



TÜRKİYE CUMHURİYETİ
ANKARA ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



ANDROCTONUS CRASSICAUDA
(OLIVIER, 1807; SCORPIONES: BUTHIDAE)'NİN
GENOTİPLENDİRİLMESİ VE FİLOGENETİK
KONUMU

Özcan ÖZKAN

PARAZİTOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN
Prof. Dr. K.Zafer KARAER

2009- ANKARA

TÜRKİYE CUMHURİYETİ
ANKARA ÜNİVERSİTESİ
SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ANDROCTONUS CRASSICAUDA
(OLIVIER, 1807; SCORPIONES: BUTHIDAE)'NİN
GENOTİPLENDİRİLMESİ VE FİLOGENETİK
KONUMU

Özcan ÖZKAN

PARAZİTOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

DANIŞMAN
Prof. Dr. K. Zafer KARAER

2009- ANKARA

Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü
Parazitoloji Anabilim Dalı, Protozooloji ve Entomoloji Doktora **Programı**
çerçevesinde yürütülmüş olan bu çalışma, aşağıdaki jüri tarafından
Doktora **Tezi** olarak kabul edilmiştir.
Tez Savunma Tarihi: 10/07/2009



Prof. Dr. Ayşe BURGU
Ankara Üniversitesi
Jüri Başkanı



Prof. Dr. Zafer KARAER
Ankara Üniversitesi
Raportör (Danışman)



Prof. Dr. Ayşe ÇAKMAK
Ankara Üniversitesi



Prof. Dr. Arif KURTDEDE
Ankara Üniversitesi



Prof. Dr. Mehmet TANYÜKSEL
GATA

İÇİNDEKİLER

Kabul ve Onay	ii
İçindekiler	iii
Önsöz	vi
Simgeler ve Kısaltmalar	vii
Şekiller	x
Çizelgeler	xviii
1. GİRİŞ	1
1.1.Evrimleri	6
1.2. Akrelerin Genel Özellikleri	8
1.2.1. Morfoloji	8
1.2.1.1. Akrelerin Dış Yapısı.....	9
1.2.2. Abdomen (Opistosoma)	16
1.2.3. Akrelerin İç Yapısı.....	18
1.2.3.1. Sindirim Sistemi.....	18
1.2.3.2. Boşaltım Sistemi.....	19
1.2.3.3. Dolaşım Sistemi	19
1.2.3.4. Sinir Sistemi	22
1.2.3.5. Solunum Sistemi.....	22
1.2.3.6. Salgı Sistemi	24
1.2.3.7. Görme Organları	24
1.2.3.8. Genital Organlar	24
1.2.3.9. Duyu Sistemleri	25
1.4. Yaşam Biçimleri.....	25
1.4.1. Doğal Ortamları	25
1.4.2. Beslenmeleri.....	27
1.4.3. Üremeleri.....	28
1.4.3.1. Çiftleşmeleri.....	28
1.4.3.2. Gebelikleri ve Embriyolojik Gelişim	31
1.4.3.3. Doğumları	33
1.4.3.4. Yavruların Gelişimi	35
1.4.3.5. Yavruların Oryantasyonu	36
1.4.3.6. Gömlek Değişimi	37
1.5. Akrelerin Taksonomisi	38
1.6. Türkiye Akrepleri	40
1.6.1. Türkiye Akrepleri Teşhis Anahtarı	42
1.6.2. Buthidae (C. L. Koch, 1837) Ailesi	45
1.6.2.1. Androctonus (Hemprich & Ehrenberg, 1829) Soyu	46
1.6.2.1.1. <i>Androctonus crassicauda</i> (Olivier, 1807).....	46
1.6.2.1.1.1. Morfolojik Özellikleri	47
1.6.2.1.1.2. Habitat	49
1.6.2.1.1.3. Coğrafik Dağılımı.....	49
1.7. Genotiplendirme	50
1.7.1. Tür Kavramı.....	50
1.7.1.1. Tür Oluşumu.....	51
1.7.1.2. Alt Tür Kavramı.....	53
1.7.2. Tür Tespitinde Kullanılan Morfolojik Tekniklerin Önemi	54

1.7.3. Genetik Tekniklerin Tür Tespitinde Kullanımı	54
1.7.4. Moleküler Sistematikte Kullanılan Genetik Teknikler.....	55
1.7.4.1. Deoksiribo Nükleik Asit (DNA).....	56
1.7.4.1.1. Mitokondrial DNA (mtDNA).....	59
1.7.4.1.2. mtDNA Gen Bölgesinin Seçimi.....	60
1.7.5. Genomik DNA izolasyonu.....	62
1.8. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction - PCR)	62
1.8.1. Taq Polimeraz	66
1.8.2. PCR Avantajları	67
1.9. Sekanslama Prensipleri.....	68
1.10. DNA Dizi Analizi Yöntemi	68
1.11. Genetik Analiz	70
1.11.1. Analiz Yöntemleri	71
1.11.1.1. Filogenetik Analiz	71
1.11.1.1.1. Moleküler Filogenetik Analiz.....	72
1.11.1.1.2. Filogenetik Ağaç.....	75
1.11.1.1.2.1. Filogenetik Ağaç Oluşturma	75
2. GEREÇ ve YÖNTEM	78
2.1. Gereç.....	78
2.1.1. Çalışma Sahası	78
2.1.1.1. Çalışma Sahasının Coğrafik Konumu	78
2.1.1.2. Çalışma Sahasının İklimi	79
2.1.1.3. GAP'nin Çalışma Sahasındaki Ekosisteme Olan Olan Etkisi	79
2.1.2. Morfolojik Ölçümlerde Kullanılan Araç ve Gereçler	80
2.1.3. Genetik Çalışmada Kullanılan Araç – Gereçler ve Kimyasallar.....	80
2.1.3.1. DNA İzolasyonu.....	80
2.1.3.2. PCR Amplifikasyonunda Kullanılan Malzeme ve Kimyasallar.....	81
2.1.3.3. PCR Ürününün Görüntülenmesinde Kullanılan Malzemeler	82
2.2 Yöntem	83
2.2.1. Örneklerin Toplanması	83
2.2.2. Akreplerin Beslenmesi.....	84
2.2.3. Morfolojik Karakterler	84
2.2.3.1. Akreplerin Gruplandırılması.....	84
2.2.3.2. Morfometrik Ölçümler	84
2.2.4. Morfometrik Ölçümler İstatistiği Değerlendirilmesi	85
2.3. Genetik İnceleme	85
2.3.1. Uygulanan Genetik Teknikler	85
2.3.1.1. Mitokondrial DNA'nın İzolasyonu.....	85
2.3.1.2. DNA Miktarının Belirlenmesi	86
2.3.1.3. Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Örneklerin Görüntülenmesi	86
2.3.1.4. PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu	87
2.3.1.5. Agaroz Jel Elektroforez ve Spesifik Bantların Görüntülenmesi	89
2.3.1.5.1. Agaroz Jel'in Hazırlanması	89
2.3.1.5.2. Spesifik Bantların Görüntülenmesi	89
2.3.1.6. PCR Ürününün Pürifikasyonu	90
2.3.1.7. Pürifiye PCR Ürününün Sekans Siklusu	90
2.3.2. Nükleotid Dizi Eşleme ve Filogenetik Analiz	90
3. BULGULAR	91
3.1. Örnekler	91
3.2. Habitat	92

3.3. Morfolojik Bulgular	95
3.3.1 Dış Yapıya Ait Morfolojik Özellikleri	95
3.3.2. İç Yapıya Ait Morfolojik Özellikleri	107
3.4. Moleküler Genetik Analizi DNA Örnek Konsantrasyonları	114
3.4.1. DNA Örnek Konsantrasyonları	114
3.4.2. Jel Görüntüleri	114
3.5. PCR Optimizasyonu	115
3.5.1. PCR Amplifikasyonu Programı	115
3.5.2. PCR Ürün Görüntülenmesi.....	116
3.6. Dizi Eşleştirme	117
3.6.1. A Grubu Örnekleri Dizi Eşleştirme	117
3.6.1.1. A1 Örneği	119
3.6.1.2. A2 Örneği	122
3.6.1.3. Grup İçi Eşleştirme	126
3.6.2. B Grubu Örnekleri Dizi Eşleştirme	127
3.6.2.1. B1 Örneği	129
3.6.2.2. B2 Örneği	133
3.6.2.3. B3 Örneği	136
3.6.2.4. Grup İçi Eşleştirme	136
3.6.3. C Grubu Dizi Eşleştirme	138
3.6.3.1. C1 Örneği	140
3.6.3.2. C2 Örneği	143
3.6.3.3. C3 Örneği	145
3.6.3.4. Grup İçi Eşleştirme	146
3.6.5. <i>Androctonus crassicauda</i> 'nın Nükleotid Dizisi ile Eşleştirme	162
3.7. Filogenetik Analiz	183
3.7.1. Grup İçi Filogenetik Analiz.....	186
3.7.1.1. A grubunun Filogenetik Analizi.....	186
3.7.1.2. B Grubu Filogenetik Analiz	187
3.7.1.3. C Grubu Filogenetik Analiz	188
3.7.2. Gruplar Arası Filogenetik Analiz.....	189
3.7.3. A. <i>crassicauda</i> 'nın Türkiye Akrep Faunasında Bulunan Türlerle Olan Filogenetik Konumu	190
3.7.4. <i>Androctonus</i> Soyuna Ait Türlerle Olan Filogenetik Konumu	194
4. TARTIŞMA	197
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	205
ÖZET	207
SUMMARY	209
KAYNAKLAR	211
ÖZGEÇMİŞ	228

ÖNSÖZ

Akrepler, artropoda içerisinde hastalık naklinde rol almamalarına karşın beslenme ve savunma amaçlı sahip oldukları venom bakımından medikal öneme sahip olan canlılardır. Türkiye’de, Buthidae ailesinde *Androctonus*, *Leiurus* ve *Mesobuthus* soyları içerisinde, medikal yönden önemli türler bulunmaktadır. Dünyanın en toksik beş akrebinden biri olan *Androctonus crassicauda*, Orta Asya ve Türkiye’de tıbbi yönden önemli bulunan bir türdür.

Türkiye’de özellikle Güney Doğu Anadolu Bölgesinde yayılış gösteren bu tür, Şanlıurfa ilindeki akrep sokmalarının % 50,8’nden sorumlu tutulmuştur. Ayrıca farklı iklimsel, coğrafik ve biyoekolojik ortam koşullarına göre uyum kazanmış alt tür ve varyetelerinin de olabileceği ve Güney Doğu Anadolu Projesinin bu parametrelere olabilecek etkisi gerçeği göz önünde bulundurularak, Şanlıurfa ili çalışma sahası olarak belirlenmiştir. Araştırma kapsamında bu ilde toplanan *Androctonus crassicauda* örneklerinin fenotip karakterlerinin belirlenerek bu paralelde, genotiplendirilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi, Parazitoloji Anabilim Dalı, Protozooloji ve Entomoloji Doktora Programı tez araştırma konusu olarak seçilmiştir.

Bana bu konuda çalışma olanağı sağlayan, çalışmalarımı yönlendiren, her konuda bilgi, öneri ve yardımlarını esirgemeyen, eksiksiz desteklerini almış olduğum danışman hocam Prof. Dr. Zafer KARAER ve Prof. Dr. Ayşe ÇAKMAK’a ve Tez İzleme Komitesinde bulunan Prof. Dr. Arif KURTDEDE’ye çalışmalar sırasında sınırsız yardımlarını benden esirgemeyen Prof. Dr. Zati VATANSEVER’e, Doç. Dr. Serpil NALBANTOĞLU’na, Yard. Doç. Dr. Sırrı KAR’a, Araş.Gör. Esin GÜVEN’e, Vet. Hekim Taner SARIBAŞ’a, Zübeyde KILIÇ’a, Tahir DEMİR’e ve Levent YILMAZ’a, araştırmanın istatistiksel analizlerinde yardımcı olan Doç. Dr. Gül ERGÜN’e ayrıca laboratuvarında bana çalışma fırsatı vererek moleküler teknikler konusunda önemli bilgiler ve deneyim edindiğim güzel insan, meslektaşım Dr. Ahmet ÇARHAN’a, hafta sonları laboratuvar çalışmalarında babasına asistanlık yapan can oğlum Zülfü Oğulcan ÖZKAN ve can kızım Nazlıcan Duru ÖZKAN’a ve bu asistanları dünyaya getirerek hayatımıza katan, doktora programı sürecinde ve bu güne kadar hemen her konuda olduğu gibi doktora yapmam konusunda da beni yüreklendiren ve bugünlere gelmemde önemli payı olan cananım Dudu ÖZKAN’a yürek dolusu teşekkürlerimi sunuyorum.

SİMGELER VE KISALTMALAR

A	Adenin nükleotidi
bç	Baz çifti
C	Sitozin nükleotidi
COI	Sitokrom C oksidaz I
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksinükleotid trifosfat
EDTA	Etilen diamin tetra asetik asit
G	Guanin nükleotidi
MgCl ₂	Magnezyum klorür
M	Mol
mtDNA	Mitokondriyel DNA
mM	Milimol
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu
rpm	Dakikadaki devir sayısı
T	Timin nükleotidi
U	Ünite
TBE	Tris-Borik Asit-EDTA tampon çözeltisi
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
MEGA	Molecular Evolutionary Genetics Analysis
UPGMA	Tartılı Olmayan Çiftleştirilmiş Grup Metodu Art. Ort.
NJ	Komşu Birleştirme Metodu
ME	Minimum Evoluation
MP	Maximum Parsinomy
<i>g</i>	Gravity
g	gram
mg	miligram
ml	mililitre
mA	mili amper
µl	mikrolitre

cm	Santimetre
mm	Milimetre
C	Santigrat
%	Yüzde
°	Derece
dk	Dakika
X	Ortanca
S.D	Standart sapma
TU	Toplam uzunluk
Pr-U	Prosoma uzunluk
PPU	Pedipalp uzunluk
ChU	Chela uzunluk
ChG	Chela genişlik
ChY	Chela yükseklik
HP-U	Hareketli parmak uzunluk
HPDSOL	Sol hareketli parmak diş sayısı
HPDSAĞ	Sağ hareketli parmak diş sayısı
SP-U	Sabit parmak uzunluk
SPDSOL	Sol sabit parmak diş sayısı
SPDSAĞ	Sağ sabit parmak diş sayısı
PTi-U	Pedipalp tibia uzunluk
PTi-G	Pedipalp tibia genişlik
PTi-Y	Pedipalp tibia yükseklik
PF-U	Pedipalp femur uzunluk
PF-G	Pedipalp femur genişlik
PF-Y	Pedipalp femur yükseklik
PTR-U	Pedipalp trochanter uzunluk
PTR-G	Pedipalp trochanter genişlik
PTR-Y	Pedipalp trochanter yükseklik
KP-U	Karapaks uzunluk
KPP-U	Karapaks proksimal uzunluk
KPDU	Karapaks distal uzunluk

ST-U	Sternum uzunluk
STP-G	Sternum proksimal genişlik
STD-G	Sternum distal genişlik
Cx II- U	İkinci coxa uzunluk
Cx III- U	Üçüncü coxa uzunluk
Cx IV- U	Dördüncü coxa uzunluk
PEC-U	Tarak organı uzunluk
PECDA-U	Tarak organı dış alan uzunluğu
PECDS	Tarak organı dış sayısı
MS-U	Mesosoma uzunluk
MS-G	Mesosoma genişlik
MTT-U	Metasoma toplam uzunluk
MT I-U	Birinci metasomal segmet uzunluk
MT I-G	Birinci metasomal segmet genişlik
MT I-Y	Birinci metasomal segmet yükseklik
MT II-U	İkinci metasomal segmet uzunluk
MT II-G	İkinci metasomal segmet genişlik
MT II-Y	İkinci metasomal segmet yükseklik
MT III-U	Üçüncü metasomal segmet uzunluk
MT III-G	Üçüncü metasomal segmet genişlik
MT III-Y	Üçüncü metasomal segmet yükseklik
MT IV-U	Dördüncü metasomal segmet uzunluk
MT IV-G	Dördüncü metasomal segmet genişlik
MT IV-Y	Dördüncü metasomal segmet yükseklik
MT V-U	Beşinci metasomal segmet uzunluk
MT V-G	Beşinci metasomal segmet genişlik
MT V-Y	Beşinci metasomal segmet yükseklik
TLS-U	Telson uzunluk
İ- U	İğne uzunluk
K-U	Kese uzunluk
K-G	Kese genişlik
K-Y	Kese yükseklik

ŞEKİLLER

Şekil 1.1. Eurypterid fosili.	6
Şekil 1.2. Modern akrep (<i>Palaeoanateris ribnitiodamgartensis</i>) nesline ait fosil.	8
Şekil 1.3. <i>Heterometrus swammerdami</i> ve <i>Microtityus rickyi</i>	9
Şekil 1.4. Pedipalplerin ventral yüzeyinde bulunan trichobothrium ve dağılımı.	10
Şekil 1.5. Chelicera.	12
Şekil 1.6. Lateralinden bacağıın genel görünümü.	13
Şekil 1.7. Akrebin ventralden görünümü.	14
Şekil 1.8. Sağ (A) ve sol (B) tarak organı.	15
Şekil 1.9. Akrebin dorsalden görünümü.	16
Şekil 1.10. Postabdomenin lateralinden genel görünümü.	18
Şekil 1.11. Ön aort sistemi (Buthidae).	11
Şekil 1.12. Akreplerin Hemolenf Vaskular Sisteminin üç boyutlu görüntülenmesi.	20
Şekil. 1.13. Kalp ve eşlik eden yapılar (Buthidae).	21
Şekil 1.14. Erkek akrepte (a); spermatopoherenin çıkışı (b) spermatopohere.	29
Şekil 1.15. Erkek ve dişinin çiftleşme öncesi pedipalpleri ile birbirlerini kavramaları.	29
Şekil 1.16. Erkek akrep (<i>Centruroides flavopictus</i>) tarafından bırakılan spermatophore.	30
Şekil 1.17. Akrep embriyoları (<i>Parabuthus</i> sp.)	32
Şekil 1.18. Akrep (<i>Opisththalmus laevipes</i>) embriyosu.	32
Şekil 1.19. Akrepte doğum pozisyonu.	33
Şekil 1.20–21. Akrepte doğum (<i>Uroplectes</i> sp.)	34
Şekil 1.22. Doğan yavruların doğum kesesinden kurtularak annelerin sırtına çıkışı.	34
Şekil 1.23. Ayrılan yavruların anneleri tarafından sırtta alınışı.	36

Şekil 1.24. Anne sırtına yerleşen yavruların rasgele dağılımı.	37
Şekil 1.25. Gömlek değişimini tamamlamış akrep (B) gömlek (A),.....	38
Şekil 1. 26. Pedipalp ve hareketli parmağın ventral yüzü.....	45
Şekil 1.27. <i>A. crassicauda</i> 'nın dünyadaki yayılışı.....	49
Şekil 1.28. <i>Androctonus crassicauda</i> 'nın Türkiye'deki yayılışı.	50
Şekil 1.29. mtDNA'da bulunan gen bölgeleri.	59
Şekil 1.30. Denatürasyon.	64
Şekil 1.31. Bağlanma.	65
Şekil 1.32. Polimeraz enzim bağlanması ve zincir uzaması.....	65
Şekil 1.33. PCR reaksiyonu.....	67
Şekil 1.34. DNA dizi analiz yöntemleri.....	70
Şekil 3.1. Örnekler.....	91
Şekil 3.2. Çalışma örneklerinin ventralden görünümü.....	92
Şekil 3.3. Harran evi.	93
Şekil 3.4. Örneklerin toplandığı alanlara (Habitatları) ait görüntüler.....	94
Şekil 3.5. Kızıl kahverengi ve siyah örneklerle ait karapaks.....	96
Şekil 3.6. Kızıl kahverengi örneğin sağ pedipalpi.	97
Şekil 3.7. Harekeli parmak ve sıralı granüllerin görünümü.	98
Şekil 3.8. Siyah ve kızıl kahverengi grubunda bulunan <i>A. crassicauda</i> 'nın tergitlerin genel görünümü.....	99
Şekil 3.9. Sırasıyla 1. 2. 3. 4. çift bacaklarda <i>Articulatio genu</i>	101
Şekil 3.10. 1. çift yürüme bacağıın genel görünümü, basitarsal ve tibial mahmuz ile basitarsus ve telotarsusda bulunan stealar.....	102
Şekil 3.11. Erkeklerde IV. coxa'nın boyuna erişen tarak organı.....	103
Şekil 3.12. Metasomal segment.	104
Şekil 3.13. II. ve III. metasomal segment.....	105
Şekil 3.14. V. metasomal segment ile telsonun dorsalden ve lateralden görünümü.	106

Şekil 3.15. Preabdomen boyunca uzanan iki büyük sindirim bezi.....	108
Şekil 3.16. Sinir sistemi.	108
Şekil 3.17. Preabdomen'in ventral yüzünde bulunan kitap trakeler.	109
Şekil 3.18. Kalp ve eşlik eden yapılar.....	110
Şekil 3.19. Kalp, ostium ve segmentel arterler.	110
Şekil 3.20. Genital sistem.....	112
Şekil 3.21. Erkekte genital plak ve spermatophorenin dışarı çıktığı açıklık.....	112
Şekil 3.22. Optik sinirler ve median gözler.	113
Şekil 3.23. Örneklerden izole edilen DNA'ların jel görüntüsü.....	114
Şekil 3.24. Çalışmada kullanılan örneklerin primer F ve Primer R ile elde edilen PCR amplifikasyon ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü.....	116
Şekil 3.25. Primer F – R, PCR sekans ürünün 121. Pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.	120
Şekil 3.26. Primer F – R, PCR sekans ürünün 56.pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.	120
Şekil 3.27. A1 örneğin primer F, PCR sekans ürününde "T" pozisyonu.	121
Şekil 3.28. A1 örneğin primer R, PCR sekans ürününde "T" pozisyonu.....	121
Şekil 3.29. A2 örneğinin primer R dizisindeki "TGGAAT-GAAAGAGTAAAC" nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsü.....	124
Şekil 3.30. A2 örneğinin primer F'de dizisindeki "TGG-ATCGAATGAGT-AAC"nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsü.	124
Şekil 3.31. A2 örneğinin primer R dizisindeki "AGCTATAAAA" nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsünde 377. ve 378. pozisyonda "A" nükleotidine ait pik görülmemiştir. Bu pozisyonda okunan "A" nükleotidi dizi içerisinde silinerek düzenlenmiştir.....	125
Şekil 3.32. A2 örneğinin primer F dizisindeki "AGCTTA" nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsünde 344. ve 345. pozisyonlarda iki adet "T" nükleotidine ait pik görülmüştür.	125
Şekil 3.33. Primer F PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsün de 62-66. pozisyonda bulunan "A" nükleotidlerine ait sinyaller.....	130
Şekil 3.34. Primer R(RC) PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsünde 106.-110. pozisyonda bulunan "A" nükleotidleri.	130

Şekil 3.35. B1 örneği primer R, PCR sekans ürünün 362.-365. pozisyonlardaki “T” nükleotidlerine ait sinyal piklerinin kromotogram görüntüsü.	131
Şekil 3.36. B1 örneği primer F, PCR sekans ürünün 318.-321.pozisyonlardaki “T” nükleotidlerine ait sinyal piklerinin kromotogram görüntüsü.	131
Şekil 3.37. B2 örneğinin primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürünün “TTGAAGACA” pozisyonunda bulunan “C” nükleotidinin (62. pozisyon) kromotogramdaki görüntüsü.....	134
Şekil 3.38. B2 örneğinin primer R ile çoğaltılan PCR sekans ürünün “TTGAAGAAA” pozisyonunda bulunan “A” (88) nükleotidinin kromotogramdaki görüntüsü.	134
Şekil 3.39. C1 örneğinin primer R ile çoğaltılan PCR sekans ürünün “A-A-AGCTTAAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTTAAA” pozisyonunda bulunan nükleotidlerin sinyal piklerinin kromotogramdaki görüntüsü.	141
Şekil 3.40. C1 örneğinin primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürünün “ATAGAGCTTAAAAAGGAGGTCTTTTC-ACCTT-AAA” pozisyonunda bulunan nükleotidlerin sinyal piklerinin kromotogramdaki görüntüsü.	141
Şekil 3.41. C1 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki“ TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	147
Şekil 3.42. C1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	148
Şekil 3.43. C2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 7 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	148
Şekil 3.44. C2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 7 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	149
Şekil 3.45. C3 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	150
Şekil 3.46. C3 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.	150
Şekil 3.47. A1 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 135. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	167
Şekil 3.48. A2 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 137. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	167

Şekil 3.49. B1 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 125. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	168
Şekil 3.50. B2 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 147. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	168
Şekil 3.51. B3 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 127. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	169
Şekil 3.52. C1 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 136. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	169
Şekil 3.53. C2 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 142. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	170
Şekil 3.54. C3 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 143.pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	170
Şekil 3.55. A1 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	171
Şekil 3.56. A2 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	171
Şekil 3.57. B1 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 137. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	172
Şekil 3.58. B2 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	172
Şekil 3.59. B3 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 141. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	173
Şekil 3.60. C1 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 136. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	173
Şekil 3.61. C2 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	174

Şekil 3.62. C3 örneğinin “AAGCT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	174
Şekil 3.63. A1 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 203. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	175
Şekil 3.64. A2 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 205. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	175
Şekil 3.65. B1 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 193. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	176
Şekil 3.66. B2 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 212. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	176
Şekil 3.67. B3 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 195. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	177
Şekil 3.68. C1 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 204. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	177
Şekil 3.69. C2 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 210. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	178
Şekil 3.70. C3 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 211. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	178
Şekil 3.71. A1 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 352. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	179
Şekil 3.72. A2 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 354. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	179
Şekil 3.73. B1 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 342. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	180
Şekil 3.74. B2 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 361. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	180

Şekil 3.75. B3 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 344.pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	181
Şekil 3.76. C1 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 353. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	181
Şekil 3.77. C2 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 359. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	182
Şekil 3.78. C3 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 360. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.	182
Şekil 3.79. ClustalW ile çift ve çok yönlü hizalama.....	183
Şekil 3.80. Hizalanan diziler.	184
Şekil 3.81. Hizalanmış dizilerde filogenetik analiz.	185
Şekil 3.82. Filogenetik analiz verisi.....	185
Şekil 3.83. Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.	186
Şekil 3.84. ME metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.	187
Şekil 3.85. NJ metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.	187
Şekil 3.86. ME metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.	187
Şekil 3.87. MP metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.	188
Şekil 3.88. MP metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.	188
Şekil 3.89. UPGMA metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.	188
Şekil 3.90. NJ metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.	189
Şekil 3.91. Gruplar arasında NJ metodu ile oluşturulan soy ağacı.	189
Şekil 3.92. Gruplar arasında ME metodu ile oluşturulan soy ağacı.	190
Şekil 3.93. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle NJ metodu ile oluşturulan soy ağacı.....	192
Şekil 3.94. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle NJ metodu ile oluşturulan soy ağacının güvenilirliği için “interior branch lenght” testiyle elde edilen soyağacı.....	192
Şekil 3.95. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle MP metodu ile oluşturulan soy ağacı.....	193

Şekil 3.96. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı.....	193
Şekil 3.97. GenBankda sekans verisi bulunan Androctonus ait türlerle MP metodu ile oluşturulan soy ağacı.....	194
Şekil 3.98. GenBankda sekans verisi bulunan Androctonus soyuna ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı.....	195

ÇİZELGELER

Çizelge 1.1. Genetik materyallerin büyüklüğü.	57
Çizelge 2.1. DNA izolasyonunda kullanılan araç ve gereçler.	81
Çizelge 2.2. PCR yönteminde kullanılan malzeme ve kimyasallar.	82
Çizelge 2.3. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan araç ve gereçler.	83
Çizelge 2.4. PCR programı.	89
Çizelge 3.1. Cephalothorax ve mesosoma'ya ait morfometrik ölçümler.	99
Çizelge 3.2. Metasomal morfometrik ölçümler.	106
Çizelge 3.3. Nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arası anlamlı bulunan farklılıklar.	107
Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan A-B ve C gruplarına ait DNA örneklerinin spektrofotometrik ölçüm sonuçları ve son konsantrasyonları.	114
Çizelge 3.5. PCR Optimizasyonu.	115
Çizelge 3.6. PCR reaksiyon programı.	115
Çizelge 3.7. PCR reaksiyon karışımı.	116
Çizelge 3.8. A grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.	118
Çizelge 3.9. A1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.	119
Çizelge 3.10. A1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.	122
Çizelge 3.11. A2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.	123
Çizelge 3.12. A2 örneği PCR sekans ürünün düzenleme sonundaki eşleştirme verisi.	126
Çizelge 3.13. A1 (Query) ile A2 (Sbjct) örneklerinin sekan verilerinin eşleştirilmesi.	127
Çizelge 3.14. B grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.	128
Çizelge 3.15. B1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.	129
Çizelge 3.16. B1 örneği PCR sekans ürünlerinin kromotogramdaki nükleotid sinyal hatalarının düzenlenmesi sonunda yapılan eşleştirme.	132

Çizelge 3.17. Primer F ve R ile B2 örneğinin çoğaltılan ürünlerinin eşleştirilmesi.....	133
Çizelge 3.18. Primer F ve R ile B2 örneğinin çoğaltılan düzenlenmiş ürünlerinin eşleştirilmesi.....	135
Çizelge 3.19. B1 ve B2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	136
Çizelge 3.20. B1 ve B3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	137
Çizelge 3.21. B2 ve B3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	138
Çizelge 3.22. C grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.....	139
Çizelge 3.23. C1 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	140
Çizelge 3.24. Düzenlenmiş C1 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	142
Çizelge 3.25. C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	143
Çizelge 3.26. Düzenlenmiş C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	144
Çizelge 3.27. C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	145
Çizelge 3.28. Düzenlenmiş C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.....	146
Çizelge 3.29. C1 ile C2 örneklerinin eşleştirilmesi.....	147
Çizelge 3.30. C1 ile C3 örneklerinin eşleştirilmesi.....	149
Çizelge 3.31. C2 ile C3 örneklerinin eşleştirilmesi.....	151
Çizelge 3.32. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	153
Çizelge 3.33. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	154
Çizelge 3.34. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	154
Çizelge 3.35. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	155
Çizelge 3.36. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	155
Çizelge 3.37. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	156
Çizelge 3.38. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	156
Çizelge 3.39. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	157
Çizelge 3.40. Gruplar arası dizi eşleşmesi.....	157

Çizelge 3.41. Gruplar arası dizi eşleşmesi.	158
Çizelge 3.42. Gruplar arası dizi eşleşmesi.	158
Çizelge 3.43. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.	159
Çizelge 3.44. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.	160
Çizelge 3.45. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.	160
Çizelge 3.46. G1 (C1) ve G2 (C2-3) genetik gruplarının nükleotid dizileri içerisinde A (kırmızı) ve B (mavi) gruplarının ortak nükleotid dizisinin konumu.	161
Çizelge 3.47. <i>Androctonus crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisi.	162
Çizelge 3.48. A1 (Query) ile <i>A. crassicauda</i> 'nın (Sbjct) nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	163
Çizelge 3.49. A2 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	163
Çizelge 3.50. C1 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	164
Çizelge 3.51. B1 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	164
Çizelge 3.52. B2 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	165
Çizelge 3.53. B3 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	165
Çizelge 3.54. C2 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	166
Çizelge 3.55. C3 ile <i>A. crassicauda</i> 'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.	166
Çizelge 3.56. Çalışma örneklerinde tespit edilen genetik varyasyonlar.	183
Çizelge 3.57. Türkiye akrep faunasında bulunan türlerin GenBank kayıt verileri. .	191
Çizelge 3.58. DNA dizilerinin genetik mesafe değerleri.	196
Çizelge 4.1. G1'de bulunan "T" nükleotidinin ilavesi ya da G2'deki "T" nükleotidin eksilmesi ile iki genetik grup oluşmuştur.	201
Çizelge 4.2. G2 ile <i>Androctonus crassicauda</i> sekans verisinin eşleştirilmesi.....	201
Çizelge 4.3. G1 ile <i>Androctonus crassicauda</i> sekans verisinin eşleştirilmesi.	202
Çizelge 5.1. Örneklerin sekansları.	206

1. GİRİŞ

Akrepler, Palezoik dönemden fosilleri bulunan ve günümüzde de yaşayan en eski artropodlardandır. Akreplerle ilgili ilk taksonomik çalışmalar, Linnaeus (1758) tarafından “*Scorpio*” ismini verdiği tek bir soy altında beş türün bilimsel tanıtımı ile başlamıştır. Latreille (1802), akrepleri “*Insecta Acera*” diye isimlendirdiği grup altında, ayrı bir aile olarak “*Famille des Scorpionides*” tanımlarken, Gervais (1842) ve Lankester (1885), ayrı bir aile “*La famille des scorpionides*” olarak bildirmişlerdir. Koch (1837), önce akrepleri göz sayısına göre sınıflandırırken daha sonra Ordo ismi olarak “*Scorpiones*” terimi, ilk kez Koch (1850) tarafından kullanılmıştır (Birula, 1917a, 1917b).

Akreplerin zoocoğrafik dağılımı konusunda Nenilin ve Fet (1992), Lamoral (1980) ve Lourenço (1996)’nun çalışmaları bulunmaktadır. Akrepler Yeni Zellanda dışında, tüm kıtalar ve adaların tropik ve subtropik bölgelerinde dağılışı göstermektedir. Buthidae ailesine bağlı türler tüm kıtalarda dağılışı göstermesine karşın, diğer ailelerde bulunan türlerin dağılışı eski ve yeni dünyada endemiktir (Balozet, 1971; Alexander, 1984). Bu nedenle coğrafi dağılımlarına göre bu türler yeni ya da eski dünya akrepleri olarak da tanımlanmaktadır (Alexander, 1984; Mullen ve Stockwell, 2002).

Kjellesvig-Waering (1986) tarafından revize edilen bütün akrep fosillerinin çoğu alttakım seviyesinde olan ve günümüzde nesli tükenmiş soylara ait olduğu bildirilmiştir. Bu nedenle, Brezilya (Campos, 1986; Carvalho ve Lourenço, 2001), Lübnan (Lourenço, 2001a) Burma (Lourenço, 2002; Santiago-Blay ve ark., 2004), Fransa’da (Lourenço, 2003) yapılan ve Mezozoik döneme ait en son akrep keşifleri önem kazanmıştır (Carvalho ve Lourenço, 2001; Soleglag ve Fet, 2003a).

Akrep aile sayısı, başlangıçta yedi aileden (Lamoral, 1980) 13 aileye (Stockwell, 1989) yükseltilmesine karşın yapılan çalışmalarla (Polis, 1990; Sissom, 1990) aile sayısı dokuz olarak tanımlanmış daha sonra Kovarik (1998) aile sayısını 13 olarak bildirmiştir. Lourenço (2000a) familya sayısını 20'ye yükseltmiştir. Fet ve ark., (2000), akrelerin 16 aile (Bothriuridae, Buthidae, Chactidae, Chaerilidae, Diplocentridae, Euscorpiidae, Heteroscorpionidae, Ischnuridae, Iuridae, Microcharmidae, Pseudochactidae, Scorpionidae, Scorpiopidae, Superstitioniidae, Troglotayosicidae ve Vaejovidae) ve bu ailelere bağlı 155 soy ve 1259 türü bulunduğunu belirtmişlerdir. Soleglad ve Fet (2003a) tarafından akrep aile sayısı 14'e indirilmesine rağmen Prendini ve Wheeler (2005), son 25 yıl süresince akrep sınıflandırması üzerine yapılan çalışmaları özetleyerek Hemiscorpiidae ve Urodacidae ailelerini de bunlara ilave ederek 18 aileye çıkarmıştır. Diğer taraftan Fet ve Soleglad (2005) tarafından yapılan yeni düzenleme ile Prendini ve Wheeler (2005), sınıflandırma çalışmasını redederek, aile sayısını (Bothriuridae, Buthidae, Caraboctonidae, Chactidae, Chaerilidae, Euscorpiidae, Iuridae, Liochelidae, Microcharmidae, Pseudochactidae, Scorpionidae, Superstitioniidae, Urodacidae ve Vaejovidae) 14'e indirmiştir (Fet ve Soleglad, 2005; Soleglad ve ark., 2005).

Günümüze kadar sınıflandırmaya yönelik yapılmış olan, nesli tükenmiş soyları ya da türleri kapsayacak şekilde akrep taksonomisi hakkındaki güncel literatür bilgileri ile akrepler, 16 aile (Bothriuridae, Buthidae, Chactidae, Chaerilidae, Diplocentridae, Euscorpiidae, Hemiscorpiidae, Heteroscorpionidae, Iuridae, Liochelidae, Microcharmidae, Pseudochactidae, Scorpionidae, Superstitioniidae, Troglotayosicidae ve Urodacidae) olarak tanımlanmıştır (Francke, 1981; Francke ve Soleglad, 1981; Sissom, 1990; Lourenço, 1998a; 1998b; 2000a; Fet ve ark., 2000; Prendini, 2000; 2001; 2003a; 2003b; Fet ve Bechly, 2001; Soleglad ve Sissom, 2001; Soleglad ve Fet, 2003a). Ancak, çalışmalar her ne kadar ileri boyutlara taşınmış olsa da henüz akreplerin soy ağacı ve aile sayısı tüm ayrıntılarıyla kesinlik kazanmış

değildir. Yapılan genetik taramalar, soy ağacındaki bazı önemli grupları yer veya isim (Hadogenidae ve Lisposomidae) konusunda tekrardan tartışılır bir konuma taşımıştır (Lourenço, 2000a; Prendini, 2000; 2001; 2003a; 2003b).

Türkiye’de akrep faunasına yönelik ilk çalışmalar, 19. yüzyılın ikinci yarısında Pavesi (1876) tarafından başlatılmıştır (Pavesi, 1876’a atfen; Karataş, 2001; Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006). Birula (1898), Bolkar Dağları’ndan *Euscorpius ciliensis*’i, Çoruh Vadisi’nden *Calchas nordmanni*’yi (1899), Toroslardan *Iurus dufourei* *asiaticus*’u (1903) akrep türlerini tanımlamıştır. Von Ubisch (1922), Toros Dağları’ndan *Iurus kraepelini* türünü; Schenkel (1947), *Mesobuthus gibbosus anatolicus* alttürünü, Vachon (1947b), Mardin, Şanlıurfa, Elazığ, Diyarbakır, İzmir ve İçel’den *Androctonus crassicauda* türüne ait kayıtlar bildirmişlerdir. Vachon (1947a; 1951; 1966), Türkiye akrepleri üzerine önemli çalışmalar yürüterek Türkiye ile Orta Doğu’nun akrep faunasının listesini hazırlamıştır.

Tulga (1960), Adıyaman’dan *Leiurus quinquestriatus*; Kovarik (1996), Diyarbakır’dan *Compsobuthus matthiesseni* türlerine ait kayıtlar bildirmişlerdir. Türkiye ve çevresindeki ülkelerde bulunan akrep türleri üzerine Kinzelbach (1975; 1980; 1982; 1984; 1985), Kinzelbach ve ark., (1985); Crucitti (1993; 1998; 1999; 2000; 2001); Crucitti ve Malori (1998a; 1998b) ve Crucitti ve Cicuzza, (2000, 2001) ile Crucitti ve Vignoli’nin (2002) çalışmaları bulunmaktadır. Vachon ve Kinzelbach (1987), Türkiye ve Ortadoğu akreplerinin zoocoğrafik değerlendirmesine önemli katkılar sağlamışlardır. Anadolu, eski Sovyet Sosyalist Cumhuriyetler Birliği Ülkeleri ve Avrupa’daki *Euscorpius* cinsine ait tür ve alttürler üzerinde Fet (1985; 1987; 1988; 1990; 1993; 1997a; 1997b; 1998) tarafından çalışmalar yürütülmüştür. Francke (1981) ve Francke ve Soleglad (1981) tarafından *Iurus* soyu ve Iuridae ailesine bağlı türlerin dağılışı ve sistematigi incelenmiştir.

Karataş (2001), Doğu Akdeniz Bölgesi akrep faunasını araştırarak 4 aileye ait 7 soy içinde 9 tür bildirmiştir. Karataş ve Karataş (2001; 2003), Orta Anadolu'dan, Teruel (2002), Türkiye'nin batısında bulunan Akhisar (Manisa)'dan tek örneğe dayanarak *M. eupeus* için yeni kayıt vermiştir. Crucitti ve Vignoli (2002), Karataş ve Çolak (2005) ayrıca yakın zamanda Karataş (2007), Türkiye'de varlığı bildirilen ve sistematikde *Androctonus nigrocinctus*; *Buthus nigrocinctus*; *M. gibbosus* olarak tanımlanan *Mesobuthus nigrocinctus*, Fet ve Braunwalder, (2000), *M. gibbosus* türü ile karşılaştırmalı yapılan çalışmada bu türü, *M. nigrocinctus* olarak teyit etmişlerdir. Crucitti ve Malori (1998a) ile Fet ve Braunwalder, (2000) Türkiye akrep faunasında 4 aileye ait 10 soy içinde 13 türün (Buthidae: *Androctonus crassicauda*, *Compsobuthus matthiesseini*, *L. quinquestriatus*, *M. eupeus*, *M. gibbosus*, *M. caucasicus*; Iuridae: *Calchas nordmanni*, *Iurus asiaticus*; Euscorpiidae: *Euscorpius carpathicus*, *E. italicus*, *E. mingrelicus*, *E. tergestinus*; Scorpionidae: *Scorpio maurus*) yer aldığını bildirmişlerdir. Crucitti ve Vignoli (2002), Şanlıurfa'dan *Buthacus yotvatensis*, Adıyaman'dan *M. nigrocinctus* ve Mardin'den *Hottentotta saulcyi* türlerini eklemiştir (Kürtüllü, 2006) ve böylece tür sayısı 16'ya ulaşmıştır. Ayrıca Werner (1902), *Hottentotta judaicus* (*Buthotus judaicus*) