

İÇİNDEKİLER

| | |
|--|-----|
| ÖZET | ii |
| SUMMARY | iv |
| TEŞEKKÜR | vi |
| ŞEKİLLER DİZİNİ | vii |
| TABLolar DİZİNİ | x |
| KISALTMALAR DİZİNİ | xi |
| 1. GİRİŞ | 1 |
| 2. MATERYAL ve METOT | 19 |
| 2.1. <i>Chelonia mydas</i> Örneklerinin Toplanması | 19 |
| 2.2. Toplam Genomik DNA İzolasyonu | 20 |
| 2.3. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi | 21 |
| 2.4. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) | 21 |
| 2.4.1.1. MtDNA Reaksiyon Koşulları | 21 |
| 2.4.1.2. MtDNA Dizi Analizi | 25 |
| 2.4.1.3. MtDNA Veri Analizi | 25 |
| 2.4.2.1. Mikrosatellit Reaksiyon Koşulları | 26 |
| 2.4.2.1. Mikrosatellit Veri Analizi | 28 |
| 3. BULGULAR | 30 |
| 3.1. Mitokondri DNA (mtDNA) Bulguları | 30 |
| 3.2. Mikrosatellit (nDNA) Bulguları | 38 |
| 4. TARTIŞMA VE SONUÇ | 62 |
| 5. KAYNAKLAR | 69 |
| 6. ÖZGEÇMİŞ | 88 |

ÖZET**Doktora Tezi****Kuzeydoğu Akdeniz'deki Yeşil Deniz Kaplumbağası (*Chelonia mydas*)****Populasyonlarının Genetik Yapısı****Efkan BAĞDA****Cumhuriyet Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü****Biyoloji Anabilim Dalı****Danışman: Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI****Doç. Dr. Oğuz TÜRKOZAN**

Herbivor yeşil deniz kaplumbağası tropikal ve subtropikal sularda yayılır ve beş kıtanın sahillerinde yuva yapar. *C. mydas*'ın Akdeniz'deki ana yuvalama bölgesi Türkiye ve Kıbrıs'tır. Bu sahiller *C. mydas*'ın Akdeniz'deki yuvalama bölgelerinin yaklaşık % 99'unu oluşturur. Bu sahiller *C. mydas*'ın yuvalaması için önemli olmasına rağmen, buralara ait herhangi bir kapsamlı populasyon ve koruma genetiği çalışması yapılmamıştır. Bu nedenle, Türkiye'nin Akdeniz kıyıları boyunca altı ve Kuzey Kıbrıs'tan bir yuvalama sahillerinin mitokondri DNA'nın kontrol bölgesi dizilemesi (n=225) ve altı mikrosatellit lokusu (n=232) kullanarak *C. mydas* populasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi amaçlandı. Toplamda altı mtDNA haplotipinden üçü ilk kez tanımlandı. CM-A13 adlı tek bir haplotip baskındı ve farklı yuvalama sahillerinden 216 yavruda bulundu. Diğer taraftan, mikrosatellit analizler farklı yuvalama sahillerinden çalışılmış bireyler arasında güçlü genetik yapılanma gösterir. MtDNA farklılaşma sonuçları genetik farklılıkların ve dişilerin yuvalama alanına sadakatini tanımlamak için düşüktü, fakat mikrosatellit veriler çalışılan yuvalama kumsallarından bireyler arasındaki genetik yapılanmayı göstermektedir. Mitokondri ve çekirdek DNA analizleri yeşil deniz kaplumbağasının kuzeydoğu Akdeniz'de yuvalayan populasyonlarının yakın geçmişte Atalantik'ten köken aldığı ve bu kolonileşme sonucu muhtemelen

kurucu etkisi ve bunun sonucu meydana gelen genetik sürüklenmeyle özellikle düşük mtDNA ve nispeten yüksek mikrosatellit varyasyonu ile sonuçlandığına işaret etmektedir. Sonuç olarak, Akdeniz yeşil deniz kaplumbağasının kendine özgü bir genetik yapısı vardır ve bu yüzden bir yönetim birimi olarak kabul edilebilir.

Anahtar Kelimeler: *Chelonia mydas*, yeşil deniz kaplumbağası, mitokondri DNA kontrol bölgesi, mikrosatellit, Kuzeydoğu Akdeniz.

SUMMARY**Ph. D. Thesis****Population Genetic Structure of Green Turtle****(*Chelonia mydas*) in the Northeastern Mediterranean****Efkan BAĞDA****Cumhuriyet Universty Graduate School of Natural and Applied Sciences****Department of Biology****Supervisor: Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI****Asc. Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN**

The herbivorous green turtle is distributed in tropical and subtropical waters and nests on beaches of five continents. Major nesting sites of *C. mydas* in the Mediterranean are in Turkey and Cyprus. These beaches comprise approximately 99% of the nesting sites of *C. mydas* in Mediterranean. Despite the importance of the these beaches for nesting of *C. mydas*, there has not been any detailed population and conservation genetic studies carried out. Therefore, it is aimed to determine the genetic structure of the *C. mydas* populations in the six nesting beaches along the Turkish Mediterranean cost and one in the Northern Cyprus using sequencing of the control region of the mitochondrial DNA (mtDNA) (n= 225) and six microsatellite loci (n= 232). A total of six mtDNA haplotypes determined and three of them were identified for the first time. Only one mtDNA haplotype named CM-A13 were predominant and found in 216 hatchlings from different nesting beaches. On the other hand, microsatellite data analysis showed a strong genetic structuring among individuals from different nesting beaches studied. These results indicate that mtDNA divergence was low for identification of genetic differentiation and female natal phylopatry, but microsatellite data revealed genetic structuring among the individuals from the nesting beaches studied. Analyses of both mtDNA and nuclear DNA put forwarded that green

turtles nesting in the northeastern Mediterranean were originated from Atlantic and possibly founder effect followed by genetic drift as consequence of this colonization resulted with a low mtDNA and relatively higher microsatellite DNA variation in the region. In conclusion, the Mediterranean green turtle has unique genetic structure and therefore could be considered as a management unit.

Keywords: *Chelonia mydas*, green sea turtle, mitochondrial DNA control region, microsatellite, Northeastern Mediterranean.

TEŐEKKÜR

Bu alıőmamın her aőamasında benden yardımlarını ve desteklerini esirgemeyen tez danıőmanlarım sayın Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI ve sayın Do. Dr. Oėuz TÜRKOZAN hocalarıma iten teőekkürlerimi sunarım.

alıőmalarım sırasında benden sıcak arkadaőılıėını ve ok faydalı yardımlarını esirgemeyen sevgili arkadaőım Can YILMAZ'a, hocam Yrd. Do. Dr. Kubilay METİN'e ve alıőmamın Aydın'daki kısmında bana evlerini ve sıcak kalplerini aan sevgili arkadaőlarım Uėur HENDER ve Selim ALTUN'a en iten teőekkürlerimi sunarım. Ayrıca bu alıőma iin gerekli olan alıőma ortamını saėlayan ve gerektiėinde yardımlarını esirgemeyen Cumhuriyet Üniversitesi ve Adnan Menderes Üniversitesi Biyoloji Bölümü elemanlarına da teőekkür ederim.

Bu alıőmanın gerekleőmesi iin maddi kaynak saėlayan TÜBİTAK (106T248 nolu proje) ve Cumhuriyet Üniversitesi Bilimsel Araőtırma Projeleri Komisyon Baőkanlıėı'na (F207 nolu proje) teőekkür ederim.

Bana alıőabilme olanaėı saėlayan sevgili aileme ve eőimin ailesine teőekkür ederim.

alıőmamın tüm yükünü benimle paylaőan, her zaman desteėini hissettiėim ok sevdiėim eőim Esra BAĐDA'ya teőekkür ederim.

alıőmam yüzünden yaőamının ilk yılında yanında olamadıėım ve bu yüzden kocaman bir özür borlu olduėum biricik yavrum Zeynep Duru BAĐDA'ya teőekkür ederim.

SEVGİLİ AİLEME.

EFKAN BAĐDA

ŞEKİLLER DİZİNİ

| | |
|---|----|
| Şekil 1.1. Yeşil deniz kaplumbağasının ana yuvalama alanları ve ortalama yuva yapan dişi sayıları. | 5 |
| Şekil 1.2. Yeşil deniz kaplumbağasının genel yaşam döngüsü. | 7 |
| Şekil 1.3. Genetik varyasyonun biyolojik sistemlerde gösteriminde bazı moleküler belirteçlerin kullanım alanları ve çözümleme gücü. | 12 |
| Şekil 1.4. <i>C. mydas</i> Güney Atlantik yuvalama kolonilerinde görülen haplotiplerin dağılımı. | 13 |
| Şekil 1.5. Kuzey Atlantik Akıntısı. | 16 |
| Şekil 2.1. <i>C. mydas</i> örneklerinin toplandığı yuvalama kumsalları. | 20 |
| Şekil 2.2. <i>C. mydas</i> mtDNA analizinde kullanılmış tüm oligonükleotid çiftlerinin mukayese şeması. | 23 |
| Şekil 2.3. mtDNA kontrol bölgesi PCR ürünleri. | 24 |
| Şekil 2.4. PCR temizleme kitinden geçirilmiş PCR ürünleri. | 24 |
| Şekil 2.5. BioEdit 7.0.9 programı tarafından DNA dizilerinin görüntülenmesi. | 25 |
| Şekil 2.6. PCR ürünleri (Cc-7 lokusu). | 28 |
| Şekil 2.7. Bir bireye ait Cc-7 lokusunun grafik görüntüsü. | 28 |
| Şekil 3.1. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA d-loop haplotip sıklıkları. | 32 |
| Şekil 3.2. NCA analizine dayalı mtDNA haplotiplerinin tahmini kladogramı. | 36 |
| Şekil 3.3. Atlantik ve Akdeniz <i>C. mydas</i> popülasyonlarına ait mtDNA kontrol bölgesi haplotiplerinin haplotip network analiz sonucu. | 37 |
| Şekil 3.4. Yuvalama kumsallarına göre Cc-7 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı. | 43 |
| Şekil 3.5. Yuvalama kumsallarına göre Ccar-176 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı. | 44 |
| Şekil 3.6. Yuvalama kumsallarına göre Cc-117 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı. | 45 |
| Şekil 3.7. Yuvalama kumsallarına göre Cm-72 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı. | 46 |

- Şekil 3.8.** Yuvalama kumsallarına göre Cm-84 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı. 47
- Şekil 3.9.** Yuvalama kumsallarına ait Cc-7 lokusu alel ve alel sıklıkları. 48
- Şekil 3.10.** Yuvalama kumsallarına ait Ccar-176 lokusu alel ve alel sıklıkları. 48
- Şekil 3.11.** Yuvalama kumsallarına ait Cc-117 lokusu alel ve alel sıklıkları. 49
- Şekil 3.12.** Yuvalama kumsallarına ait Cm-84 lokusu alel ve alel sıklıkları. 49
- Şekil 3.13.** Yuvalama kumsallarına ait Cm-72 lokusu alel ve alel sıklıkları. 50
- Şekil 4.1.** Coalescent metodu kullanan MIGRATE programı ile hesaplanmış populasyon çiftleri arasındaki göç oranları (M) ile yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırılmalarına ait genetik uzaklık ve bunlara ait X^2 olasılık değerleri kullanılarak oluşturulmuş yuvalama kumsalları arası genetik uzaklık haritası. 67

TABLolar DİZİNİ

| | |
|--|----|
| Tablo 1.1. Deniz kaplumbağa popülasyonlarını tanımlamada kullanılan moleküler belirteçler | 9 |
| Tablo 2.1. <i>Chelonia mydas</i> örneklerine ait lokalite bilgileri | 19 |
| Tablo 2.2. Mikrosatellit analizinde kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve boya özellikleri | 27 |
| Tablo 3.1. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip dağılımı | 30 |
| Tablo 3.2. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarına ait altı mtDNA haplotipine karşılık gelen polimorfik bölgeler | 31 |
| Tablo 3.3. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip sıklıkları | 31 |
| Tablo 3.4. Yuvalama kumsallarına ait örnekleme yıllarına göre haplotip (h), nükleotid (π) çeşitliliği | 32 |
| Tablo 3.5. Yuvalama kumsallarına ait haplotip (h), nükleotid (π) çeşitliliği ve etkili popülasyon büyüklüğü (N_e) | 33 |
| Tablo 3.6. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) değerleri ile yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık dereceleri ile göç oranları (Nm) | 34 |
| Tablo 3.7.a: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi | 35 |
| Tablo 3.7.b: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi | 35 |
| Tablo 3.7.c: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi | 35 |
| Tablo 3.8. Yuvalama kumsallarına göre birey ve mikrosatellit alellerinin dağılımı | 38 |
| Tablo 3.9. <i>C. mydas</i> örneklerinin mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri | 39 |
| Tablo 3.10. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 51 |

| | |
|--|----|
| Tablo 3.11. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarının gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G). (*) Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 52 |
| Tablo 3.12. Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 53 |
| Tablo 3.13. <i>C. mydas</i> yuvalama kumsallarının yıllara göre gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G) | 54 |
| Tablo 3.14. Lokus çiftleri arasında ki bağlantı dengesizliği analizi (?: hesaplanamadı) | 55 |
| Tablo 3.15. Etkili populasyon büyüklüklerinin karşılaştırılması | 55 |
| Tablo 3.16. Yuvalama kumsallarının nDNA bakımından genetik yapısı | 56 |
| Tablo 3.17. Yuvalama kumsalları arası göç tahminleri | 57 |
| Tablo 3.18. <i>C. mydas</i> Türkiye yuvalama kumsallarının genetik yapısı. mtDNA (γ_{st} değerleri) ve nDNA'ya (F_{st} değerleri) dayalı populasyonlar arasındaki genetik mesafeyi ve populasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık derecelerini | 58 |
| Tablo 3.19. Yuvalama kumsallarının, mtDNA ve nDNA verilerine dayalı, etkili populasyon büyüklüklerinin (N_e) karşılaştırılması | 59 |
| Tablo 3.20.a. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi | 60 |
| Tablo 3.20.b. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi | 60 |
| Tablo 3.20.c. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi | 60 |
| Tablo 3.20.d. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi | 61 |
| Tablo 4.1. Çalışmada kullanılan bazı lokuslara ait önceki çalışmalarda elde edilmiş gözlenen heterozigotluk değerleri (H_G) | 65 |

KISALTMALAR DİZİNİ

| | |
|---|---|
| STE | Sodyum Tris EDTA |
| EDTA | Etilen Diamin Tetra Asetik Asit |
| SDS | Sodyum Dodesil Sülfat |
| PCI | Fenol Kloroform İzoamilalkol |
| TE | Tris EDTA |
| PCR | Polimeraz Zincir Reaksiyonu |
| h | Haplotip çeşitliliği |
| π | Nükleotid çeşitliliği |
| γ_{st}, (Gamma_{st}) | Genetik Uzaklık |
| AMOVA | Moleküler Varyans Analizi |
| Ne | Etkili populasyon büyüklüğü |
| μ | Mutasyon oranı |
| Nm | Göç Oranı (Gen Akışı) |
| M | Göç Oranı (Gen Akışı) |
| k | Alel Sayısı |
| H_B | Beklenen Heterozigotluk (gen çeşitliliği) |
| H_G | Gözlenen Heterozigotluk |
| F_{st} | Genetik Uzaklık |
| P | Olasılık Değerleri |
| IAM | Sonsuz-Alel Mutasyon Modeli |
| SMM | Stepwise Mutasyon Modeli |
| TPM | İki fazlı mutasyon modeli |
| Ort | Ortalama |
| SS | Standart Sapma |

1. GİRİŞ

Canlılığın doğuşundan, çeşitlenmesinden ve devamlılığında sorumlu olan doğal süreçler hassas bir dengenin ürünüdür. Bu işleyişin sağlıklı ilerlemesi, denge içindeki çeşitliliğin korunmasına bağlıdır. İnsanların ihtiyaçlarını gözardı etmeyen, sürdürülebilir ve etkin bir koruma için gerekli olan ilk şey ise, sağlam bir bilimsel teoridir. İyi bir bilimsel teori doğada varolagelen bir durumun modellenmesini ve devamında bu modelin açığa çıkmasından sorumlu süreçlerin tanımlanmasını içerir. Bunun için, her bir türün tanımlanması, yaşam ortamlarında gözlenmesi ve evrimsel hikayelerinin oluşturulması gerekmektedir. Elde edilen verilerin insan ile doğa etkileşiminin yönetiminde etkin şekilde kullanılması doğal süreçlerin işleyişine insan etkisini en aza indirmedeki son basamaktır.

Eti, kemiği ve kabuğu için avlanan, yumurtlama alanları olan sahillerde ağır turizm ve yerleşim baskısı altında olan, balıkçı ağlarına takılan ve doğal avcılarının tehdidi altında yaşam savaşı veren deniz kaplumbağaları, nesli tehlike altında olan türler içermesi ile bu tip çalışmalar için büyük bir bilimsel ilgiyi üzerine çekmektedir. Bununla beraber, yüz milyon yıldan daha uzun süredir okyanuslarda yaşamını sürdüren ve doğal dengeye katkısını sunan deniz kaplumbağaları, uzun yaşam süreleri, göçmen doğası, farklı habitatlarda geçirdiği yaşam safhaları ve çok geniş yayılım alanları ile bilimsel cazibesi yüksek fakat incelenmesi zor türlerdendir.

Tipik olarak, sucul hayata uyum sağlamış olan deniz kaplumbağası türlerinde ön ve arka üyeler kürek şeklini almış, keratin plaklarla örtülü kabukları dorsoventral yönde yassılaştırmıştır. Hirayama (1998) tarafından Doğu Brezilya'da Erken Kretase dönemine (~110 milyon yıl önce) ait sedimentlerden tanımlanan 20 cm'lik *Santanachelys gaffneyi* modern deniz kaplumbağalarının bilinen ilk fosil formudur. Kretase yok oluşuna kadar dört familya (Cheloniidae, Dermochelyidae, Toxochelyidae ve Protostegidae) içinde 50 cins, yüzden fazla türle temsil edilen deniz kaplumbağaları günümüze iki familya (Cheloniidae, Dermochelyidae) ile gelebilmiştir (Pritchard, 1996).

İki familya ile temsil edilen Chelonioidea (deniz kaplumbağaları) üstfamilyası, altı cins içinde dağılan toplam yedi tür içermektedir (Bowen vd., 1992; Pritchard, 1996). Cheloniidae familyası; *Eretmochelys imbricata* (Linnaeus, 1766), *Lepidochelys kempii* (Garman, 1880), *Lepidochelys olivacea* (Eschscholtz, 1829), *Natator depressus* (Garman, 1880), *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758) ve *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758) türlerini; monotipik Dermochelyidae familyası ise *Dermochelys coriacea* (Vandelli, 1761) türünü kapsar. Ölçülebilir özellikler ve çok değişkenli morfolojik karakterlere dayalı çalışmalar sonucunda bazı araştırmacılar doğu Pasifik yeşil kaplumbağalarını farklı bir alttür [*C. mydas agassizii* (Marquez, 1990)] veya tür [*C. agassizii* (Pritchard, 1999)] olarak kabul etmişlerdir. Bununla beraber moleküler çalışmalar sonucunda doğu Pasifik yeşil kaplumbağalarının, yeşil deniz kaplumbağaları pasifik soy hattının bölgesel ve fazla pigmentli bir alt popülasyonu olduğu belirlenmiştir (Dutton vd., 1996; Karl ve Bowen, 1999; Chassin-Noria vd., 2004). *N. depressus* türü dışında, diğerlerinin nesli yok olma riski altındadır. Bu nedenle son 30 yıldan beri dünya genelinde bu türlere yoğun bir koruma programı uygulanmaktadır.

Deniz kaplumbağaları farklı ekolojik nişleri işgal ederler. *D. coriacea*, *L. olivacea*, sünger yiyen *E. imbricata* ve herbivor *C. mydas* açık denizlerde yaşarlar. *C. caretta* ve *L. kempii* daha kozmopolit diyetli kıyı karnivorları olup diğer deniz kaplumbağalarından farklı olarak genç açık denizel dönemi bulunmayan *N. depressus* ise Avusturalya, Yeni Gine ve komşu okyanuslarla sınırlı alanlarda yaşar (Bowen ve Karl, 2007).

Yaşayan yedi türden beşi; *D. coriacea*, *E. imbricata*, *L. kempii*, *C. mydas*, *C. caretta* Akdeniz'de görülürken, bunlardan Akdeniz sahillerine düzenli olarak yuva yapan sadece *C. mydas* ve *C. caretta* türleridir (Groombridge, 1990). CITES (Nesli Tehlike Altında Olan Yabani Hayvan ve Bitki Türlerinin Uluslararası Ticaretine İlişkin Sözleşme) ve Bern Anlaşması (1979) (Avrupa Doğal Hayatı ve Yaşamı Koruma Anlaşması) ile koruma altında olan her iki türde IUCN (Dünya Doğayı Koruma Birliği) kırmızı listesinde (2000) küresel düzeyde "yakın gelecekte nesli

tükenme tehlikesiyle karşı karşıya olan tür”, *C. mydas* ayrıca, Akdeniz altpopulasyonu için “kritik olarak tehlike altında olup çok yakın gelecekte nesli tükenme tehlikesiyle karşı karşıya olan tür” olarak listelenmiştir.

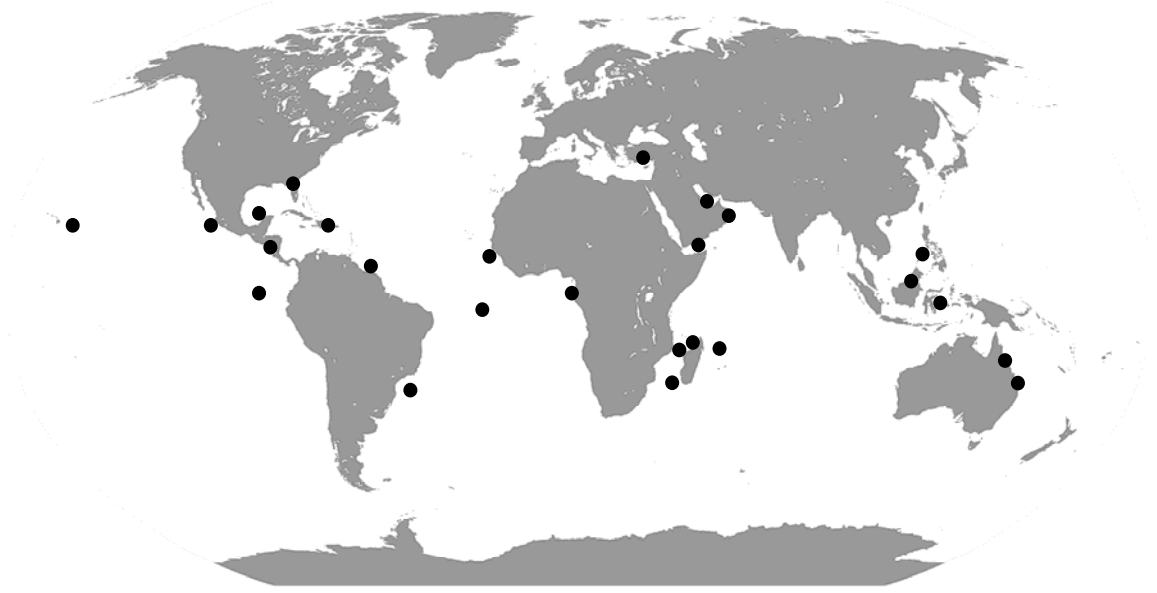
Akdeniz kıyılarında yılda ortalama 350-1750 *C. mydas* yuvasının 115-580 dişi tarafından yapıldığını tahmin eden Kasperek vd. (2001)’leri Akdeniz sahillerinde kaydedilmiş yuvaların % 99’unun Kıbrıs ve Türkiye (geri kalanların ise Lübnan, İsrail ve Mısır) olduğunu; yine bütün yuvaların % 78’inin ise Türkiye’den üç (Akyatan, Kazanlı, Samandağ), Kıbrıs’tan iki (Kuzey Karpaz, Alagadi) olmak üzere toplam beş bölgede yoğunlaştığını tespit etmişlerdir. Broderick vd. (2002)’ne göre tüm Akdeniz’de yılda 339-360 dişi yuva yapmaktadır. Buradaki genel verilerden de anlaşılacağı üzere Türkiye, Akdeniz *C. mydas* populasyonunun % 62’sinden fazlasını oluşturmaktadır. Başka bir deyişle Türkiye Akdeniz’de *C. mydas* türü için en önemli üreme ve kışlama alanıdır.

Türkiye’deki deniz kaplumbağaları üzerine yayınlanan ilk çalışma Hathaway (1972)’in *C. mydas* ve *C. caretta* yüksek ihtimalle Türkiye kıyılarında yuvaladığını tahmin ettiği çalışmadır (Canbolat, 2004). Akdeniz’de üreyen *C. mydas* stokları, geçmişte besin amaçlı aşırı tüketim nedeniyle çok ciddi bir düşüş yaşamıştır (Sella, 1982). Bu durum, son yıllarda üreme kumsallarının insanlar tarafından tahrip edilmesi, balıkçı ağlarına kazara takılan ergin bireylerin sayısının artması ve denizdeki kirlenme nedeniyle daha kötüye gitmiştir (Corbett, 1989; Groombridge, 1990; Medasset, 2000).

Daha sonra Başoğlu (1973) ve Başoğlu ve Baran (1982) İzmir, Köyceğiz ve Fethiye’den bulunan *C. caretta* türüne ait karapaks plaklarını çalışmışlardır. Türkiye’nin Akdeniz sahillerindeki bazı kumsallarında bu türün populasyon biyolojisi ve koruma çalışmaları yapılmıştır (Geldiay ve Koray, 1982; Geldiay vd, 1982; Geldiay, 1984). Bu çalışmayı takiben Baran ve Kasperek (1989) tüm Türkiye kumsallarını kapsayan ilk detaylı çalışmayı ortaya koymuşlardır. Bu çalışmanın sonucunda ülkemizde *C. caretta* ve *C. mydas* türüne ait 17 önemli üreme alanı belirlenmiştir. Bu alanlardan 13 tanesi yüksek yoğunlukta yuvalama bölgesi (Dalyan,

Dalaman, Fethiye, Patara, Kumluca, Belek, Kızılot, Demirtaş, Gazipaşa, Göksu Deltası, Kazanlı, Akyatan, Samandağ) geriye kalan dört tanesi (Ekincik, Kale, Tekirova, Anamur) ise düşük yoğunlukta yuvalama bölgeleri olarak tanımlanmışlardır. Tüm Türkiye kumsallarını kapsayan ve üreme alanlarının yeniden değerlendirilmesi çalışması tüm üreme sezonunu kapsayacak şekilde Yerli ve Demirayak (1996) tarafından yapılmıştır. Benzer bir çalışma Yerli ve Canbolat (1998a ve b) ve Yerli vd. (1998) tarafından gerçekleştirilmiş ve deniz kaplumbağaları için ilave üreme kumsalları belirlenmiştir. Bu toplam 17 yumurtlama alanının yanı sıra, 1996 (Yerli ve Demirayak, 1996) ve 1998 (Yerli ve Canbolat, 1998c) yıllarında, sırasıyla Çıralı, Akyatan ve Yumurtalık da birinci derecede önemli yumurtlama sahaları kapsamına alınmıştır.

Tek herbivor deniz kaplumbağası olan *C. mydas* testere gibi ucu bulunan alt çenesi yardımı ile bütün okyanus havzalarındaki çayırlarda beslenir. Tropik ve subtropikal sularda yayılır ve 30° Kuzey ve 30° Güney enlemleri arasında beş kıtanın sahillerinde yuva yaparlar (Şekil 1.1) (Marquez, 1990; Hirth, 1997). Beslenme ve üreme alanları arasında her 2 ila 10 yılda bir anaç dişiler yüzlerce km süren göçler yaparlar (Meylan, 1982). Fakat erkekler çiftleşmek için her yıl beslenme yerlerinden, aynı çiftleşme bölgelerine göç ederler (Dizon ve Balazs, 1982; FitzSimmons vd.; 1997a). Yeşil kaplumbağalar suda çiftleşir ve çiftleşme kıyıda biraz uzakta olur. Bir yumurtlama sezonunda 10-14 günlük periyotlarla üç veya dokuz kere yumurtlayabilir (Hirt, 1980). İki yumurtlama arasındaki periyot su sıcaklığına göre değişir ve sıcaklık arttığı zaman periyot azalır. Ascension Adası ve Kıbrıs'ta yuva yapan *C. mydas*'da iki yuvalama arasındaki zaman aralığı 10-14 gündür.

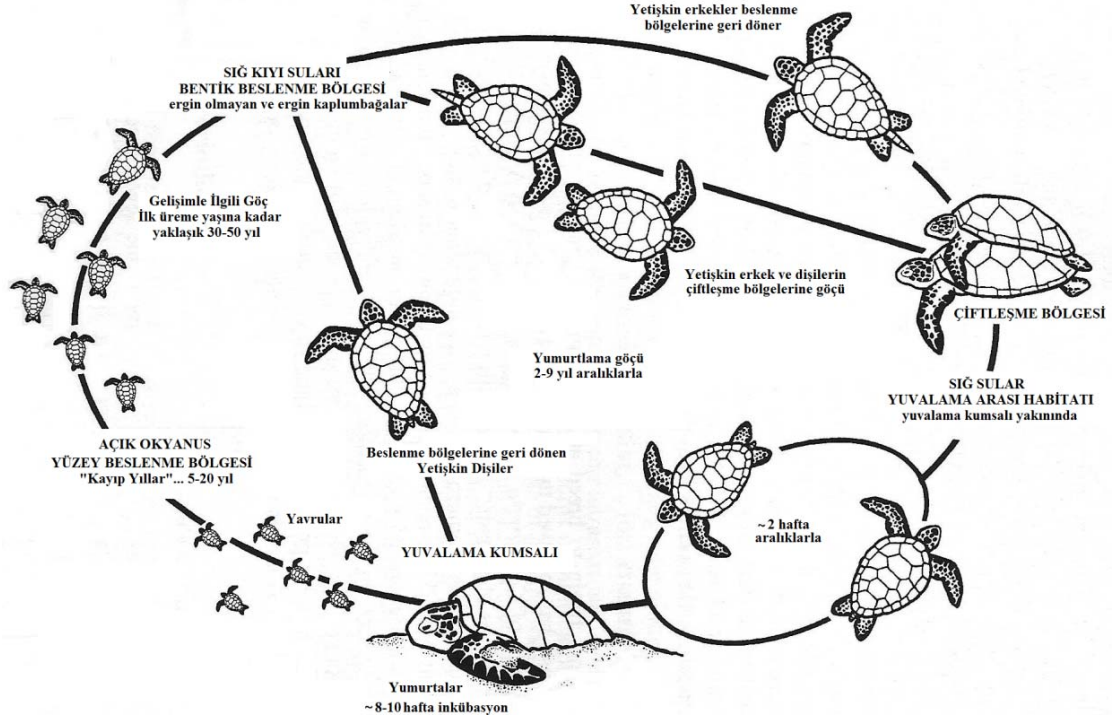


Şekil 1.1. Yeşil deniz kaplumbağasının ana yuvalama alanları ve ortalama yuva yapan dişi sayıları. Tortuguero (22500), RaineAdası (18000), Umman (6000), Komor Adaları (5200), Seyşel Adaları (4900), Sabah (3800), Ascension Adası (3400), Isla Trinidad (300), Filipinler (2600), Gine Bissau (2500), Sarawak (2000), Surinam (1800), Berau Adaları (1800), Yucatan Yarımadası (1600), Galapagos Adaları (1400), Isles Eparces (1250), Colola (850), Florida (780), Suudi Arabistan (750), Malezya Yarımadası (690), Myanmar (690), Yemen (675), Havai (580), Heron Adası (575), Ekvatoryal Gine (425), Aves Adası (265), Europa Adası (260), Türkiye (230) (Spotila, 2004).

