriyle filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. *G. gazella* türüne ait tüm haplotipler temsil edilerek diğer türlerden ise türü temsil edecek diziler alınmıştır.

Maksimum olasılık (ML) ve Bayes yaklaşımı (BI) yöntemleriyle en uygun evrimsel model, AIC (Akaike information criterion) ve BIC (Bayesian information criterion) kriterleri kullanılarak Partition Finder 2.1.1 (Lanfear vd., 2012) ve Mega 7 (Kumar vd., 2016) programında belirlenmiştir (Çizelge 3.5 ve 3.6'da verilmiştir.). Maksimum olasılık (ML) ağacı oluşturulmasında COX-III dizileri için altı parametrelili HKY+G (Hasegawa-Kishino-Yano+Gamma distribution), kontrol bölgesi dizileri için T92+G (Tamura 3 parameter+Gamma distribution) modelleri hem AIC hem de BIC parametreleri bakımından en uygun modeller olarak seçilmiştir. Her iki bölge için de model test çıktıları Çizelge 3.5 ve 3.6'da verilmiştir.

Maksimum olasılık (ML) ağacı oluşturulması için Mega 7 (Kumar vd., 2016) ve raxmlGUI 1.5b1 (Silvestro ve Michalak, 2012) programı kullanılmıştır. Ağaç dallarına ve nodlarına ait bootstrap değerlerini belirlemek için 1000'li permütasyon yapılmıştır. Bayesian yaklaşımı ile filogenetik ağacın oluşturulması BEAST 2.5 (Bouckaert vd., 2014) programı ile yapılmıştır.

Her bir kodon pozisyonu için HKY+G nükleotid yer değiştirme modeli ve türleşme için Yule modeli, gevşek saat (log normal relaxed clock) kullanılmıştır. MCMC zinciri 1000 örnekleme frekansıya 100 milyon jenerasyon olarak uygulanmıştır. TRACER 1.6 kullanılarak kümelenme ve etkili örnek büyüklüğü değerlendirilmiştir. TreeAnnotator 2.5 programında MCC (The maximum clade credibility) birleşik ağacı oluşturulmuştur.

Çizelge 3.5. Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III gen bölgesi ile Maksimum olasılık (ML) ağacı oluşturulmasında kullanılacak en uygun model testi sonuçları (En uygun modeller kalın yazı karakteriyle yazılmıştır.).

Model	Param	BIC	AICc	lnL	Invariant	Gamma
HKY+G	62	4714.675081	4229.983705	-2052.779766	n/a	0.169187477
TN93+I	63	4715.60011	4223.097996	-2048.330058	0.675996749	n/a
TN93+G	63	4719.867382	4227.365269	-2050.463694	n/a	0.211084705
HKY+G+I	63	4725.708035	4233.205922	-2053.384021	0	0.168749959
TN93+G+I	64	4727.430681	4227.118048	-2049.333121	0	0.209340882
GTR+G	66	4742.614159	4226.681145	-2047.100416	n/a	0.213086782
GTR+G+I	67	4749.257208	4225.514332	-2045.509719	0.640906298	4.254644887
T92+G	60	4755.138718	4286.069473	-2082.836029	n/a	0.155412791
K2+G	59	4758.767259	4297.509407	-2089.562521	n/a	0.144588402
T92+G+I	61	4764.963162	4288.082742	-2082.836029	0	0.155412363
K2+G+I	60	4768.591703	4299.522458	-2089.562521	0	0.144587854
HKY+I	62	4785.567068	4300.875692	-2088.225759	0.391233766	n/a
GTR+I	66	4792.278421	4276.345407	-2071.932547	0.391233766	n/a
T92+I	60	4837.334032	4368.264787	-2123.933686	0.391233766	n/a
K2+I	59	4846.219497	4384.961646	-2133.28864	0.391233766	n/a
TN93	62	4852.814279	4368.122903	-2121.849365	n/a	n/a
GTR	65	4876.023909	4367.900977	-2118.717513	n/a	n/a
HKY	61	4878.860518	4401.980098	-2139.784707	n/a	n/a
T92	59	4925.803789	4464.545937	-2173.080786	n/a	n/a
K2	58	4936.075619	4482.62938	-2183.128924	n/a	n/a

Çizelge 3.6. Mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileri ile Maksimum olasılık(ML) ağacı oluşturulmasında kullanılacak en uygun model testi sonuçları (En uygun modeller kalın yazı karakteriyle yazılmıştır.).

Model	#Param	BIC	AICc	lnL	Invariant	Gamma
T92+G	76	4247.477137	3692.649465	-1769.79365	n/a	0.486871782
HKY+G	78	4252.091448	3682.691566	-1762.786465	n/a	0.498120825
TN93+G	79	4256.790622	3680.105187	-1760.478882	n/a	0.498973211
T92+G+I	77	4256.79157	3694.677608	-1769.793696	0.00001	0.486880988
HKY+G+I	79	4261.184984	3684.499549	-1762.676064	0	0.497964016
TN93+G+I	80	4266.226426	3682.255807	-1760.539615	0	0.499058369
GTR+G	82	4279.133811	3680.593927	-1757.678967	n/a	0.499894834
GTR+G+I	83	4288.182217	3682.358255	-1757.546	0.00001	0.499709601
T92+I	76	4291.062359	3736.234688	-1791.586261	0.421209201	n/a
HKY+I	78	4291.969354	3722.569471	-1782.725418	0.411891707	n/a
TN93+I	79	4296.442037	3719.756602	-1780.30459	0.407355077	n/a
K2+G	75	4300.801598	3753.260583	-1801.11305	n/a	0.471988186
K2+G+I	76	4310.116061	3755.28839	-1801.113112	0.00001	0.471997726
GTR+I	82	4319.45726	3720.917377	-1777.840692	0.402676406	n/a
K2+I	75	4339.219985	3791.678971	-1820.322244	0.456883703	n/a
T92	75	4388.941552	3841.400537	-1845.183027	n/a	n/a
HKY	77	4389.756481	3827.64252	-1836.276152	n/a	n/a
TN93	78	4393.675641	3824.275759	-1833.578562	n/a	n/a
GTR	81	4417.15501	3825.899575	-1831.346737	n/a	n/a
K2	74	4438.119157	3897.865168	-1874.429	n/a	n/a

3.9 Filocoğrafik Analizler

Popülasyon örnekleme mevcut ceylan türlerinin, tarihsel demografik yapılarını belirlemek için üç farklı yaklaşım kullanılmıştır. İlk, bir demografik genişlemenin gerçekleşip gerçekleşmediğini araştırmak için üç farklı nötralite testi uygulanmıştır. Tajima'nın D (Tajima, 1989), Fu's Fs (Fu, 1997) ve R2 (Ramos-Onsins ve Rozas, 2002) testleri DnaSp 6.1 (Rozas vd., 2017) programında yapılmıştır. İkinci olarak uyumsuzluk dağılım (mismatch distribution) analizleri ile ceylan türlerinin

popölasyonlarındaki farklı haplotipler arasında tarihsel demografi ortaya konmuştur. Uyumsuzluk dağılımı analizi, popölasyon büyüme - küçölme modeli (growth-decline model) altında DnaSp 6.1 (Rozas vd., 2017) programıyla gerçekleştirilmiştir.

Üçüncü yaklaşım olarak, zaman içerisinde demografik değişimi görselleştirmek için Bayesian skyline plot analizi (BSP) (Drummond vd., 2005) BEAST 2.5 (Bouckaert vd., 2014) software kullanılmıştır.



4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1 Genetik Çeşitlilik

Dizilemesi yapılan 10 Hatay örneğinin ve gen bankasından farklı lokalitelerdeki ceylanların kontrol bölgesi dizilerinin (210-332 bç) hizalanması yapılmıştır. Benzer işlemler yine 10 örnekte sitokrom-c oksidaz III (COX-III) gen bölgesi (620 bç) içinde yapılmıştır. Analizde kullanılan örneklerin listesi Çizelge 3.1’de verilmiştir. Hatay Kırıkhan popülasyonunda çalışılan 10 örnekten elde edilen her iki gen bölgesinin dizilerinde farklılık bulunmamıştır. Yani, hem 330 bç kontrol bölgesinin ve hem de 620 bç COX-III gen bölgesinin Hatay Kırıkhan popülasyonu dizilerinde baz farklılığı gözlenmemiş ve tek bir haplotipten oluştuğu tespit edilmiştir.

Her iki gen bölgesi temelinde, diğer dünya popülasyonları için gen bankasında taramalar yapılmış ve dizileri indirilerek analiz yapılacak hale getirilmiştir. Bu dizilerden kontrol bölgesine ait oldukça zengin bir veriye ulaşılrken, COX-III için çok az veriye ulaşılmıştır. Elde edilen diziler türleri temsil edecek sayıda, ancak popülasyon ya da genetik çeşitlilik analizini yapabileceğimiz yeterlilikte değildir. Bu sebepten dolayı genetik çeşitlilik analizi için sadece kontrol bölgesi dizileri kullanılmıştır. *G. gazella*, *G. arabica*, *G. dorcas* ve *G. subgutturosa* türleri için popülasyon bazında genetik çeşitlilik analizleri yapılmıştır.

330 bç kontrol bölgesi ile yapılan analizlerde, dizilerin Adenin (A) ve Timin (T) bakımından daha zengin olduğu gözlenmiştir. *G. gazella* popülasyonunda bazların yüzde oranları %41.7 adenin, %29.0 timin, %16.1 sitozin ve %13.1 guanin şeklinde sıralanmaktadır. Bu oranlar diğer ceylan türlerinde de benzer yapıdadır. *G. arabica* popülasyonunda yüzde oranları %40.2 adenin, %30.6 timin, %15.3 sitozin ve %13.9 guanin, *G. dorcas* popülasyonunda %43.8 adenin, %28.2 timin, %17.6 sitozin ve %10.4 guanin, *G. subgutturosa*’da %42.9 adenin, %27.6 timin, %18.9 sitozin ve %10.7 guanin şeklindedir. Bu değerler, çalışılan gen bölgesi ve dizi büyüklüğüne göre değişebilir. Yakın türlerde yapılan kontrol bölgesi çalışmalarıyla karşılaştırıldığında adenin ve timin yüzde oranı diğer bazlara göre daha yüksektir (Abduriyim vd., 2018).

G. gazella dizilerinde transisyon /transversiyon oranı $k1=293.692$ (pürinler) ve $k2=1000$ (pirimidinler) olarak hesaplanmıştır. Toplam Transisyon/Transversiyon

oranı ise $R = [A*G* k_1 + T*C* k_2] / [(A+G) * (T+C)]$ formülü ile hesaplanmış ve $R=243.329$ olarak belirlenmiştir. Transisyon ve Transversiyon nokta mutasyonlarının dizilerde değişim oranları Çizelge 4.1’de verilmiştir. T-C transisyon değişimi %44.5 ile en fazla gerçekleşen baz değişimidir. Transisyon oranı, transversiyon oranına göre oldukça yüksektir.

Çizelge 4.1. *Gazella gazella* dizilerinde transisyon ve transversiyon değişim oranları (Koyu renkteki rakamlar transisyon, italik olanlar transversiyon değişimlerini göstermektedir.).

	A	T	C	G
A	-	0.04	0.03	5.51
T	0.07	-	27.64	0.02
C	0.07	44.55	-	0.02
G	21.97	0.04	0.03	-

Ceylan türlerine ait tanımlayıcı genetik istatistikler Çizelge 4.2’de verilmiştir. *G. gazella* dizilerinde polimorfik bölge sayısı (S) 19 olmakla birlikte 1 tane indel bölgesi içermektedir. 19 polimorfik bölgenin 16’sı parsimoni bilgisi verebilen 3tanesi ise eşsizdir. Diğer ceylan türleriyle karşılaştırıldığında *G. gazella* türünün, polimorfik bölge sayısı oldukça düşüktür. Nükleotid çeşitliliği her baz için $\pi=0.003$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalaması $K=5.846$ olarak hesaplanmıştır. Çizelge 4.2’de görüldüğü gibi *G. subgutturosa* türü en düşük nükleotid çeşitliliğe sahip olan ceylan türüdür. Hadas vd. (2015), *G. gazella*, *G. dorcas* ve *G. arabica* popülasyonlarında sitokrom-b ve kontrol bölgesi birleştirilmiş dizilerde nükleotid çeşitliliğini sırasıyla 0.0047, 0.015 ve 0.005 olarak belirtmiştir. Bu çalışmada sadece kontrol bölgesi kullanılmış ve üç tür içinde elde edilen nükleotid çeşitliliği değerleri daha yüksek bulunmuştur. Bunun sebebi sitokrom-b dizilerinin, kontrol bölgesine göre daha az mutasyon oranına sahip olmasından dolayı olabilir. Abduriyim vd. (2018), *G. subgutturosa* türünde sadece kontrol bölgesi nükleotid çeşitliliği ($\pi=0.015$) için yaptığı çalışma, bu çalışmayla çok benzerlik göstermektedir.

Haplotip sayısı ve haplotip çeşitliliği, çalışılan bütün türlerde hesaplanmış ve en yüksek haplotip sayısı ve çeşitliliği *G. subgutturosa* türünde gözlenmiştir (Çizelge 4.2). En düşük ise *G. gazella* türünde gözlenmiştir. Çalışılan dört türünde örnek sayıları hemen hemen yakındır, ancak türlerin dağılım genişliği ve dolayısıyla

örneklerin alındığı coğrafik alan genişliği oldukça farklıdır. Bu açıdan bakıldığında en geniş örnekleme *G. subgutturosa* türünde yapılmıştır. Bu yüzden haplotip çeşitliliği daha yüksek olabilir. Hadas vd.(2015), *G. gazella* türü için haplotip sayısı ve diğer genetik belirteçler dikkate alındığında, düşük bir genetik çeşitliliğe sahip olduğunu belirtmiştir. Benzer şekilde Lerp vd. (2013), *G. gazella* popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin düşmüş olduğunu ve birey sayısının geçmişe göre çok azaldığını belirtmiştir.

Çizelge 4.2. Mitokondrial DNA kontrol bölgesi dizilerine göre ceylan popülasyonunun genetik çeşitliliği (N–örnek sayısı, S–polimorfik sitelerin sayısı, H–haplotip sayısı, Hd–haplotip çeşitliliği, π –nükleotid çeşitliliği, K–ikili nükleotid farklılıklarının ortalaması, D–Tajima’s D istatistiği, Fs–Fu’s Fs istatistiği ve R2–Ramos-Onsins ve Rozas’s R2 istatistiği).

Tür	N	S	H	Hd (SD)	π (SD)	K
<i>G. gazella</i>	71	19	19	0.8955 ±0.021	0.031 ±0.001	5.846
<i>G. arabica</i>	86	40	39	0.964 ±0.008	0.1361 ±0.003	9.806
<i>G. dorcas</i>	74	69	37	0.935 ±0.021	0.0508 ±0.001	16.005
<i>G. subgutturosa</i>	58	45	42	0.979 ±0.009	0.0166 ±0.001	5.452

Haplotip hesaplamasında kullanılan kontrol bölgesi hizalanmış dizilerinin, özellikle haplotip farklılığını oluşturan bölgelerin 180. ile 310. baz bölgeleri arasında olduğu gözlenmiştir. Haplotipler ve haplotipleri oluşturan baz farklılıkları Şekil 4.1’de verilmiştir.

	180	190	200	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300	310
H1	----	TGCATATAAGCAAGTACATAAACATTTAATGTAAACGAGACATGAAATGTTTAAACACATTAAATGTA-CTCAACTTTCACAAATCCAAGTAGAAATATAAAATTCACAGCAGTACACGGTACA-												
H2	----													
H3	----													
H4	----													
H5	----													
H6	----													
H7	----													
H8	----													
H9	----													
H10	----													
H11	----													
H12	----													
H13	----													
H14	----													
H15	----													
H16	----													
H17	----													
H18	----													
H19	----													

Şekil 4.1. Haplotipler ve haplotipleri oluşturan baz değişimleri.

G. gazella türü için belirlenen haplotiplerin dağılımı Çizelge 4.3’de verilmiştir. En yaygın gözlenen haplotip H9, H1 ve H7 olmakla birlikte sırasıyla 18, 10 ve 8 bireyde gözlenmiştir.

Çizelge 4.3. *Gazella gazella* türü için belirlenen haplotiplerin dağılımı.

Haplotip	Örnek no	Lokalite
H1	B1,B2,B3,B4,B5,B6,B7,B8,B9,B10	Hatay- Kırıkhan
H2	KM523538, KM523540	İsrail Merkezi
H3	KM523533, KM523508	İsrail Merkezi
H4	KM523532, KM523531, KM523507, KM523493, KM523489, KM523488	İsrail Merkezi
H5	KM523522	İsrail Merkezi
H6	KM523505, KM523506	İsrail Merkezi
H7	KM523527, KM523498, KM523523, KM523512, KM523511, KM523510, KM523498, KM523496	İsrail Merkezi
H8	KM523543, KM523491, GU384816, GU384808	Kuzey İsrail, Golan

Çizelge 4.3 (devam). *G. gazella* türü için belirlenen haplotiplerin dağılımı.

H9	KM523537, KM523520, KM523534, KM523530, KM523525, KM523524, KM523521, KM523516, KM523515, KM523513, KM523509, KM523503, KM523501, KM523500, KM523499, KM523495, KM523494, KM523492	Kuzey İsrail, Golan
H10	KM523514	İsrail Merkezi
H11	KM523542, KM523539	İsrail Merkezi
H12	KM523541, KM523529, GU384825, GU384809	Kuzey İsrail
H13	KM523519	İsrail Merkezi
H14	KM523528	İsrail Merkezi
H15	KM523504	İsrail Merkezi
H16	KM523497, KM523490	İsrail Merkezi
H17	KM523518	İsrail Merkezi
H18	KM523536, KM523502	İsrail Merkezi
H19	KM523535, KM523526, GU384817	Kuzey İsrail, Golan

Son yüzyıl içerisinde avlanma, insan popülasyonunun ve yerleşimin artmasıyla, habitat parçalanması ve tahribatı sonucunda *G. gazella* türü popülasyonları giderek azalmış ve birçok popülasyon ortadan kalkmıştır. Örneğin 1970’den beri Suriye’den, 1935’den 1998’den Lübnan’dan kayıt yoktur. Son yüzyıl içerisinde Türkiye’de Çukurova ve Ceyhan popülasyonları yok olmuştur. Türkiye’de de bu türün yok olduğu düşünülüyordu, ancak Kankılıç vd. (2012), tarafından izole bir popülasyonun varlığı genetik verilere göre belirlenmiştir. Bu popülasyon, dağılma imkânı olmayan küçük bir alandadır ve birey sayısı günümüz verileriyle yaklaşık 500 civarındadır (Kankılıç vd., 2012; Coğal ve Sözen, 2017). Hatay popülasyonuna en yakın dağ ceylanı popülasyonuna uzaklığı yaklaşık 400 km kadardır. Bu çalışmada her iki gen bölgesi için de, İsrail popülasyonundan farklı haplotip gözlenmiştir. Daha öncesinde tür üzerinde yapılan genetik çalışmalarda, farklı gen bölgelerinde benzer sonuçlar

elde edilmiştir (Kankılıç vd., 2012). Buradan anlaşılacağı üzere Hatay popülasyonu genetik çeşitliliği yok denecek kadar azdır ve ara popülasyonlar tamamen ortadan kalktığından dolayı diğer popülasyonlarla gen akışını sağlayacak durumda değildir. Hatay Dağ ceylanı popülasyonu genetik açıdan homojen bir yapıdadır.

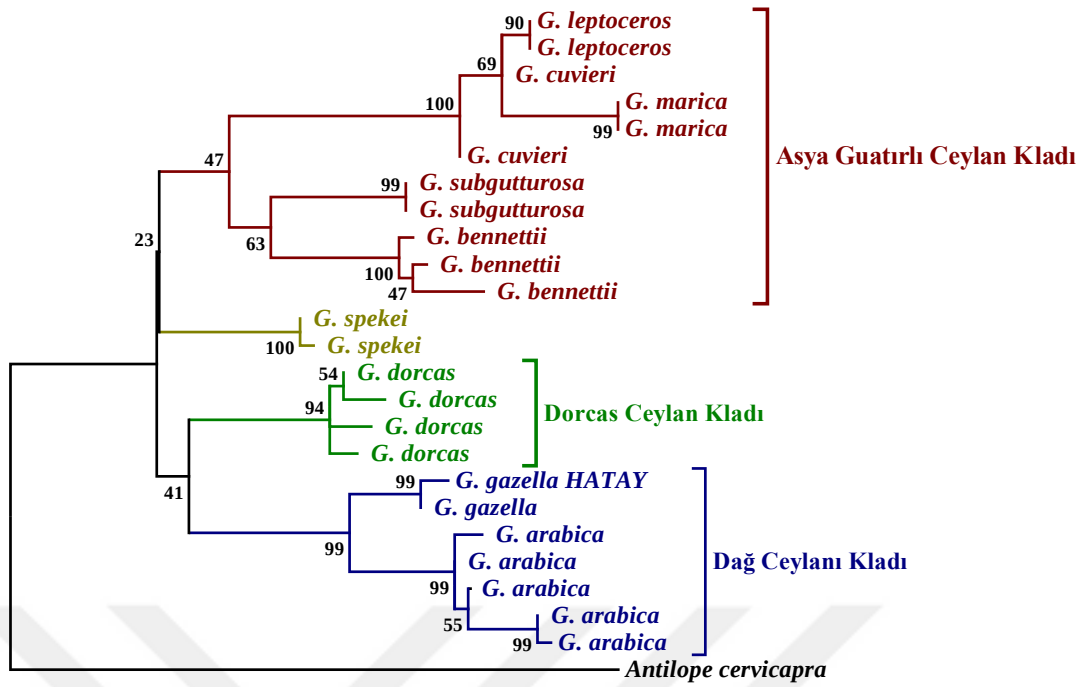
Hadas vd. (2015), İsrail popülasyonunda hem mtDNA hem de mikrosatellit belirteçleriyle yaptığı çalışmada türün düşük genetik çeşitliliğini vurgulamış ve homojen bir yapıdan bahsetmiştir. Ancak Hadas vd. (2015), İsrail’de izole kalmış popülasyonlar arasında gen akışının devam ettiğini ve bu alt popülasyonların yeni koruma programlarıyla desteklenerek genetik çeşitliliğinin sürdürülmesini önermiştir. Hatay popülasyonunda, genetik çeşitliliği artıracak başka popülasyonlarla bağlantısı olmadığından bunu sağlayacak koruma programlarının oluşturulması gerekmektedir.

4.2 Filogenetik İlişkiler

4.2.1 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III (COX-III) Maksimum olasılık ağacı

Filogenetik ilişkileri belirleyebilmek için COX-III dizileriyle, 9 *Gazella* türünden 24 bireyin dizileri kullanılarak filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Ağaç oluşturulurken *Antilope cervicapra* dış grup olarak kullanılmış ve dış grup temelinde yapılmıştır. Oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.2’de verilmiştir.

COX-III filogenetik ağacı, *Gazella* cinsinin *Antilope* cinsinden ayrılarak tek bir monofiletik klad olduğunu göstermiştir. *Gazella* cinsi, ağaçta sonrasında iki ana klada ayrılmaktadır. Bu kladlardan ilki *G. gazella*, *G. arabica*, *G. dorcas*’ın olduğu soy hattı, ikincisi ise *G. subgutturosa*, *G. spekei*, *G. bennettii*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* türlerinin olduğu soy hattıdır. *G. gazella* ve *G. arabica* birbirine yakın türler olarak görülmesine karşın belirgin bir bootstrap değeriyle (0.99) ayrılmıştır. Bu yakın iki türden *G. dorcas* ise 0.94 bootstrap değeriyle daha uzak bir tür olarak görünmektedir. İkinci kladta ise *G. spekei* diğer türlerden 1 bootstrap değeriyle daha uzak bir tür olarak görünmektedir. *G. marica*, Kuzey Afrika türleri olan *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* türleriyle daha yakın filogenetik ilişkide olmakla birlikte Asya türleri olan *G. subgutturosa* ve *G. bennettii*’den belirgin bir şekilde ayrılmaktadır.



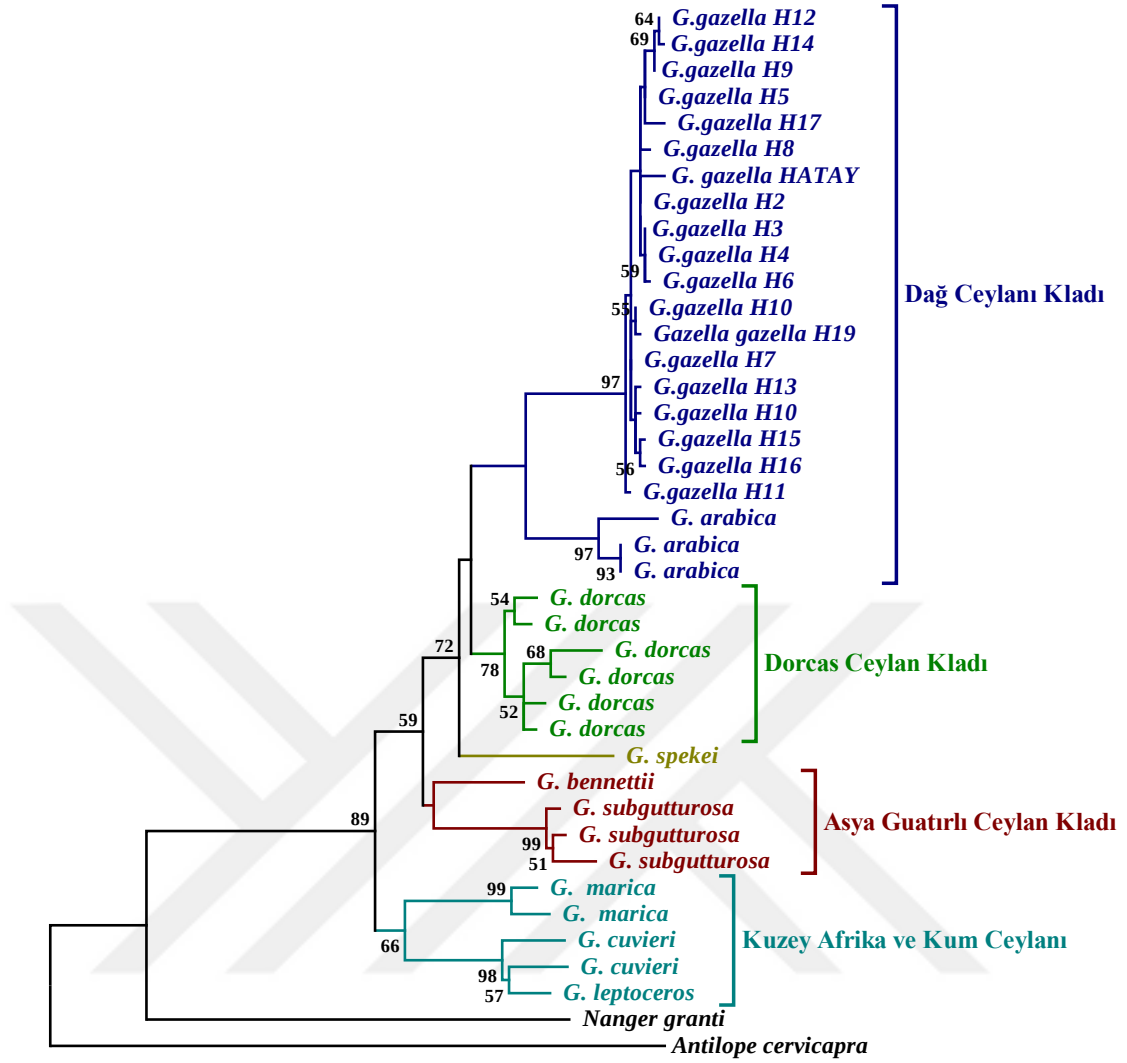
Şekil 4.2. *Gazella* türlerinin mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III dizilerine göre oluşturulan Maksimum olasılık (ML) ağacı.

4.2.2 Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi Maksimum olasılık ağacı

Filogenetik ilişkileri belirleyebilmek için *Gazella* cinsinden 9 türe ait, 38 örneğin dizileri ile *Antilope cervicapra* ve *Nanger granti* türleri dış grup olarak kullanılmıştır. Kontrol bölgesi dizileriyle oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.3’de verilmiştir. *Gazella* cinsinin *Antilope* ve *Nanger* cinslerinden ayrılarak tek bir monofiletik klad olduğunu göstermiştir. *Gazella* cinsi sonrasında iki ana klada ayrılmaktadır. Ayrılan bu iki ana klad COX-III Maksimum olasılık ağacından biraz farklıdır. Kontrol bölgesine göre çizilen ağaçta ilk kladı *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* türleri oluşturmuştur. İkinci klad ise daha fazla türü *G. gazella*, *G. arabica*, *G. dorcas*, *G. subgutturosa*, *G. spekei* ve *G. bennettii* türlerini içermektedir.

G. gazella ve *G. arabica* birbirine yakın olmakla birlikte ve 0.97 bootstrap değeriyle ayrılmıştır. Bu gruba en yakın *G. dorcas* soy hattıdır. Sonrasında *G. spekei* ve Asya türleri olan *G. subgutturosa* ve *G. bennettii* ayrılmıştır. Dal ayrımlarının bootstrap yüzdeleri COX-III ağacına göre daha düşüktür.

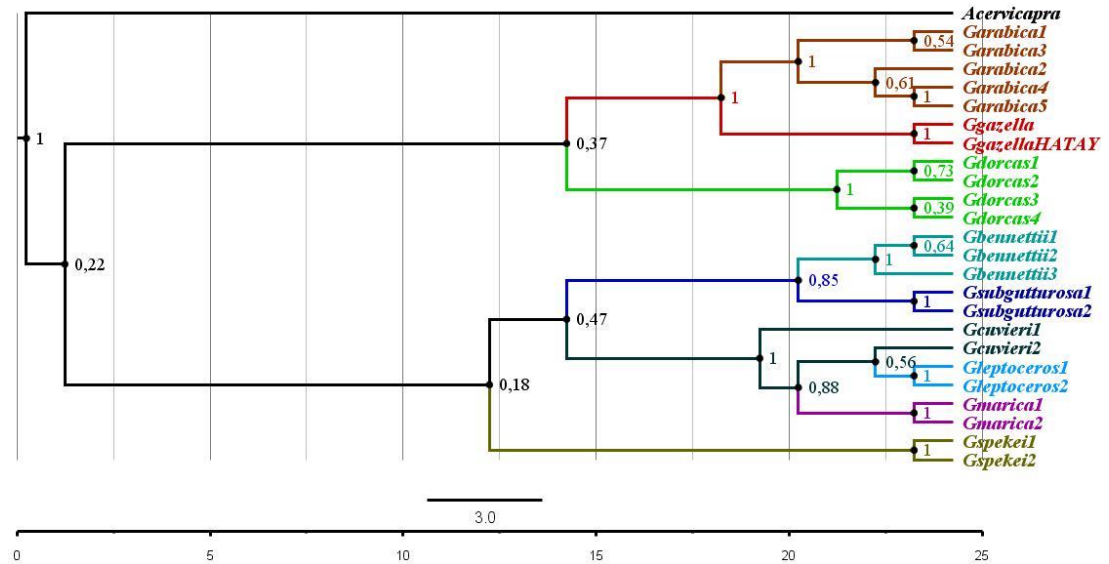
Her Maksimum olasılık ağacını, tür ayrımları ve bootstrap yüzdesi bakımından karşılaştırdığımızda COX-III dizilerine göre oluşturulan ağacın daha iyi sonuç verdiğini söyleyebiliriz.



Şekil 4.3. *Gazella* türlerinin mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizileriyle oluşturulan Maksimum olasılık (ML) ağacı.

4.2.3 Mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III (COX-III) Bayesian Ağacı

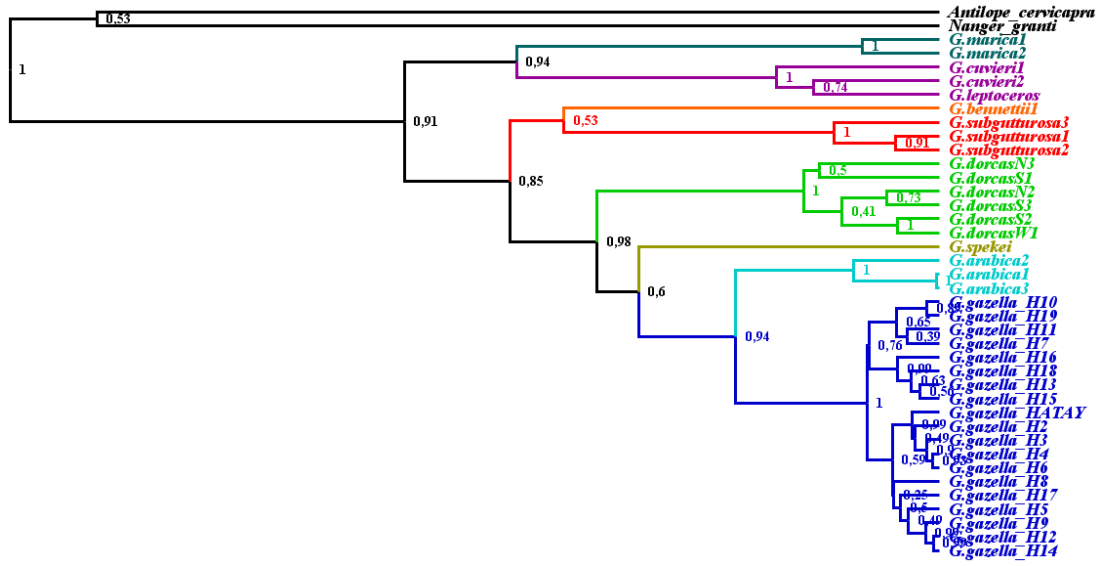
Filogenetik ilişkileri belirleyebilmek için COX-III dizileriyle 9 *Gazella* türünden, 24 bireyin dizileri kullanılarak Bayesian analizi ile filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Ağaç oluşturulurken *Antilope cervicapra* dış grup olarak kullanılmış ve dış grup temelinde yapılmıştır. Bayez yaklaşımı kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.4’de verilmiştir. Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan filogenetik ağaç, Maksimum olasılık ağacı ile benzer yapı göstermiştir. *Gazella* cinsi tek bir monofiletik klad olarak görünmekte ve iki ana klada ayrılmaktadır. İlk soy hattı *G. gazella*, *G. arabica*, *G. dorcas*, ikincisi soy hattı ise *G. subgutturosa*, *G. spekei*, *G. bennettii*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* türlerinden oluşmaktadır. Filogenetik ilişkiler Maksimum olasılık ağacı ile benzer akrabalıkları işaret etmektedir.



Şekil 4.4. *Gazella* türlerinin mitokondriyal DNA sitokrom-c oksidaz III dizilerine göre Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan ağaç.

4.2.4 Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi Bayesian ağacı

Filogenetik ilişkileri belirleyebilmek için *Gazella* cinsinden 9 türe ait 38 örneğin dizileri ile *Antilope cervicapra* ve *Nanger granti* türleri dış grup olarak kullanılmıştır. Kontrol bölgesi dizilerine göre Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan filogenetik ağaç Şekil 4.5’de verilmiştir. Bu ağaçla elde edilen filogenetik ilişkiler Maksimum olasılık ağacı ile aynı yapıyı göstermiştir.



Şekil 4.5. *Gazella* türlerinin mitokondriyal DNA kontrol bölgesi dizilerine göre Bayesian yaklaşımı ile oluşturulan ağaç.

4.2.5 *Gazella* cinsinin filogenisine genel bakış

Bovid familyası, Antilopinae alt familyasının en zengin tür çeşitliliğini içeren *Gazella* cinsi taksonomik açıdan büyük tartışmalar yaşamıştır (Groves ve Grubb, 2011). Yakın zamanda *Gazella* cinsi içerisinde bulunan bazı türler *Nanger* cinsi içerisinde toplanmıştır (Lorenzen vd., 2008). Kromozom temelinde yapılan geçmiş bazı çalışmalarda *Gazella* cinsinin birden fazla monofiletik gösterdiği belirtilmiştir (Vassart vd., 1995). Bu çalışmada her iki gen bölgesiyle oluşturulan ağaçlar *Gazella* cinsinin monofiletik bir yapıda olduğunu göstermiştir. Yakın zamanda yapılan mtDNA ve nükleer DNA temelli çalışmalar bu sonucu desteklemektedir (Bärmann vd., 2013a,b; Hassanin vd., 2012; Lerp vd., 2013, 2016; Rebholz ve Harley, 1999). Ancak cins içerisinde bazı karmaşık filogenetik ilişkiler halen mevcuttur. Bu çalışmada kullandığımız mtDNA bölgeleriyle oluşturulan filogenetik ilişkilerde bazı tutarsızlıklar bulunmaktadır. COX-III gen bölgesine göre temelde cins iki klada ayrılırken, kontrol bölgesine göre oluşturulan filogenide bu ayrım net değildir.

Bazı mtDNA temelli filogenilerde, bu çalışmada COX-III ile oluşturulan ağaca benzer olarak iki ana klada ayrıldığı görülmüştür (Hassanin vd., 2012; Lerp vd., 2013). Ancak nükleer gen bölgelerinin de katıldığı bazı çalışmalarda *G. dorcas*, *G. arabica*, *G. gazella* ve *G. spekei* ayrımları net değildir. Ancak *G. bennettii*, *G. subgutturosa*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri*'yi içeren türler belirgin bir monofiletik yapı göstermektedir. Bu çalışmadaki kontrol bölgesi ile yapılan filogeni

bazı tutarsız sonuçlar vermiştir. Bunlardan biri *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* türleri ayrı bir monofiletik soy hattında, bu türlerden farklı olarak *G. bennettii* ve *G. subgutturosa* türleri ise farklı bir monofiletik soy hattı vermiştir. COX-III ağacı diğer çalışmalar ile benzerken, kontrol (d-loop) bölgesi ağacı diğer çalışmalarla uyuşmamaktadır.

G. spekie türü diğer bir tartışma konusudur. Bazı çalışmalarda *G. dorcas*, *G. arabica*, *G. gazella* gurubuna yakın (Bärmann vd., 2013a; Hassanin vd., 2012), bazı çalışmalarda *G. bennettii*, *G. subgutturosa*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri*'yi içeren guruba yakındır (Lerp vd., 2016). Bu çalışmada COX-III ağacında *G. spekie* türü *G. bennettii*, *G. subgutturosa*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri* gurubuna yakinken, kontrol bölgesi ağacında diğer guruba yakındır. Bu açıdan bakıldığında ceylanların filogenisinde halen tartışmalı durumlar söz konusudur. Daha geniş genetik çalışmalar yapılması gerekmektedir.

Ülkemiz ceylan türlerinin filogenetik ilişkisine bakıldığında koruma önemli olabilecek noktalar vardır. Bu çalışmayla da tekrardan görüldüğü gibi, Hatay'da yayılış gösteren *G. gazella* türü ile Şanlıurfa civarında bulunan *G. marica* türleri filogenetik olarak iki farklı soy hattından gelmektedir. Şanlıurfa ceylanı *G. subgutturosa* türünden farklı bir monofiletik yapı göstermektedir. Ancak Doğa Koruma ve Milli Parklar bu türü *G. subgutturosa* olarak tanımlamaktadır. Birçok çalışmada Türkiye'de *G. marica* türünün bulunduğu belirtilmiştir (IUCN, 2017; Kankılıç vd., 2012; Lerp vd., 2016).

Hatay popülasyonu bu çalışmada gösterildiği gibi filogenetik olarak *Gazella gazella* türü içerisinde özellikle kuzey İsrail popülasyonu ile yakından ilişkilidir. Hatay popülasyonu küçük ve izole bir popülasyon olduğundan genetik çeşitliliği oldukça daralmıştır. İleride genetik çeşitliliği artıracak yeni koruma programları geliştirilecek olursa, filogenetik olarak yakın ilişkili olduğu İsrail popülasyonlarından bireylerin taşınması düşünülebilir. Benzer şekilde Şanlıurfa popülasyonu içinde *Gazella marica* üretme çiftliklerinden bireyler taşınabilir.

4.3 Filocoğrafik Analizler

Filocoğrafik analizler için sadece kontrol (d-loop) bölgesi gen dizileri kullanılmıştır. Diğer gen bölgesi olan COX-III dizileri, Hatay popülasyonunda tek bir haplotip vermesi ve diğer dünya popülasyonlarından yeterli bireyin dizisine sahip olunmamasından dolayı kullanılamamıştır.

4.3.1 Nötralite testleri

İncelenen türlerin popülasyon geçmişini belirleyebilmek açısından nötralite testleri yapılmıştır. Tajima D testi, Fu'nun F_s testi, Fu ve Li'nin F ile D testi yeterli örnek büyüklüğüne sahip olan popülasyonlarda yapılmıştır. Kontrol bölgesine dizileri bulunan dört türün nötralite testleri Çizelge 4.4'te verilmiştir.

Depaulis vd. (2003), nötralite testlerinin sonuçlarına dair bazı öneriler yapmıştır. Eğer Fu ve Li'nin D ve F değerleri negatif olursa, popülasyonda ender haplotiplerin bulunduğunu, popülasyon genişlemesini veya arka plan seçilimi gösterdiğini ifade etmiştir. Bununla birlikte Fu'nun F_s değeri negatif ise yeni haplotipleri ve popülasyon genişlemesini ifade eder. Tajima D değerinin nötralite altında 0 olması beklenir. D değeri istatistiksel olarak önemlidir ve pozitif değer darboğazı ya da popülasyon bölünmesini ve dengeleyici seçilimi işaret eder. Negatif değer ise popülasyon büyümesini ya da pozitif seçilimi gösterir (Fu, 1997).

Çizelge 4.4'e göre nötralite testlerinde sadece *G. subgutturosa* türünde istatistiksel olarak anlamlı çıkmıştır. Diğer popülasyonlarda istatistiksel olarak anlamlı bir değer bulunamamıştır. Bu bakımdan incelendiğinde *G. subgutturosa* popülasyonunda istatistiki olarak önemli bulunan Fu ve Li'nin D ve F değerleri popülasyonun genişlediğini ve nadir haplotipler içerdiğini göstermektedir. Fu'nun F_s değeri negatif yüksek bir değerde olduğunda popülasyonda genişlemeyle uyumlu olarak varyantların artığına işaret etmektedir. Diğer türlerde yapılan nötralite testlerinde istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar bulunmamıştır.

Çizelge 4.4. Ceylan türlerinin kontrol bölgesi dizileri kullanılarak yapılan nötralite testleri.

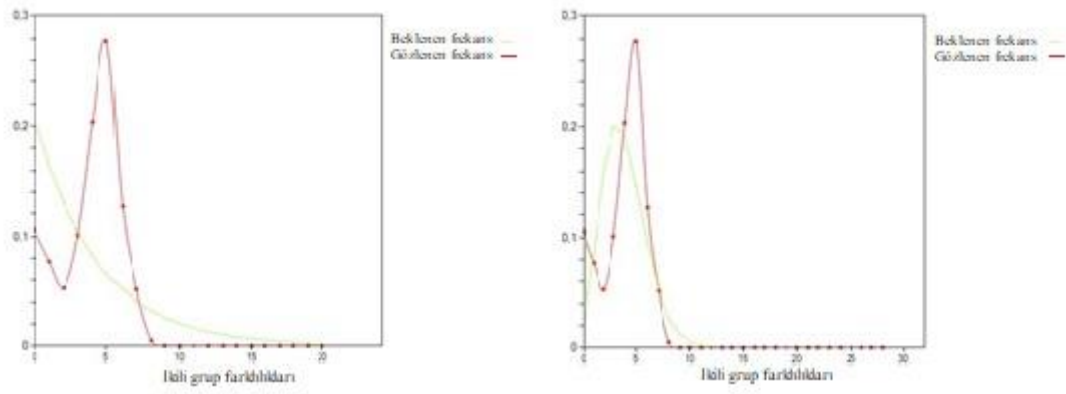
Tür	Birey Sayısı	Tajima D testi	Fu Fs testi	Fu ve Li F testi	Fu ve Li D testi	R2 (p)
<i>G. gazella</i>	71	-0.065	-4.402	0.291	0.419	0.067
<i>G. arabica</i>	86	0.737	-10.521	0.911	0.776	0.121
<i>G. dorcas</i>	74	0.437	-4.24	0.688	0.664	0.114
<i>G. subgutturosa</i>	58	-1.476	-38.81**	-2.786*	-2.84**	0.053

* P < 0.10; ** P < 0.05

4.3.2 Uyumsuzluk dağılım analizleri

Dağ ceylanı ve popülasyon örnekleme yapılan diğer ceylan türlerinde uyumsuzluk dağılım (mismatch distribution) analizleri hem sabit popülasyon hem de büyüme-küçülme varsayımları altında yapılmıştır. Ceylan türlerinin uyumsal dağılım analizi istatistikleri Çizelge 4.5’de verilmiştir. 4 ceylan türünün sabit popülasyon ve büyüme-küçülme varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri sırasıyla *G. gazella* türü Şekil 4.6, *G. arabica* Şekil 4.7, *G. dorcas* Şekil 4.8 ve *G. subgutturosa* için Şekil 4.9’da verilmiştir.

Şekil 4.6’da görüldüğü gibi *G. gazella* popülasyonu İkili grup farklılığı ortalaması $K=5.84$ olarak hesaplanmış olup hem sabit hem de büyüme-küçülme varsayımları altında tek tepeli (unimodal) yani çan eğrisi şekli elde edilmiştir. Bu model geçmişte tek bir haplotipten ani dağılımların yaşandığını ortaya koymaktadır. Dağılımların karşılaştırılmasında ayrıca Raggedness istatistiği (r) kullanılmaktadır. Tek tepeli düzgün dağılımlar, düzgün olmayan ya da çok tepeli dağılımlara göre daha küçük r değerlerine sahiptir. Raggedness istatistiği (r) düzgün dağılımlarda 0,03’den daha küçük değerler gösterdiği şeklinde genel açıklamalar yapılmıştır. Çizelge 4.5’de görüldüğü üzere *G. gazella* türünde diğer türlere göre r değeri daha büyüktür, ancak 0.03 değerinin altındadır. Bu r değeri ile tek tepeli uyumsuzluk dağılım modeli benzer çıkarımları yani popülasyon genişlemesini göstermektedir. Grafikten bu genişlemenin yakın geçmişte ve ani olduğu gözlenmiştir.

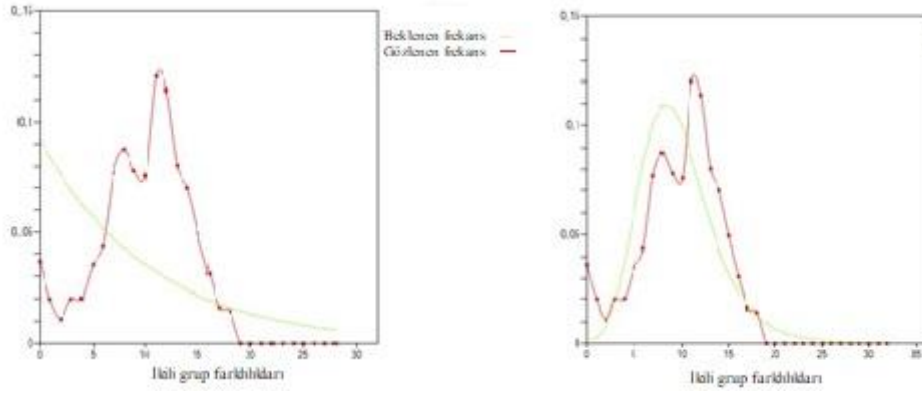


Şekil 4.6. *G. gazella* türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri.

Çizelge 4.5. Bazı ceylan türlerinin uyumsuzluk dağılım analizi istatistikleri.

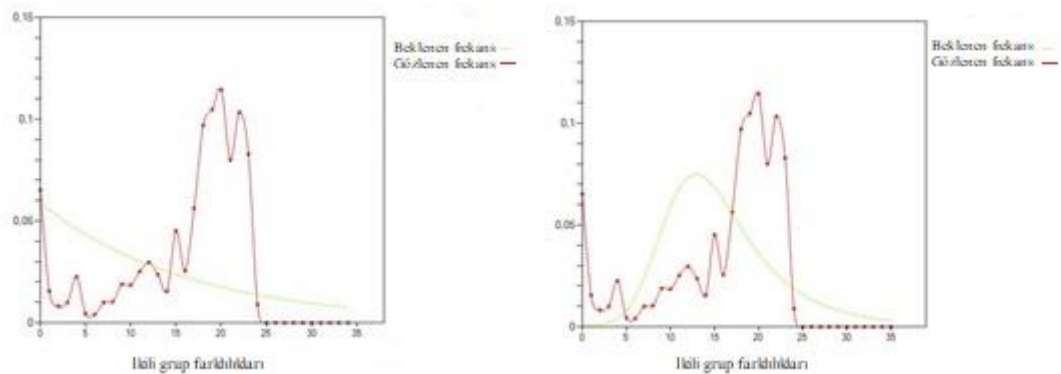
Tür	İkili grup farklılığı ortalamaları (K)	Raggedness istatistiği (r)
<i>G. gazella</i>	5.84	0.0216
<i>G. arabica</i>	9.806	0.0065
<i>G. dorcas</i>	16.005	0.0150
<i>G. subgutturosa</i>	5.452	0.0088

G. arabica popülasyonu için K değeri daha yüksek olmakla beraber uyumsuzluk analizinde her iki varsayım için tek tepeli ile iki tepeli dağılım arasında birdağılım göstermiştir. Bu dağılım net olarak çok tepeli (multimodal) dağılıma tam benzemektedir ve ayrıca r değeri çalışılan ceylan türleri içerisindeki en düşük değerdir. Grafik ve r değeri birlikte değerlendirildiğinde popülasyonun geçmişinde bir genişlemeden bahsedebiliriz. Bu popülasyon genişlemesi *G. gazella* türüyle karşılaştırıldığında daha eski ve daha geniş bir zaman diliminde gerçekleşmiştir.



Şekil 4.7. *G. arabica* türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri.

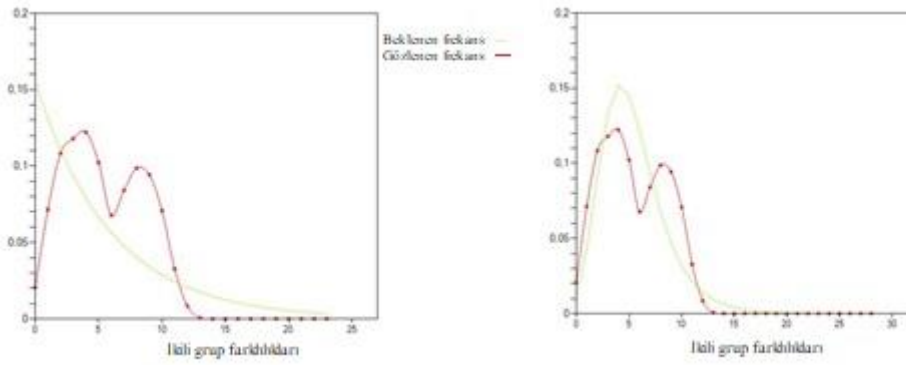
G. dorcas popülasyonu için K değeri ceylanlar arasındaki en yüksek değerde olup uyumsuzluk analizi grafiği klasik çok tepeli (multimodal) dağılımı göstermektedir. Çok tepeli düzgün olmayan bir dağılım modeli popülasyonun uzun bir süre sabit kaldığını göstermektedir (Rogers ve Harpending, 1992). Sabit popülasyonlarda bireyler arasında paylaşılan allel sayısı genişleyen popülasyonlara oranla daha fazladır ve daha eski genişlemelerde bireyler daha fazla sayıda mutasyonla birbirlerinden farklılaşmışlardır. Uyumsuzluk grafiğinde dağılımın ortalamasının Y ekseninden uzaklığı ile genişleme zamanı arasında pozitif ilişki vardır. Y eksenin uzaklaştıkça genişleme zamanı daha eskiye işaret etmektedir. Şekil 4.8'deki grafiğe göre *G. dorcas* popülasyonu uzun süre sabit kalmıştır ve daha zengin allel sayısına sahiptir. Ancak daha eski bir zamanda popülasyon genişlemesi göstermiştir.



