



T.C.
MEHMET AKİF ERSOY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

**BEYDAĞLARI' NDA YAYILIM GÖSTEREN ÖTÜCÜ
KUŞLARIN (AVES: PASSERIFORMES) DNA
BARKODLAMASI (mt-COI) VE BUNUN mt-ND2
GENİ İLE OLUŞTURULAN EVRİMSEL
FİLOGENETİK AĞAÇLARLA
KARŞILAŞTIRILMASI**

Pınar ÖĞE

BURDUR, 2017

T.C.
MEHMET AKİF ERSOY ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

**BEYDAĞLARI' NDA YAYILIM GÖSTEREN ÖTÜCÜ
KUŞLARIN (AVES: PASSERİFORMES) DNA
BARKODLAMASI (mt-COI) VE BUNUN mt-ND2
GENİ İLE OLUŞTURULAN EVRİMSEL
FİLOGENETİK AĞAÇLARLA
KARŞILAŞTIRILMASI**

Pınar ÖĞE

Danışman: Doç. Dr. Tamer ALBAYRAK

BURDUR, 2017

YÜKSEK LİSANS JÜRİ ONAY FORMU

Pınar ÖĞE tarafından **Doç. Dr. Tamer ALBAYRAK** yönetiminde hazırlanan “**Beydağları’ nda Yayılım Gösteren Ötücü Kuşların (Aves: Passeriformes) DNA Barkodlaması (mt-COI) ve bunun mt-ND2 Geni ile Oluşturulan Evrimsel Filogenetik Ağaçlarla Karşılaştırılması**” başlıklı tez tarafımızdan okunmuş, kapsamı ve niteliği açısından bir Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Tez Savunma Tarihi: 31/03/2017

Prof. Dr. Nuray KAYA (Başkan)
Akdeniz Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Prof. Dr. İskender GÜLLE (Jüri Üyesi)
Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Doç. Dr. Tamer ALBAYRAK (Danışman)
Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

ONAY

Bu Tez, Enstitü Yönetim Kurulu'nun _____ Tarih ve _____ Sayılı Kararı ile Kabul Edilmiştir.

(İmza)

Prof. Dr. İskender GÜLLE

Müdür

Fen Bilimleri Enstitüsü

ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “**Beydağları’ nda Yayılım Gösteren Ötücü Kuşların (Aves: Passeriformes) DNA Barkodlaması (mt-COI) ve bunun mt-ND2 Geni ile Oluşturulan Evrimsel Filogenetik Ağaçlarla Karşılaştırılması**” başlıklı bu tezin;

- Kendi çalışmam olduğunu,
- Sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi,
- Bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi,
- Kullandığım verilerde değişiklik yapmadığımı,
- Tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını,
- Bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı,
- Bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı,

bildirir, aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

31 /03 / 2017

(İmza)

Pınar ÖĞE

ÖNSÖZ

Yüksek lisans eğitimim boyunca, bilimsel anlamda ilerleyebilmem için her türlü desteği sağlayan, tez çalışmam süresince de bilgi ve deneyimleri ile bana yol gösteren, karşılaştığım zorlukları aşmamda yardımını esirgemeyen değerli hocam Doç. Dr. Tamer Albayrak'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Laboratuvar ve arazi çalışmalarımı gerçekleştirmemde hiçbir desteğini esirgemeyen ve özveri ile çalışan Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans öğrencisi Biyolog Tuğba TUNÇEL' e, değerli yiğenim Buğra DÖKMECİ' ye teşekkür ederim.

Tez çalışmamın tamamlanmasında kısmi maddi destek sağlayan Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü'ne, laboratuvar çalışmalarında kullandığım ekipmanların yer aldığı MAKU Moleküler Ornitoloji Laboratuvarı'nın 1130271 nolu projesine, bu proje kapsamında Beydağları Milli Parkı' nda yakalanan örneklerin tez çalışmamda kullanılmasına ve bursiyer olarak görev almama olanak sağlayan TÜBİTAK'a teşekkürlerimi sunarım.

Her zaman yanımda olan maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen aileme ve varlığımı her zaman yanımda hissettiğim babam Hüseyin ÖĞE' ye teşekkür ederim.

Burdur, 2017

Pınar ÖĞE

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖNSÖZ.....	i
İÇİNDEKİLER.....	ii
ŞEKİL DİZİNİ.....	iii
ÇİZELGE DİZİNİ	vi
ŞİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xii
ÖZET.....	xiii
SUMMARY	xiv
1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL BİLGİLER	4
2.1. DNA Barkodlama Tekniği	4
2.2. Kuşlarda Filogenetik Araştırmalar	6
2.3. Tezin Hipotezi	7
3. MATERYAL ve METOT.....	8
3.1. Arazi Çalışması	8
3.1.1. Çalışma Alanının Genel Özellikleri	8
3.1.2. Arazi Çalışmaları ve Örnekleme	8
3.2. Laboratuvar Çalışması	12
3.2.1. DNA İzolasyonu.....	12
3.2.2. DNA Örneklerinin Agoroz Jel Elektroforezi ve Görüntüleme.....	15
3.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR).....	15
3.2.4. PCR Örneklerinin Agoroz Jel Elektroforezi ve Görüntüleme.....	18
3.3. Verilerin Değerlendirilmesi	18
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	21
4.1. Arazi Çalışmalarından Elde Edilen Bulgular	21
4.2. Filogenetik Ağaçlar ve Karşılaştırılması.....	22
4.3. Tür Düzeyinde Değerlendirme.....	33
4.3.1. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i>	34
4.3.2. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i>	38
4.3.3. Karataavuk, <i>Turdus merula</i>	42
4.3.4. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i>	47
4.3.5. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> ; Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i>	51
4.3.6. Sürmeli çalıkuşu, <i>Regulus ignicapilla</i>	56
4.3.7. Büyük baştankara, <i>Parus major</i>	61
4.3.8. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i>	65
4.3.9. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i>	70
4.3.10. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i>	74
4.3.11. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i>	79
4.3.12. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i>	83
4.3.13. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i>	88
4.3.14. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i>	92
4.3.15. Serçe, <i>Passer domesticus</i>	97
4.3.16. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i>	101
5. TARTIŞMA.....	107
6. SONUÇ.....	117
7. KAYNAKLAR	118
ÖZGEÇMİŞ.....	128

ŞEKİL DİZİNİ

	Sayfa
Şekil 1.1. Kuş türlerinin sıcak nokta haritası (Covas ve Blondel, 1998)	1
Şekil 3.1. Çalışma Alanı.....	8
Şekil 3.2. Arazide kuş türlerinin Japon ağları ile yakalanması ve çıkartılması.....	9
Şekil 3.3. Japon ağları ile yakalanan örnekler.....	10
Şekil 3.4. Yakalanan bireylerden kan örneğinin alımı	10
Şekil 3.5. Arazi alanında yakalanan kuş türlerinden bazıları (Sol üstten sırasıyla <i>Cyanistes caeruleus</i> (Mavi baştankara), <i>Aegithalos caudatus</i> (Uzunkuyruklu baştankara), <i>Turdus philomelos</i> (Öter ardıç), <i>Erithacus rubecula</i> (Kızılgerdan), <i>Turdus merula</i> (Karatavuk-erkek birey ve dişi birey).....	11
Şekil 3.6. Laboratuvar çalışmalarının yapıldığı MAKU, Moleküler Ornitoloji Labaratuvarı.....	14
Şekil 3.7. DNA jel elektroforez görüntüsü.....	15
Şekil 3.8. PCR jel elektroforez görüntüsü.....	18
Şekil 3.9. Elde edilen dizi analizi (sekans analizi) pikleri.....	19
Şekil 3.10. Bioedit Sequence Aligment Editor programı ile oluşturulan aligment.....	20
Şekil 3.11. BOLD veri tabanında türlerin karşılaştırması.....	20
Şekil 3.12. GenBank veri tabanında türlerin karşılaştırılması.....	20
Şekil 4.1. COI ve ND2 gen bölgelerinin türler arası genetik uzaklık frekansı.....	22
Şekil 4.2. COI gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi kullanılarak oluşturulan Neighbor joining ağacı	23
Şekil 4.3. ND2 gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi ile oluşturulan Neighbor joining ağacı	24
Şekil 4.4. COI- ND2 gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi ile oluşturulan Neighbor joining ağacı	25
Şekil 4.5. Elde edilen filogenetik ağaçların karşılaştırılması	27
Şekil 4.6. Kızılgerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün COI geni Neighbor-joining ağacı.....	35
Şekil 4.7. Kızılgerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	37
Şekil 4.8. Kızılgerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	38
Şekil 4.9. <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün COI geni Neighbor-joining ağacı	39
Şekil 4.10. Kızılkuşuk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	41
Şekil 4.11. Kızılkuşuk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	42

Şekil 4.12. Karatavuk, <i>Turdus merula</i> türünün COI geni NJ ağacı	44
Şekil 4.13. Karatavuk, <i>Turdus merula</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	45
Şekil 4.14. Karatavuk, <i>Turdus merula</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	46
Şekil 4.15. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün COI geni NJ ağacı.....	48
Şekil 4.16. Öter ardıç <i>Turdus philomelos</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.....	50
Şekil 4.17. Öter ardıç <i>Turdus philomelos</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	51
Şekil 4.18. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i> türlerinin COI geni NJ ağacı	53
Şekil 4.19. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i> türlerinin ND2 geni NJ ağacı	55
Şekil 4.20. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i> türlerinin COI-ND2 geni NJ ağacı.....	56
Şekil 4.21. Sürmeli çalığışu, <i>Regulus ignicapilla</i> türünün COI geni NJ ağacı	58
Şekil 4.22. Sürmeli çalığışu, <i>Regulus ignicapilla</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.....	59
Şekil 4.23. Sürmeli çalığışu, <i>Regulus ignicapilla</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	60
Şekil 4.24. Büyük baştankara, <i>Parus major</i> türünün COI geni NJ ağacı.....	62
Şekil 4.25. Büyük baştankara, <i>Parus major</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.....	64
Şekil 4.26. Büyük baştankara, <i>Parus major</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	65
Şekil 4.27. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün COI geni NJ ağacı.....	67
Şekil 4.28. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	68
Şekil 4.29. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	69
Şekil 4.30. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün COI geni NJ ağacı	71
Şekil 4.31. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	73
Şekil 4.32. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	74
Şekil 4.33. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün COI geni NJ ağacı	76
Şekil 4.34. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.....	77
Şekil 4.35. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	78
Şekil 4.36. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün COI geni NJ ağacı... ..	80
Şekil 4.37. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.. ..	82
Şekil 4.38. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	83
Şekil 4.39. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün COI geni NJ ağacı	85
Şekil 4.40. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	86

Şekil 4.41. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün ND2-COI geni NJ ağacı.....	87
Şekil 4.42. Bahçe tırmaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün COI geni NJ ağacı.....	89
Şekil 4.43. Bahçe tırmaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	91
Şekil 4.44. Bahçe tırmaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	92
Şekil 4.45. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün COI geni NJ ağacı.....	94
Şekil 4.46. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	95
Şekil 4.47. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	96
Şekil 4.48. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün COI geni NJ ağacı	98
Şekil 4.49. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün ND2 geni NJ ağacı	100
Şekil 4.50. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı.....	101
Şekil 4.51. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün COI geni NJ ağacı	103
Şekil 4.52. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün ND2 geni NJ ağacı.....	105
Şekil 4.53. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün COI-ND2 geni NJ ağacı	106

ÇİZELGE DİZİNİ

Sayfa

Çizelge 3.1. Kullanılan primer dizileri ve referans makaleleri	16
Çizelge 4.1. Arazi alanında yakalanan kuş türleri ve alandaki yoğunlukları	21
Çizelge 4.2. <i>Sitta krueperi</i> türünün diğer türlere Kimura-2 parameter (d) değerlerine göre yakınlık sıralaması (aynı türler aynı renk olarak işaretlenmiştir)	28
Çizelge 4.3. MEGA 7.0.14 ile oluşturulan COI ve ND2 gen bölgeleri tür içi genetik çeşitlilik gösteren türler (distance (d) değeri Kimura-2 parameter yöntemine göre tespit edilmiştir, farklı olan türler kırmızı ile işaretlenmiştir)	29
Çizelge 4.4. COI gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri; sağ üst kısım S.E.)	30
Çizelge 4.5. ND2 gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri ;sağ üst kısım S.E.)	31
Çizelge 4.6. COI-ND2 gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri; sağ üst kısım S.E.)	32
Çizelge 4.7. COI ve ND2 gen bölgeleri için tespit edilen toplam ve Beydağlarına özgü haplotip sayıları	33
Çizelge 4.8. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması	34
Çizelge 4.9. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GENBAK ile karşılaştırılması	34
Çizelge 4.10. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	35
Çizelge 4.11. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GENBAK ile karşılaştırılması	36
Çizelge 4.12. Kızıl gerdan, <i>Erithacus rubecula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	36
Çizelge 4.13. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması	38
Çizelge 4.14. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GENBAK ile karşılaştırılması.....	39

Çizelge 4.15. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp CO1 geni için nükleotit kompozisyonları	39
Çizelge 4.16. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank ile karşılaştırılması	40
Çizelge 4.17. Kızılkuyruk, <i>Phoenicurus phoenicurus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	40
Çizelge 4.18. Karataavuk, <i>Turdus merula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması	42
Çizelge 4.19. Karataavuk, <i>Turdus merula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank ile karşılaştırılması	43
Çizelge 4.20. Karataavuk, <i>Turdus merula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp CO1 geni için nükleotit kompozisyonları	43
Çizelge 4.21. Karataavuk, <i>Turdus merula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için <i>GenBank</i> ile karşılaştırılması	44
Çizelge 4.22. Karataavuk, <i>Turdus merula</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	45
Çizelge 4.23. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için <i>BOLD</i> ile karşılaştırılması.....	47
Çizelge 4.24. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için <i>GenBank</i> ile karşılaştırılması	47
Çizelge 4.25. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	48
Çizelge 4.26. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için <i>GenBank</i> ile karşılaştırılması	49
Çizelge 4.27. Öter ardıç, <i>Turdus philomelos</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	49
Çizelge 4.28. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i> türünün 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırılması	52
Çizelge 4.29. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca</i> türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla</i> türünün 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırılması	52

Çizelge 4.30. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca türünün</i> 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla türünün</i> 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni nükleotit kompozisyonları	52
Çizelge 4.31. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca türünün</i> 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla türünün</i> 1 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırılması	54
Çizelge 4.32. Küçük akgerdanlı ötleğen, <i>Sylvia curruca türünün</i> 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, <i>Sylvia atricapilla türünün</i> 1 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	54
Çizelge 4.33. Sürmeli çalığıkuşu, <i>Regulus ignicapilla türünden</i> 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	57
Çizelge 4.34. Sürmeli çalığıkuşu, <i>Regulus ignicapilla türünden</i> 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	57
Çizelge 4.35. Sürmeli çalığıkuşu, <i>Regulus ignicapilla türünden</i> 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	57
Çizelge 4.36. Sürmeli çalığıkuşu, <i>Regulus ignicapilla türünden</i> 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	58
Çizelge 4.37. Sürmeli çalığıkuşu, <i>Regulus ignicapilla türünün</i> 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	59
Çizelge 4.38. Büyük baştankara, <i>Parus major türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	61
Çizelge 4.39. Büyük baştankara, <i>Parus major türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	61
Çizelge 4.40. Büyük baştankara, <i>Parus major türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	62
Çizelge 4.41. Büyük baştankara, <i>Parus major türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	63
Çizelge 4.42. Büyük baştankara, <i>Parus major türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	63
Çizelge 4.43. Çam baştankarası, <i>Periparus ater türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	66
Çizelge 4.44. Çam baştankarası, <i>Periparus ater türünün</i> 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	66

Çizelge 4.45. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	66
Çizelge 4.46. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	67
Çizelge 4.47. Çam baştankarası, <i>Periparus ater</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	68
Çizelge 4.48. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	70
Çizelge 4.49. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	70
Çizelge 4.50. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	70
Çizelge 4.51. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	72
Çizelge 4.52. Mavi baştankara, <i>Cyanistes caeruleus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	72
Çizelge 4.53. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	75
Çizelge 4.54. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	75
Çizelge 4.55. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	75
Çizelge 4.56. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	76
Çizelge 4.57. Ak yanaklı baştankara, <i>Poecile lugubris</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	77
Çizelge 4.58. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması.....	79
Çizelge 4.59. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	79
Çizelge 4.60. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları.....	80

Çizelge 4.61. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	81
Çizelge 4.62. Uzunkuyruklu baştankara, <i>Aegithalos caudatus</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları	81
Çizelge 4.63. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	84
Çizelge 4.64. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	84
Çizelge 4.65. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	84
Çizelge 4.66. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	85
Çizelge 4.67. Anadolu sıvacısı, <i>Sitta krueperi</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	86
Çizelge 4.68. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	88
Çizelge 4.69. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması.....	88
Çizelge 4.70. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	89
Çizelge 4.71. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	90
Çizelge 4.72. Bahçe tırnaşıkkuşu, <i>Certhia brachydactyla</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları	90
Çizelge 4.73. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	92
Çizelge 4.74. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	93
Çizelge 4.75. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	93
Çizelge 4.76. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	94

Çizelge 4.77. Alakarga, <i>Garrulus glandarius</i> türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	95
Çizelge 4.78. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	97
Çizelge 4.79. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	97
Çizelge 4.80. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	97
Çizelge 4.81. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	99
Çizelge 4.82. Serçe, <i>Passer domesticus</i> türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	99
Çizelge 4.83. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması	102
Çizelge 4.84. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması	102
Çizelge 4.85. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları	102
Çizelge 4.86. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması	104
Çizelge 4.87. İspinoz, <i>Fringilla coelebs</i> türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları.....	104

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

12S rRNA	:12S Ribozomal Ribonukleik Asit
bp	:Baz Pair (baz çifti)
COI	:Sitokrom Oksidaz Altünite-1
Cox1	:Cyclooxygenase 1
CR	:Kontrol Bölgesi
Cyt-b	:Sitokrom- b
dH₂O	:Distile su
DNA	:Deoksiriboz Nükleik Asit
ITS	:Internal Transcribed
matK	:Maturaz K
mtDNA	:Mitokondrial DNA
ND2	:NADH Dehidrogenaz- 2
PCR	:Polimeraz Zincir Reaksiyonu
rbcL	:Ribuloz-1, 5-Bisfosfat Karboksilaz Oksijenaz Büyük Alt Ünite
UV	:Ultraviyole
µl	:Mikrolitre

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

Beydağları' nda Yayılım Gösteren Ötücü Kuşların (Aves: Passeriformes) DNA Barkodlaması (mt-COI) ve Bunun mt-ND2 Geni İle Oluşturulan Evrimsel Filogenetik Ağaçlarla Karşılaştırılması

Pınar ÖĞE

**Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı**

Danışman: Doç. Dr. Tamer ALBAYRAK

Mart, 2017

Bu çalışmada, Antalya Beydağları' nda yayılım gösteren ötücü kuşların (Aves: Passeriformes) DNA barkodlaması (mitokondrial COI geni) yapılmış ve elde edilen sonuçlar mitokondrial ND2 geni ile oluşturulan filogenetik ağaç ile karşılaştırılmıştır. Çalışmada Beydağları bölgesinde 11 familya ait 17 türden 67 birey japon ağlar ile yakalanmıştır. Örneklerin DNA izolasyonu yapılarak PCR amplifikasyonu ile COI ve ND2 gen bölgeleri çoğaltılmıştır. Elde edilen PCR ürünlerinin dizi analizi MACROGEN firmasında yapılmıştır. COI ve ND2 gen bölgeleri kullanılarak Neighbor-joining metoduna dayalı Kimura-2-parameter yöntemi ile çizilen ağaçlar ve türler arası genetik uzaklık birbirleriyle tam olarak uyumlu bulunmamıştır. COI geni için türler arası genetik uzaklık %19,61 - %22,08 arasında, tür içi genetik uzaklık ise %0,00 - %0,22 arasında bulunmuştur. ND2 geni için türler arası genetik uzaklık %11,26 - %31,78 arasında, tür içi genetik uzaklık ise %0,00 - %0,43 arasında bulunmuştur. Çalışmada COI geni için tespit edilen 28 farklı haplotipin %32,1 (9 haplotip)' i Beydağlarına özgü gen kaynağı olarak ilk kez bulunmuştur. ND2 geni için ise 35 haplotipin %77,1'i (27 haplotip) Beydağlarına özgü gen kaynağı olarak ilk kez tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklıkları bakımından COI ve ND2 gen bölgeleri karşılaştırıldığında türlerin % 48' inin en yakın akraba türünün farklı olduğu, en yakın ve en uzak akraba türlerin birlikte değerlendirildiğinde ise %77' sinin farklı olduğu bulunmuş olması ve türler arası genetik uzaklık bakımından COI ve ND2 arasında pozitif bir korelasyon ($r=0,621$; $p<0,01$) bulunmuş olmasına rağmen birbirlerinden istatistiksel olarak farklı olması ($p<0,05$) tezin hipotezini desteklenmiştir. Sonuç olarak, türlerin evrimsel akrabalık ilişkilerinin daha doğru ve daha gerçeğe yakın olarak açıklanabilmesi için sadece yaygın olarak kullanılan DNA barkodlama (COI) geni tek başına yeterli olmayıp, bu genin yanında farklı genler kullanılarak birlikte değerlendirilmesi daha uygun olacaktır.

Anahtar Kelimeler: DNA barkodlama, Aves, Passeriformes, COI, ND2, genetik çeşitlilik, Beydağları

Hazırlanan bu yüksek lisans tezi Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü tarafından 0264-YL-15 nolu proje ile desteklenmiştir.

SUMMARY

M. Sc. Thesis

The mtDNA-COI Barcoding of Songbirds (Aves: Passeriformes) of Beydađları and its Comparison with Evolutionary Phylogenetic Trees Formed by the mtDNA-ND2 Gene

Pınar ÖĐE

**Mehmet Akif Ersoy University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Biology**

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Tamer ALBAYRAK

March, 2017

In this study, DNA barcoding (mtDNA-COI) of songbirds (Aves: Passeriformes) spread out in Beydađları, Antalya and its comparison with evolutionary phylogenetic tree formed with the mtDNA-ND2 gene were investigated. Sixtyseven individuals from 11 family and 17 species were captured using mist nets in Beydađlar region . The samples' DNA were isolated and COI and ND2 gene regions amplified through PCR. The sequencing of PCR amplification were carried out by MACROGEN. Using the COI and ND2 gene regions, the constructed trees based on Kimura 2 parameter distance model (K2P) of Neighbor-joining (NJ) method were incongruent with genetic distances between some species. Interspecific genetic distances of COI gene were found between 19,61% and 22,08% and intraspecific genetic distance of COI were found between 0,00% and 0,22%, whereas these were between 19,61% and 22,08% for interspecies, and between 0,00% and 0,22% intraspecific for ND2 gene. Out of 28 different haplotypes detected for the COI gene, 32,1% (9 haplotypes) were found to be a special gene resource for Beydađları region first time. Moreover, the 35 different haplotypes detected for the ND2 gene and 77,1% of these (27 haplotypes) were found to be a special gene resource for Beydađları region as well. Comparisons of the intrespecific genetic distances between the COI and ND2 gene regions show that 48% of the species closest relatives were found different from each others, and when the closest and distant relatives were evaluated together 77% were found different and founded positive corelation of interspeciesal genetic distances between COI and ND2 genes ($r=0,621$; $p<0,01$), while being statistically different from each other ($p<0,05$) supports the hypotesis of thesis. As a result, in order to explain evolutionary relations of species more certainly and accurately using only commonly used DNA barcoding (COI) gene alone is might not be sufficient and it should be more appropriate to evaluate this gene in conjunction with the other genes.

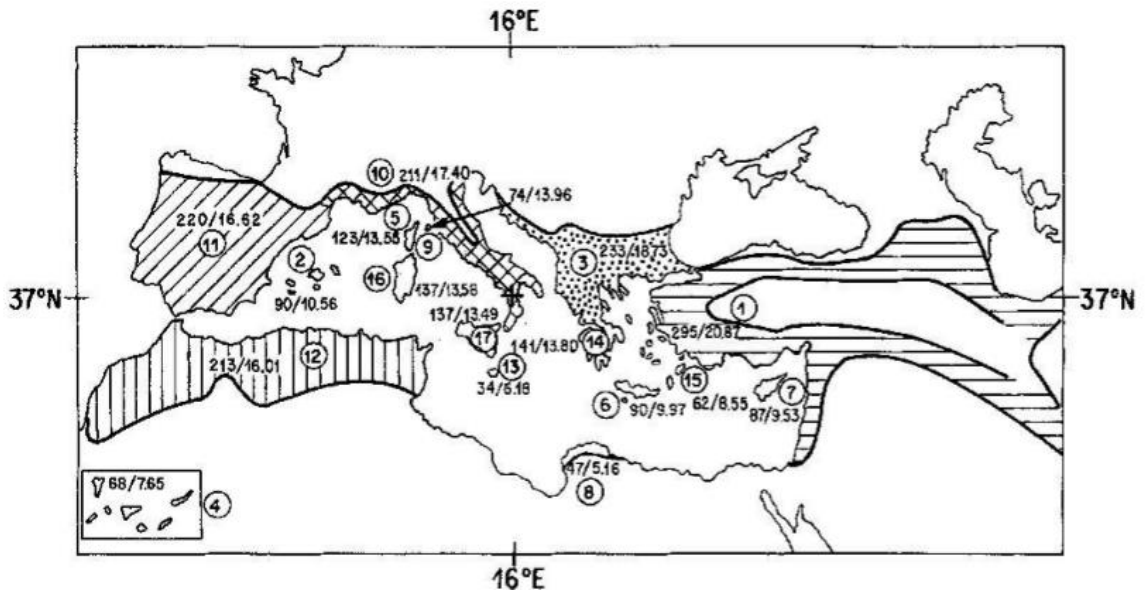
Keywords: DNA barcoding, Aves, Passeriformes, COI, ND2, genetic diversity, Beydađları

The present M.Sc. thesis was supported by Mehmet Akif Ersoy University, Scientific Research Projects Coordinator under the project no of 0264-YL-15

1. GİRİŞ

Anadolu, coğrafiği konumu, topoğrafyası, iklimi ve içerdiği habitat yapıları nedeni ile biyoçeşitlilik açısından son derece önemli bir konumdadır. Değişik topoğrafya ve iklimsel koşulların oluşturduğu birçok farklı mikro ve makro habitatlar içerir. Ayrıca Avrupa Sibirya, Akdeniz ve İran Turan fitocoğrafik bölgeleri ile bunların ikisinin kesiştiği bir bölgede yer alır (Çiplak, 2003; Demirsoy, 1999). Bunların yanında Avrupa ve Asya kıtaları arasında bir köprü görevi görmesi neticesinde geçmiş buzul devirlerinde kuzey-güney fauna ve florasının yayılmasına olanak sağlamış ve bazı türler için de sığınak görevi görmüştür. Bu özellikleriyle ülkemiz Avrupa, Asya ve Akdeniz ekosistemlerine ait türlere ev sahipliği yaparken topoğrafya, iklim ve habitat yapılarının farklılığı nedeniyle evrimsel süreç içerisinde kendine özgü bir fauna ve flora sahip olmuştur (Albayrak, 2011; Albayrak vd., 2012; Kabasakal ve Albayrak, 2012).

Türkiye' nin, Afrika ile Avrupa ve Asya'nın bir bölümüne giden önemli kuş göç yollarının üzerinde yer alması ve habitat farklılıkları olması nedeniyle ülkemizde 470' in üzerinde kuş türü gözlenmektedir (Trakuş, 2017; Şekil 1.1). Türkiye'de gözlenen kuşların 218'i tezin örneklerini oluşturan ötücü kuşlar (Passeriformes) takımına aittir. Ötücü kuşların neredeyse tamamı (kargalar, ev serçesi, sığırcık gibi yaygın 8 tür hariç) BERN sözleşmesine göre koruma altında olan türlerdir. Türkiye Kırmızı Listesine göre ise bunlardan 105'i tehlike altında iken, 51' i hassas türdür (Kızıroğlu, 2008).



Şekil 1.1. Kuş türlerinin sıcak nokta haritası (Covas ve Blondel, 1998)

Biyolojik çeşitliliğin korunması ve tür içi gen kaynaklarının yok olmasının önüne geçilmesi günümüzde birçok ülkenin önemli konularından birisini oluşturmaktadır. Bu bağlamda nesli tükenme tehlikesi altında olan türler başta olmak üzere her ülke sahip olduğu gen kaynaklarının korunması ve kayıt altına alınması amacıyla çeşitli faaliyetler yürütmektedirler (Rege ve Gibson, 2003; Woelders ve Hiemstra, 2006; Almeida ve Carvalho, 2008; Thomassen vd., 2010). Bu faaliyetler arasında tek bir gen bölgesi (COI) kullanılarak türlerin genetik çeşitliliğini koruma altına almak ve kimliklendirme çalışması olan DNA Barkodlama tekniği son dönemlerde yoğun olarak çalışılmaktadır. Bu yöntemle nesli tükenebilecek canlıların genetik bilgileri kayıt altına alınmış olup aynı zamanda kimliklendirme çalışmaları ile biyolojik kaçakçılığın önüne geçilmesi planlanmaktadır (Bringloe vd.. 2016; Blaxter 2016; Decaens vd.. 2016).

Bu konuda son yıllarda ülkemizde bazı bitkiler (Tezcan vd., 2010; Theodoridis vd., 2012), mantarlar (Schoch vd., 2012), balıklar (Keskin & Atar, 2013), kabuklular (Bilgin vd., 2015), böcekler (Can, 2009), sivrisinekler (Gunay vd., 2015) ve kuşlar (Bilgin vd., 2016) üzerine yapılan DNA Barkodlama çalışmaları ülkemizin sadece bir lokalitedeki tür içi genetik çeşitliliği de kısmen yansıtması açısından önemlidir.

Araştırma konusu olan Passeriformes takımına ait kuşların DNA barkodlama çalışmaları uluslararası düzeyde yoğun olarak araştırılmaktadır (Galimberti vd., 2016; Huang vd., 2015; Mag vd., 2014; Tavares vd., 2011). Literatürde ötücü kuş türleri için yapılan DNA barkodlama çalışmalarında ülkemizde yaşayan populasyonlar hakkında yeterli veri bulunmamaktadır.

Ötücü kuşlar için DNA barkodlama tekniği tek bir gen bölgesi (mt-COI) kullanılarak türlerin kimliklendirilmesi ve genetik çeşitliliğinin kayıt altına alınmasının yanı sıra, türlerin filogenesini araştırmak için de kullanılmıştır (Hebert ve Gregory, 2005; Kress vd., 2015; Tavares vd., 2011; Zhang vd., 2016). Kuşlar üzerine yapılan filogenetik araştırmalarda genellikle mt-DNA üzerinde yer alan COI, ND2, CR, Cyt-b, 12S rRNA gen bölgeleri kullanılmakla birlikte nükleer DNA ve mikrosatellitler çoğunlukla birlikte kullanılmaktadır (Birks ve Edwards, 2002; Dimcheff vd., 2002; Lavinia vd., 2016; Randi vd., 2001; Segelbacher vd., 2008; Spicer ve Dunipace, 2004; Albayrak vd. 2012). Nitekim tür çeşitliliğinin belirlenmesinde genellikle tek lokaliteden yapılan barkodlama çalışması türün genetik çeşitliliğini yansıtmamaktadır. Albayrak vd. (2012) tarafından yapılan ülkemiz için tek endemik kuş türü diyebileceğimiz Anadolu sıvacısının (*Sitta krueperi*) COI geni kullanılarak yapılan filocoğrafik çalışmasında türün kuzey ve güney populasyonlarının farklı

genetik yapıda olduğu ve üç haplogruptan toplam 11 farklı haplotipe sahip olduğu bulunmuştur. Bu bakımından DNA barkodlama çalışmasının tek bir lokalitede ve az sayıda bireyle yapılan çalışmalar türün tür içi genetik çeşitliliğini yansıtmaması beklenmez. Aynı zamanda türlerin evrimsel geçmişini çıkarsamak için tek bir gen bölgesi ile ilgili yapılan çalışmalar yeterli olmamakta farklı gen bölgeleri birlikte değerlendirildiğinde daha doğru sonuçlara ulaşılabilmektedir. Nitekim Albayrak vd. (2012) yaptıkları çalışmada COI geni yanında 8 polimorfik mikrosatellit bölgesinde kullanmışlardır. Bu bakımdan türlerin evrimsel geçmişini, akrabalık ve tür içi genetik çeşitliliğinin daha doğru bir şekilde anlaşılabilmesi için farklı genlerin birlikte kullanılması gerekmektedir.

Ülkemiz ve Avrupa ile Asyada da yayılış gösteren pek çok ötücü kuş türü için yapılan sistematik ve populasyon genetiği çalışmalarında ülkemizde yaşayan populasyonları dahil edilmemiştir. Bunlar içerisinde bazı çalışmalarda Anadolu'dan sadece bir-iki lokaliteden alınan örnekler araştırmaya dahil edilmiş (Zink vd., 2009, Perktas vd., 2011; Procházka vd., 2011) ancak bunlar küçük bir kıta özelliği gösteren Anadolu'nun tür çeşitliliğini tam anlamıyla yansıttığı düşünülmemektedir. Bu duruma örnek olarak yaz göçmeni Kızılkuyruk (*Phoenicurus phoenicurus*; Hogner vd., 2012) ve yerli Ev serçesi (*Passer domesticus*; Schrey vd., 2011)'nin dünya populasyonlarının filogenetik çeşitliliği üzerine yapılan kapsamlı çalışmalarda da Anadolu'dan tek lokalite olması nedeniyle türün tüm Türkiye'deki populasyonlarının genetik çeşitliliğini yansıttığı düşünülmemektedir. Örneğin Kızılkuyruk üzerine yapılan populasyon genetiği çalışmasında ana olarak türün iki haplogrubunun olduğu ve Antalya bölgesindeki Kızılkuyrukların da birinci tip haplogrupta yer aldığı tespit edilmiştir (Hogner vd., 2012), ancak Türkiye'nin en yakın kuzeydoğusu ile kuzeybatısından alınan örneklerin birinci tip haplogrupta olması Türkiye'de de birincil tip haplogrub üyelerinin kuzey bölgelerimizde görülüyor olması beklenmektedir.

Bu çalışmanın amaçlarından biri Beydağlarında yayılım gösteren ötücü kuşların DNA barkodlama tekniği ile kimliklendirilmesi ve genetik çeşitliliğinin kayıt altına alınmasını sağlamaktır. Diğer bir amacı ise DNA Barkodlama geni olan COI gen bölgesi ile filogenetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaçların karşılaştırılmasının yapılmasıdır. Böylelikle hem türlerin akrabalık ilişkileri tespit edilmiş hem de DNA barkodlama çalışmalarının türlerin evrimsel ilişkilerinin açıklanmasında güvenilirliği farklı bir gen ile sınanması amaçlanmıştır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1. DNA Barkodlama Tekniđi

Biyolojik çeşitliliğin korunması ve tür içi gen kaynaklarının yok olmasının önüne geçilmesi günümüzde birçok ülkenin önemli konularından birisini oluşturmaktadır (Dennis vd., 2013; Turner vd., 2015) Bu nedenle gen kaynaklarının belirlenerek kayıt altına alınması ve genetik çeşitliliğin belirlenmesi önemlidir. DNA barkodlama terimi, son yıllarda literatürlerde sıklıkla kullanılmaya başlanan bir ifadedir. DNA barkodlama, organizmaların genomlarının küçük parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının canlının tür seviyesinde tanımlanmasını sağlayacak biyolojik barkodlar olarak kullanılabilmesi şeklinde tanımlanmaktadır (Keskin ve Atar, 2013). DNA barkodlama türlerin tespitini amaçlayan bir moleküler ve biyoinformatik araçtır. Bununla beraber DNA barkodlama tekniđi genetik kaynakların uluslararası standartlarda kayıt altına alınmasına yönelik bir çalışma niteliđi de taşımaktadır (Hebert vd., 2003; Nicolè vd., 2011; Andersen vd., 2012; Aubriot vd., 2013; Brodin vd., 2013; Nikinmaa vd., 2014)

Evrimsel ilişkilerin araştırılması için ilk kez Carl Woese (1997) tarafından kullanılan tek bir gendeki nükleotid dizisi farklılıkları kullanımı yaygın olarak uygulanmıştır (Hebert vd., 2004). Mt-DNA, nükleer DNA'ya göre daha fazla mutasyon biriktirme özelliđi ile yakın türler arasında farklılığa neden olmaktadır. Bu bakımdan filogenetik araştırmalar için mtDNA sıklıkla kullanılmaktadır (Moore, 1995). John Avise türlerin evrimsel tarihini araştırmak için mtDNA'daki dizi farklılıklarını kullanarak filocoğrafik çalışmalarını gerçekleştirmiştir (Avise vd., 1987). DNA 'ya dayalı tür tanımlamalarının başlangıcında sıtma ve deng humması taşıyan sivrisinekler ile yapılan çalışmalar yer almaktadır (Hebert vd., 2004). Uluslararası literatürde Bertolani ve Rebecchi yapmış oldukları çalışmada ilk kez DNA barkodlama geni olan COI kullanılarak morfolojik olarak sınıflandırmada güçlük yaşanan *Macrobiotus macrocalix* türü kimliklendirilmiştir (Cesari vd., 2009). Paul Hebert vd. 2005, Kanada da Guelph Üniversitesi'nden yayınladıkları bildiri de COI geninin tüm hayvanlar için genetik barkod olarak hizmet verebileceđini bildirmişlerdir.

Son yıllarda DNA barkodlama tekniđi bitkilerde (Theodoridis vd., 2012; Tezcan vd., 2010), mantarlarda (Schoch vd., 2012), balıklarda (Keskin & Atar, 2013), kabuklularda (Bilgin vd., 2015), böceklerde (Can, 2009), sivrisineklerde (Gunay vd., 2015) ve kuşlarda (Bilgin vd., 2016) başarıyla çalışan bir yöntemdir.

Bitkilerde DNA barkodlama geni olarak ITS bölgesi, kloroplast genleri (matK, rpoB, rpoC1, rbcL) ve genler arası şifre içermeyen diziler (trnH-psbA) kullanılmaktadır (Kress vd., 2005; Filiz, 2012; Laiou vd., 2013). Mantarlarda DNA barkodlama geni olarak evrimleşme hızı yüksek olan nükleer ITS, büyükalt birim (LSU) ve küçükalt birim (SSU) bölgesi kullanılmaktadır (Schoch vd., 2012; Demirel, 2016; Xu, 2016).

Hayvanlar aleminin genelinde DNA barkodlama çalışması için tüm genom değil, mitokondriyal genom kullanılmaktadır (Casiraghi vd., 2010; Aliabadian vd., 2013). Maternal kalıtım gösteren mitokondrial DNA (mtDNA), çift zincirli, halkasal yapıda ve aerobik solunumu destekleyen genleri içermektedir. mtDNA toplam genetik materyalin %0.3'ünü oluşturmaktadır (Özşensoy ve Kurar 2012). mtDNA, canlıların orjinleri, adli tıp, dejeneratif hastalıkların sebebinin araştırılmasında ve kanser çalışmalarında kullanılmaktadır (Chaitanya vd., 2016; Wallace 2016; Shapiro 2016; Rao vd., 2017). Bu bağlamda mtDNA populasyon genetiği çalışmalarında ve filogenetik analizlerde güvenilir sonuç veren bir gen dir (Tan ve Wake, 1995).

Günümüzde hayvanlar aleminde kullanılan DNA barkodlama geni (mt-COI) 652-658 baz çiftlik bir bölge olarak ifade edilmektedir (Kerr vd., 2007; Kerr vd., 2009; Campagna vd., 2010). COI geni mt-rRNA genlerine oranla üç kat daha yüksek evrim hızına sahip olarak değerlendirilmektedirler. Bir başka önemli nokta da COI geninde gerçekleşen evrimin, yakın türlerin ayırımına imkan tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek bir hızda gerçekleşmesidir.

COI geninin hayvanlarda standart barkod geni olarak seçilmesindeki asıl neden, birden fazla tür için göstermiş olduğu belirgin ayırım gücü ve tür içi ile türler arasındaki uzaklığın çakışmadığı tipik varyasyon modelini oluşturmasıdır (Hebert vd., 2003; Dove vd., 2008; Aliabadian vd., 2009; . Kerr vd., 2009; Cai vd., 2010; Campagna vd., 2010).

DNA barkodlama sistemi ile kolayca tüm yaşam evrelerinin (larva-ergin) tespiti, tanınmayan numunenin (kas dokusu, yumurta, telek vb.) tür tespiti mümkündür (Webb vd., 2006; Hickerson vd., 2006; Briski vd., 2011). DNA barkodlama sistemi daha iyi bir taksonomik çözünürlük sağladığı gibi, morfolojik çalışmalar ve geleneksel taksonomide daha hızlı bilgiye ulaşmaya da olanak sağlamaktadır. DNA barkodlama sadece türleri tanımlamak için değil aynı zamanda türlerin sınırlarını belirlemede de kullanılmaktadır. Ancak DNA barkodlamanın potansiyel kullanıcıları sadece taksonomistler olmayıp bu yöntem adli bilimler, biyoteknoloji, gıda endüstrisi, hayvan besleme, genetik çeşitlilik ve tür ayırımı gibi birçok alanda kullanılacak bir araç olarak literatürdeki yerini almıştır

(Cerutti-pereyra vd., 2012; Ashfaq vd., 2013; Ganopoulos vd., 2013; Gathier vd., 2013). DNA barkodlama çalışmaları kapsamında türlere ait uluslararası bir DNA barkod veri tabanı oluşturulmuş ve bu veri tabanı iBOL, CBOL, CCDB, GenBank, EOL, GBIF gibi birçok ortak kuruluş ile çalışmaktadır (BOLD,2017).

Yapılan barkodlama çalışmalarında COI geni kuşlarda 1000' den fazla tür için %96 lık uyum oranı ile başarılı olunmuş (Huynen ve Lambert, 2014) ve farklı coğrafik bölgelerde halen çalışılmaktadır. (Waugh vd., 2010). Bu coğrafik bölgeler içinde Nearktik, Güney kore, Neotropikaller, Doğu Palearktik ve İskandinavya yer almaktadır (BOLD, 2017). Bunun yanı sıra kuş DNA barkod kütüphanesinde veriler sürekli genişlemektedir (Saitoh vd., 2015). Web of science' da 'DNA barcoding birds' olarak tarandığında 258 makalenin çıkması kuşlar açısından bu yöntemin sıklıkla kullanıldığının bir göstergesidir (Web of science, 2017).