Yeşil kaplumbağalar koloni halinde yuvalarlar ve dişiler yuvalama için aynı spesifik sahilleri kullanırlar (Carr ve Carr, 1972). Bir üreme sezonu boyunca bir dişi tipik olarak her birinde ortalama 100 yumurta bulunan üç ila dokuz yuva yapar. Sekiz hafta süren inkübasyon süresi sonrasında yumurtadan çıkan yavrular yuvadan denize doğru koşmaya başlarlar. Denize geçen yavrular açık deniz akıntıları içinde en az 24 saat çılgınca yüzerler. Pelajik zona geçen yavrular, neritik zonda beslenme alanında görülünceye kadar ortadan kaybolur. Bu birkaç yıllık dönem kayıp yıllar olarak tanımlanır (Carr, 1987). Mevcut veriler kayıp yılların okyanus akıntıları içinde sürüklenmeyle oluşan, en az birkaç yıl süren ve bütün okyanus havzasının etrafını dolaşabilen pasif bir göçü de kapsadığını göstermektedir (Bowen vd., 1995; Bolten vd., 1998; Lahanas vd., 1998). *C. mydas* yavruları önceleri karnivor ağırlıklı olarak

omnivordur (Bjorndal, 1985). Deniz anası, küçük mollusklar, krustaseler, süngerlerle beslenir. Karapaks uzunluğu 20-25 cm'ye ulaştığında otlarla beslenmeye başlarlar. Ergin yeşil deniz kaplumbağaları algler (*Chaetomorpha*, *Sargassum* ve *Hypnea*) ve deniz otları (*Thalassia*, *Syringodium*, *Halophila*, *Posidonia*, *Halodule* ve *Zostera*) ile beslenirler (Pritchard, 1976; Spotila, 2004). Bunun için genellikle deniz otları ve alglerle kaplı, kumlu, sığ, geniş ve düz deniz arazilerinde (neritik kuşakta) yiyecek arar. Yeşil deniz kaplumbağaları için önemli beslenme yerleri Nikaragua'daki Miskito Cays; Brezilya'daki sığ kıyıları, Orta Doğu'da Umman Körfezi, Arafura ve Güney Pasifik'teki Vanuatu ile Fiji arasındaki Mercan Denizi, Japon takımadalarının Pasifik kısmı ve Doğu Çin Denizi, Kaliforniya Baja'daki kıyı suları ve Kosta Rika'dan Peru'ya Amerika kıyılarıdır.

Yeşil deniz kaplumbağasında erginliğe ulaşma yaşı Atlantik için 27-33 yıl (Frazer ve Ladner, 1986), Avustralya için 30 veya üstü yıl (Limpus ve Walter, 1980) ve Havai için ise 9-58 yıl (Zug ve Balazs, 1985) olarak saptanmıştır. Ergin bireyler çiftleşme mevsimlerinde yuvalama kumsalları yakınındaki sığ sularda çiftleşmek üzere beslenme bölgelerinden göç ederler. Çiftleşme sonrası erkek kaplumbağalar beslenme bölgelerine geri dönerler. Dişiler yuvalama kumsalına yakın sığ sularda beklerler ve aynı yuvalama sezonu içinde 10-14 gün aralıklarla yuvalamak için 3-9 defa yuvalama kumsalına çıkarlar (Şekil 1.2).



Şekil 1.2. Yeşil deniz kaplumbağasının genel yaşam döngüsü [Miller (1996)'dan değiştirilerek].

Uzun olgunlaşma süresi, gizemli yayılma karakteristikleri ve izole üreme habitatları ile özdeş deniz kaplumbağaları doğrudan çalışılması zor olan karmaşık bir yaşam hikayesine sahiptir. Yavru ve genç bireylerin gelişimleri boyunca birkaç habitat arasındaki hareketleri ile yetişkinlerin beslenme ve yuvalama bölgeleri arasındaki binlerce km'ye varan göçlerinin deniz ortamında izlenmesi zordur (Carr, 1980). Bundan dolayı deniz kaplumbağaların yaşam hikayeleri hakkında bilinenlerin çoğu yuvalama kumsallarına çıkan dişilere uygulanan markalama çalışmalarından elde edilen bilgilerdir. Bunun dışında laparoskopi ile üretkenliğinin çalışılması (Limpus ve Reed, 1985), karapaks epibiotasından genel göç davranışının çıkarılması (Eckert ve Eckert, 1988) ve osteoloji ve histoloji yardımı ile büyüme oranının belirlenmesi (Rhodin, 1985; Zug vd., 1986; Klinger ve Musick, 1992) gibi doğrudan gözlemekten daha az uygun olan dolaylı yöntemlerden de bilgiler sağlanır. Açığa çıkan diğer bir yaklaşım ise deniz kaplumbağalarının doğal tarihine ve evrimine yeni

bir bakış açısı sağlayan moleküler belirteçlerin kullanıldığı analizlerdir (Bowen vd., 1992). Morfolojik karakterlere dayalı sistematik çalışmalarda, çevre etkili çeşitliliğin büyüklüğü genellikle bilinmediği gibi, gerçek evrimsel farklılıkları morfolojik esneklikten ayırt etmekte zordur. Deniz kaplumbağalarının morfolojik evriminin düşük hızı, moleküler sistematığın uygulanmasını bu hayvanlar için özellikle kullanışlı kılar. Moleküler genetik veri, sistematik anlaşmazlıkları çözmeye yardım eden yeni ve bağımsız bir kanıt hattı temin eder (Bowen ve Karl, 1996). Habitat kullanımı, filopatri, çiftleşme davranışı ve çiftleşme modelleri populasyon yapısını belirlemede önemli rol oynarlar ve moleküler teknikler deniz kaplumbağalarında gözlenmesi zor olan bu davranışların içyüzünü anlamada güçlü yöntemler sağlar (Meylan vd., 1990; Karl vd., 1992; Allard vd., 1994; Norman vd., 1994; Roberts vd., 2004; Formia vd., 2006).

Doğal populasyonların filocoğrafyası ve populasyon genetiği yaşam hikayesine çok yakından bağlıdır (Reece vd., 2005). Geniş yayımlı farklı habitatları yüksek sadakat ile kullanan deniz kaplumbağalarının yaşam hikayeleri, filocoğrafyası ve populasyon genetiğini doğrudan etkiler. Bu etkileşimden faydalanılarak sadece yuvalama kumsallarında yuva yapan dişiler ile yuvadan yeni çıkmış yavruların gözlenmesi, markalanması ve örneklenmesi üzerine odaklanmış deniz kaplumbağa araştırmalarının içerdiği önemli eksiklikler moleküler teknikler kullanılarak tamamlanabilir. Moleküler teknikler, deniz kaplumbağalarının yaşam hikayesi ve evriminin gizli bileşenlerini incelemek için uygun ekstra özelliklere sahiptir (Bowen ve Karl, 1996).

Deniz kaplumbağalarının filogenetik ilişkilerini belirlemek için araştırmacılar biyokimyasal (Ackman vd., 1971), immünolojik (Frair, 1979), protein elektroforezi (Smith, 1977; Frair, 1982; Bonhomme vd., 1987; Coates vd., 1994), mtDNA (Bowen vd., 1993; Dutton vd., 1996) ve nDNA (Karl vd., 1992) verilerini değerlendirmişlerdir (Bowen ve Karl, 1996).

Deniz kaplumbağaları ile yapılan ilk populasyon genetiği çalışması Smith vd. (1977) tarafından protein elektroforezi ile *C. caretta* ve *C. mydas* yuvalama

kumsallarının incelendiği araştırmadır (Bowen ve Karl, 2007). Muhtemelen düşük metabolizma hızı ve uzun nesil süresinden kaynaklanan düşük genetik çeşitlilik gözlenmesinden dolayı, araştırmanın mtDNA ve çekirdek DNA çalışmaları ile tekrarlanması gerekmiştir (Awise vd., 1992; Karl vd., 1992; Martin ve Palumbi, 1993). Gözlemlenen düşük varyasyon oranlarından sonra araştırmacıların çoğu mtDNA kontrol bölgesi ve mikrosatellit çalışmalarına yönelmiştir (Bowen ve Karl, 2007) (Tablo 1.1.).

Tablo 1.1. Deniz kaplumbağa popülasyonlarını tanımlamada kullanılan moleküler belirteçler (FitzSimmons vd., 1999)

| Belirteç | Kalıtımı | Popülasyon Çeşitliliği^a içinde/arasında |
|--------------------------|-----------------|---|
| Çekirdek Genomu | | |
| protein elektroforez | anasal-babasal | düşük/düşük |
| anonim tek kopya | anasal-babasal | düşük/düşük |
| mikrosatellitler | anasal-babasal | yüksek/düşük-orta |
| Mitokondri Genomu | | |
| Restriksiyon parçaları | anasal | düşük/düşük-yüksek |
| Kontrol bölgesi dizileri | anasal | düşük-yüksek/orta-yüksek |

^a Yuvaların bölgesel toplulukları içindeki ve arasındaki göreceli çeşitlilik.

Erken dönemde DNA'nın doğrudan dizilenmesi oldukça zordu. Bundan dolayı DNA dizilerinin incelenmesi, DNA dizilerini özgül olarak kesen "restriksiyon endonükleaz" adlı enzimlerle kesilerek "restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP)" analizi ile yapılmıştır (Bowen ve Karl, 1996). Örneklerin herbirinden aynı (homolog) DNA bölgesini çalışmak teknik olarak sorunludur. Başlangıçta, bu problemi yenmek için yaklaşık 17 bin nükleotitten oluşan mtDNA ile çalışılmıştır.

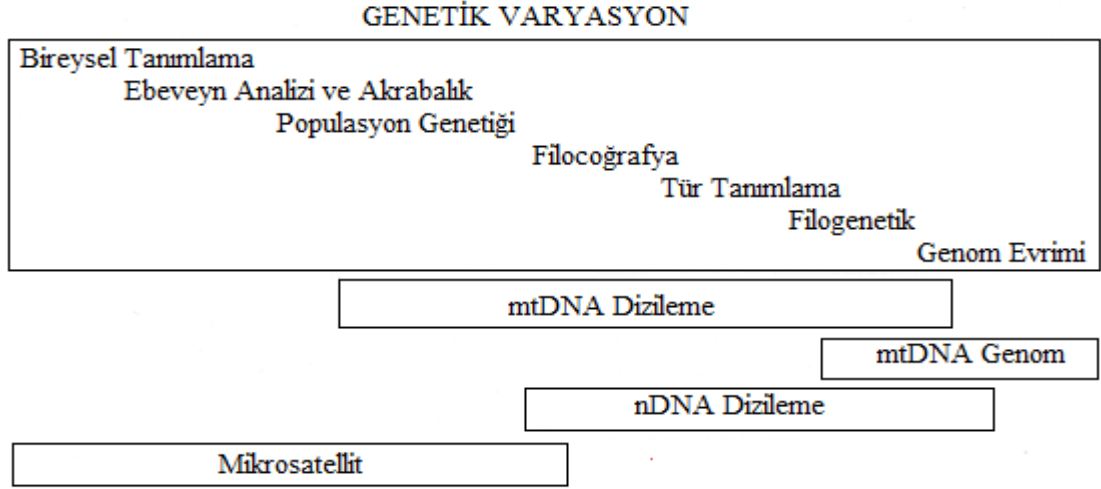
Mullis vd., (1986) tarafından geliştirilen PCR (polimeraz zincir reaksiyonu) ile bir DNA parçasını sadece az sayıdaki başlangıç molekülünden milyonlarca kopyası çoğaltılabilmektedir. Bununla DNA etkili şekilde çoğaltılıp analiz edilebilir. Bu yöntem doğal popülasyonlardan çok sayıda bireyin oldukça kolay ve zarar vermeden örneklenmesini sağlar.

C. mydas populasyonları ile yapılan markalama çalışmaları yetişkin dişi kaplumbağaların ardıl üreme dönemlerinde aynı yuvalama kumsallarına döndüğünü göstermiştir (Carr ve Ogren, 1960). Dişi kaplumbağaların gösterdiği bu davranış özelliği Carr (1967) tarafından yetişkin dişilerin yuvalamak için yumurtadan çıktıkları sahillere geri döndüğü şeklinde önerilmiştir. Hendrickson (1958) tarafından önerilmiş alternatif bir hipotez ise “sosyal davranış” hipotezidir. Buna göre ilk kez yumurtlayacak dişiler tecrübeli dişileri yuvalama kumsalına kadar takip ederler. Yumurtadan çıkmış yavruları yetişkin oluncaya kadar izleyebilmeyi olanaklı kılan bir markalama yapılamadığından, bu hipotezleri doğrudan sınamak zordur (Carr, 1986). Bunun için mtDNA gibi anasal aktarımlı karakterler kullanılarak yuvalama kumsalları arasında dişi merkezli gen akışının olup olmadığı sınanabilir. Sosyal davranış aynı beslenme bölgesini paylaşan yuvalar arasında yüksek oranda dişi merkezli gen akışına olanak sağlarken, yumurtadan çıktıkları yere sadakat davranışı yuvalama kumsalları arasında dişi merkezli gen akışına olanak vermez. Markalama çalışmaları yuvalama yapan dişilerin genel olarak aynı beslenme bölgelerine geri döndüğünü göstermiştir (Limpus vd., 1992) ve onlar beslenme çayırlarını çoğunlukla farklı yuvalardan gelen kaplumbağalarla paylaşırlar (Pritchard, 1976). Kısacası yuvalama populasyonları beslenme bölgeleri, gelişim habitatları veya göç yollarında biraraya gelirler (Bass vd., 1998; Lahanas vd., 1998; Bass ve Witzell 2000).

C. mydas mtDNA'sı halkasal çift zincirli olup, 16 497 baz çiftinden oluşur. Mitokondri DNA'sının % 90'ından fazlası kodlama yapan bölgedir ve intron içermez. mtDNA; 13 protein, 22 tRNA, 2 rRNA'yı şifreler. Protein genleri; sitokrom b, 7 NADH dehidrogenaz alt birimi, 3 sitokrom oksidaz alt birimi ve 2 ATPaz alt biriminden ibarettir. MtDNA dizi verileri filocoğrafya ve sistematik için önemli bilgilere sahiptir (Hillis vd., 1996). Yarı özerk, endosimbiyotik kökenli mtDNA haploittir. Anasal kalıtılır ve doğal seçilime uğrar. mtDNA'nın mutasyonlara yatkınlığı çekirdekdeki genlerden daha fazladır. MtDNA'daki yüksek mutasyon oranı; koruyucu histonların olmaması, DNA'nın oksidatif fosforilasyonda rolü olan serbest radikallerle karşılaşması ve sınırlı bir onarım mekanizmasına bağlıdır. Hayvan

mitokondri genomu yüksek derecede korunmuş gen içeriği ve düzenine sahiptir (Boore, 1999), intron içermez, rekombinasyon göstermez (Avisé, 1994, 2004; Moore, 1995; Sunnucks, 2000) ve herbir hücrede çok sayıda kopyası bulunur. Çekirdek genomuna nazaran mtDNA dizisinin elde edilmesi, analizi daha kolaydır. Toplamda nükleotid yer değiştirme oranı mitokondri genomunda daha yüksek (Brown vd., 1979) ve değişken karakterlerin zengin bir kaynağıdır. Bununla birlikte, hem yeni ayrılmış soyhatlarını (tür içinde ve nispeten yakın türler arasında) çalışmak için kullanışlı hızlı evrimleşen genleri hem de daha eski ayrılmaların (cinsler ve familyalar arasında) çalışılması için elverişli yavaş evrimleşen genlerin bir karışımını sunar (Engstrom vd., 2007). Mitokondri DNA, yüksek çeşitliliğe (Hudson ve Turelli, 2003) karşın, çekirdek genomuna oranla kısa birleşme zamanı ortalaması (shorter average coalescent time) ile sonuçlanan (Moore, 1995) küçük etkili populasyon büyüklüğüne sahiptir (Engstrom vd., 2007).

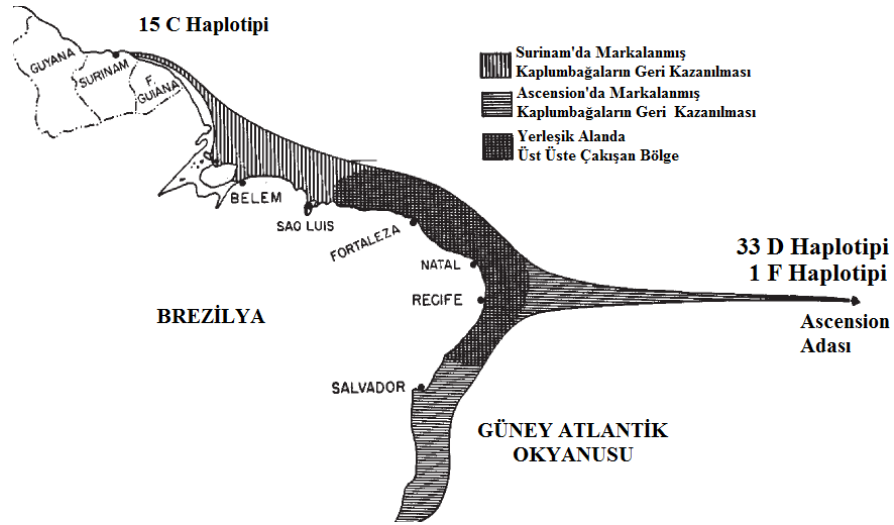
Kaplumbağa taksonları ile yapılan derin filogenetik çalışmalarında çoğunlukla yavaş evrimleşme hızına sahip 12S ve 16S rRNA (Shaffer vd., 1997; Naro-Maciel vd., 2008) ve ortalama bir evrimsel hıza sahip *sitokrom b* (*cyt b*) genleri kullanılır (Bowen vd., 1993; Spinks vd., 2004). *Cyt b*, *NADH 4* ve diğer protein şifreleyen genler, daha yakın akraba türler arasındaki (Engstrom vd., 2002; Feldman ve Parham, 2002) veya türler içindeki filocoğrafik çalışmalarda (Bowen vd., 1993; Dutton vd., 1996; Starkey vd., 2003; Spinks ve Shaffer, 2005) sıkça kullanılmaktadır. MtDNA molekülünün en hızlı evrimleşen parçalarından biri kontrol bölgesidir (d-loop). Bu bölge, bir protein kodlamaz ve DNA molekülünün replikasyon orijiniidir. MtDNA kontrol bölgesi, yüksek evrimleşme hızından dolayı populasyon ve tür içi seviyelerdeki çalışmalarda kullanılmaktadır (Şekil 1.3) (Pearse vd. 2006; Norman vd., 1994; Allard vd., 1994; Encalada vd., 1994; McGaugh vd., 2007).



Şekil 1.3. Genetik varyasyonun biyolojik sistemlerde gösteriminde bazı moleküler belirteçlerin kullanım alanları ve çözümleme gücü [McGaugh vd. (2007)'den değiştirilerek].

Bununla beraber, mtDNA'nın anasal ve bir birim olarak kalıtılması (Avisé, 1994), hibrit zonlarda tam bir çözüm sunamamasından (Ferris vd., 1983; Tegelstrom, 1987) dolayı bir türün evrimsel ve ekolojik tarihinde sınırlı bir bakış açısı sağlar. Bu yüzden mtDNA hipotezlerini sınamak için sık sık çekirdek DNA'sı verilerine ihtiyaç duyulur.

Carr (1975) ve Pritchard (1976) tarafından yapılan markalama çalışmaları Brezilya'nın beslenme çayırıklarının Surinam ve Ascension Adası yuvalama kolonilerince paylaşıldığını göstermiştir. Bu yuvalama kumsallarında yaptıkları mtDNA dizi analizi ile Bowen vd. (1992) Surinam yuvalama kumsalı bireylerinin sahip olduğu haplotiplerden hiçbiri aynı beslenme alanında yoğun olarak bir arada bulunan Ascension Adası yuvalama alanlarında gözlenmediğini tespit etmişlerdir (Şekil 1.4). Bu çalışmalardan elde edilen sonuçlardan yuva yapan dişilerin yuvalama bölgesine sadakat gösterdikleri ve yuvalama kumsalları arasında dişi kaynaklı gen akışının olmadığı anlaşılmaktadır.



Şekil 1.4. *C. mydas* Güney Atlantik yuvalama kolonilerinde görülen haplotiplerin dağılımı (Bowen vd., 1992).

C. mydas örnekleri aynı beslenme alanını farklı yuvalama kumsallarından gelenlerle paylaşırlar. Oluşan karma yapı mtDNA kullanılarak çözümlenebilir (Lahanas vd., 1998; Bass vd, 1998; Luke vd, 2004; Bass vd., 2006; Nario-Maciel vd, 2006).

C. mydas'ın küresel filoğrafyasını çözümlmek için Bowen vd. (1992) global dağılımlı 15 lokaliteden 226 örneğin mtDNA'sını incelemiş ve Karl vd. (1992) aynı popülasyonları nDNA analizi ile tekrar gözden geçirmiştir. Elde edilen mtDNA haplotiplerinin ana okyanus havzaları ile örtüşen iki topluluk içinde gruplandığını gözlemlemişlerdir. Buna göre mtDNA haplotipleri Atlantik Okyanusu ve Akdeniz ile Hint ve Pasifik Okyanusu havzaları içinde ikiye ayrılmıştır. Panama Kıstağı'nın 3 milyon yıl önce yükselmesi (Lundelius, 1987) sonucu ana okyanus havzalarının birbirinden ayrılması ile ilgili jeolojik verilerle desteklenen bu genetik model, yeşil deniz kaplumbağasının yayılışının coğrafik ve iklimsel sınırları ile de uyumludur. Popülasyonlar muhtemelen, Afrika ve Amerika'nın güney uçları çevresindeki düşük su sıcaklık derecelerinden dolayı bir izolasyon sağlar, oysa her iki bölge arasında da fiziksel bir bariyer bulunmaz (Briggs, 1974). Nitekim mikrosatellit verilerini kullanan Roberts vd. (2004) yakın bir zamanda veya devamlı olarak Hint ve Atlantik

Okyanusu havzaları içindeki populasyonlar arasında erkek merkezli gen akışı tesbit etmişlerdir. Buna ek olarak Bourjea vd. (2007) Güneybatı Hint Okyanusu'ndaki bazı yuvalama alanlarında yaptıkları mtDNA kontrol bölgesi dizileme çalışması sonucunda ilk kez Atlantik Okyanusu'na ait CM-A8 haplotipini Hint-Pasifik yuvalama kumsallarında gözlemlemişlerdir. Bu sonuçlar Afrika'nın güney ucu (Good Hope Burnu) Atlantik Okyanusu ile Hint-Pasifik Okyanusu havzaları arasında dişi merkezli gen akışına engel oluşturmadığını göstermektedir. Buna göre, daha önce farklı türler için bildirilen (Chow vd., 2000; Bowen vd., 2001; Lessios vd., 2001) Agulhas Akıntısı içinde Hint Okyanusu'ndan Atlantik Okyanusu'na doğru pasif sürüklenmelerle olan geçişlerin aksine *C. mydas* kendisi gibi aktif yüzücü olan çekiç kafalı köpekbalıklarında olduğu (Duncan vd., 2006) gibi, Atlantik Okyanusu'ndan Hint Okyanusu'na doğru aktif olarak yayılmışlardır (Bourjea vd., 2007).

Naro-Maciel vd. (2008) beş çekirdek DNA (*BDNF*, *Cmos*, *R35*, *Rag1* ve *Rag2*) ve iki mtDNA (12S ve 16S) bölgesi ile yaptıkları dizileme analizi sonucunda Atlantik ve Pasifik yeşil kaplumbağa populasyonlarının yaklaşık 7 milyon yıl önce Atlantik ve Hint-Pasifik tropikal türlerinin karışımını engelleyen (Rosen, 1988) Tetis Denizi'nin kapanmasını (14-18 milyon yıl önce, Vrielynck vd., 1997; Rögl, 1998) takip ettiğini öne sürmüşlerdir. Buna göre, Güney okyanus sıcaklığının orta ve geç Miyosen (15-17 milyon yıl öncesinden yaklaşık 6 milyon yıl öncesine kadar) boyunca azalması, yaklaşık 7 milyon yıl önce, güney rotasından yayılımı engelleyecek dercelere kadar düşmesi ile ayrılma sağlanmıştır.

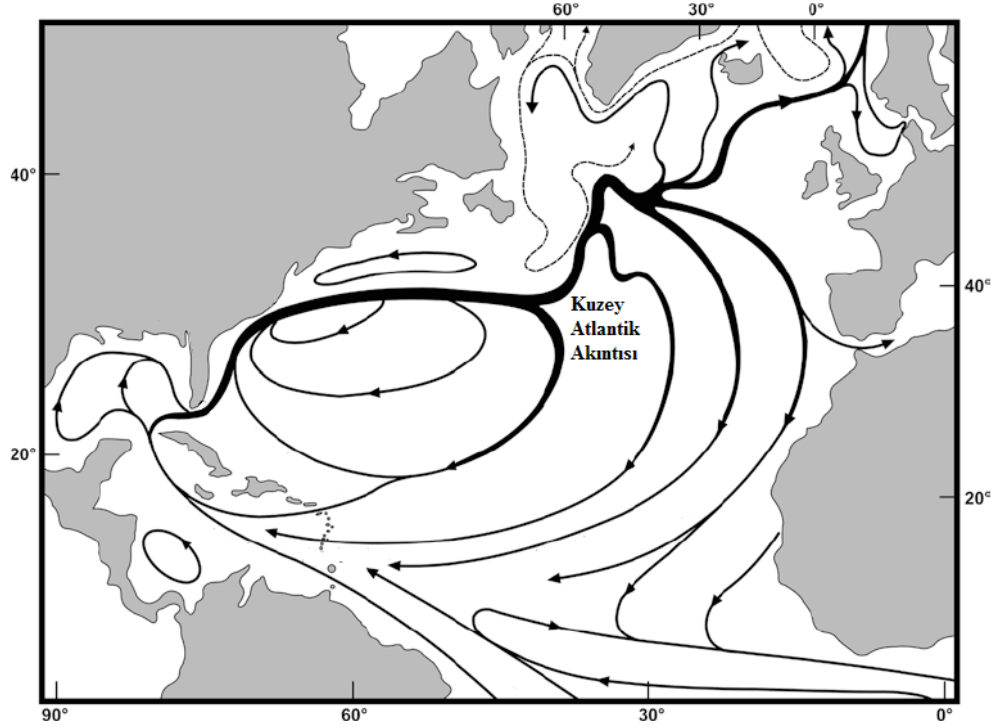
Dişi deniz kaplumbağalarının yumurtlamak için yumurtadan çıktıkları kumsallara geri dönmeleri ile ardıl sezonlarda aynı kumsala yuvalamaları, yuvalama alanları arasındaki mitokondri genomuna ait genetik ayrılmaları açıklayabilir (Reece vd. 2005). Yeşil deniz kaplumbağası yüksek derecede yuvalama bölgesine sadakat göstermekle beraber, yuvaların yaygın dağılımını açıklamak için göç hatalarının oluşması gerekir (Bowen vd., 1992). Florida yeşil deniz kaplumbağalarının önceki yuvalama alanlarından 10 km içindeki sapsmalarla yuvalama yaptıkları saptanmıştır (Carr vd., 1978; Balazs, 1980; Limpus vd., 1992). Buna karşın Dethmers vd. (2006)

ve Bourjea vd. (2007) yeşil deniz kaplumbağa popülasyonlarının 500 km'den sonra genetik farklılık gösterdiğini bildirmişlerdir.

Encalada vd. (1996) Atlantik ve Akdeniz *C. mydas* popülasyonları ile yaptıkları mtDNA dizileme çalışması sonucunda Atlantik havzası mtDNA soyhattının dağılımını açıklayan iki olası modelden bahsederler. Bunlardan ilki olan vikaryant senaryo organizmaların dağılımının parçalanmasını iklim veya jeolojik değişimler yoluyla habitatların kalıcı bölünmesi ile açıklar. İkincisi ise dispersal (yayıma) senaryo olup organizmanın tarihsel dağılım sınırlarının ötesine ara sıra geçebilme yeteneğini vurgular.

Panama Kıstağı'nın yükselmesi ile gerçekleşen vikaryant senaryo ana okyanus havzaları arasındaki dağılımı açıklarken, pleistosen dönemde (~2 milyon yıl önce) okyanus su seviyelerinin yaklaşık 100 m çekilmesinden (Bowen, 1978) kaynaklanan bir popülasyon yaşam alanı daralmasının sonucunda yeşil deniz kaplumbağalarının ekvatora yakın bölgelere çekildiğini ve buradan tekrar yayıldığını öngören dispersal senaryo Atlantik yeşil kaplumbağa popülasyonları için Karayip - Akdeniz ve Güney Atlantik - Batı Afrika gibi iki farklı evrimsel soyhattlarını açıklamaktadır (Encalada vd., 1996). Reece vd. (2005) yaptıkları çalışmada atasal Atlantik popülasyonlarının, önceki çalışmaya benzer olarak, yakın ekvatorial ve Karayip-Akdeniz altpopülasyonlarına bölündüğünü tahmin etmişlerdir.

Kuzey Atlantik genç deniz kaplumbağalarının okyanus akıntılarıyla Akdeniz'e girdiği düşünülmektedir (Carr 1987; Laurent 1990) (Şekil 1.5.). Önceki genetik çalışmalar Karayip'ten köken alan Akdeniz'deki yuvalama popülasyonlarının, *C. caretta*'da olduğu gibi Pleistosen sonu, Holosen başlarında (~10 bin yıl önce) Atlantik'ten izole olmaya başladığını göstermektedir (Bowen vd.,1992; Encalada vd., 1996).



Şekil 1.5. Kuzey Atlantik Akıntısı (Luke vd., 2004).

Mikrosatellitler veya basit dizi tekrarları (SSRs=simple sequence repeats) kodlama yapmayan, bireyden bireye farklılık gösteren, 2-6 bazdan oluşmuş, tekrar sayısı değişken tekrarlı DNA dizileridir (Tautz, 1989). Hem kodlama yapan hem de yapmayan bölgelerde bulunur ve yüksek derecede polimorfiktir. Polimorfizmin kaynağının neler olduğu tartışmaları sürmekle birlikte, DNA replikasyonu boyunca oluşan kaymaların (slippage) etkili olabileceği düşünülmektedir (Tautz ve Rentz, 1984; Levinson ve Gutman, 1987; Stephan, 1989; Weber, 1990; Schlötterer ve Tautz, 1992). Mikrosatellit lokuslarındaki evrim, yeni aleller için tek bir tekrar ünitesinin kazanılması veya kaybedilmesi ile oluşan stepwise mutasyon modelini (SMM) izler (Kimura ve Ohta, 1978; Shriver vd., 1993; Valdes vd., 1993). Bu modele alternatif olan diğer bir model, mikrosatellit lokuslarındaki yeni alellerin rekombinasyon sırasında, eşit olmayan crossing-over'dan oluştuğunu öngörür. Bu lokuslar sonsuz alel modeline (IAM, Kimura ve Ohta, 1978) göre gelişmektedir. Bununla birlikte Di Rienzo vd. (1994)'nin yaptığı bir simülasyon çalışmasında insandaki bir çok lokusta

mikrosatellit evrimsel süreci için iki fazlı mutasyon (TPM) modelinin en uygun olduğu gösterilmiştir. İki basamaklı evrimsel modelde tipik olarak yeni aleller tek bir tekrar ünitesinin kazanılması yahut kaybedilmesi ile oluşmaktadır. Bununla birlikte sık olmayan alel büyüklüğündeki büyük değişikliklerde görülmektedir. Ortaya çıkan alel sıklık dağılımı asimetrik ve çoklu model doğasındadır (Roberts vd., 2004).