Şekil 4.8. *G. dorcas* türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri.

G. subgutturosa popülasyonu için yapılan nötralite testleri istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur. Nötralite değerlerinin, genişlemeyle beraber nadir varyantların artışına

işaret ettiği gözlenmiştir. Uyumsuzluk analizine bakıldığında her iki varsayımda da çift başlı bir dağılım gözlenmiştir. Ancak klasik çok tepeli bir dağılıma benzememektedir. Grafik ve r değeri beraber düşünüldüğünde popülasyonun genişleme gösterdiği anlaşılmaktadır. *G. subgutturosa* en geniş coğrafik dağılıma sahip ve genetik çeşitliliği, karşılaştırma yaptığımız ceylan türleri içinde en yüksek olanıdır. Bu durum popülasyon geçmişinde bir genişlemeyi ve varyantların zenginleştiğini desteklemektedir.



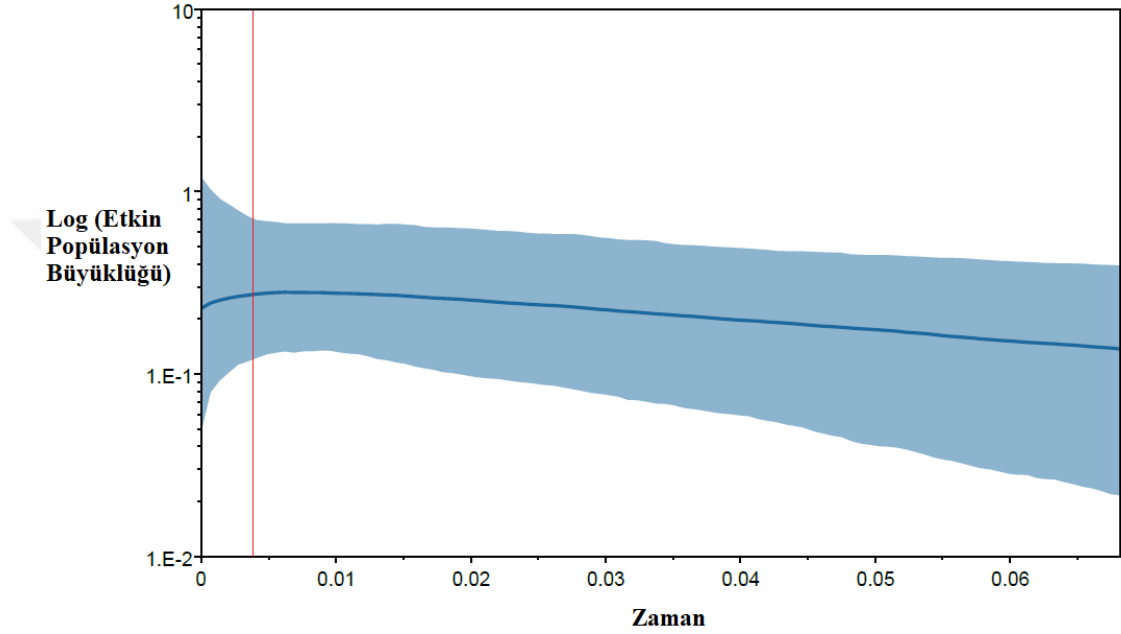
Şekil 4.9. *G. subgutturosa* türünün sabit popülasyon (soldaki) ve büyüme-küçülme (sağdaki) varsayımları altında yapılan uyumsuzluk analizleri.

4.3.3 Popülasyon geçmişinin Bayesian Skyline analiziyle belirlenmesi

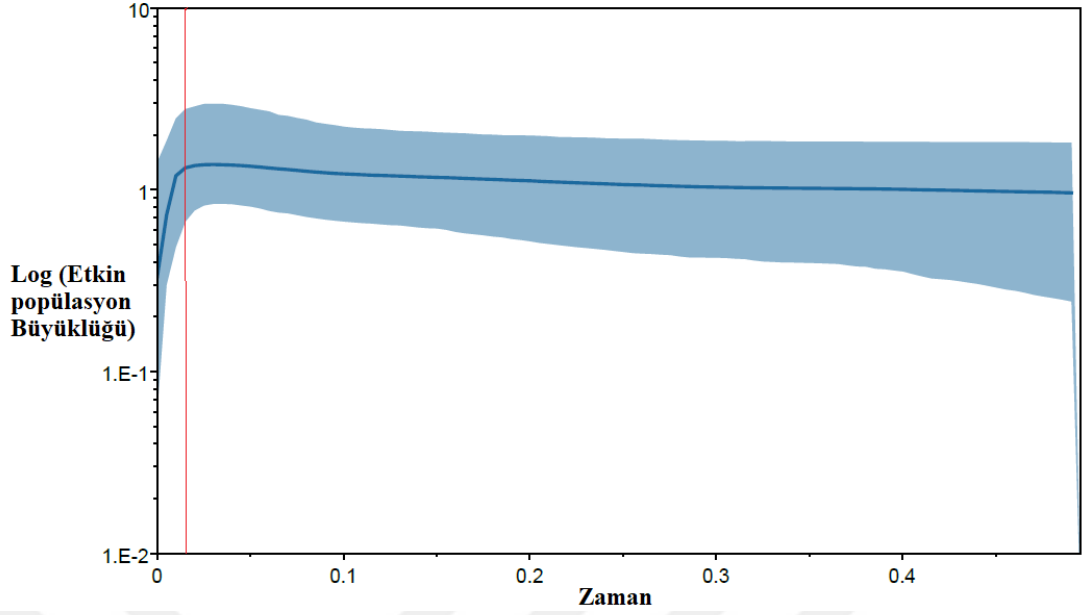
Popülasyon bazında mtDNA kontrol bölgesi dizileri bulunan 4 ceylan türünün popülasyon geçmişini belirlemek için tam birleşme (coalescence) modeliyle Bayesian Skyline grafiği oluşturulmuştur. BEAST programında gerçekleştirilecek analizde nükleotid modeli olarak HKY+G (Hasegawa-Kishino-Yano+Gamma distribution) kullanılmıştır. Oluşturulan modelde sabit saat kullanılmış ve Guo vd. (2006), tarafından mtDNA kontrol grubu için belirlenen milyon yılda $3.2 \cdot 10^{-7}$ mutasyon oranına göre gerçekleştirilmiştir.

G. gazella türü için oluşturulan Bayesian Skyline grafiği Şekil 4.10'da verilmiştir. Geçmişteki popülasyon demografisine baktığımızda uzun bir dönem boyunca küçük bir artış oranıyla devam ettiği gözlenmektedir. Ancak günümüze yakın olan bir zaman diliminde ise etkin popülasyon büyüklüğü azalma eğilimi içerisine girmiştir. Bayesian Skyline analizine göre oluşturulan %95 güven aralığında tahmin edilen son ortak atadan ayrılma zamanı 839.597-734.602 yıl öncesi olarak hesaplanmıştır.

G. arabica türü için popülasyon geçmişini gösteren Bayesian Skyline grafiği Şekil 4.11’de verilmiştir. Buna göre popülasyonun etkin popülasyon büyüklüğü uzun bir dönem boyunca küçük oranda artış göstermiş ve popülasyon genişlemiştir. Ancak günümüze yakın bir zamanda etkin popülasyon büyüklüğü sert bir düşüş yaşamıştır. Bayesian Skyline analizine göre oluşturulan %95 güven aralığında tahmin edilen son ortak atadan ayrılma zamanı 1.585553-1.502941 yıl öncesi olarak hesaplanmıştır.

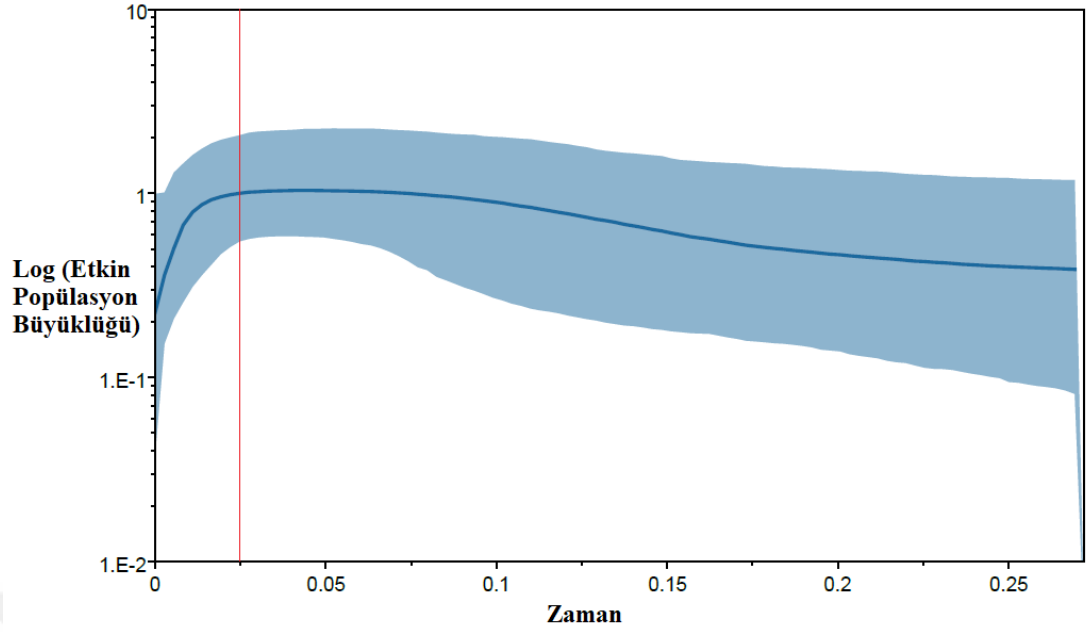


Şekil 4.10. *G.gazella* türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim (Bayesian Skyline Grafiği) (Koyu mavi çizgi medyan değeri, mavi boyalıbölge güven aralığını göstermektedir. Kırmızı çizgi düşüşün başladığı noktadır.).



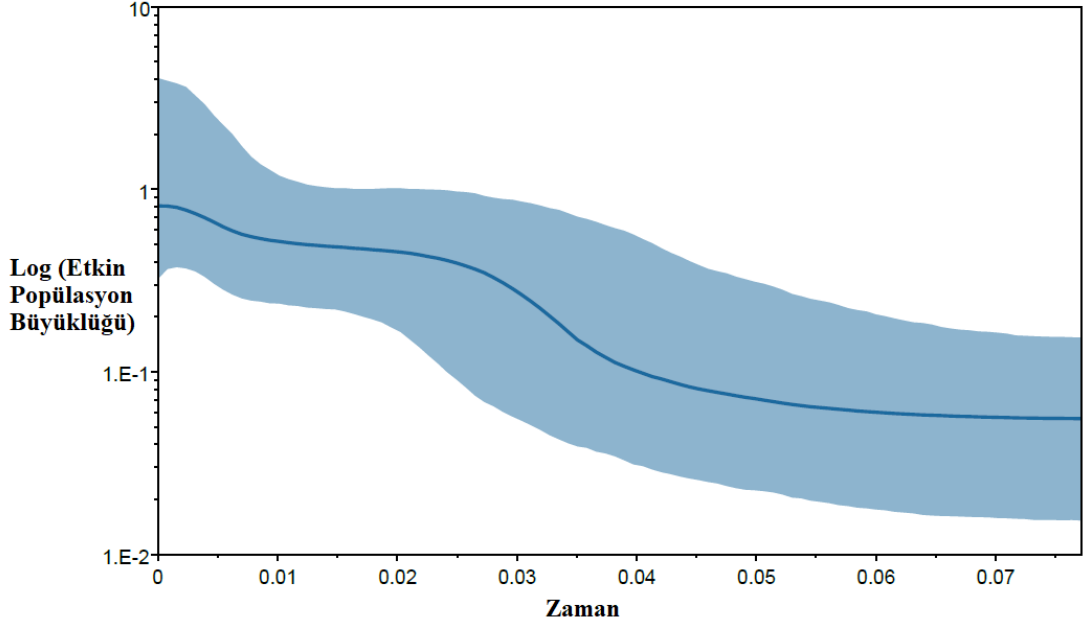
Şekil 4.11. *G. arabica* türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim (Bayesian Skyline Grafiği) (Koyu mavi çizgi medyan değeri, mavi boyalı bölge güven aralığını göstermektedir. Kırmızı çizgi düşüşün başladığı noktadır.).

G. dorcas türü için popülasyon geçmişini gösteren Bayesian Skyline grafiği Şekil 4.12’de verilmiştir. Grafiğe göre popülasyon geçmişi artış eğilimindedir. Yaklaşık 0.2 zaman dilimine kadar olan dönemde neredeyse sabit giden bir etkin popülasyon büyüklüğü gösterirken, bu dönemden sonra belirgin bir artış göstermiştir. Ancak yakın zamanda 0.025’ten sonra etkin popülasyon büyüklüğü sert bir düşüş göstermiştir. Bayesian Skyline analizine göre oluşturulan, %95 güven aralığında tahmin edilen son ortak atadan ayrılma zamanı 1.263046-1.182229 yıl öncesi olarak hesaplanmıştır.



Şekil 4.12. *G. dorcas* türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim (Bayesian Skyline Grafiği) (Koyu mavi çizgi medyan değeri, mavi boyalı bölge güven aralığını göstermektedir. Kırmızı çizgi düşüşün başladığı noktadır.).

G. subgutturosa türü için popülasyon geçmişini gösteren Bayesian Skyline grafiği Şekil 4.13’de verilmiştir. Grafiğe göre etkin popülasyon büyüklüğü geçmişten günümüze kadar bir artış eğilimi göstermektedir. Yaklaşık 0.06 zaman dilimine kadar olan dönemde neredeyse sabit giden bir etkin popülasyon büyüklüğü varken, bu dönemden sonra önemli ölçüde artış yaşamıştır. Bayesian Skyline analizine göre oluşturulan, %95 güven aralığında tahmin edilen son ortak atadan ayrılma zamanı 2.577551-2.530740 yıl öncesi olarak hesaplanmıştır.



Şekil 4.13. *G. subgutturosa* türünün zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğündeki değişim (BayesianSkyline Grafığı) (Koyu mavi çizgi medyan değeri, mavi boyalı bölge güven aralığını göstermektedir.).

Ceylan türlerinin popülasyon geçmişlerine genel olarak baktığımızda etkin popülasyon büyüklüğünün artış eğiliminde olduğu gözlenmiştir. Bayesian Skyline Grafikleri ile Uyumsuzluk dağılım analizleri benzer sonuçlar göstermiştir. *G. gazella*, *G. arabica* ve *G. dorcas* türleri genelde popülasyon geçmişinde artış gösterirken, günümüze yakın bir dönemde ise etkin popülasyon büyüklüğünün sert bir azalma geçirdiği tespit edilmiştir. Üç türünde hemen hemen aynı zaman diliminde benzer sonuçlar göstermesi, azalma etkeninin aynı olduğu kanısını doğrulamaktadır. Burada popülasyonların azalma eğilimi göstermeye başladıkları zaman dilimi yaklaşık olarak son 25-40 bin yıl öncesini göstermektedir. Bayesian Skyline grafığı incelendiğinde daha eski zaman dilimi olan buzul dönemleri ve buzul arası dönemlerin etkin popülasyon büyüklüğü üzerineolumsuz etkileri gözlenmemiştir. *G. dorcas* üzerine yapılan bir çalışmada benzer sonuçlar elde edilmiştir (Lerp vd., 2011). Ancak Anadolu coğrafyasını düşündüğümüzde, buzul dönemleri ve buzul arası dönemlerde ceylan popülasyonlarının nasıl etkilendiği hakkında bu veriyle yorum yapmak oldukça zordur. Türkiye popülasyonu olarak bir tek Hatay popülasyon örnekleri mevcuttur ve diğer Anadolu popülasyonları ise yok olmuştur. Türkiye'deki eski kayıtlara göre Adana bölgesinde ve hatta Boldavin Afyon'da ceylan varlığından bahsedilmiştir (Kasperek, 1986).

Bayesian Skyline grafiklerinde Arabistan, Levant ve Kuzey Afrika türlerinde günümüze yakın zamanda gözlenen etkin popülasyon azalmaları insanlar tarafından avlanmadan kaynaklı olabilir. Holosen sırasında jeolojik durum aşağı yukarı sabit kalmıştır. Orta Doğu ve Arabistan bölgelerindeki memeli türleri, özellikle toynaklılar, insan faaliyetlerinden giderek daha fazla etkilenmiştir. Nentwig (2007) Kuzey Afrika ve Ortadoğu’da mızrak ile avlanmanın 25.000 bin yıl öncesinde başladığını belirtmiştir. Arkeolojik kanıtlar, insanlar tarafından avlanmanın, ceylan popülasyonlarının azalmasında önemli etkisi olduğunu göstermektedir (Legge ve Rowley-Conwy, 1987; Bar-Oz vd., 2011, Sapir-Hen vd., 2016). Yakın Doğu’da Neolitik sonrası antik zamanda insan toplumlarının avlanma stratejileri ile toplu ceylan katliamlarının yapıldığı belirtilmiştir (Bar-Oz vd., 2011). Benzer şekilde Şanlıurfa’da Neolitik döneme ait insan toplumlarının kullandığı çok sayıda ceylan tuzak alanlarının kalıntıları tespit edilmiştir (Çelik ve Tolon, 2018). Bayesian Skyline grafiklerindeki etkin popülasyon büyüğündeki azalmanın temel sebebi, insan toplumlarının Neolitik dönemlerden günümüze kadar süren avlanmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Son yüzyıllarda artan habitat bozulması ve kaybı bu etkiyi daha da yoğunlaştırmıştır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu tez çalışması, IUCN tarafından hazırlanan tehlike altındaki tür listesinde “Endangered” yani "tehlikede" statüsünde yer alan Dağ ceylanı (*Gazella gazella*) türünün filocoğrafyası üzerinedir. Mitokondriyal DNA kontrol (d-loop) bölgesi ve sitokrom-c oksidaz III gen bölgesi PZR ile çoğaltılıp dizi analizi yapılmıştır. Ortadoğu, Afrika, Asya ve Arap yarımadasından farklı ceylan türlerinin dizileri ve dağ ceylanının dağılım gösterdiği İsrail popülasyonlarına ait diziler gen bankasından alınarak veri seti oluşturulmuştur. Bu veri setinde ceylanların genetik çeşitliliği, filogenetik ilişkiler ve filocoğrafik analizler yapılmıştır.

Genetik çeşitlilik analizleri, COX-III gen bölgesi dizisinin gen bankasında yeterli düzeyde bulunmamasından dolayı sadece mtDNA kontrol bölgesi temelinde yapılmıştır. Dağ ceylanının genetik çeşitliliğinin, diğer ceylan popülasyonlarıyla karşılaştırıldığında daha düşük seviyelerde olduğu gözlenmiştir. Dizileri çalışılan 4 ceylan türünde, en küçük haplotip sayısı (19) ve en düşük haplotip çeşitliliğine sahip olduğu gözlenmiştir. Hatay Dağ ceylanı popülasyonu, tümüyle tek bir haplotipten oluşmakta ve bu haplotip İsrail popülasyonlarından farklılık göstermektedir. Bu bakımdan ayrı ve izole bir popülasyon olarak kalmıştır ve en yakın Dağ ceylanı popülasyonu 400 km mesafededir. Ara popülasyonların yok olmasıyla beraber gen akışı, İsrail popülasyonu ile tamamen kesilmiştir. Daha küçük izole ve genetik çeşitliliği düşüktür. Bu koruma genetiği bakımından Hatay popülasyonunu, çok daha tehlikeli bir duruma sokmaktadır. Küçük popülasyon paradigmasının en önemli sonuçlarından biri olan soy içi üreme gibi nedenlerle genetik çeşitliliğin azalması söz konusu olabilir. İlk öneri olarak popülasyondaki genetik çeşitliliğin bireysel bazda ortaya çıkarılması ve popülasyonun geleceği açısından genetik çeşitliliği artıracak eylemlerin gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Bunun mümkün olması için farklı haplotiplere sahip İsrail popülasyonlarından bireylerin taşınması gerekmektedir. Bu şekilde kısmi bir gen akışı ile farklı genetik özellikler gen havuzuna taşınabilir.

Çalışmanın ikinci kısmı Hatay popülasyonu yani Dağ ceylanlarının diğer ceylan türleriyle olan filogenetik ilişkilerinin ortaya çıkarılmasıdır. Filogenetik analizler çalışılan her iki gen bölgesi temelinde gerçekleştirilmiştir. 9 farklı ceylan türüne ait her iki gen bölgesinin dizileri kullanılarak filogenetik ilişkiler tespit edilmeye

çalışılmıştır. Filogenetik ilişkilere göre *Gazella* cinsinin monofilogenetik bir yapıda olduğunu, her iki gen bölgesi analizleri desteklemiştir. *Gazella* türleri sonrasında mtDNA COX-III gen bölgesine göre iki ana soy hattına ayrılırken, mtDNA kontrol bölgesine göre ise bu ayrım net olmamakla birlikte dört ayrı soy hattı gözlenmiştir. mtDNA COX-III gen bölgesine göre yapılan ağaçta *G. dorcas*, *G. arabica*, *G. gazella* ve *G. spekei* türleri birinci soy hattı, *G. bennettii*, *G. subgutturosa*, *G. marica*, *G. leptoceros* ve *G. cuvieri*'yi içeren türler ikinci soy hattı olarak gözlenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre mtDNA COX-III gen bölgesi daha önce yapılan çalışmalarla benzerlik gösterirken, mtDNA kontrol bölgesi ile oluşturulan filogenetik ilişkiler tutarsızlıklar göstermiştir. Bu açıdan bakıldığında mtDNA COX-III gen bölgesi filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde, tür tayini gerektiren durumlarda daha doğru sonuçlar verebilir.

Ülkemiz ceylan türlerine baktığımızda, Hatay Dağ ceylanına filogenetik olarak en yakın popülasyon Kuzey İsrail Golan tepelerinde yaşayan popülasyondur. Şanlıurfa civarında bulunan ve *Gazella subgutturosa* olarak isimlendirilen popülasyon ise sanıldığı gibi aksine *Gazella marica* türüdür. Bu nedenle koruma çalışmalarında özellikle bireylerin taşınmasında türün tayini elzem bir konudur. Yanlış tür tayini bireylerin taşındığı popülasyonda genetik kirliliğe ve üreme veriminin düşmesine sebep olabilir.

Filocoğrafik analizler, mtDNA kontrol bölgesi dizileriyle şekillendirilmiştir. Dört ceylan türünün popülasyon geçmişini belirleyebilmek açısından nötralite testleri yapılmıştır. Bu türlerden sadece *Gazella subgutturosa* türü için nötralite testleri istatistiksel açıdan anlamlı bulunmuştur. *Gazella subgutturosa* popülasyonunun geçmişinde bir genişleme yaşandığı ve nadir haplotipler içerdiği gözlenmiştir. Dağ ceylanı ve popülasyon örnekleme yapılan diğer ceylan türlerinde uyumsuzluk dağılım (mismatch distribution) analizleri hem sabit popülasyon hem de büyüme-küçülme varsayımları altında yapılmıştır. Dağ ceylanının, popülasyon geçmişinde düzgün dağılım gözlenmiş olup tek bir haplotipten ani bir genişlemeye işaret etmektedir. Benzer şekilde Bayesian Skyline grafiğinde, buzul dönemleri ve buzul arası dönemlerdeki iklim değişimlerinin etkin popülasyon büyüklüğü üzerine olumsuz etkileri gözlenmemiştir. Popülasyon geçmişinde darboğaz gözlenmemiştir. Bayesian Skyline grafiklerindeki etkin popülasyon büyüklüğündeki azalmanın temel

sebebi, insan toplumlarının Neolitik dönemlerden günümüze kadar süren avlanmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Bu çalışmayla;

Tehlike altında olan Dağ ceylanının Hatay popülasyonunun genetik çeşitliliği ve popülasyonun, diğer ceylan popülasyonlarıyla filogenetik ve filocoğrafik bağlantısı belirlenmiştir. Türün geleceği açısından genetik çeşitliliği ve filocoğrafik ilişkiler göz önünde bulundurularak koruma programlarının hazırlanması gerekmektedir.



6. KAYNAKLAR

- Abduriyim, S., Nabi, A. ve Halik, M., 2018. Low genetic diversity in the Goitered Gazelle *Gazella subgutturosa* (Güldenstädt, 1780; Artiodactyla: Bovidae) in North-western China as revealed by the Mitochondrial Cytochrome b Gene. *Acta Zoologica Bulgarica*, 70, 211-218.
- Agustí, J., Garcés, M. ve Krijgsman, W., 2006. Evidence for African–Iberian exchanges during the Messinian in the Spanish mammalian record, *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 238, 1-4, 5-14.
- Ainsworth, W.F., 1842. *Travels and Researches in Asia Minor, Mesopotamia, Chaldea, and Armenia*, 11, 399.
- Awise, J.C., 1989. A role for molecular genetics in there cognition and conservation of endangered species, *Trends in Ecology and Evolution* 4, 279–281.
- Awise, J.C., 1998. The history and purview of phylogeography: a personal reflection, *Molecular Ecology*, 7, 371-379.
- Awise, J.C., 2000. *Phylogeography: The history and formation of species*, Harvard University Press, Cambridge, M.A. 447.
- Bandelt, H.J., Macaulay, V. ve Richards, M., 2006. Human Mitochondrial DNA and the Evolution of *Homo sapiens*, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.
- Bardeleben, C., Moore, R.L. ve Wayne, K., 2005. A molecular phylogeny of the Canidae based on six nuclear loci, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37, 815–831.
- Bärmann, E.V., Börner, S., Erpenbeck, D., Rössner, G. E., Hebel, C.ve Wörheide, G., 2013b. The curious case of *Gazella arabica*. *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*, 78, 3, 220-225.
- Bärmann, E.V., Rössner, G.E. ve Wörheide, G., 2013a. A revised phylogeny of Antilopini (Bovidae, Artiodactyla) using combined mitochondrial and nuclear genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 67, 2, 484-493.
- Bar-Oz, G., Zeder, M. ve Hole, F., 2011. Role of mass-kill hunting strategies in the extirpation of *Persian gazelle (Gazella subgutturosa)* in the northern Levant, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108, 18, 7345-7350.
- Bernor, R.L., 1986. Mammalian biostratigraphy, geochronology, and zoogeographic relationships of the Late Miocene Maragheh fauna, Iran, *Journal of Vertebrate Paleontology*, 6, 1, 76-95.
- Beudels, R.C., Devillers, P. ve Cuzin, F., 2013. *Gazella cuvieri* Cuvier's Gazelle. In: J. Kingdonand M. Hoffmann (eds), *The Mammals of Africa*. VI. Pigs, Hippopotamuses, Chevrotain, Giraffes, Deer, ve Bovids, pp. 349-352. Bloomsbury Publishing, London, UK.