2.2. Kuşlarda Filogenetik Araştırmalar

Organizmaların evrimsel tarihi filogeni olarak adlandırılır. Farklı türler arasındaki akrabalık ilişkilerini ortaya koymak amacıyla filogenetik analizlerden yararlanılmaktadır. Moleküler düzeyde gerçekleştirilen filogenetik çalışmalar, DNA ve proteinlerde meydana gelen mutasyon hızını belirlemeye ve genler ile organizmaların evrimsel tarihini araştırmaya yöneliktir. Filogenetik analizlerde türler arasındaki evrimsel ilişkiyi ortaya koymak amacıyla elde edilen verilerin çeşitli istatistiksel analizler ile filogenetik ağaçlar oluşturulmaktadır (Hughes, 1999). *Tyto alba* türü ile yapılan filogenetik çalışmada Eski ve Yeni Dünya baykuşlarının yüksek derecede genetik varyasyon ortaya koyduğunu ve evrimsel tarihinin bir çıkarımı olarak orta miyosende türün ayrılmaya başladığını buradan Yeni Dünyaya dağıldığını tespit etmişlerdir (Aliabadian vd., 2016). Yine kuşlar üzerine yapılan bir başka filogenetik çalışmada *Calandrella* cinsindeki tüm türlerin ilişkileri revize edilmiştir (Stervander vd., 2016).

Özellikle son yıllarda moleküler sistematik tekniklerinin geliştirilmesiyle ötücü kuşlar arasındaki akrabalık ilişkileri de tekrar değerlendirilmeye başlanmıştır (Payevsky, 2014; Packert vd., 2015). Ötücü kuşlar arasındaki filogenetik ilişkiler nükleer gen bölgesi ve mitokondrial DNA sekansları kullanılarak incelenmektedir (Spicer ve Dunipace, 2004). Bu metodlardan mitokondrial DNA son yıllarda sıklıkla kullanılmaktadır (Rocha vd., 2015; Nabholz vd., 2016). Örneğin; Canaryya Adaları, Madeira ve Azor Adalarında yapılan filogenetik çalışmada *Sylvia* cinsine ait türlerin mt-Cytb geni kullanılarak bu taksonların

filocoğrafyasına ait yeni bilgiler ortaya konmuştur (Dietzen vd., 2008). Yine başka bir filogenetik çalışmada mt-Cytb sekansları kullanılarak *Regulus* cinsinin evrimsel ilişkilerini araştırmışlardır (Packert vd., 2015). Packert vd. (2015) yaptıkları çalışmada ise Tibete endemik bir tür olan *Emberiza koslowi*'nin akrabalık ilişkilerini 5 ayrı gen bölgesi (Cytb, COI, 16S rRNA, Fib7 ve myo) ile yeniden yapılandırmışlardır. Bu bağlamda türlerin evrimsel geçmişini çıkarsamak için tek bir gen bölgesi ile ilgili yapılan çalışmalar yeterli olmamala birlikte farklı gen bölgeleri birlikte değerlendirildiğinde daha doğru sonuçlara ulaşılabilmektedir. Böylelikle kuşalarda yapılan filogenetik çalışmalar incelendiğinde mtDNA'nın üzerinde bulunan COI, ND2, CR, Cyt-b, D-loop, 12S rRNA gen bölgeleri sıklıkla çalışılmakta olup türlerin filogenetik ilişkileri ve taksonomideki yerleri moleküler yöntemlerle tekrar değerlendirilmektedir (Randi vd., 2001; Birks ve Edwards, 2002; Dimcheff vd., 2002; Spicer ve Dunipace, 2004; Segelbacher vd., 2008; Lavinia vd., 2016).

2.3. Tezin Hipotezi

Geçmişten günümüze gelen evrimsel süreçte Pleistosen olarak da adlandırılan buzul çağları dördüncü zamanı olan kuarterner evresinde kuzey yarıkürenin büyük bir kısmının buzullarla kaplı olduğundan dolayı canlılar kuzeyden güneye doğru göç etmişlerdir (Andel vd.,2009). Bu dönemde Akdeniz Bölgesi canlılar için sığınak görevi görürken zaman içersinde tür çeşitliliğinin yoğun olduğu sıcak noktalardan birisi haline gelmiştir. Yapılan çalışmalar incelendiğinde birçok canlı grubunda Akdeniz Bölgesine ait türlerin genetik yapısı diğer bölgelere kıyasla farklılık göstermektedir (Breton vd.,2006; Marletta vd., 2006; Jakob vd., 2007; Akin vd., 2010) . Ayrıca Akdeniz Bölgesi kuş türleri için tür çeşitliliğinin fazla olması nedeniyle sıcak nokta olarak belirtilmektedir (Covas ve Blondel, 1998).

Albayrak vd. (2012) tarafından ülkemiz için tek endemik kuş türü diyebileceğimiz Anadolu sıvacsısının (*Sitta krueperi*) COI geni kullanılarak yapılan filocoğrafik çalışmasında türün Toros Dağları'ndan örneklenen popülasyonlarının kendine özgü farklı haplotipleri olduğu bulunmuştur. Bununla birlikte, filogenetik çalışmalarda farklı genler birlikte kullanılarak türlerin evrimsel ilişkileri açıklanabilmektedir.

Hipotez 1: Batı Toroslar'da yer alan Beydağları bölgesinde yayılım gösteren ötücü kuşların genetik çeşitliliğinin yüksek ve bölgeye özgü olması,

Hipotez 2: DNA Barkodlamada kullanılan COI geninin, filogenetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan ND2 geni ile karşılaştırılması sonucunda türler arası genetik uzaklık ve oluşturulan filogenetik ağaçların birbirinden kısmen farklı olması beklenmektedir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Arazi Çalışması

3.1.1. Çalışma Alanının Genel Özellikleri

Araştırma alanı Antalya ilinin sınırları içinde Toros Dağlarının batı uzantısında yer alan yüksekliği 0–3086 m aralarında değişen Beydağları' dır. Bu dağ silsilesi Antalya Körfezi' nin kuzeyinden güneyine doğru paralel bir şekilde uzanır. Beydağları' nın alçak kesimlerde maki ve kızılçam ormanlar görülürken, rakım yükseldikçe karaçam ile sedir ormanları hakim olmakta ve yüksek dağ çayırılıkları bulunmaktadır (Şekil 3.1.).



Şekil 3.1. Çalışma Alanı

3.1.2. Arazi Çalışmaları ve Örnekleme

Arazi çalışmaları, Nisan, Haziran, Kasım 2015 tarihlerinde yapılmış olup, 126 m lik japon ağları ile kuşların yakalaması yapılmıştır (Şekil 3.3.). Çalışmada 20 türden 92 bireyin yakalaması yapılmıştır (Şekil 3.2). Ancak laboratuvar çalışmalarında 17 türden 67 birey kullanılmıştır. Türlerin teşhisi için Collins Bird Guide (Svensson vd, 2010) kitabı kullanılmıştır. Yakalanan bireylerin morfometrik özellikleri (vücut kütlesi, kanat, kuyruk, gaga boyu, gaga eni, gaga yüksekliği, kafa arkası gaga ucu, gaga burundan, alula, tarsus uzunlukları, 8.primer) kumpas ve cetvel yardımıyla ölçülmüş olup bütün ölçümler arazi formlarına işlenmiştir. Aynı zamanda yakalanan bireylerden genetik çalışma için kan ve telek dokusu alınarak % 96' lık alkol bulunan veya EDTA' lı örnek saklama tüplerine konulmuştur (Şekil 3.4). Arazide örnekleme işlemleri bittikten sonra yakalanan bireylere renkli halka takılarak aynı yerde doğaya geri bırakılmıştır (Şekil 3.5). Renkli halka sayesinde bireylerin ikinci kez yakalanması durumunda tekrar örnek alınmasının önüne geçilmiştir.

Arazi bitiminde alınan doku ve kan örnekleri laboratuvar ortamına getirilerek -20°C de MAKU Ornitoloji Labaratuvarında saklanmıştır.



Şekil 3.2. Arazide kuş türlerinin Japon ağırları ile yakalanması ve çıkartılması



Şekil 3.3. Japon ađları ile yakalanan örnekler



Şekil 3.4. Yakalanan bireylerden kan örneđinin alımı



Şekil 3.5. Arazi alanında yakalanan kuş türlerinden bazıları (Sol üstten sırasıyla *Cyanistes caeruleus* (Mavi baştankara), *Aegithalos caudatus* (Uzunkuyruklu baştankara), *Turdus philomelos* (Öter ardıç), *Erithacus rubecula* (Kızılgardan), *Turdus merula* (Karatavuk-erkek birey ve dişi birey))

3.2. Laboratuvar Çalışması

3.2.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu MAKU, Moleküler Ornitoloji Labaratuvarında gerçekleştirilmiş olup (Şekil 3.6) kan ve telek örnekleri için GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit ile Qiagene DNA Purification kiti kullanılmıştır. Yöntemlerin ayrıntılı açıklaması aşağıda verilmiştir,

GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit:

- ✓ Öncelikle 2 ml lik ependorf tüpler hazırlanarak örnek tüplerinde bulunan kan aktarılır.
- ✓ Kan örneği alkolde ise maximum speed de santrifüj yapılarak alkol pipet yardımıyla uzaklaştırılır ve 56 °C de etüvde 30 dk bekletilerek kalan alkolün uçması sağlanır.
- ✓ Kan örneği EDTA lı tüplerde ise örnekten 200 µl alınarak ependorf tüplere direkt aktarılır.
- ✓ Daha sonra 15 µl proteinase K eklenir.
- ✓ Üzerine 400 µl lisiz solüsyonu eklenir ve vortex yapılarak 56 °C de etüvde 1 gece bekletilir.
- ✓ Tüpler etüvden çıkarıldıktan sonra vortex yapılarak üzerine 200 µl %96 lık etanol eklenir.
- ✓ Pipetaj yapılarak etanol eklenen örnekler spin kolona aktarılır.
- ✓ 8000 g, 1 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Kolona 500 µl wash buffer I eklenir.
- ✓ 8000 g, 1 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Kolona 500 µl wash buffer II eklenir.
- ✓ Maximum speed 4 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Kolon ependorf tüpe aktarılır ve üzerine 35 µl Elution Buffer eklenir. 2 dakika oda sıcaklığında beklenir.
- ✓ 8000 g, 1 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Tekrar 35 µl Elution Buffer eklenir. 2 dakika oda sıcaklığında beklenir.
- ✓ 8000 g, 1 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Kolon atılır. Saf DNA elde edilir ve -20 °C de muhafaza edilir.

Qiagene DNA Purification kiti:

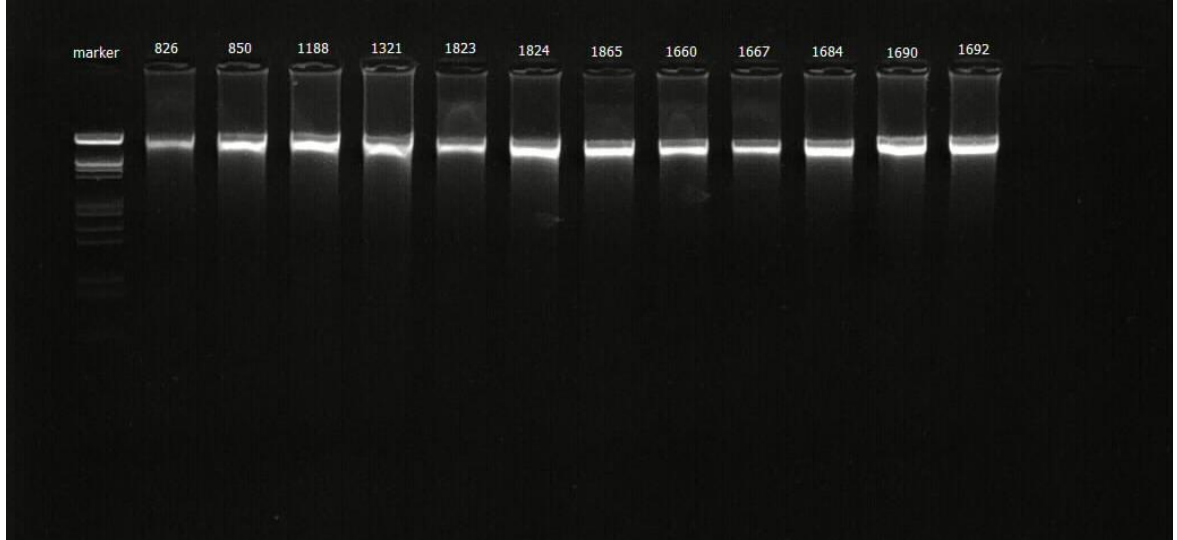
- ✓ Telek örnekleri bayrak kısmını almadan makas yardımıyla 2-3 cm parçalara ayrılarak ependorf tüpe aktarılır.
- ✓ Üzerine 300 µl Buffer ATL, 20 µl proteinaz K ve 20 µl 1M DTT eklenir.
- ✓ Vortex yapılarak örneğin tamamen parçalanması için 56 °C'de inkübe edilir.
- ✓ 300 µl AL Tamponu eklenir ve vorteks yapılır. Daha sonra, 300 µl etanol (% 96-100) ilave edilir.
- ✓ Örnek spin kolona aktarılarak 6500 g 1 dakika santrifüj edilir. Santrifüj bittikten sonra toplama tüpü atılır.
- ✓ Yeni 2 ml'lik toplama tüpüne DNeasy Mini spin kolon yerleştirilir ve 500 µl AW1 tamponu eklenir.
- ✓ 6500 g 1 dakika santrifüj edilir. Toplama tüpü atılır
- ✓ Yeni 2 ml'lik toplama tüpüne DNeasy Mini spin kolon yerleştirilir ve 500 µl AW2 tamponu eklenir.
- ✓ 8000 g 3 dakika santrifüj yapılır.
- ✓ Spin kolon yeni hazırlanan ependorf tüplere aktarılır ve üzerine 70 µl AE Buffer eklenir.
- ✓ 1 dakika oda sıcaklığında inkübe edilir ve daha sonra 8000 g 1 dakika santrifüj edilir.
- ✓ Elde edilen DNA – 20 °C de saklanmak üzere kaldırılır.



Şekil 3.6. Laboratuvar çalışmalarının yapıldığı MAKU, Moleküler Ornitoloji Labaratuvarı

3.2.2. DNA Örneklerinin Agoraz Jel Elektrofrez ve Görüntüleme

Agaroz jelin hazırlanması için 0.96 g agaroz tartılıp, 120 mL 1X TAE eklenmiş ve çözünmesi için mikrodalga fırında kaynatılmıştır. Kaynadıktan sonra 16 µl Gelred eklenmiştir. Elektrofrez küvetine taraklar yerleştirilmiş ve sıvı agaroz jel elektrofrez küvetine dökülmüştür. Oda sıcaklığında 15-20 dakika polimerize olması için bekletilmiştir. Jel polimerize olduktan sonra taraklar jelden alınarak elektrofrez tankına yerleştirilmiştir. Örneklerden elde edilen DNA dan 5 µl alarak yükleme tamponu ile karıştırılıp otomatik pipet yardımıyla kuyucuklara yüklenmiştir. İlk kuyucuğa 1000-2000 bp büyüklüğünde DNA büyüklük belirteci yüklenmiştir. Yüklenen örnekler 110 voltta 50 dk yürütülmüştür. Elektrofrez işlemi sonunda örnekler UV görüntüleyici ile görüntülenmiş ve fotoğrafları kaydedilmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. DNA jel elektrofrez görüntüsü

3.2.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

PCR işlemleri COI gen bölgesi için BirdF1-BirdR1 ve ND2 gen bölgesi için L5215-H1064 primerleri ile gerçekleştirilmiştir. COI gen bölgesi için alternatif primer olarak PF1-PR1 de kullanılmıştır. BirdF1-BirdR1 primerleri referans makalede ve üretici firmanın talimatlarına göre BirdF1 primerine 126 µl, BirdR1 primerine ise 224 µl dH₂O eklenmiştir. Daha sonra her iki primerden 10'ar µL alınarak farklı birer ependorf tüpüne aktarılmış ve üzerine 90 µL steril dH₂O eklenerek seyreltilmiş ve -20°C' de muhafaza edilmiştir. PF1-PR1 primerleri referans makalede ve üretici firmanın talimatlarına göre PF1 primerine 450

μ l, PR1 primerine ise 418 μ l dH₂O eklenmiştir. Daha sonra her iki primerden 10'ar μ L alınarak farklı birer ependorf tüpüne aktarılmış ve üzerine 90 μ L steril dH₂O eklenerek seyreltilmiş ve -20°C' de muhafaza edilmiştir. L5215-H1064 primerleri referans makalede ve üretici firmanın talimatlarına göre H1064 primerine 554 μ l, L5215 primerine ise 499 μ l dH₂O eklenmiştir. Daha sonra her iki primerden 10'ar μ L alınarak farklı birer ependorf tüpüne aktarılmış ve üzerine 90 μ L steril dH₂O eklenerek seyreltilmiş ve -20°C' de muhafaza edilmiştir. Kullanılan primerler ve dizileri Çizelge 3.1' de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Kullanılan primer dizileri ve referans makaleleri

Mitokondrial Gen Bölgesi	Primer, Forward- Reverse	Referans Makale
COI	BirdF1, 5' TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC 3' BirdR1, 5' ACGTGGGAGATAATTCCAAATCCTG 3'	Cai vd., 2010
COI	PF1, 5' CCA ACC ACA AAG ACA TCG GAA CC 3' PR1, 5' GTA AAC TTC TGG GTG ACC AAA GAA TC 3'	Albayrak vd., 2012
ND2	L5215, 5' TATCGGGCCCATACCCCGAAAAT 3' H1064, 5' CTTTGAAGGCCTTCGGTT 3'	Zink vd., 2006

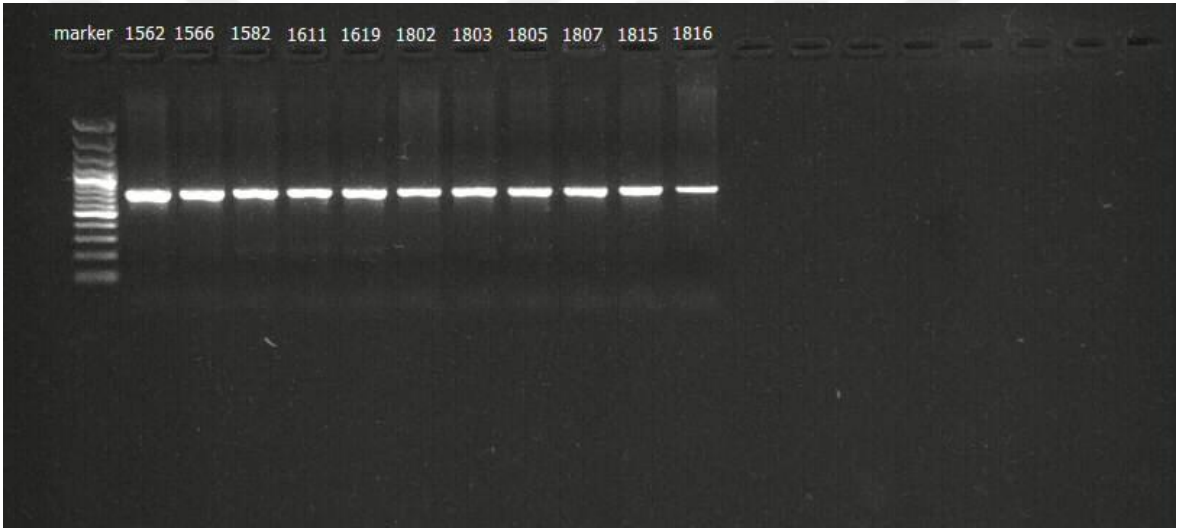
Isıl döngü cihazında gen bölgelerinin çoğaltılması PCR reaksiyonunun gerçekleşmesi için toplam hacim 50 µL olacak şekilde karışım hazırlanmıştır. Aşağıda her bir tüp için kullanılan solüsyonlar ve miktarları verilmiştir. Her üç primer için de miktarlar aynı şekilde uygulanmıştır.

Solüsyon ismi	1 örnek için miktarı
10 X PCR Buffer	5 µl
dNTP mix	5 µl
MgCl₂	5 µl
1.primer	1 µl
2.primer	1 µl
Taq DNA Polimeraz	0.2 µl
H₂O	28.8 µl
Saf DNA	4 µl

BirdF1-BirdR1	PF1-PR1	L5215- H1064
94°C 5 dk	94°C 5 dk	95°C 2,5 dk
94°C 45 sn	94°C 50 sn	94°C 30 sn
53°C 30 sn	54°C 45 sn	55°C 30 sn
72°C 1 dk	72°C 1 dk	72°C 1 dk
72°C 10 dk	72°C 10 dk	72°C 10 dk
4°C~bekleme	4°C~bekleme	4°C~bekleme
38 döngü	37 döngü	38 döngü

3.2.4. PCR Örneklerinin Agaroz Jel Elektroforezi ve Görüntüleme

Agaroz jelin hazırlanması için 1.44 g agaroz tartılıp, 120 mL 1X TAE eklenmiş ve çözünmesi için mikrodalga fırında kaynatılmıştır. Kaynadıktan sonra 16 µl Gelred eklenmiştir. Elektroforez kütetine taraklar yerleştirilmiş ve sıvı agaroz jel elektroforez kütetine dökülmüştür. Oda sıcaklığında 15-20 dakika polimerize olması için bekletilmiştir. Jel polimerize olduktan sonra taraklar jelden alınarak elektroforez tankına yerleştirilmiştir. Örneklerden elde edilen PCR ürününden 5 µl alarak 100-1000 bp büyüklük belirteci ile PCR ürünleri otomatik pipet yardımıyla kuyucuklara yüklenmiştir. Yüklenen örnekler 80 voltta 40 dk yürütülmüştür. Elektroforez işlemi sonunda örnekler UV görüntüleyici ile görüntülenmiş ve fotoğrafları kaydedilmiştir (Şekil 3.8).

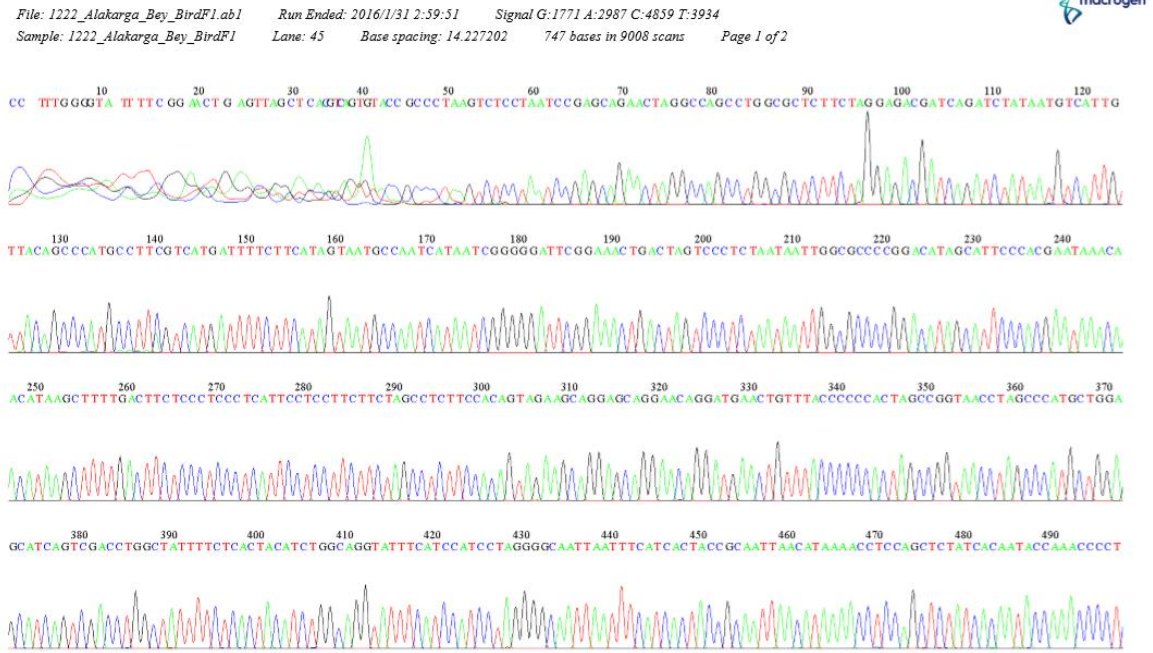


Şekil 3.8. PCR jel elektroforez görüntüsü

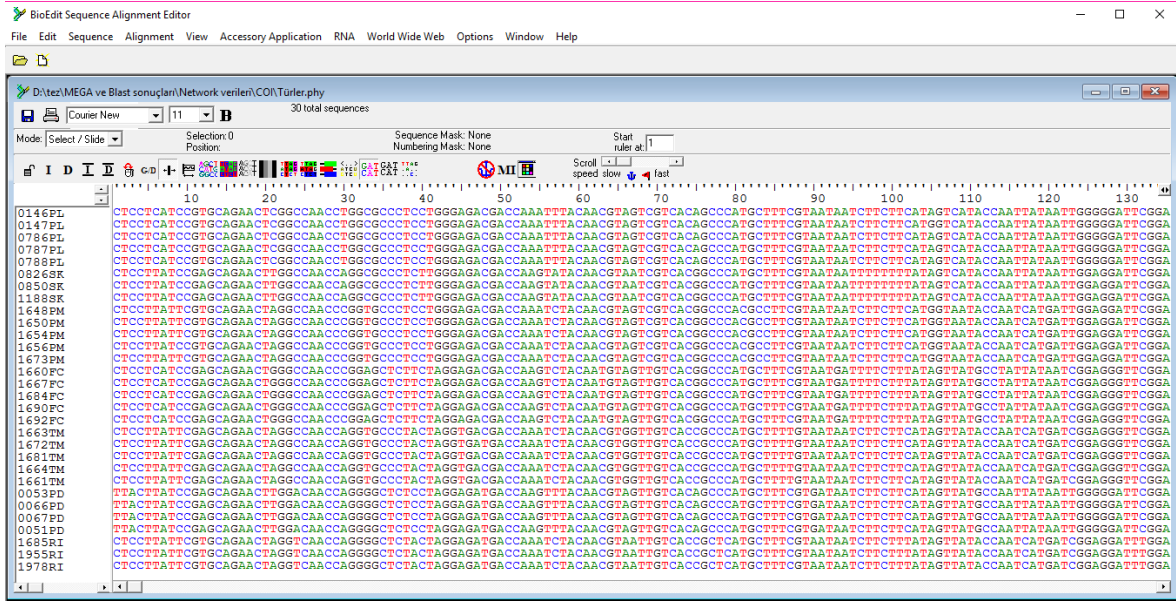
3.3. Verilerin Değerlendirilmesi

COI ve ND2 gen bölgeleri için elde edilen PCR ürünleri DNA dizi analizi için yurt dışında faaliyet gösteren MACROGEN firmasına gönderilmiştir. Hataların minimuma indirilmesi ve yanlış okumaların önüne geçilmesi için sekans dizileri çift yönlü okutulmuştur. DNA dizi analizinden elde edilen sekanslar Bioedit Sequence Alignment Editor programına aktarılarak ilk önce her bireyin forward ve reverse sekans dizileri kontrol edilerek herhangi bir okuma hatası olup olmadığı sekans pikleri ile birlikte belirlenmiştir (Şekil 3.9). Daha sonra tüm bireylerin sekans dizileri hizalanarak alignment yapılmıştır (Şekil 3.10). Dizilerde herhangi bir delesyon olup olmadığı kontrol edilerek dosya fasta formatında kayıt edilmiştir. COI gen bölgesi çoğaltılan tüm türlerin sekans dizileri BOLD ve GenBank veri tabanında karşılaştırılmış ve eşleşmeleri kontrol edilmiştir (Şekil 3.11). ND2 gen bölgesi

çoğaltılan tüm türlerin sekans dizileri GenBank veri tabanında karşılaştırılmış ve eşleşmeleri kontrol edilmiştir (Şekil 3.12). Daha sonra diziler '.meg' uzantısı şeklinde kayıt edilip MEGA 7.0.14 (Tamura vd., 2007) programında açılarak Neighbor joining metoduna dayalı Kimura-2 paramerter yöntemi kullanılarak 1000 Bootstrap seçilmiş ve filogenetik ağaçlar elde edilmiştir. Filogenetik ağaç oluşturmada dış grup seçimi GenBank veri tabanından yapılmış olup, COI geni için *Bubo bubo* (GU571764.1), ND2 geni için *Bubo bubo* (EU601029.1) türleri seçilmiştir. MEGA 7.0.14 programında COI ve ND2 gen bölgeleri için ayrı ayrı türlerin düzenlenmiş sekans dizileri kullanılarak türler arası ve tür içi genetik mesafe ($d \pm S.E.$) değerleri hesaplanmıştır. COI ve ND2 gen bölgeleri için hesaplanan genetik uzaklık değerleri kullanılarak SPSS Statistics 17.0 programında frekans değerleri ($Mean \pm S.D.$) ve iki gen bölgesi arasındaki korelasyon ve t-testi uygulanarak iki gen bölgesi arasında istatistiksel bir fark olup olmadığı test edilmiştir.



Şekil 3.9. Elde edilen dizi analizi (sekans analizi) pikleri



Şekil 3.10. Bioedit Sequence Alignment Editor programı ile oluşturulan alignment

TOP 20 Matches :

Display option: Top 20 ▾

Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Subspecies	Similarity (%)	Status
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Private
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		100	Private
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.83	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.83	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.83	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.33	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.33	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.33	Published
Chordata	Aves	Passeriformes	Paridae	<i>Cyanistes</i>	<i>caeruleus</i>		99.33	Published

Şekil 3.11. BOLD veri tabanında türlerin karşılaştırması

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher NHMO-BC487 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571359.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher ZMMU 53a cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481673.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher UWBM 49322 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481667.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher BISe-Aves369 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1114	1114	99%	0.0	100%	GU571850.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher UWBM 74196 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1114	1114	100%	0.0	99%	GQ481675.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher ZMMU 113a cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1112	1112	100%	0.0	99%	GQ481665.1
<input type="checkbox"/> Cyanistes caeruleus voucher NHMO-35278 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	1110	1110	99%	0.0	100%	KP193826.1

Şekil 3.12. GenBank veri tabanında türlerin karşılaştırılması

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Arazi Çalışmalarından Elde Edilen Bulgular

Antalya Beydağları bölgesinde yapılan arazi çalışmasında 20 türden 92 bireyin rastgele yakalaması yapılmıştır (Çizelge 4.1). Arazi alanında yapılan yakalama çalışmalarında en fazla yakalanan tür %8,6 oranında *Parus major* olmuştur. *Erithacus rubecula* türü, *Parus major* türünü takiben ikinci sırada %7,6 yoğunlukla yer almaktadır. Daha sonra arazi alanında sıklıkla karşılaşılan *Phoenicurus phoenicurus*; *Turdus philomelos*, *Turdus merula*; *Iduna pallida*, *Phylloscopus trochilus*, *Poecile lugubris*; *Aegithalos caudatus*; *Sitta krueperi*; *Passer domesticus* ve *Fringilla coelebs* türler ise %5,4 yoğunluğa sahiptir. Arazi alanında en az karşılaşılan *Sylvia atricapilla* ve *Sylvia communis* türler ise %2,1 yoğunluğa sahiptir. Türlerin teşhisinde Collins Bird Guide (Svensson vd, 2011) kitabı kullanılmıştır ve teşhisde bir sorunla karşılaşılmemiştir.

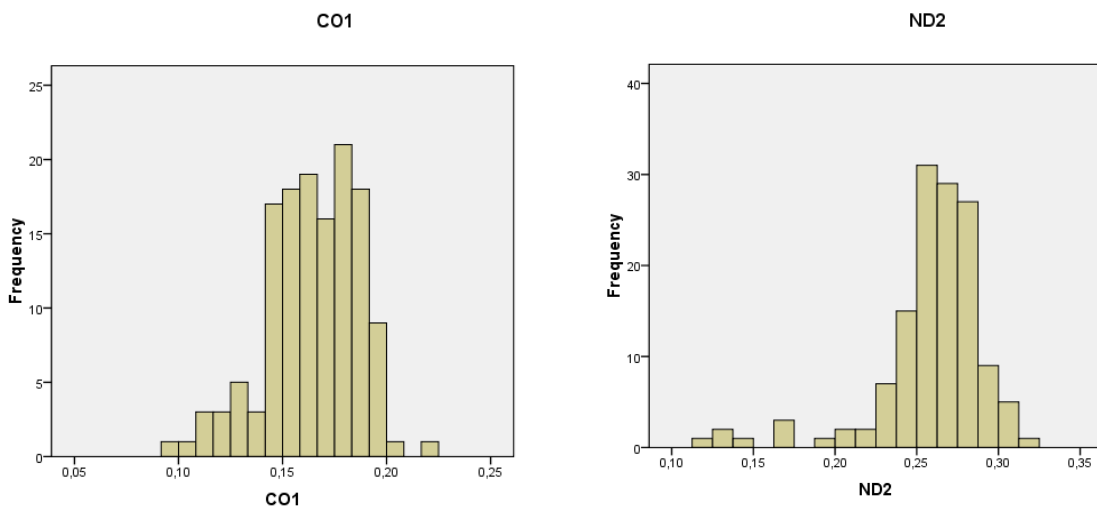
Çizelge 4.1. Arazi alanında yakalanan kuş türleri ve alandaki yoğunlukları

FAMİLYA	TÜR ADI LATİNCE	TÜR ADI TÜRKÇE	YOĞUNLUK
TURDIDAE	<i>Turdus philomelos</i>	Öter Ardiç	%5.4
	<i>Turdus merula</i>	Karatavuk	%5.4
SYLVIIDAE	<i>Sylvia atricapilla</i>	Karabaşlı Ötleğen	%2.1
	<i>Sylvia communis</i>	Akgerdanlı Ötleğen	%2.1
	<i>Phylloscopus trochilus</i>	Söğütbülbülü	%5.4
SITTIDAE	<i>Sitta krueperi</i>	Anadolu Sıvacısı	%5.4
REGULIIDAE	<i>Regulus ignicapilla</i>	Sürmeli Çalikuşu	%4.3
PASSERIDAE	<i>Passer domesticus</i>	Serçe	%5.4
PARIDAE	<i>Parus major</i>	Büyük Baştankara	%8,6
	<i>Periparus ater</i>	Çam Baştankarası	%6,5
	<i>Cyanistes caeruleus</i>	Mavi Baştankara	%3.2
	<i>Poecile lugubris</i>	Akyanaklı Baştankara	%5.4
MUSCICAPIDAE	<i>Erithacus rubecula</i>	Kızılgerdan	%7,6
	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	Kızılkuşuk	%5,4
FRINGILLIDAE	<i>Fringilla coelebs</i>	İspinoz	%5.4
	<i>Chloris chloris</i>	Florya	%3.2
CORVIDAE	<i>Garrulus glandarius</i>	Alakarga	%3.2
CERTHIDAE	<i>Certhia brachydactyla</i>	Bahçe Tırmaşığı	%4.3
AEGITHALIDAE	<i>Aegithalos caudatus</i>	Uzunkuyruklu Baştankara	%5.4
ACROCEPHALIDAE	<i>Iduna pallida</i>	Akmukallit	%5.4

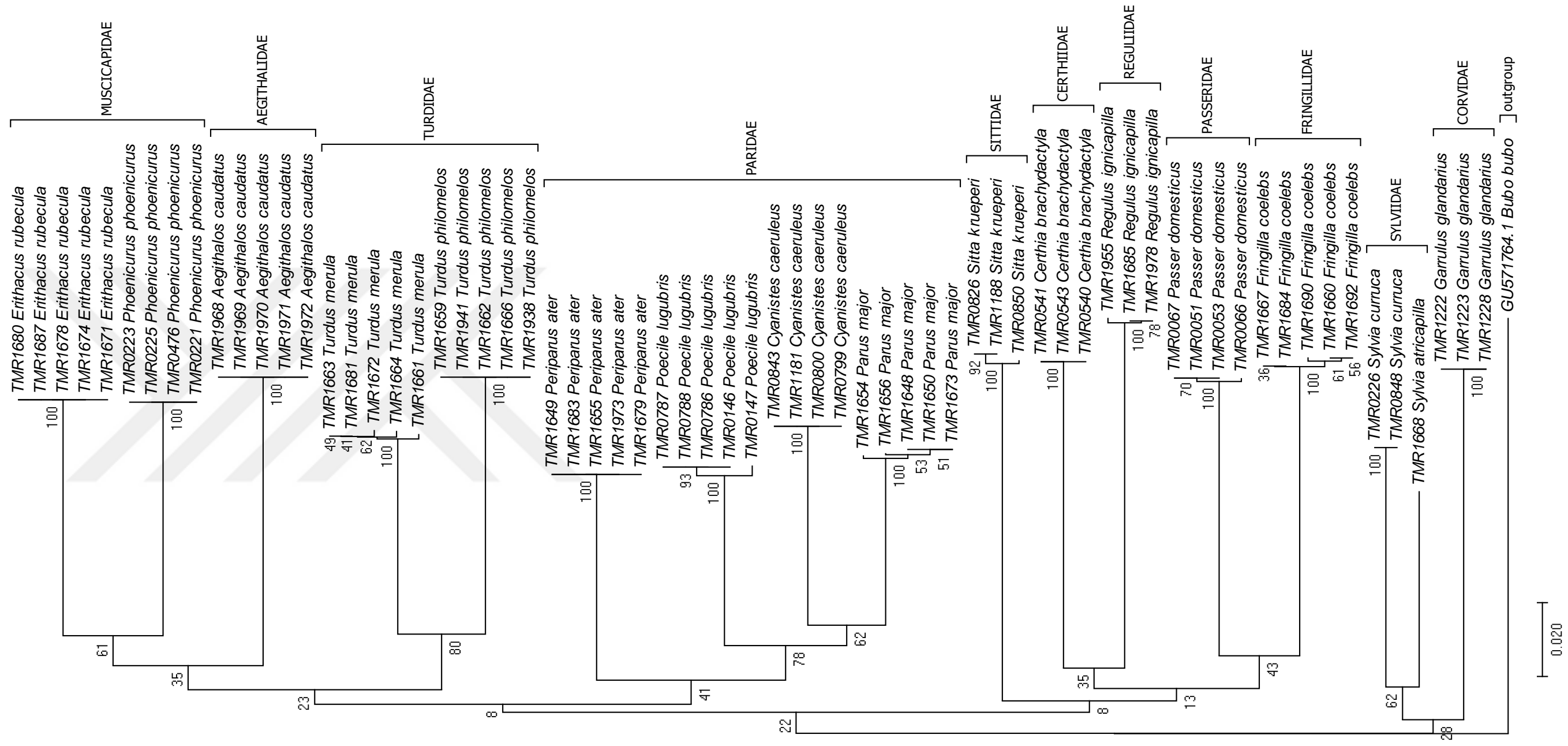
4.2. Filogenetik Ağaçlar ve Karşılaştırılması

Antalya Beydağları bölgesinde rastgele yakalaması yapılan Passeriformes takımına ait 11 familya, 15 farklı cins ve 17 tür için COI ve ND2 gen bölgeleri çoğaltılmıştır. MACROGEN firması tarafından elde edilen ve düzenlenen COI geni dizileri için 605 bp' dır. ND2 dizileri ise 933 bp ve ayrıca COI gen dizilerinin devamına ND2 gen dizileri eklenerek 1538' bp lık bir dizi elde edilerek filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. COI gen bölgesinin türler arası ortalama genetik uzaklığı (d) $0,1640 \pm 0,0224$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.1). ND2 gen bölgesinin türler arası ortalama genetik uzaklığı ise $0,2587 \pm 0,0335$ olarak tespit edilmiştir (Şekil 4.1). Elde edilen ağaçlar incelendiğinde ağaçlar arasında farklılıklar saptanmıştır (Şekil 4.2, Şekil 4.3, Şekil 4.4). Örneğin Paridae familyasında bulunan türler tüm ağaçlarda monofiletik olmakla birlikte filogenetik evrimsel ilişkileri incelendiğinde COI geni için *Periparus ater* dış grup iken *Parus major* ve *Cyanistes caeruleus* aynı kökenden gelen türler olduğu, ND2 geninde ise *Cyanistes caeruleus* dış grup ve *Poecile lugubris* ile *Periparus ater* aynı kökenden geldiği; COI ve ND2 sekanslarının birleştirilerek oluşturulan ağaçta ise iki gruba ayrılarak *Parus major* ile *Cyanistes caeruleus* ve *Poecile lugubris* ile *Periparus ater* aynı kökenden geldiği görülmektedir (Şekil 4.2, Şekil 4.3, Şekil 4.4).

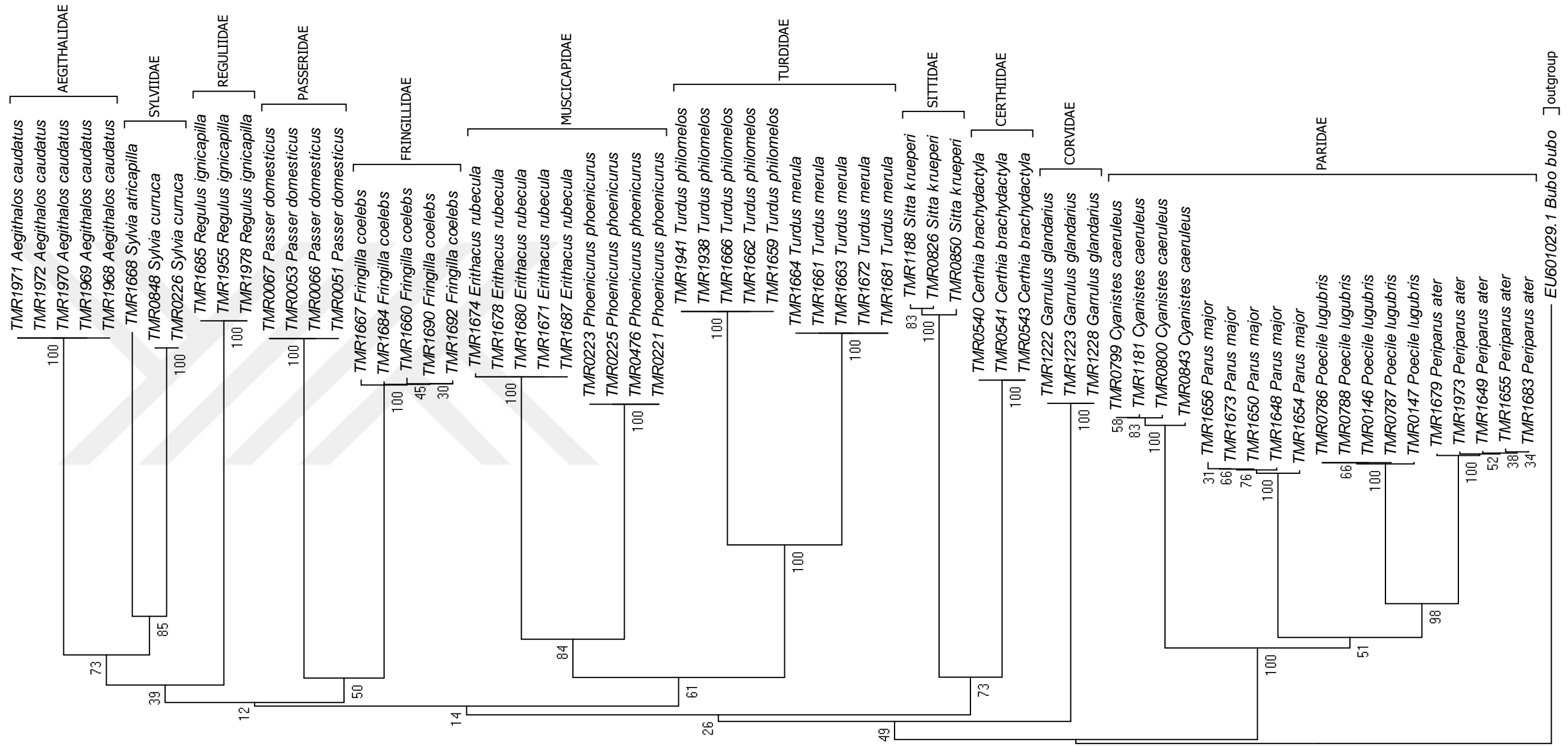
Ayrıca her bir gen bölgesinde tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. Bu bağlamda COI, ND2 ve COI-ND2 gen bölgeleri için türlerin akrabalık ilişkileri karşılaştırılmalı olarak değerlendirmeye alınmıştır (Şekil 4.6).



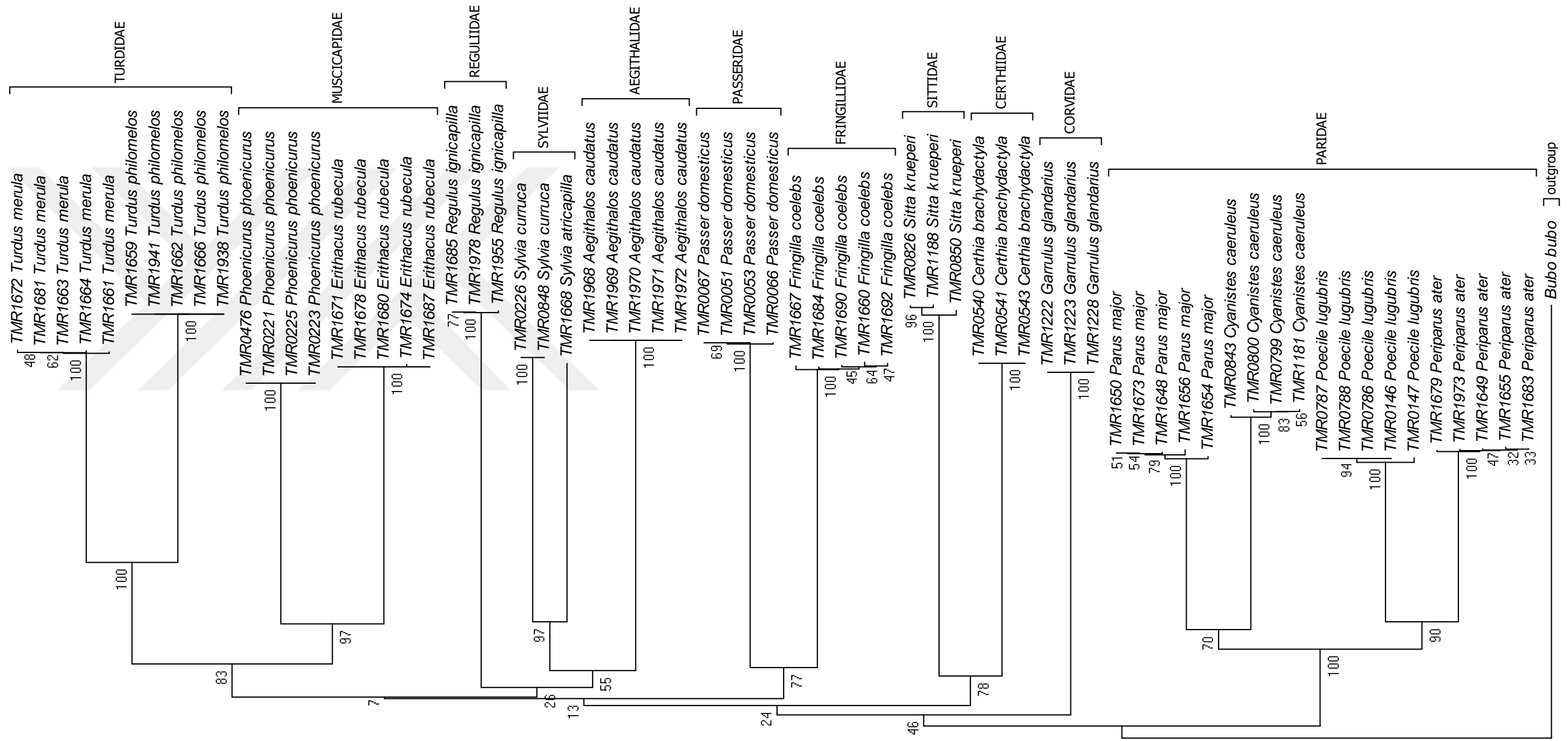
Şekil 4.1. COI ve ND2 gen bölgelerinin türler arası genetik uzaklık frekansı



Şekil 4.2. COI gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi kullanılarak oluşturulan Neighbor joining ağacı



Şekil 4.3. ND2 gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi ile oluşturulan Neighbor joining ağacı

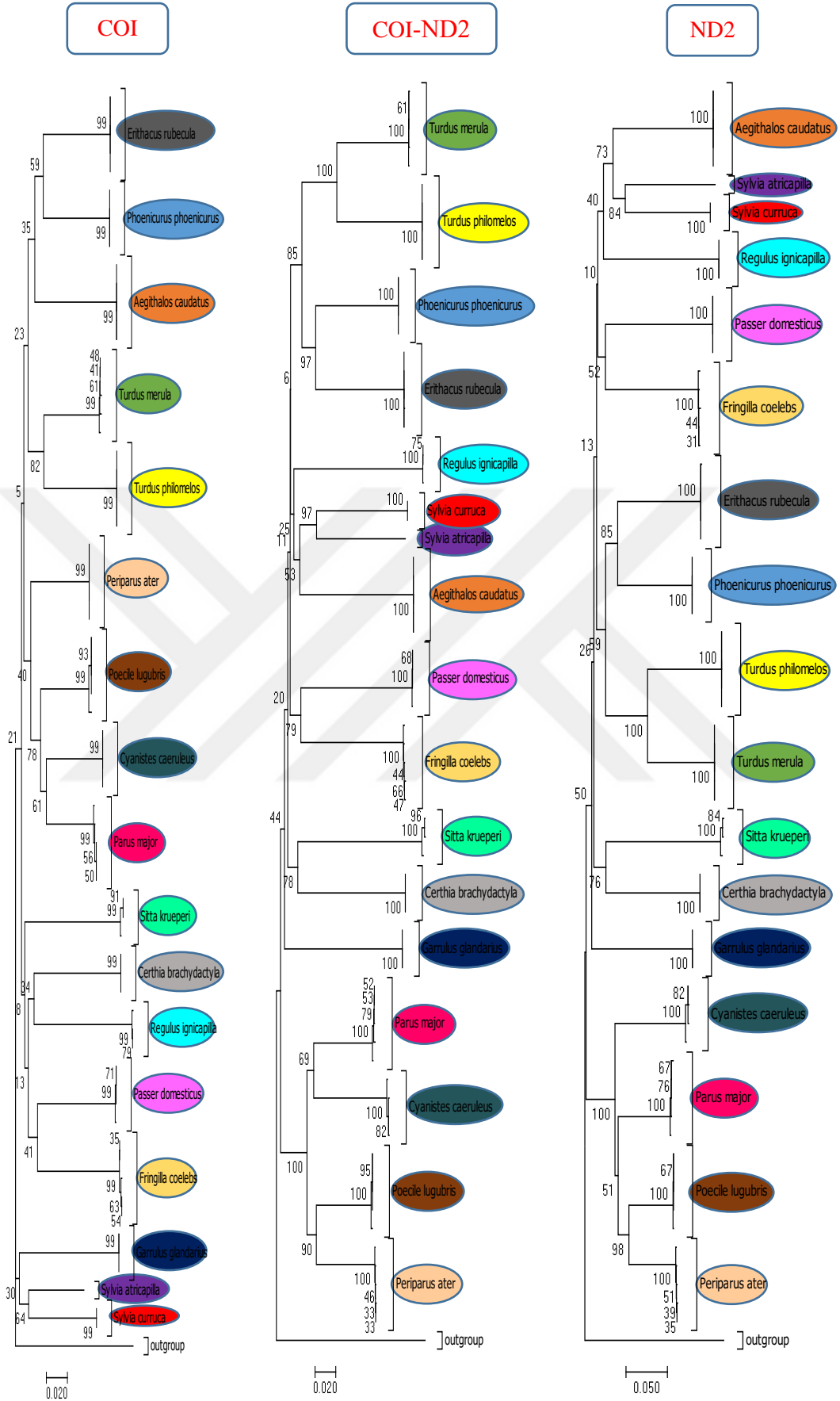


Şekil 4.4. COI- ND2 gen bölgesi kullanılarak MEGA 7.0.14 ile Kimura 2-parameter yöntemi ile oluşturulan Neighbor joining ağacı

Kimura 2-parameter yöntemi ile COI gen bölgesinden oluşturulan Neighbor joining ağacı (Şekil 4.2, Çizelge 4.4' te verilen Kimura-2 paramerter distance değerleri) incelendiğinde en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* ile *Poecile lugubris* (0,096±0,013), *Cyanistes caeruleus* ile *Parus major* (0,101±0,013), *Periparus ater* ile *Poecile lugubris* (0,109±0,014), *Cyanistes caeruleus* ile *Poecile lugubris* (0,112±0,014) olarak tespit edilmiştir. En uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* ile *Turdus philomelos* (0,199±0,021), *Garrulus glandarius* ile *Sitta krueperi* (0,200±0,021), *Phoenicurus phoenicurus* ile *Sitta krueperi* (0,201±0,021) ve *Garrulus glandarius* ile *Regulus ignicapilla* (0,221±0,022) olarak tespit edilmiştir.

Kimura 2-parameter yöntemi ile ND2 gen bölgesinden oluşturulan Neighbor joining ağacı (Şekil 4.3, Çizelge 4.5' te verilen Kimura-2 paramerter distance değerleri) incelendiğinde en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* ile *Periparus ater* (0,113±0,012), *Parus major* ile *Periparus ater* (0,134±0,013), *Poecile lugubris* ile *Parus major* (0,134±0,012) ve *Parus major* ile *Cyanistes caeruleus* (0,149±0,014) olarak tespit edilmiştir. En uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* ile *Passer domesticus* (0,304±0,022), *Sitta krueperi* ile *Turdus philomelos* (0,308±0,021), *Sitta krueperi* ile *Turdus merula* (0,309±0,022) ve *Sitta krueperi* ile *Aegithalos caudatus* (0,318±0,022) olarak tespit edilmiştir.

Kimura 2-parameter yöntemi ile COI-ND2 gen bölgesinden oluşturulan Neighbor joining ağacı (Şekil 4.4, Çizelge 4.6' da verilen Kimura-2 paramerter distance değerleri) incelendiğinde en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* ile *Periparus ater* (0,111±0,008), *Parus major* ile *Poecile lugubris* (0,119±0,009), *Periparus ater* ile *Parus major* (0,127±0,009) ve *Parus major* ile *Cyanistes caeruleus* (0,130±0,010) olarak tespit edilmiştir. En uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* ile *Turdus merula* (0,254±0,014), *Turdus philomelos* ile *Regulus ignicapilla* (0,256±0,015), *Sitta krueperi* ile *Regulus ignicapilla* (0,257±0,013) ve *Sitta krueperi* ile *Aegithalos caudatus* (0,259±0,013) olarak tespit edilmiştir.



Şekil 4.5. Elde edilen filogenetik ağaçların karşılaştırılması

COI ve ND2 gen bölgeleri ile birleştirilmiş COI-ND2 gen bölgesinden Kimura-2 parameter yöntemine göre türler arası genetik uzaklık (d distance) karşılaştırılmış olup türler arası genetik uzaklık gen bölgesine bağlı olarak birbirinden farklılık göstermektedir. Bu bakımdan örnek olarak *Sitta krueperi* türünün diğer türlere göre COI gen bölgesi, ND2 gen bölgesi ve COI-ND2 gen bölgesi genetik uzaklığı sıralanmıştır (Çizelge 4.2). COI gen bölgesine göre *Sitta krueperi* türüne en yakın tür *Periparus ater* (0,153±0,017), en uzak tür ise *Phoenicurus phoenicurus* (0,201±0,021) olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.4). ND2 gen bölgesine göre *Sitta krueperi* türüne en yakın tür *Certhia brachydactyla* (0,256±0,019), en uzak tür ise *Aegithalos caudatus* (0,318±0,021) olarak tespit edilmiştir (Çizelge 3.5). COI-ND2 gen bölgesine göre *Sitta krueperi* türüne en yakın tür *Periparus ater* (0,225±0,013), en uzak tür ise *Aegithalos caudatus* (0,259±0,013) olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.2. *Sitta krueperi* türünün diğer türlere Kimura-2 parameter (d) değerlerine göre yakınlık sıralaması (aynı türler aynı renk olarak işaretlenmiştir)

TÜR ADI/GEN BÖLGESİ	Genetik Uzaklık															
	En yakın															En uzak
<i>Sitta krueperi</i>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
COI	<i>Periparus ater</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Parus major</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Turdus philomelos</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Eritacus rubecula</i>	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Garrulus glandarius</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>
ND2	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Garrulus glandarius</i>	<i>Parus major</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Periparus ater</i>	<i>Eritacus rubecula</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Turdus philomelos</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Aegithalos caudatus</i>
COI-ND2	<i>Periparus ater</i>	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Parus major</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Eritacus rubecula</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Garrulus glandarius</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Turdus philomelos</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Aegithalos caudatus</i>

COI ve ND2 gen bölgelerinden elde edilen veriler ile türlerin tür içi genetik çeşitliliği tespit edilmiştir. COI gen bölgesi bakımından *Passer domesticus*, *Regulus ignicapilla*, *Parus major*, *Fringilla coelebs*, *Poecile lugubris*, *Turdus merula* ve *Sitta krueperi* türlerinde tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. ND2 gen bölgesi için *Poecile lugubris*, *Erithacus rubecula*, *Periparus ater*, *Parus major*, *Fringilla coelebs*, *Cyanistes caeruleus* ve *Sitta krueperi* türlerinde tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmiştir (Çizelge 4.3).

COI ve ND2 gen bölgeleri bakımından tür içi genetik çeşitlilik tespit edilen türler karşılaştırıldığında dört türde hem COI hem ND2 geni için tür içi genetik çeşitliliğin olduğu tespit edilmiştir. Ancak sadece COI gen bölgesi için *Passer domesticus*, *Regulus ignicapilla* ve *Turdus merula* da ve ND2 gen bölgesi için ise *Erithacus rubecula*, *Periparus ater* ve *Cyanistes caeruleus* türlerinde tür içi genetik çeşitlilik olduğu tespit edilmiştir. Bu bakımdan gen bölgesine bağlı olarak tür içi genetik çeşitliliğin çalışılan gen bölgesine bağlı olarak değişiklik gösterdiği saptanmıştır.

Çizelge 4.3. MEGA 7.0.14 ile oluşturulan COI ve ND2 gen bölgeleri tür içi genetik çeşitlilik gösteren türler (distance (d) değeri Kimura-2 parameter yöntemine göre tespit edilmiştir, farklı olan türler kırmızı ile işaretlenmiştir)

COI		ND2	
Tür adı	d±S.E.	Tür adı	d±S.E.
<i>Passer domesticus</i>	0,0008±0,0008	<i>Poecile lugubris</i>	0,0004±0,0004
<i>Regulus ignicapilla</i>	0,0011±0,0011	<i>Erithacus rubecula</i>	0,0004±0,0004
<i>Parus major</i>	0,0013±0,0009	<i>Periparus ater</i>	0,0017±0,0008
<i>Fringilla coelebs</i>	0,0017±0,0011	<i>Parus major</i>	0,0021±0,0009
<i>Poecile lugubris</i>	0,0020±0,0011	<i>Fringilla coelebs</i>	0,0026±0,0010
<i>Turdus merula</i>	0,0020±0,0011	<i>Cyanistes caeruleus</i>	0,0029±0,0012
<i>Sitta krueperi</i>	0,0022±0,0016	<i>Sitta krueperi</i>	0,0043±0,0018

Çizelge 4.4. COI gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri; sağ üst kısım S.E.)

COI Gen Bölgesi	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Erithacus rubecula</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Garrulus glandarius</i>	<i>Parus major</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Periparus ater</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Sitta krueperi</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Turdus philomelos</i>
<i>Aegithalos caudatus</i>		0,019	0,018	0,016	0,019	0,019	0,017	0,019	0,017	0,017	0,017	0,019	0,019	0,017	0,019	0,017	0,019
<i>Certhia brachydactyla</i>	0,186		0,017	0,019	0,018	0,019	0,019	0,019	0,018	0,018	0,017	0,020	0,020	0,019	0,019	0,018	0,020
<i>Cyanistes caeruleus</i>	0,163	0,159		0,018	0,017	0,019	0,013	0,017	0,016	0,017	0,015	0,018	0,018	0,018	0,017	0,017	0,019
<i>Erithacus rubecula</i>	0,150	0,188	0,165		0,019	0,019	0,017	0,017	0,016	0,015	0,016	0,018	0,019	0,016	0,018	0,017	0,017
<i>Fringilla coelebs</i>	0,192	0,165	0,166	0,180		0,019	0,018	0,017	0,017	0,017	0,017	0,019	0,020	0,017	0,018	0,018	0,020
<i>Garrulus glandarius</i>	0,182	0,193	0,184	0,186	0,189		0,018	0,019	0,018	0,021	0,018	0,022	0,021	0,017	0,018	0,018	0,020
<i>Parus major</i>	0,153	0,171	0,101	0,145	0,170	0,179		0,018	0,015	0,017	0,013	0,018	0,018	0,016	0,017	0,016	0,018
<i>Passer domesticus</i>	0,183	0,185	0,154	0,160	0,154	0,194	0,164		0,016	0,017	0,016	0,019	0,019	0,017	0,017	0,019	0,019
<i>Periparus ater</i>	0,152	0,165	0,133	0,152	0,164	0,176	0,116	0,144		0,015	0,014	0,020	0,017	0,016	0,016	0,016	0,018
<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	0,148	0,174	0,153	0,127	0,154	0,193	0,152	0,168	0,134		0,015	0,019	0,021	0,018	0,017	0,017	0,017
<i>Poecile lugubris</i>	0,151	0,155	0,112	0,134	0,162	0,172	0,096	0,150	0,109	0,129		0,019	0,018	0,016	0,018	0,017	0,016
<i>Regulus ignicapilla</i>	0,185	0,176	0,179	0,189	0,181	0,221	0,170	0,189	0,193	0,189	0,172		0,020	0,019	0,018	0,019	0,020
<i>Sitta krueperi</i>	0,178	0,181	0,163	0,188	0,193	0,200	0,167	0,181	0,153	0,201	0,170	0,191		0,019	0,020	0,019	0,019
<i>Sylvia atricapilla</i>	0,157	0,191	0,161	0,143	0,155	0,148	0,144	0,153	0,132	0,160	0,142	0,186	0,174		0,015	0,015	0,016
<i>Sylvia curruca</i>	0,180	0,175	0,156	0,169	0,166	0,176	0,147	0,162	0,142	0,167	0,168	0,175	0,188	0,117		0,017	0,019
<i>Turdus merula</i>	0,167	0,165	0,147	0,145	0,174	0,175	0,135	0,176	0,132	0,143	0,142	0,181	0,178	0,124	0,144		0,015
<i>Turdus philomelos</i>	0,171	0,188	0,176	0,144	0,196	0,188	0,161	0,179	0,160	0,154	0,144	0,199	0,179	0,142	0,184	0,124	

Çizelge 4.5. ND2 gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri ;sağ üst kısım S.E.)

ND2 Gen Bölgesi	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Sitta krueperi</i>	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Parus major</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Periparus ater</i>	<i>Erithacus rubecula</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Turdus philomelos</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Garrulus glandarius</i>
<i>Sylvia curruca</i>		0,018	0,021	0,021	0,019	0,018	0,019	0,018	0,019	0,018	0,020	0,022	0,021	0,020	0,022	0,020	0,020
<i>Poecile lugubris</i>	0,248		0,019	0,019	0,012	0,021	0,012	0,016	0,019	0,013	0,020	0,019	0,021	0,020	0,019	0,019	0,018
<i>Sitta krueperi</i>	0,298	0,267		0,019	0,019	0,021	0,019	0,020	0,020	0,019	0,021	0,021	0,021	0,021	0,021	0,021	0,019
<i>Certhia brachydactyla</i>	0,287	0,263	0,256		0,018	0,021	0,020	0,020	0,020	0,019	0,020	0,019	0,023	0,019	0,018	0,022	0,018
<i>Parus major</i>	0,246	0,134	0,271	0,248		0,020	0,013	0,017	0,019	0,013	0,019	0,019	0,020	0,019	0,019	0,019	0,016
<i>Sylvia atricapilla</i>	0,211	0,265	0,286	0,296	0,269		0,020	0,021	0,021	0,020	0,022	0,021	0,021	0,021	0,021	0,023	0,020
<i>Periparus ater</i>	0,246	0,113	0,276	0,260	0,134	0,265		0,017	0,020	0,015	0,020	0,020	0,020	0,020	0,019	0,019	0,018
<i>Erithacus rubecula</i>	0,255	0,238	0,278	0,269	0,241	0,284	0,254		0,016	0,018	0,020	0,020	0,020	0,021	0,019	0,018	0,018
<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	0,247	0,237	0,287	0,229	0,236	0,272	0,248	0,191		0,020	0,021	0,020	0,021	0,019	0,018	0,019	0,019
<i>Cyanistes caeruleus</i>	0,245	0,164	0,281	0,265	0,149	0,283	0,169	0,251	0,252		0,021	0,019	0,021	0,022	0,019	0,021	0,019
<i>Turdus philomelos</i>	0,297	0,255	0,308	0,270	0,256	0,290	0,262	0,262	0,254	0,283		0,022	0,021	0,021	0,020	0,016	0,021
<i>Passer domesticus</i>	0,281	0,259	0,304	0,262	0,260	0,273	0,267	0,267	0,267	0,270	0,297		0,021	0,022	0,020	0,022	0,020
<i>Regulus ignicapilla</i>	0,262	0,282	0,303	0,288	0,277	0,273	0,263	0,272	0,267	0,281	0,294	0,278		0,020	0,021	0,021	0,019
<i>Aegithalos caudatus</i>	0,246	0,254	0,318	0,257	0,252	0,237	0,254	0,304	0,245	0,296	0,278	0,278	0,276		0,020	0,021	0,021
<i>Fringilla coelebs</i>	0,272	0,245	0,275	0,255	0,254	0,261	0,255	0,238	0,222	0,265	0,286	0,244	0,276	0,259		0,023	0,020
<i>Turdus merula</i>	0,269	0,251	0,309	0,282	0,252	0,292	0,251	0,229	0,237	0,277	0,170	0,282	0,280	0,277	0,276		0,020
<i>Garrulus glandarius</i>	0,275	0,214	0,271	0,255	0,213	0,268	0,232	0,261	0,246	0,258	0,284	0,270	0,274	0,261	0,253	0,267	

Çizelge 4.6. COI-ND2 gen bölgesine dayalı çalışılan türlerin genetik uzaklığı (sol alt kısım d değeri; sağ üst kısım S.E.)

COI-ND2 Gen Bölgesi	<i>Sylvia curruca</i>	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Garrulus glandarius</i>	<i>Sitta krueperi</i>	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Parus major</i>	<i>Periparus ater</i>	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Sylvia atricapilla</i>	<i>Turdus merula</i>	<i>Erithacus rubecula</i>	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	<i>Cyanistes caeruleus</i>	<i>Turdus philomelos</i>	<i>Passer domesticus</i>	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Aegithalos caudatus</i>
<i>Sylvia curruca</i>		0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,011	0,012	0,012	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013
<i>Poecile lugubris</i>	0,215		0,011	0,012	0,013	0,009	0,008	0,011	0,012	0,012	0,012	0,011	0,009	0,012	0,012	0,014	0,013
<i>Garrulus glandarius</i>	0,234	0,197		0,013	0,013	0,013	0,012	0,012	0,012	0,013	0,013	0,013	0,013	0,012	0,012	0,013	0,013
<i>Sitta krueperi</i>	0,253	0,227	0,242		0,012	0,013	0,013	0,013	0,014	0,014	0,013	0,013	0,013	0,014	0,014	0,013	0,013
<i>Certhia brachydactyla</i>	0,241	0,218	0,23	0,225		0,013	0,013	0,012	0,014	0,013	0,013	0,011	0,013	0,013	0,012	0,013	0,013
<i>Parus major</i>	0,205	0,119	0,199	0,228	0,217		0,01	0,012	0,013	0,013	0,013	0,012	0,01	0,013	0,012	0,014	0,014
<i>Periparus ater</i>	0,203	0,111	0,209	0,225	0,221	0,127		0,012	0,013	0,013	0,013	0,011	0,01	0,013	0,011	0,013	0,013
<i>Fringilla coelebs</i>	0,228	0,211	0,227	0,241	0,218	0,22	0,218		0,013	0,013	0,013	0,011	0,012	0,014	0,011	0,013	0,013
<i>Sylvia atricapilla</i>	0,172	0,213	0,218	0,239	0,252	0,217	0,209	0,218		0,013	0,013	0,013	0,014	0,013	0,012	0,013	0,013
<i>Turdus merula</i>	0,217	0,206	0,229	0,254	0,233	0,204	0,202	0,234	0,22		0,011	0,013	0,013	0,01	0,013	0,013	0,014
<i>Erithacus rubecula</i>	0,22	0,195	0,23	0,241	0,236	0,202	0,212	0,215	0,224	0,195		0,012	0,013	0,013	0,013	0,013	0,014
<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	0,214	0,193	0,225	0,252	0,207	0,202	0,201	0,194	0,225	0,198	0,164		0,011	0,013	0,013	0,013	0,013
<i>Cyanistes caeruleus</i>	0,209	0,143	0,228	0,233	0,221	0,13	0,155	0,224	0,232	0,222	0,216	0,211		0,013	0,012	0,013	0,013
<i>Turdus philomelos</i>	0,25	0,209	0,245	0,254	0,236	0,217	0,22	0,249	0,227	0,151	0,213	0,212	0,239		0,013	0,015	0,013
<i>Passer domesticus</i>	0,231	0,214	0,239	0,253	0,231	0,221	0,216	0,207	0,223	0,237	0,222	0,226	0,222	0,247		0,014	0,013
<i>Regulus ignicapilla</i>	0,226	0,236	0,252	0,257	0,241	0,233	0,234	0,237	0,237	0,239	0,238	0,235	0,239	0,256	0,242		0,014
<i>Aegithalos caudatus</i>	0,219	0,212	0,229	0,259	0,228	0,212	0,212	0,231	0,204	0,231	0,238	0,205	0,24	0,234	0,238	0,239	

4.3. Tür Düzeyinde Değerlendirme

Beydağları bölgesinden yakalanan 17 tür ile yapılan çalışma neticesinde COI geni için 28 farklı haplotip (genetik çeşitlilik) ve ND2 geni için 35 farklı haplotip olmak üzere gen kaynakları belirlenmiştir. COI gen bölgesi için elde edilen bu haplotipler GenBank ve BOLD veri tabanlarındaki kayıtlar ile karşılaştırılmış ve tespit edilen 28 farklı haplotipin %32,1 (9 haplotip), ND2 gen bölgesi için tespit edilen 35 haplotipin %77,1'i (27 haplotip) bu çalışma ile ilk kez tespit edilerek Beydağları bölgesine özgü gen kaynağımız olduğu belirlenmiş ve kayıt altına alınmıştır (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. COI ve ND2 gen bölgeleri için tespit edilen toplam ve Beydağlarına özgü haplotip sayıları

Tür Adı	Toplam n	COI		ND2	
		Toplam	Beydağlarına özgü (%)	Toplam	Beydağlarına özgü (%)
		28	9 (32,1)	35	27 (77,1)
	n	28	9	35	27
<i>Aegithalos caudatus</i>	5	1	0	1	0
<i>Certhia brachydactyla</i>	3	1	1	1	1
<i>Cyanistes caeruleus</i>	4	1	0	4	3
<i>Erithacus rubecula</i>	5	1	0	2	1
<i>Fringilla coelebs</i>	5	3	0	5	4
<i>Garrulus glandarius</i>	3	1	0	1	1
<i>Parus major</i>	5	3	2	4	3
<i>Passer domesticus</i>	4	2	0	1	0
<i>Periparus ater</i>	5	1	0	5	5
<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	4	1	0	1	0
<i>Poecile lugubris</i>	5	2	2	2	2
<i>Regulus ignicapilla</i>	3	2	1	1	1
<i>Sitta krueperi</i>	3	2	1	3	3
<i>Sylvia atricapilla</i>	1	1	0	1	1
<i>Sylvia curruca</i>	2	1	0	1	1
<i>Turdus merula</i>	4	4	1	1	1
<i>Turdus philomelos</i>	5	1	1	1	0

4.3.1. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank ve BOLD veri tabanında karşılaştırıldığında %100 olarak eşleştiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.8, Çizelge 4.9). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen sekans dizileri Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.3/24.8, G/C oranı ise 34.5/16.4 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.8. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR1671	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAC4361
TMR 1674	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAC4361
TMR 1678	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAC4361
TMR 1680	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAC4361
TMR 1687	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAC4361

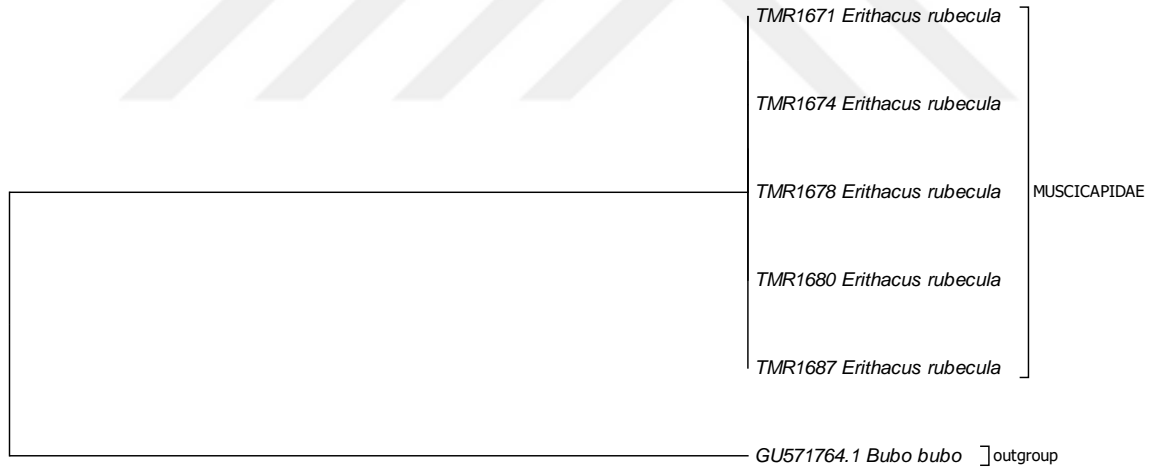
Çizelge 4.9. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GENBAK ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1671	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283120.1
TMR 1674	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283120.1
TMR 1678	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283120.1
TMR 1680	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283120.1
TMR 1687	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283120.1

Çizelge 4.10. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1671	<i>Erithacus rubecula</i>	24,3	34,5	24,8	16,4	605
TMR 1674	<i>Erithacus rubecula</i>	24,3	34,5	24,8	16,4	605
TMR 1678	<i>Erithacus rubecula</i>	24,3	34,5	24,8	16,4	605
TMR 1680	<i>Erithacus rubecula</i>	24,3	34,5	24,8	16,4	605
TMR 1687	<i>Erithacus rubecula</i>	24,3	34,5	24,8	16,4	605
Ortalama		24,3	34,5	24,8	16,4	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde ise tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.6). Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde *Erithacus rubecula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,127±0,015), *Poecile lugubris* (0,134±0,016) ve *Sylvia atricapilla* (0,143±0,016) olup, türün en uzak akrabaları sırası ile *Sitta krueperi* (0,188±0,019), *Certhia brachydactyla* (0,188±0,019) ve *Regulus ignicapilla* (0,189±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 3.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.6. Kızılgerdan, *Erithacus rubecula* türünün COI geni Neighbor-joining ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, bunlardan 1 haplotip Beydağları bölgesine özgü gen kaynaklarımızı oluşturmaktadır. Bu 2 haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında 1 haplotip % 99 eşleştiği tespit edilmiştir (Çizelge 4.11). Tür içi genetik çeşitlilik %0,04 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 22.5/30.7, G/C oranı ise 11.5/35.3 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.11. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GENBAK ile karşılaştırılması

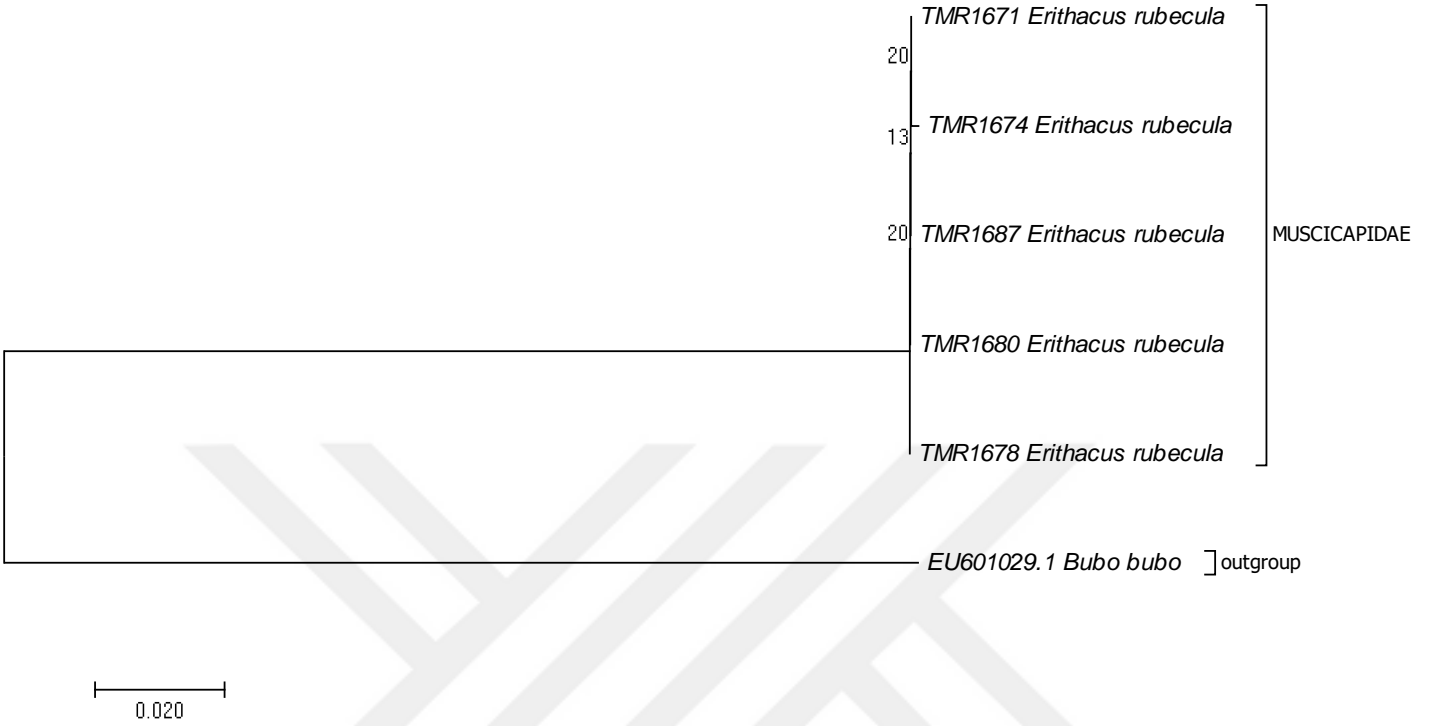
Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1671	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859233.1
TMR 1674	TMR_Er2	<i>Erithacus rubecula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859233.1
TMR 1678	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859233.1
TMR 1680	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859233.1
TMR 1687	TMR_Er1	<i>Erithacus rubecula</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859233.1

Çizelge 4.12. Kızıl gerdan, *Erithacus rubecula* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1687	<i>Erithacus rubecula</i>	22,5	35,3	30,8	11,5	933
TMR 1671	<i>Erithacus rubecula</i>	22,5	35,3	30,8	11,5	933
TMR 1680	<i>Erithacus rubecula</i>	22,5	35,3	30,8	11,5	933
TMR 1674	<i>Erithacus rubecula</i>	22,5	35,3	30,7	11,6	933
TMR 1678	<i>Erithacus rubecula</i>	22,5	35,3	30,8	11,5	933
Ortalama		22,5	35,3	30,7	11,5	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 3 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.7). Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde *Erithacus rubecula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,191±0,016), *Turdus merula* (0,229±0,019) ve *Fringilla coelebs* (0,238±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* (0,278±0,020), *Sylvia atricapilla* (0,284±0,022) ve *Aegithalos caudatus*

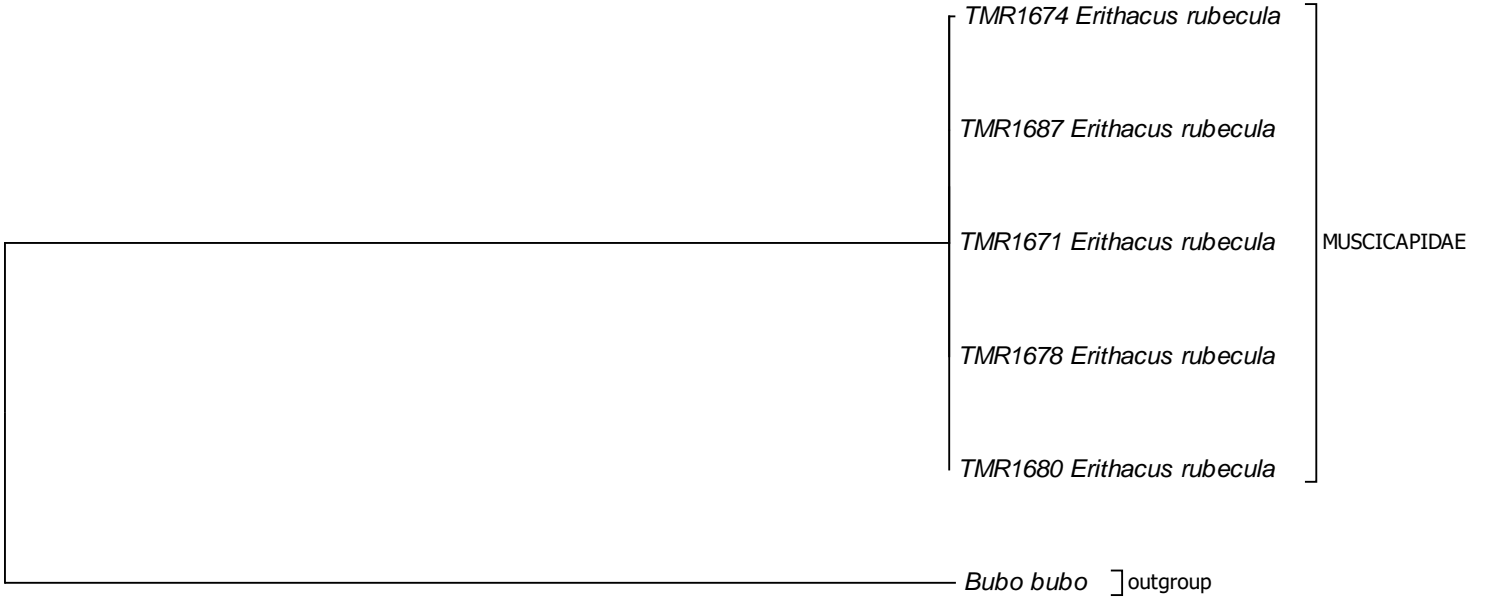
(0,304±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.7. Kızılgardan, *Erithacus rubecula* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Kızılgardan, *Erithacus rubecula* türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 4 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. 1 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda bulunmaktadır (Şekil 4.8). Tür içi genetik çeşitlilik %0,03 tespit edilmiştir. *Erithacus rubecula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,164±0,012), *Turdus merula* ile (0,195±0,012) ve *Poecile lugubris* (0,195±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Aegithalos caudatus* (0,238±0,014), *Regulus ignicapilla* (0,238±0,013) ve *Sitta krueperi* (0,241±0,012) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' de verilmiştir.



0.020

Şekil 4.8. Kızılgardan, *Erithacus rubecula* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.2. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünden 4 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.13, Çizelge 4.14). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 25.1/24.3, G/C oranı ise 33.7/16.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.13. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0223	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAB2604
TMR 0225	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAB2604
TMR 0476	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAB2604
TMR 0221	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	Muscicapidae	100	BOLD:AAB2604

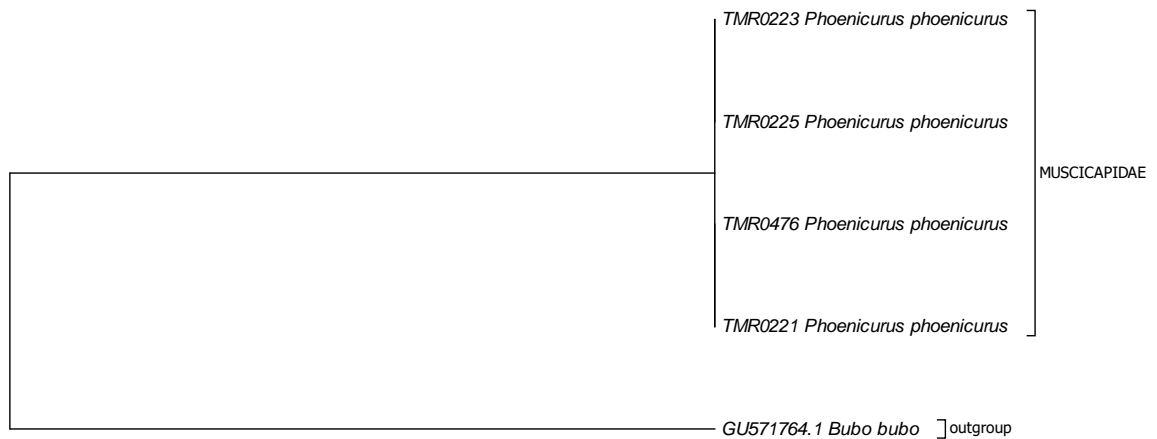
Çizelge 4.14. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp CO1 geni için GENBAK ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0223	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283143.1
TMR 0225	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283143.1
TMR 0476	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283143.1
TMR 0221	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283143.1

Çizelge 4.15. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp CO1 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0223	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	25,1	33,7	24,3	16,9	605
TMR 0225	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	25,1	33,7	24,3	16,9	605
TMR 0476	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	25,1	33,7	24,3	16,9	605
TMR 0221	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	25,1	33,7	24,3	16,9	605
Ortalama		25,1	33,7	24,3	16,9	

Elde edilen filogenetik ağac incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.9). *Phoenicurus phoenicurus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Erithacus rubecula* (0,127±0,015), *Poecile lugubris* (0,129±0,015), *Periparus ater* (0,134±0,016) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,189±0,020), *Garrulus glandarius* (0,193±0,020) ve *Sitta krueperi* (0,201±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.9. *Phoenicurus phoenicurus* türünün COI geni Neighbor-joining ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünden 4 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.16). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.2/30.3, G/C oranı ise 11.5/35.0 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.17).

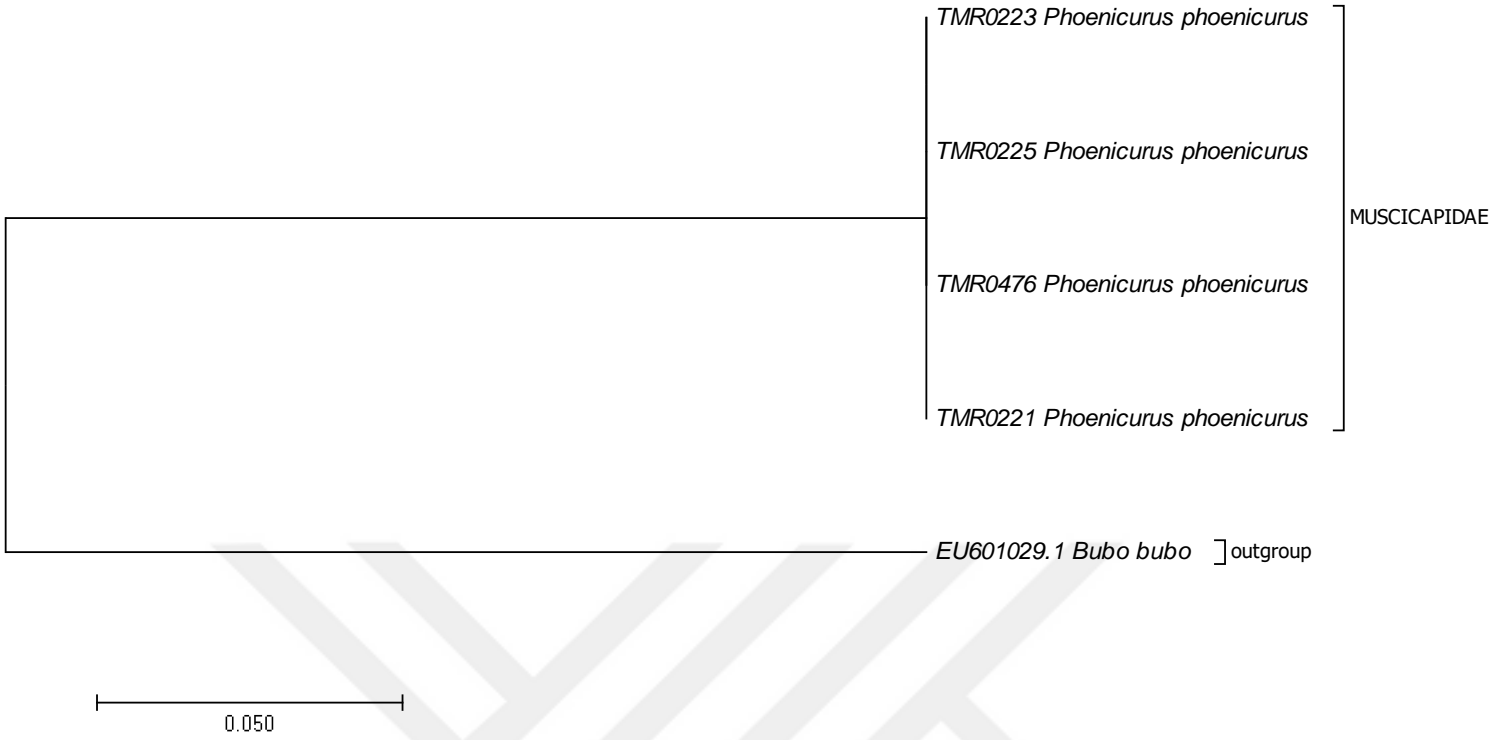
Çizelge 4.16. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0223	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KP173652.1
TMR 0225	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KP173652.1
TMR 0476	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KP173652.1
TMR 0221	TMR_Pp1	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KP173652.1

Çizelge 4.17. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0223	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	23,2	35,0	30,3	11,5	933
TMR 0225	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	23,2	35,0	30,3	11,5	933
TMR 0476	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	23,2	35,0	30,3	11,5	933
TMR 0221	<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	23,2	35,0	30,3	11,5	933
Ortalama		23,2	35,0	30,3	11,5	

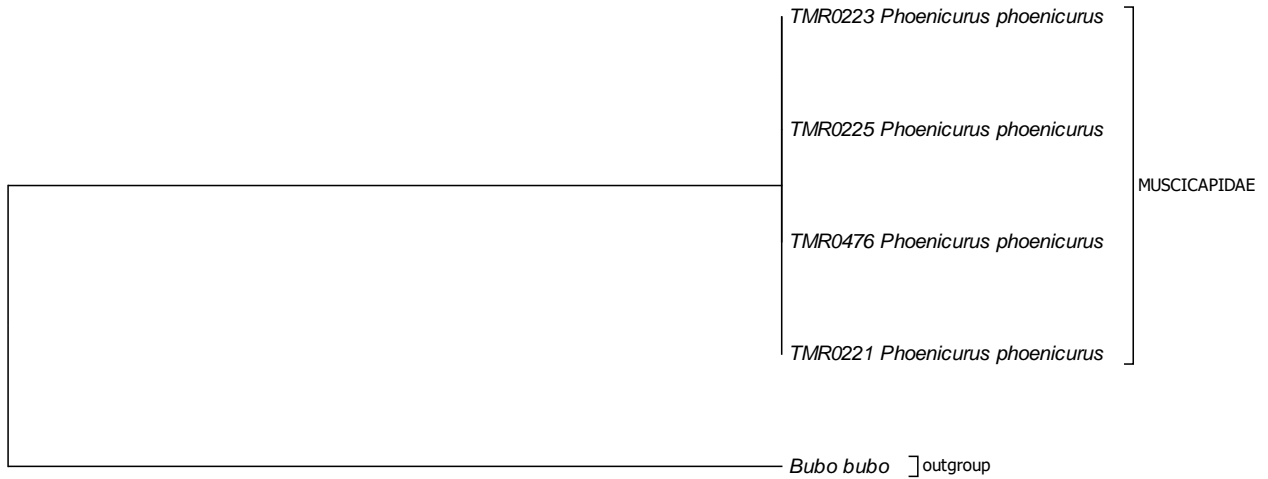
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.10). *Phoenicurus phoenicurus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Erithacus rubecula* (0,191±0,016), *Fringilla coelebs* (0,222±0,018) ve *Certhia brachydactyla* (0,229±0,020) olup, en uzak türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,267±0,021), *Sylvia atricapilla* (0,272±0,022) ve *Sitta krueperi* (0,287±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.10. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünden 4 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağacı incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.11). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. *Phoenicurus phoenicurus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Erithacus rubecula* (0,164±0,012), *Poecile lugubris* (0,193±0,011) ve *Fringilla coelebs* (0,194±0,011) olup, uzak akraba türler sırası ile *Passer domesticus* (0,226±0,013), *Regulus ignicapilla* (0,235±0,013) ve *Sitta krueperi* (0,252±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.11. Kızılkuyruk, *Phoenicurus phoenicurus* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.3. Karatavuk, *Turdus merula*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Karatavuk, *Turdus merula* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 4 farklı haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında % 99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile 1 haplotip ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.18, Çizelge 4.19). Tür içi genetik çeşitlilik %0,2 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.1/25.6, G/C oranı ise 33.9/16.4 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.19).

Çizelge 4.18. Karatavuk, *Turdus merula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD ile karşılaştırılması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1663	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	Turdidae	100	BOLD:AAB3922
TMR 1672	TMR_Tm2	<i>Turdus merula</i>	Turdidae	100	BOLD:AAB3922
TMR 1681	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	Turdidae	100	BOLD:AAB3922
TMR 1664	TMR_Tm3	<i>Turdus merula</i>	Turdidae	99.83	BOLD:AAB3922
TMR 1661	TMR_Tm4	<i>Turdus merula</i>	Turdidae	100	Private

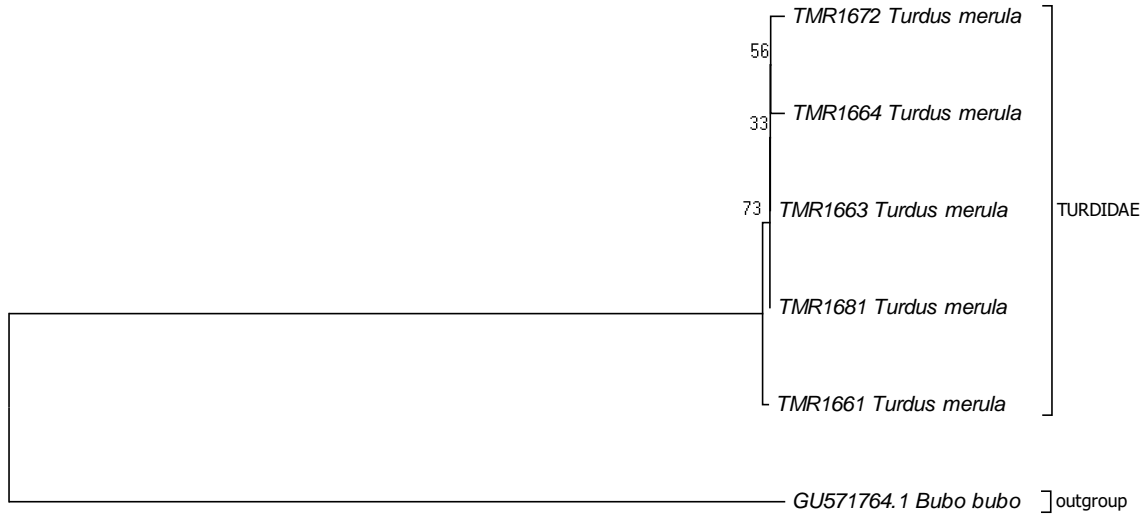
Çizelge 4.19. Karatavuk, *Turdus merula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1663	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482831.1
TMR 1672	TMR_Tm2	<i>Turdus merula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283167.1
TMR 1681	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482831.1
TMR 1664	TMR_Tm3	<i>Turdus merula</i>	1112	1112	100%	0.0	99%	GQ482831.1
TMR 1661	TMR_Tm4	<i>Turdus merula</i>	1112	1112	100%	0.0	99%	GQ482831.1

Çizelge 4.20. Karatavuk, *Turdus merula* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1663	<i>Turdus merula</i>	24,1	33,9	25,6	16,4	605
TMR 1672	<i>Turdus merula</i>	24,3	33,7	25,6	16,4	605
TMR 1681	<i>Turdus merula</i>	24,1	33,9	25,6	16,4	605
TMR 1664	<i>Turdus merula</i>	24,1	33,9	25,5	16,5	605
TMR 1661	<i>Turdus merula</i>	24,1	33,9	25,5	16,5	605
Ortalama		24,1	33,8	25,5	16,4	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 2 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.12). *Turdus merula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,124±0,016), *Sylvia atricapilla* (0,124±0,015) ve *Periparus ater* (0,132±0,016) olup, uzak akraba olan türler sırası ile *Passer domesticus* (0,176±0,018), *Sitta krueperi* (0,178±0,019) ve *Regulus ignicapilla* (0,181±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.12. Karatavuk, *Turdus merula* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Karatavuk, *Turdus merula* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanında %99 eşleşme ile Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.21). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.3/29.0, G/C oranı ise 12.6/35.0 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.22).

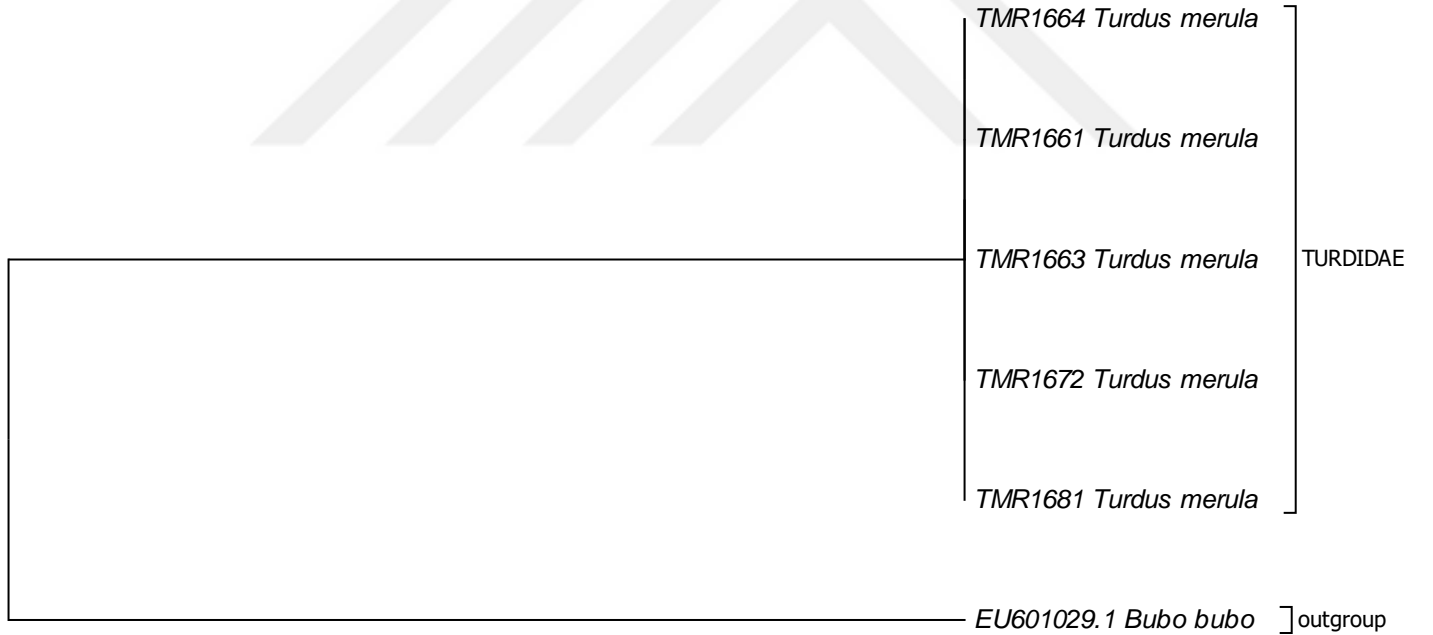
Çizelge 4.21. Karatavuk, *Turdus merula* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için *GenBank* ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1663	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859387.1
TMR 1672	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859387.1
TMR 1681	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859387.1
TMR 1664	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859387.1
TMR 1661	TMR_Tm1	<i>Turdus merula</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859387.1

Çizelge 4.22. Karatavuk, *Turdus merula* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1664	<i>Turdus merula</i>	23,3	35,0	29,0	12,6	933
TMR 1661	<i>Turdus merula</i>	23,3	35,0	29,0	12,6	933
TMR 1663	<i>Turdus merula</i>	23,3	35,0	29,0	12,6	933
TMR 1672	<i>Turdus merula</i>	23,3	35,0	29,0	12,6	933
TMR 1681	<i>Turdus merula</i>	23,3	35,0	29,0	12,6	933
Ortalama		23,3	35,0	29,0	12,6	

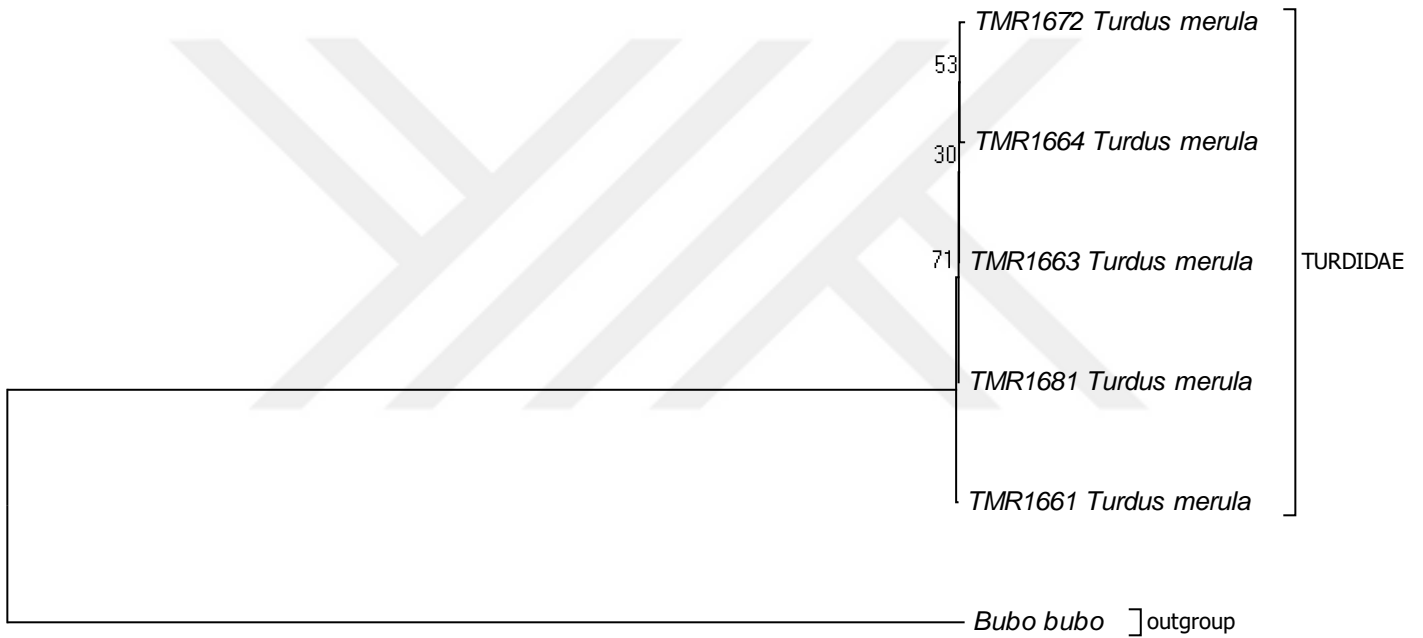
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.13). *Turdus merula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,170±0,016), *Erithacus rubecula* (0,229±0,019) ve *Phoenicurus phoenicurus* (0,237±0,020) olup, uzak akraba olan türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,282±0,022), *Sylvia atricapilla* (0,292±0,023) ve *Sitta krueperi* (0,309±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.13. Karatavuk, *Turdus merula* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Turdus merula türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağacı incelendiğinde tüm bireyler farklı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.14). Tür içi genetik çeşitlilik %0,08 olarak tespit edilmiştir. *Turdus merula* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* ($0,151\pm 0,010$), *Erithacus rubecula* ($0,195\pm 0,012$) ve *Phoenicurus phoenicurus* ($0,198\pm 0,013$) olup, uzak akraba olan türler sırası ile *Passer domesticus* ($0,237\pm 0,013$), *Regulus ignicapilla* ($0,239\pm 0,014$) ve *Sitta krueperi* ($0,254\pm 0,014$) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.14. Karatavuk, *Turdus merula* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.4. Öter ardıç, *Turdus philomelos*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %98,66, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile il kez tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. (Çizelge 4.23, Çizelge 4.24). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.8/25.6, G/C oranı ise 33.1/17.6 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.23. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için **BOLD** ile karşılaştırılması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1659	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	Turdidae	98.66	BOLD: AAC1081
TMR 1941	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	Turdidae	98.66	BOLD: AAC1081
TMR 1662	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	Turdidae	98.66	BOLD: AAC1081
TMR 1666	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	Turdidae	98.66	BOLD: AAC1081
TMR 1938	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	Turdidae	98.66	BOLD: AAC1081

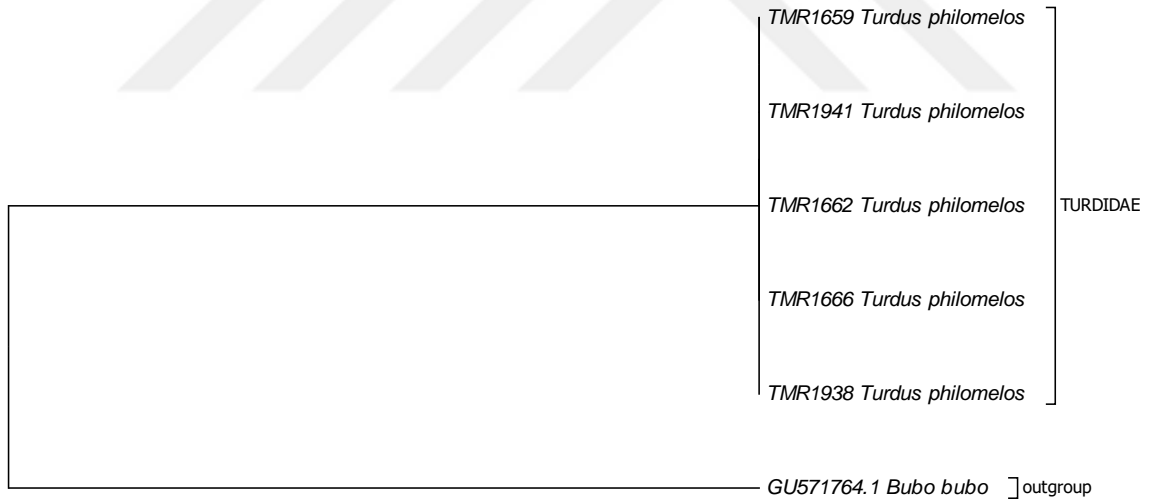
Çizelge 4.24. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için **GenBank** ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1659	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1074	1074	100%	0.0	99%	KC545406.1
TMR 1941	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1074	1074	100%	0.0	99%	KC545406.1
TMR 1662	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1074	1074	100%	0.0	99%	KC545406.1
TMR 1666	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1074	1074	100%	0.0	99%	KC545406.1
TMR 1938	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1074	1074	100%	0.0	99%	KC545406.1

Çizelge 4.25. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1659	<i>Turdus philomelos</i>	23,8	33,2	25,5	17,5	605
TMR 1941	<i>Turdus philomelos</i>	23,8	33,2	25,5	17,5	605
TMR 1662	<i>Turdus philomelos</i>	23,8	33,2	25,5	17,5	605
TMR 1666	<i>Turdus philomelos</i>	23,8	33,2	25,5	17,5	605
TMR 1938	<i>Turdus philomelos</i>	23,8	33,2	25,5	17,5	605
Ortalama		23,8	33,2	25,5	17,5	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.15). *Turdus philomelos* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus merula* (0,124±0,016), *Sylvia atricapilla* (0,142±0,016) ve *Poecile lugubris* (0,144±0,016) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Garrulus glandarius* (0,188±0,019), *Fringilla coelebs* (0,196±0,021) ve *Regulus ignicapilla* (0,199±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.15. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında % 100 eşleşme tespit edilmiştir (Çizelge 4.26). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.7/27.5, G/C oranı ise 13.1/34.7 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.27).

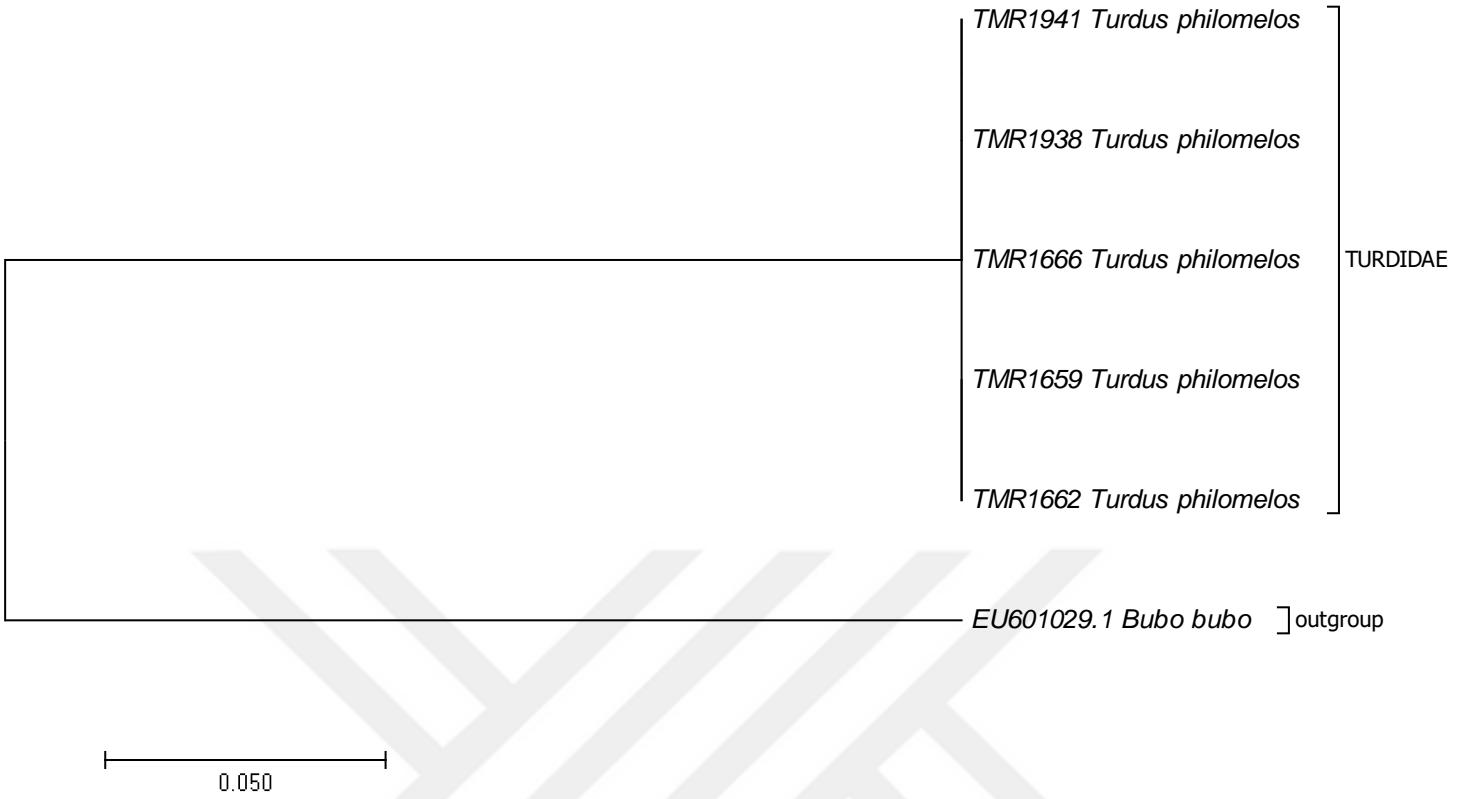
Çizelge 4.26. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank ile karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1659	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	DQ911102.1
TMR 1941	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	DQ911102.1
TMR 1662	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	DQ911102.1
TMR 1666	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	DQ911102.1
TMR 1938	TMR_Tp1	<i>Turdus philomelos</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	DQ911102.1

Çizelge 4.27. Öter ardıç, *Turdus philomelos* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1659	<i>Turdus philomelos</i>	24,7	34,7	27,5	13,1	933
TMR 1662	<i>Turdus philomelos</i>	24,7	34,7	27,5	13,1	933
TMR 1666	<i>Turdus philomelos</i>	24,7	34,7	27,5	13,1	933
TMR 1941	<i>Turdus philomelos</i>	24,7	34,7	27,5	13,1	933
TMR 1938	<i>Turdus philomelos</i>	24,7	34,7	27,5	13,1	933
Ortalama		24,7	34,7	27,5	13,1	

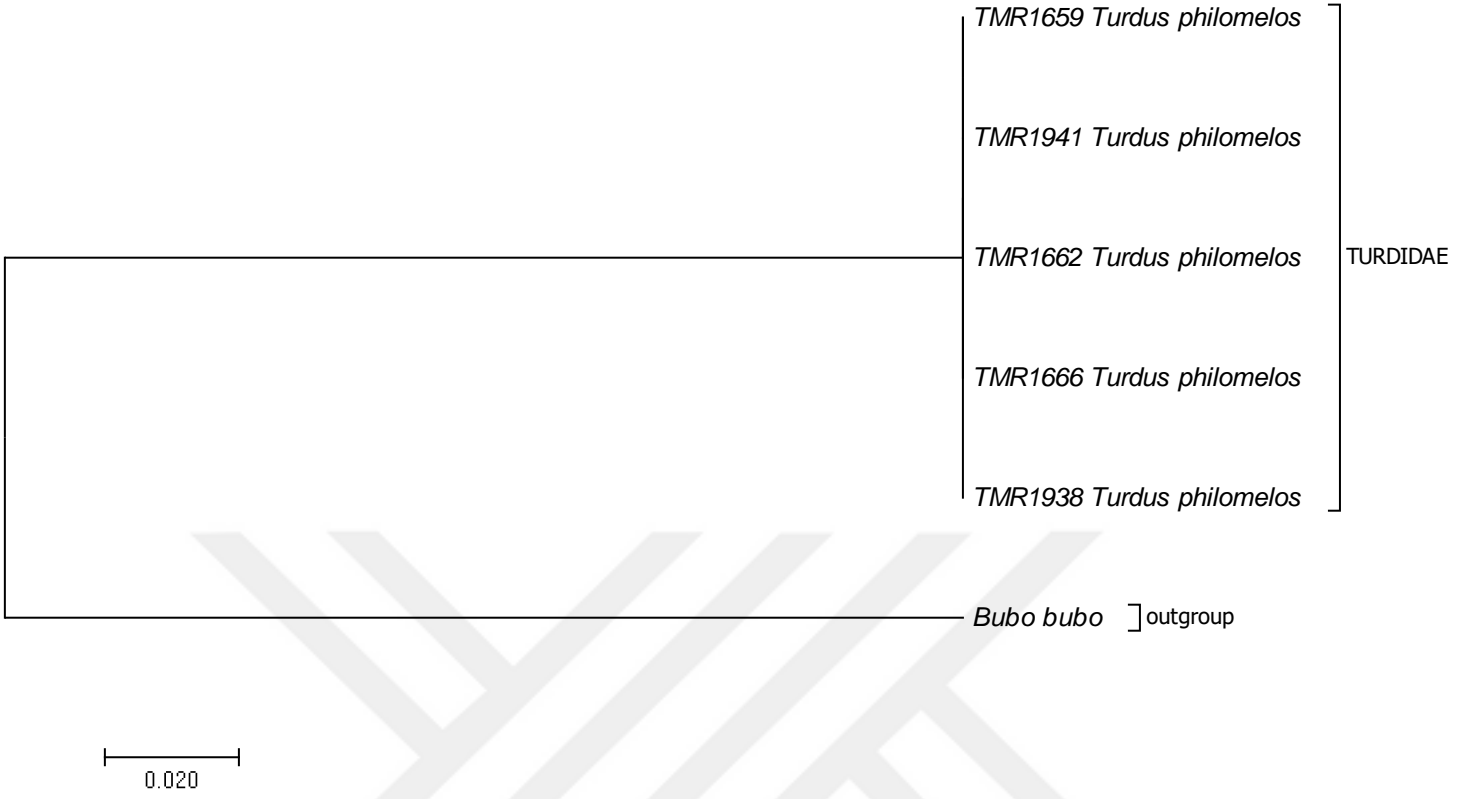
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.16). *Turdus philomelos* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus merula* (0,170±0,016), *Phoenicurus phoenicurus* (0,254±0,020) ve *Poecile lugubris* (0,255±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Passer domesticus* (0,297±0,022), *Sylvia curruca* (0,297±0,020) ve *Sitta krueperi* (0,308±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.16. Öter ardıç *Turdus philomelos* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Turdus philomelos türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.17). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. *Turdus philomelos* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Turdus merula* (0,151±0,010), *Poecile lugubris* (0,209±0,012) ve *Phoenicurus phoenicurus* (0,212±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,250±0,014), *Sitta krueperi* (0,254±0,014) ve *Regulus ignicapilla* (0,256±0,015) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.17. Öter ardıç *Turdus philomelos* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.5. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca*; Karabaşlı ötleğen *Sylvia atricapilla*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünden 2 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. (Çizelge 4.28, Çizelge 4.29). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.1/26.0, G/C oranı ise 32.7/17.2 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.30).

Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünden 1 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.28, Çizelge 4.29). Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör

programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.6/27.3, G/C oranı ise 32.2/15.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.29).

Çizelge 4.28. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünün 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırılması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0226	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	Sylviidae	100	Private
TMR 0848	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	Sylviidae	100	Private
TMR 1668	TMR_Sa1	<i>Sylvia atricapilla</i>	Sylviidae	100	BOLD:AAC1121

Çizelge 4.29. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünün 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0226	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283165.1
TMR 0848	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283165.1
TMR 1668	TMR_Sa1	<i>Sylvia atricapilla</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482701.1

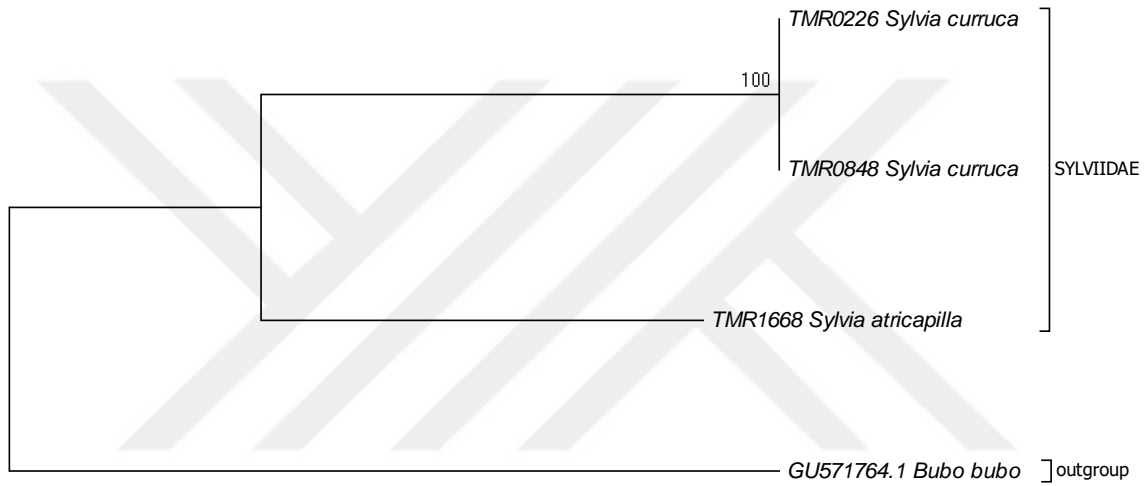
Çizelge 4.30. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünün 1 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni nükleotit kompozisyonları

Örnek No	Tür adı	T(U)	C	A	G	Total
TMR 0226	<i>Sylvia curruca</i>	24,1	32,7	26,0	17,2	605,0
TMR 0848	<i>Sylvia curruca</i>	24,1	32,7	26,0	17,2	605,0
Ortalama		24,1	32,7	26,0	17,2	
TMR 1668	<i>Sylvia atricapilla</i>	24,6	32,2	27,3	15,9	605,0

Sylvia curruca türünden 2 bireyin COI gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağacı incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.18). *Sylvia curruca* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,117±0,016), *Periparus ater* (0,142±0,016) ve *Turdus merula* (0,144±0,017) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Aegithalos caudatus* (0,180±0,019), *Turdus philomelos* (0,184±0,019) ve *Sitta*

krueperi (0,188±0,020) olduğu tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.

Elde edilen filogenetik ağacı incelendiğinde *Sylvia atricapilla* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,117±0,016), *Turdus merula* (0,124±0,015) ve *Periparus ater* (0,132±0,016) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* (0,174±0,019), *Regulus ignicapilla* (0,186±0,019) ve *Certhia brachydactyla* (0,191±0,020) olduğu tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.18. Küçük akgerdanlı ötleşen, *Sylvia curruca* ve Karabaşlı ötleşen, *Sylvia atricapilla* türlerinin COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Küçük akgerdanlı ötleşen, *Sylvia curruca* türünden 2 bireyin ND2 gen bölgesin çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile %99 eşleşme göstererek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. (Çizelge 4.31). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.4/30.7, G/C oranı ise 10.5/35.5 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.32).

Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünden 1 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile %99 eşleşme göstererek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.31). Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 25.5/32.0, G/C oranı ise 10.3/32.2 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.32).

Çizelge 4.31. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünün 1 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırılması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0226	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	1631	1631	95%	0.0	99%	JF502333.1
TMR 0848	TMR_Sc1	<i>Sylvia curruca</i>	1631	1631	95%	0.0	99%	JF502333.1
TMR 1668	TMR_Sa1	<i>Sylvia atricapilla</i>	1707	1707	100%	0.0	99%	KU859359.1

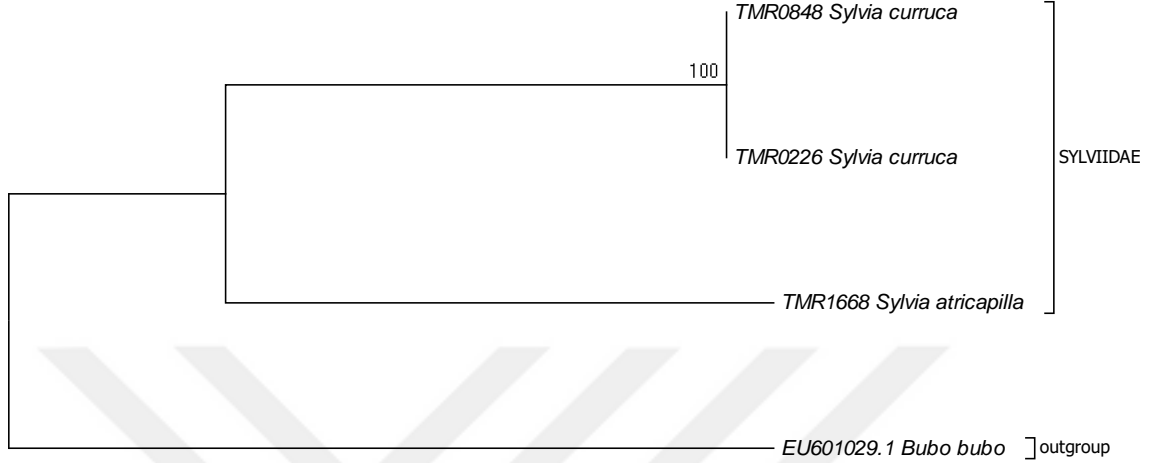
Çizelge 4.32. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* türünün 2 bireyinden ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türünün 1 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Total
TMR 0848	<i>Sylvia curruca</i>	23,4	35,5	30,7	10,5	933,0
TMR 0226	<i>Sylvia curruca</i>	23,4	35,5	30,7	10,5	933,0
Ortalama	23,4	35,5	30,7	10,5		
TMR 01668	<i>Sylvia atricapilla</i>	25,5	32,2	32,0	10,3	933,0

Sylvia curruca türünün ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır. (Şekil 4.19). *Sylvia curruca* türüne en yakın akrabalar türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,211±0,018), *Cyanistes caeruleus* (0,245±0,019) ve *Parus major* (0,246±0,018) olup, en uzak akrabalar türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,287±0,021), *Turdus philomelos* (0,297±0,020) ve *Sitta krueperi* (0,298±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.

Sylvia atricapilla türüne en yakın akrabalar türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,211±0,018), *Aegithalos caudatus* (0,237±0,021) ve *Fringilla coelebs* (0,261±0,021) olup, en uzak akrabalar türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,290±0,021), *Turdus merula*

(0,292±0,023) ve *Certhia brachydactyla* (0,296±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



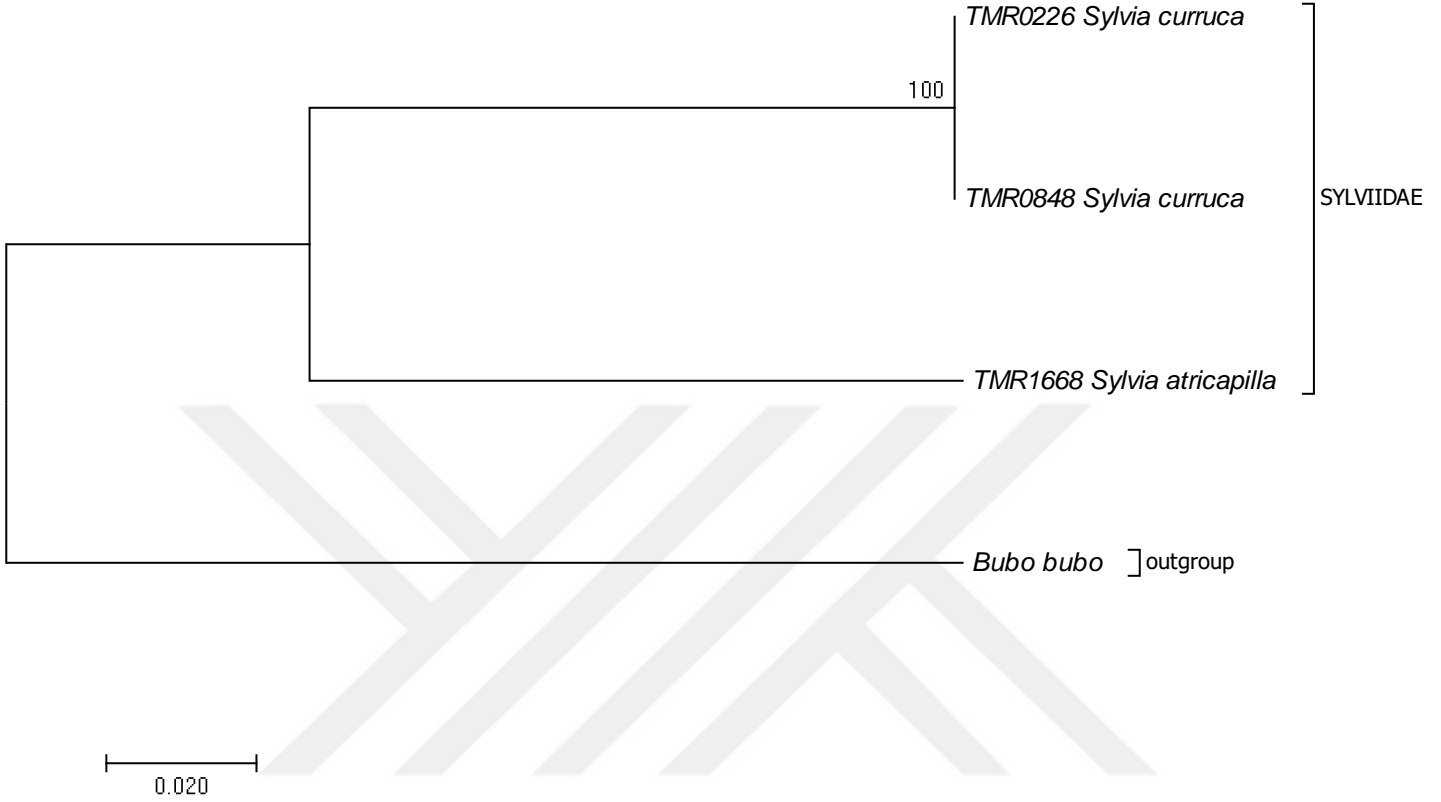
Şekil 4.19. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türlerinin ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Sylvia curruca türünden 2 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağacı incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.20). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. *Sylvia curruca* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,172±0,011), *Periparus ater* (0,203±0,012) ve *Parus major* (0,205±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,241±0,013), *Turdus philomelos* (0,250±0,014) ve *Sitta krueperi* (0,253±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6’ da verilmiştir.

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde *Sylvia atricapilla* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,172±0,011), *Aegithalos caudatus* (0,204±0,012) ve *Periparus ater* (0,209±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,237±0,014), *Sitta krueperi* (0,239±0,014) ve *Certhia brachydactyla* (0,252±0,014) olarak

tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6’ da verilmiştir.



Şekil 4.20. Küçük akgerdanlı ötleğen, *Sylvia curruca* ve Karabaşlı ötleğen, *Sylvia atricapilla* türlerinin COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.6. Sürmeli çalıkuşu, *Regulus ignicapilla*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Sürmeli çalıkuşu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, 1 haplotipin BOLD veri tabanı ile karşılaştırma yapıldığında %99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırma yapıldığında ise %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydağlarına özgü grn kaynağımız olduğu saptanmıştır. (Çizelge 4.33, Çizelge 4.34). Tür içi genetik çeşitlilik %0,11 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 27.4/27.1, G/C oranı ise 29.8/15.7 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.35).

Çizelge 4.33. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1685	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Regulidae</i>	100	BOLD:AAI0344
TMR 1955	TMR_Ri2	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Regulidae</i>	99.83	BOLD:AAI0344
TMR 1978	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	<i>Regulidae</i>	100	BOLD:AAI0344

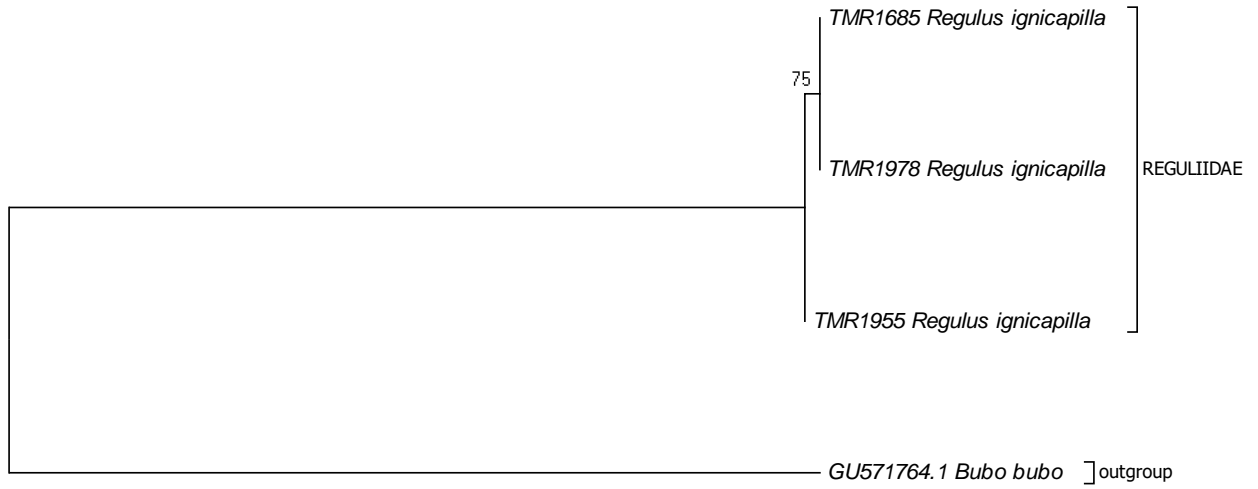
Çizelge 4.34. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1685	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	1109	1109	99%	0.0	100%	JQ176121.1
TMR 1955	TMR_Ri2	<i>Regulus ignicapilla</i>	1103	1103	99%	0.0	99%	JQ176121.1
TMR 1978	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	1109	1109	99%	0.0	100%	JQ176121.1

Çizelge 4.35. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1685	<i>Regulus ignicapilla</i>	27,4	29,8	27,1	15,7	605
TMR 1955	<i>Regulus ignicapilla</i>	27,6	29,6	27,1	15,7	605
TMR 1978	<i>Regulus ignicapilla</i>	27,4	29,8	27,1	15,7	605
Ortalama		27,4	29,7	27,1	15,7	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 1 birey ise ona yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.21). *Regulus ignicapilla* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Parus major* (0,170±0,018), *Poecile lugubris* (0,172±0,019) ve *Sylvia curruca* (0,175±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,193±0,019), *Turdus philomelos* (0,199±0,020) ve *Garrulus glandarius* (0,221±0,023) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.21. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Deęerlendirmesi

Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi çoęaltılmıřtır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiř olup, GenBank veri tabanında %86 eřleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydaęlarına özgü gen kaynaęımız olduęu saptanmıřtır (Çizelge 4.36). Tür içi genetik çeřitlilięe rastlanmamıřtır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiř ve A/T oranı 26.9/32.2, G/C oranı ise 10.2/30.8 řeklinde bulunmuřtur (Çizelge 4.37).

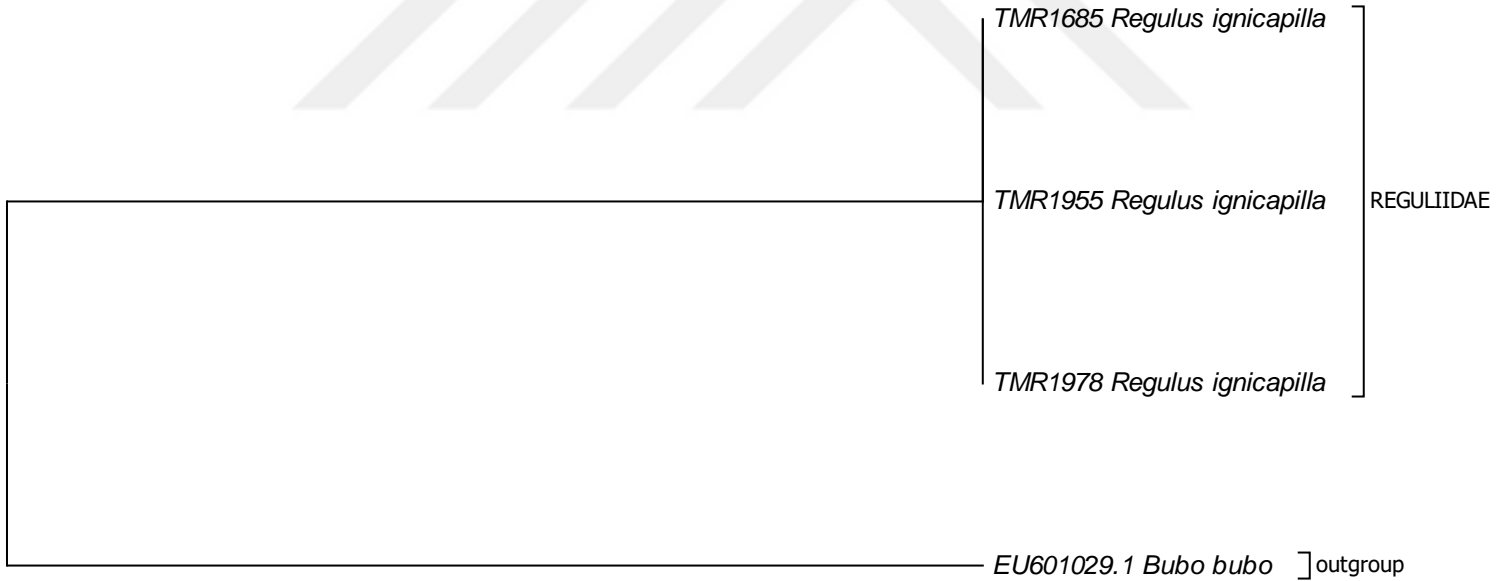
Çizelge 4.36. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılařtırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eřleşen dizi büyüklüęü	E deęeri	Benzerlik	Eriřim
TMR 1685	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	1014	1014	100%	0.0	86%	AY136591.1
TMR 1955	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	1014	1014	100%	0.0	86%	AY136591.1
TMR 1978	TMR_Ri1	<i>Regulus ignicapilla</i>	1014	1014	100%	0.0	86%	AY136591.1

Çizelge 4.37. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1685	<i>Regulus ignicapilla</i>	26,9	30,8	32,2	10,2	933
TMR 1955	<i>Regulus ignicapilla</i>	26,9	30,8	32,2	10,2	933
TMR 1978	<i>Regulus ignicapilla</i>	26,9	30,8	32,2	10,2	933
Ortalama		26,9	30,8	32,2	10,2	

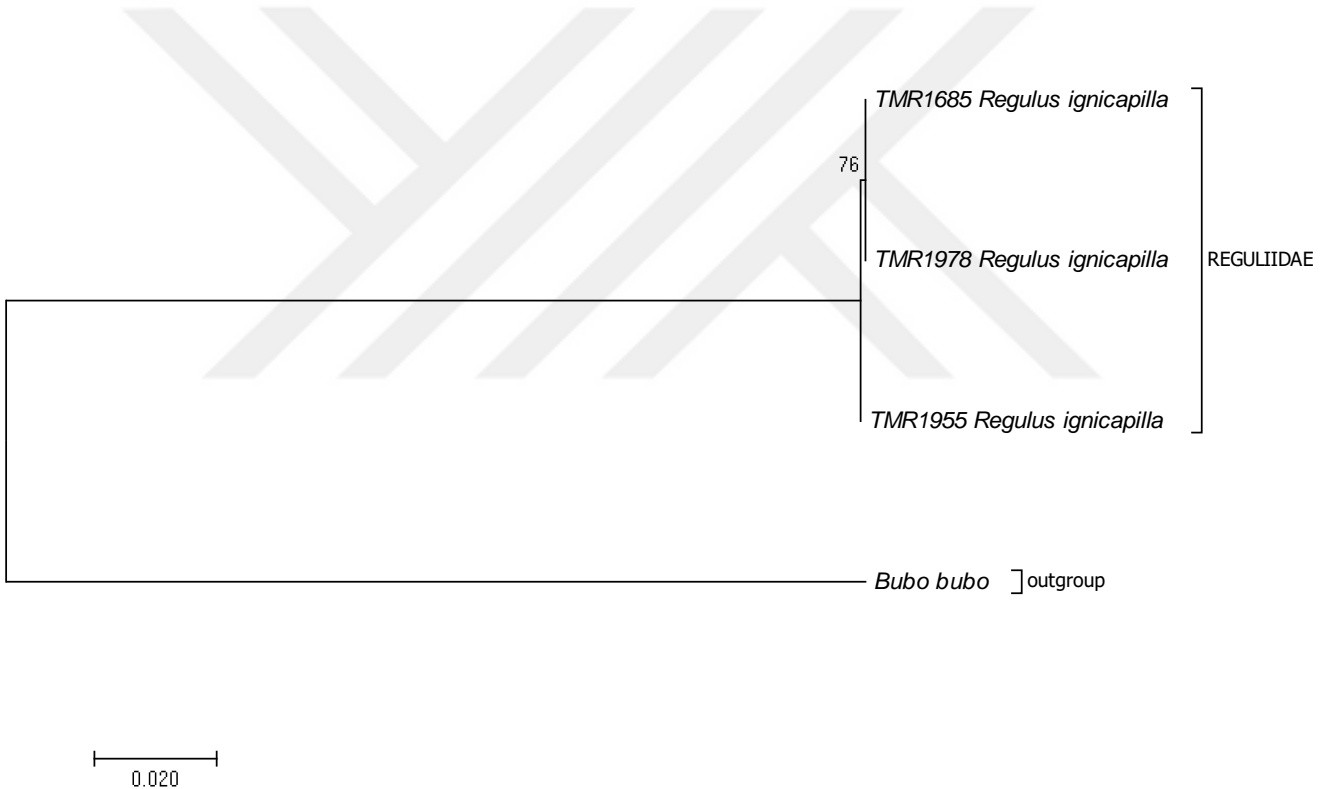
Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanama altında toplanmıştır (Şekil 4.22). *Regulus ignicapilla* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,262±0,021), *Periparus ater* (0,263±0,020), *Phoenicurus phoenicurus* (0,267±0,021) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,288±0,023), *Turdus philomelos* (0,294±0,021) ve *Sitta krueperi* (0,303±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.22. Sürmeli çalığışu, *Regulus ignicapilla* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Sürmeli çalığı, *Regulus ignicapilla* türünden 3 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 1 birey ise ona yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.23). Tür içi genetik çeşitlilik %0,04 olarak tespit edilmiştir. *Regulus ignicapilla* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,226±0,013), *Parus major* (0,233±0,013) ve *Periparus ater* (0,234±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Garrulus glandarius* (0,252±0,013), *Turdus philomelos* (0,256±0,015) ve *Sitta krueperi* (0,257±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.23. Sürmeli çalığı, *Regulus ignicapilla* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.7. Büyük baştankara, *Parus major*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Büyük baştankara, *Parus major* türünden 5 bireyin COI bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 3 farklı haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotiplerden 2 tanesi BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.38, Çizelge 4.39). Tür içi genetik çeşitlilik %0,13 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 22.1/26.3, G/C oranı ise 35.0/16.5 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.40).

Çizelge 4.38. Büyük baştankara, *Parus major* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1648	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	Paridae	100	BOLD:AAA6742
TMR 1650	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	Paridae	100	BOLD:AAA6742
TMR 1654	TMR_Pm2	<i>Parus major</i>	Paridae	99.83	BOLD:AAA6742
TMR 1656	TMR_Pm3	<i>Parus major</i>	Paridae	99.83	BOLD:AAA6742
TMR 1673	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	Paridae	100	BOLD:AAA6742

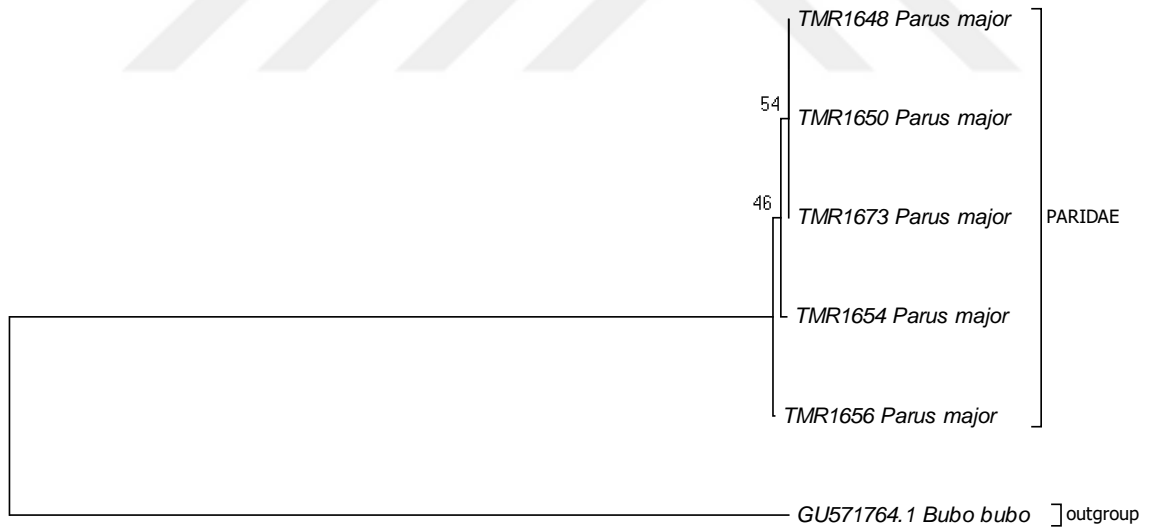
Çizelge 4.39. Büyük baştankara, *Parus major* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1648	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283134.1
TMR 1650	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283134.1
TMR 1654	TMR_Pm2	<i>Parus major</i>	1112	1112	100%	0.0	99%	KX283134.1
TMR 1656	TMR_Pm3	<i>Parus major</i>	1112	1112	100%	0.0	99%	KX283134.1
TMR 1673	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KX283134.1

Çizelge 4.40. Büyük baştankara, *Parus major* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1648	<i>Parus major</i>	22,1	35,0	26,3	16,5	605
TMR 1650	<i>Parus major</i>	22,1	35,0	26,3	16,5	605
TMR 1654	<i>Parus major</i>	22,0	35,2	26,3	16,5	605
TMR 1656	<i>Parus major</i>	22,0	35,2	26,3	16,5	605
TMR 1673	<i>Parus major</i>	22,1	35,0	26,3	16,5	605
Ortalama		22,0	35,0	26,3	16,5	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 3 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 2 birey ise ona yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt daldaki toplanmıştır (Şekil 4.24). *Parus major* türüne en yakın akaraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,096±0,013), *Cyanistes caeruleus* (0,101±0,013) ve *Periparus ater* (0,116±0,015) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,170±0,018), *Certhia brachydactyla* (0,171±0,019) ve *Garrulus glandarius* (0,179±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.24. Büyük baştankara, *Parus major* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Büyük baştankara, *Parus major* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 4 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında 3 farklı haplotip %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.41). Tür içi genetik çeşitlilik %0,21 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotid dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotid pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 20.4/30.2, G/C oranı ise 11.1/38.3 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.42).

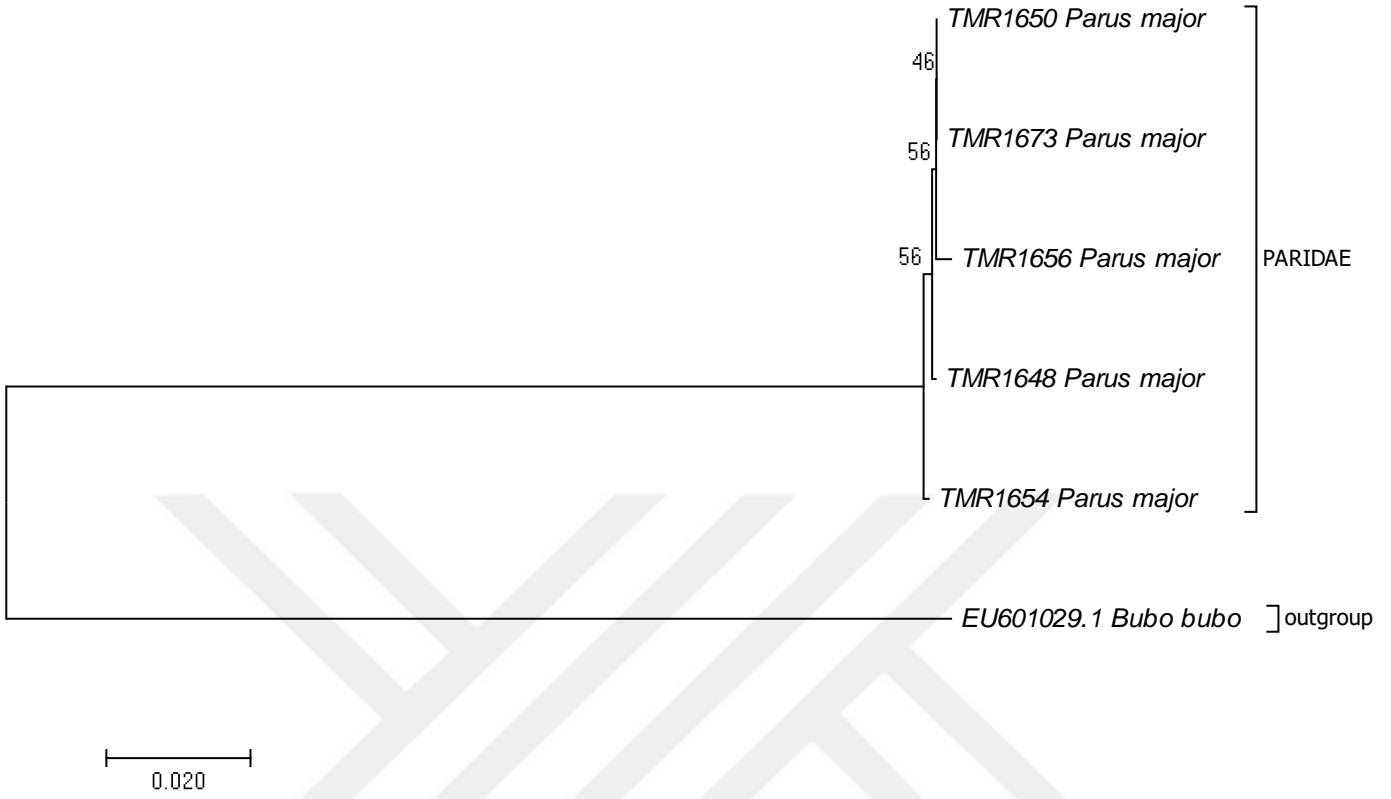
Çizelge 4.41. Büyük baştankara, *Parus major* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1648	TMR_Pm1	<i>Parus major</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859307.1
TMR 1650	TMR_Pm2	<i>Parus major</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859307.1
TMR 1654	TMR_Pm3	<i>Parus major</i>	1712	1712	100%	0.0	99%	KU859307.1
TMR 1656	TMR_Pm4	<i>Parus major</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	AY732616.1
TMR 1673	TMR_Pm2	<i>Parus major</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859307.1

Çizelge 4.42. Büyük baştankara, *Parus major* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotid kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1648	<i>Parus major</i>	20,4	38,3	30,2	11,1	933
TMR 1650	<i>Parus major</i>	20,4	38,3	30,3	11,0	933
TMR 1654	<i>Parus major</i>	20,4	38,3	30,5	10,8	933
TMR 1656	<i>Parus major</i>	20,5	38,2	30,2	11,1	933
TMR 1673	<i>Parus major</i>	20,4	38,3	30,3	11,0	933
	Ortalama	20,4	38,2	30,3	11,0	

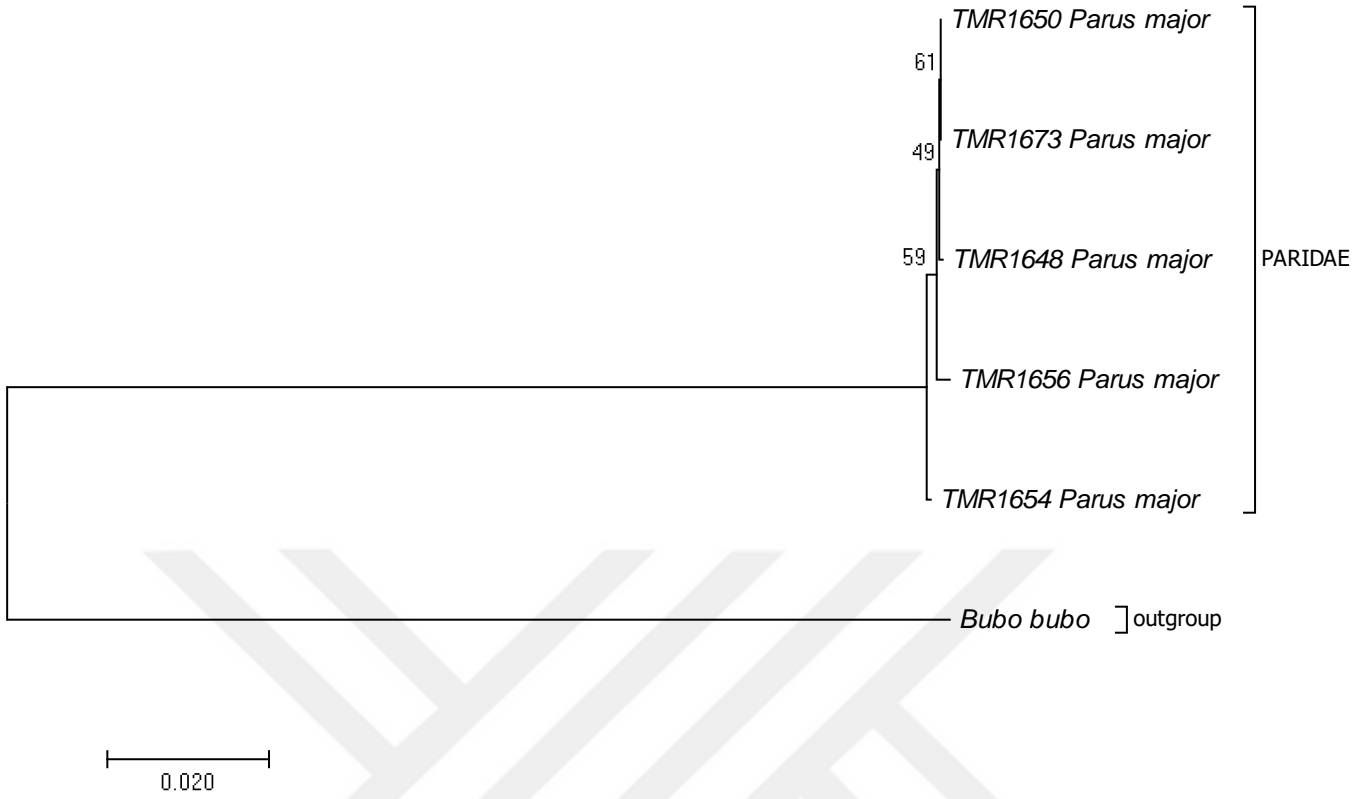
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 3 birey ise ona yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.25). *Parus major* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,134±0,013), *Poecile lugubris* (0,134±0,012) ve *Cyanistes caeruleus* (0,149±0,014) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,269±0,021), *Sitta krueperi* (0,271±0,019) ve *Regulus ignicapilla* (0,277±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.25. Büyük baştankara, *Parus major* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Büyük baştankara, *Parus major* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 3 birey ise ona yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.26). Tür içi genetik çeşitlilik %0,18 olarak tespit edilmiştir. *Parus major* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,119±0,009), *Periparus ater* (0,127±0,009) ve *Cyanistes caeruleus* (0,130±0,010) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Passer domesticus* (0,221±0,012), *Sitta krueperi* (0,228±0,013) ve *Regulus ignicapilla* (0,233±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.26. Büyük baştankara, *Parus major* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.8. Çam baştankarası, *Periparus ater*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Çam baştankarası, *Periparus ater* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve Genbank veri tabanında karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.43, Çizelge 4.44). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 22.5/24.8, G/C oranı ise 36.0/16.7 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.45).

Çizelge 4.43. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1679	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	Paridae	100	BOLD:AAB2837
TMR 1973	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	Paridae	100	BOLD:AAB2837
TMR 1655	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	Paridae	100	BOLD:AAB2837
TMR 1649	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	Paridae	100	BOLD:AAB2837
TMR 1683	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	Paridae	100	BOLD:AAB2837

Çizelge 4.44. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1679	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946787.1
TMR 1973	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946787.1
TMR 1655	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946787.1
TMR 1649	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946787.1
TMR 1683	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946787.1

Çizelge 4.45. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1679	<i>Periparus ater</i>	22,5	36,0	24,8	16,7	605
TMR 1973	<i>Periparus ater</i>	22,5	36,0	24,8	16,7	605
TMR 1655	<i>Periparus ater</i>	22,5	36,0	24,8	16,7	605
TMR 1649	<i>Periparus ater</i>	22,5	36,0	24,8	16,7	605
TMR 1683	<i>Periparus ater</i>	22,5	36,0	24,8	16,7	605
Ortalama		22,5	36,0	24,8	16,7	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanama altında toplanmıştır (Şekil 4.27). *Periparus ater* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,109±0,014), *Parus major* (0,116±0,015) ve *Sylvia atricapilla* (0,132±0,016) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,165±0,018), *Garrulus glandarius* (0,176±0,019) ve *Regulus ignicapilla* (0,193±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.27. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 5 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanında 5 haplotip de %95-%96 eşleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. (Çizelge 4.46). Tür içi genetik çeşitlilik %0,17 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 20.8/29.6, G/C oranı ise 11.0/38.6 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.47).

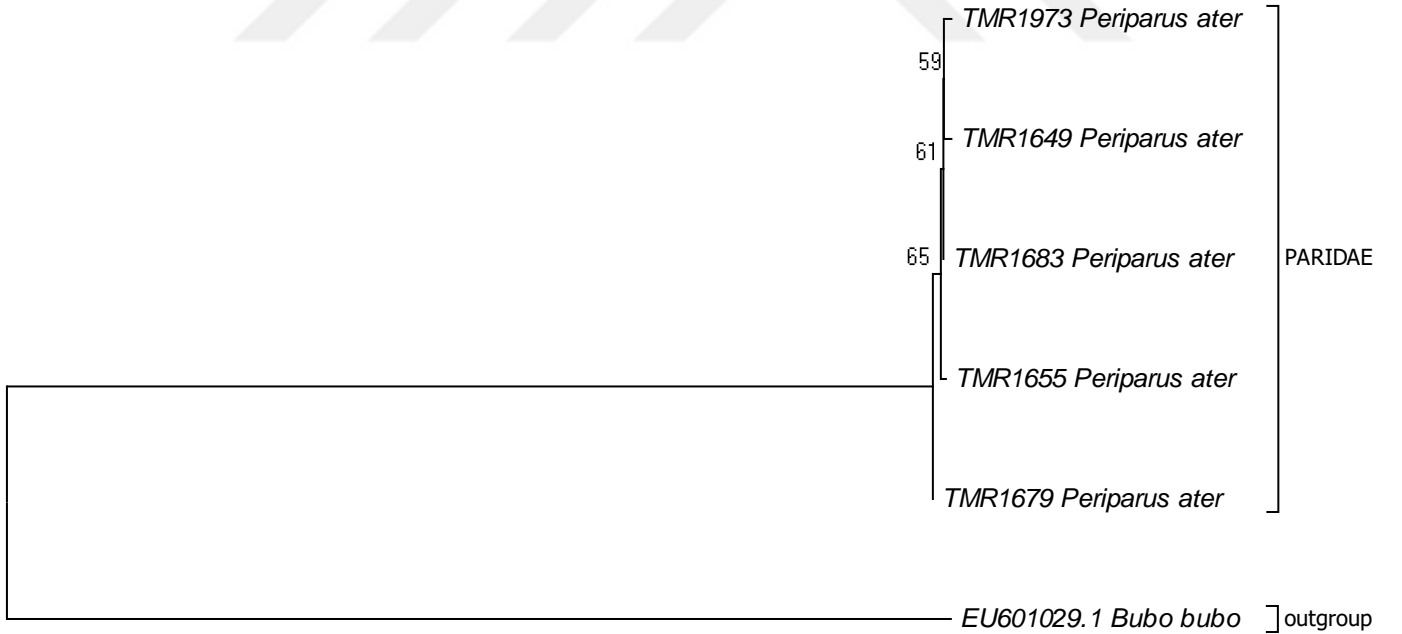
Çizelge 4.46. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1679	TMR_Pa4	<i>Periparus ater</i>	1485	1485	100%	0.0	95%	KF183875.1
TMR 1973	TMR_Pa1	<i>Periparus ater</i>	1652	1652	100%	0.0	96%	KF183875.1
TMR 1655	TMR_Pa3	<i>Periparus ater</i>	1474	1474	100%	0.0	95%	KF183875.1
TMR 1649	TMR_Pa2	<i>Periparus ater</i>	1652	1652	100%	0.0	96%	KF183875.1
TMR 1683	TMR_Pa5	<i>Periparus ater</i>	1480	1480	100%	0.0	95%	KF183875.1

Çizelge 4.47. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1973	<i>Periparus ater</i>	20,8	38,6	29,8	10,8	933
TMR 1649	<i>Periparus ater</i>	20,7	38,7	29,7	10,9	933
TMR 1655	<i>Periparus ater</i>	20,8	38,6	29,6	11,0	933
TMR 1679	<i>Periparus ater</i>	20,8	38,6	29,8	10,8	933
TMR 1683	<i>Periparus ater</i>	20,8	38,6	29,7	10,9	933
Ortalama		20,7	38,6	29,7	10,8	

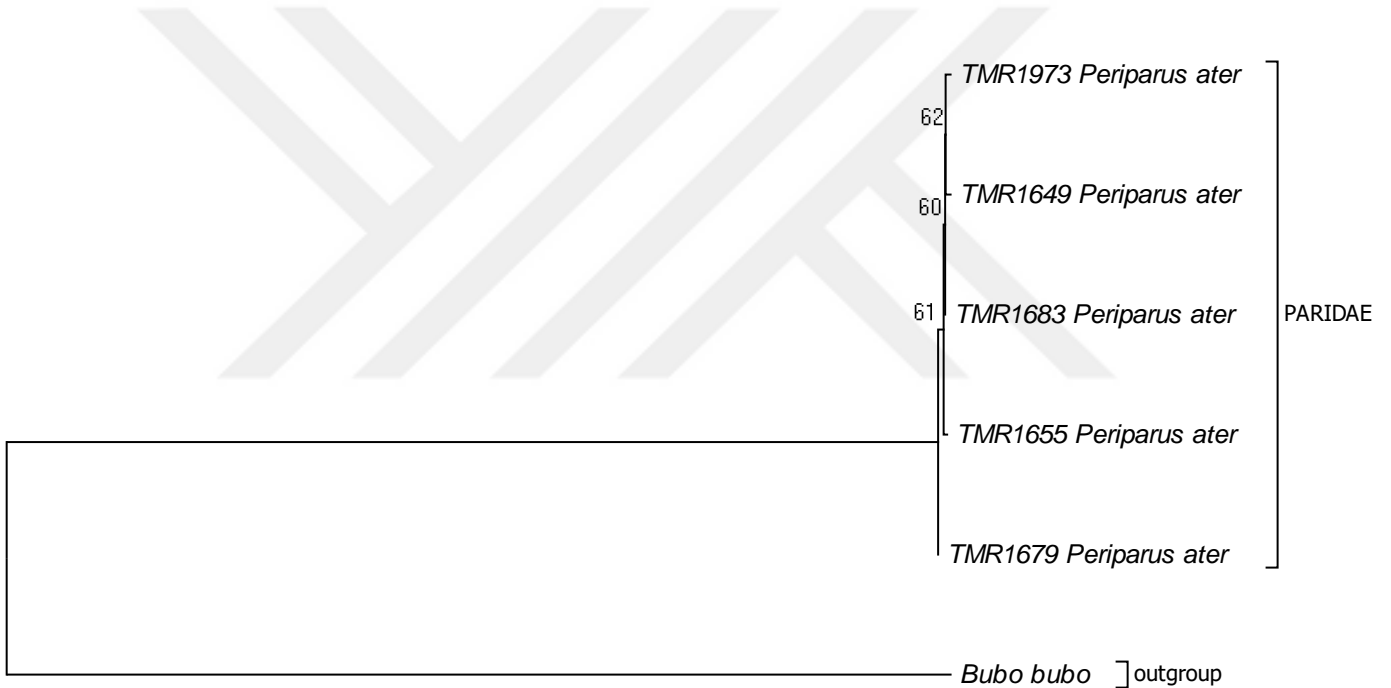
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 3 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.28). *Periparus ater* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,113±0,012), *Parus major* (0,134±0,013), *Cyanistes caeruleus* (0,169±0,015) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,265±0,020), *Passer domesticus* (0,267±0,020) ve *Sitta krueperi* (0,276±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.28. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Çam baştankarası, *Periparus ater* türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 3 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.29). Tür içi genetik çeşitlilik %0,10 olarak tespit edilmiştir. *Periparus ater* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,111±0,008), *Parus major* (0,127±0,009), *Cyanistes caeruleus* (0,155±0,010) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,221±0,013), *Sitta krueperi* (0,225±0,013) ve *Regulus ignicapilla* (0,234±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.29. Çam baştankarası, *Periparus ater* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.9. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünden 4 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.48, Çizelge 4.49). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.0/24.6, G/C oranı ise 34.5/16.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.50).

Çizelge 4.48. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0799	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	Paridae	100	BOLD:AAB5834
TMR 0800	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	Paridae	100	BOLD:AAB5834
TMR 0843	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	Paridae	100	BOLD:AAB5834
TMR 1181	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	Paridae	100	BOLD:AAB5834

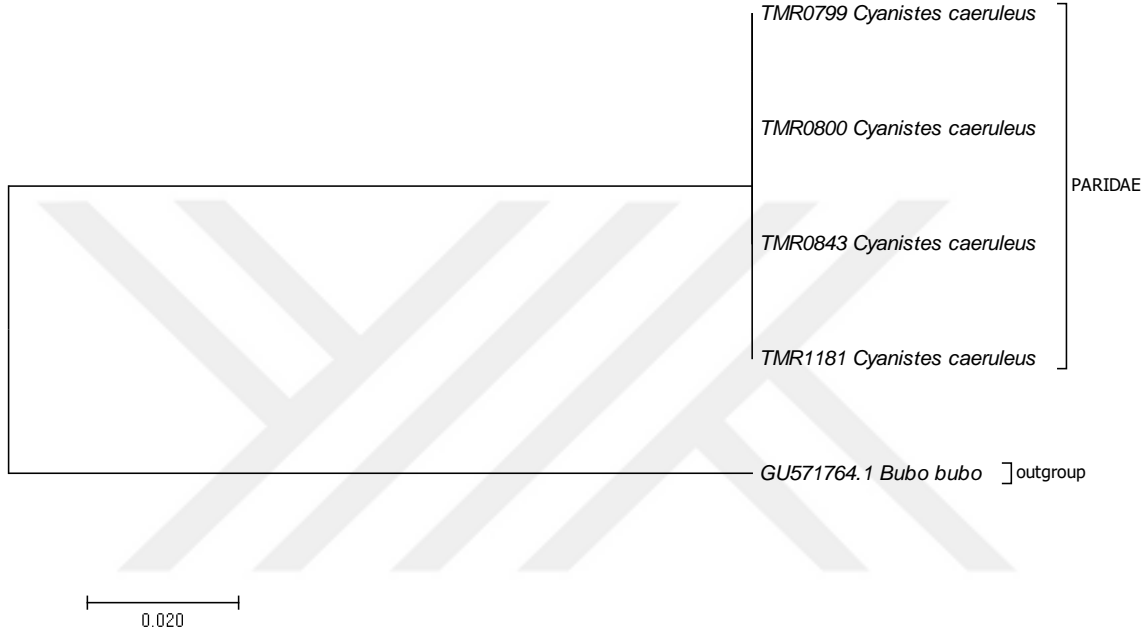
Çizelge 4.49. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0799	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571359.1
TMR 0800	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571359.1
TMR 0843	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571359.1
TMR 1181	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571359.1

Çizelge 4.50. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0799	<i>Cyanistes caeruleus</i>	24,0	34,5	24,6	16,9	605
TMR 0800	<i>Cyanistes caeruleus</i>	24,0	34,5	24,6	16,9	605
TMR 0843	<i>Cyanistes caeruleus</i>	24,0	34,5	24,6	16,9	605
TMR 1181	<i>Cyanistes caeruleus</i>	24,0	34,5	24,6	16,9	605
Ortalama		24,0	34,5	24,6	16,9	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanama altında toplanmıştır (Şekil 4.30). *Cyanistes caeruleus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* (0,101±0,013), *Poecile lugubris* (0,112±0,014) ve *Periparus ater* (0,133±0,016) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,176±0,019), *Regulus ignicapilla* (0,179±0,018) ve *Garrulus glandarius* (0,184±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.30. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünden 4 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 geni için 4 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırma yapıldığında 3 haplotipin %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.51). Tür içi genetik çeşitlilik %0,29 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 22.6/29.8, G/C oranı ise 11.4/36.2 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.52)

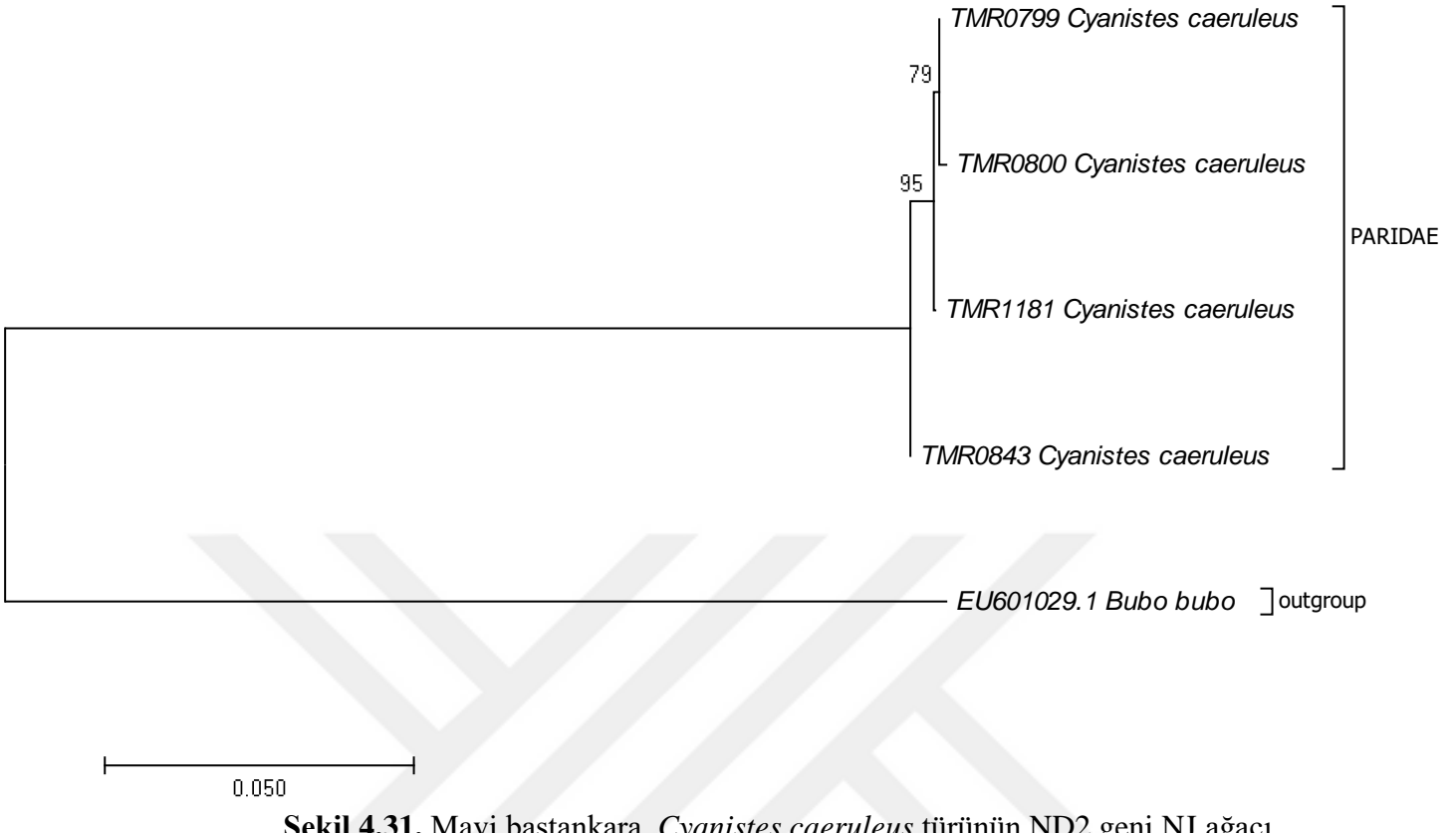
Çizelge 4.51. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0799	TMR_Cc1	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KU859300.1
TMR 0800	TMR_Cc2	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1696	1696	100%	0.0	99%	KU859300.1
TMR 0843	TMR_Cc3	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859300.1
TMR 01181	TMR_Cc4	<i>Cyanistes caeruleus</i>	1707	1707	100%	0.0	99%	KU859300.1

Çizelge 4.52. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0799	<i>Cyanistes caeruleus</i>	22,6	36,2	29,8	11,4	933
TMR 0800	<i>Cyanistes caeruleus</i>	22,6	36,3	29,7	11,4	933
TMR 01181	<i>Cyanistes caeruleus</i>	22,7	36,1	29,8	11,4	933
TMR 0843	<i>Cyanistes caeruleus</i>	22,8	36,1	29,7	11,4	933
Ortalama		22,6	36,1	29,7	11,4	

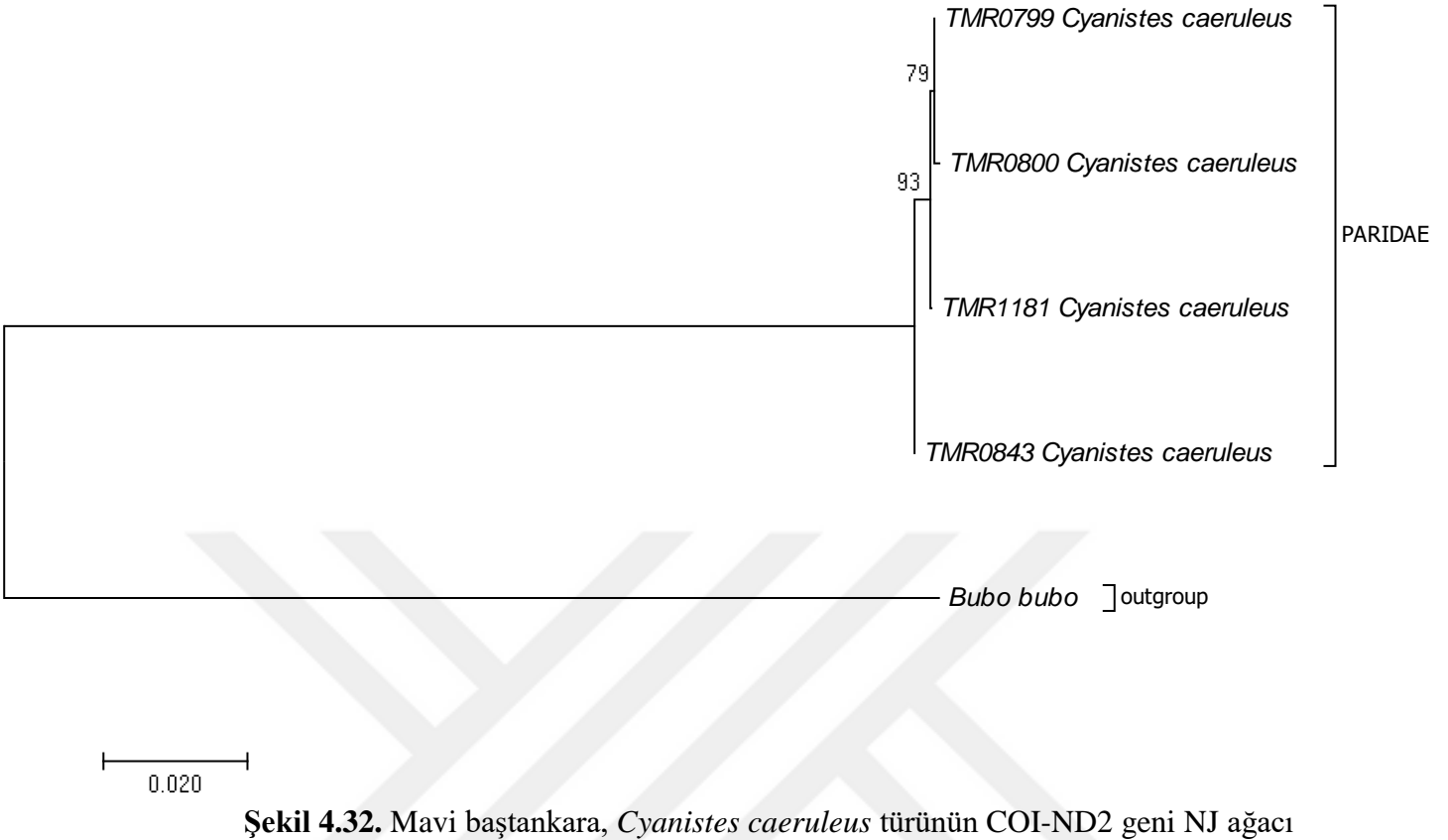
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 2 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.31). *Cyanistes caeruleus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* (0,149±0,014), *Poecile lugubris* (0,164±0,014) ve *Periparus ater* (0,169±0,015) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,283±0,021), *Turdus philomelos* (0,283±0,021) ve *Aegithalos caudatus* (0,296±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.31. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünden 4 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 2 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde alt dallarda toplanmıştır (Şekil 4.32). Tür içi genetik çeşitlilik %0,17 olarak tespit edilmiştir. *Cyanistes caeruleus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* (0,240±0,013), *Poecile lugubris* (0,221±0,013) ve *Periparus ater* (0,216±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,222±0,012), *Regulus ignicapilla* (0,239±0,014) ve *Aegithalos caudatus* (0,239±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.32. Mavi baştankara, *Cyanistes caeruleus* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.10. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiştir. BOLD veri tabanında karşılaştırma yapıldığında %99,33-%99,83 eşleşme, GenBank veri tabanında %99 eşleşme ile 2 haplotipin ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.53, Çizelge 4.54). Tür içi genetik çeşitlilik %0,20 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.3/24.8, G/C oranı ise 35.9/16.0 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.55).