Ortalama olarak mutasyon oranı her bir nesil başına her bir gamette (nesil/gamet) 10^{-2} ve 10^{-5} arasında değişmektedir (Page ve Holmes, 1998). Buna bağlı olarak dar coğrafik alanlardaki bireyler ve populasyonlar arasındaki farklılıkları çözümleyebilir (Bruford ve Wayne, 1993).

Mikrosatellitler hem anadan hemde babadan (ikili atasal) kalıtılan ko-dominant (eş-baskın) belirteçlerdir. Mikrosatellitler genellikle seçici nötral olarak düşünülürler ve basit Mendel kalıtımı gösterdiklerinden genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde yararlı ve kullanışlıdır. Kaplumbağalarda mikrosatellitler, populasyon genetiği (FitzSimmons vd., 1997a, b; Pearce, 2001; Chassin-Noria vd., 2004; Roberts vd., 2004; Bowen vd., 2005; Rivalan vd., 2006; Carreras vd., 2007; Lee vd., 2007; Naro-Maciel vd., 2006), moleküler evrim (Dutton, 1995; FitzSimmons vd., 1995), koruma genetiği (Fitzsimmons vd., 1997b; Roberts vd., 2004; Bowen vd., 2005; Cunningham vd., 2002; Pearse vd., 2006) ve babalık tespiti (Peare ve Parker, 1996; FitzSimmons, 1998; Peare vd., 1998; Ireland vd., 2003) çalışmalarında kullanılmaktadır (Engstrom vd., 2007; McGaugh vd., 2007) (Şekil 1.3). Ek olarak türler arası hibritleşmenin kaplumbağa biyolojisinde gelecekteki yerini belirlemede (Roy vd., 1994, 1996; Williams vd., 2005) ve yaban hayattaki kaçak avlanmaların kriminal incelemelerinde mikrosatellitler kullanılır (Manel vd., 2002).

Akdeniz *C. mydas* populasyonunun Atlantik populasyonundan izole olması, genetik çeşitliliğinde anlamlı derecede azalma ile sonuçlanmıştır. Genetik çeşitliliğin kaybı, potansiyel olarak soyiçi üremenin ve genetik sürüklenmenin artması nedeniyle zararlı alellerin baskısının artmasına ve populasyondaki bireylerin uyum gücünün azalmasına neden olur. Genetik çeşitlilikteki böyle bir azalma küçük populasyonlarda daha hızlı meydana gelir ve türlerin koruma çalışmalarında oldukça önemlidir.

Karl vd. (1992) Surinam ve Ascension Adası popülasyonlarına ait mtDNA ve mikrosatellit verilerini karşılaştırarak popülasyonlar arasında mtDNA haplotipleri açısından tam bir ayrılmanın olduğunu, buna karşın mikrosatellit sonuçlarında ayrılmanın görülmediğini, dolayısıyla popülasyonlar arasında erkek merkezli gen akışı olduğunu tesbit etmişlerdir.

Dişi deniz kaplumbağalarının yuvalama bölgesine gösterdikleri sadakat, aynı beslenme alanlarının farklı yuvalama alanlarından gelenlerce paylaşılması durumları anasal kalıtılan mtDNA ile çözümlenebilir. Buna karşın popülasyonlar arasında erkek merkezli gen akışının olup olmadığı ile aynı yuvaya birden fazla erkeğin katkıda bulunup bulunmadığı sorularının cevabı ancak ikili atasal kalıtılan mikrosatellit gibi çok değişken çekirdek DNA parçalarının araştırılması ile cevaplanabilir (FitzSimmons vd., 1997a; Ireland vd., 2003; Roberts vd., 2004).

Akdeniz sahillerinde kaydedilmiş yuvaların % 99'unun Kıbrıs ve Türkiye olduğu bilinmesine karşın (Kasperek vd., 2001) Akdeniz *C. mydas* popülasyonlarına ait moleküler çalışmalar az sayıda olup, yalnız Kıbrıs'dan alınmış az sayıda örneklerle yapılmıştır. İlk çalışma Bowen vd. (1992) tarafından mtDNA'nın restriksiyon endonülez enzimleriyle sindirilmesine dayalı RFLP analizidir (10 örnek). Bu sonuçlar Karl vd. (1992) tarafından aynı örneklerin anonim tek kopyalı çekirdek DNA bölgelerinin RFLP analiz sonuçları ile kıyaslanmıştır. MtDNA kontrol bölgesi dizi analizi Encalada vd. (1996) ile Kaska (2000) tarafından yapılmış ve toplamda 17 bireyden iki farklı haplotip elde edilmiştir. *C. mydas*'ın Türkiye'deki yuvalama alanları ile ilgili bir çalışma hali hazırda bulunmamaktadır.

Bu çalışmada Kuzey Kıbrıs ve Türkiye'nin Akdeniz sahillerinin yer aldığı Kuzeydoğu Akdeniz'deki *C. mydas*'ın farklı yuvalama kumsallarından toplanan örnekleri mtDNA kontrol bölgesi dizi analizi ve mikrosatellit lokusları analiz edilerek popülasyon genetik yapısının belirlenmesi amaçlandı. Elde edilen veriler *C. mydas*'ın diğer coğrafyalarda yayılış gösterilenleriyle karşılaştırılarak filoğrafyaları ortaya konmaya çalışıldı. Veriler bir bütün olarak bu türün koruma genetiği açısından değerlendirilmiştir.

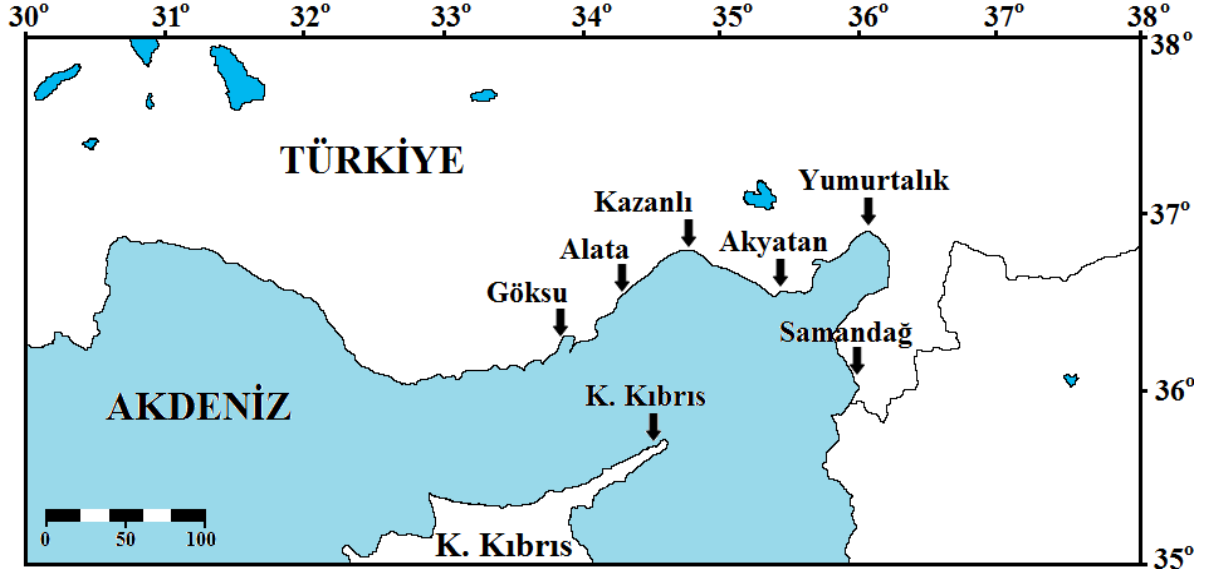
2. MATERYAL VE METOT

2.1. *Chelonia mydas* Örneklerinin Toplanması

Çalışma için Türkiye ve Kuzey Kıbrıs'ın yeşil deniz kaplumbağasına ait yedi yuvalama kumsalından (Şekil 2.1) toplanan örnekler kullanıldı (Tablo 2.1). Yuva örneklerinin tamamı, yaklaşık 10-14 günlük döngülerle bir sezonda genellikle 2-4 kez yuvalayan dişileri (Hirth, 1997) yeniden örneklemeden kaçınmak için 10 günlük periyotlar içinde alındı. Her bir yuvadan tek bir ölü yavru sağ ön yüzgeci veya ölü embriyo örneği alınarak, % 95'lik etanol (v/v) içerisinde tespit edilerek, çalışmanın sonraki basamakları için saklandı.

Tablo 2.1. *Chelonia mydas* örneklerine ait lokalite bilgileri

| Yuvalama Sahili | Tarih | Koordinatlar | | Yuva sayısı |
|------------------|-------|--------------|--------------|-------------|
| Akyatan-Adana | 2006 | K36° 22' 11" | D35° 07' 19" | 48 |
| Akyatan-Adana | 2007 | K36° 20' 03" | D35° 11' 40" | 29 |
| Akyatan-Adana | 2008 | | | 15 |
| Alata-Mersin | 2007 | K36° 22' 46" | D34° 12' 43" | 5 |
| Alata-Mersin | 2008 | K36° 22' 02" | D34° 12' 50" | 17 |
| Göksu-Mersin | 2008 | K36° 22' 11" | D35° 07' 19" | 2 |
| | | K36° 20' 03" | D35° 11' 40" | |
| Kazanlı-Mersin | 2007 | K36° 29' 13" | D34° 26' 41" | 19 |
| Kazanlı-Mersin | 2008 | K36° 28' 58" | D34° 28' 22" | 6 |
| Kuzey Kıbrıs | 2002 | K35° 36' 00" | D34° 19' 53" | 35 |
| | | K35° 38' 31" | D34° 33' 27" | |
| Samandağ-Hatay | 2006 | | | 10 |
| Samandağ-Hatay | 2007 | K36° 04' 30" | D35° 03' 33" | 5 |
| Samandağ-Hatay | 2008 | K36° 00' 21" | D35° 35' 20" | 11 |
| Yumurtalık-Adana | 2006 | K36° 20' 23" | D35° 20' 11" | 9 |
| Yumurtalık-Adana | 2008 | K36° 30' 12" | D35° 32' 16" | 14 |
| Toplam | | | | 225 |



Şekil 2.1. *Chelonia mydas* örneklerinin toplandığı yuvalama kumsalları.

2.2. Toplam Genomik DNA İzolasyonu

Toplam genomik DNA, ölü yavru sağ ön yüzgeci veya ölü embriyodan eşit miktarda alınan dokudan Hillis ve Moritz'in (1990) standart fenol-kloroform DNA izolasyon protokolünde bazı değişiklikler yapılarak izole edildi.

Alkolü uzaklaştırılan örneklerden 0.1 g tartılarak, mikrosantrifüj tüplerine konuldu ve üzerlerine 500 µl STE (0.1 M NaCl, 0.05 M Tris ve 0.001 M EDTA, pH 8.0) tamponu ilave edildi. Steril bir makasla dokular iyice parçalandı. Üzerlerine 25 µl proteinaz K (Sigma, 10 mg/ml) eklenerek karıştırıldı. 50 µl SDS (% 10'luk) ilave edilen tüpler 2 saat 55 °C'de, zaman zaman alt-üst edilerek, inkübe edildi. İnkübasyondan sonra üzerlerine eşit hacimde PCI (Fenol:kloroform:izoamil alkol 25:24:1; v:v:v) eklenen tüpler yavaşça alt-üst edildi ve oda sıcaklığında 5 dk bekletildi. Karışım 12 800 g'de 5 dk santrifüj edildi. Bir mikropipet yardımıyla üst berrak tabaka alınarak yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. Bu sırada orta tabakanın (interfaz) bozulmamasına dikkat edildi. Üzerlerine eşit hacimde ikinci kez PCI ilave edilip oda sıcaklığında alt-üst edilerek 5 dk bekletildikten sonra, 12 800 g'de 5 dk santrifüj edildi. Orta fazın benzer şekilde bozulmamasına dikkat edilerek, mikropipetle üst berrak tabaka alındı ve yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı.

Üzerlerine 1 ml soğuk mutlak etanol ilave edilerek 20 dk buz üzerinde bekletildi. DNA gözle görününceye kadar tüpler yavaşça alt üst edildi. Örnek 1 dk 12 800'de santrifüj edilerek çöktürüldü. Alkol uzaklaştırıldı. Çöktürülen DNA'dan alkolü tamamen uzaklaştırmak için, tüpler 37 °C'de 5-10 dk inkübe edildi. Pellet 250 µl TE (1 mM Tris-HCl, pH 7.5, 0.1 mM EDTA) içinde çözdürüldü. Çalışma için +4 °C'de saklandı.

2.3. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi

İzole edilerek TE tamponu içerisinde çözdürülen DNA örneklerinin spektrofotometre ile 260 nm dalgaboyunda soğurumları okundu. Soğurum verilerinden yararlanılarak aşağıdaki formülle çift zincirli DNA derişimi hesaplandı:

$$C_{DNA} = O.D._{260nm} \times S.K. \times 50$$

O.D.- Optik Dansite (260 nm'de okunan absorbans değeri).

S.K.- Sulandırma katsayısı.

50 - 260 nm'de 1 optik dansite, çift iplikli DNA konsantrasyonunda 50 mg/ml'sine denk gelir.

Derişimleri belirlenen DNA örnekleri daha sonra % 1'lik agaroz jelde yürütülerek kalitesi belirlendi.

2.4. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

2.4.1.1. MtDNA Reaksiyon Koşulları

Mitokondri DNA analizinde; *tRNA-Thr* (son 29 bç'i), *tRNA-Pro* (70 bç) ve *d-loop* bölgesinin bir kısmını da (ilk 769 bç'i) kapsayan yaklaşık 940 bç uzunluğunda mitokondri DNA parçası çalışıldı. Bunun için;

LCM15382 5'- GCT TAA CCC TAA AGC ATT GG -3' ve

H950 5'- GTC TCG GAT TTA GGG GTT TG -3'

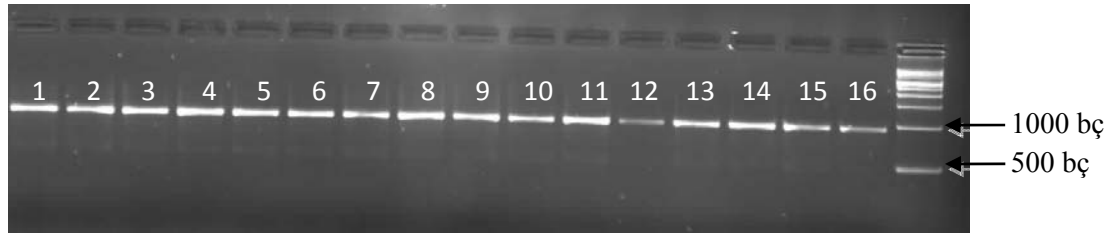
oligonükleotidleri (Abreu-Grobois vd., 2006) kullanılarak PCR (Mastercycler Personel, Eppendorf, Almanya) ile mtDNA kontrol bölgesi çoğaltıldı (Şekil 2.2).



Şekil 2.2. *C. mydas* mtDNA analizinde kullanılmış tüm oligonükleotid çiftlerinin karşılaştırma şeması [Abreu-Grobois vd. (2006)'den değiştirilerek]. Çalışma için LCM15382 ve H950 oligonükleotidleri kullanıldı.

MtDNA kontrol bölgesi, son hacimde 4 ng/ μ l kalıp DNA (100 ng/ μ l), 1x *Taq* tamponu [10x *Taq* Buffer; 100 mM Tris-HCl (pH 8.8), 500 mM KCl, % 0.8 Nonidet P40; Fermentas, MBI], 1.5 mM MgCl₂ (25 mM; Fermentas, MBI), 0.1 mM dNTP karışımı (herbir dATP, dTTP, dCTP, dGTP 0.5 mM; Fermentas, MBI), 0.02 U/ μ l *Taq* polimeraz (5 U/ μ l; Fermentas, MBI), 0.2 pmol/ μ l LCM15382 ve H950 oligonükleotidleri (her biri 25 pmol/ μ l) 25 μ l reaksiyon hacminde steril distile su ile tamamlanarak PCR ile çoğaltıldı. Amplifikasyon için; 94 °C 30 sn, 65 °C 1 dk ve 72 °C 1 dk PCR sıcaklık profili 35 döngü boyunca uygulandı.

PCR ürünleri % 1'lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 2.3).



Şekil 2.3. mtDNA kontrol bölgesi PCR ürünleri.

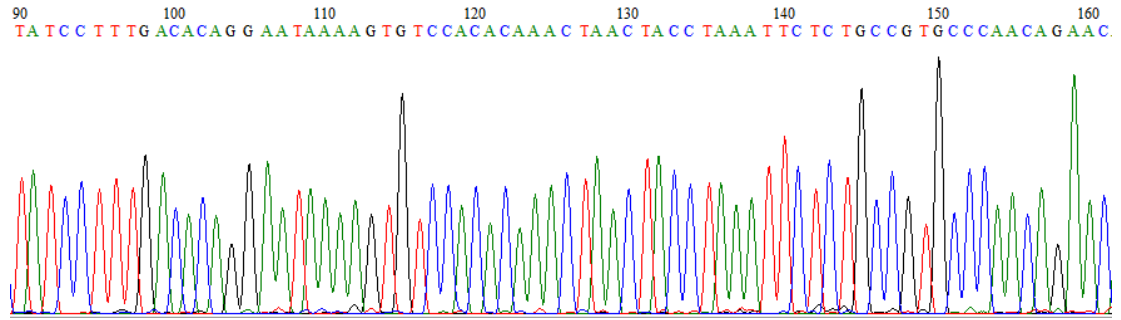
Agaroz jelde kontrol edilen PCR ürünleri PCR temizleme kiti (GenElute PCR Clean-Up Kit, Sigma, Almanya) kullanılarak temizlendi. Kitle temizlenen örnekler % 1'lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 2.4).



Şekil 2.4. PCR temizleme kitinden geçirilmiş PCR ürünleri.

2.4.1.2. MtDNA Dizi Analizi

PCR temizleme kitinden geçirilen ve agaroz jelle kontrol edilen mtDNA örneklerine, enzimatik sentez yöntemi (Sanger ve Coulson, 1975) kullanılarak geliştirilmiş bir kapiller sistemle (Automatic Sequencer 3730xl) otomatik DNA dizi analizi yaptırıldı (Macrogen Inc., Güney Kore). DNA dizi analiz sonuçları BioEdit ver 7.0.9 (Hall, 1999) programı (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>) kullanılarak görüntüledi (Şekil 2.5). DNA dizi verileri, Clustal W çoklu dizi hizalama programı (Clustal W multiple sequence alignment program) (<http://www.clustalw.genome.jp/>) ile hizalandı. Gözle de kontrol edilen hizalama dizileri arasında uzunluk farklılıkları olması nedeniyle örneklerin başlangıç ve sonlanma noktalarından hizalamalar yapıldı. Her bir örneğin dizi uzunluğu 862 baz çifti olarak hizalandı. Sonuçlar daha önce tanımlanmış haplotiplerle (GenBank; <http://ncbi.nlm.nih.gov> ve Archie Carr Center for Sea Turtle Research= ACCSTR; <http://accstr.ufl.edu>) kıyaslandı.



Şekil 2.5. BioEdit 7.0.9 programı tarafından DNA dizilerinin görüntülenmesi.

2.4.1.3. MtDNA Veri Analizi

Yuvalama kumsallarının haplotip (h) ve nükleotid (π) çeşitliliği (Nei, 1987) ile yuvalama kumsalı çiftleri arasındaki genetik uzaklık (γ_{st} , Gamma_{st}) (Nei, 1982) DNAsp ver 4.50 (Rozas vd., 2003) kullanılarak hesaplandı. Yakın farklı örnekleme alanları arasındaki genetik farklılıklar, DNAsp paketindeki CHIRXC (Zaykin ve Pudovkin, 1993) programı kullanılarak, Z_s^* (Hudson vd. 1992) ve X^2 (ki-kare) testleri (Cuadras, 1983) ile değerlendirildi. Aralarında istatistiksel farklılık tespit

edilemeyen örnekleme alanları aynı populasyon grubuna dahil edildi. Yuvalama bölgelerinin coğrafik yakınlıkları ve istatistiksel verilere dayalı populasyon gruplamaları yapılarak Arlequin ver 3.1 (Excoffier vd., 2006) programı ile AMOVA (analysis of molecular variance approach = moleküler varyasyon yaklaşımının analizi) analizi (Excoffier vd., 1992) yapıldı. AMOVA ile haplotip sıklıklarına dayalı genetik varyasyonun gruplar arasında, grup içi yuvalama kumsalları arasında ve yuvalama kumsalları içindeki dağılımı, istatistiksel önem dereceleri belirlenerek (1023 permütasyon) tespit edildi.

Etkili populasyon büyüklüğü (N_e), *Ameiurus nebulus* adlı balığın mtDNA kontrol bölgesi için saptanmış mutasyon oranı ($\mu = 1.29 \times 10^{-5}$) kullanılarak

$$\pi = 2N_e \cdot \mu \text{ (Chen and Herbert 1999)}$$

formülünden tekrar hesaplandı. Her yuvalama kumsalı çifti arasındaki göç oranı (gen akışı);

$$Nm = 0.5 (1/\gamma_{st} - 1) \text{ (Takahata ve Palumbi, 1985)}$$

eşitliği kullanılarak tekrar hesaplandı.

Yuvalama kumsallarının bugünkü genetik yapılarının oluşmasında etkili olan evrimsel güçleri test etmek için Nested Clade Analysis (NCA) (Templeton, 1998; Templeton, 2001) uygulandı. Templeton vd. (1992) de tanımlanan haplotiplerin istatistiksel “köksüz tutumluluk ağı” (Unrooted parsimony network) TCS v1.02 (Clement vd., 2000) adlı bilgisayar programı kullanılarak oluşturuldu. Halotip ağı ile haplotiplerin coğrafik yerleşimleri arasında önemli bir bağlantının olup olmadığı Geodis 2.0 (Posada vd., 2000) bilgisayar programı kullanılarak NCA ile test edildi.

2.4.2.1. Mikrosatellit Reaksiyon Koşulları

Daha önceki çalışmalarda deniz kaplumbağaları için tanımlanmış altı mikrosatellit lokusu çalışıldı (Tablo 2.2). Mikrosatellit lokusları DY 549, 6-FAM ve NED floresans boyaları ile 5' ucu etiketlenmiş oligonükleotidler kullanılarak PCR ile çoğaltıldı. Amplifikasyonda kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve floresans etiket bilgileri Tablo 2.2'de verilmiştir.

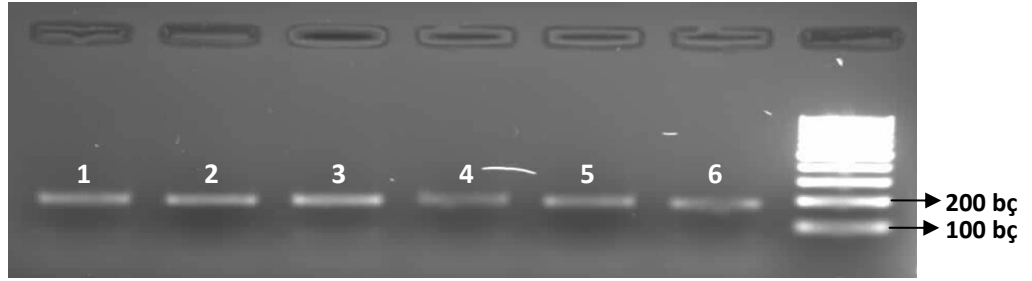
Tablo 2.2. Mikrosatellit analizinde kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve boya özellikleri

| Lokus | Oligonükleotid Dizisi | Floresans Boya |
|-----------------------------|--|----------------|
| <i>Cm-72^a</i> | 5'- CTA TAA GGA GAA AGC GTT AAG ACA -3' 5'- CCA AAT TAG GAT TAC ACA GCC AAC -3' | 5': DY 549 |
| <i>Cm-84^a</i> | 5'- TGT TTT GAC ATT AGT CCA GGA TTG -3' 5'- ATT GTT ATA GCC TAT TGT TCA GGA -3' | 5': 6-FAM |
| <i>Cc-117^a</i> | 5'- TCT TTA ACG TAT CTC CTG TAG CTC -3' 5'- CAG TAG TGT CAG TTC ATT GTT TCA -3' | 5': DY 549 |
| <i>Cc-7^b</i> | 5'- TGC ATT GCT TGA CCA ATT AGT GAG -3' 5'- ACA TGT ATA GTT GAG GAG CAA GTG -3' | 5': NED |
| <i>Cm-141^c</i> | 5'- CAG CAG GCT GTC AGT TCT CCA C -3' 5'-TAG TAC GTC TGG CCT GAC TTT -3' | 5': HEX |
| <i>Ccar-176^d</i> | 5'- GGC TGG GTG TCC ATA AAA GA -3' 5'- CCC TAA GTA AAG ATT GGC TGC T -3' | 5': 6-FAM |

1- FitzSimmons vd., 1995; 2- FitzSimmons, 1998; 3- FitzSimmons vd., 1996; 4- Moore ve Ball, 2002.

Her bir mikrosatellit lokusu, son hacimde 4 ng/μl kalıp DNA (100 ng/μl), 1x *Taq* tamponu [10x *Taq* Buffer; 100 mM Tris-HCl (pH 8.3), 500 mM KCl, 15 mM MgCl₂, % 0.01 jelatin; Sigma], 1.5 mM MgCl₂ (25 mM; Fermentas, MBI), 0.1 mM dNTP karışımı (herbir dATP, dTTP, dCTP, dGTP 0.5 mM; Fermentas, MBI), 0.5 U/μl *Taq* polimeraz (5 U/μl; Fermentas, MBI), oligonükleotid çiftinin herbirinden 0.24 pmol/μl (her biri 20 pmol/μl) 25 μl reaksiyon hacminde steril distile su ile tamamlanarak PCR ile çoğaltıldı. Çoğaltmak için; 94 °C 45 sn, 55 °C 1 dk ve 72 °C 1 dk PCR sıcaklık profili 32 döngü boyunca uygulandı.

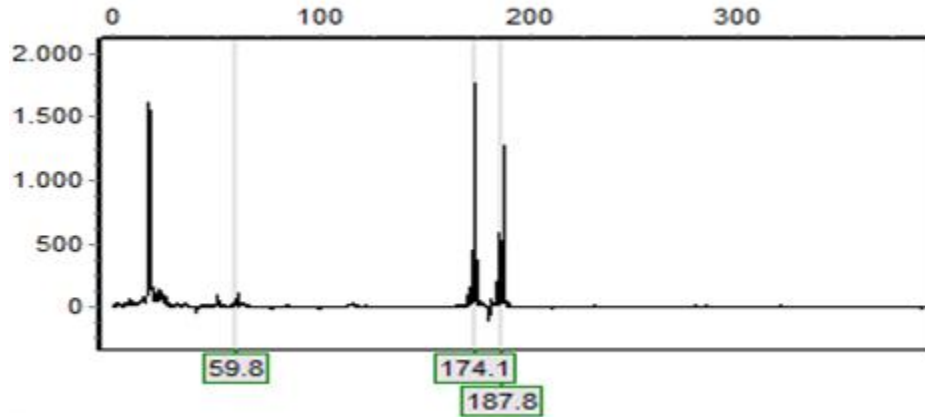
PCR ürünleri % 1'lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 2.6).



Şekil 2.6. PCR ürünleri (*Cc-7* lokusu).

2.4.2.2. Mikrosatellit Veri Analizi

Mikrosatellit alel büyüklükleri ABI 3730 Automated DNA Analyzer (Applied Biosystems) ile belirlendi (Macrogen Inc., Güney Kore). Alel büyüklükleri Genemake v1.8 (SoftGenetics LLC™) programı kullanılarak hesaplandı (Şekil 2.7).



Şekil 2.7. Bir bireye ait *Cc-7* lokusunun grafik görüntüsü.

Populasyonlara göre lokusların alel sayısı (k), beklenen heterozigotluk (H_B ; gen çeşitliliği) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri hesaplandı. Populasyon çiftleri arasındaki genetik uzaklık (F_{st}) belirlendi ve populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı ile lokuslar arasında bağlantı dengesizliğinin varlığı test edildi. Populasyon çiftleri arasındaki farklılığını belirlemek için P (olasılık) değerleri, Markov chain randomization (Guo ve Thompson, 1992) ile hesaplandı. Bütün bu istatistiksel analizler Genepop v 4.0 (Rousset, 2008) kullanılarak yapıldı. Yakın tarihlerde populasyonlarda meydana gelmiş olası darboğazları tespit etmek için iki

fazlı mutasyon modeli (TPM) kullanılarak, Wilcoxon testi uygulandı (Bottleneck ver. 1.2; Cornuet ve Luikart, 1996).

Etkili populasyon büyüklüğü (N_e), FitzSimmons (1998)'daki verileri kullanarak Ellegren (2000) tarafından hesaplanan *C. mydas* deniz kaplumbağası için ortalama, dinükleotid tekrar mutasyon oranı (2×10^{-3}) ile hesaplandı. Mutasyon oranlarının en az ve en büyük değerleri (en az: 9.6×10^{-3} ; en büyük: 5.7×10^{-4}) kullanılarak mutasyon oranının değişim çeşitliliği hesaplandı. Etkili populasyon büyüklüğünün (N_e) değişim (varyasyon) aralığını tespit etmek için iki model test edildi. Bunlar;

$H = 4N_e\mu/(1+4N_e\mu)$ formülünden tespit edilen sonsuz-alel (infinite-allele) modeli (IAM: Kimura ve Crow, 1964) ile,

$H = 1-(1/\sqrt{1+8N_e\mu})$ formülünden tespit edilen stepwise mutasyon modeli (SMM: Ohta ve Kimura, 1973)dir.

Yeni varyantları oluşturmada mutasyondan daha etkili olan populasyonlar arası gen akışı oranı iki farklı yolla hesaplandı. İlk olarak yuvalama kumsalı çiftleri arasındaki genetik uzaklık değerlerinden (F_{st}) yararlanılarak aşağıdaki formülle hesaplandı.

$$Nm = 1/4[1/F_{st}-1] \text{ (Wright, 1951).}$$

Yuvalama kumsalları arası gen akışı (M) ayrıca, Coalescent Yaklaşımına (Beerli ve Felsenstein, 1999) dayalı Bayesian Metodu kullanılarak Migrate-n ver. 3.0.3 ile (Beerli, 2002) hesaplandı.

Yuvalama kumsalları arası coğrafik uzaklıklara ve istatistiksel verilere dayalı populasyon gruplamaları yapılarak Arlequin ver. 3.1 (Excoffier vd., 2006) programı ile AMOVA analizi (Excoffier vd., 1992) yapıldı. AMOVA ile alel sıklıklarına dayalı genetik varyasyonun gruplar arasında, grup içi populasyonlar arasında ve populasyonlar içindeki dağılımı, istatistiksel önem dereceleri belirlenerek (1023 permütasyon), tespit edildi.