- Bibi, F. ve Güleç, E.S., 2008. Bovidae (Mammalia: Artiodactyla) From the Late Miocene of Sivas, Turkey, *Journal of Vertebrate Paleontology*, 28,2.
- Bibi, F., Bukhsianidze, M., Gentry, A.W., Geraads, D., Kostopoulos, D.S. ve Vrba, E.S., 2009. The Fossil Record and Evolution of Bovidae: State of the Field, *Palaeontologia Electronica*, 12, 3, 10.
- Bosworth, W., Huchon, P. ve McClay, K., 2005. The red sea and gulf of adenbasins, *Journal of African Earth Sciences*, 43, 1-3, 334-378.
- Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C.H., Xie, D., Suchard, M.A., Rambaut, A. ve Drummond, A.J., 2014. BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis, *PLoS computational biology*, 10, 4, e1003537.
- Capaldi, R.A., Takamiya, S., Zhang, Y. Z., Gonzalez-Halphen, D. ve Yanamura, W., 1987. Current Topics in Bioenergetics, 15, 91-112.
- Challis, R.J., Mutun, S., Nieves-Aldrey, J.L., Preuss, S., Rokas, A., Aebi, A., Sadeghi, E., Tavakoli, M. ve Stone, G.N., 2007. Longitudinal range expansion and cryptic eastern species in the western Palaearctic oak gallwasp *Andricus coriarius*, *Molecular Ecology*, 16, 2013-2114.
- Chynoweth, M., Çoban, E., Altın, Ç. ve Şekercioğlu, Ç., 2016. Human-wild life conflict as a barrier to large carnivore management and conservation in Turkey, *Turkish Journal of Zoology*, 40, 6, 972-983.
- Clark, B. ve Frankenberg, E., 2001. Israel (including West Bank and Gaza), Antelopes, Part 4: North Africa, the Middle East, and Asia, *Global Survey and Regional Action Plans*, 19, 107-111.
- Çelik, B. ve Tolon, K., 2018 Şanlıurfa'dan Neolitik Dönem Tuzak Alanları. *Karadeniz Uluslararası Bilimsel Dergi*, 37, 37, 28-36.
- Çoğal, M. ve Sözen, M., 2017. The status and distribution of *Gazella gazella* (Artiodactyla: Mammalia), and other mammals of the Hatay province in southern Turkey. *Israel Journal of Ecology and Evolution*, 63, 2, 44-49.
- Danford, C.G. ve Alston, E.R., 1877. On the mammals of Asia Minor, 1880 - *Proceedings of the Zoological Society of London*, 1, 270-281.
- Davidson, A.D., Hamilton, M.J., Boyer, A.G., Brown, J.H. ve Ceballos, G., 2009. Multiple ecological path ways to extinction in mammals, *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 106, 10702-10705.
- DeLany, J.P., Schoeller, D.A., Hoyt, R.W., Askew, E.W. ve Sharp, M.A., 1989. Field use of D₂ 18O to measure energy expenditure of soldiers at different energy intakes, *Journal of Applied Physiology*, 67, 5, 1922-1929.
- Demenocal, P.B., 2004. African climate change and faunal evolution during the Pliocene–Pleistocene, *Earth and Planetary Science Letters*, 220, 1-2, 3-24.

- Demirsoy, A., 2000. Türkiye Omurgalıları: Memeliler, Meteksan, Ankara.
- Depaulis, F., Mousset, S., ve Veuille, M. 2003. Power of neutrality tests to detect bottle necks and hitchhikin, *Journal of molecular evolution*, 57, 1, S190-S200.
- Devillers, P., Beudels-Jamar, R.C., Lafontaine, R-M. ve Devillers-Terschuren, J., 2005. *Gazella leptoceros*. In: Beudels-Jamar R.C., Devillers P., La fontaine RM, Devillers-Terschuren J. ve Beudels MO, editors. Sahelo-Saharan Antelopes, Status and Perspectives, Report on the conservation status of the six Sahelo-Saharan Antelopes, CMS SSA Concerted Action, 2nd edition. Bonn, Germany: CMS Technical Series Publication N°11, UNEP/CMS Secretariat. p. 71-82.
- Drummond, A.J., Rambaut, A., Shapiro, B.E.T.H., ve Pybus, O.G., 2005. Bayesian coalescent inference of past population Dynamics from molecular sequences, *Molecular biology and evolution*, 22, 5, 1185-1192.
- Dunham, K., 1999. The social organization of mountain gazelles**Gazella gazella** in a population reintroduced to central Arabia, *Journal of Arid Environments*, 43, 251-266.
- Fu, Y.X., 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitch hiking and back ground selection, *Genetics*, 147, 2, 915-925.
- Galtier, Nabholz, B., Glemin, S. ve Hurst, G.D.D., 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal, *Molecular Ecology*, 18, 4541-4550.
- Gatesy, J., Amato, G., Vrba, E., Schaller, G., ve DeSalle, R., 1997. A cladistic analysis of mitochondrial ribosomal DNA from the Bovidae. *Molecular phylogenetics and evolution*, 7, 3, 303-319.
- Gentry, A.W., 1990. Ruminant artiodactyls of Pasalar, Turkey, *Journal of Human Evolution*, 19, 529.
- Gentry, A.W., 1992. The subfamilies and tribes of the family Bovidae, *Mammal Review*, 22, 1-32.
- Gentry, A.W., 2000. Caprinae and Hippotragini (Bovidae, Mammalia) in the Upper Miocene; pp. 65-83 in E. S. Vrba and G. Schaller (eds.), *Antelopes, Deer, and Relatives*, Yale University Press, New Haven.
- Gentry, A.W., 2003. Ruminantia (Artiodactyla); pp. in M. Fortelius, J. Kappelman, S. Sen, ve R.L. Bernor (eds.), *Geology and Paleontology of the Miocene Sinap Formation, Turkey*. Columbia University Press, New York.
- Gibson, A., Gowri-Shankar, V., Higgs, P. G. ve Rattray, M., 2005. A comprehensive analysis of mammalian mitochondrial genome base composition and improved phylogenetic methods. *Molecular Biology and Evolution*, 22, 2, 251-264.

- Gissi, C., Iannelli, F. ve Pesole, G., 2008. Evolution of the mitochondrial genome of Metazoa as exemplified by comparison of congeneric species, *Heredity*, 101, 301-320.
- Groves, C. ve Lay, D., 1985. A new Species in the genus **Gazella** (Mammalia: Artiodactyla: Bovidae) from the Arabian Peninsula. *Mammalia*, 49, 27-36.
- Groves, C.P. ve Grubb, P., 2011. Ungulate taxonomy. Baltimore, Md.: Johns Hopkins University Press.
- Groves, C.P., 1997. The Taxonomy of Arabian Gazelles, In: Habibi K., Abuzinada A.H. ve Nader I.A. (eds), *The Gazelles of Arabia*, National Commission for Wildlife Conservation and Development Publication No: 29, English Series, 2451.
- Grubb, P., 1993. Family Bovidae, pp. 393-414 In: Wilson, D.E. and Reeder, D.M. (Eds.) *Mammal Species of the World. A Taxonomic and Geographic Reference*, Smithsonian Inst. Press, Washington.
- Guo, X., Yang, D.J., ve Li, R., 2006. A receiver with start-up initialization and programmable delays for wireless clock distribution. In 2006 IEEE International Solid State Circuits Conference-Digest of Technical Papers, 1530-1539.
- Gür, H., 2017. Anadolu Diyagonalı: Bir Biyocoğrafı Sınırın Anatomisi. *Kebikec: İnsan Bilimleri İçin Kaynak Araştırmalı Dergisi*, 43.
- Habibi, K. ve Williamson, D., 1997. Conservation and management of Arabian gazelles. *The gazelles of Arabia*, Riyadh: National Commission for Wildlife Conservation and Development, 231-241.
- Hadas, L., Hermon, D., Boldo, A., Arieli, G., Gafny, R., King, R. ve Bar-Gal, G.K. 2015. Wild gazelles of the Southern Levant: genetic profiling defines new conservation priorities. *PLOS One*. 10, 3.
- Haltia, T., Saraste, M. ve Wikström, M., 1991. Subunit III of cytochrome c oxidase is not involved in proton translocation: a site-directed mutagenesis study, *The EMBO journal*, 10, 8, 2015-2021.
- Hammond, R.L., Macasero, W., Flores, B., Mohammed, O.B., Wachter, T. ve Bruford, M.W., 2001. Phylogenetic reanalysis of the Saudi gazelle and its implications for conservation, *Conservation Biology*, 15, 1123-1133.
- Harrison, R.G., 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology, *Trends in Ecology and Evolution*, 4, 6-11.
- Hassanin, A. ve Douzery E.J.P., 1999. The tribal radiation of the family Bovidae (Artiodactyla) and the evolution of the mitochondrial cytochrome *b* gene. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13, 227-243.
- Hassanin, A., Delsuc, F., Ropiquet, A., Hammer, C., Van Vuuren, B. J., Matthee, C., Ruiz-Garcia, M., Catzeflis, F., Areskoug, V., Nguyen, T.T. ve 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.
- Heckel, J-O., Amir, O.G., Kaariye, X.Y. ve Wilhelmi, F., 2008, *Gazella spekei*. IUCN Red List of Threatened Species, Version 2011.2.
- Hillis, D.M. ve Moritz, C., 1996. Molecular systematics, Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hoelzel, A.R., 2010. Looking back wards to look forwards: Conservation genetics in a changing world, *Conservation Genetics*, 11(2); 655–660.
- Hoffmann, M., Hilton-Taylor, C., Angulo, A., Böhm, M., Brooks T.M., Butchart, S. H. M., Carpenter, K. E., Chanson, J., Polidoro, B.A., ve Sanciangco, J. C., 2010. The impact of conservation on the status of the world's vertebrates, *Science*, 330, 1503-1509.
- Iborra, F.J., Kimura, H. ve Cook, P.R., 2004. The functional organization of mitochondrial genomes in human cells. *BMC Biology*, 2, 9, 1-14.
- Irwin, D.M., Kocher, T.D. ve Wilson, A.C., 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals, *Journal of Molecular Evolution*, 32, 128-44.
- IUCN, 2015. Red List of Threatened Species, Version 2015-3. Gland, Switzerland: IUCN.
- IUCN SSC Antelope Specialist Group, 2008. *Gazella gazella*. The IUCN Red List of Threatened Species 2008: e.T8970A12942665.
- IUCN SSC Antelope Specialist Group. 2017. *Gazella gazella*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017: e.T8989A50186574.
- Jang-Liaw, N.H., Lee, T.H., Chou, W.H., 2008. Phylogeography of *Sylviranalatouchii* (Anura, Ranidae) in Taiwan, *Zoological Science*, 25, 68-79.
- Johnson, K., 2002. The status of mammalian carnivores in Turkey, *Endangered Species Update*, 19, 232–240.
- Kankilic, T., Ozut, D., Gurler, S., Kence, M., Bozkaya, F. ve Kence A., 2012. Rediscovery of a new mountain gazelle population and clarification of taxonomic status of the genus *Gazella* in Turkey using mtDNA sequencing, *Folia Zoologica*, 61, 129–137.
- Kasperek, M., 1986. On the historical distribution and present situation of gazelles, *Gazella ssp.*, in Turkey, *Zoology in the Middle East*, 1, 11–15.
- Khan, M.A., Akhtar, M. ve Ikram, T., 2012. True ungulates from the Nagri type locality (Late Miocene), Northern Pakistan, *Journal of Animal and Plant Sciences*, 1, 1-59.