Çizelge 4.53. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0146	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Paridae</i>	99.33	Private
TMR 0147	TMR_P12	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Paridae</i>	99.83	Private
TMR 0786	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Paridae</i>	99.33	Private
TMR 0787	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Paridae</i>	99.33	Private
TMR 0788	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	<i>Paridae</i>	99.34	Private

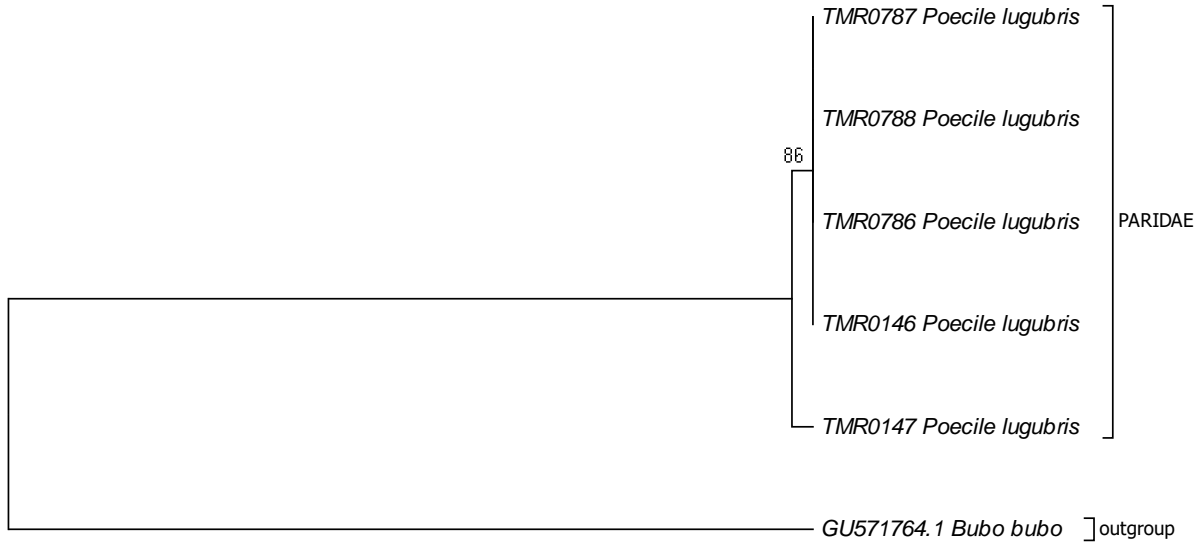
Çizelge 4.54. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0146	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	1081	1081	99%	0.0	99%	JQ175924.1
TMR 0147	TMR_P12	<i>Poecile lugubris</i>	1098	1098	99%	0.0	99%	JQ175924.1
TMR 0786	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	1081	1081	99%	0.0	99%	JQ175924.1
TMR 0787	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	1081	1081	99%	0.0	99%	JQ175924.1
TMR 0788	TMR_P11	<i>Poecile lugubris</i>	1081	1081	99%	0.0	99%	JQ175924.1

Çizelge 4.55. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0146	<i>Poecile lugubris</i>	23,3	35,9	24,8	16,0	605
TMR 0147	<i>Poecile lugubris</i>	23,1	36,0	24,8	16,0	605
TMR 0786	<i>Poecile lugubris</i>	23,3	35,9	24,8	16,0	605
TMR 0787	<i>Poecile lugubris</i>	23,3	35,9	24,8	16,0	605
TMR 0788	<i>Poecile lugubris</i>	23,3	35,9	24,8	16,0	605
Ortalama		23,2	35,9	24,8	16,0	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 4 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 1 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dallanma altındadır (Şekil 4.33). *Poecile lugubris* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* (0,096±0,013), *Periparus ater* (0,109±0,014) ve *Cyanistes caeruleus* (0,112±0,014) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* (0,170±0,019), *Regulus ignicapilla* (0,172±0,019) ve *Garrulus glandarius* (0,172±0,018) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



0.020

Şekil 4.33. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.56). Tür içi genetik çeşitlilik %0,04 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 20.3/29.8, G/C oranı ise 10.7/39.2 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.57).

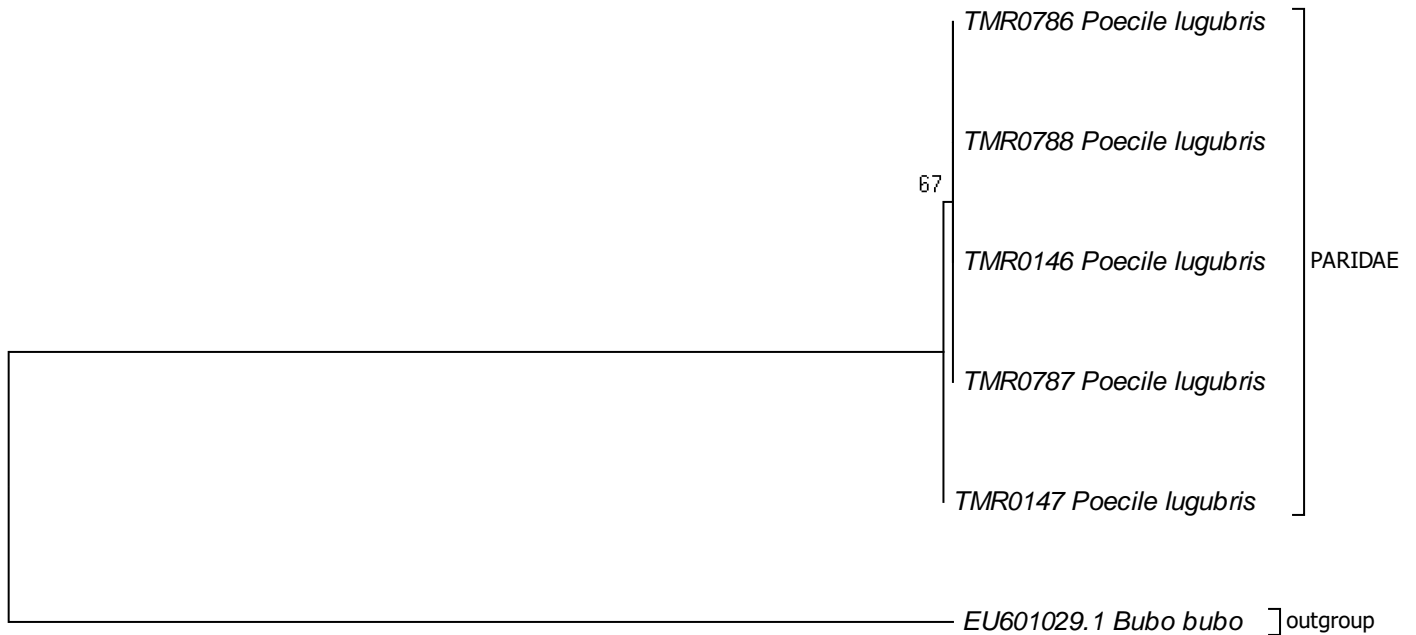
Çizelge 4.56. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0146	TMR_PI2	<i>Poecile lugubris</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KX998639.1
TMR 0147	TMR_PI1	<i>Poecile lugubris</i>	1707	1707	100%	0.0	99%	KX998639.1
TMR 0786	TMR_PI2	<i>Poecile lugubris</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KX998639.1
TMR 0787	TMR_PI2	<i>Poecile lugubris</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KX998639.1
TMR 0788	TMR_PI2	<i>Poecile lugubris</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KX998639.1

Çizelge 4.57. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0147	<i>Poecile lugubris</i>	20,3	39,2	29,8	10,7	933
TMR 0787	<i>Poecile lugubris</i>	20,3	39,2	29,7	10,8	933
TMR 0146	<i>Poecile lugubris</i>	20,3	39,2	29,7	10,8	933
TMR 0786	<i>Poecile lugubris</i>	20,3	39,2	29,7	10,8	933
TMR 0788	<i>Poecile lugubris</i>	20,3	39,2	29,7	10,8	933
Ortalama		20,3	39,2	29,7	10,7	

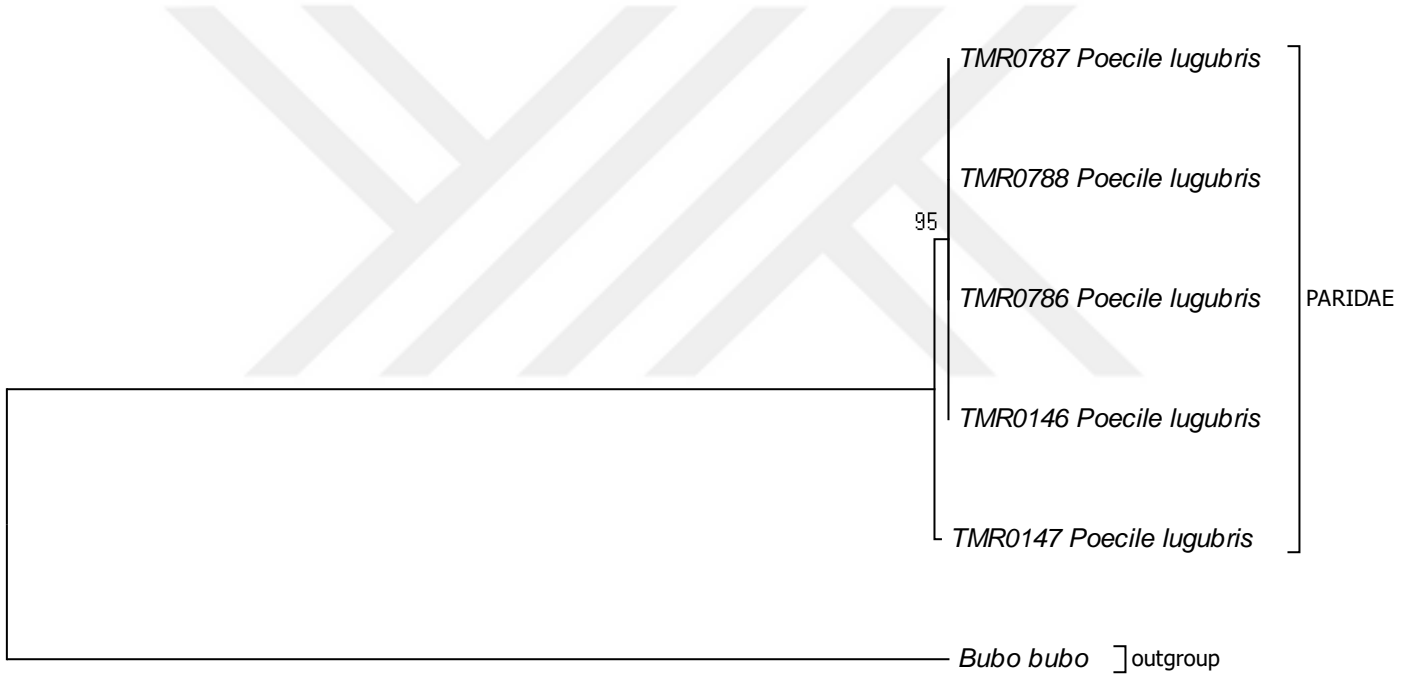
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 4 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 1 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dallanma altındadır (Şekil 4.34). *Poecile lugubris* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,113±0,012), *Parus major* (0,134±0,012) ve *Cyanistes caeruleus* (0,164±0,014) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,265±0,021), *Sitta krueperi* (0,267±0,019) ve *Regulus ignicapilla* (0,282±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.34. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 4 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 1 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dallanma altındadır (Şekil 4.35). Tür içi genetik çeşitlilik %0,10 olarak tespit edilmiştir. *Poecile lugubris* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,111±0,008), *Parus major* (0,119±0,009) ve *Cyanistes caeruleus* (0,143±0,010) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,218±0,013), *Sitta krueperi* (0,227±0,012) ve *Regulus ignicapilla* (0,236±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.35. Ak yanaklı baştankara, *Poecile lugubris* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.11. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanında %100 eşleşme göstermiştir. (Çizelge 4.58, Çizelge 4.59). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.6/25.0, G/C oranı ise 34.2/16.2 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.60).

Çizelge 4.58. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Family	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1968	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalidae</i>	100	BOLD:AAB7660
TMR 1969	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalidae</i>	100	BOLD:AAB7660
TMR 1970	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalidae</i>	100	BOLD:AAB7660
TMR 1971	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalidae</i>	100	BOLD:AAB7660
TMR 1972	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	<i>Aegithalidae</i>	100	BOLD:AAB7660

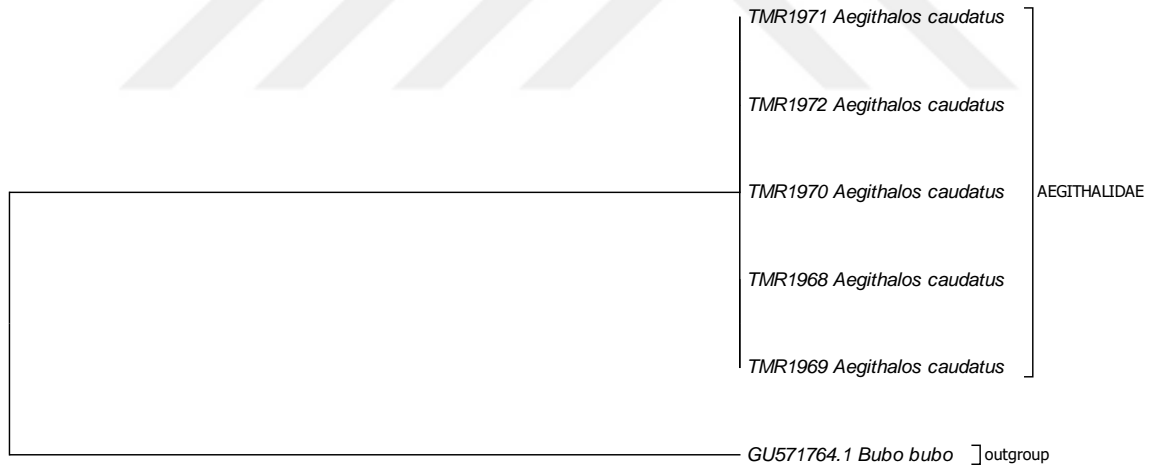
Çizelge 4.59. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1968	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946581.1
TMR 1969	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946581.1
TMR 1970	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946581.1
TMR 1971	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946581.1
TMR 1972	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946581.1

Çizelge 4.60. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1968	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,6	34,2	25,0	16,2	605
TMR 1969	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,6	34,2	25,0	16,2	605
TMR 1970	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,6	34,2	25,0	16,2	605
TMR 1971	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,6	34,2	25,0	16,2	605
TMR 1972	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,6	34,2	25,0	16,2	605
Ortalama		24,6	34,2	25,0	16,2	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.36). *Aegithalos caudatus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,148±0,017), *Erithacus rubecula* (0,150±0,016) ve *Poecile lugubris* (0,151±0,017) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,185±0,019), *Certhia brachydactyla* (0,186±0,019) ve *Fringilla coelebs* (0,192±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.36. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanında karşılaştırıldığında % 100 eşleşme göstermiştir. (Çizelge 4.61). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.0/29.8, G/C oranı ise 11.9/34.3 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.62).

Çizelge 4.61. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1968	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	EU326838.1
TMR 1969	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	EU326838.1
TMR 1970	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	EU326838.1
TMR 1971	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	EU326838.1
TMR 1972	TMR_Ac1	<i>Aegithalos caudatus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	EU326838.1

Çizelge 4.62. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1968	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,0	34,3	29,8	11,9	933
TMR 1969	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,0	34,3	29,8	11,9	933
TMR 1970	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,0	34,3	29,8	11,9	933
TMR 1971	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,0	34,3	29,8	11,9	933
TMR 1972	<i>Aegithalos caudatus</i>	24,0	34,3	29,8	11,9	933
Ortalama		24,0	34,3	29,8	11,9	

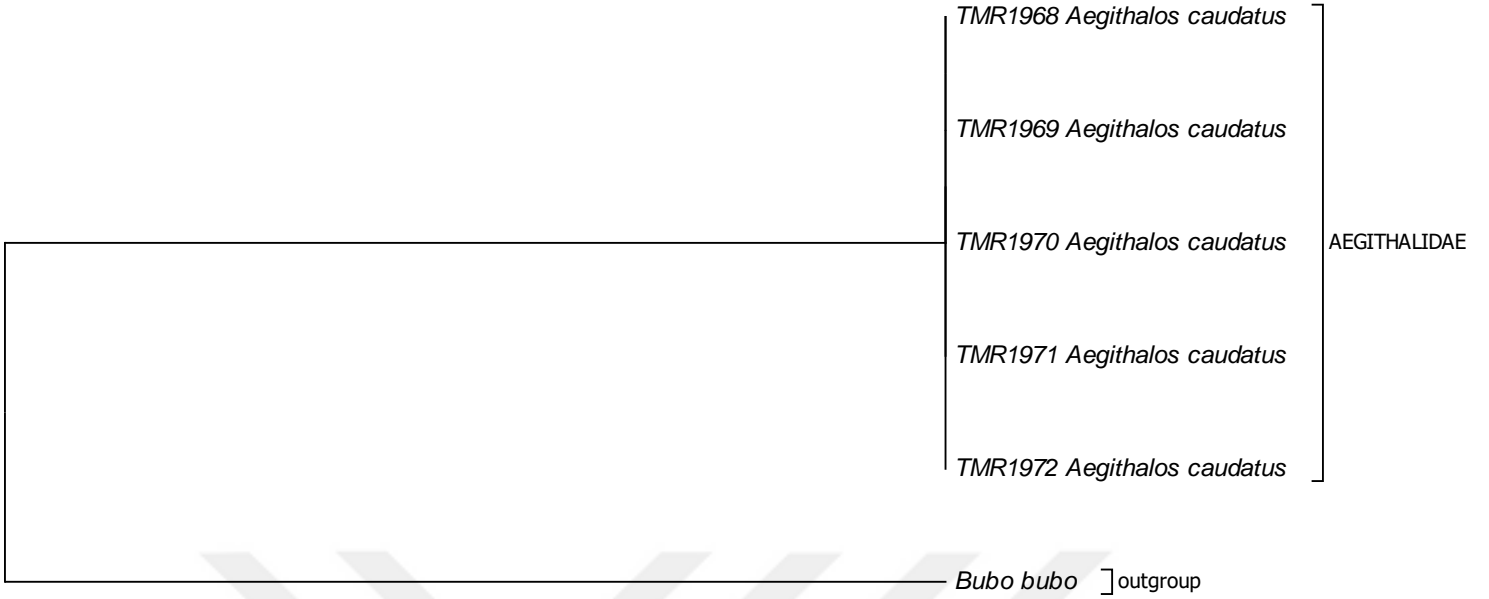
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.37). *Aegithalos caudatus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,237±0,021), *Phoenicurus phoenicurus* (0,245±0,020) ve *Sylvia curruca* (0,246±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Cyanistes caeruleus* (0,296±0,022), *Erithacus rubecula* (0,304±0,021) ve *Sitta krueperi* (0,318±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.37. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.38). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. *Aegithalos caudatus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,204±0,012), *Phoenicurus phoenicurus* (0,205±0,013) ve *Parus major* (0,212±0,013) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,239±0,014), *Cyanistes caeruleus* (0,240±0,013) ve *Sitta krueperi* (0,259±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.38. Uzunkuyruklu baştankara, *Aegithalos caudatus* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.12. Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,67, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile 1 haplotip ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.63, Çizelge 4.64). Tür içi genetik çeşitlilik %0,22 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 27.1/26.1, G/C oranı ise 30.1/16.7 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.65).

Çizelge 4.63. Anadolu sıvacıısı, *Sitta krueperi* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Family	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0826	TMR_Sk1	<i>Sitta krueperi</i>	Sittidae	100	Private
TMR 0850	TMR_Sk2	<i>Sitta krueperi</i>	Sittidae	99.67	Private
TMR 1188	TMR_Sk1	<i>Sitta krueperi</i>	Sittidae	100	Private

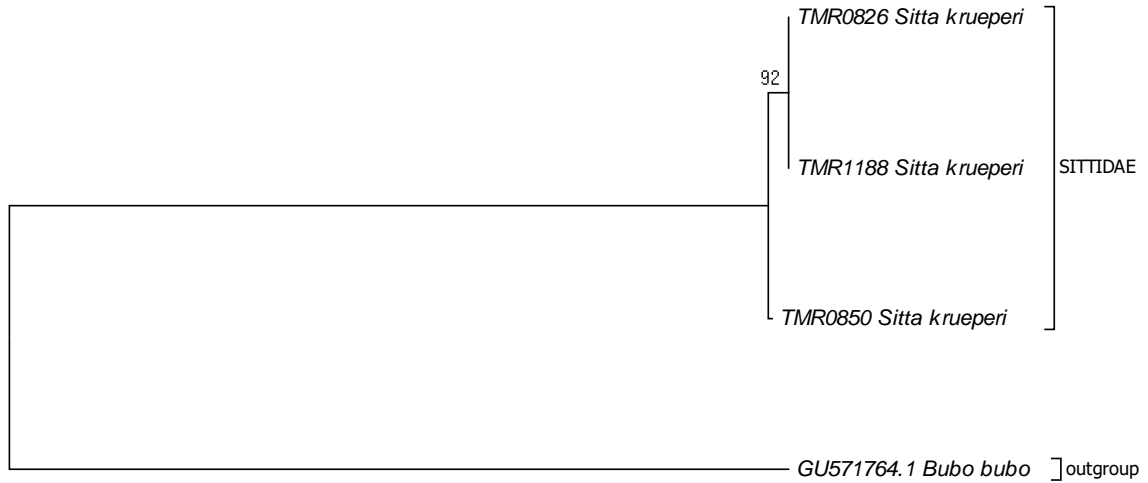
Çizelge 4.64. Anadolu sıvacıısı, *Sitta krueperi* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0826	TMR_Sk1	<i>Sitta krueperi</i>	1107	1107	100%	0.0	99%	GQ482656.1
TMR 0850	TMR_Sk2	<i>Sitta krueperi</i>	1096	1096	100%	0.0	99%	GQ482656.1
TMR 1188	TMR_Sk1	<i>Sitta krueperi</i>	1107	1107	100%	0.0	99%	GQ482656.1

Çizelge 4.65. Anadolu sıvacıısı, *Sitta krueperi* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0826	<i>Sitta krueperi</i>	27,1	30,1	26,1	16,7	605
TMR 0850	<i>Sitta krueperi</i>	26,9	30,2	26,3	16,5	605
TMR 1188	<i>Sitta krueperi</i>	27,1	30,1	26,1	16,7	605
Ortalama		27,0	30,1	26,1	16,6	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 1 birey yakınlık derecesini belirleyecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.39). *Sitta krueperi* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,153±0,017), *Cyanistes caeruleus* (0,163±0,018) ve *Parus major* (0,167±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Fringilla coelebs* (0,193±0,020), *Garrulus glandarius* (0,200±0,021) ve *Phoenicurus phoenicurus* (0,201±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.39. Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 3 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.66). Tür içi genetik çeşitlilik %0,43 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotid dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotid pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 25.8/30.0, G/C oranı ise 11.6/32.6 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.67).

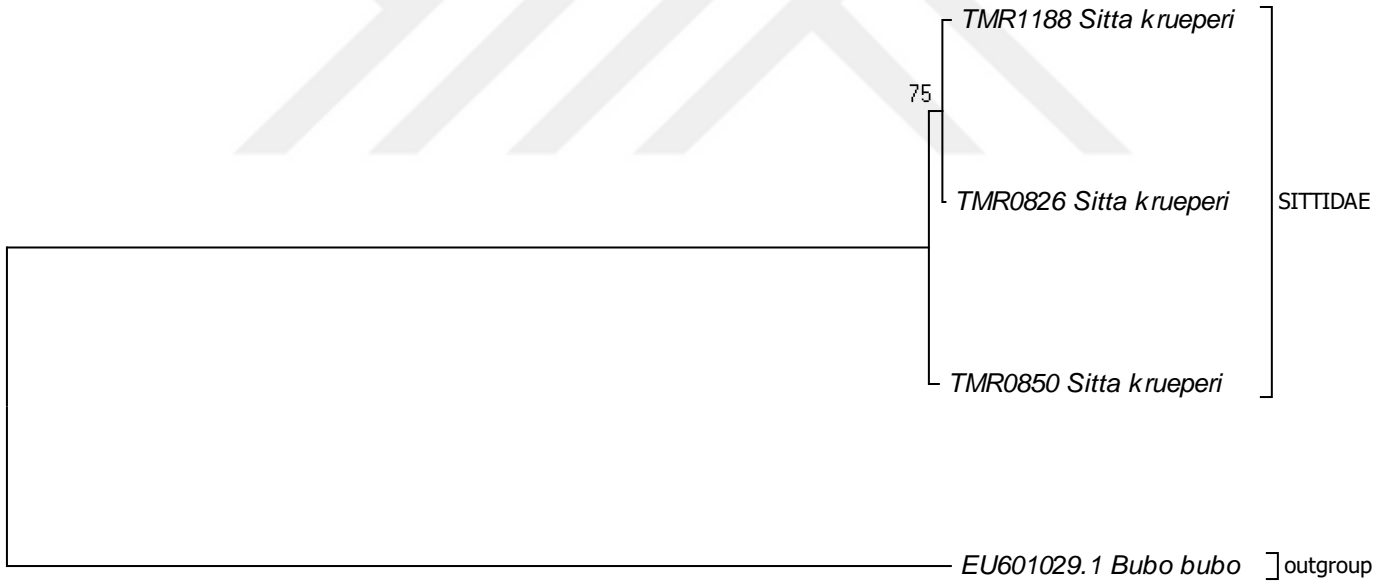
Çizelge 4.66. Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0826	TMR_Sk1	<i>Sitta krueperi</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	DQ219777.1
TMR 0850	TMR_Sk2	<i>Sitta krueperi</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	DQ219777.1
TMR 1188	TMR_Sk3	<i>Sitta krueperi</i>	1690	1690	100%	0.0	99%	DQ219777.1

Çizelge 4.67. Anadolu sıvacıısı, *Sitta krueperi* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1188	<i>Sitta krueperi</i>	25,8	32,7	30,0	11,5	933
TMR 0850	<i>Sitta krueperi</i>	25,8	32,6	30,2	11,4	933
TMR 0826	<i>Sitta krueperi</i>	25,8	32,6	30,0	11,6	933
Ortalama		25,8	32,6	30,0	11,5	

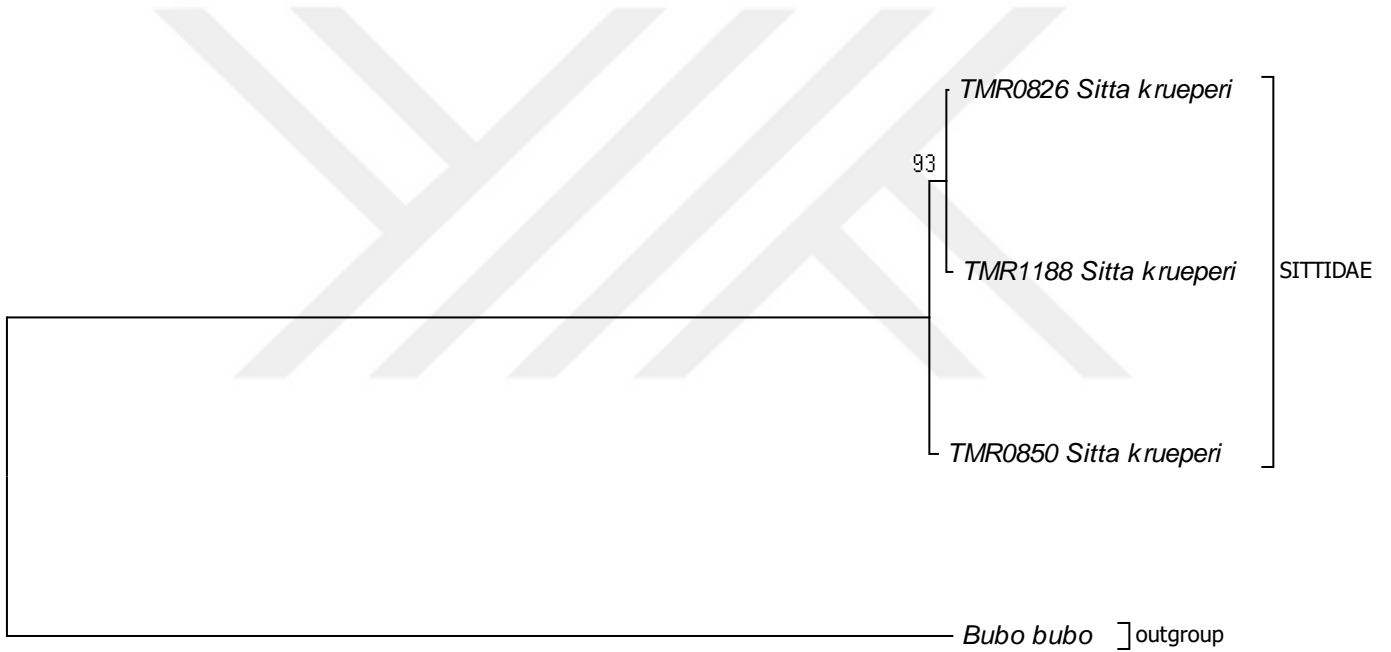
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler farklı dallanama altında toplanmıştır (Şekil 4.40). *Sitta krueperi* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,256±0,019), *Poecile lugubris* (0,267±0,019) ve *Garrulus glandarius* (0,271±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Turdus philomelos* (0,308±0,021), *Turdus merula* (0,309±0,022) ve *Aegithalos caudatus* (0,318±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.40. Anadolu sıvacıısı, *Sitta krueperi* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünden 3 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanama altında toplanmıştır. Diğer 1 birey yakınlık derecesini belirleyecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.41). Tür içi genetik çeşitlilik %0,35 olarak tespit edilmiştir. *Sitta krueperi* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Periparus ater* (0,225±0,013), *Certhia brachydactyla* (0,225±0,012) ve *Poecile lugubris* (0,227±0,012) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Turdus merula* (0,254±0,014), *Regulus ignicapilla* (0,257±0,013) ve *Aegithalos caudatus* (0,259±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.41. Anadolu sıvacısı, *Sitta krueperi* türünün ND2-COI geni NJ ağacı

4.3.13. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.68, Çizelge 4.69). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 26.3/23.5, G/C oranı ise 33.6/16.7 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.70).

Çizelge 4.68. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0540	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Certhiidae</i>	99.83	Private
TMR 0541	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Certhiidae</i>	99.83	Private
TMR 0543	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	<i>Certhiidae</i>	99.83	Private

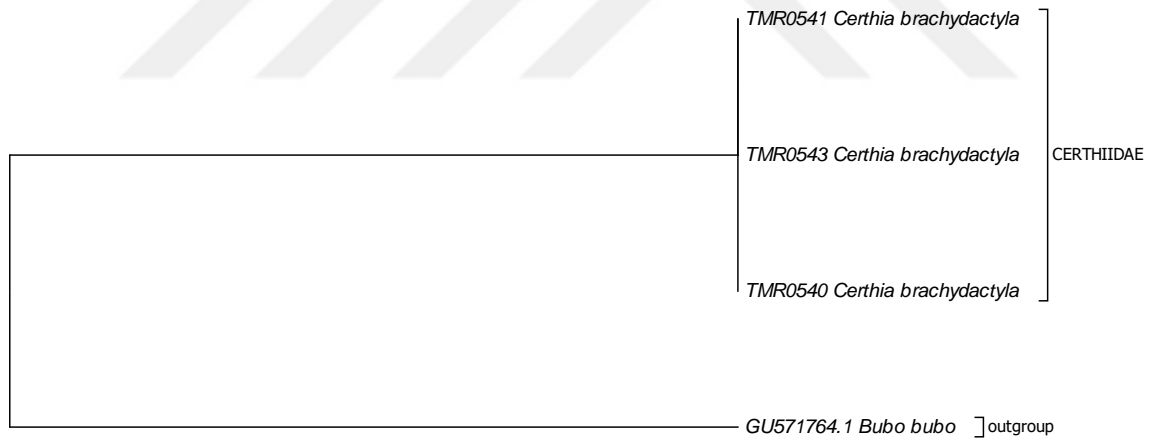
Çizelge 4.69. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0540	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1109	1109	99%	0.0	99%	KT803657.1
TMR 0541	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1109	1109	99%	0.0	99%	KT803657.1
TMR 0543	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1109	1109	99%	0.0	99%	KT803657.1

Çizelge 4.70. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0540	<i>Certhia brachydactyla</i>	26,3	33,6	23,5	16,7	605
TMR 0541	<i>Certhia brachydactyla</i>	26,3	33,6	23,5	16,7	605
TMR 0543	<i>Certhia brachydactyla</i>	26,3	33,6	23,5	16,7	605
Ortalama		26,3	33,6	23,5	16,7	

Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.42). *Certhia brachydactyla* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,155±0,017), *Cyanistes caeruleus* (0,159±0,017) ve *Fringilla coelebs* (0,165±0,017) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Erithacus rubecula* (0,188±0,019), *Sylvia atricapilla* (0,191±0,020) ve *Garrulus glandarius* (0,193±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir.



Şekil 4.42. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.71). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 25.6/28.6, G/C oranı ise 11.5/34.3 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.72).

Çizelge 4.71. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0540	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KP282543.1
TMR 0541	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KP282543.1
TMR 0543	TMR_Cb1	<i>Certhia brachydactyla</i>	1701	1701	100%	0.0	99%	KP282543.1

Çizelge 4.72. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0540	<i>Certhia brachydactyla</i>	25,6	34,3	28,6	11,5	933
TMR 0541	<i>Certhia brachydactyla</i>	25,6	34,3	28,6	11,5	933
TMR 0543	<i>Certhia brachydactyla</i>	25,6	34,3	28,6	11,5	933
Ortalama		25,6	34,3	28,6	11,5	

Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.43). *Certhia brachydactyla* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,229±0,020), *Parus major* (0,248±0,019) ve *Garrulus glandarius* (0,255±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,287±0,021), *Regulus ignicapilla* (0,288±0,023) ve *Sylvia atricapilla* (0,296±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.

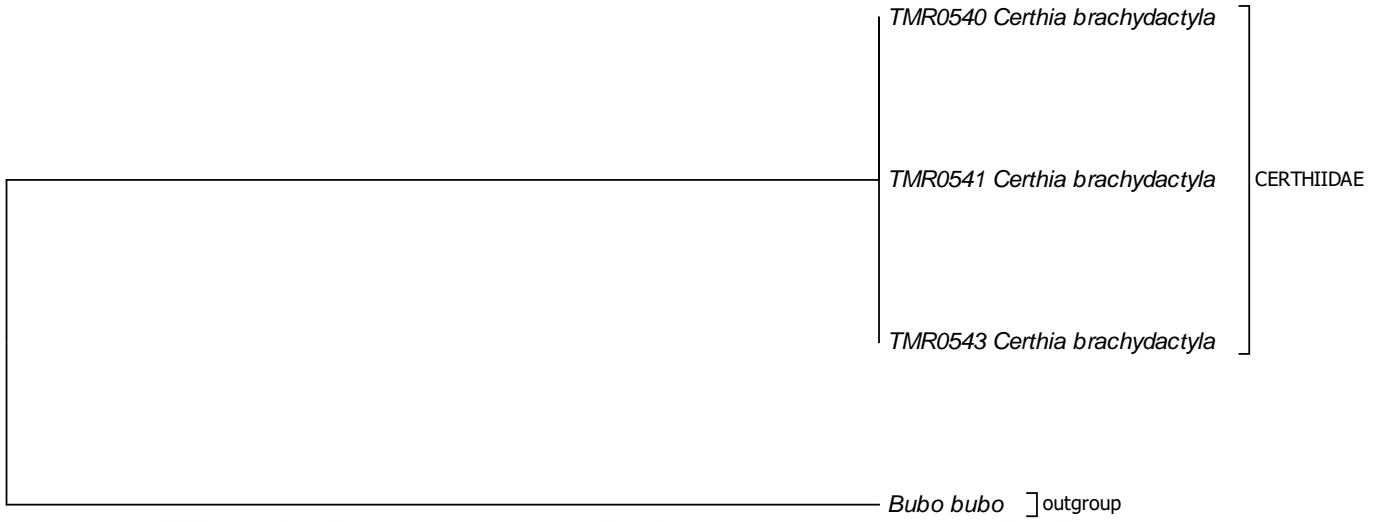


0.050

Şekil 4.43. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünden 3 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.44). Tür içi genetik çeşitliliğe rastlanmamıştır. *Certhia brachydactyla* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,207±0,011), *Parus major* (0,217±0,013) ve *Fringilla coelebs* (0,218±0,012) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sylvia curruca* (0,241±0,013), *Regulus ignicapilla* (0,241±0,013) ve *Sylvia atricapilla* (0,252±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.44. Bahçe tırnaşıkkuşu, *Certhia brachydactyla* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.14. Alakarga, *Garrulus glandarius*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Alakarga, *Garrulus glandarius* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.73, Çizelge 4.74). Tür içi genetik çeşitliliğe rastanlamıştır. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 26.1/26.3, G/C oranı ise 31.2/16.4 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.75).