3. BULGULAR

3.1. Mitokondri DNA Bulguları

Türkiye ve Kuzey Kıbrıs sahillerindeki yedi *C. mydas* yuvalama kumsalından 225 örneğin mtDNA kontrol bölgesi dizileme çalışmasından toplam altı farklı haplotip elde edildi (Tablo 3.1). Bunlardan ikisi CM-A13 ve CM-A14 haplotipleri (Encalada vd., 1996; Kaska, 2000) Akdeniz popülasyonu için önceki çalışmalarda verilmişken, Kuzey Karolayna ve Küba beslenme popülasyonlarında saptanmış olan CM-A27 haplotipi (Lopez vd., 2000; Naro-Maciel vd., 2006) Akdeniz yuvalama popülasyonları için ilk kayıt olarak belirlenmiştir. Geri kalan üç haplotip *C. mydas* için yeni kayıtlar olup ACCSTR'e ait internet sitesinde (<http://accstr.ufl.edu/cmmtDNA.html>) CM-A61, CM-A62 ve CM-A63 adıyla yayınlandı. Buna göre çalışmada elde edilen altı haplotipten hem Atlantik hem de Akdeniz'de tespit edilmiş olan CM-A27 haplotipi dışındakiler sadece Akdeniz'de saptanmıştır.

Tablo 3.1. *C. mydas* yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip dağılımı (Heteroplazmi çeşitleri; **A:** CM-A13 ve CM-A 27, **B:** CM-A 13 ve CM-A61, **C:** CM-A13 ve CM-A63)

| | CM-A13 | CM-A14 | CM-A27 | CM-A61 | CM-A62 | CM-A63 | A | B | C | Toplam |
|-------------------|------------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|------------|
| Akyatan | 90 | - | 1 | - | - | - | 1 | - | - | 92 |
| Alata | 21 | - | - | - | - | 1 | - | - | - | 22 |
| Göksu | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 |
| Kazanlı | 24 | - | - | 1 | - | - | - | - | - | 25 |
| K. Kıbrıs | 32 | 2 | - | - | 1 | - | - | - | - | 35 |
| Samandağ | 25 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 26 |
| Yumurtalık | 22 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | 23 |
| Toplam | 216 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 225 |

Yuvalama kumsallarından elde edilen altı mtDNA haplotipine karşılık gelen polimorfik bölgelerdeki baz değişimleri belirlendi (Tablo 3.2).

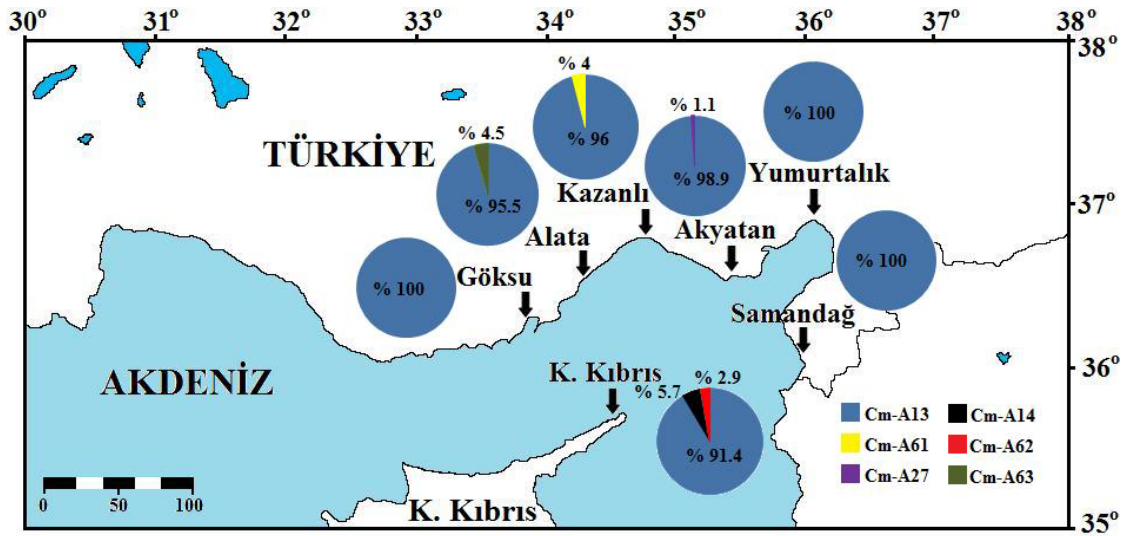
Tablo 3.2. *C. mydas* yuvalama kumsallarına ait altı mtDNA haplotipine karşılık gelen polimorfik bölgeler. Polimorfizmler dört transversiyon ve bir transisyondan (*) oluşmaktadır

| Haplotip \ Baz Sırası | 186 | 242 | 326 | 458 | 471 |
|-----------------------|-----|-----|-----|-----|-----|
| CM-A13 | C | A | A | C | A |
| CM-A14 | . | . | . | A | . |
| CM-A27 | . | G* | . | . | . |
| CM-A61 | . | . | G* | . | . |
| CM-A 62 | . | . | . | . | G* |
| CM-A63 | T* | . | . | . | . |

C. mydas yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip sıklıklarının yuvalama alanlarına göre dağılımı belirlendi (Tablo 3.3). Heteroplazmi gösteren bireyler, heteroplazmi durumlarını belirleyici başka analizler yapılmadığından değerlendirme dışı tutuldu. Baskın olan CM-A13 haplotipi en düşük Kuzey Kıbrıs'ta (% 91.4), en yüksek ise Göksu, Samandağ ve Yumurtalık'ta (% 100) bulundu. Diğer haplotipler içerisinde en yüksek sıklığa CM-A14 (KuzeyKıbrıs, % 5.7), en düşük CM-A27 (% 1) olarak belirlendi. Toplamda ise sıklığı en yüksek olan CM-A13 (% 97.3)'ün ardından sırasıyla CM-A14 (% 0.9); CM-A27, CM-A61, CM-A62, CM-A63 (% 0.45) olarak belirlendi (Şekil 3.1).

Tablo 3.3. *C. mydas* yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip sıklıkları

| | CM-A13 | CM-A14 | CM-A27 | CM-A61 | CM-A62 | CM-A63 |
|-------------------|--------------|--------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| Akyatan | 0.989 | - | 0.011 | - | - | - |
| Alata | 0.955 | - | - | - | - | 0.045 |
| Göksu | 1 | - | - | - | - | - |
| Kazanlı | 0.960 | - | - | 0.040 | - | - |
| K. Kıbrıs | 0.914 | 0.057 | - | - | 0.029 | - |
| Samandağ | 1 | - | - | - | - | - |
| Yumurtalık | 1 | - | - | - | - | - |
| Toplam | 0.973 | 0.009 | 0.0045 | 0.0045 | 0.0045 | 0.0045 |



Şekil 3.1. *C. mydas* yuvalama kumsallarına ait mtDNA d-loop haplotip sıklıkları.

Yuvalama kumsallarına ait haplotip (h) ve nükleotid (π) çeşitliliği ile etkili popülasyon büyüklüğü (N_e) belirlendi (Tablo 3.4, Tablo 3.5).

Tablo 3.4. Yuvalama kumsallarına ait örnekleme yıllarına göre haplotip (h), nükleotid (π) çeşitliliği

| Kumsal | Tarih | Birey | Haplotip | h | π |
|---------------|-------|-------|----------|---------|---------|
| Akyatan | 2006 | 47 | 2 | 0.04255 | 0.00005 |
| Akyatan | 2007 | 29 | 1 | 0 | 0 |
| Akyatan | 2008 | 15 | 1 | 0 | 0 |
| Alata | 2007 | 5 | 1 | 0 | 0 |
| Alata | 2008 | 17 | 2 | 0.11765 | 0.00014 |
| Göksu | 2008 | 2 | 1 | 0 | 0 |
| Kazanlı | 2007 | 19 | 2 | 0.10526 | 0.00012 |
| Kazanlı | 2008 | 6 | 1 | 0 | 0 |
| K. Kıbrıs | 2002 | 35 | 3 | 0.16471 | 0.00019 |
| Samandağ | 2006 | 9 | 1 | 0 | 0 |
| Samandağ | 2007 | 5 | 1 | 0 | 0 |
| Samandağ | 2008 | 11 | 1 | 0 | 0 |
| Yumurtalık | 2006 | 8 | 1 | 0 | 0 |
| Yumurtalık | 2008 | 14 | 1 | 0 | 0 |
| Toplam | | 222 | 6 | 0.05340 | 0.00006 |

Tablo 3.5. Yuvalama kumsallarına ait haplotip (h), nükleotid (π) çeşitliliği ve etkili popülasyon büyüklüğü (N_e)

| | Birey | Haplotip | h | π | N_e |
|-------------------|-------|----------|--------|---------|-------|
| Akyatan | 91 | 2 | 0.0220 | 0.00003 | 1 |
| Alata | 22 | 2 | 0.0909 | 0.00011 | 4 |
| Göksu | 2 | 1 | 0 | 0 | - |
| Kazanlı | 25 | 2 | 0.0800 | 0.00009 | 3 |
| K. Kıbrıs | 35 | 3 | 0.1647 | 0.00019 | 7 |
| Samandağ | 25 | 1 | 0 | 0 | - |
| Yumurtalık | 22 | 1 | 0 | 0 | - |
| Toplam | 222 | 5 | 0.0534 | 0.00006 | 2 |

Yıllara göre homojen bir dağılım göstermeyen genetik çeşitlilik toplamda çok az ($h_T=0.0534$, $\pi_T= 0.00006$) olup, üç yuvalama kumsalı (Göksu, Samandağ ve Yumurtalık) monomorfiktir ($h=0$). Üç haplotip içeren Kuzey Kıbrıs yuvalama kumsalının en yüksek gen çeşitliliğine ($h=0.16471$) sahip olduğu, onu sırası ile iki haplotip içeren Alata, Kazanlı ve Akyatan yuvalama kumsallarının (0.0909, 0.0800 ve 0.0220) izlediği belirlendi.

Etkili popülasyon büyüklüğü düşük nükleotid çeşitliliğine bağlı olarak yuvalama kumsallarının tamamında ve toplamında 8'den küçük bulundu (Tablo 3.5).

Yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırmalarına ait X^2 (haplotip bazlı analiz) ve Z^* (nükleotid, sekans bazlı analiz) testi analizleri sonucunda Akyatan ile Kuzey Kıbrıs yuvalama kumsalları arasında istatistiksel olarak anlamlı ($0.01 < P < 0.05$) bir genetik farklılık belirlendi (Tablo 3.6). Genetik uzaklık (γ_{st}) verilerinin de bu sonucu desteklediği görüldü (Tablo 3.6). Bu durum yuvalama alanlarının farklı gruplar arasında dağıtılması için, diğer yuvalama kumsallarıyla olan coğrafik yerleşim açısından, yeterli olmamakla beraber, gruplandırma gerektiren sonra ki analizlerde Türkiye ve Kuzey Kıbrıs olmak üzere iki grup oluşturularakta analiz yapıldı.

Tablo 3.6. *C. mydas* yuvalama kumsallarına ait mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) değerleri ile yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık dereceleri ile göç oranları (Nm)

| | γ_{st} | X^2 | Z^* | Nm |
|----------------------------|---------------|---------------|---------------|--------------|
| Akyatan-Alata | 0.0196 | 0.1108 | 0.3150 | 25.1 |
| Akyatan-Göksu | 0 | 0.8815 | 0.6970 | - |
| Akyatan-Kazanlı | 0.0170 | 0.1400 | 0.3880 | 28.9 |
| Akyatan-K.Kıbrıs | 0.0269 | 0.0397 | 0.0140 | 18.1 |
| Akyatan-Samandağ | 0 | 0.5986 | 0.5970 | - |
| Akyatan-Yumurtalık | 0 | 0.6214 | 0.6710 | - |
| Alata-Göksu | 0.0040 | 0.7581 | 0.8440 | 126.1 |
| Alata-Kazanlı | 0.0219 | 0.3648 | 0.9050 | 22.3 |
| Alata-K.Kıbrıs | 0.0213 | 0.3207 | 0.5270 | 23.0 |
| Alata-Samandağ | 0.0247 | 0.2812 | 0.4150 | 19.7 |
| Alata-Yumurtalık | 0.0233 | 0.3117 | 0.5600 | 21.0 |
| Göksu-Kazanlı | 0.0031 | 0.7732 | 0.1420 | 161.8 |
| Göksu-K.Kıbrıs | 0.0027 | 0.9109 | 0.9850 | 184.7 |
| Göksu-Samandağ | 0 | - | - | - |
| Göksu-Yumurtalık | 0 | - | - | - |
| Kazanlı-K.Kıbrıs | 0.0213 | 0.3111 | 0.5020 | 23.0 |
| Kazanlı-Samandağ | 0.0204 | 0.3124 | 1.0 | 24.0 |
| Kazanlı-Yumurtalık | 0.0191 | 0.3430 | 1.0 | 25.6 |
| K.Kıbrıs-Samandağ | 0.0204 | 0.3237 | 0.3770 | 24.0 |
| K.Kıbrıs-Yumurtalık | 0.0189 | 0.3696 | 0.5700 | 25.9 |
| Samandağ-Yumurtalık | 0 | - | - | - |

Genetik uzaklık (γ_{st}) değerlerine bağlı, yuvalama kumsalları çiftleri arasındaki gen akışı (göç oranı, Nm) değerlerinin 18.1 ile 184.7 arasında büyük değişkenlik gösterdiği belirlendi (Tablo 3.6). Gen akışı en düşük Akyatan-Kuzey Kıbrıs (18.1), en yüksek ise Göksu-Kuzey Kıbrıs (184.7) arasında ölçüldü. Göksu değerlendirme dışı tutulduğunda ise gen akışı değerlerinin 18.1 (Akyatan-Kuzey Kıbrıs) ile 28.9 (Akyatan-Kazanlı) arasında değiştiği görüldü.

Yuvalama bölgelerinin coğrafik yakınlıkları ve istatistiksel verilere dayalı yuvalama kumsalları gruplamaları yapılarak moleküler varyans analizi (AMOVA) yapıldı (Tablo 3.7.a, b, c).

Tablo 3.7.a: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 6; **1:** Akyatan; **2:** Alata ve Göksu; **3:** Kazanlı; **4:** K. Kıbrıs; **5:** Samandağ ve **6:** Yumurtalık)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---------------------------------------|----------|----------------|-------------------|----------------|
| Gruplar Arasında | 0.00330 | 12.19 | 0.12188 F_{CT} | 0.21701 |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | -0.00256 | -9.45 | -0.10764 F_{SC} | 1.0 |
| Yuvalama Kumsalları İçinde | 0.02636 | 97.26 | 0.02736 F_{ST} | 0.01662 |

Tablo 3.7.b: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 5; **1:** Akyatan; **2:** Alata, Göksu ve Kazanlı; **3:** K. Kıbrıs; **4:** Samandağ ve **5:** Yumurtalık)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---------------------------------------|---------|----------------|-------------------|----------------|
| Gruplar Arasında | 0.00004 | 0.15 | 0.02336 F_{CT} | 0.58553 |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.00070 | 2.57 | 0.02569 F_{SC} | 0.28739 |
| Yuvalama Kumsalları İçinde | 0.02636 | 97.29 | 0.02714 F_{ST} | 0.01564 |

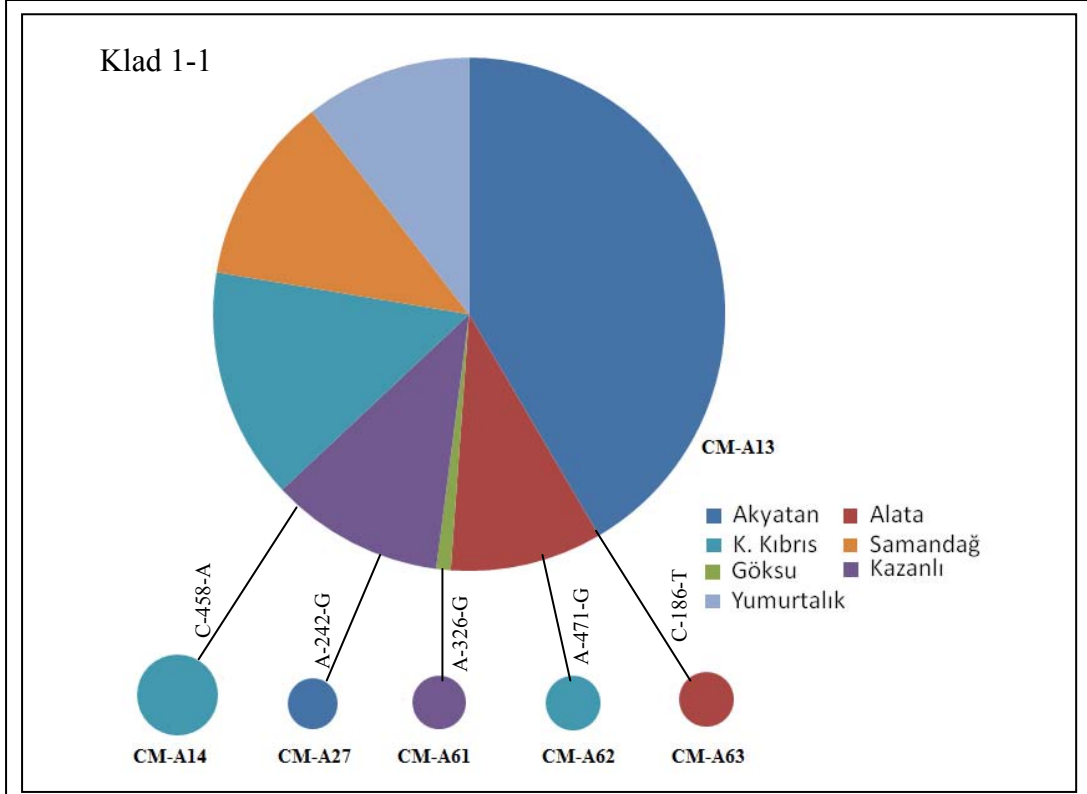
Tablo 3.7.c: Gruplar ve yuvalama kumsalları arasındaki moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 2; **1:** Akyatan, Alata, Göksu, Kazanlı, Samandağ ve Yumurtalık **2:** K. Kıbrıs)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---------------------------------------|---------|----------------|-------------------|----------------|
| Gruplar Arasında | 0.00179 | 6.33 | 0.06327 F_{CT} | 0.13490 |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.00011 | 0.39 | 0.00418 F_{SC} | 0.06940 |
| Yuvalama Kumsalları İçinde | 0.02636 | 93.28 | 0.06718 F_{ST} | 0.01369 |

Moleküler varyans analizi sonucunda, yapılan üç farklı gruplandırmada da genetik varyasyonun yuvalama kumsalları içinde en fazla olduğu (en az %93.28) gözlemlendi ($P < 0.05$). Gruplar arasında ise anlamlı bir genetik varyasyon belirlenemedi ($P > 0.05$).

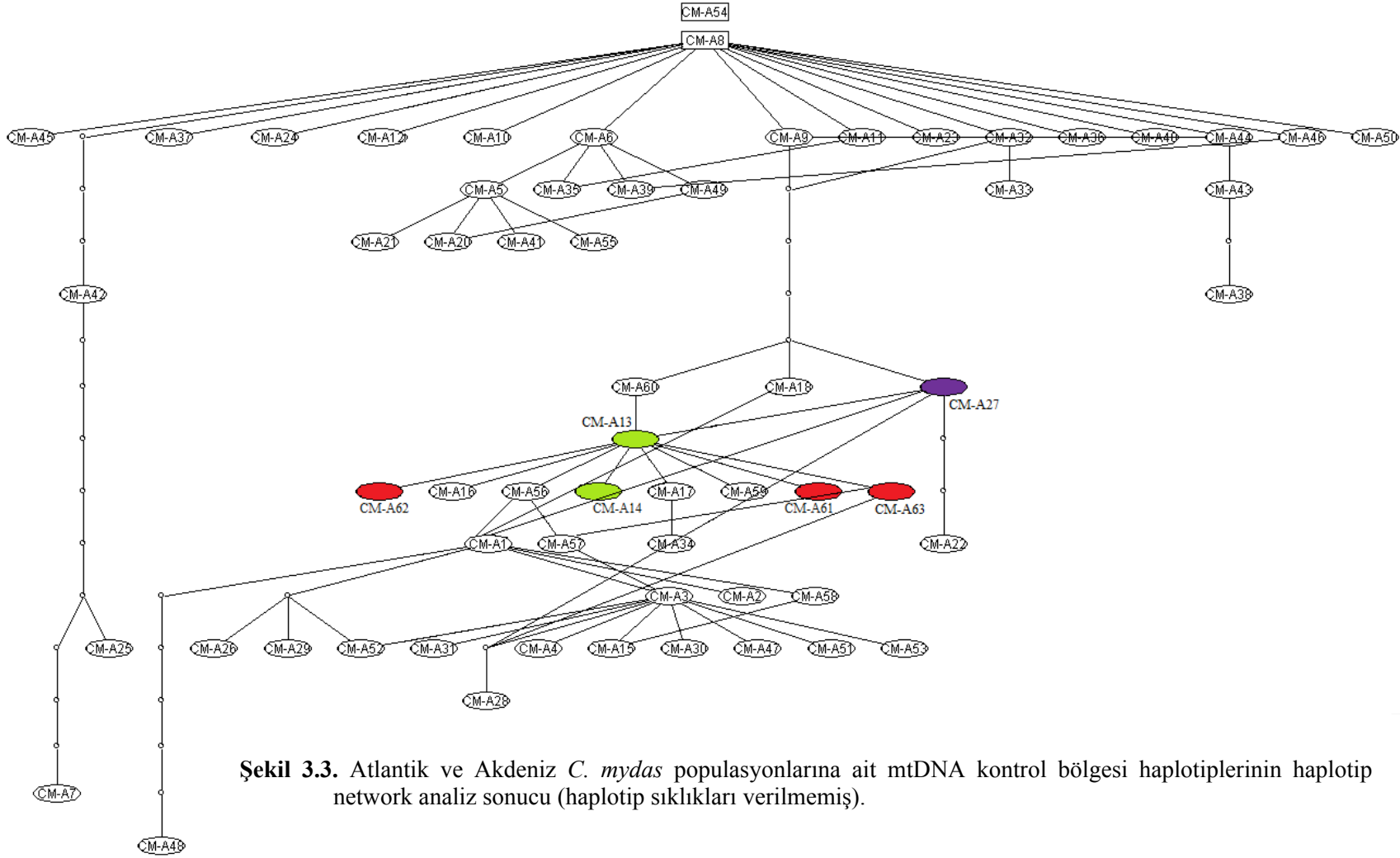
Haplotiplerin istatistiksel “köksüz tutumluluk ağı” oluşturuldu. Halotip ağı ile haplotiplerin coğrafik yerleşimleri arasında önemli bir bağlantının olmadığı tespit edildi (Şekil 3.2).

Atlantik ve Akdeniz *C. mydas* populasyonlarına ait yayınlanmış (ACCSTR; <http://accstr.ufl.edu>) mtDNA kontrol bölgesi haplotiplerinin, haplotip tutumluluk ağı analizi yapıldı (haplotip sıklıkları verilmemiş, Şekil 3.3). Bu çalışma da belirlenen, Akdeniz populasyonuna ait mtDNA kontrol bölgesi haplotiplerinin, Atlantik populasyonuna ait haplotipleri de içeren ayrı bir soyhattı içinde toplandığı gözlemlendi.



| Klad | Altklad | Dc | Dn |
|----------|---------|----------|-----------|
| Klad 1-1 | CM-A14 | T 0.0 | 85.6747*1 |
| | CM-A63 | T 0.0 | 33.1997 |
| | CM-A27 | T 0.0 | 60.0301 |
| | CM-A61 | T 0.0 | 29.9548 |
| | CM-A62 | T 0.0 | 85.6747 |
| | CM-A13 | I 63.174 | 63.3023 |
| | I-T | 63.174 | -0.0658 |

Şekil 3.2. NCA analizine dayalı mtDNA haplotiplerinin tahmini kladogramı. Pasta tipi grafiklerin herbiri, bir haplotipin popülasyonlardaki sıklığını temsil etmektedir. Pasta tipi grafiklerin büyüklüğü, ifade ettiği haplotipin sıklığına bağlıdır. Tam çizgiler haplotipleri % 95'ten daha yüksek bir olasılığa sahip olan tek bir mutasyonel değişimle bağlamaktadır. Tablo her bir yuva soyhattı için NCA sonuçlarını göstermektedir. Her bir alt soyhattı için Dc (soyhattı) ve Dn (nested soyhattı) uzaklıkları verilmiştir. IT, bir soyhattın da iki veya daha fazla alt soyhattı olduğu durumlarda grup içerisinde uçtaki ve içteki soyhattı arasındaki uzaklıklardaki ortalama farklılığı göstermektedir (I: önemli derecede büyük).



Şekil 3.3. Atlantik ve Akdeniz *C. mydas* popülasyonlarına ait mtDNA kontrol bölgesi haplotiplerinin haplotip network analiz sonucu (haplotip sıklıkları verilmemiş).

3.2. Mikrosatellit (nDNA) Bulguları

Türkiye ve Kuzey Kıbrıs sahillerindeki yedi *C. mydas* yuvalama kumsalından 232 örnekten altı farklı mikrosatellit lokusu çalışıldı (Tablo 3.8). Lokuslardan biri monomorfik (*Cm-141*) olup, diğerlerin de alel sayısı 8 (*Ccar-176*) ile 34 (*Cm-72*) arasında değişmektedir.

Altı lokus için toplamda ortalama 12.67 olan alel sayısı, polimorfik lokuslar içinde en az *Ccar-176* (4.71) ve en yüksek ise *Cm-72* (15.43) lokusundan saptandı. Yumurtlama kumsallarında gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri ise en düşük ($H_G = 0.2917$) Göksu ve en yüksek ($H_G = 0.7046$) Yumurtalık yuvalama bölgesinde saptanmıştır (Tablo 3.9). Monomorfik *Cm-141* lokusu ile iki örnekten oluşan Göksu yuvalama kumsalı değerlendirme dışı tutulduğunda lokuslardaki en yüksek alel sayıları şu şekilde belirlendi. En yüksek alel sayısı *Cc-7* lokusunda Kuzey Kıbrıs (10 alel), *Ccar-176* lokusunda Akyatan (7 alel), *Cc-117* lokusunda Akyatan, Alata, Kuzey Kıbrıs ve Yumurtalık (10 alel), *Cm-72* lokusunda Akyatan (29 alel) ve son olarak *Cm-84* lokusunda Akyatan (17 alel) yuvalama kumsallarında belirlendi (Tablo 3.9).

Tablo 3.8. Yuvalama kumsallarına göre birey ve mikrosatellit alellerinin dağılımı (Ort:ortalama).

| | Birey | <i>Cm-141</i> | <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | Toplam |
|-------------------|-------|---------------|-------------|-----------------|---------------|--------------|--------------|--------|
| Akyatan | 100 | 1 | 9 | 7 | 10 | 29 | 17 | |
| Alata | 22 | 1 | 9 | 3 | 10 | 16 | 9 | |
| Göksu | 2 | 1 | 2 | 1 | 2 | 3 | 1 | |
| Kazanlı | 28 | 1 | 9 | 5 | 9 | 12 | 8 | |
| K. Kıbrıs | 33 | 1 | 10 | 5 | 10 | 17 | 12 | |
| Samandağ | 25 | 1 | 8 | 6 | 8 | 14 | 10 | |
| Yumurtalık | 22 | 1 | 8 | 6 | 10 | 17 | 9 | |
| Toplam | 232 | 1 | 10 | 8 | 10 | 34 | 17 | |
| Ort | | 1 | 7.71 | 4.71 | 8.43 | 9.43 | 15.43 | 12.67 |

Tablo 3.9. *C. mydas* örneklerinin mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort: Ortalama; SS: Standart Sapma)

| | | Akyatan | Alata | Göksu | Kazanlı | K.Kıbrıs | Samandağ | Yumurtalık | Ort. |
|----------------------|----------------------|----------|--------|-------|---------|----------|----------|------------|--------|
| <i>Cm-141</i> | N | 182 | 42 | 2 | 50 | 58 | 48 | 42 | |
| | k | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| | 181 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | |
| | H_G | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | H_B | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Cc-7</i> | N | 180 | 42 | 2 | 52 | 58 | 46 | 40 | |
| | k | 9 | 9 | 2 | 8 | 10 | 8 | 8 | 7.71 |
| | 174 | 0.2889 | 0.1905 | 0 | 0.3077 | 0.2586 | 0.1739 | 0.2750 | |
| | 176 | 0.1056 | 0.0714 | 0.5 | 0.0577 | 0.0345 | 0.1304 | 0.1500 | |
| | 178 | 0.0556 | 0.1190 | 0.5 | 0.0385 | 0.0517 | 0.1957 | 0.0100 | |
| | 180 | 0.0500 | 0.1190 | 0 | 0.0769 | 0.0690 | 0.1522 | 0.0750 | |
| | 182 | 0.2167 | 0.2143 | 0 | 0.2885 | 0.02931 | 0.1957 | 0.2250 | |
| | 184 | 0.0167 | 0.0714 | 0 | 0 | 0.0172 | 0 | 0.0250 | |
| | 186 | 0.0611 | 0 | 0 | 0.0769 | 0.0690 | 0.0652 | 0.0750 | |
| | 188 | 0.1722 | 0.1190 | 0 | 0.1154 | 0.1034 | 0.0435 | 0.0750 | |
| | 190 | 0.0333 | 0.0476 | 0 | 0.0385 | 0.0690 | 0 | 0 | |
| | 192 | 0 | 0.0476 | 0 | 0 | 0.0345 | 0.0435 | 0 | |
| | H_G | 0.8225 | 0.8821 | 0.5 | 0.8038 | 0.8307 | 0.8646 | 0.8408 | 0.7921 |
| | H_B | 0.8444 | 0.8571 | 1 | 0.9231 | 0.8621 | 0.8261 | 1 | 0.9018 |
| | <i>Ccar-176</i> | N | 182 | 42 | 2 | 50 | 60 | 48 | 42 |
| k | | 7 | 3 | 1 | 5 | 5 | 6 | 6 | 4.71 |
| 165 | | 0.0604 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0208 | 0.0238 | |
| 166 | | 0.0165 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| 167 | | 0.2582 | 0.4286 | 0 | 0.1400 | 0.3167 | 0.1458 | 0.2381 | |
| 168 | | 0.2747 | 0.2619 | 1 | 0.3200 | 0.2333 | 0.4792 | 0.2857 | |
| 169 | | 0.0549 | 0 | 0 | 0.0400 | 0.0667 | 0.0625 | 0,1667 | |
| 170 | | 0.3242 | 0.3095 | 0 | 0.4800 | 0.3500 | 0.2708 | 0.2619 | |
| 171 | | 0.0110 | 0 | 0 | 0 | 0.0333 | 0 | 0.0238 | |
| 172 | | 0 | 0 | 0 | 0.02 | 0 | 0.0208 | 0 | |
| H_G | | 0.7518 | 0.6738 | 0 | 0.6683 | 0.7356 | 0.6938 | 0.7905 | 0.6163 |
| H_B | | 0.3846 | 0.4286 | 0 | 0.2 | 0.3667 | 0.2917 | 0.4762 | 0.3068 |