- Kingdon, J., 1988. East African Mammals: An Atlas of Evolution in Africa, Volume 3, Part D: Bovids. University of Chicago Press, Chicago.
- Kingston, J. D., ve Hill, A., 1999. Late Miocene palaeoenvironments in Arabia: a synthesis, Fossil vertebrates of Arabia, 389-407.
- Klug, S.W. ve Cummings, W.R., 2000. DNA structure and analysis, pp.238-265., in: Klug, S.W. (ed), Concept of Genetics, 2000, Prentice Hall, ISBN: 0073525332.
- Krijgsman, W., Hilgen, F.J., Raffi, I., Sierro, F. J., ve Wilson, D.S., 1999. Chronology, causes and progression of the Messinian salinity crisis, Nature, 400, 6745, 652.
- Kryštufek, B. ve Vohralík, V., 2009. Mammals of Turkey and Cyprus (Rodentia II: Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystricidae, Castoridae), Annales Majora, Koper.
- Kryštufek, B. ve Vohralik V., 2001. Mammals of Turkey and Cyprus. Introduction, Checklist, Insectivora, Knjiznica Annales Majora, Koper.
- Kryštufek, B. ve Vohralík, V., 2005. Mammals of Turkey and Cyprus: Rodentia 1: Sciuridae, Dipodidae, Gliridae, Arvicolinae, Knjižnica Annales Majora, Koper, Slovenia.
- Kumar, S., Stecher, G. ve Tamura, K., 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger data sets, Molecular biology and evolution, 33, 7, 1870-1874.
- Kumerloeve, H., 1969. Bemerkungen zum Gazellen Vorkommen im südöstlichen Kleinasien, Zeitschrift für Säugetierkunde, 34, 113–120.
- Kumerloeve, H., 1975(a). Die Säugetiere (Mammalia) der Türkei. Veröffentlichungen der Zoologischen Staatssammlung München, 18, 69–158.
- Kumerloeve, H., 1975(b). Die Säugetiere (Mammalia) Syriens und des Libanon. Veröffentlichungen der Zoologischen Staatssammlung München, 18, 159–225.
- Kuznetsova, M.V., Kholodova, M.V. ve Lushechina, A.A., 2002. Phylogenetic analysis of sequences of the 12S and 16S rRNA mitochondrial genes in the family Bovidae: new evidence, Genetika, 38, 942-950.
- Lafontaine, R.M., Beudels-Jamar, R.C., Devillers, P., Smith, T.R. ve Devillers-Terschuren, J. 1999. Report on the status and perspectives of a species: *Gazella dorcas*, pp. 185–201, In: Conservation Measures for Sahelo-Saharan Antelopes, Action Plan and Status Reports (ed UNEP/CMS), CMS Technical Series Publication N°4, UNEP/CMS Secretariat, Bonn, Germany.
- Lanfear, R., Calcott, B., Ho, S.Y. ve Guindon, S., 2012. Partition Finder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses, Molecular biology and evolution, 29, 6, 1695-1701.

- Legge, A. J., ve Rowley-Conwy, P. A., 1987. Gazelle killing in Stone age Syria. *Scientific American*, 257, 2, 88-95.
- Lerp, H., Wronski, T., Plath, M., Schröter, A. Ve Pfenninger, M., 2013. Phylogenetic and population genetic analyses suggest a potential species boundary between *Mountain (Gazella gazella)* and *Arabian Gazelles (G. arabica)* in the Levant. *Mammalian Biology*, 78, 383-386.
- Lerp, H., Klaus, S., Allgöwer, S., Wronski, T., Pfenninger, M. ve Plath, M., 2016. Data on phylogenetic analyses of gazelles (genus *Gazella*) based on mitochondrial and nuclear intron markers, *Data in brief*, 7, 551-557.
- Lerp, H., Wronski, T., Butynski, T. ve Plath, M., 2013. Speciation of *Arabian gazelles*, pp.59-82, In: Michalak, P. (ed.), *Speciation: Natural Processes, Genetics and Biodiversity*, Nova Science Publishers, Hauppauge, NY.
- Lerp, H., Wronski, T., Pfenninger, M. ve Plath, M., 2011. A phylogeographic frame work for the conservation of Saharan and Arabian Dorcas gazelles (Artiodactyla: Bovidae), *Organisms Diversity & Evolution*, 11, 4, 317.
- Lerp, H., Wronski, T., Plath, M., Schröter, A. ve Pfenninger, M., 2012. Phylogenetic and population genetic analyses suggest a potentia lspecies boundary between *Mountain (Gazella gazella)* and *Arabian Gazelles (G.arabica)* in the Levant. *Mammalian Biology*, 78, 5, 383-386.
- Lopez, J.V., Culver, M., Stephens, J.C., Johnson, W.E. ve O'Brien, S.J., 1997. Rates of nuclear and cytoplasmic mitochondrial DNA sequences divergence in mammals, *Molecular Biology and Evolution*, 14, 277-286.
- Lorenzen, E.D., Arctander, P. ve Siegmund, H.R., 2008. Three reciprocally monophyletic mtDNA lineages elucidate the taxonomic status of Grant's gazelles, *Conservation Genetics*, 9, 593-601.
- Magin, C. ve Greth, A., 1994. Distribution, status, and proposals for the conservation of mountain gazelle *Gazella gazella* cora in south-west SaudiArabia, *Biological Conservation*, 70, 1, 69-75.
- Mallon, D.P., 2008a. *Gazella subgutturosa*, IUCN Red List of Threatened Species, Version 2011.2.
- Mallon, D.P., 2008b. *Gazella bennettii*. IUCN Red List of Threatened Species, Version 2011.2.
- Mallon, D.P. ve Kingswood, S.C., 2001. Antelopes. Part 4: North Africa, the Middle East, and Asia, *Global Survey and Regional Action Plans*, Gland, Switzerland and Cambridge, UK: IUCN/SSC Antelope Specialist Group.
- Malmström, B.,G., 1989. The mechanism of proton translocation in respiration and photosynthesis, *FEBS letters*, 250, 9-21.
- Matthee, C.A. ve Davis, S.K., 2001. Molecular insights into the evolution of the family Bovidae: a nuclear DNA perspective, *Molecular Biology and Evolution*, 18:1220- 1230.

- Mendelssohn, H., Yom-Tom, Y. ve Groves, C., 1995. **Gazella gazella**, Mammalian Species, 490, 1-7.
- Moritz, C., Dowlin, T.E. ve Brown, W.M., 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics, Annual Review of Ecology and Systematics, 18, 269-292.
- Nentwig W., 2007. 19 Human Environmental Impact in the Paleolithic and Neolithic. In: Handbook of Paleoanthropology. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Palumbi, S.R. ve Ferraris, J.D. (Eds.), 1996. *Molecular zoology: Advances, strategies, and protocols*. Wiley-Liss.
- Ramos-Onsins, S. E. ve Rozas, J., 2002. Statistical properties of new neutrality tests against population growth. Molecular biology and evolution, 19, 12, 2092-2100.
- Rebholz, W. ve Harley, E., 1997. Cytochrome b sequences from the endangered Saudi gazelle (*Gazella saudiya*) suggest hybridization with *Chinkara* (*G bennetti*). Conservation Biology, 11, 251-255.
- Rebholz, W. ve Harley, E., 1999. Phylogenetic relationships in the bovid subfamily Antilopinae based on mitochondrial DNA sequences, Molecular Phylogenetics and Evolution, 12, 87-94.
- Ripple, W.J., Wolf, C., Newsome, T.M., Hoffmann, M., Wirsing, A.J. ve McCauley, D.J., 2017. Extinction risk is most a cute for the world's largest and smallest vertebrates. Proceedings of the National Academy of Sciences, 114, 40, 10678-10683.
- Rogers, A. R., ve Harpending, H., 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. Molecular biology and evolution, 9, 3, 552-569.
- Ropiquet, A., 2006. Étude des radiations adaptative sauseindes Antilopinae (Mammalia, Bovidae). PhD diss., Université Paris 6.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-Del Barrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E. ve Sánchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets, Molecular biology and evolution, 34, 12, 3299-3302.
- Russegger, J., 1843. Reisen in Europa, Asien und Afrika. Bd. I, 2. Teil: Reise in Griechenland, Unteregypfen, im nördlichen Syrien und im südöstlichen Kleinasien - Stuttgart.
- Salzmann, U., Williams, M., Haywood, A.M., Johnson, A.L., Kender, S. ve Zalasiewicz, J., 2011. Climate and environment of a Pliocene warm world, Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology, 309, 1-2, 1-8.

- Sapir-Hen, L., Dayan, T., Khalaily, H. ve Munro, N.D., 2016. Human hunting and nascent animal management at Middle Pre-Pottery Neolithic Yiftah'el, Israel. *PloS one*, 11, 7, e0156964.
- Silvestro, D. ve Michalak, I., 2012. raxmlGUI: a graphical front-end for RAxML, *Organisms Diversity & Evolution*, 12, 4, 335-337.
- Sorokin, P.A., Soldatova, N.V., Lukarevskiy, V.S. ve Kholodova, M.V., 2011. Genetic diversity and relations of the goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) groups from Uzbekistan, Turkmenistan, and Azerbaijan: analysis of the D-loop of mitochondrial DNA, *Biology bulletin*, 38, 6, 585-590.
- Strömberg, C. A. E., 2011. Evolution of grasses and grass land ecosystems, *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*, 39, 517–544.
- Şekercioğlu, Ç. H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö.E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M.B., Soyumert, A., İpekdağ, K., Sağlam, İ.K., Yücel, M. ve Dalfes H.N., 2011. Turkey's globally important biodiversity in crisis, *Biological Conservation*, 144, 12, 2752-2769.
- Tajima, F., 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism, *Genetics*, 123, 3, 585-595.
- Tchernov, E., 1992. The Afro-Arabian component in the Levantine mammalian fauna – A short biogeographical review, *Israel Journal of Zoology*, 38, 155-192.
- Thomas, H., 1981. Les Bovidés miocène de la formation de Ngorora du Bassin de Baringo (Kenya), *Proceedings Koninklijke Nederlandse Akademie van Wetenschappen*, B84, 335–409.
- Thouless, C.R. ve Bassri, K.A. 1991. Taxonomic status of the Farasan Island gazelle. *Journal of Zoology*, 223, 1, 151-159.
- Thurrow, T.L., 2013. Speke's Gazelle ecology and behavior, In: Kingdon, J.S., ve Hoffmann M., (eds), *The Mammals of Africa*, vol. 6, Pigs, Hippopotamuses, Chevrotain, Giraffes, Deer and Bovids. Bloomsbury Publishing, London, 346-348.
- Turan, N., 1984. Game and wildlife of Turkey mammals. *Ongun Kardeşler Matbaacılık Sanayii*, Turkey.
- Vassart, M., Seguela, A. ve Hayes, H., 1995. Chromosomal evolution in gazelles. *Journal of Heredity*, 86, 3, 216-227.
- Vrba, E.S. ve Schaller, G.B., 2000. Phylogeny based on behavior, gland, skull and Postcrania, pp.203–222, In: Vrba, E.S. ve Schaller, G.B., (Eds), *Antelopes, deer and relatives*, Yale University Press.
- Vrba, E.S., 1985. African Bovidae: Evolutionary events since the Miocene. *South African Journal of Science*, 81, 263-266.

Wacher, T., Wronski, T., Hammond, R.L., Winney, B., Blacket, M.J., Hundertmark, J.K., Mohammed, O.B., Omer, S.A, Macasero, W., Lerp, H., Plath, M.ve Bleidorn, C., 2011. Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA sequences reveals polyphyly in the goitred gazelle (*Gazella subgutturosa*), Conservation Genetics, 12, 827-831.

Wronski, T., Wacher, T., Hammond, R. L., Winney, B., Hundertmark, J. K., Blacket, M.J., Mohammed, O.B., Flores, B., Omer, S.A., Macasero, W., Plath, M., Tiedemann, R. ve Bleidorn, C., 2010. Two reciprocally monophyletic mtDNA lineage selucidate the taxonomic status of mountain gazelles (*Gazella gazella*), Systematics and Biodiversity, 8, 119-129.

Wronski, T., Plath, M., Cunningham, P. ve Sandouka, M., 2010. Differences in sexual dimorphism among four gazelle taxa (*Gazella* spp.) in the Middle East. Animal Biology, 395-412.

Wu, X., Zheng, T., Jiang, Z. ve Wei, L., 2007. The mitochondrial genome structure of the clouded leopard (*Neofelis nebulosa*). Genome, 50, 252-257.

URL-1<http://animaldiversity.org/site/accounts/information/Gazella_gazella.html>, alındığı tarih: 05.02.2016.

URL-2<<http://www.milliparklar.gov.tr/kitap/77/?sflang=tr>>, alındığı tarih: 17.02.2016.

URL-3<<http://www.milliparklar.gov.tr>>, alındığı tarih: 20.03.2019.

7. ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Eylül İLASLAN
Adres : ÇamlıkMah. 427 Sok. No: 17 A/C Didim/AYDIN
E-posta adresi : eylulilaslan@gmail.com

EĞİTİM BİLGİLERİ (Kurum ve Yıl)

Önlisans : Anadolu Üniversitesi, 2010-2012
Lisans : Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi, 2008-2012
Yüksek Lisans : Aksaray Üniversitesi, 2013-

MESLEKİ DENEYİM VE ÖDÜLLERİ

1. Leibniz Hayvanat Bahçesi ve Yaban Hayatı Araştırma Enstitüsü, Berlin, Almanya / Yaz Stajı
2. Tüylü Dostlar Veteriner Kliniği

TEZDEN ÜRETİLEN YAYINLAR, SUNUMLAR VE PATENTLER

Uluslararası Hakemli Dergilerde Yayınlanan Makaleler

- 1.
- 2.

Kongrelerde Sunulan Makaleler

- 1.
- 2.