Çizelge 4.73. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1222	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	Corvidae	100	BOLD:AAB3057
TMR 1223	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	Corvidae	100	BOLD:AAB3057
TMR 1228	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	Corvidae	100	BOLD:AAB3057

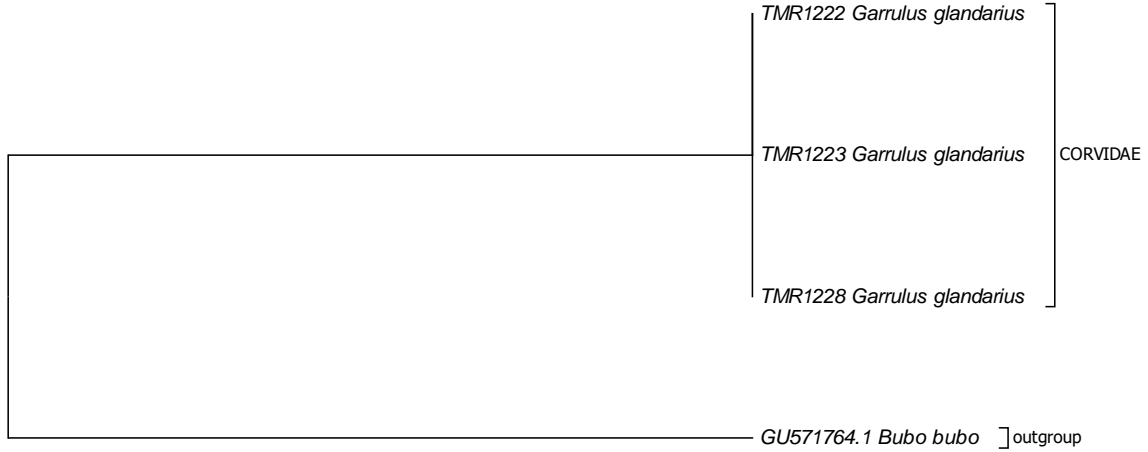
Çizelge 4.74. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1222	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481958.1
TMR 1223	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481958.1
TMR 1228	TMR_Ggl	<i>Garrulus glandarius</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481958.1

Çizelge 4.75. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün 3 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1222	<i>Garrulus glandarius</i>	26,1	31,2	26,3	16,4	605
TMR 1223	<i>Garrulus glandarius</i>	26,1	31,2	26,3	16,4	605
TMR 1228	<i>Garrulus glandarius</i>	26,1	31,2	26,3	16,4	605
Ortalama		26,1	31,2	26,3	16,4	

Alakarga, *Garrulus glandarius* türünden 3 bireyin COI gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.45). *Garrulus glandarius* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Sylvia atricapilla* (0,148±0,017), *Poecile lugubris* (0,172±0,018) ve *Turdus merula* (0,175±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Passer domesticus* (0,194±0,019), *Sitta krueperi* (0,200±0,021) ve *Regulus ignicapilla* (0,221±0,023) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4' de verilmiştir



Şekil 4.45. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Alakarga, *Garrulus glandarius* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.76). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 30.3/25.1, G/C oranı ise 10.3/34.3 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.77).

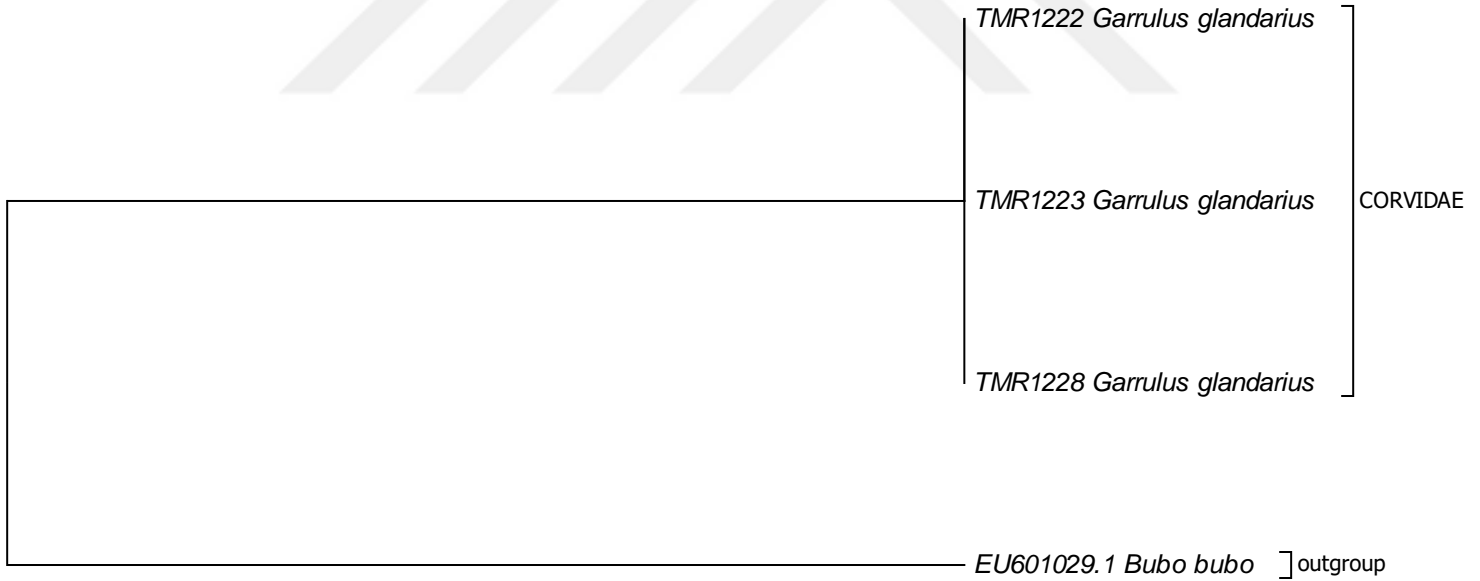
Çizelge 4.76. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1222	TMR_Gg1	<i>Garrulus glandarius</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859263.1
TMR 1223	TMR_Gg1	<i>Garrulus glandarius</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859263.1
TMR 1228	TMR_Gg1	<i>Garrulus glandarius</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859263.1

Çizelge 4.77. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün 3 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1222	<i>Garrulus glandarius</i>	25,1	34,3	30,3	10,3	933
TMR 1223	<i>Garrulus glandarius</i>	25,1	34,3	30,3	10,3	933
TMR 1228	<i>Garrulus glandarius</i>	25,1	34,3	30,3	10,3	933
Ortalama		25,1	34,3	30,3	10,3	

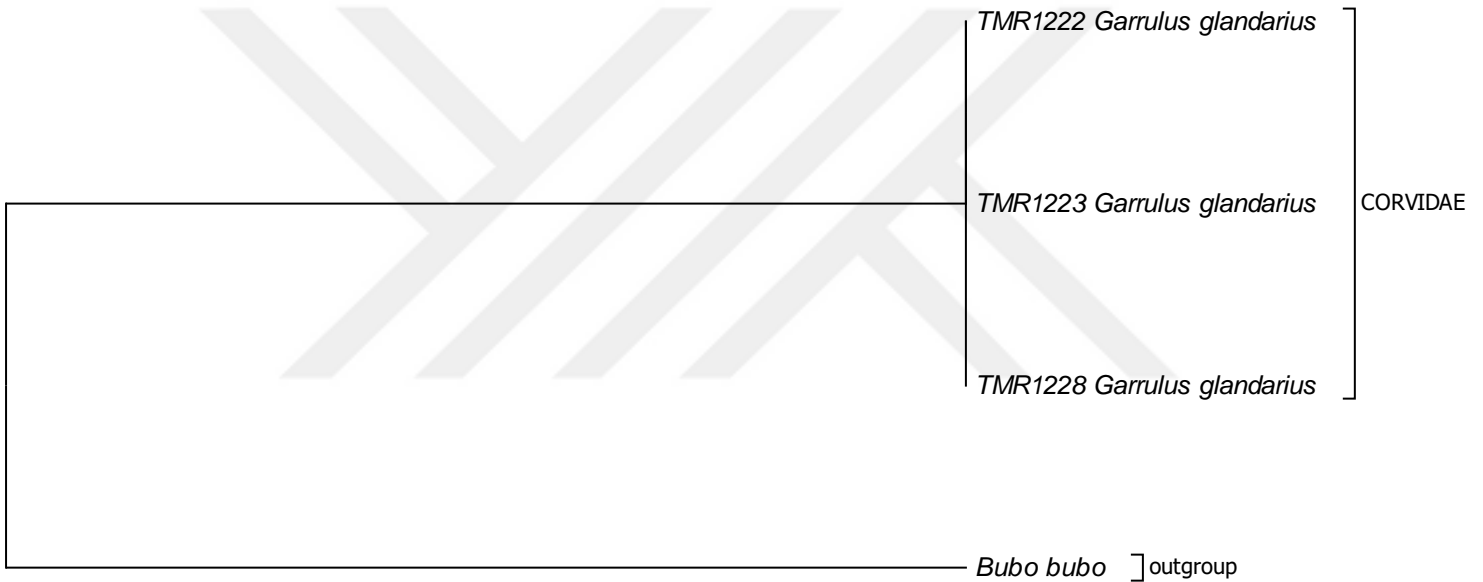
Alakarga, *Garrulus glandarius* türünden 3 bireyin ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.46). *Garrulus glandarius* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Parus major* (0,213±0,017), *Poecile lugubris* (0,214±0,018) ve *Periparus ater* (0,232±0,019) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,274±0,019), *Sylvia curruca* (0,275±0,021) ve *Turdus philomelos* (0,284±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.46. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

Alakarga, *Garrulus glandarius* türünden 3 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.47). Tür içi genetik çeşitliliğe rastanlamıştır. *Garrulus glandarius* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Poecile lugubris* (0,197±0,011), *Parus major* (0,199±0,012) ve *Periparus ater* (0,209±0,012) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Sitta krueperi* (0,242±0,013), *Turdus philomelos* (0,245±0,013) ve *Regulus ignicapilla* (0,252±0,013) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



0.020

Şekil 4.47. Alakarga, *Garrulus glandarius* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.15. Serçe, *Passer domesticus*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

Serçe, *Passer domesticus* türünden 4 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiştir. Bu 2 haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.78, Çizelge 4.79). Tür içi genetik çeşitlilik %0,08 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.0/26.9, G/C oranı ise 31.2/17.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.80).

Çizelge 4.78. Serçe, *Passer domesticus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 0053	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	Passeridae	100	BOLD:AAA8254
TMR 0066	TMR_Pd2	<i>Passer domesticus</i>	Passeridae	100	BOLD:AAA8254
TMR 0067	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	Passeridae	100	BOLD:AAA8254
TMR 0051	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	Passeridae	100	BOLD:AAA8254

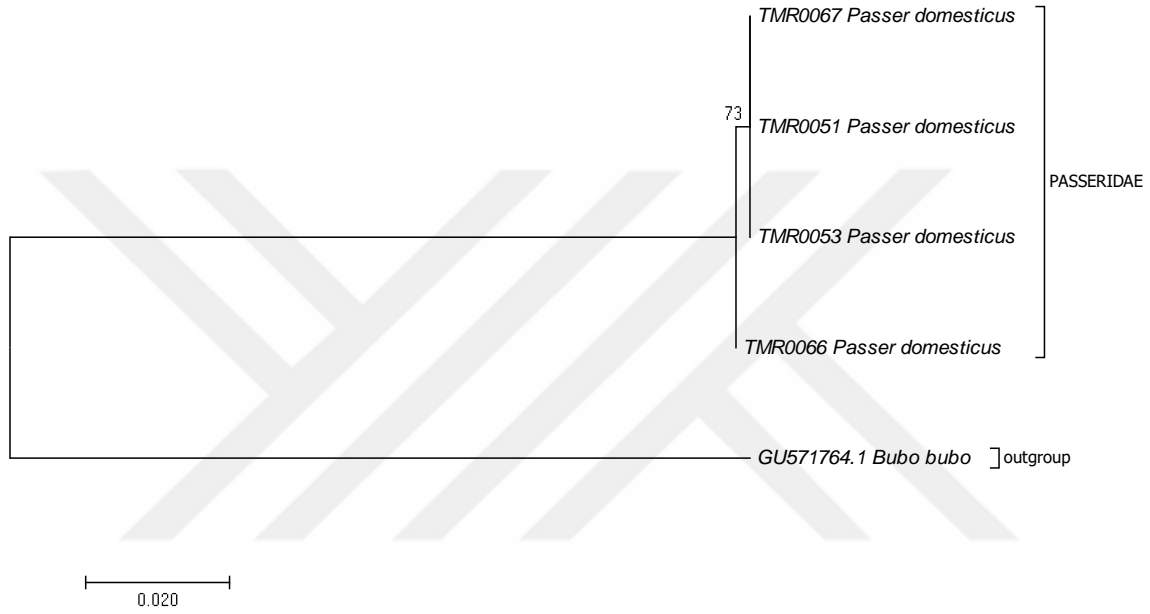
Çizelge 4.79. Serçe, *Passer domesticus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0053	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482312.1
TMR 0066	TMR_Pd2	<i>Passer domesticus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	KF946798.1
TMR 0067	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482312.1
TMR 0051	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ482312.1

Çizelge 4.80. Serçe, *Passer domesticus* türünün 4 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Total
TMR 0053	<i>Passer domesticus</i>	24,0	31,2	26,9	17,9	605
TMR 0066	<i>Passer domesticus</i>	24,0	31,2	27,1	17,7	605
TMR 0067	<i>Passer domesticus</i>	24,0	31,2	26,9	17,9	605
TMR 0051	<i>Passer domesticus</i>	24,0	31,2	26,9	17,9	605
Ortalama		24,0	31,2	26,9	17,8	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 3 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. 1 birey ise yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.48). *Passer domesticus* türüne en yakın akraba tür sırası ile *Periparus ater* (0,144±0,017), *Poecile lugubris* (0,150±0,017) ve *Sylvia atricapilla* (0,153±0,017) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Certhia brachydactyla* (0,185±0,019), *Regulus ignicapilla* (0,189±0,019) ve *Garrulus glandarius* (0,194±0,019) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.48. Serçe, *Passer domesticus* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

Serçe, *Passer domesticus* türünden 4 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.81). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 23.6/28.4, G/C oranı ise 13.6/34.4 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.82).

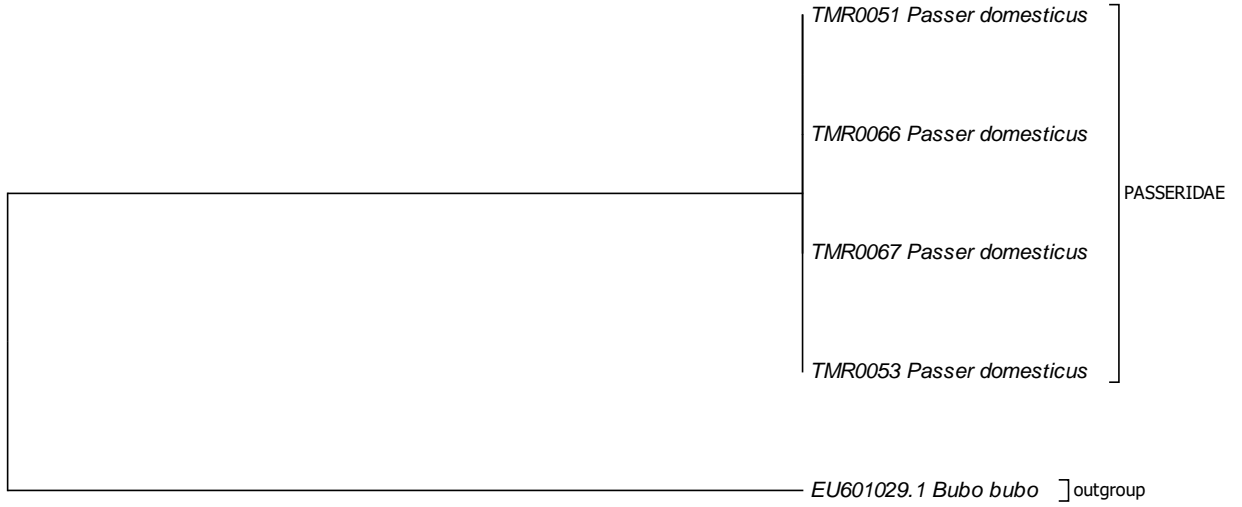
Çizelge 4.81. Serçe, *Passer domesticus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 0053	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KX370740.1
TMR 0066	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KX370740.1
TMR 0067	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KX370740.1
TMR 0051	TMR_Pd1	<i>Passer domesticus</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KX370740.1

Çizelge 4.82. Serçe, *Passer domesticus* türünün 4 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek no	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 0051	<i>Passer domesticus</i>	23,6	34,4	28,4	13,6	933
TMR 0066	<i>Passer domesticus</i>	23,6	34,4	28,4	13,6	933
TMR 0067	<i>Passer domesticus</i>	23,6	34,4	28,4	13,6	933
TMR 0053	<i>Passer domesticus</i>	23,6	34,4	28,4	13,6	933
Ortalama		23,6	34,4	28,4	13,6	

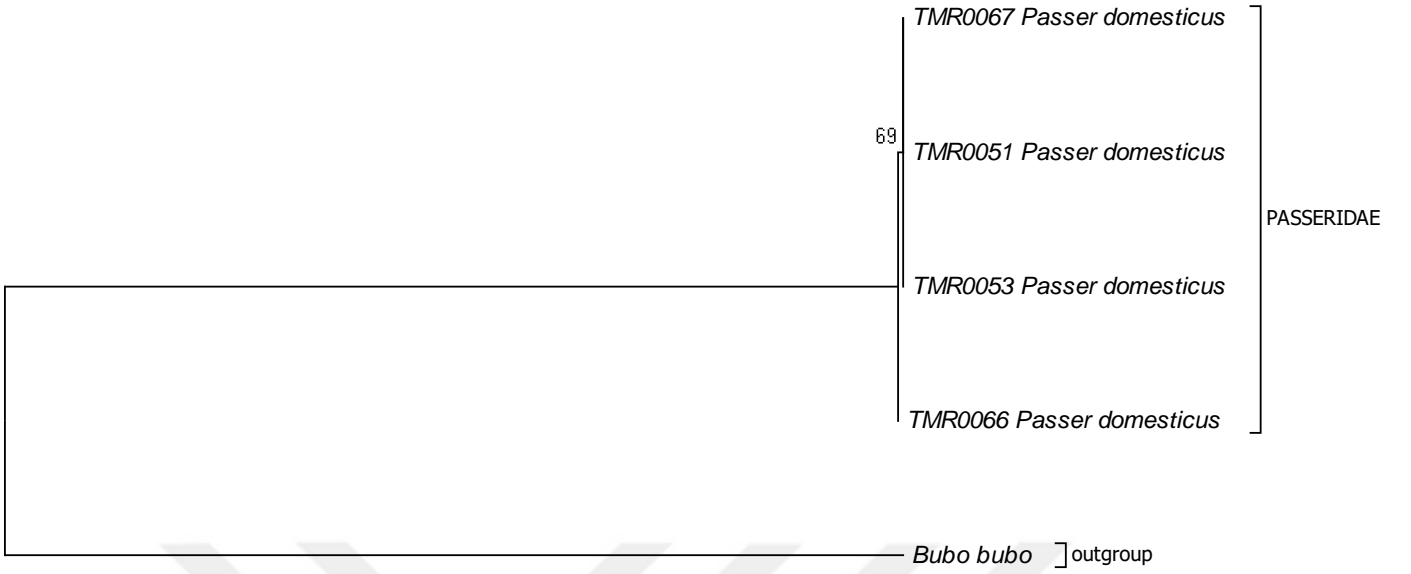
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.51). *Passer domesticus* türüne en yakın akraba tür sırası ile *Fringilla coelebs* (0,244±0,020), *Poecile lugubris* (0,259±0,019) ve *Parus major* (0,260±0,020) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Turdus merula* (0,282±0,022), *Turdus philomelos* (0,297±0,022) ve *Sitta krueperi* (0,304±0,022) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5' de verilmiştir.



Şekil 4.49. Serçe, *Passer domesticus* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Geni Değerlendirmesi

Serçe, *Passer domesticus* türünden 4 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler aynı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.50). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. *Passer domesticus* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Fringilla coelebs* (0,207±0,012), *Poecile lugubris* (0,214±0,012) ve *Periparus ater* (0,216±0,012) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,242±0,014), *Turdus philomelos* (0,247±0,012) ve *Sitta krueperi* (0,253±0,014) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6' da verilmiştir.



Şekil 4.50. Serçe, *Passer domesticus* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

4.3.16. İspinoz, *Fringilla coelebs*

DNA Barkodlaması (COI Gen Bölgesi)

İspinoz, *Fringilla coelebs* türünden 5 bireyin COI gen bölgesi çoğaltılmıştır. COI gen bölgesi için 3 farklı haplotip tespit edilmiştir. Bu 3 haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir (Çizelge 4.83, Çizelge 4.84). Tür içi genetik çeşitlilik %0,17 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Alignment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 26.1/26.1, G/C oranı ise 30.9/16.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.85).

Çizelge 4.83. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için BOLD karşılaştırması

Örnek No	Haplotip	Tür adı	Familiya	Benzerlik (%)	Statü
TMR 1660	TMR_Fc1	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Fringillidae</i>	100	BOLD:AAB4402
TMR 1667	TMR_Fc2	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Fringillidae</i>	100	Private
TMR 1684	TMR_Fc2	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Fringillidae</i>	100	Private
TMR 1690	TMR_Fc3	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Fringillidae</i>	100	Private
TMR 1692	TMR_Fc1	<i>Fringilla coelebs</i>	<i>Fringillidae</i>	100	BOLD:AAB4402

Çizelge 4.84. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için GenBank karşılaştırması

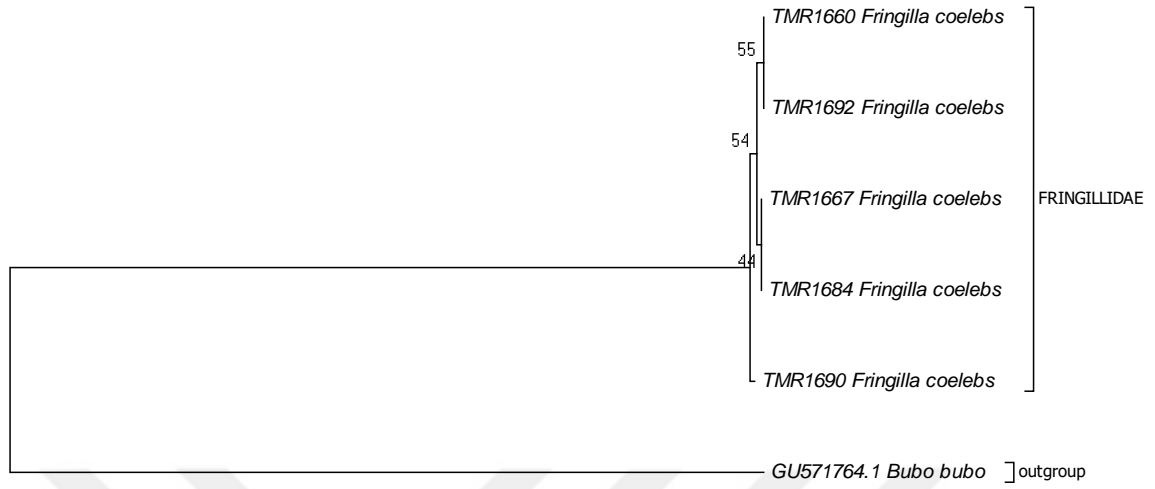
Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1660	TMR_Fc1	<i>Fringilla coelebs</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481926.1
TMR 1667	TMR_Fc2	<i>Fringilla coelebs</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571402.1
TMR 1684	TMR_Fc2	<i>Fringilla coelebs</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GU571402.1
TMR 1690	TMR_Fc3	<i>Fringilla coelebs</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481927.1
TMR 1692	TMR_Fc1	<i>Fringilla coelebs</i>	1118	1118	100%	0.0	100%	GQ481926.1

Çizelge 4.85. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün 5 bireyinden elde edilen 605 bp COI geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek No	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1660	<i>Fringilla coelebs</i>	26,3	30,7	26,1	16,9	605
TMR 1667	<i>Fringilla coelebs</i>	26,1	30,9	26,1	16,9	605
TMR 1684	<i>Fringilla coelebs</i>	26,1	30,9	26,1	16,9	605
TMR 1690	<i>Fringilla coelebs</i>	26,1	30,9	26,1	16,9	605
TMR 1692	<i>Fringilla coelebs</i>	26,3	30,7	26,1	16,9	605
Ortalama		26,1	30,8	26,1	16,9	

Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde 2 birey aynı dallanma altında toplanmıştır. Diğer 2 birey yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır. Kalan 1 birey ise yine yakınlık derecesini belirtecek şekilde bir alt dalda toplanmıştır (Şekil 4.51). *Fringilla coelebs* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,154±0,017), *Passer domesticus* (0,154±0,017) ve *Sylvia atricapilla* (0,155±0,017) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Aegithalos caudatus* (0,192±0,020), *Sitta krueperi*

(0,193±0,020) ve *Turdus philomelos* (0,196±0,021) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.4’ de verilmiştir.



Şekil 4.51. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün COI geni NJ ağacı

ND2 Gen Bölgesi Değerlendirilmesi

İspinoz, *Fringilla coelebs* türünden 5 bireyin ND2 gen bölgesi çoğaltılmıştır. ND2 gen bölgesi için 5 farklı haplotip tespit edilmiştir. GenBank veri tabanında 4 haplotip %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.86). Tür içi genetik çeşitlilik %0,26 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen nükleotit dizi bilgisi Bioedit Sequence Aligment Editör programında düzenlenip, MEGA 7.0.14 de nükleotit pozisyonları elde edilmiş ve A/T oranı 24.8/29.9, G/C oranı ise 10.4/34.9 şeklinde bulunmuştur (Çizelge 4.87).

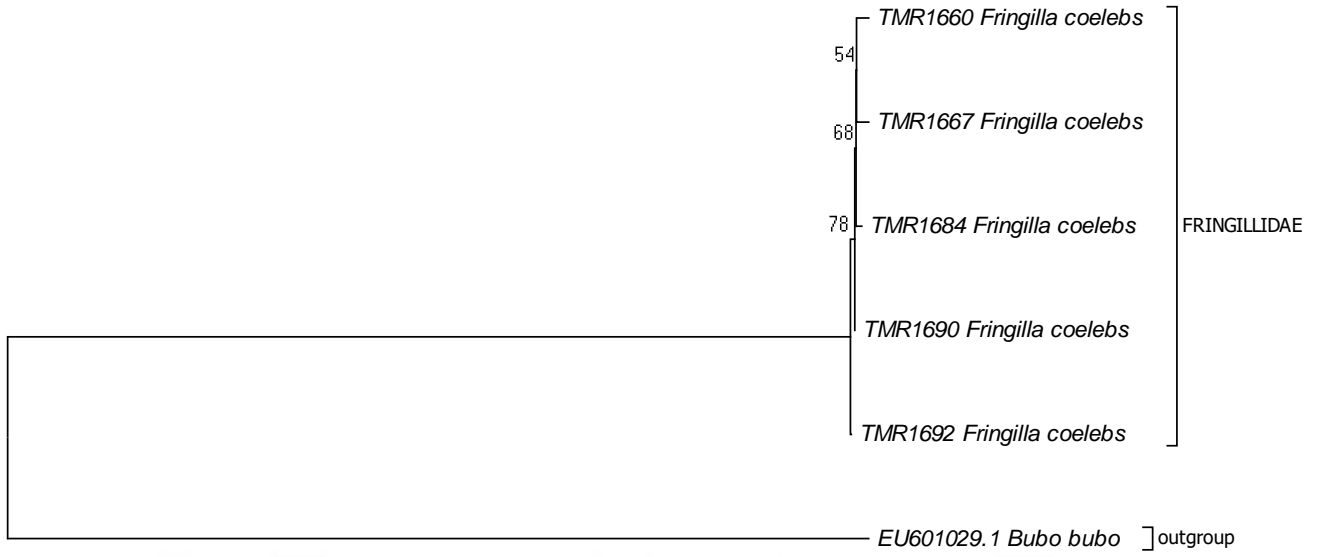
Çizelge 4.86. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için GenBank karşılaştırması

Örnek no	Haplotip	Tür adı	Max skor	Toplam skor	Eşleşen dizi büyüklüğü	E değeri	Benzerlik	Erişim
TMR 1660	TMR_Fc1	<i>Fringilla coelebs</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859254.1
TMR 1667	TMR_Fc2	<i>Fringilla coelebs</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859248.1
TMR 1684	TMR_Fc3	<i>Fringilla coelebs</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859251.1
TMR 1690	TMR_Fc4	<i>Fringilla coelebs</i>	1724	1724	100%	0.0	100%	KU859251.1
TMR 1692	TMR_Fc5	<i>Fringilla coelebs</i>	1718	1718	100%	0.0	99%	KU859251.1

Çizelge 4.87. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün 5 bireyinden elde edilen 933 bp ND2 geni için nükleotit kompozisyonları

Örnek No	Tür adı	T(U)	C	A	G	Toplam
TMR 1660	<i>Fringilla coelebs</i>	24,8	34,9	29,9	10,4	933
TMR 1690	<i>Fringilla coelebs</i>	24,5	35,2	29,9	10,4	933
TMR 1692	<i>Fringilla coelebs</i>	24,7	35,0	29,9	10,4	933
TMR 1667	<i>Fringilla coelebs</i>	24,7	35,0	29,8	10,5	933
TMR 1684	<i>Fringilla coelebs</i>	24,7	35,0	29,9	10,4	933
Ortalama		24,6	35,0	29,8	10,4	

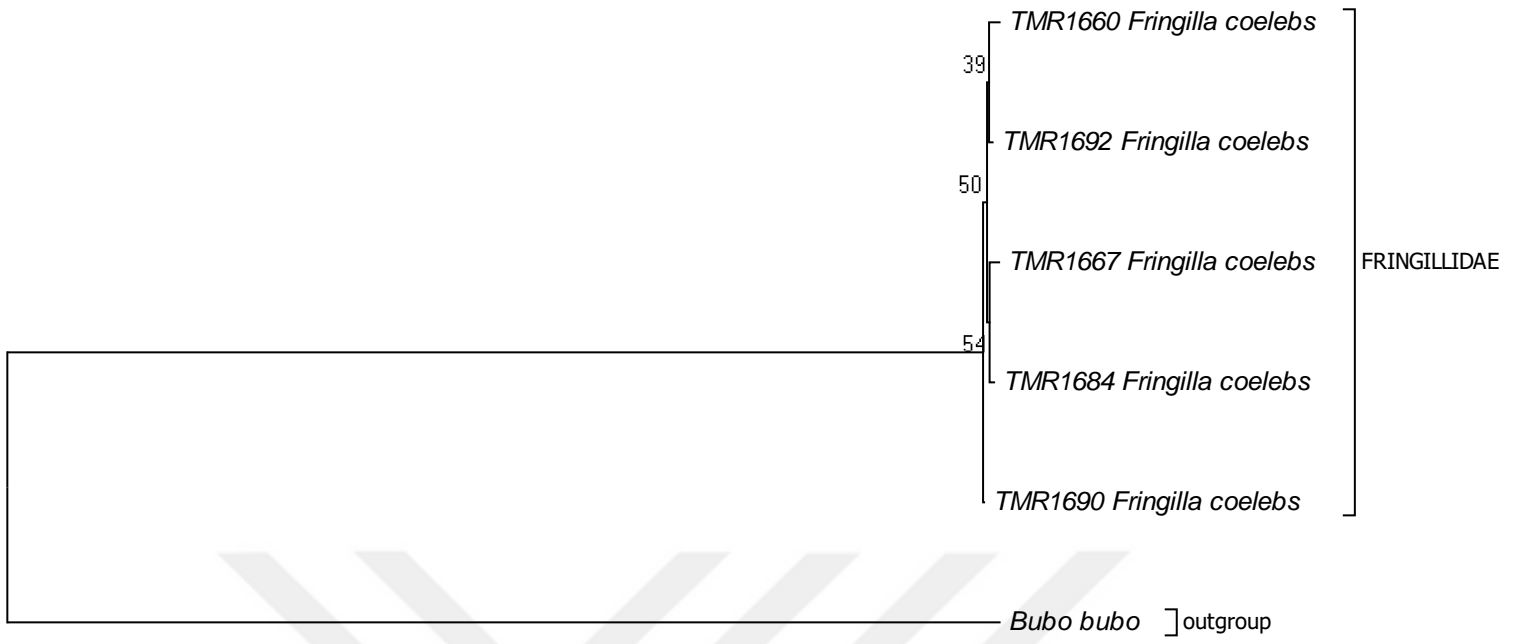
Elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler farklı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.52). *Fringilla coelebs* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,222±0,018), *Erithacus rubecula* (0,238±0,019) ve *Passer domesticus* (0,244±0,020) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,276±0,020), *Turdus merula* (0,276±0,022) ve *Turdus philomelos* (0,286±0,020) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.5’ de verilmiştir.



Şekil 4.52. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün ND2 geni NJ ağacı

COI-ND2 Gen Bölgesi Değerlendirmesi

İspinoz, *Fringilla coelebs* türünden 5 bireyin COI-ND2 gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaç incelendiğinde tüm bireyler farklı dallanma altında toplanmıştır (Şekil 4.53). Tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. *Fringilla coelebs* türüne en yakın akraba türler sırası ile *Phoenicurus phoenicurus* (0,194±0,011), *Passer domesticus* (0,207±0,012) ve *Poecile lugubris* (0,211±0,011) olup, en uzak akraba türler sırası ile *Regulus ignicapilla* (0,237±0,013), *Sitta krueperi* (0,241±0,013) ve *Turdus philomelos* (0,249±0,015) olarak tespit edilmiştir. Türün genetik olarak diğer türlere olan uzaklığı ayrıntılı olarak Çizelge 4.6’ da verilmiştir



Şekil 4.53. İspinoz, *Fringilla coelebs* türünün COI-ND2 geni NJ ağacı

5. TARTIŞMA

Anadolu kendine özgü fauna ve flora sağıp olup önemli ölçüde tür çeşitliliğı barındırması nedeniyle küçük bir kıta özelliğı göstermektedir (Albayrak, 2011). Passeriformes takımına ait türler Anadolu' da biyoçeşitlilik açısından önemli bir grubu oluşturmaktadır. Dünya üzerinde Passeriformes takımı, 96 Familya, 1218 cins ve 5753 tür ile temsil edilmektedir (Gill, 2007). Anadolu' da ise Passeriformes takımı 25 familya ve 205 tür ile temsil edilmektedir (Kızırođlu, 2008).

Çağdaş moleküler yöntemler kullanarak türlerin belirli bir coğrafya içindeki genetik varyasyonlarının belirlenmesine ve sınırlarının tanımlanmasına filocoğrafik çalışmalar öncülük etmektedir. Filocoğrafya çalışmalarında genellikle mtDNA kullanılarak farklı coğrafik alanda yayılım gösteren türlerin varyasyon oranları ve evrimsel ilişkilerinin birbirinden farklılık gösterdiği bulunmuştur (Haring vd., 2007; Zink 2008; Joseph ve Omland 2009). Kuşlar üzerine yapılan birçok çalışmada evrimsel adaptasyon sürecinde farklı coğrafyalarda yaşayan aynı türe ait popülasyonlar arasında varyasyonlar meydana geldiğı ortaya konulmuştur (Kennedy vd., 2016; Knott vd., 2017; Jetz vd., 2014).

Antalya Beydağları bölgesinde yapılan çalışma sonucunda COI geni için 28 farklı haplotip (genetik çeşitlilik) ve ND2 geni için 35 farklı haplotip olmak üzere Beydağları'nın gen kaynakları belirlenmiştir. COI gen bölgesi için elde edilen haplotip GenBank ve BOLD veri tabanlarındaki kayıtlar ile karşılaştırıldığında 28 farklı haplotipin %32,1 (9 haplotip), ND2 gen bölgesi için tespit edilen 35 haplotipin %77,1'i (27 haplotip) bu çalışma ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmiştir. Böylelikle Beydağları bölgesine özgü gen kaynaklarımız tespit edilmiş ve kayıt altına alınmıştır.

DNA barkodlama (COI geni) sonucunda *Poecile lugubris*, *Sitta krueperi*, *Passer domesticus* ve *Regulus ignicapilla*, *Parus major*, *Fringilla coelebs* ve *Turdus merula* olmak üzere 7 türde tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmiştir. ND2 gen bölgesi incelendiğinde ise *Poecile lugubris* ve *Erithacus rubecula*, *Sitta krueperi*, *Parus major*, *Periparus ater* ve *Cyanistes caeruleus* ve *Fringilla coelebs* olmak üzere 7 türde tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmiştir.

Erithacus rubecula türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 olarak eşleştigi tespit edilmiştir. ND2 gen bölgesinde ise 2 haplotip tespit edilmiştir. Bunlardan 1 haplotip ilk kez tarafımızdan tespit edilmiş olup Beydağları bölgesine özgü gen kaynaklarımızı

oluşturmaktadır. COI geni için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiş olup ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitliliğin düşük olduğu ($0,0004 \pm 0,0004$) tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Phoenicurus phoenicurus* olduğu tespit edilmiş olup bunu sırasıyla COI geni için *Poecile lugubris* ve *Sylvia atricapilla*, ND2 geni için *Turdus merula* ve *Parus major* olduğu bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçlar tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Gonzalez-Varo vd. (2014) yapmış oldukları çalışmada *Erithacus rubecula* türünün DNA barkodlamasında 47 bireyde BOLD veri tabanında %100 eşleşme görülerek tür içi çeşitliliğe rastlanmamıştır. Türün Azor Adaları'nda yapılan çalışmasında da düşük genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir (Rodrigues vd., 2013). Bu sonuçlarla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir.

Phoenicurus phoenicurus türünden 4 bireyin COI geni için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesinde ise 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında da %100 eşleşme göstermiştir. COI ve ND2 geni için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Erithacus rubecula* olduğu tespit edilmiş olup bunun COI geni için *Poecile lugubris* ve *Periparus ater*, ND2 geni için *Fringilla coelebs* ve *Certhia brachydactyla* olduğu bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Johnsen vd.. (2010) yapmış oldukları çalışmada İskandinavya kuşlarının DNA barkodlamasında % 94 eşleşme ile *Phoenicurus phoenicurus* türünün tür içi genetik çeşitliliğinin yüksek olduğunu tespit etmişlerdir. Ayrıca İskandinavya yayılım gösteren kuşların Kuzey Amerika kıtasına göç eden popülasyonlarının genetik yapıları karşılaştırılmış olup farklı modeller ortaya çıkmıştır. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemektedir. Türün Norveç, Çek Cumhuriyeti, Finlandiya, Fas, Moğolistan, İran, İspanya ve Türkiye'den kullanılan örnekleriyle yapılan bir diğer çalışmada iki farklı haplogrubun benzemediğini tespit etmişlerdir (Hogner vd., 2012). Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemekte ve yapılan çalışmamızda tür içi genetik çeşitlilik belirlenmemiştir. Bu da bize sadece barkodlama geni ile bir lokaliteden yapılan çalışmanın türün evrimsel yapısını ortaya koymakta yeterli olmadığını göstermektedir.

Turdus merula türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 4 farklı haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında % 99,83, GenBank veri tabanı ile

karşılaştırıldığında % 99 eşleşme ile 1 haplotip ilk kez tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanında % 99 eşleşme ile Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0020 \pm 0,0011$) düşük olduğu, ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Turdus philomelos* olduğu tespit edilmiş olup bunun COI geni için *Sylvia atricapilla* ve *Periparus ater*, ND2 geni için *Erithacus rubecula* ve *Phoenicurus phoenicurus* olduğu bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir ve Partecke vd. (2006) yapmış oldukları çalışmalarda *Turdus merula* türünün düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğunu bulmuşlardır. Yapılan başka bir çalışmada cyt-b gen bölgesi ve ND2 gen bölgeleri karşılaştırılmış ve elde edilen filogenetik ağaçların benzer olduğunu bulmuşlardır. Ayrıca türün düşük genetik çeşitlilik gösterdiğini tespit etmişlerdir (Klicka vd., 2005). Bu sonuçlarla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir.

Turdus philomelos türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %98,66, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında % 100 eşleşme göstermiştir. COI ve ND2 gen bölgeleri için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabasının *Turdus merula* olduğu tespit edilmiş olup bunu COI geni için *Sylvia atricapilla* ve sonra *Poecile lugubris*, ND2 geni için *Phoenicurus phoenicurus* ve sonra *Parus major* 'un takip ettiği bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçlar tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Her ne kadar yaptığımız çalışmada tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiş olsa da Johnsen vd. (2010) yapmış oldukları Kuzey Amerika kuşlarının DNA barkodlama çalışmasında türün düşük genetik çeşitlilik gösterdiği saptanmıştır. Bu bağlamda tek lokalite ve az sayıda bireyle bir türün çalışılması türün evrimsel ilişkilerini tam olarak ortaya koymadığı anlaşılmaktadır.

Sylvia atricapilla türünden 1 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile

%99 eşleşme göstererek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Sylvia curruca* olduğu tespit edilmiş olup bunun COI geni için *Turdus merula* ve *Periparus ater*, ND2 geni için *Aegithalos caudatus* ve *Fringilla coelebs* olduğu bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçlar tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Dietzen et al. (2008) yapmış oldukları filocoğrafya çalışmalarında Macaratonadan (Kanarya Adaları, Madeira, Azor Adaları), Avrupa'dan ve Kuzey Afrika'dan elde edilen *Sylvia* türleri arasında düşük genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir. Türün bir diğer çalışmasında ise Atlantik ve Avrupa' dan göç hareketleriyle bölünen popülasyonlar arasında genetik farklılıkları araştırmışlardır. Türün göç eden popülasyonu ile yerli popülasyonu arasında moleküler varyansın düşük olduğunu ve önemli bir fark olmadığını bulmuşlardır (Tris vd., 2004). Bu sonuçlarla elde ettiğimiz bulgular ile benzerlik göstermemekle birlikte çalışmada sadece bir bireyin kullanılmış olması bize tür içi genetik çeşitlilik hakkında bilgi vermemektedir.

Sylvia curruca türünden 2 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile %99 eşleşme göstermiş ve bu haplotipin Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI ve ND2 gen bölgeleri için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Sylvia atricapilla* olduğu tespit edilmiş olup bunu COI geni için *Periparus ater* ve sonra *Turdus merula*, ND2 geni için *Cyanistes caeruleus* ve sonra *Parus major* takip ettiği bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçlar tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Aliabadian vd. (2013) yapmış oldukları DNA barkodlama çalışmasında Hollanda' da küçük bir coğrafik alanda *Sylvia curruca* türünün genetik çeşitliliğinin yüksek olduğunu bulmuşlardır. Tür hakkında yapılan diğer çalışmada Kuzey Avrupa, Orta Asya, Sibirya, Moğolistan ve Çin'den toplanan örnekler ile taksonomisi incelenmiş olup 97 haplotip tespit edilmiştir (Olsson vd. 2013). Bu sonuçlarla elde ettiğimiz bulgular ile benzerlik göstermemekle birlikte çalışmada sadece iki bireyin kullanılmış olması bu sonucu etkilemiş olabilir.

Regulus ignicapilla türünden 3 bireyin COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, biri BOLD ve GenBank sekans kayıtları ile %100 eşleşirken 1 haplotipin BOLD veri tabanı ile karşılaştırma yapıldığında %99,8, GenBank veri tabanı ile

karşılaştırma yapıldığında ise %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanında %86 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0011 \pm 0,0011$) düşük olduğu, ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Parus major* olduğu tespit edilmiş olup bunu COI gen bölgesi için *Poecile lugubris* ve sonra *Sylvia curruca*, ND2 geni için *Periparus ater* ve sonra *Phoenicurus phoenicurus* takip ettiği bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçlar tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Johnsen vd. (2010) yapmış oldukları DNA barkodlama çalışmasında tür içi genetik çeşitliliğinin düşük olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçlarla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir. Türün yakın akrabası olan *Rugulus regulus* ile ilgili filogenetik çalışmalar mevcut iken türe yönelik filogenetik bir çalışma bulunamamıştır. Bu bağlamda yapmış olduğumuz çalışma bu eksikliği gidermeye yardımcı olacaktır.

Parus major türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 3 farklı haplotipi tespit edilmiştir. Bu haplotiplerden 2 tanesi BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme olmasıyla bu haplotipler ilk kez tarafımızdan tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 4 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında 3 haplotip %99 eşleşme olmasıyla bu haplotipler ile ilk kez tarafımızdan tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0013 \pm 0,0009$) düşük olduğu, ND2 geni için de tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0021 \pm 0,0009$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Poecile lugubris*, sonra *Cyanistes caeruleus* ve daha sonra *Periparus ater*, ND2 geni için ise *Periparus ater* sonra *Poecile lugubris* ve daha sonra *Cyanistes caeruleus*'un takip ettiği bulunmuştur. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Kvist et al. (2003) yapmış oldukları çalışmada *Parus major* türünün alttür gruplarının genetik yapısını araştırarak filogenisini incelemişlerdir. Alttür gruplarının monofiletik olduğunu ve gruplar arası genetik çeşitliliğin farklı olduğunu bulmuşlardır. Ancak bu genetik çeşitliliğin bir sonucu olarak alttür gruplarının tam olarak tür olmadığını, hibridizasyonun hala geçerli olduğunu vurgulamışlardır. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular ile benzerlik göstermektedir.

Periparus ater türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve Genbank veri tabanında karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 5 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanında 5 haplotip de %95-96 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilerek Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiş, ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0017\pm 0,0008$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Poecile lugubris* ve *Parus major* olduğu tespit edilmiş olup bunun COI gen bölgesi *Sylvia atricapilla*, ND2 geni için *Cyanistes caeruleus* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların kısmen uyumlu olduğu tespit edilmiştir. Johnsen vd., (2010) yapmış oldukları çalışmada İskandinavya kuşlarının DNA barkodlamasında *Periparus ater* türünün tür içi genetik çeşitliliğinin yüksek olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemekle birlikte bunun nedeninin sadece bir lokalitede çalışmış olmamızda kaynaklandığı düşünülmektedir. Bir diğer çalışmada ise sonuçlarımızı destekler bir şekilde Akdeniz populasyonundaki genetik çeşitlilik indekslerinin kıta populasyonlarına göre düşük düzeyde olduğunu bulmuşlardır (Pentzold vd., 2013). Birçok çalışmada evrimsel adaptasyon sürecinde farklı coğrafyalarda yaşayan aynı türe ait populasyonlar arasında varyasyonlar meydana geldiği ortaya konulmuştur (Kennedy vd., 2016; Knott vd., 2017; Jetz vd., 2014)

Cyanistes caeruleus türünden 4 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 geni için 4 haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırma yapıldığında 3 haplotipin %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiş, ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0029\pm 0,0012$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Parus major*, *Poecile lugubris* ve *Periparus ater* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olduğu tespit edilmiştir. Stervander vd. (2015) yapmış oldukları filogenomik çalışmada Kanarya Adalarında bulunan *Cyanistes spp.* ait populasyonun evrimsel geçmişi ve genetik yapısını incelemişlerdir. *Cyanistes caeruleus* ile *Cyanistes cyanus* türlerinin populasyonları filogenetik ağaçta içiçe girmiş olup türlerde genetik çeşitlilik düşük bulunmuştur. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir.

Poecile lugubris türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiştir. BOLD veri tabanında karşılaştırma yapıldığında %99,33-99,83 eşleşme, GenBank veri tabanında %99 eşleşme ile 2 haplotipin ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0020 \pm 0,0011$) düşük olduğu, ND2 geni için ise tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0004 \pm 0,0004$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Parus major*, *Periparus ater* ve *Cyanistes caeruleus* iken ND2 geni için türün en yakın akrabası *Periparus ater*, *Parus major* ve *Cyanistes caeruleus* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Johansson vd. (2013) yapmış oldukları filogenetik çalışmada *Poecile lugubris* türünün ve alttürlerinin genetik yapısını ayrıntılı olarak incelemiş olup elde edilen filogenetik ağacın son sınıflandırma ile uyumlu olduğunu bulmuşlardır. Ayrıca *Poecile lugubris* ve *Poecile palustris* türlerinin monofiletik olmayan bir grup olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir.

Aegithalos caudatus türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 2 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI ve ND2 gen bölgeleri için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Phoenicurus phoenicurus*, *Erithacus rubecula* ve *Poecile lugubris* iken ND2 geni için türün en yakın akrabası *Sylvia atricapilla*, *Phoenicurus phoenicurus* ve *Sylvia curruca* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların tam olarak uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Päckert vd. (2010) yapmış oldukları filoogenetik çalışmada *Aegithalos caudatus* türünün tür içi genetik çeşitliliği düşük bulunmuştur. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemekte ve yapılan çalışmamızda tür içi genetik çeşitlilik belirlenmemiştir. Bu da bize sadece barkodlama geni ile bir lokaliteden yapılan çalışmanın türün evrimsel yapısını ortaya koymakta yeterli olmadığını göstermektedir.

Sitta krueperi türünden 3 bireyin COI gen bölgesi için 2 haplotip tespit edilmiş olup, BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,67, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile 1 haplotip ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 3 farklı haplotip tespit edilmiş olup, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0022 \pm 0,0016$) düşük olduğu, ND2 geni için tür içi genetik çeşitliliğin de ($0,0043 \pm 0,0018$) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Periparus ater*, *Cyanistes caeruleus* ve *Parus major* iken ND2 geni için türün en yakın akrabası *Certhia brachydactyla*, *Poecile lugubris* ve *Garrulus glandarius* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olmadığı tespit edilmiştir. Albayrak vd. (2012) yapmış oldukları çalışmada Anadolu'ya endemik olan *Sitta krueperi* türünün Antalya bölgesinde kendine özgü 4 farklı haplotip tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermektedir.

Certhia brachydactyla türünden 3 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip BOLD veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99,83, GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI ve ND2 genleri için tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Poecile lugubris*, *Cyanistes caeruleus* ve *Fringilla coelebs* iken ND2 geni için *Phoenicurus phoenicurus*, *Parus major* ve *Garrulus glandarius* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olmadığı bulunmuştur. Tür ile ilgili literatür çalışmaları yeterli düzeyde olmadığından yapmış olduğumuz çalışma bu eksikliği gidermeye yardımcı olacaktır.

Garrulus glandarius türünden 3 bireyin COI gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. Bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI ve ND2 genleri için tür içi

genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Sylvia atricapilla*, *Poecile lugubris* ve *Turdus merula* iken ND2 geni için *Parus major*, *Poecile lugubris* ve *Periparus ater* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olmadığı bulunmuştur. Saitoh vd., 2015 yapmış oldukları DNA barkodlama çalışmasında Japonya’ da *Garrulus glandarius* türünün yüksek tür içi genetik çeşitliliğe sahip olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemektedir. Yapılan birçok filocoğrafya çalışmasında farklı coğrafik alanda yayılım gösteren türlerin varyasyon oranları ve evrimsel ilişkileri birbirinden farklılık göstermektedir (Haring vd., 2007; Zink 2008; Joseph ve Omland 2009).

Passer domesticus türünden 4 bireyin COI gen bölgesi için 2 haplotip tespit edilmiştir. Bu 2 haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 1 haplotip tespit edilmiştir. bu haplotip GenBank veri tabanı ile karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0008 \pm 0,0008$) düşük olduğu, ND2 geni için tür içi genetik çeşitliliğin olmadığı tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI geni için türün en yakın akrabası *Periparus ater*, *Poecile lugubris* ve *Sylvia atricapilla* iken ND2 geni için *Fringilla coelebs*, *Poecile lugubris* ve *Parus major* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların uyumlu olmadığı bulunmuştur. Aliabadian vd., 2009 yapmış oldukları DNA barkodlama çalışmasında *Passer domesticus* türünde tür içi düşük genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgularla benzerlik göstermektedir. Türün yapılan başka bir çalışmasında *Passer domesticus* ve *Passer hispaniolensis* türlerinde genetik çeşitliliği inceleyerek farklı alanlarda yüksek tür içi genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir (Ait Belkacem vd., 2016). Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemekte olup, filocoğrafya çalışması yapılan ve farklı coğrafik alanda yayılım gösteren türlerin varyasyon oranları ve evrimsel ilişkileri birbirinden farklılık göstermektedir (Haring vd., 2007; Zink 2008; Joseph ve Omland 2009).

Fringilla coelebs türünden 5 bireyin COI gen bölgesi için 3 haplotip tespit edilmiştir. Bu 3 haplotip BOLD ve GenBank veri tabanlarıyla karşılaştırıldığında %100 eşleşme göstermiştir. ND2 gen bölgesi için 5 haplotip tespit edilmiştir. GenBank veri tabanında 4 haplotip %99 eşleşme ile ilk kez tarafımızdan tespit edilmesiyle Beydağlarına özgü gen kaynağımız olduğu saptanmıştır. COI geni için tür içi genetik çeşitliliğin ($0,0017 \pm 0,0011$)

düşük olduğu, ND2 geni için tür içi genetik çeşitliliğinde (0,0026±0,0010) düşük olduğu tespit edilmiştir. Türler arası genetik uzaklık incelendiğinde COI ve ND2 genleri için türün en yakın akrabası *Phoenicurus phoenicurus* olduğu tespit edilmiş olup bunun COI gen bölgesi *Passer domesticus* ve *Sylvia atricapilla*, ND2 geni için *Erithacus rubecula* ve *Passer domesticus* olduğu tespit edilmiştir. Bu bağlamda DNA barkodlama geni olan COI ile ND2 geninin oluşturduğu filogenetik ağaçların kısmen uyumlu olduğu tespit edilmiştir. Rodrigues vd.. (2014) Azor Adalarında yapmış oldukları çalışmada *Fringilla coelebs* türünde yüksek tür içi genetik çeşitlilik tespit etmişlerdir. Bu sonuçla elde ettiğimiz bulgular benzerlik göstermemekte olup, aynı türe ait bireylerin farklı alanlarda yaşayan popülasyonlarında varyasyon oralarının farklılık göstermesi evrimsel ilişkilerinin birbirinden farklı olmasına neden olmaktadır (Kirchman ve Franklin 2007; Dolman ve Joseph 2012).

6. SONUÇ

Tezin hipotezleri ‘Hipotez 1: Batı Toroslar’da yer alan Beydağları bölgesinde yayılım gösteren ötücü kuşların genetik çeşitliliğinin yüksek ve bölgeye özgü olduğu, Hipotez 2: DNA Barkodlamada kullanılan COI geninin, filogenetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan ND2 geni ile karşılaştırılması sonucunda türler arası genetik uzaklık ve oluşturulan filogenetik ağaçların birbirinden kısmen farklı olması beklenmektedir’ şeklindedir. Yapılan çalışmada Passeriformes takımına ait olan 17 türün DNA barkodlamasında kullanılan COI geni için ilk kez 28 farklı haplotipin %32,1 (9 haplotip) Beydağlarına özgü gen kaynağı olarak bulunmuştur. ND2 geni için ise ilk kez 35 haplotipin %77,1’i (27 haplotip) Beydağlarına özgü gen kaynağı olarak bulunmuştur. COI ve ND2 geni için tür içi genetik çeşitlilik gösteren 7 tür bulunmuş olup 10 türde ise tür içi genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Bu bulgular Hipotez 1’i desteklemektedir.

COI ile oluşturulan filogenetik ağaç ile ND2 geni ile oluşturulan filogenetik ağaç karşılaştırıldığında, türlerin ağaçtaki konumları ve birbirlerine olan genetik uzaklıkları farklılık göstermiştir. Türler arası genetik uzaklıkları bakımından COI ve ND2 gen bölgeleri karşılaştırıldığında, türlerin % 48’ inin en yakın akraba türünün farklı olduğu, en yakın ve en uzak akraba türler birlikte değerlendirildiğinde ise %77’ sinin farklı olduğu bulunmuş olması ve ayrıca türler arası genetik uzaklık bakımından COI ve ND2 arasında pozitif bir korelasyon ($r=0,621$; $p<0,01$) bulunmuş olmasına rağmen birbirlerinden istatistiksel olarak farklı olması ($p<0,05$) Hipotez 2’yi desteklemektedir.

Sonuç olarak, türlerin evrimsel akrabalık ilişkilerinin daha doğru ve daha gerçeğe yakın olarak açıklanabilmesi için sadece yaygın olarak kullanılan DNA barkodlama (COI) geni tek başına yeterli olmayıp, bu genin yanında farklı genler de kullanılmalıdır.

7. KAYNAKLAR

- Ait Belkacem, A., Gast, O., Stuckas, H., Canal, D., LoValvo, M., Giacalone, G., Packert, M., 2016. North African hybrid sparrows (*Passer domesticus*, *P. hispaniolensis*) back from oblivion ecological segregation and asymmetric mitochondrial introgression between parental species. *Ecology and Evolution*, 6(15), 5190–5206.
- Akin, C., Bilgin, C. C., Beerli, P., Westaway, R., Ohst, T., Litvinchuk, S. N., Plötner, J., 2010. Phylogeographic patterns of genetic diversity in eastern Mediterranean water frogs were determined by geological processes and climate change in the Late Cenozoic. *Journal of Biogeography*, 37(11), 2111–2124.
- Albayrak, T., 2011. Anthropogenic barriers to the distribution of the Grey Wolf (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) in the Beydaglari Mountains area, Turkey (Mammalia: Carnivora). *Zoology in the Middle East*, 52(June 2014), 11–16.
- Albayrak, T., Gonzalez, J., Drovetski, S. V., Wink, M., 2012. Phylogeography and population structure of Krüper's Nuthatch *Sitta krueperi* from Turkey based on microsatellites and mitochondrial DNA. *Journal of Ornithology*, 153(2), 405–411.
- Almeida Vieira, F., de Carvalho, D., 2008. Genetic structure of an insect-pollinated and bird-dispersed tropical tree in vegetation fragments and corridors: Implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 17(10), 2305–2321.
- Aliabadian, M., Alaei-Kakhki, N., Mirshamsi, O., Nijman, V., Roulin, A., 2016. Phylogeny, biogeography, and diversification of barn owls (Aves: Strigiformes). *Biol Journal Linn Soc*, 119(4), 904–918.
- Aliabadian, M., Beentjes, K. K., Roselaar, C. S. K., van Brandwijk, H., Nijman, V., Vonk, R., 2013. DNA barcoding of Dutch birds. *ZooKeys*, 365(SPEC.ISSUE), 25–48.
- Aliabadian, M., Kaboli, M., Nijman, V., Vences, M., 2009. Molecular identification of birds: Performance of distance-based DNA barcoding in three genes to delimit parapatric species. *PLoS ONE*, 4(1).
- Andel, V.T.H., Tzedakis, P. C., 2009. 25 . 000 Yıllar Öncesinde Paleolitik Döneme.
- Andersen, K., Bird, K. L., Rasmussen, M., Haile, J., Breuning-Madsen, H., Kjær, K. H., Willerslev, E., 2012. Meta-barcoding of “dirt” DNA from soil reflects vertebrate biodiversity. *Molecular Ecology*, 21(8), 1966–1979.
- Ashfaq, M., Akhtar, S., Khan, A. M., Adamowicz, S. J., Hebert, P. D. N., 2013. DNA barcode analysis of butterfly species from Pakistan points towards regional endemism, 832–843.
- Aubriot, X., Lowry, P. P., Cruaud, C., Couloux, A., Haevermans, T., 2013. DNA barcoding in a biodiversity hot spot: Potential value for the identification of Malagasy Euphorbia L. listed in CITES Appendices I and II. *Molecular Ecology Resources*, 13(1), 57–65.

- Avise, J. C., Arnold, J., Ball, R. M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J. E., Saunders, N. C., 1987. Intraspecific Phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge Between Population Genetics and Systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18(1), 489–522.
- Bilgin, R., Ebeoğlu, N., Inak, S., Kirpik, M. A., Horns, J. J., Şekercioğlu, H., 2016. DNA barcoding of birds at a migratory hotspot in eastern Turkey highlights continental phylogeographic relationships. *PLoS ONE*, 11(6), 1–17.
- Bilgin, R., Utkan, M. A., Kalkan, E., Karhan, S., Bekbolet, M., 2015. DNA barcoding of twelve shrimp species (Crustacea: Decapoda) from Turkish seas reveals cryptic diversity. *Mediterranean Marine Science*, 16(1), 36–45.
- Birks, S. M., Edwards, S. V., 2002. A phylogeny of the megapodes (Aves: Megapodiidae) based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 23(3), 408–421.
- Blaxter, M., 2016. Imagining Sisyphus happy: DNA barcoding and the unnamed majority. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 371(1702), 20150329.
- Breton, C., Tersac, M., Bervillé, A., 2006. Genetic diversity and gene flow between the wild olive (oleaster, *Olea europaea* L.) and the olive: Several Plio-Pleistocene refuge zones in the Mediterranean basin suggested by simple sequence repeats analysis. *Journal of Biogeography*, 33(11), 1916–1928.
- Bringloe, T. T., Adamowicz, S. J., Harvey, V. F. I., Jackson, J. K., Cottenie, K., 2016. Detecting signatures of competition from observational data: A combined approach using DNA barcoding, diversity partitioning and checkerboards at small spatial scales. *Freshwater Biology*, 61(5), 646–657.
- Briski, E., Cristescu, M. E., Bailey, S. A., MacIsaac, H. J., 2011. Use of DNA barcoding to detect invertebrate invasive species from diapausing eggs. *Biological Invasions*, 13(6), 1325–1340.
- Brodin, Y., Ejdung, G., Strandberg, J., Lyrholm, T., 2013. Improving environmental and biodiversity monitoring in the Baltic Sea using DNA barcoding of Chironomidae (Diptera). *Molecular Ecology Resources*, 13(6), 996–1004.
- Cai, Y., Yue, B., Jiang, W., Xie, S., Li, J., Zhou, M., 2010. DNA barcoding on subsets of three families in Aves. *Mitochondrial DNA*, 21(3–4), 132–137.
- Campagna, L., Lijtmaer, D. A., Kerr, K. C. R., Barreira, A. S., Hebert, P. D. N., Lougheed, S. C., Tubaro, P. L. (2010). DNA barcodes provide new evidence of a recent radiation in the genus *Sporophila* (Aves: Passeriformes). *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 449–458.
- Can, F., 2009. DNA barcoding confirms species rank for a cryptic geometrid species from Turkey and Bulgaria (Lepidoptera: Geometridae: Sterrhinae). *Zootaxa*, (2314), 63–68.
- Casiraghi, M., Labra, M., Ferri, E., Galimberti, A., Mattia, F. De., 2010. DNA barcoding : a

six-question tour to improve users' awareness about the method, *11*(4).

- Cerutti-pereyra, F., Meekan, M. G., Wei, N. V, Shea, O. O., Bradshaw, C. J. A., Austin, C. M., 2012. Identification of Rays through DNA Barcoding: An Application for Ecologists, *7*(6).
- Cesari, M., Bertolani, R., Rebecchi, L., Guidetti, R., 2009. DNA barcoding in Tardigrada: The first case study on *Macrobiotus macrocalix* Bertolani & Rebecchi 1993 (Eutardigrada, Macrobiotidae). *Molecular Ecology Resources*, *9*(3), 699–706.
- Chaitanya, L., Van Oven, M., Brauer, S., Zimmermann, B., Huber, G., Xavier, C., Kayser, M., 2016. High-quality mtDNA control region sequences from 680 individuals sampled across the Netherlands to establish a national forensic mtDNA reference database. *Forensic Science International: Genetics*, *21*, 158–167.
- Covas, R., Blondel, J., 1998. Biogeography and history of the Mediterranean bird fauna. *Ibis*, *140*, 395–407.
- Çiplak, B., 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: The importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, *12*(1), 47–64.
- Decaens, T., Porco, D., James, S. W., Brown, G. G., Chassany, V., Dubs, F., Roy, V., 2016. DNA barcoding reveals diversity patterns of earthworm communities in remote tropical forests of French Guiana. *Soil Biology and Biochemistry*, *92*, 171–183.
- Demirel, R., 2016. Comparison of rDNA regions (ITS, LSU, and SSU) of some *Aspergillus*, *Penicillium*, and *Talaromyces* spp. *Turkish Journal of Botany*, *40*, 576–583.
- Demirsoy, A., 1999. *Canlıların Evrimi* (TÜBİTAK Bi). 375.
- Dennis, R. L. H., Dapporto, L., Dover, J. W., Shreeve, T. G., 2013. Corridors and barriers in biodiversity conservation: A novel resource-based habitat perspective for butterflies. *Biodiversity and Conservation*, *22*(12), 2709–2734.
- Dietzen, C., Garcia-Del-Rey, E., Castro, G. D., Wink, M., 2008. Phylogenetic differentiation of *Sylvia* species (Aves: Passeriformes) of the Atlantic islands (Macaronesia) based on mitochondrial DNA sequence data and morphometrics. *Biological Journal of the Linnean Society*, *95*(1), 157–174.
- Dimcheff, D. E., Drovetski, S. V., Mindell, D. P., 2002. Phylogeny of Tetraoninae and other galliform birds using mitochondrial 12S and ND2 genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *24*(2), 203–215.
- Dolman, G., Joseph, L., 2012. A species assemblage approach to comparative phylogeography of birds in Southern Australia. *Ecology and Evolution*, *2*(2), 354–369.
- Dove, C. J., Rotzel, N. C., Heacker, M., Weigt, L. a., 2008. Using DNA Barcodes to Identify Bird Species Involved in Birdstrikes. *Journal of Wildlife Management*, *72*(5), 1231–1236.

- Filiz, E., 2012. Afyon Kocatepe Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi Bitkilerde DNA Barkotları DNA Barcodes in Plants, *12*, 53–57.
- Galimberti, A., Spinelli, S., Bruno, A., Mezzasalma, V., De Mattia, F., Cortis, P., Labra, M., 2016. Evaluating the efficacy of restoration plantings through DNA barcoding of frugivorous bird diets. *Conservation Biology*, *30*(4), 763–773.
- Ganopoulos, I., Bazakos, C., Madesis, P., Kalaitzis, P., Tsaftaris, A., 2013. Barcode DNA high-resolution melting (Bar-HRM) analysis as a novel close-tubed and accurate tool for olive oil forensic use. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, *93*(9), 2281–2286.
- Gathier, G., van der Niet, T., Peelen, T., van Vugt, R. R., Eurlings, M. C. M., Gravendeel, B., 2013. Forensic Identification of CITES Protected Slimming Cactus (Hoodia) Using DNA Barcoding. *Journal of Forensic Sciences*, *58*(6), 1467–1471.
- Gonzalez-Varo, J. P., Arroyo, J. M., Jordano, P., 2014. Who dispersed the seeds The use of DNA barcoding in frugivory and seed dispersal studies. *Methods in Ecology and Evolution*, *5*(8), 806–814.
- Gunay, F., Alten, B., Simsek, F., Aldemir, A., Linton, Y. M., 2015. Barcoding Turkish Culex mosquitoes to facilitate arbovirus vector incrimination studies reveals hidden diversity and new potential vectors. *Acta Tropica*, *143*, 112–120.
- Gill, F., B. 2007. Ornithology, W. H. Freeman & Company Publishing, New York
- Haring, E., Gamauf, A., Kryukov, A., 2007. Phylogeographic patterns in widespread corvid birds. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, *45*(3), 840–862.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., Jeremy, R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes, (September 2002), 313–321.
- Hebert, P. D. N., Gregory, T. R., 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*, *54*(5), 852–859.
- Hebert, P. D. N., Stoeckle, M. Y., Zemplak, T. S., Francis, C. M., 2004. Identification of Birds through DNA Barcodes, *2*(10).
- Hickerson, M. J., Meyer, C. P., Moritz, C., 2006. DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Systematic Biology*, *55*(5), 729–739.
- Hogner, S., Laskemoen, T., Lifjeld, J. T., Porkert, J., Kleven, O., Albayrak, T., Johnsen, A., 2012. Deep sympatric mitochondrial divergence without reproductive isolation in the common redstart phoenicurus phoenicurus. *Ecology and Evolution*, *2*(12), 2974–2988.
- Huang, Z. H., Tu, F. Y., Liao, X. J., 2015. DNA barcoding and phylogenetic relationships of genera Picoides and Dendrocopos (Aves: Picidae). *Genetics and Molecular Research*, *14*(4), 18370–18375.
- Hughes, A. L., 1999. *Adaptive Evolution of Genes and Genomes*. New york: Oxford University.

- Huynen, L., Lambert, D. M., 2014. Complex species status for extinct moa (Aves: Dinornithiformes) from the genus *Euryapteryx*. *PLoS ONE*, 9(3).
- Jakob, S. S., Ihlow, A., Blattner, F. R., 2007. Combined ecological niche modelling and molecular phylogeography revealed the evolutionary history of *Hordeum marinum* (Poaceae) - Niche differentiation, loss of genetic diversity, and speciation in Mediterranean Quaternary refugia. *Molecular Ecology*, 16(8), 1713–1727.
- Jetz, W., Thomas, G. H., Joy, J. B., Redding, D. W., Hartmann, K., Mooers, A. O., 2014. Global Distribution and Conservation of Evolutionary Distinctness in Birds. *Current Biology*, 24(9), 919–930.
- Johansson, U. S., Ekman, J., Bowie, R. C. K., Halvarsson, P., Ohlson, J. I., Price, T. D., Ericson, P. G. P., 2013. A complete multilocus species phylogeny of the tits and chickadees (Aves: Paridae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69(3), 852–860.
- Johnsen, A., Rindal, E., Ericson, P. G. P., Zuccon, D., Kerr, K. C. R., Stoeckle, M. Y., Lifjeld, J. T., 2010. DNA barcoding of Scandinavian birds reveals divergent lineages in trans-Atlantic species. *Journal of Ornithology*, 151(3), 565–578.
- Joseph, L., Omland, K. E., 2009. Phylogeography: Its development and impact in Australo-Papuan ornithology with special reference to paraphyly in Australian birds. *Emu*, 109(1), 1–23.
- Kabasakal, B., Albayrak, T., 2012. Offspring sex ratios and breeding success of a population of the Great Tit, *Parus major* (Aves: Passeriformes). *Zoology in the Middle East*, 57(1), 27–34.
- Kennedy, J. D., Borregaard, M. K., Jønsson, K. A., Holt, B., Fjeldså, J., Rahbek, C., Kennedy, J. D., 2016. Does the colonization of new biogeographic regions influence the diversification and accumulation of clade richness among the Corvides (Aves: Passeriformes) *Evolution*, 1–37.
- Kerr, K. C., Birks, S. M., Kalyakin, M. V, Red'kin, Y. a, Koblik, E. a, Hebert, P. D., 2009. Filling the gap - COI barcode resolution in eastern Palearctic birds. *Frontiers in Zoology*, 6, 29.
- Kerr, K. C. R., Lijtmaer, D. A., Barreira, A. S., Hebert, P. D. N., Tubaro, P. L., 2009. Probing evolutionary patterns in neotropical birds through DNA barcodes. *PLoS ONE*, 4(2).
- Kerr, K. C. R., Stoeckle, M. Y., Dove, C. J., Weigt, L. A., Francis, C. M., Hebert, P. D. N., 2007. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Notes*, 7(4), 535–543.
- Keskin, E., 2013. DNA Barkodlama : Mitokondriyal COI Geni Kullanılarak Moleküler Tanımlama DNA Barcoding : Molecular Identification Using Mitochondrial COI Gene, 6(2), 1–8.
- Keskin, E., Atar, H., 2013. DNA barcoding commercially important fish species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 788–797.
- Kirchman, J. J., Franklin, J. D., 2007. Comparative phylogeography and genetic structure of

- Vanuatu birds: Control region variation in a rail, a dove, and a passerine. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(1), 14–23.
- Klicka, J., Voelker, G., Spellman, G. M., 2005. A molecular phylogenetic analysis of the “true thrushes” (Aves: Turdinae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 34(3), 486–500.
- Knott, B., Berg, M. L., Ribot, R. F. H., Endler, J. A., Bennett, A. T. D., 2017. Intraspecific geographic variation in rod and cone visual pigment sensitivity of a parrot, *Platyercus elegans*. *Scientific Reports*, 7(October 2016), 41445.
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., Erickson, D. L., 2015. DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 30(1), 25–35.
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., Janzen, D. H., 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(23), 8369–74.
- Kvist, L., Martens, J., Higuchi, H., Nazarenko, A. A., Valchuk, O. P., Orell, M., 2003. Evolution and genetic structure of the great tit (*Parus major*) complex. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1523), 1447–1454.
- Laiou, A., Mandolini, L. A., Piredda, R., Bellarosa, R., Simeone, M. C., 2013). DNA barcoding as a complementary tool for conservation and valorisation of forest resources. *ZooKeys*, 365(SPEC.ISSUE), 197–213.
- Lavinia, P. D., Kerr, K. C. R., Tubaro, P. L., Hebert, P. D. N., Lijtmaer, D. A., 2016. Calibrating the molecular clock beyond cytochrome b: Assessing the evolutionary rate of COI in birds. *Journal of Avian Biology*, 47(1), 84–91.
- Mag, P., Chao, Z., Liao, J., Liang, Z., Huang, S., Zhang, L., Li, J., 2014. Cytochrome C oxidase subunit I barcodes provide an efficient tool for Jinqian Baihua She (*Bungarus parvus*) authentication, 449–458.
- Marletta, D., Tupac-Yupanqui, I., Bordonaro, S., Garca, D., Guastella, A. M., Criscione, A., Dunner, S., 2006. Analysis of genetic diversity and the determination of relationships among western Mediterranean horse breeds using microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123(5), 315–325.
- Marzal, A., Albayrak, T., 2012. Geographical variation of haemosporidian parasites in Turkish populations of Krueper’s Nuthatch *Sitta krueperi*. *Journal of Ornithology*, 153(4), 1225–1231.
- Moore, W. S., 1995. Inferring Phylogenies from mtDNA Variation: Mitochondrial-Gene Trees Versus Nuclear-Gene Trees. *Evolution*, 49(4), 718–726.
- Nabholz, B., Lanfear, R., Fuchs, J., 2016. Body mass-corrected molecular rate for bird mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*, 25(18), 4438–4449.
- Nicolè, S., Erickson, D. L., Ambrosi, D., Bellucci, E., Lucchin, M., Papa, R., Barcaccia, G., 2011. Biodiversity studies in *Phaseolus* species by DNA barcoding. *Genome / National Research Council Canada = Genome / Conseil National de Recherches Canada*, 54(7),

- Nikinmaa, M., 2014. What is biodiversity – Stepping forward from barcoding to understanding biological differences. *Marine Genomics*, 17, 65–67.
- Olsson, U., Leader, P. J., Carey, G. J., Khan, A. A., Svensson, L., Alström, P., 2013. New insights into the intricate taxonomy and phylogeny of the *Sylvia curruca* complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 67(1), 72–85.
- Özşensoy, Y., Kurar, E., 2012. Markör Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmaları – 1. Kullandığımız Marker Systems and Applications in Genetic Characterization Studies, 10(2), 11–19.
- Päckert, M., Sun, Y. H., Strutzenberger, P., Valchuk, O., Tietze, D. T., Martens, J., 2015. Phylogenetic relationships of endemic bunting species (Aves, Passeriformes, Emberizidae, *Emberiza koslowi* from the eastern Qinghai-Tibet Plateau. *Vertebrate Zoology*, 65(1), 135–150.
- Päckert Martin, M. J., Sun Yue-Hua., 2010. Phylogeny of long-tailed tits and allies inferred from mitochondrial and nuclear markers (Aves: Passeriformes, Aegithalidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55, 952–967.
- Partecke, J., Gwinner, E., Bensch, S., 2006. Is urbanisation of European blackbirds (*Turdus merula*) associated with genetic differentiation? *Journal of Ornithology*, 147(4), 549–552.
- Payevsky, V. A., 2014. Phylogeny and classification of passerine birds, passeriformes. *Biology Bulletin Reviews*, 4(2), 143–156.
- Pentzold, S., Tritesch, C., Martens, J., Tietze, D. T., Giacalone, G., Valvo, M. Lo, Päckert, M., 2013. Where is the line? Phylogeography and secondary contact of western Palearctic coal tits (*Parus ater*: Aves, Passeriformes, Paridae). *Zoologischer Anzeiger*, 252(3), 367–382.
- Perktas, U., Barrowclough, G. F., Groth, J. G., 2011. Phylogeography and species limits in the green woodpecker complex (Aves: Picidae): multiple Pleistocene refugia and range expansion across Europe and the Near East. *Biological Journal of the Linnean Society*, 104(3), 710–723.
- Procházka, P., Stokke, B. G., Jensen, H., Fainová, D., Bellinva, E., Fossøy, F., Soler, M., 2011. Low genetic differentiation among reed warbler *Acrocephalus scirpaceus* populations across Europe. *Journal of Avian Biology*, 42(2), 103–113.
- Randi, E., Lucchini, V., Hennache, A., Kimball, R. T., Braun, E. L., Ligon, J. D., 2001. Evolution of the mitochondrial DNA control region and cytochrome b genes and the inference of phylogenetic relationships in the avian genus *Lophura* (Galliformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 19(2), 187–201.
- Rao, R., Rivers, A., Rahimi, A., Wooldridge, R., Rao, M., Leitch, M., Haley, B. B., 2017. Genetic Ancestry using Mitochondrial DNA in patients with Triple-negative breast cancer (GAMiT study). *American Cancer Society*, 123(1), 107–113.

- Rege, J. E. O., Gibson, J. P., 2003. Animal genetic resources and economic development: Issues in relation to economic valuation. *Ecological Economics*, 45(3), 319–330.
- Rocha, T. C., Sequeira, F., Aleixo, A., Rêgo, P. S., Sampaio, I., Schneider, H., Vallinoto, M., 2015. Molecular phylogeny and diversification of a widespread Neotropical rainforest bird group: The Buff-throated Woodcreeper complex, *Xiphorhynchus guttatus/susurrans* (Aves: Dendrocolaptidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 85, 131–140.
- Rodrigues, P., Lopes, R. J., Drovetski, S. V., Reis, S., Ramos, J. A., da Cunha, R. T., 2013. Phylogeography and genetic diversity of the Robin (*Erithacus rubecula*) in the Azores Islands: Evidence of a recent colonisation. *Journal of Ornithology*, 154(4), 889–900.
- Rodrigues, P., Lopes, R. J., Reis, S., Resendes, R., Ramos, J. A., Tristão da Cunha, R., 2014. Genetic diversity and morphological variation of the common chaffinch *Fringilla coelebs* in the Azores. *Journal of Avian Biology*, 45(2), 167–178.
- Saitoh, T., Sugita, N., Someya, S., Iwami, Y., Kobayashi, S., Kamigaichi, H., Nishiumi, I., 2015. DNA barcoding reveals 24 distinct lineages as cryptic bird species candidates in and around the Japanese Archipelago. *Molecular Ecology Resources*, 15(1), 177–186.
- Schoch, C. L., Seifert, K. a., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. a., Schindel, D., 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(16), 1–6.
- Schrey, A. W., Grispo, M., Awad, M., Cook, M. B., McCoy, E. D., Mushinsky, H. R., Martin, L. B., 2011. Broad-scale latitudinal patterns of genetic diversity among native European and introduced house sparrow (*Passer domesticus*) populations. *Molecular Ecology*, 20(6), 1133–1143.
- Segelbacher, G., Rolshausen, G., Weis-Dootz, T., Serrano, D., Schaefer, H. M., 2008. Isolation of 10 tetranucleotide microsatellite loci in the blackcap (*Sylvia atricapilla*). *Molecular Ecology Resources*, 8(5), 1108–1110.
- Shapiro, B., 2016. Pathways to de-extinction: How close can we get to resurrection of an extinct species? *Functional Ecology*.
- Spicer, G. S., Dunipace, L., 2004. Molecular phylogeny of songbirds (Passeriformes) inferred from mitochondrial 16S ribosomal RNA gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 30(2), 325–335.
- Stervander, M., Alström, P., Olsson, U., Ottosson, U., Hansson, B., Staffan, B., 2016. Multiple instances of paraphyletic species and cryptic taxa revealed by mitochondrial and nuclear RAD data for *Calandrella* larks (Aves: Alaudidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 102, 233–245.
- Stervander, M., Illera, J. C., Kvist, L., Barbosa, P., Keehnen, N. P., Pruijscher, P., Hansson, B., 2015. Disentangling the complex evolutionary history of the Western Palearctic blue tits (*Cyanistes* spp.) - Phylogenomic analyses suggest radiation by multiple colonization events and subsequent isolation. *Molecular Ecology*, 24(10), 2477–2494.

- Tan, A. M., Wake, D. B., 1995. MtDNA phylogeography of the California newt, *Taricha torosa* (Caudata, Salamandridae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*.
- Tavares, E. S., Gonçalves, P., Miyaki, C. Y., Baker, A. J., 2011. DNA barcode detects high genetic structure within neotropical bird species. *PLoS ONE*, 6(12).
- Tezcan, M., Vlachonasios, K., Aki, C., 2010. DNA barcoding study on *Sideritis trojana* bornm. An endemic medicinal plant of IDA mountain, Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*, 19(7), 1352–1355.
- Theodoridis, S., Stefanaki, A., Tezcan, M., Aki, C., Kokkini, S., Vlachonasios, K. E., 2012. DNA barcoding in native plants of the Labiatae (Lamiaceae) family from Chios Island (Greece) and the adjacent Çeşme-Karaburun Peninsula (Turkey). *Molecular Ecology Resources*, 12(4), 620–633.
- Thomassen, H. A., Buermann, W., Milá, B., Graham, C. H., Cameron, S. E., Schneider, C. J., Smith, T. B., 2010. Modeling environmentally associated morphological and genetic variation in a rainforest bird, and its application to conservation prioritization. *Evolutionary Applications*, 3(1), 1–16.
- Tris, J. P., Bensch, S., Carbonell, R., Helbig, A., Tellería, J. L., 2004. Historical Diversification of Migration Patterns in a Passerine Bird. *Evolution*, 58(8), 1819–1832.
- Turner, W., Rondinini, C., Pettorelli, N., Mora, B., Leidner, A. K., Szantoi, Z., Woodcock, C., 2015. Free and open-access satellite data are key to biodiversity conservation. *Biological Conservation*, 182, 173–176.
- Wallace, D. C., 2016. Genetics: Mitochondrial DNA in evolution and disease. *Nature*, 535, 498–500.
- Waugh, J., Evans, M. W., Millar, C. D., Lambert, D. M., 2010. Birdstrikes and barcoding: can DNA methods help make the airways safer? *Molecular Ecology Resources*, no-no.
- Webb, K. E., Barnes, D. K. A., Clark, M. S., Bowden, D. A., 2006. DNA barcoding: A molecular tool to identify Antarctic marine larvae. *Deep-Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 53(8–10), 1053–1060.
- Woelders, H., Zuidberg, C. a, Hiemstra, S. J., 2006. Animal genetic resources conservation in the Netherlands and Europe: poultry perspective. *Poultry Science*, 85, 216–222.
- Xu, J., 2016. Fungal DNA barcoding 1. *Genome*, 932(August), 1–20.
- Zhang, H., Li, Y., Wu, X., Xue, H., Yan, P., Wu, X.-B., 2016. The complete mitochondrial genome of *Garrulax perspicillatus* (Passeriformes, Timaliidae). *Mitochondrial DNA*, 27(2), 1265–1266.
- Zink, R. M., 2008. Comparative Phylogeography in North American Birds Author (s): Robert M . Zink Published by: Society for the Study of Evolution Stable URL : <http://www.jstor.org/stable/2410802>, 50(1), 308–317.

Zink, R. M., Pavlova, A., Drovetski, S., Wink, M., Rohwer, S., 2009. Taxonomic status and evolutionary history of the *Saxicola torquata* complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 52(3), 769–773.



ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Pınar ÖĞE

Doğum Yeri /Yılı : Ermenek/17.04.1990

Medeni Hali : Bekâr

Yabancı Dili : İngilizce



Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Naciye Mumcuoğlu Lisesi / Konya, 2007

Lisans : Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi,
Biyoloji Bölümü/ Burdur, 2013

Yüksek Lisans :Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü,
Biyoloji Bölümü / Burdur

Katıldığı Bilimsel Toplantılar

Uluslararası:

- ✓ 5th International Eurasian Ornithology Congress, Çanakkale, May 10-13, 2016, Turkey
- ✓ International Institute of Engineers and Researchers, December 12, 2015, Thaliand
- ✓ European Ornithologist Union, Badajoz, August 24 – 28, 2015, Spain
- ✓ International Workshop on Avian Ecology and Molecular Ornithology, Burdur, November 14-15, 2014, Turkey
- ✓ 7th International Symposium on Ecology and Environmental Problems, Antalya, December 18-21, 2013, Turkey

Ulusal:

- ✓ ‘Anadolu endemik memelilerinin yayılış alanlarının ve genetic çeşitliliklerinin belirlenmesi, öncelikli koruma alanlarının önerilmesi’ başlıklı TÜBİTAK 1001 Projesi kapsamında, **Koruma Genetiği Çalıştayı**, Bülent Ecevit Üniversitesi, 5-9 Ekim, 2015
- ✓ 3. Bilimsel Araştırmalarda Deney Hayvanları Kullanım Kursu, Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, 23 Haziran-02 Temmuz, 2014

- ✓ Ekolojik Arařtırmalar Derneđi, Deniz Kaplumbađası Koruma ve Arařtırma alıřması, Belek, 01-31 Temmuz, 2013
- ✓ Burdur Gölü Sorunları ve özüm Yolları alıřtayını, Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, 13-15 Nisan, 2011
- ✓ Türkiye’ de Kara Salyangozu Üretim, İşleme ve Pazarlama Yöntemleri, Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi, 24-26 Aralık, 2009

Gerçekleřtirdiđi alıřmalar

- ✓ ‘The mtDNA-COI Barcoding Of Songbirds (Aves: Passeriformes) Of Beydagları And Its Comparison With Phylogenetic Trees Formed By The mtDNA-ND2 Gene’ (poster sunumu)
- ✓ ‘Phylogeography of Chaffinch Fringilla Coelebs From Turkey Based On Morphometrical And Mitochondrial DNA’ (yardımcı konuşmacı)
- ✓ ‘ALTITUDE and HOTSPOTS of SONGBIRDS (Passeriformes) in TURKEY’ (poster sunumu)
- ✓ ‘Why The Bill Lengths of Females Is Longer Than Those Of Males In Great Tits Parus Major In Turkey: A Preliminary Study’ (poster sunumu)
- ✓ ‘Burdur Gölü Kıyı Şeridinden Alınan Örneklerde Genel Mikrobiyolojik Analizler’ (lisans bitirme tezi ve poster sunumu)
- ✓ T.C. Orman Su İşler Bakanlığı ve Dođa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü’ nün düzenlemiř olduđu ‘ **Burdur İli Dođa Eğitimleri**’ projesi kapsamında ortaöđretim öđrencilerine seminer sunumu (konuşmacı)