Tablo 3.9.'un devamı

| | Akyatan | Alata | Göksu | Kazanlı | K.Kıbrıs | Samandağ | Yumurtalık | Ort. | |
|----------------------|----------------------|--------|--------|---------|----------|----------|------------|--------|--------|
| N | 180 | 44 | 4 | 48 | 64 | 48 | 44 | | |
| k | 10 | 10 | 2 | 9 | 10 | 8 | 10 | 8.43 | |
| Cc-117 | 234 | 0.0667 | 0.0682 | 0 | 0.0625 | 0.0625 | 0 | 0.0227 | |
| | 238 | 0.1056 | 0.0227 | 0 | 0.2292 | 0.1406 | 0.0625 | 0.0455 | |
| | 240 | 0.0111 | 0.0227 | 0 | 0.0417 | 0.0156 | 0.0208 | 0.0909 | |
| | 242 | 0.1389 | 0.1818 | 0 | 0.1667 | 0.1094 | 0.1042 | 0.1136 | |
| | 244 | 0.1667 | 0.1818 | 0 | 0.2708 | 0.1406 | 0.4375 | 0.2500 | |
| | 246 | 0.0778 | 0.1591 | 0 | 0.0833 | 0.1094 | 0.0625 | 0.0455 | |
| | 248 | 0.0889 | 0.0682 | 0 | 0.0625 | 0.0938 | 0.1042 | 0.0909 | |
| | 250 | 0.2056 | 0.2273 | 0.5 | 0.0417 | 0.2031 | 0.1042 | 0.2045 | |
| | 257 | 0.1278 | 0.0227 | 0.5 | 0.017 | 0.1094 | 0.1042 | 0.1136 | |
| | 259 | 0.0111 | 0.0455 | 0 | 0.042 | 0.0156 | 0 | 0.0227 | |
| | H_G | 0.8695 | 0.8658 | 0.5 | 0.8451 | 0.8841 | 0.7726 | 0.8658 | 0.8004 |
| | H_B | 0.8556 | 0.7727 | 1 | 0.7917 | 0.8750 | 0.7917 | 0.9545 | 0.8630 |
| N | 182 | 44 | 4 | 48 | 64 | 46 | 44 | | |
| k | 17 | 9 | 1 | 8 | 12 | 10 | 9 | 9.43 | |
| Cm-84 | 323 | 0.0055 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| | 326 | 0.0110 | 0 | 0 | 0 | 0.0156 | 0.0435 | 0 | |
| | 327 | 0.0879 | 0.0455 | 0 | 0.1042 | 0.1094 | 0.1304 | 0.0682 | |
| | 328 | 0.0110 | 0.0227 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0682 | |
| | 332 | 0.0714 | 0 | 0 | 0.0417 | 0.0469 | 0.0435 | 0.0909 | |
| | 333 | 0.1429 | 0.2500 | 0 | 0.2083 | 0.1875 | 0.1087 | 0.1136 | |
| | 336 | 0.0275 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0313 | 0 | 0.1136 | |
| | 338 | 0.3077 | 0.2273 | 1 | 0.3125 | 0.2188 | 0.2609 | 0.2500 | |
| | 339 | 0.0110 | 0 | 0 | 0.0208 | 0 | 0.0435 | 0 | |
| | 340 | 0.0110 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| | 342 | 0.0275 | 0.0227 | 0 | 0.0208 | 0.0625 | 0.0435 | 0.0682 | |
| | 343 | 0.0055 | 0 | 0 | 0 | 0.0313 | 0.0217 | 0 | |
| | 344 | 0.0055 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| | 345 | 0.0165 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0313 | 0 | 0 | |
| | 346 | 0.0934 | 0.0909 | 0 | 0.1458 | 0.0469 | 0.0870 | 0.0455 | |
| | 347 | 0.1484 | 0.2955 | 0 | 0.1458 | 0.2031 | 0.2174 | 0.1818 | |
| 348 | 0.0165 | 0 | 0 | 0 | 0.0156 | 0 | 0 | | |
| H_G | 0.8438 | 0.8084 | 0 | 0.8188 | 0.8659 | 0.8607 | 0.8755 | 0.7247 | |
| H_B | 0.7692 | 0.6364 | 0 | 0.8750 | 0.8438 | 0.7826 | 0.8182 | 0.6750 | |

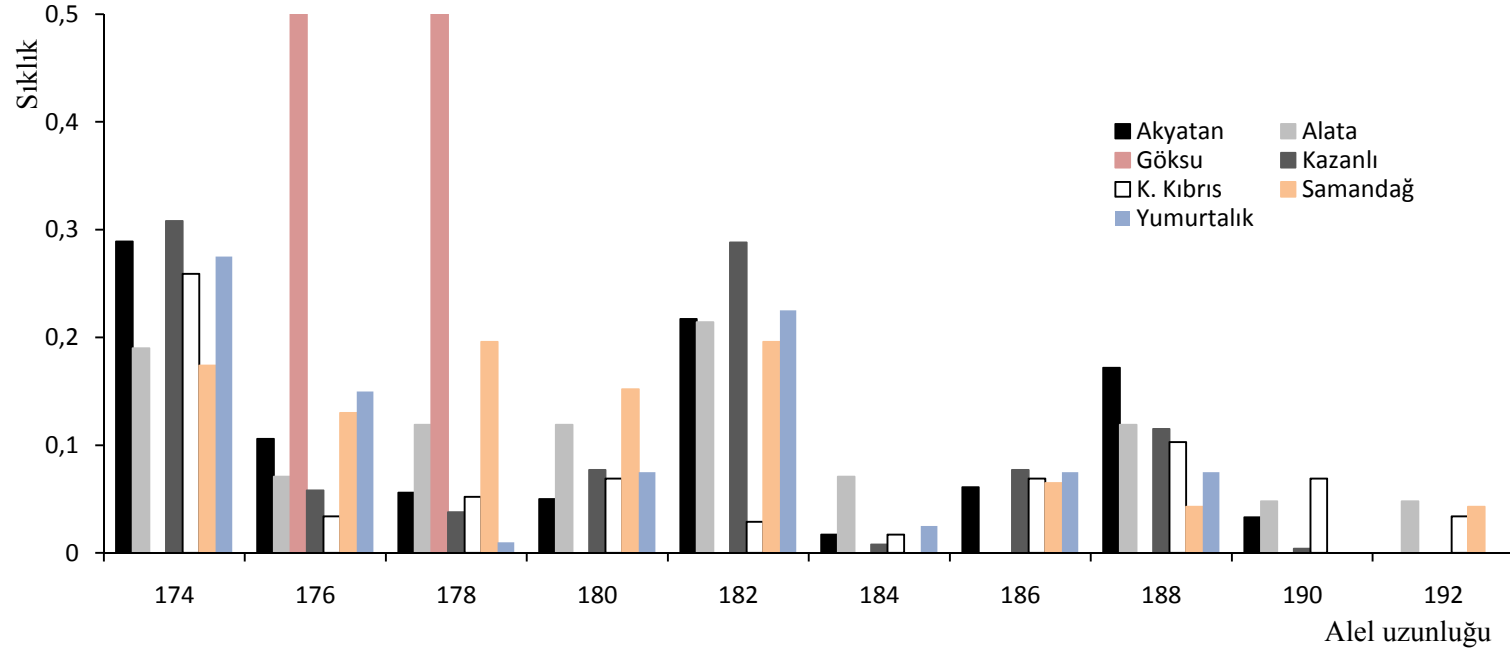
Tablo 3.9'un devamı

| | Akyatan | Alata | Göксу | Kazanlı | K.Kıbrıs | Samandağ | Yumurtalık | Ort. |
|----------------------|---------|--------|--------|---------|----------|----------|------------|--------|
| N | 178 | 44 | 4 | 50 | 64 | 44 | 44 | |
| k | 29 | 16 | 3 | 12 | 17 | 14 | 17 | 15.43 |
| | 223 | 0.0281 | 0 | 0 | 0.0800 | 0 | 0 | |
| | 229 | 0.0112 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0156 | 0 | |
| | 230 | 0.0225 | 0.0682 | 0 | 0 | 0.0625 | 0.0682 | |
| | 231 | 0.0393 | 0.0227 | 0 | 0.1800 | 0.0156 | 0.0455 | 0.0455 |
| | 234 | 0.0056 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| | 241 | 0.4045 | 0.4545 | 0.5 | 0.4000 | 0.3438 | 0.5227 | 0.3636 |
| | 242 | 0.0169 | 0 | 0 | 0.0400 | 0.0156 | 0.0455 | 0 |
| | 246 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0227 |
| | 248 | 0.0056 | 0 | 0 | 0.0200 | 0 | 0 | 0 |
| <i>Cm-72</i> | 250 | 0.0281 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0625 | 0.0455 | 0.0682 |
| | 251 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0227 |
| | 258 | 0.0169 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0625 | 0 | 0 |
| | 259 | 0.0056 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 264 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0227 | 0 |
| | 273 | 0.0169 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 275 | 0.0169 | 0.0455 | 0 | 0 | 0.0469 | 0.0455 | 0 |
| | 277 | 0.1124 | 0.0909 | 0 | 0.1000 | 0.0938 | 0.0227 | 0.0227 |
| | 278 | 0.0112 | 0 | 0 | 0.0200 | 0 | 0 | 0.0455 |
| | 279 | 0.0449 | 0 | 0 | 0 | 0.0313 | 0 | 0.0909 |
| <i>Cm-72</i> | 280 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0469 | 0.0455 | 0 |
| | 281 | 0.0225 | 0 | 0 | 0.0200 | 0.0313 | 0 | 0.0227 |
| | 283 | 0.0393 | 0 | 0 | 0.0400 | 0.0781 | 0.023 | 0.0455 |
| | 284 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0227 | 0.0455 |
| | 285 | 0.0225 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0156 | 0 | 0 |
| | 287 | 0.0056 | 0.0227 | 0 | 0.0400 | 0 | 0 | 0.0227 |
| | 289 | 0.0056 | 0.0682 | 0.25 | 0.0400 | 0 | 0.0227 | 0 |
| | 290 | 0.0112 | 0 | 0.25 | 0.0200 | 0 | 0 | 0.0455 |
| | 291 | 0.0056 | 0.0227 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0455 |
| | 292 | 0.0281 | 0.0227 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.0227 |
| | 294 | 0.0112 | 0.0227 | 0 | 0 | 0.0313 | 0.0227 | 0.0455 |
| | 296 | 0.0112 | 0.0455 | 0 | 0 | 0.0313 | 0 | 0 |
| 297 | 0.0169 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| 300 | 0.0225 | 0 | 0 | 0 | 0.0156 | 0.0455 | 0.0227 | |
| 302 | 0.0112 | 0.0227 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | |
| H_G | 0.8168 | 0.7868 | 0.75 | 0.8042 | 0.8609 | 0.7262 | 0.8550 | 0.7999 |
| H_B | 0.7528 | 0.6818 | 1 | 0.5600 | 0.7500 | 0.5909 | 0.9091 | 0.7492 |

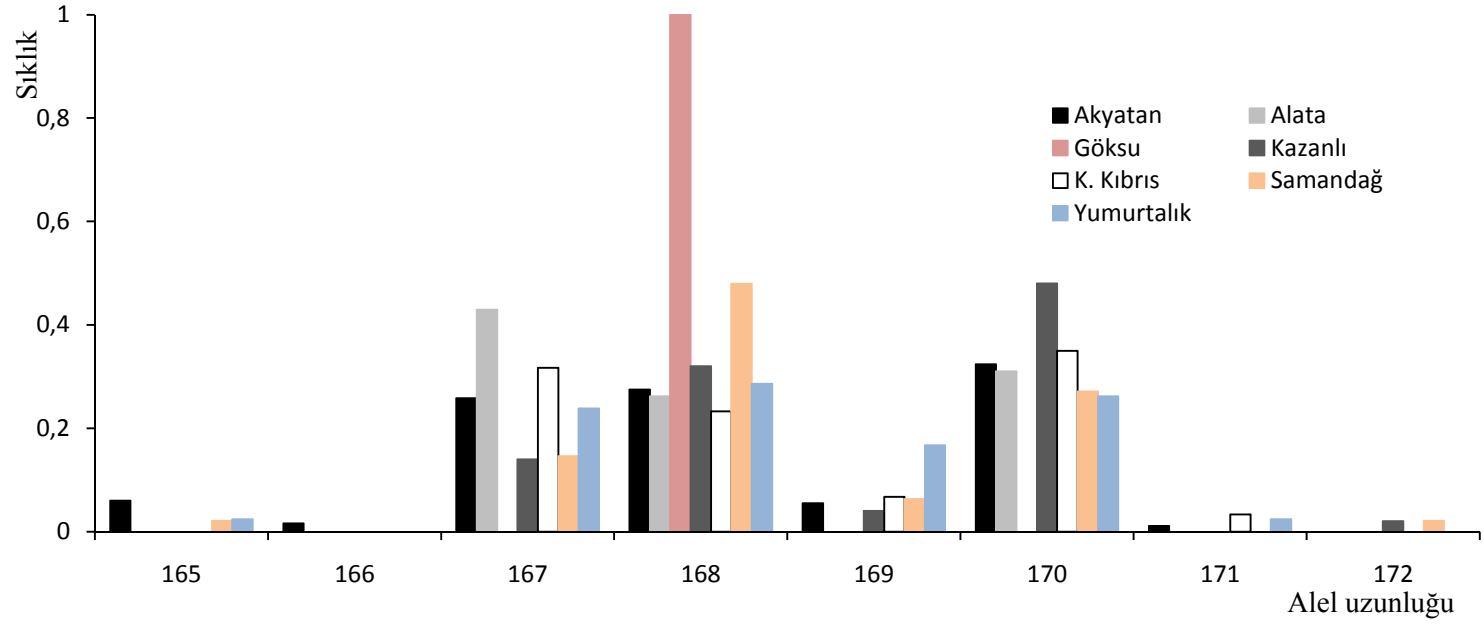
Tablo 3.9'un devamı

| | Akyatan | Alata | Göksu | Kazanlı | K.Kıbrıs | Samandağ | Yumurtalık |
|--------------------------|----------------|--------------|--------------|----------------|-----------------|-----------------|-------------------|
| kOrt | 12.17 | 8.00 | 1.67 | 7.17 | 9.17 | 7.83 | 8.50 |
| kSS | 9.72 | 5.37 | 0.82 | 3.76 | 5.56 | 4.31 | 5.24 |
| H_G Ort | 0.6841 | 0.6695 | 0.2917 | 0.6567 | 0.6962 | 0.6530 | 0.7046 |
| H_G SS | 0.3374 | 0.3362 | 0.3323 | 0.3276 | 0.3451 | 0.3273 | 0.3465 |
| H_B Ort | 0.6011 | 0.5628 | 0.50 | 0.5583 | 0.6163 | 0.5472 | 0.6930 |
| H_B SS | 0.3416 | 0.3114 | 0.5477 | 0.3816 | 0.3575 | 0.3345 | 0.3879 |

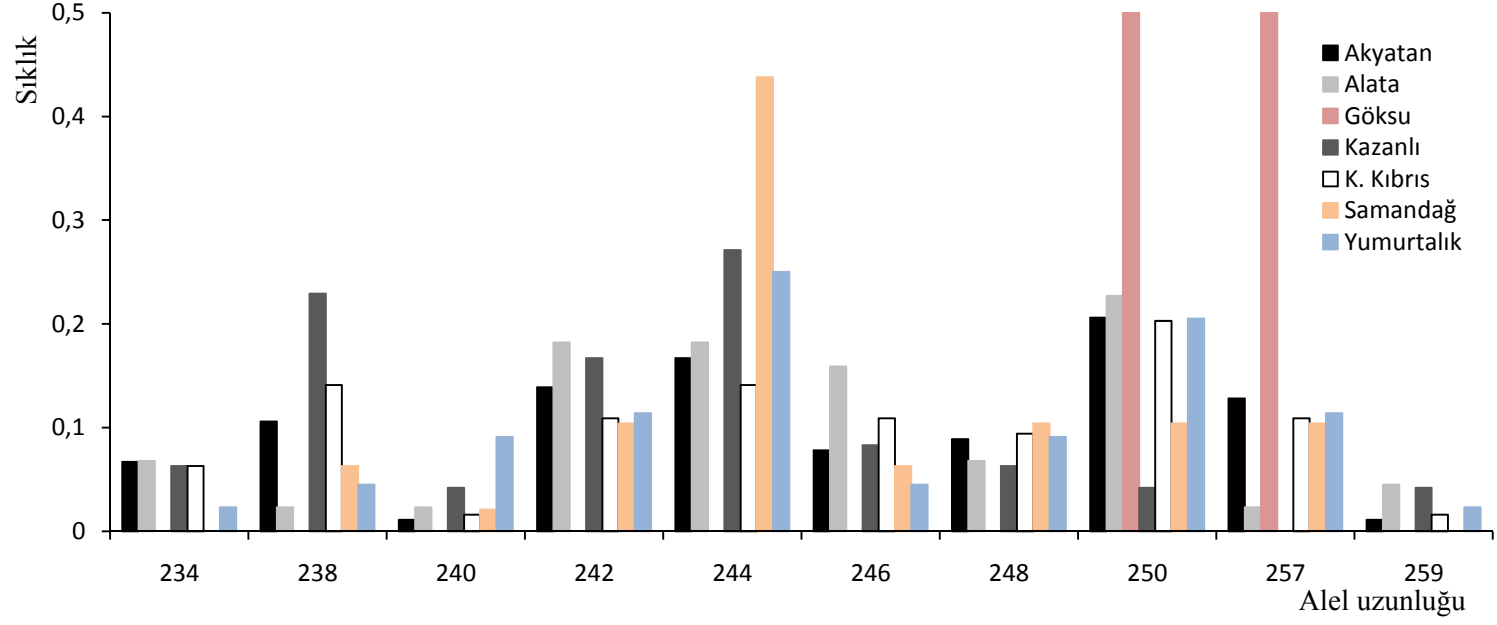
Yuvalama kumsallarına göre mikrosatellit lokuslarının alel sıkları belirlenerek grafik ile gösterildi (Şekil 3.4, Şekil 3.5, Şekil 3.6, Şekil 3.7, Şekil 3.8). Mikrosatellit lokuslarının toplam alel sıklıkları belirlendi (Şekil 3.9, Şekil 3.10, Şekil 3.11, Şekil 3.12, Şekil 3.13).



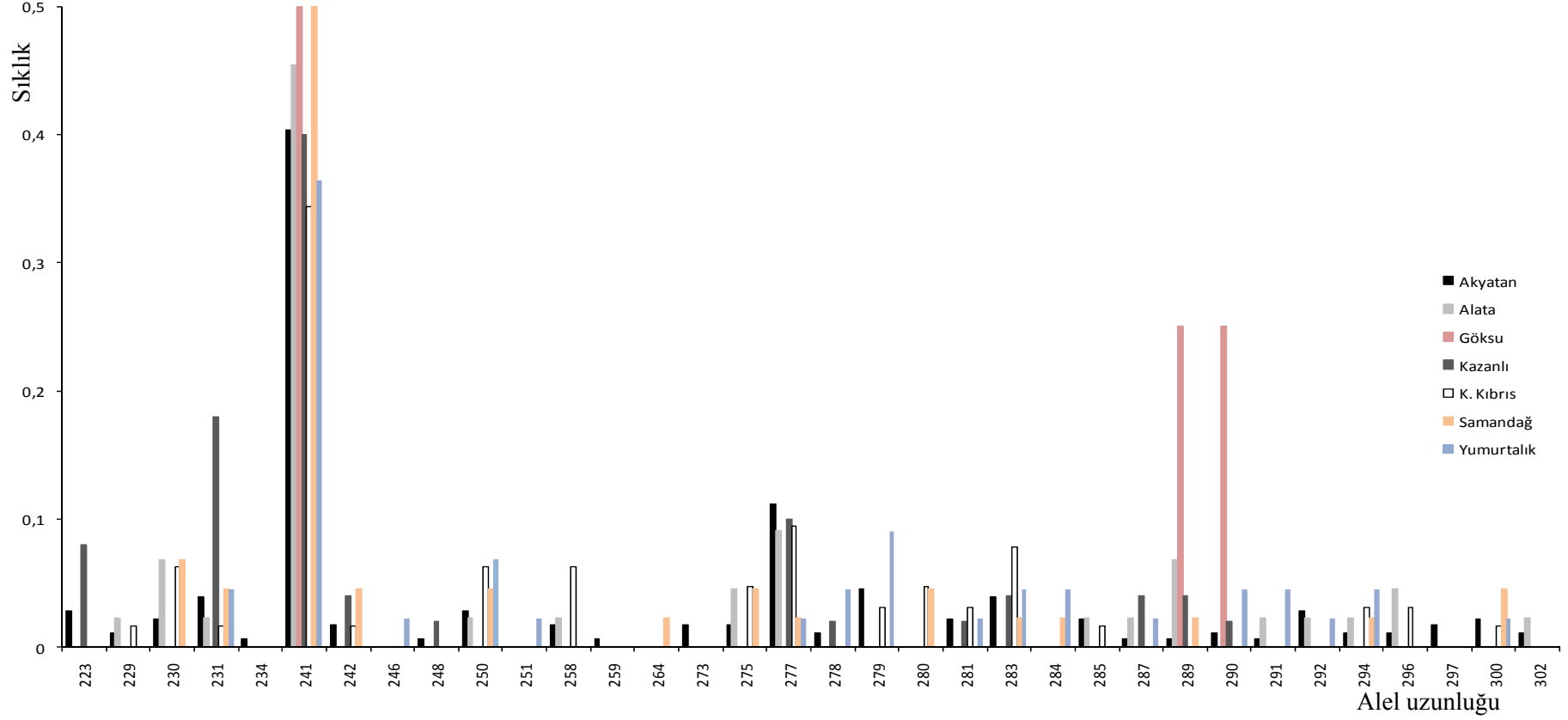
Şekil 3.4. Yuvalama kumsallarına göre *Cc-7* lokusunun allel ve allel sıklıkları dağılımı.



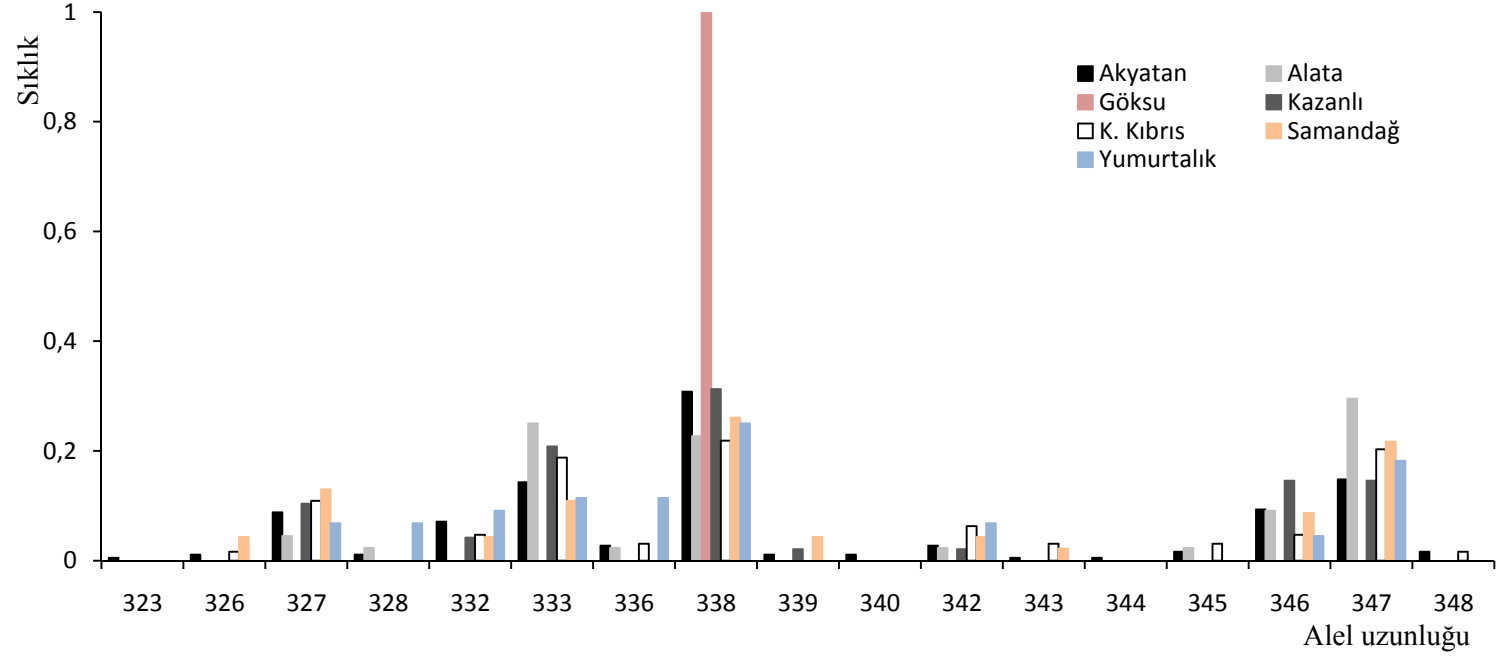
Şekil 3.5. Yuvalama kumsallarına göre *Ccar-176* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı.



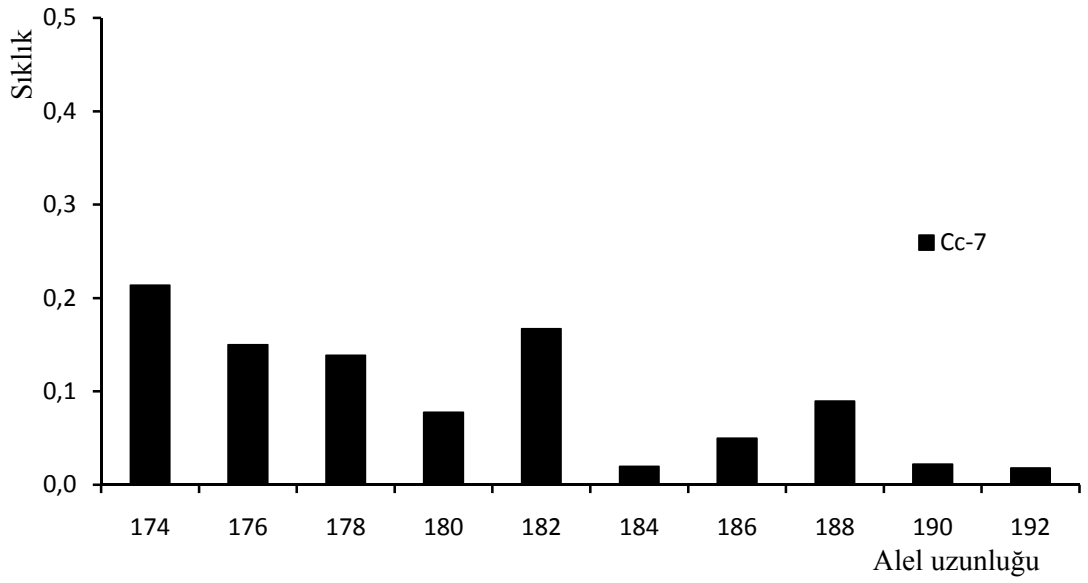
Şekil 3.6. Yuvalama kumsallarına göre *Cc-117* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı.



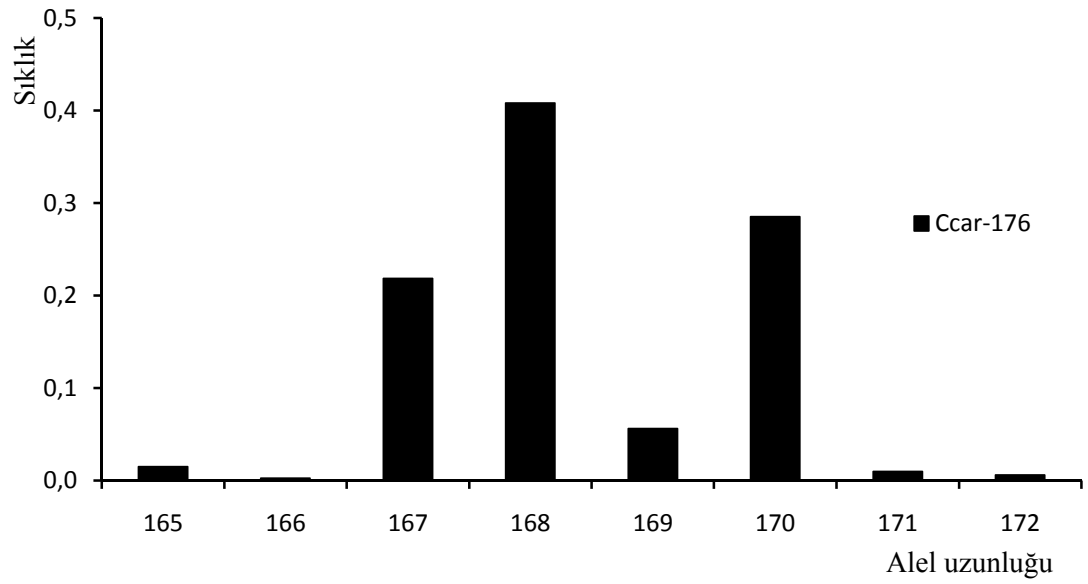
Şekil 3.7. Yuvalama kumsallarına göre *Cm-72* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı.



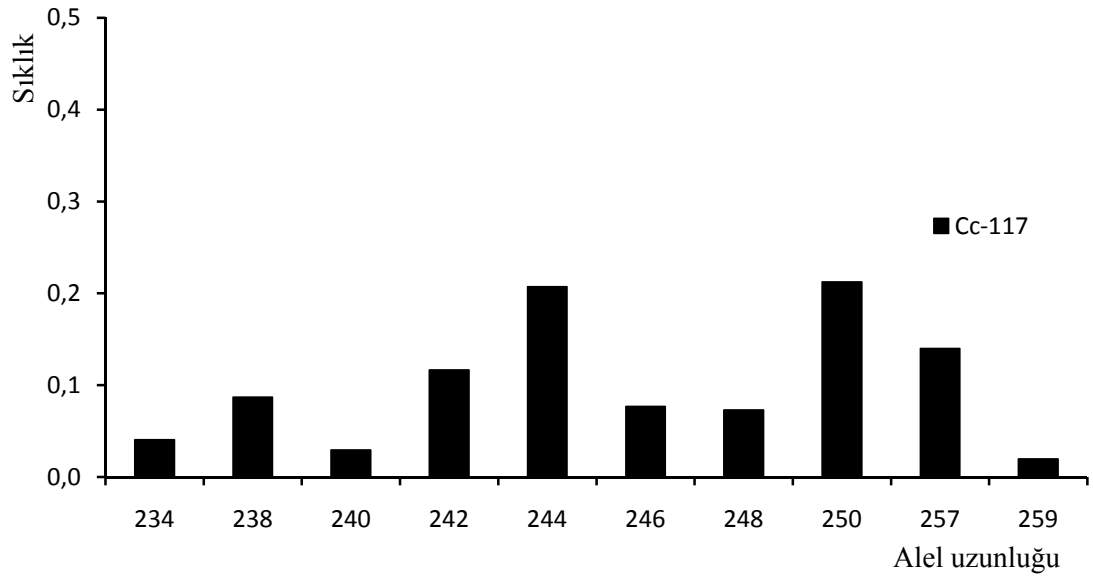
Şekil 3.8. Yuvalama kumsallarına göre *Cm-84* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı.



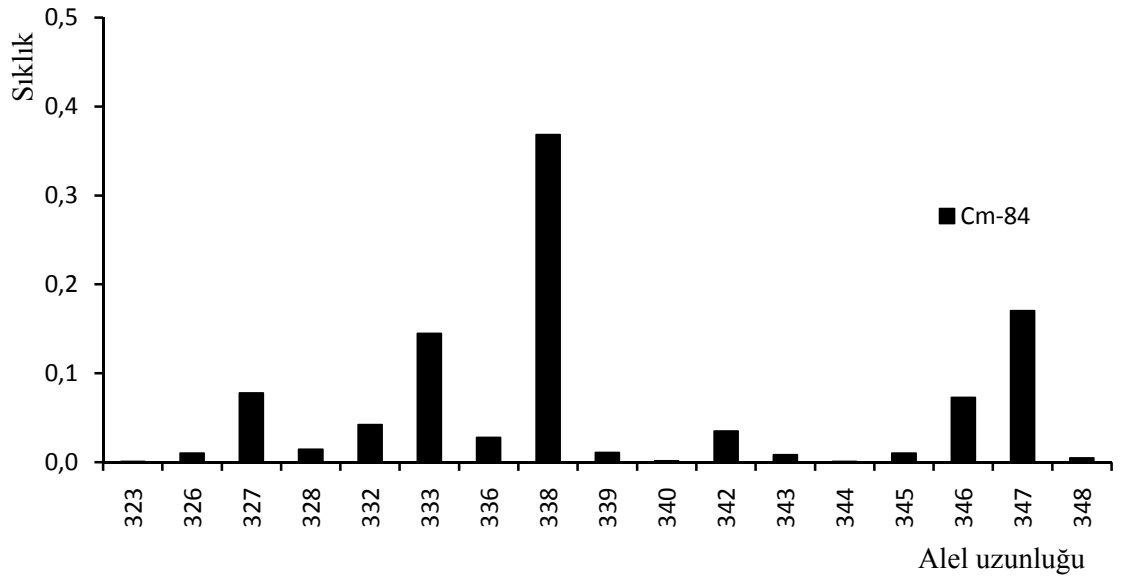
Şekil 3.9. Yuvalama kumsallarına ait *Cc-7* lokusu alel ve alel sıklıkları.



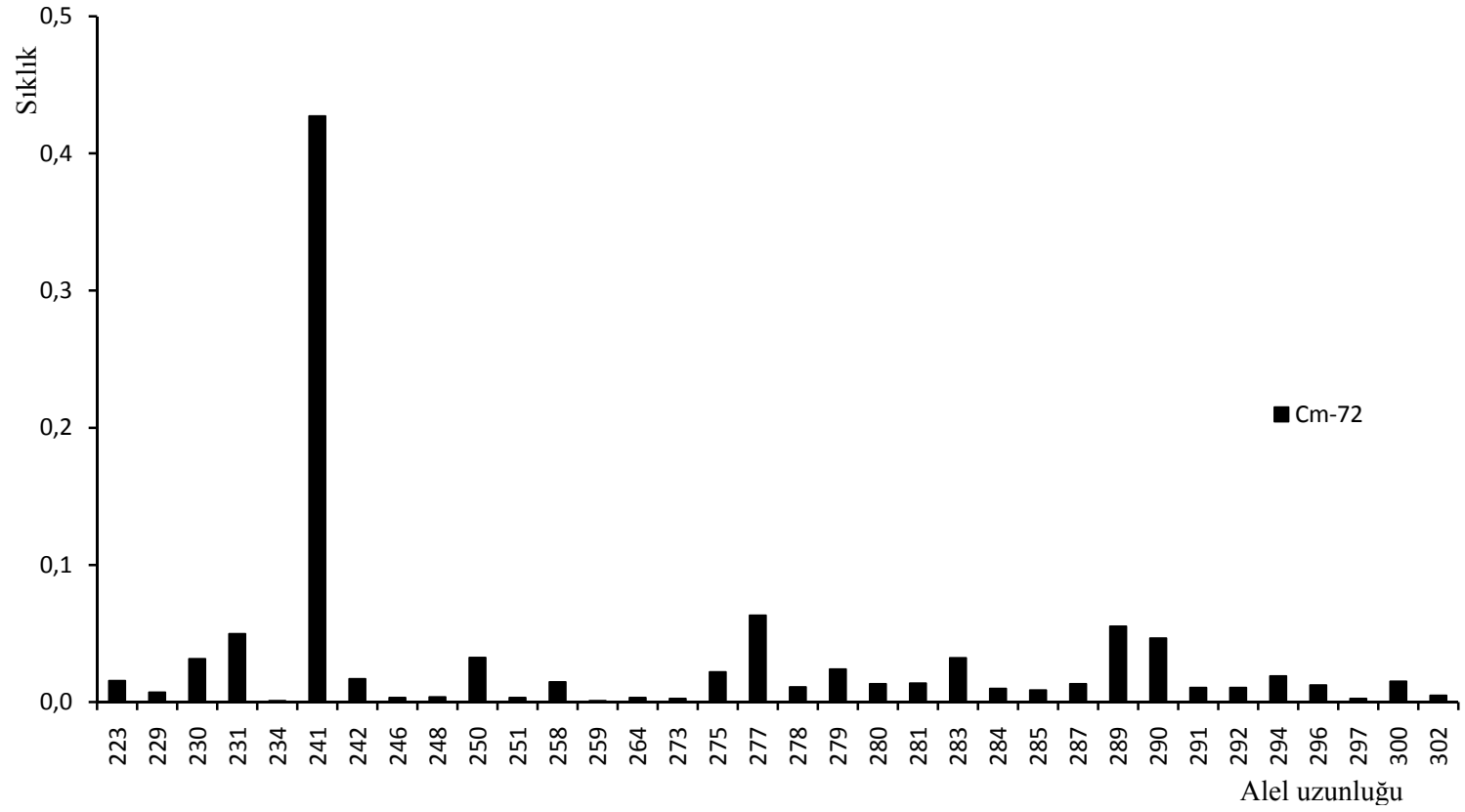
Şekil 3.10. Yuvalama kumsallarına ait *Ccar-176* lokusu alel ve alel sıklıkları.



Şekil 3.11. Yuvalama kumsallarına ait *Cc-117* lokusu alel ve alel sıklıkları.



Şekil 3.12. Yuvalama kumsallarına ait *Cm-84* lokusu alel ve alel sıklıkları.



Şekil 3.13. Yuvalama kumsallarına ait *Cm-72* lokusu alel ve alel sıklıkları.

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak tüm yuvalama kumsallarının her bir lokus için Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları test edildi (Tablo 3.10, Tablo 3.11). Bütün lokuslar için yuvalama kumsallarının toplamında Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlemlendi (X^2 , $P < 0.001$) (Tablo 3.10, Tablo 3.11). Yuvalama kumsallarının toplamında *Ccar-176*, *Cm-72* ve *Cm-84* lokuslarının Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı belirlendi. Göksu yuvalama kumsalı, az sayıda örnek içerdiğinden, değerlendirme dışı tutulduğunda; *Ccar-176* lokusunun tüm yuvalama kumsallarında ($P < 0.001$), *Cc-117* lokusunun Kuzey Kıbrıs yuvalama kumsalında ($P < 0.05$), *Cm-72* lokusunun Kazanlı, Samandağ ($P < 0.001$) ve Alata ($P < 0.05$) kumsallarında, *Cm-84* lokusunda ise Kazanlı ve Samandağ ($P < 0.05$) kumsallarında Hardy-Weinberg dengesinden saptığı tespit edildi.

Tablo 3.10. *C. mydas* yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (P, olasılık; ydö: yüksek derecede önemli)

| | <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | Toplam |
|-------------------|-------------|-----------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| Akyatan | 0.6108 | 0 | 0.5360 | 0.1469 | 0.0828 | ydö |
| Alata | 0.2064 | 0.0003 | 0.3252 | 0.0347 | 0.4161 | 0.0009 |
| Göksu | - | - | 1.0 | 1.0 | - | 1.0 |
| Kazanlı | 0.8412 | 0 | 0.2756 | 0 | 0.0433 | ydö |
| K. Kıbrıs | 0.7120 | 0 | 0.0289 | 0.1068 | 0.6151 | ydö |
| Samandağ | 0.9949 | 0 | 0.3898 | 0 | 0.0453 | ydö |
| Yumurtalık | 0.4775 | 0.0002 | 0.2797 | 0.6482 | 0.1451 | 0.0040 |
| Toplam | 0.8795 | ydö | 0.2262 | ydö | 0.0201 | ydö |

Tablo 3.11. *C. mydas* yuvalama kumsallarının gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G). (*) Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (exact testlere dayalı, $P<0.05$ -*, $P< 0,01$ - ** ve $P<0,001$ - ***) (Ort^1 : Bir lokusun tüm yuvalama kumsallarındaki ortalama değerleri; Ort^2 : Bir yuvalama kumsalındaki tüm lokusların ortalama değerleri.)

| | <i>Cc-7</i> | | <i>Ccar-176</i> | | <i>Cc-117</i> | | <i>Cm-72</i> | | <i>Cm-84</i> | | Ort^2 | |
|------------------------|-------------|--------|-----------------|-----------|---------------|---------|--------------|-----------|--------------|---------|---------|-----------|
| | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B |
| Akyatan | 0.8225 | 0.8444 | 0.7518 | 0.3846*** | 0.8695 | 0.8556 | 0.8168 | 0.7528 | 0.8438 | 0.7692 | 0.68 | 0.60*** |
| Alata | 0.8821 | 0.8571 | 0.6738 | 0.4286*** | 0.8658 | 0.7727 | 0.7868 | 0.6818* | 0.8084 | 0.6364 | 0.67 | 0.56*** |
| Göksu | 0.50 | 1.0 | 0 | 0 | 0.50 | 1.0 | 0.75 | 1.0 | 0 | 0 | 0.29 | 0.50 |
| Kazanlı | 0.8038 | 0.9231 | 0.6683 | 0.2000*** | 0.8451 | 0.7917 | 0.8042 | 0.5600*** | 0.8188 | 0.8750* | 0.66 | 0.56*** |
| Kuzey Kıbrıs | 0.8307 | 0.8621 | 0.7356 | 0.3667*** | 0.8841 | 0.8750* | 0.8609 | 0.7500 | 0.8659 | 0.8438 | 0.70 | 0.62*** |
| Samandağ | 0.8646 | 0.8261 | 0.6938 | 0.2917*** | 0.7726 | 0.7917 | 0.7262 | 0.5909*** | 0.8607 | 0.7826* | 0.65 | 0.55*** |
| Yumurtalık | 0.8408 | 1.0 | 0.7905 | 0.4762*** | 0.8658 | 0.9545 | 0.855 | 0.9091 | 0.8755 | 0.8182 | 0.70 | 0.69** |
| Ort¹ | 0.7921 | 0.9018 | 0.6163 | 0.3068*** | 0.8004 | 0.8630 | 0.7999 | 0.7492*** | 0.7247 | 0.6750* | 0.6222 | 0.5826*** |

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak yıllara göre tüm yuvalama kumsallarının her bir lokus için Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları test edildi (Tablo 3.12, Tablo 3.13). Bütün lokuslar için yuvalama kumsallarının toplamında Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiği gözlemlendi (X^2 , $P < 0.001$) (Tablo 3.12). Yuvalama kumsallarının toplamında *Ccar-176* ve *Cm-72* lokuslarının Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı belirlendi. Yuvalama kumsallarına dayalı analiz sonucunda toplamda Hardy-Weinberg dengesinden saptığı tespit edilen *Cm-84* lokusunun yıllara göre yapılan incelemesinde Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlendi. Göksu yuvalama kumsalı, az sayıda örnek içerdiğinden, değerlendirme dışı tutulduğunda; *Ccar-176* lokusu 2007 Samandağ ve 2007 Alata yuvalama kumsalları dışında, *Cc-117* lokusunun Kuzey Kıbrıs yuvalama kumsalında ($P < 0.05$), *Cm-72* lokusunun Alata 2008, Kazanlı 2007, Kuzey Kıbrıs 2002 ve Samandağ 2008 kumsallarında Hardy-Weinberg dengesinden saptığı tespit edildi (Tablo 3.12).

Tablo 3.12. Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı

| | Tarih | <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | Toplam |
|------------|-------|-------------|-----------------|---------------|---------------|--------------|---------------|
| Akyatan | 2006 | 0.4837 | 0 | 0.1693 | 0.0939 | 0.1215 | ydö |
| Akyatan | 2007 | 0.3367 | 0 | 0.8269 | 0.3183 | 0.0614 | ydö |
| Akyatan | 2008 | 0.5414 | 0.0003 | 0.2123 | 0.3461 | 0.4104 | 0.0059 |
| Alata | 2007 | 0.6894 | 1.0 | 0.6216 | 0.3046 | 0.6901 | 0.9032 |
| Alata | 2008 | 0.1814 | 0.0007 | 0.2052 | 0.0317 | 0.2649 | 0.0006 |
| Göksu | 2008 | - | - | 1.0 | 1.0 | - | 1.0 |
| Kazanlı | 2007 | 0.8149 | 0.0021 | 0.1952 | 0.0132 | 0.0531 | 0.0007 |
| Kazanlı | 2008 | 0.8081 | 0.0014 | 0.8520 | 0.0162 | 0.3982 | 0.0075 |
| K. Kıbrıs | 2002 | 0.7461 | 0 | 0.0228 | 0.0234 | 0.6322 | ydö |
| Samandağ | 2006 | 0.9316 | 0.0226 | 0.5865 | 0.5600 | 0.8729 | 0.4213 |
| Samandağ | 2007 | 1.0 | 0.0857 | 0.3301 | 0.4331 | 0.3143 | 0.3484 |
| Samandağ | 2008 | 0.7252 | 0.0051 | 0.9467 | 0.0245 | 0.2311 | 0.0169 |
| Yumurtalık | 2006 | 0.2210 | 0.0318 | 0.4723 | 0.4585 | 0.1947 | 0.0928 |
| Yumurtalık | 2008 | 0.5595 | 0.0001 | 0.6127 | 0.9916 | 0.3119 | ydö |
| Toplam | | 0.9495 | ydö | 0.4552 | 0.0019 | 0.1177 | ydö |

Tablo 3.13. *C. mydas* yuvalama kumsallarının yıllara göre gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G). (Ort^1 : Bir lokusun tüm yuvalama kumsallarındaki ortalama değerleri; Ort^2 : Bir yuvalama kumsalındaki tüm lokusların ortalama değerleri.)

| | Tarih | <i>Cc-7</i> | | <i>Ccar-176</i> | | <i>Cc-117</i> | | <i>Cm-72</i> | | <i>Cm-84</i> | | Ort^2 | |
|------------------------|-------|-------------|--------|-----------------|-----------|---------------|---------|--------------|---------|--------------|--------|---------|-----------|
| | | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B |
| Akyatan | 2006 | 0.8084 | 0.8095 | 0.7345 | 0.3721*** | 0.8595 | 0.8333 | 0.7962 | 0.7000 | 0.8345 | 0.7317 | 0.6681 | 0.5697*** |
| Akyatan | 2007 | 0.8454 | 0.8846 | 0.7942 | 0.4000*** | 0.8725 | 0.9565 | 0.8442 | 0.7917 | 0.8658 | 0.8000 | 0.6967 | 0.6309*** |
| Akyatan | 2008 | 0.8312 | 0.8636 | 0.7638 | 0.3913*** | 0.8833 | 0.8000 | 0.8267 | 0.8000 | 0.8500 | 0.8000 | 0.7032 | 0.6197** |
| Alata | 2007 | 0.8750 | 0.8000 | 0.4500 | 0.6000 | 0.9000 | 0.8000 | 0.9500 | 0.8000 | 0.8750 | 0.8000 | 0.6750 | 0.6333 |
| Alata | 2008 | 0.8938 | 0.8750 | 0.6563 | 0.3750*** | 0.8695 | 0.7647 | 0.7500 | 0.6471* | 0.8015 | 0.5882 | 0.6662 | 0.5455*** |
| Göksu | 2008 | 0.5000 | 1.0 | 0 | 0 | 0.5000 | 1.0 | 0.7500 | 1.0 | 0 | 0 | 0.4167 | 0.6667 |
| Kazanlı | 2007 | 0.8271 | 0.8750 | 0.7024 | 0.2667** | 0.8810 | 0.7333 | 0.7929 | 0.6000* | 0.8167 | 0.8667 | 0.6717 | 0.5604*** |
| Kazanlı | 2008 | 0.7667 | 1.0 | 0.6000 | 0.1000** | 0.8056 | 0.8889 | 0.8389 | 0.5000* | 0.7708 | 0.8889 | 0.6249 | 0.5517** |
| Kuzey Kıbrıs | 2002 | 0.8307 | 0.8621 | 0.7356 | 0.3667*** | 0.8841 | 0.8750* | 0.8609 | 0.7500* | 0.8659 | 0.8438 | 0.7049 | 0.6250*** |
| Samandağ | 2006 | 0.8682 | 0.8182 | 0.6455 | 0.3636* | 0.7389 | 0.7000 | 0.5446 | 0.5000 | 0.8889 | 1.0 | 0.6066 | 0.5500 |
| Samandağ | 2007 | 0.8333 | 1.0000 | 0.7500 | 0.2500 | 0.9583 | 0.7500 | 0.9167 | 0.7500 | 0.8333 | 0.5000 | 0.7153 | 0.5417 |
| Samandağ | 2008 | 0.8661 | 0.7500 | 0.7292 | 0.2222** | 0.7556 | 0.9000 | 0.8167 | 0.6000* | 0.8778 | 0.7000 | 0.6784 | 0.5357*** |
| Yumurtalık | 2006 | 0.8929 | 1.0 | 0.7946 | 0.5000* | 0.8472 | 1.0 | 0.8819 | 0.8889 | 0.8542 | 1.0 | 0.7171 | 0.7400 |
| Yumurtalık | 2008 | 0.7949 | 1.0 | 0.8013 | 0.4615*** | 0.8622 | 0.9231 | 0.8333 | 0.9231 | 0.8654 | 0.6923 | 0.6928 | 0.6667*** |
| Ort¹ | | 0.8339 | | 0.7255 | *** | 0.8560 | | 0.8157 | ** | 0.8382 | | | *** |

Hiçbir yuvalama kumsalının, iki basamaklı mutasyon (TPM) modeli altında, son zamanlarda bir darboğaz geçirdiğine dair kanıt tespit edilemedi (Wilcoxon testinde bütün lokuslarda $P > 0.05$).

Mikrosatelit lokus çiftleri, *Cc-7* ile *Cm-84* ve *Ccar-176* ile *Cm-84* lokus çiftlerinin bağlantı dengesizliğinde olduğu belirlendi (X^2 , $P = ydö$). Monomorfik *Cm-141* lokusu ile diğer lokuslar arasındaki lokus çiftleri bağlantı dengesizliği analizinde X^2 değerleri hesaplanamadı (Tablo 3.14).

Tablo 3.14. Lokus çiftleri arasındaki bağlantı dengesizliği analizi olasılık değerleri (? : hesaplanamadı; ydö: yüksek derecede önemli)

| | <i>Cm-141</i> | <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> |
|-----------------|---------------|-------------|-----------------|---------------|--------------|
| <i>Cm-141</i> | | | | | |
| <i>Cc-7</i> | ? | | | | |
| <i>Ccar-176</i> | ? | 0.303 | | | |
| <i>Cc-117</i> | ? | 0.879 | 0.466 | | |
| <i>Cm-72</i> | ? | 0.165 | 0.483 | 0.852 | |
| <i>Cm-84</i> | ? | ydö | ydö | 0.727 | 0.475 |

Etkili populasyon büyüklüğü değerleri (N_e), IAM modeli altında 153 (Samandağ) ile 278 (Yumurtalık) arasında değişirken, SMM modeli altında 246 (Samandağ) ile 588 (Yumurtalık) arasında değişmektedir (Tablo 3.15).

Tablo 3.15. Etkili populasyon büyüklüklerinin karşılaştırılması (H_B : Gen çeşitliliği, N_e : Etkili populasyon büyüklüğü, IAM: Kimura ve Crow, 1994; SMM: Ohta ve Kimura, 1973, ea.: en az ve eç.: en çok)

| | H_B | N_e IAM (ea-eç) | N_e SMM (ea-eç) |
|-------------------|-------|-------------------|-------------------|
| Akyatan | 0.60 | 188 (39-658) | 328 (68-1151) |
| Alata | 0.56 | 159 (33-558) | 260 (54-913) |
| Göksu | 0.50 | 125 (26-439) | 188 (39-658) |
| Kazanlı | 0.56 | 159 (33-558) | 260 (54-913) |
| K.Kıbrıs | 0.62 | 204 (42-716) | 370 (77-1299) |
| Samandağ | 0.55 | 153 (32-536) | 246 (51-864) |
| Yumurtalık | 0.69 | 278 (58-976) | 588 (122-2063) |

Tüm yuvalama kumsallarının aralarında istatistiksel olarak anlamlı bir genetik yapılanma göstermedikleri saptanmıştır ($F_{st} = 0.0071$, $P > 0.05$). Bununla birlikte, 21 tane olan yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırılmalarının 11 tanesinde istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlendi (Tablo 3.16).

Tablo 3.16. Yuvalama kumsallarının nDNA bakımından genetik yapısı. Altteki bölüm yuvalama kumsalları arasındaki genetik uzaklığı (F_{st}) gösteriyor. Üstteki bölüm yuvalama kumsallarının ikiyeşerli karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık derecelerini ($P < 0.05$ -*, $P < 0.01$ - ** ve $P < 0.001$ - ***; ydö: yüksek derecede önemli) gösteriyor

| | F_{st} | P |
|----------------------------|----------|-----------|
| Akyatan-Alata | 0.0038 | *0.0168 |
| Akyatan-Göksu | 0.0634 | 0.2812 |
| Akyatan-Kazanlı | 0.0066 | **0.0027 |
| Akyatan-K.Kıbrıs | -0.0036 | 0.4489 |
| Akyatan-Samandağ | 0.0176 | ***0.0001 |
| Akyatan-Yumurtalık | -0.0034 | 0.2034 |
| Alata-Göksu | 0.0991 | 0.1357 |
| Alata-Kazanlı | 0.018 | ***0.0002 |
| Alata-K.Kıbrıs | -0.0053 | 0.3562 |
| Alata-Samandağ | 0.0172 | **0.0025 |
| Alata-Yumurtalık | 0.0043 | **0.0034 |
| Göksu-Kazanlı | 0.1185 | **0.0022 |
| Göksu-K.Kıbrıs | 0.0968 | 0.0611 |
| Göksu-Samandağ | 0.0686 | 0.2785 |
| Göksu-Yumurtalık | 0.0757 | 0.4642 |
| Kazanlı-K.Kıbrıs | 0.0069 | ***ydö |
| Kazanlı-Samandağ | 0.0155 | **0.0011 |
| Kazanlı-Yumurtalık | 0.0114 | ***0.0002 |
| K.Kıbrıs-Samandağ | 0.0200 | *0.0127 |
| K.Kıbrıs-Yumurtalık | -0.0037 | 0.0911 |
| Samandağ-Yumurtalık | 0.0037 | 0.1237 |

Yuvalama kumsalları arasındaki gen akışı tahminleri genetik uzaklık verilerine dayalı olarak ve Bayesian metodu kullanılarak hesaplandı. Yuvalama kumsalları arasındaki gen akışının yüksek derecede değişken olduğu belirlendi (Tablo 3.17). Göksu kumsalı değerlendirme dışı tutulduğunda, genetik uzaklık verilerine dayalı hesaplanan gen akışı (Nm) (Göksu kumsalı hariç) en düşük Kuzey Kıbrıs-Samandağ (12.25), en yüksek ise Samandağ-Yumurtalık (67.32) kumsalları arasında tespit edildi. Bayesian metodu ile de yuvalama kumsalları arasındaki gen akışı (M) en düşük Kazanlı-Yumurtalık (30.07), en yüksek Kazanlı-Kuzey Kıbrıs (200.46) arasında gözlemlendi.

Tablo 3.17. Yuvalama kumsalları arası göç tahminleri (Nm: Fst değerlerine bağlı yuvalama kumsalları arasındaki göç oranı), (Bayesian metodu sonuçları; M₁₋₂: birinci ve ikinci yuvalama kumsalları arası, M₂₋₁: ikinci ve birinci yuvalama kumsalları arası ve M: toplam göç oranı)

| | F _{st} | Nm | M ₁₋₂ | M ₂₋₁ | M |
|---------------------|-----------------|-------|------------------|------------------|--------|
| Akyatan-Alata | 0.0038 | 65.54 | 141.77 | 20.83 | 162.60 |
| Akyatan-Göksu | 0.0634 | 3.69 | 73.74 | 5.634 | 79.37 |
| Akyatan-Kazanlı | 0.0066 | 37.63 | 85.13 | 12.55 | 97.68 |
| Akyatan-K.Kıbrıs | -0.0036 | - | 126.51 | 28.13 | 154.64 |
| Akyatan-Samandağ | 0.0176 | 13.95 | 69.78 | 19.09 | 88.87 |
| Akyatan-Yumurtalık | -0.0034 | - | 91.11 | 12.67 | 103.78 |
| Alata-Göksu | 0.0991 | 2.27 | 69.26 | 24.77 | 94.03 |
| Alata-Kazanlı | 0.018 | 13.64 | 26.81 | 74.59 | 101.40 |
| Alata-K.Kıbrıs | -0.0053 | - | 25.02 | 140 | 165.02 |
| Alata-Samandağ | 0.0172 | 14.28 | 4.84 | 164.99 | 169.83 |
| Alata-Yumurtalık | 0.0043 | 57.89 | 46.43 | 50.52 | 96.95 |
| Göksu-Kazanlı | 0.1185 | 1.86 | 20.15 | 37.66 | 57.81 |
| Göksu-K.Kıbrıs | 0.0968 | 2.33 | 14.31 | 37.95 | 52.26 |
| Göksu-Samandağ | 0.0686 | 3.39 | 13.71 | 22.06 | 35.77 |
| Göksu-Yumurtalık | 0.0757 | 3.05 | 24.56 | 34.94 | 59.50 |
| Kazanlı-K.Kıbrıs | 0.0069 | 35.98 | 45.75 | 154.71 | 200.46 |
| Kazanlı-Samandağ | 0.0155 | 15.88 | 39.77 | 18.04 | 57.81 |
| Kazanlı-Yumurtalık | 0.0114 | 21.68 | 18.53 | 11.54 | 30.07 |
| K.Kıbrıs-Samandağ | 0.0200 | 12.25 | 24.46 | 82.83 | 107.29 |
| K.Kıbrıs-Yumurtalık | -0.0037 | - | 16.77 | 41.38 | 58.15 |
| Samandağ-Yumurtalık | 0.0037 | 67.32 | 60.31 | 66.51 | 126.82 |

Yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırmalarına ait genetik uzaklık değerlerinden kumsallar arası göç oranları hesaplandı (Tablo 3.18). Göksu kumsalı hariç, mikrosatellit lokuslarından elde edilen göç oranlarının (12.25-67.32), mtDNA haplotip verilerinden (18.1- 28.9) elde edilenlerden yüksek olması, kumsallar arası gen akışının yüksek oranda erkek kaynaklı olduğunu gösterir. Haploit olan ve anasal kalıtılan mtDNA normalde diploit nDNA'ya nazaran dört kat küçük etkili populasyon büyüklüğüne sahiptir (Tablo 3.19). Ek olarak mtDNA'ya oranla daha yüksek gen çeşitliliğine sahip olmasından dolayı mikrosatellit lokuslarında etkili populasyon büyüklüğü yüksek çıkmıştır.

Tablo 3.18. *C. mydas* Türkiye yuvalama kumsallarının genetik yapısı. mtDNA (γ_{st} değerleri) ve nDNA'ya (F_{st} değerleri) dayalı populasyonlar arasındaki genetik mesafeyi ve populasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık derecelerini ($P < 0.05$ -*, $P < 0.01$ - ** ve $P < 0.001$ - ***) (mtDNA için sağdaki X^2 , soldaki Z^* testi değerlerini) gösteriyor

| | γ_{st} | Nm | F_{st} | Nm |
|---------------------|---------------|-------|-----------|-------|
| Akyatan-Alata | 0.0196 | 25.1 | *0.0038 | 65.54 |
| Akyatan-Göksu | 0 | - | 0.0634 | 3.69 |
| Akyatan-Kazanlı | 0.0170 | 28.9 | **0.0066 | 37.63 |
| Akyatan-K.Kıbrıs | *0.0269* | 18.1 | -0.0036 | - |
| Akyatan-Samandağ | 0 | - | ***0.0176 | 13.95 |
| Akyatan-Yumurtalık | 0 | - | -0.0034 | - |
| Alata-Göksu | 0.0040 | 126.1 | 0.0991 | 2.27 |
| Alata-Kazanlı | 0.0219 | 22.3 | ***0.0180 | 13.64 |
| Alata-K.Kıbrıs | 0.0213 | 23.0 | -0.0053 | - |
| Alata-Samandağ | 0.0247 | 19.7 | **0.0172 | 14.28 |
| Alata-Yumurtalık | 0.0233 | 21.0 | **0.0043 | 57.89 |
| Göksu-Kazanlı | 0.0031 | 161.8 | **0.1185 | 1.86 |
| Göksu-K.Kıbrıs | 0.0027 | 184.7 | 0.0968 | 2.33 |
| Göksu-Samandağ | 0 | - | 0.0686 | 3.39 |
| Göksu-Yumurtalık | 0 | - | 0.0757 | 3.05 |
| Kazanlı-K.Kıbrıs | 0.0213 | 23.0 | ***0.0069 | 35.98 |
| Kazanlı-Samandağ | 0.0204 | 24.0 | **0.0155 | 15.88 |
| Kazanlı-Yumurtalık | 0.0191 | 25.6 | ***0.0114 | 21.68 |
| K.Kıbrıs-Samandağ | 0.0204 | 24.0 | *0.0200 | 12.25 |
| K.Kıbrıs-Yumurtalık | 0.0189 | 25.9 | -0.0037 | - |
| Samandağ-Yumurtalık | 0 | - | 0.0037 | 67.32 |
| Toplam | 0.03408 | 7.09 | 0.0071 | |

Tablo 3.19. Yuvalama kumsallarının, mtDNA ve nDNA verilerine dayalı, etkili populasyon büyüklüklerinin (Ne) karşılaştırılması (h: haplotip çeşitliliği; π : nükleotid çeşitliliği; H_B : gen çeşitliliği; H_G : gözlenen heterozigotluk; IAM: Kimura ve Crow, 1994; SMM: Ohta ve Kimura, 1973; ea.: en az; eç.: en çok)

| | <u>mtDNA</u> | | | <u>nDNA</u> | | | |
|-------------------|--------------|-------------------------|-----------|-------------------------|-------------------------|------------------------|------------------------|
| | h | π | Ne | H_B | H_G | NeIAM (ea.-eç.) | NeSMM (ea.-eç.) |
| Akyatan | 0.0220 | 0.3×10^{-4} | 1 | 0.60 | 0.68 | 188 (39-658) | 328 (68-1151) |
| Alata | 0.0909 | 11×10^{-4} | 4 | 0.56 | 0.67 | 159 (33-558) | 260 (54-913) |
| Göksu | 0 | 0 | - | 0.50 | 0.29 | 125 (26-439) | 188 (39-658) |
| Kazanlı | 0.0800 | 0.9×10^{-4} | 3 | 0.56 | 0.66 | 159 (33-558) | 260 (54-913) |
| K.Kıbrıs | 0.1647 | 19×10^{-4} | 7 | 0.62 | 0.70 | 204 (42-716) | 370 (77-1299) |
| Samandağ | 0 | 0 | - | 0.55 | 0.65 | 153 (32-536) | 246 (51-864) |
| Yumurtalık | 0 | 0 | - | 0.69 | 0.70 | 278 (58-976) | 588 (122-2063) |
| Toplam | 0.0534 | 0.00006 | 2 | 0.5829 | 0.6222 | 175 (36-163) | 297 (62-1041) |

Yuvalama kumsallarının coğrafik yakınlıkları ve istatistiksel verilere dayalı gruplamalar yapılarak moleküler varyans analizi (AMOVA) yapıldı (Tablo 3.20.a, b, c).

Tablo 3.20.a. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 4; **1:** Kazanlı; **2:** Alata; **3:** Akyatan, Göksu, K. Kıbrıs ve Yumurtalık; **4:** Samandağ) (öd: önemli değil)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---|---------|----------------|-------------------|----------|
| Gruplar Arasında | 0.01428 | 0.66 | 0.00663 F_{CT} | öd |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.00170 | 0.08 | 0.00080 F_{SC} | < 0.05 |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.45289 | 21.04 | 0.21202 F_{IS} | < 0.0001 |
| Bireyler İçinde | 1.68319 | 78.21 | 0.21787 F_{IT} | < 0.0001 |

Tablo 3.20.b. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 4; **1:** Kazanlı; **2:** Alata, Göksu, K. Kıbrıs; **3:** Akyatan; **4:** Samandağ, Yumurtalık) (öd: önemli değil)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---|---------|----------------|-------------------|----------|
| Gruplar Arasında | 0.00508 | 0.24 | 0.00237 F_{CT} | öd |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.00662 | 0.31 | 0.00309 F_{SC} | öd |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.45289 | 21.09 | 0.21202 F_{IS} | < 0.0001 |
| Bireyler İçinde | 1.68319 | 78.37 | 0.212631 F_{IT} | < 0.0001 |

Tablo 3.20.c. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 6; **1:** Kazanlı; **2:** Göksu, K. Kıbrıs, Samandağ, Yumurtalık; **3:** Akyatan; **4:** Alata) (öd: önemli değil)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---|----------|----------------|-------------------|----------|
| Gruplar Arasında | -0.01030 | -0.48 | -0.00480 F_{CT} | öd |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.02050 | 0.95 | 0.00950 F_{SC} | öd |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.45289 | 21.10 | 0.21202 F_{IS} | < 0.0001 |
| Bireyler İçinde | 1.68319 | 78.42 | 0.21576 F_{IT} | < 0.0001 |

Tablo 3.20.d. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında moleküler varyans analizi (Grup sayısı: 6; **1:** Kazanlı; **2:** K. Kıbrıs, Yumurtalık; **3:** Akyatan; **4:** Alata; **5:** Göksu; **6:** Samandağ) (öd: önemli değil)

| | Varyans | Varyasyon %'si | Fiksasyon İndeksi | P |
|---|----------|----------------|-------------------|----------|
| Gruplar Arasında | 0.02204 | 1.03 | 0.01026 F_{CT} | öd |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | -0.00989 | -0.43 | -0.00465 F_{SC} | öd |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.45289 | 21.08 | 0.21202 F_{IS} | < 0.0001 |
| Bireyler İçinde | 1.68319 | 78.35 | 0.21647 F_{IT} | < 0.0001 |

Moleküler varyans analizi sonucunda, yapılan dört farklı gruplandırmada da genetik varyasyonun sırası ile bireyler içinde (~ %78) ve yuvalama kumsalları içindeki bireyler arasında (~ %21) olduğu gözlemlendi ($P < 0.0001$). Gruplar arasında anlamlı bir genetik varyasyon ($\leq \%1$) belirlenemedi ($P > 0.05$).

4. TARTIŞMA ve SONUÇ

Doğal populasyonların filocoğrafyası ve populasyon genetiği yaşam hikayesine çok yakından bağlıdır (Reece vd., 2005). Geniş yayımlı farklı habitatları beslenme, çiftleşme ve yuvalama bölgelerine sadakat göstererek kullanan deniz kaplumbağalarının karmaşık yaşam hikayeleri populasyon yapısını belirlemede önemli rol oynar (Formia vd., 2006). Moleküler teknikler deniz kaplumbağalarında gözlenmesi zor olan bu davranışları populasyon yapısındaki değişiklikleri izleyerek anlamada güçlü yöntemler sağlar (Meylan vd., 1990; Bowen vd., 1992; Karl vd., 1992; Allard vd., 1994; Norman vd., 1994; Bass vd., 1996; FitzSimmons vd., 1997; Laurent vd., 1998; Roberts vd., 2004). *C. mydas*'ın Akdeniz sahillerinde kaydedilmiş yuvalarının % 99'unu oluşturan Kıbrıs ve Türkiye yuvalama kumsallarına ait populasyon yapısını araştıran (Kasperek vd., 2001) yetersiz sayıda çalışma bulunmaktadır. Yalnız Kıbrıs yuvalama kumsallarına ait sınırlı sayıda örnekle yapılan çalışmalara (Bowen vd., 1992; Karl vd., 1992; Encalada vd., 1996; Lahanas vd., 1998; Roberts vd., 2004) karşın Akdeniz yuvalarının % 62'sinden fazlasını oluşturan Türkiye yuvalama kumsallarına (Kasperek vd., 2001) ait genetik yapısını araştıran hiçbir çalışma bulunmamaktadır.

Bu çalışma da Türkiye ve Kuzey Kıbrıs'ta bulunan yeşil deniz kaplumbağasına ait yedi yuvalama kumsalının populasyon yapısı mtDNA ve mikrosatellit belirteçleri kullanılarak araştırıldı. Her bir yuvalama kumsalı için, FitzSimmons vd. (1999) tarafından belirtilen üreme populasyonları çalışmaları için istatistiksel öneme sahip [mtDNA analizleri için 20 (en az 6-8), mikrosatellit analizi için ise 30-50 (Roberts vd. (2004)'ne göre 15)] örnekleme sayısına ulaşılmaya çalışıldı. Göksu örneğinde olduğu gibi yeterli populasyon büyüklüğüne sahip olmayan yuvalama kumsallarında bu rakamlara ulaşılamadı.

Yedi yuvalama bölgesinden 225 örnekle yapılan mtDNA kontrol bölgesi analizinden (heteroplazmi gösteren üç örnek hariç) toplamda altı farklı haplotip elde edildi (Tablo 3.3). Daha önce Atlantik (Kuzey Karolayna ve Küba) beslenme bölgelerinden belirlenmiş ve ilk kez bu çalışma ile Akdeniz'den bildirilen CM-

A27 (% 0.45) hariç, tespit edilen haplotiplerin tamamı Akdeniz havzasına özgüdür (% 99.55) (Encalada vd., 1996; Naro-Maciel vd., 2006). Kendine has bir haplotip dağılımı gösteren Akdeniz popülasyonu bu özelliği ile genelde diğer tüm *C. mydas* popülasyonlarından özelde ise Atlantik popülasyonlarından farklılık göstermektedir.

Atlantik yuvalama popülasyonları (Encalada vd., 1996; Reece vd., 2005; Bass vd., 2006) ile karşılaştırıldığında Akdeniz popülasyonunun daha düşük mtDNA kontrol bölgesine ait haplotip ve nükleotit çeşitliliğine sahip olduğu belirlendi (Tablo 3.4-5). Bu durum, Akdeniz popülasyonunun, Kuzey Atlantik genç deniz kaplumbağalarının okyanus akıntıları ile Akdeniz'e girmeleri ile yaklaşık 12 000 yıl önce Atlantik popülasyonlarından izole olduğunu öne süren hipotez ile uygunluk göstermektedir (Bowen vd., 1992; Encalada vd., 1996; Reece vd., 2005). Kurucu popülasyon etkisine bağlı olarak, akıntularla Akdeniz'e geçen ilk kolonin Akdeniz yuvalama alanlarında baskın olarak yayılmış (% 97.3) CM-A13 haplotipinde olma olasılığında yüksek görülmektedir. Önceden bilinen ve ilk kez bu çalışmada tanımlanan haplotiplerin tamamının CM-A13 haplotipinden değişmiş olması muhtemeldir. Haplotip tutumluluk ağı analiz sonuçları da desteklenen bu hipotezin dışında CM-A27 haplotipi ya Atlantik popülasyonundan göç yolu ile gelmiş, yada Atlantik popülasyonundan bağımsız olarak Akdeniz popülasyonunda açığa çıkmış olabilir (Şekil 3.2-3).

Örnek sayısı yetersiz olan Göksu kumsalı değerlendirme dışı tutulduğunda mtDNA haplotip verilerine dayalı popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık (γ_{st}) ve popülasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık dereceleri karşılaştırıldı. (Tablo 3.6) Sadece Akyatan ile Kuzey Kıbrıs arasındaki genetik uzaklık değeri, X^2 testince zayıf desteklemekle beraber ($P = 0.0397$), anlamlı çıkmıştır ($\gamma_{st} = 0.0269$, $P < 0.05$). Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları, yuvalama kumsalları arasında yapılan istatistiksel ve coğrafik yakınlık verilerine dayalı gruplamaları desteklememiştir ($P > 0.05$) (Tablo 3.7a, b ve c). Yine aynı şekilde; mtDNA haplotip tutumluluk ağı analiz sonuçları da haplotip ağı ile haplotiplerin coğrafik yerleşimleri arasında önemli bir bağlantının olmadığını ve tek bir soyhattının varlığını desteklemektedir (Şekil 3.2). Bu durum

yeşil deniz kaplumbağalarının yaşam hikayesinin önemli bir parçasını oluşturan yuvalama bölgesine sadakat özelliğini ortaya koymakta yetersiz kalmaktadır (Carr vd., 1978; Balazs, 1980; Limpus vd., 1992). Ancak, Dethmers vd. (2006) ve Bourjea vd. (2007) yeşil deniz kaplumbağa popülasyonlarının mtDNA haplotip 500 km'den sonra genetik farklılık gösterdiği gözlemleriyle de örtüşmektedir.

Sonuç olarak mtDNA için çalışmada kullanılan yuvalama kumsalları arasında anlamlı bir genetik farklılık belirlenemedi. Yuvalama kumsalları arasında anlamlı bir genetik farklılık bulunması, yuvalama kumsalları arasında gen akışının olmadığı ve izole olduklarını gösterir. Buna göre iki yuvalama kumsalı arasında anlamlı bir genetik farklılık bulunmuyor ise bu kumsallar tek bir yuvalama bölgesi olarak değerlendirilmelidir. Ancak popülasyonlar arasında genetik bir farklılığın olmamasının yuvalama popülasyonları arasında devam eden gen akışının olmasından başka iki sebebi daha olabilir (FitzSimmons vd., 1999). Bunlar; (I) İstatistiksel öneme sahip örnekleme sayısının altında örnekle çalışılmış olması (Baverstock and Moritz 1996), (II) Popülasyonlar arasındaki ayrılmanın yakın tarihte olması yüzünden genetik çeşitliliğin henüz birikmemiş olması, Çalışmada istatistiksel olarak anlamlılığı belirlenmiş örneklem büyüklüğü, kullanıldığından (FitzSimmons vd., 1999; Roberts vd. 2004), beklenen genetik farklılığın, görülememesinin nedeni popülasyonlar arasındaki ayrılmanın yakın zamanda gerçekleşmesi olabilir. Haploit olan ve anasal kalıtılan mtDNA'nın, çekirdek DNA'sına nazaran darboğaz gibi popülasyon yapısında meydana gelen değişimlere daha duyarlı olması ve fiksasyona gitmeside bu varsayımı desteklemektedir. Aynı şekilde popülasyondaki normalleşme sürecine geç tepki vermeside genetik çeşitliliğin mtDNA'da daha geç artmasına neden olabilir (Joanna, 2005).

Anasal kalıtılan mtDNA, yuvalama kumsallarının ve beslenme bölgelerinin genetik yapısından yola çıkarak dişi deniz kaplumbağalarının yaşam hikayesinin eksiklerini tamamlamada kullanılır. Erkek deniz kaplumbağalarının popülasyonun genetik yapısına yaptıkları katkıyı ve tam bir yaşam hikayesinin belirlenmesi için ise ikili atasal kalıtılan çekirdek DNA belirteçlerinden faydalanılır. Bunun için birey ve popülasyon düzeyinde çok değişken yapısından

dolayı akrabalık, populasyon yapısı ve populasyon genetiği çalışmaları için kullanışlı olan mikrosatellit lokusları kullanılır (McGaugh vd., 2007) (Şekil 1.3).

Bu çalışmada Türkiye ve Kuzey Kıbrıs sahillerindeki yedi *C. mydas* yuvalama kumsalından 232 örnekten altı farklı mikrosatellit lokusu araştırıldı. Lokuslardan biri monomorfik (*Cm-141*) olup, polimorfik olan diğerlerin de alel sayısı 8 (*Ccar-176*) ile 34 (*Cm-72*) arasında değişmektedir. Altı lokus için toplam 80 olan alel sayısı, ortalamada 12.67 olarak belirlendi (Tablo 3.8).

Populasyon içi varyasyonun önemli bir göstergesi olan gözlenen heterozigotluk değerleri belirlendi (Tablo 3.9). Göksu kumsalı hariç, en yüksek *Cc-117* lokusundan Kuzey Kıbrıs'ta (0.884), en düşük ise *Ccar-176* lokusundan Kazanlı'da (0.668) gözlemlendi. Beklenen ile gözlenen heterozigotluk arasındaki en büyük fark ise *Ccar-176* lokusundan Kazanlı'da ($H_G = 0.668$, $H_B = 0.2$) belirlendi. Monomorfik *Cm-141* lokusu değerlendirme dışı tutulduğunda, kumsalların toplamında gözlenen heterozigotluk değerlerinden en yüksek *Cc-117* (0.8004) ve *Cm-72* (0.7999), en düşük ise *Ccar-176* (0.3068) lokuslarında saptandı.

Çalışma için kullanılan lokuslardan bazıları daha önce farklı araştırmalarda kullanılmış ve gözlenen heterozigotluk değerleri saptanmıştır (Tablo 4.1).

Tablo 4.1. Çalışmada kullanılan bazı lokuslara ait önceki çalışmalarda elde edilmiş gözlenen heterozigotluk değerleri (H_G)

| H_G | Kıbrıs ^a | Atlantik ^a | Brezilya ^b | Türkiye ^c | Kıbrıs ^c |
|--------------|---------------------|-----------------------|-----------------------|----------------------|---------------------|
| <i>Cm-72</i> | 0.8 | 0.834 | 0.974-0.932 | 0.7999 | 0.8609 |
| <i>Cm-84</i> | 0.68 | 0.814 | 0.780-0.845 | 0.7247 | 0.8659 |
| <i>Cc-7</i> | - | - | 0.823-0.821 | 0.7921 | 0.8307 |

^a Roberts vd. (2004) ^b Naro-Maciel vd. (2006) ^c Bu çalışma

Buna göre Türkiye için saptanan gözlenen heterozigotluk değerleri Atlantik ve Brezilya yakınındaki iki beslenme alanından verilen değerlerden düşük çıkmıştır. Özellikle Türkiye ile Brezilya arasında *Cm-72* lokusunda önemli bir farklılık belirgindir. Kıbrıs için ise bu çalışmada elde edilen gözlenen heterozigotluk değeri önceki çalışmada kaydedilenden, özellikle *Cm-84* lokusu için yüksektir. Toplamda Türkiye ve Kıbrıs'a ait yuvalama kumsalından elde edilen gözlenen heterozigotluk, Atlantik populasyonundan düşük çıkmıştır. Bu

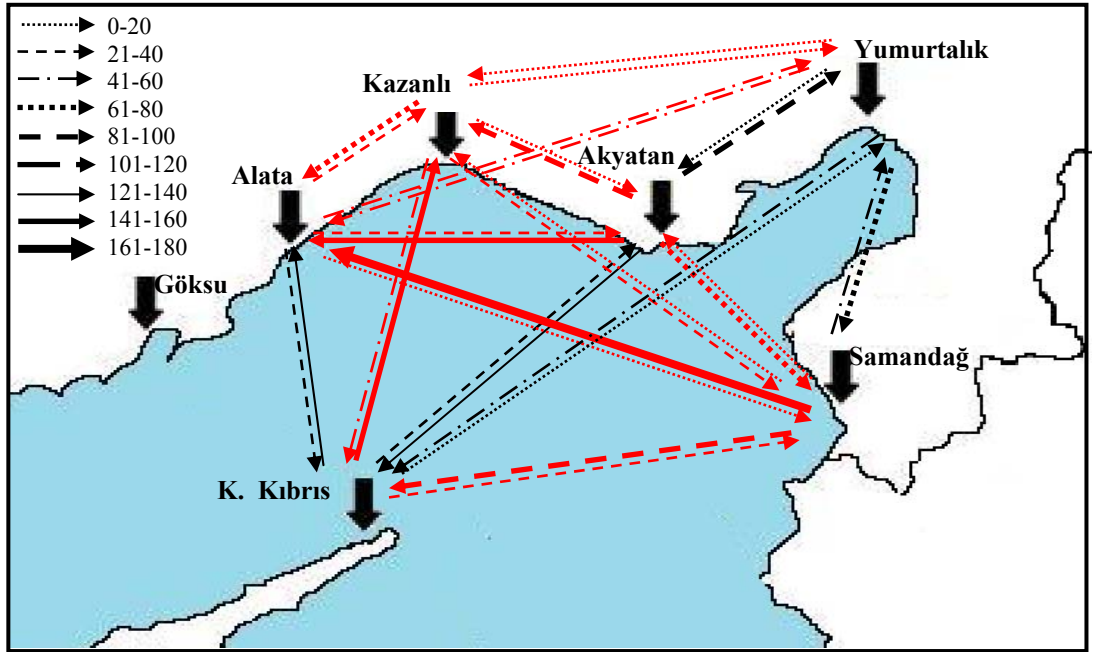
durum populasyon ii varyasyonun alıřılan kumsallarda Atlantik'e gre dřk olduėunu gsterir. Atlantik populasyonundan izole olduėu en azından mtDNA dzeyde belirgin olan Akdeniz populasyonun dřk genetik eřitliliėe sahip olması kurucu populasyon etkisi ile rtřmektedir.

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak yuvalama kumsalları iin her bir lokusun Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıėı arařtırıldı (Tablo 3.10-11). Toplamda btn yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesinde olmadıėı grld. Lokuslar arasında alellerin rasgele olmayan iliřkisi baėlantı dengesizliėi olarak bilinir ve bu birok nedenden kaynaklanabilir. En yaygın olanı da bir kromozom zerinde iki lokusun yakınlıėıdır. oklu lokuslardan veri analiz edilirken beklenenden daha az baėımsız lokusun olma olasılıėını reddetmeden nce baėlantı dengesizliėi iin test yapılmalıdır. Baėlantı dengesizliėi lokusların beklenmeyen bir řekilde davranmasına neden olabilir. rneėin; seilen alellere baėlı olan ntr alleler ntr deėilmiř gibi grlecek ve populasyon byk ve eřleřme geliřigzel olsa bile Hardy-Weinberg dengesinde deėiller gibi olacaklardır (Joannan, 2005). Lokusların baėımsız kalıtılmalarının bir lm olan baėlantı dengesizliėi analizinde, aralarında baėlantı dengesizliėi olduėu saptanan Cc-7, Cm84 ve Ccar-176, Cm-84 lokus iftlerinin ($P =$ yksek derecede nemli) (Tablo 3.14) varlıėı, populasyonların Hardy-Weinberg dengesinden sapmasında etkili olmuř olabilir. Szkonusu etki populasyonların Cc-7, Cm84 ve Ccar-176 lokuslarında da Hardy-Weinberg dengesinden sapmasının bir nedeni olabilir (Tablo 3.10).

Populasyonların Hardy-Weinberg dengesinden sapmasının diėer bir nedeni de erkek kaplumbaėaların iftleřme blgelerine sadakat gstermemesi veya beslenme blgelerinden iftleřme blgelerine olan gler sırasında farklı yuvalama blgelerinden diřilerle olan iftleřme řanslarını deėerlendirmiř olmalarından kaynaklanıyor olabilir.

Yukarıda alıřılan yuvalama kumsalındaki *C. mydas*'ların Hardy-Weinberg dengesi olmamasının nedenlerinden belki de en nemli nedeni kurucu etkisi ve bunun sonucunda meydana gelen genetik srklenme sayılabilir.

Mikrosatellit verilerine dayalı populasyonlar arasındaki genetik uzaklık (F_{st}) ve populasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık dereceleri karşılaştırıldı (Tablo 3.16). Örnek sayısı yetersiz olan Göksu kumsalı değerlendirme dışı tutulduğunda 15 ikili karşılaştırmanın 10'unda istatistiksel olarak farklılıklar belirlendi ($P < 0.05$) (Şekil 4.1). En düşük genetik uzaklık değeri Kuzey Kıbrıs-Alata (-0.0053), en yüksek ise Kuzey Kıbrıs-Samandağ (0.02) arasında gözlemlendi. Kazanlı kumsalının diğer bütün yuvalama kumsallarından, Kuzey Kıbrıs yuvalama kumsalının ise Kazanlı (0.0069) ve Samandağ (0.02) dışındaki diğer kumsallarla olan genetik uzaklığı istatistiksel olarak ($P < 0.05$) anlamlı çıkmıştır.



Şekil 4.1. Coalescent metodu kullanan MIGRATE programı ile hesaplanmış populasyon çiftleri arasındaki göç oranları (M) ile yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırılmalarına ait genetik uzaklık ve bunlara ait X^2 olasılık değerleri kullanılarak oluşturulmuş yuvalama kumsalları arası genetik uzaklık haritası (Göksu değerlendirilmemiştir) (Siyah çizgi: $P > 0.05$, Kırmızı çizgi: $P < 0.05$).

Erkek kaplumbağaların ardışık çiftleşme sezonlarında aynı çiftleşme bölgesine gelmesi ile dişi kaplumbağaların yumurtadan çıktıkları ve yuvalama bölgelerine gösterdikleri sadakat yuvalama kumsalları arasındaki istatistiksel olarak anlamlı genetik farklılıkların kaynağını açıklamada kullanılabilir. Kurucu populasyon etkisi altında düşük genetik çeşitliliğe sahip olan mtDNA haplotip

dağılımından tam olarak tespit edilemeyen dişilerin yuvalama bölgesine sadakati, ikili atasal kalıtılan mikrosatellit lokuslarında açığa çıkmış olabilir.

Yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırılmalarına ait genetik uzaklık ve bunlara ait X^2 olasılık değerleri kullanılarak oluşturulmuş yuvalama kumsalları grupları moleküler varyans analizi (AMOVA) için kullanıldı (Tablo 3.20a, b, c, d). Moleküler varyans analizi sonuçları, istatistiksel verilere dayalı gruplamalar arasında anlamlı bir genetik çeşitliliği desteklememektedir. Bu durum erkeklerin çiftleşme, dişilerin ise yuvalama bölgelerine sadakati ile çelişmekle birlikte, yuvalama kumsalları arasında erkek kaynaklı gen akışının bir sonucu olarak değerlendirilebilir. Buna göre erkek kaplumbağalar ya çiftleşme bölgesine tam sadakat göstermiyor, yada çiftleşme bölgelerine olan göçlerde beslenme bölgelerindeki farklı yuvalama bölgesinden dişilerle çiftleşiyor olabilirler.

Kuzeydoğu Akdeniz *C. mydas* populasyonunun sahip olduğu farklı mtDNA haplotip ve mikrosatellit alel dağılımı (Roberts vd., 2004) onun Atlantik ana populasyonundan önemli derecede izole olduğunu göstermektedir. Sahip olduğu bu farklılıklar nedeni ile Akdeniz populasyonu Atlantik populasyonundan bağımsız bir birim olarak değerlendirilmelidir. *C. mydas* için ayrı bir stok ve yönetim birimi olan ve izole genetik yapısı ile farklı evrimsel süreçlere sahip Akdeniz populasyonu korunması gereken önemli bir populasyondur. Bu çalışma, *C. mydas*'ın Akdeniz populasyonuna ait bilgilerdeki eksiklikleri tamamlamada ve bu yönü ile koruma çalışmalarına yönelik önemli katkılar sunmaktadır.

5. KAYNAKLAR

- Abreu-Grobois F. A., Horrocks, J. A., Formia, A., Dutton, P., LeRoux, R., Vélez-Zuazo, X., Soares, L. and Meylan, P.; 2006.** New mtDNA dloop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution capacity of mixed stock analyses. Poster presented at the 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, Crete, Greece, 2-8 April 2006.
- Ackman, R.G., Hooper, S.N., and Frair, W. 1971.** Comparison of the fatty acid compositions of depot fats from fresh-water and marine turtles. *Comp. Biochem. Physiol. B*, **40**: 931–944.
- Allard, M., Miyamoto, M.M., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B. and Bowen, B.W.; 1994.** Support for natal homing in green turtles from mitochondrial DNA sequences. *Copeia*, 34-41.
- Avise, J.C.; 1994.** Molecular markers, natural history and evolution. Chapman & Hall, New York.
- Avise, J.C.; 2004.** Molecular Markers, Natural History and Evolution (Second Edition). Sinauer, Sunderland, MA.
- Avise, J.C., Bowen, B.W., Bermingham, E., Meylan, A.B. and Lamb, T.; 1992.** Mitochondrial DNA evolution at a turtle's pace: evidence for low genetic variability and reduced microevolutionary rate in the Testudines. *Molecular Biology and Evolution*, **9**, 457–473.
- Balazs, G.H.; 1980.** Synopsis of biological data on the green turtle in the Hawaiian Islands. U.S. Dept. Commer., NOAA Tech. Memo. NMFS, NOAA-TMNMFS-SWFC-7, and University of Hawaii Sea Grant Cooperative Report UNIH-SEAGRANT CR-8 1-02.
- Baran, I., Kasperek, M., 1989.** Marine Turtles in Turkey: Status Survey 1988 and Recommendations for Conservation and Management. World Wide Fund for Nature, Heidelberg.
- Bass, A.L., Epperly, S.P. and Braun-McNeill, J.; 2006.** Green turtle (*Chelonia mydas*) foraging and nesting aggregations in the Caribbean and Atlantic:

impacts of currents and behavior on dispersal. *Journal of Heredity*, 97, 346–354.

- Bass, A.L., Good, D.A., Bjorndal, K.A., Richardson, J.I., Hillis, Z.M., Horrocks, J.A. and Bowen, B.W.; 1996.** Testing models of female reproductive migratory behaviour and population structure in the Caribbean hawksbill turtle, *Eretmochelys imbricata*, with mtDNA sequences. *Mol. Ecol.*, 5, 321–328.
- Bass, A.L., LaGueux, C.J. and Bowen, B.W.; 1998.** Origin of green turtles, *Chelonia mydas*, at ‘sleeping rocks’ off the northeast coast of Nicaragua. *Copeia*, 1064–1069.
- Bass, A.L. and Witzell, W.N.; 2000.** Demographic composition of immature green turtles (*Chelonia mydas*) from the east central Florida coast: evidence from mtDNA markers. *Herpetologica*, 56, 357–367.
- Baçoğlu, M.; 1973.** Sea Turtles and the Species Found- Along the Coast of Neighboring Countries. *Türk Biyoloji Dergisi*. 23: 12-21.
- Baçoğlu, M., Baran, I., 1982.** Anadolu sahillerinde toplanan deniz kaplumbağası materyali üzerine kısa bir rapor (Short reports on previously collected sea turtle data in Anatolian coastline). *Doğa Temel Bilimler Serial A* 6 (2), 69–71.
- Baverstock, P.R. and Moritz, C.; 1996.** Project design, p.17-27. *In*: D. M. Hillis, C. Moritz, and B. K. Mable (Editors), *Molecular Systematics*, Second edition. Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts.
- Beerli, P.; 2002.** MIGRATE Ver. 1.7.6.1– Documentation and Program. Available at <http://evolution.genetics.washington.edu/lamark.html>
- Beerli P. and Felsenstein, J.; 1999.** Maximum likelihood estimation of migration rates and effective population numbers in two populations using a coalescent approach. *Genetics* 152:763–773.
- Bjorndal, K.A.; 1985.** Nutritional ecology of sea turtles. *Copeia*, 736–751.
- Bjorndal, K.A., Bolten, A.B. and Troeng, S.; 2005.** Population structure and genetic diversity in green turtles nesting at Tortuguero, Costa Rica, based

- on mitochondrial DNA control region sequences. *Marine Biology*, 147: 1449–1457.
- Bolten AB, Bjorndal K.A., Martins, H.R. Dellinger, T., Biscoito, M.J., Encalada, S.E. and Bowen, B.W.; 1998.** Transatlantic developmental migrations of loggerhead sea turtles demonstrated by mtDNA sequence analysis. *Ecological Applications*, 8, 1–7.
- Bonhomme, F., Lebeau, A., Pasteur, G.; 1987.** Comparaison génétique des tortues vertes (*Chelonia mydas*) des océans Atlantique, Indien et Pacifique: une illustration apparente de la théorie mullerienne classique de la structure génétique des populations? *Genetica*, 74, 89–94.
- Boore, J.L.; 1999.** Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27:1767-1780.
- Bourjea, J., Lapègue, S., Gagnevin, L., Broderick, D., Mortimer, J.A., Ciccione, S., Roos, D., Taquet, C., Grizel, H.; 2007.** Phylogeography of the green turtle, *Chelonia mydas*, in the Southwest Indian Ocean. *Molecular Ecology* 16, 175–186.
- Bowen, B.W., Abreu-Grobois, F.A., Balazs, G.H., Kamezaki, N., Limpus, C.J. and Ferl, R.J.; 1995.** Trans-Pacific migrations of the loggerhead sea turtle demonstrated with mitochondrial DNA markers. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 92, 3731–3734.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Garcia-Rodriguez, A., Diez, C.E., Van Dam, R., Bolten, A., Bjorndal, K.A., Miyamoto, M.M. and Ferl, R.J.; 1996.** Origin of hawksbill turtles in a Caribbean feeding area as indicated by genetic markers. *Ecological Applications*, 6, 566–572.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Rocha, L.A., Grant, W.S. and Robertson, D.R.; 2001.** Phylogeography of the trumpetfishes (*Aulostomus*): ring species complex on a global scale. *Evolution*, 55, 1029–1039.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Soares, L., Toonen, R.J.; 2005.** Conservation implications of complex population structure: lessons from the loggerhead turtle (*Caretta caretta*). *Mol. Ecol.*, 14, 2389–2402.

- Bowen, B.W. and Karl, A.; 1996.** Population genetics, phylogeography, and molecular evolution. In: *The Biology of Sea Turtles* (eds Lutz PL, Musick JA), pp. 29–50. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- Bowen, B.W. and Karl, A.; 2007.** Population genetics and phylogeography of sea turtles. *Molecular Ecology*, 16, 4886-4907.
- Bowen, B.W., Meylan, A.B., Ross, J.P., Limpus, C.J., Balazs, G.H. and Avise, J.C.; 1992.** Global population structure and natural history of the green turtle (*Chelonia mydas*) in terms of matriarchal phylogeny. *Evolution*, 46, 865–881.
- Bowen, B.W., Nelson, W.S. and Avise, J.C.; 1993.** A molecular phylogeny for marine turtles: trait mapping, rate assessment, and conservation relevance. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 90,5574.
- Bowen, D.Q.; 1978.** Quaternary Geology. Pergamon Press. Oxford, UK.
- Briggs, J.C.; 1974.** Marine Zoogeography. McGraw-Hill, N.Y., USA.
- Broderick, A.C., Glen, F., Godley, B.J. and Hays G.C.; 2002.** Estimating the Size of Nesting Populations of Green and Loggerhead Turtles in the Mediterranean. *Oryx*, 36: 227-236.
- Brown, W.M., M. George JR. and Wilson, A.C.; 1979.** Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 76:1967-1971.
- Bruford, M.W. and Wayne, R.K.;1993.** Microsatellites and their application to population genetic studies. *Current Opinions in Genetic Development*, 3:939-43.
- Canbolat, A.F.; 2004.** A review of sea turtle nesting activity along the Mediterranean coast of Turkey. *Biological Conservation*, 116, 81-91.
- Carr, A.F.; 1967.** So Excellent a Fish: A Natural History of Sea Turtles. Scribner, N.Y., USA.
- Carr, A.F.; 1975.** The Ascension Island green turtle colony. *Copeia*, 547-555.
- Carr, A.F.; 1980.** Some problems of sea turtle ecology. *Am. Zool.* 20:489-198.
- Carr, A.F.; 1986.** Rips, FADS, and little loggerheads. *Bioscience* 36(2):92-100.

- Carr, A.F.; 1987.** New perspectives on the pelagic stage of sea turtle development. *Conservation Biology*, 1, 103–121.
- Carr, A.F. and Carr, M.H.; 1972.** Site fixity in the Caribbean green turtle. *Ecology* 53(3):425-429.
- Carr, A.F., Carr, M.H. and Meylan, A.B.; 1978.** The ecology and migrations of sea turtles, 7. The west Caribbean green turtle colony. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.*, 162: 146.
- Carr, A.F., and Ogren, L.; 1960.** The ecology and migration of sea turtles. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 121, 1–48.
- Carreras, C., Pascual, M., Cardona, L., Aguilar, A., Margaritoulis, D., Rees, A., Turkozan, O., Levy, Y., Gasith, A., Aureggi, M., Khalil, M.; 2007.** The genetic structure of the loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) in the Mediterranean as revealed by nuclear and mitochondrial DNA and its conservation implications. *Conserv. Genet.*, 8, 761–775.
- Chassin-Noria, O., Abreu-Grobois, A., Dutton, P. H. and Oyama, K.; 2004.** Conservation genetics of the east Pacific green turtle (*Chelonia mydas*) in Michoacan, Mexico. *Genetica*,; 121: 195–206.
- Chen, J.Z. and Hebert, P.D.N.; 1999.** Intraindividual sequence diversity and a hierarchical approach to the study of mitochondrial DNA mutations. *Mutation Research*, 434, 205-217.
- Chow, S., Okamoto, H., Miyabe, N., Hiramatsu, K. and Barut, N.; 2000.** Genetic divergence between Atlantic and Indo-Pacific stocks of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) and admixture around South Africa. *Molecular Ecology*, 9, 221–227.
- Clement, M., Posada, D. and Crandall, K. A.; 2000.** TCS: A computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9(10):1657-1659.
- Coates, D.J., Carstairs, S.A. and Prince, R.I.T.; 1994.** In *Proceedings of the Australian Marine Turtle Conservation Workshop* (Queensland Department of Environment and Heritage and Australian Nature Conservation Agency), pp. 163–166.

- Corbett, K.; 1989.** The Conservation of European Reptiles and Amphibians. C. Helm, London, North Pomfret, Vermont. 274 pp.
- Cornuet, J.M. and Luikart, G.; 1996.** Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144:2001–2014
- Cuadras, C.M.; 1983.** Problemas de probabilidad y estadística. PPU, Barcelona.
- Cunningham, J., Baard, E.H.W., Harley, E.H. and O’Ryan, C.; 2002.** The investigation of genetic diversity in severely fragmented geometric tortoises (*Psammobates geometricus*) populations. *Conservation Genetics*, 3:215-223.
- Dethmers, K.E.M., Broderick, D., Moritz, C., FitzSimmons, N.N., Limpus, C.J., Lavery, S., Whiting, S., Guinea, M., Prince, R.I.T. and Kennett, R.; 2006.** The genetic structure of Australasian green turtles (*Chelonia mydas*): exploring the geographical scale of genetic exchange. *Molecular Ecology*, 15, 3931–3946.
- Di Rienzo, A.D., Peterson, A.C., Garza, J.C., Valdes, A.M., Slatkin, M. and Freimer, N.B.; 1994.** Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91: 3166–3170.
- Dizon, A.E., and Balazs, G.H.; 1982.** Radio telemetry of Hawaiian green turtles at their breeding colony. *Mar. Fish. Rev*, 44: 13-20.
- Duncan, K.M., Martin, A.P., Bowen, B.W. and De Couet, H.G.; 2006.** Global phylogeography of the scalloped hammerhead (*Sphyrna lewini*). *Molecular Ecology*, 15, 2239–2251.
- Dutton, P.H.; 1995.** Molecular evolution of sea turtles with special reference to leatherback, *Dermochelys coriacea*. (Thesis), Department of Zoology, Texas A&M University.
- Dutton, P.H.; 1996.** Use of molecular markers for stock identification, fingerprinting, and the study of mating behavior in leatherback turtles. In: Proceedings of the International Symposium on Sea Turtle Conservation Genetics (eds. Bowen BW, Witzell WN), pp. 79–86. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC-396, US Department of Commerce.

- Dutton, P.H., Davis, S.K., Guerra, T. and Owens, D.; 1996.** Molecular phylogeny for marine turtles based on sequences of the ND4-Leucine tRNA and control region of mitochondrial DNA. *Mol. Phylogenet. Evol.* 5: 511–521.
- Eckert, L. and Eckert, S.A.; 1988.** Pre-reproductive movements of leatherback sea turtles (*Dermochelys coriacea*) nesting in the Caribbean. *Copeia* 1988:400-406.
- Ellegren, H.; 2000.** Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. *Trend in Genetics*, 16 (112), 551-558.
- Encalada, S.E., Eckert, S.A. and Bowen, B.W.; 1994.** Forensic applications of mitochondrial DNA markers: origin of a confiscated green turtle. *Marine Turtle Newsletter*, 66, 1-3.
- Encalada, S.E., Lahanas, P.N., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Miyamoto, M.M. and Bowen, B.W.; 1996.** Phylogeography and population structure of the Atlantic and Mediterranean green turtle *Chelonia mydas*: a mitochondrial DNA control region sequence assessment. *Molecular Ecology*, 5, 473–483.
- Engstrom, T.N., Edwards, T., Osentoski, M.F. and Myers, E.M.; 2007.** A compendium of PCR primers for mtDNA, microsatellite, and other nuclear loci for freshwater turtles and tortoises. *Chelonian Research Monograph*, 4, 124-141.
- Engstrom, T.N., Shaffer, H.B. and McCord, W.P.; 2002.** Phylogenetic diversity of endangered and critically endangered southeast Asian softshell turtles (Trionychidae: *Chitra*). *Biological Conservation*, 104:173-179.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S.; 2006.** Arlequin ver 3.1. An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>
- Excoffier, L., Smouse, P. and Quattro, J.; 1992.** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131:479-491.

- Feldman C.C. and Parham, J.F.; 2002.** Molecular phylogenetics of Emydine turtles: taxonomic revision and the evolution of shell kinesis. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 22:388-398.
- Ferris, S.D., Sage, R.D., Huang, C.M., Nielsen, J.T., Ritte, U. and Wilson, A.C. 1983.** Flow of mitochondrial DNA across a species boundary. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 80: 2290-2294.
- FitzSimmons, N.N. 1998.** Single paternity of clutches and sperm storage in the promiscuous green turtle (*Chelonia mydas*). *Molecular Ecology* 7:575-584.
- FitzSimmons, N.N., Limpus, C.J., Norman, J.A., Goldizen, A.R., Miller, J.D., Moritz, C., 1997b.** Philopatry of male marine turtles inferred from mitochondrial DNA markers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 94, 8912–8917.
- FitzSimmons, N., Moritz, C. and Bowen, B.W.; 1999.** Population Identification. *IUCN/SSC Marine Turtle Specialist Group Publication* No. 4, 1-8.
- FitzSimmons, N.N., C. Moritz, C. J. Limpus, J. D. Miller, C. J. Parmenter and R. Prince. 1996.** Comparative genetic structure of green, loggerhead and flatback populations in Australia based on variable mt DNA and nDNA regions, p.25-32. *In:* B. Bowen and W. Witzell (Editors.), *Proceedings of the International Symposium on Sea Turtle Conservation Genetics*. NOAA Technical Memorandum NMFSSEFSC-396. U. S. Department of Commerce.
- FitzSimmons, N.N., Moritz, C., Limpus, C.J., Pope, L. and Prince, R.; 1997a.** Geographic structure of mitochondrial and nuclear gene polymorphisms in Australian green turtle populations and male-biased gene flow. *Genetics*, 147, 1843–1854.
- FitzSimmons, N.N., Moritz, C. and Moore, S.S.; 1995.** Conservation and dynamics of microsatellite loci over 300 million years of marine turtle evolution. *Mol Biol Evol* 12:432–440.
- Formia, A., Godley, B.J., Dontaine, J.F. and Bruford, M.W.; 2006.** Mitochondrial DNA diversity and phylogeography of endangered green

turtle (*Chelonia mydas*) populations in Africa. *Conservation Genetics*, 7:353–369.

- Frair, W.;** 1979. Taxonomic relations among sea turtles elucidated with serological tests. *Herpetologica*, 35, 239.
- Frair, W.;** 1982. Serum electrophoresis and sea turtle classification. *Comp. Biochem. Physiol.*, 66B, 421.
- Frazer, N.B. and Ladner, R.C.;** 1986. A growth curve for green sea turtles, *Chelonia mydas*, in the U.S. Virgin Islands. *Copeia*, 1986:798-802.
- Geldiay, R.,** 1984. Türkiye'nin Ege ve Akdeniz kıyılarında yaşayan deniz kaplumbağalarının (*Caretta C. caretta* L. ve *Chelonia m. mydas* L.) populasyonları ve korunması ile ilgili araştırmalar. *Doğa Bilim Dergisi* A2 8 (1), 66–75.
- Geldiay, R., Koray, T.,** 1982. Türkiye'nin Ege ve Akdeniz kıyılarında yaşayan deniz kaplumbağalarının (*Caretta C. caretta* L. ve *Chelonia m. mydas* L.) populasyonları ve korunmaları ile ilgili tedbirler üzerine araştırmalar [Survey on the sea turtle (*Caretta c. caretta* L. and *Chelonia m. mydas* L.) populations living on the Aegean and Mediterranean coasts of Turkey and their conservation schemes]. TUBITAK, Ankara-Turkey, Project No; WHAG-431.
- Geldiay, R., Koray, T. vd. Balık, S.,** 1982. Status of the sea turtle population (*Caretta C. caretta* and *Chelonia m. mydas*) in the northern Mediterranean Sea, Turkey. In: Bjorndal, K.A. (Ed.), *Biology and Conservation of Sea Turtles*. Smithsonian Institution Press, Washington, 424–435.
- Groombridge, B.,** 1990. *Marine Turtles in the Mediterranean; Distribution, Population Status, Conservation*. A Report to the Council of Europe, World Conservation Monitoring Centre, Cambridge, UK.
- Guo, S.W. and Thompson, E.A.;** 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics* 48:361–372

- Hall, T.A.; 1999.** BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41:95-98.
- Hathaway, R.R., 1972.** Sea turtles, unanswered questions about sea turtles in Turkey. *Balik ve Balıkçılık*, 20(1), 1–8.
- Hendrickson, J.R., 1958.** The green sea turtle, *Chelonia mydas* (Linn.) in Malaya and Sarawak. *Proc. Zool. Soc. London* 130:455-535.
- Hillis, D.M. and Moritz, C.; 1996.** Molecular systematics. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hirayama, R., 1998.** Oldest known sea turtle. *Nature*, 392, 705–708.
- Hirth, F.H., 1980.** Some aspects of the nesting behavior and reproductive biology of sea turtles. *Am. Zool.*, 20, 507.
- Hirth, F.H., 1997.** Synopsis of the Biological Data on The Green Turtle, *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758). Biological Report, 97(1) FWS-US.
- Hudson, R.R., Boos, D.D. and Kaplan, N.L.; 1992.** A statistical test for detecting geographic subdivision. *Mol. Biol. Evol.*, 9: 138–151.
- Hudson, R.R. and Turelli, M.; 2003.** Stochasticity overrules the 'three-times rule': Genetic drift, genetic draft, and coalescent times for nuclear loci versus mitochondrial DNA. *Evolution*, 57: 182-190.
- Ireland, J.S., Broderick, A.C., Glen, F., Godley, B.J., Hays, G.C., Lee, P.L.M. and Skibinski, D.O.F.; 2003.** Multiple paternity assessed using microsatellite markers, in green turtles *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758) of Ascension Island, South Atlantic. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 291, 149–160.
- Joanna, F.; 2005.** Molecular Ecology. *John Wiley and Sons Inc.*, ISBN-13 978-0-470-09061-8.
- Karl, S.A. and Bowen, B.W.; 1999.** Evolutionary significant units versus geopolitical taxonomy: molecular systematics of an endangered sea turtle (genus *Chelonia*). *Conserv. Biol.* 13: 990–999.

- Karl, S.A. and Bowen, B.W. and Avise, J.C.; 1992.** Global population structure and male-mediated gene flow in the green turtle (*Chelonia mydas*): RFLP analysis of anonymous nuclear DNA regions. *Genetics*, 131, 163–173.
- Kaska, Y.; 2000.** Genetic structure of Mediterranean sea turtle populations. *Turk J Zool* 24:191–197.
- Kasperek, M., Godley, B.J., Broderick, A.C., 2001.** Nesting of the Green Turtle, *Chelonia mydas*, in the Mediterranean: a review of status and conservation needs. *Zoology in the Middle East* 24, 45–74.
- Kimura, M. and Crow, J.F.; 1964.** The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49, 725–738.
- Kimura, M. and Ohta, T.; 1978.** Stepwise mutation model and distribution of allelic frequencies in a finite population. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 75: 2868–2872.
- Klinger, R.C. and Musick, J.A.; 1992.** Annular growth layers in juvenile loggerhead turtles (*Caretta caretta*). *Bulletin of Marine Science*, 51 (2), 224–230.
- Lahanas, P.N., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Encalada, S.E., Miyatomo, M.M., Valverde, R.A. and Bowen, B.W.; 1998.** Genetic composition of a green turtle (*Chelonia mydas*) feeding ground population: evidence for multiple origins. *Marine Biology*, 130, 345–352.
- Laurent, L.; 1990.** L'origine des tortues caouannes, *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758) de Méditerranée Occidentale. *Rapports et Procès-Verbaux des Réunions de la Commission Internationale pour l'Exploration Scientifique de la Mer Méditerranée*, 32, 240.
- Laurent, L., Casale, P., Bradai, M.N., Godley, B.J., Gerosa, G., Broderick, A.C., Schroth, W., Schierwater, B., Levy, A.M., Freggi, D., Abd El-Mawla, E.M., Hadoud, D.A., Gomati, H.E., Domingo, M., Hadjichristophorou, M., Kornaraky, L., Demirayak, F. and Gautier, C.H.; 1998.** Molecular resolution of marine turtle stock composition in fishery bycatch: a case study in the Mediterranean. *Mol. Ecol.*, 7, 1529–1542.

- Lee, P.L.M., Luschi, P., Hays, G.C.; 2007.** Detecting female precise natal philopatry in green turtles using assignment methods. *Mol. Ecol.*, 16, 61–74.
- Lessios, H.A., Kessing, B.D. and Pearse, J.S.; 2001.** Population structure and speciation in tropical seas: global phylogeography of the sea urchin *Diadema*. *Evolution*, 55, 955–975.
- Levinson, G. and Gutman, G.A.; 1987** High frequency of short frame shifts in poly-CA/GT tandem repeats borne by bacteriophage M13 in *Escherichia coli* K-12. *Nucleic Acids Res.*, 15: 5323–5338.
- Limpus, C.J., Miller, J.D., Parmenter, C.J., Reiner, D., Mclachlan, N. and Webb, R.; 1992.** Migration of green (*Chelonia mydas*) and loggerhead (*Caretta caretta*) turtles to and from east Australian rookeries. *Wildlife Research*, 19, 347–358.
- Limpus, C.J. and Reed, P.C.; 1985.** The green turtle *Chelonia mydas* in Queensland: Population structure in a coral reef feeding ground, pp. 343-351. In G. C. Grigg, R. Shine, and H. Ehmann (eds.), *Biology of Australasian Frogs and Reptiles*. Surrey Beatty and Sons, Sydney, Australia.
- Limpus, C.J., and Walter, D.G.; 1980.** The growth of immature green turtles (*Chelonia mydas*) under natural conditions. *Herpetologica* 36: 162-165.
- Lopez, E.G., Aguilera, G.H., Jager, M., Gamez, K O., Martin, M.E.I., Masselot, M. and Deutch, J.; 2000.** Proceedings of the Nineteenth Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation. NOAA Technical Memorandum NMFS-SEFSC-443, pp 121-123.
- Luke, K., Horrocks, J.A., Leroux, R.A. and Dutton, P.H.; 2004.** Origins of green turtle (*Chelonia mydas*) feeding aggregations around Barbados, West Indies. *Marine Biology*, 144, 799–805.
- Lundelius Jr., E.L.; 1987.** The North American quaternary sequence, 11-235. In M. O. Woodburne (ed.), *Cenozoic Mammals of North America*. University of California Press. Berkeley, CA USA.

- Lutz, P.L. and Musick, J.A.; 1996.** The Biology of Sea Turtles. ISBN 0-8493-8422-2, 432 sayfa.
- Manel, S., Berthier, P. and Luikart, G.; 2002.** Detecting wildlife poaching: identifying the origin of individuals with Bayesian assignment tests and multilocus genotypes. *Conservation Biology*, 16:650-659.
- Marquez, R.J.; 1990.** Sea turtles of the world. An annotated and illustrated catalogue of sea turtle species known to date. *FAO Fisheries Synopsis*, 125 (11), Rome, FAO.
- Martin, A.P. and Palumbi, S.R.; 1993.** Body size, metabolic rate, generation time, and the molecular clock. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 90, 4087–4091.
- McGaugh, S.E., Alacs, E.A., Edwards, S.V., Feldman, C.R., George, A., SITES, JR. J.W. and Valenzuela, N.; 2007.** From Molecules to Organisms: Research Applications of Modern Genetic Tools for Turtle Biology and Conservation. *Chelonian Research Monographs*, 4:47–72.
- MEDASSET, 2000.** Green turtle (*Chelonia mydas*) on the Turkish Mediterranean Coasts. Council of Europe report T_PVS (2000)56.
- Meylan, A.B.; 1982.** Sea turtle migration — evidence from tag returns. In: *Biology and Conservation of Sea Turtles* (ed. Bjorndal KA), 91–100. Smithsonian Institution Press, Washington, D.C.
- Meylan, A.B., Bowen, B.W. and Avise, J.C., 1990.** A genetic test of the natal homing versus social facilitation models for green turtle migration. *Science*, 248, 724–727.
- Miller, J.D.; 1996.** Reproduction in sea turtles. In: *The Biology of Sea Turtles* (eds Lutz PL, Musick JA), pp. 51–81. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- Moore, W.S.; 1995.** Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees. *Evolution* 49:718-726.
- Moore, M.K. and Ball, R.M.; 2002.** Multiple paternity in loggerhead turtle (*Caretta caretta*) nests on Melbourne Beach, Florida: a microsatellite analysis. *Molecular Ecology*, 11:281–288.

- Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R., Horn, G. and Erlich, H., 1986.** Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: The polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symp.* 51: 263-273.
- Naro-Maciel, E., Becker, J.H., Lima, E.H.S.M., Marcovaldi, M.A. and DeSalle, R.; 2006.** Testing Dispersal Hypothesis in Foraging Green Sea Turtles (*Chelonia mydas*) of Brazil. *Journal of Heredity*, 98:35-41.
- Naro-Maciel, E., Le, M., FitzSimmons, N.N. and Amato, G.; 2008.** Evolutionary relationships of marine turtles: A molecular phylogeny based on nuclear and mitochondrial genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49: 659–662.
- Nei, M.; 1982.** Evolution of human races at the gene level. In: Bone-Tamir B, Cohen T, Goodman RM (eds) *Human genetics part A: the unfolding genome*. Alan R Liss, New York, 167–181.
- Nei, M.; 1987.** *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia Univ. Press, New York.
- Norman, J.A., Moritz, C., Limpus, C.; 1994.** Mitochondrial DNA control region polymorphisms: genetic markers for ecological studies of marine turtles. *Molecular Ecology*, 3, 363–373.
- Ohta, T., ve Kimura, M.; 1973.** A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. *Genetics Research*, 22, 201-204.
- Page, R.D.M. and Holmes, E.C.; 1998.** *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science, Oxford.
- Pearce, A.F.; 2001.** Contrasting population structure of the loggerhead turtle (*Caretta caretta*) using mitochondrial and nuclear DNA markers. (Thesis). University of Florida, Gainesville.
- Peare, T. and Parker, P.G.; 1996.** Local genetic structure within two rookeries of *Chelonia mydas* (the green turtle). *Heredity*, 77, 619–628.
- Peare, T., Parker, P.G. and Irwin, M.E.; 1998.** Paternity analysis of the green turtle. Proc. 16th Annu. Symp. Sea Turtle Biol. & Conserv. NOAA Tech. Memo. NMFS-SEFSC-412, vol. 116.

- Pearse, D.E., Arndt, A.D., Valenzuela, N., Miller, B.A., Cantarelli, V. and Sites Jr., J.W.; 2006.** Estimating population structure under nonequilibrium conditions in a conservation context: continent-wide population genetics of the giant Amazon river turtle, *Podocnemis expansa* (Chelonia; Podocnemididae). *Molecular Ecology*, 15:985–1006.
- Posada, D., Crandall, K. A. and Templeton, A. R.; 2000.** GeoDis: A program for the cladistic nested analysis of the geographical distribution of genetic haplotypes. *Molecular Ecology*, 9(4):487-488.
- Pritchard, P.C.H.; 1976.** Post-nesting movements of marine turtles (Cheloniidae and Dermochelyidae) tagged in the Guianas. *Copeia* 1976:749-754.
- Pritchard, P.C.H.; 1996.** Evolution, phylogeny, and current status, p.1-28. *In*: P. L. Lutz and J. A. Musick (eds.), *The Biology of Sea Turtles*. CRC Press, New York.
- Pritchard, P.C.H.; 1999.** Status of the black turtle. *Conserv. Biol.* 13: 1000–1003.
- Reece, J.S., Castoe, T.A. and Parkinson, C.L.; 2005.** Historical perspectives on population genetics and conservation of three marine turtle species. *Conservation Genetics*, 6, 235–251.
- Rhodin, A.G.J.; 1985.** Comparative chondro-osseous development and growth of marine turtles. *Copeia* 1985:752-771.
- Rivalan, P., Dutton, P.H., Baudry, E., Roden, S.E., Girondot, M.; 2006.** Demographic scenario inferred from genetic data in leatherback turtles nesting in French Guiana and Suriname. *Biol. Conserv.*, 130, 1–9.
- Roberts, M.A., Schwartz, T.S. and Karl, S.A.; 2004.** Global population genetic structure and male-mediated gene flow in the green sea turtle (*Chelonia mydas*): analysis of microsatellite loci. *Genetics*, 166, 1857–1870.
- Rosen, B.R.; 1988.** Progress, problems and patterns in the biogeography of reef corals and other tropical marine organisms. *Helgol Wiss Meeresunters*, 42, 269–301.

- Rousset, F.; 2008.** GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*; 8,1: 103-106.
- Roy, M.S., Geffen, E., Smith, D., Ostrander, E. and Wayne, R.K.; 1994.** Patterns of differentiation in North American wolf-like canids revealed by analysis of microsatellite loci. *Mol. Biol. Evol.*, 11:553-570.
- Roy, M.S., Geffen, E., Smith, D. and Wayne, R.K.; 1994.** Molecular genetics of pre-1940 red wolves. *Conservation Biology*, 10,:1413-1424.
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X. and Rozas, R.; 2003.** DnaSP version 4.0. *Bioinformatics* 19: 2496-2497.
- Rögl, F.; 1998.** Palaeogeographic considerations for mediterranean and paratethys seaways (oligocene to miocene). *Ann. Naturhist. Mus. Wien*, 99A, 279–310.
- Sanger, F. and Coulson, A.R., 1975.** A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. *Journal of Molecular Biology*. 94(3):441–448.
- Schlötterer, C. and Tautz, D.; 1992.** Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Res.*, 20:211-215.
- Sella, I.; 1982.** Sea turtles in the eastern Mediterranean and Northern Red Sea, p. 417-423. *In: Biology and Conservation of Sea Turtles* (K. A. Bjorndal, ed.). Smithsonian Institution Press, Washington D.C.
- Shaffer, H.B., Meylan, P.A. and McKnight, M.L.; 1997.** Tests of turtle phylogeny: molecular, morphological, and paleontological approaches. *Systematic Biology*, 46:235-268.
- Shriver, M.D., Jin, L., Chakraborty, R. and Boerwinkle, E.; 1993.** VNTR allele frequency distributions under the stepwise mutation model: a computer simulation approach. *Genetics*, 134: 983–993.
- Smith, M.H., Hillstad, H.O., Manlove, M.N., Straney, D.O. and Dean, J.M.; 1977.** Management implications of genetic variability in logger loggerhead and green sea turtles. *Proceedings of the 13th International Congress of Game Biologists*, 13, 302–312.

- Spinks, P.Q. and Shaffer, H.B.;2005.** Range-wide molecular analysis of the western pond turtle (*Emys marmorata*): cryptic variation, isolation by distance, and their conservation implications. *Molecular Ecology*, 14:2047-2064.
- Spinks, P.Q., Shaffer, H.B., Iverson, J.B. and Mccord, W.P.; 2004.** Phylogenetic hypotheses for the turtle family Geoemydidae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32:164-182.
- Spotila, J.R.; 2004.** Sea Turtles: A Complete Guide to Their Biology, Behavior, and Conservation. ISBN 0-8018-8007-6, 227 sayfa.
- Starkey, D.E., Shaffer, H.B.,Burke, R.L., Forstner, M.R.J., Iverson, J.B., Janzen, F.J., Rhodin, A.G.J. and Ultsch, G.R.; 2003.** Molecular systematics, phylogeography, and the effects of Pleistocene glaciation in the painted turtle (*Chrysemys picta*) complex. *Evolution*, 57:119-128.
- Stephan, W.; 1989.** Tandem-repetitive noncoding DNA: forms and forces. *Mol. Biol. Evol.*, 6: 198–212.
- Sunnucks, P.; 2000.** Efficient genetic markers for population biology. *Trends in Ecology and Evolution* 15:199-203.
- Takahata, N. and Palumbi, S.R.; 1985.** Extranuclear differentiation and gene flow in the finite island model. *Genetics* 109:441–457.
- Tautz, D. 1989.** Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17: 6463-6471.
- Tautz, D. and Rentz, M.; 1984.** Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Res.*, 17: 4127–4138.
- Tegelstrom, H. 1987.** Transfer of mitochondrial DNA from the northern red-backed vole (*Clethrionomys rutilus*) to bank vole (*C. glareolus*). *Journal of Molecular Evolution*, 24: 218-227.
- Templeton, A.R.; 1998.** Nested clade analysis of phylogeographic data: testing hypothesis about gene flow and population history. *MolecularEcology*,7,381-397.
- Templeton, A.R.; 2001.** Using phylogeographic analysis of gene trees to test species status and processes. *MolecularEcology*,10, 779-791.

- Templeton, A.R., Crandall, K.A. and Sing, C.F.; 1992.** A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III cladogram estimation. *Genetics* 132:619–633.
- Valdes, A.M., Slatkin, M. and Freimer, N.B.; 1993.** Allele frequencies at microsatellite loci: the stepwise mutation model revisited. *Genetics*, 133: 737–749.
- Vrielynck, B., Odin, G.S. and Dercourt, J.; 1997.** Miocene palaeogeography of the Tethys Ocean: potential global correlations in the mediterranean. In: Montanari, A., Odin, G.S., Coccioni, R. (Eds.), *Miocene Stratigraphy: An Integrated Approach*. Elsevier, Amsterdam, pp. 157–165.
- Weber, J.L.; 1990.** Informativeness of human (dC-dA)_n. (dG-dT)_n polymorphisms. *Genomics*, 7: 8-27.
- Williams, C.L., Brust, R.C., Fendley, T.T., Tiller, G.R. Jr. and Rhodes, O.E.Jr.; 2005.** A comparison of hybridization between Mottled Ducks (*Anas fulvigula*) and Mallards (*A. platyrhynchos*) in Florida and South Carolina using microsatellite DNA analysis. *Conservation Genetics*, 6:445-453.
- Wright S (1951).** The genetical structure of populations. *Ann Eug.*, 15:323–354.
- Yerli, S.V., Canbolat, A.F., 1998a.** Principles of the Management Plan for the Protection of Sea Turtles in the East Mediterranean Coasts of Turkey. Ministry of Environment, GDEP Publication (ISBN 975-7347-44-2), Ankara.
- Yerli, S.V., Canbolat, A.F., 1998b.** Principles of the Management Plan for the Protection of Sea Turtles in the Specially Protected Areas (Köyceğiz-Dalyan, Patara, Fethiye-Calis, Belek, Göksu Delta). Ministry of Environment, APSA (The Authority for the Protection of Special Areas) Publication (ISBN 975-7347-43-4), Ankara.
- Yerli, S.V., Canbolat, A.F., 1998c.** Results of a 1996 survey of *Chelonia* in Turkey. *Marine Turtle Newsletter* 79, 9–11.

- Yerli, S.V., Canbolat, A.F., Uluğ, H., Doğan, O., 1998.** Principles of the Management Plan for the Protection of Sea Turtles in the West Mediterranean Coasts of Turkey. Ministry of Environment, GDEP Publication, ISBN 975-7347-45-0, Ankara.
- Yerli, S.V., Demirayak, F., 1996.** Marine Turtles in Turkey: A Survey on Nesting Site Status. DHKD, CMS Report No. 96/4, Istanbul (ISBN 975-96081-0-3).
- Zaykin, D.V. and Pudovkin A.I.; 1993.** Two programs to estimate significance of X^2 values using pseudo-probability tests. *J. Hered.*, 84:152.
- Zug, G.R. and Balazs, G.H.; 1985.** Skeletochronological age estimates for Hawaiian green turtles. *Marine Turtle Newsletter*, 33:9-10.
- Zug, G.R., Wynn, A.H. and Ruckdeschel, C.; 1986.** Age determination of loggerhead sea turtles, *Caretta caretta*, by incremental growth marks in the skeleton. *Smithson. Contrib. Zool.* 427: 1-34.

6. ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

| | |
|----------------------|--|
| Adı Soyadı | Efkan Bağda |
| Doğum Yeri ve Tarihi | Iğdır, 14/07/1974 |
| Medeni Hali | Evli |
| Yabancı Dili | Almanca |
| İletişim Adresi | Cumhuriyet Üniversitesi Fen-Edb. Fak. Biyoloji Bölümü 58140-Sivas |
| E-posta Adresi | ebagda@cumhuriyet.edu.tr |

Eğitim ve Akademik Durumu

| | |
|---------------|-------------------------------|
| Lise | Ankara Kurtuluş Lisesi, 1992 |
| Lisans | Hacettepe Üniversitesi, 1998 |
| Yüksek Lisans | Cumhuriyet Üniversitesi, 2004 |

İş Tecrübesi

| | |
|-------------------------|---------------------------|
| Cumhuriyet Üniversitesi | Araştırma görevlisi, 2001 |
|-------------------------|---------------------------|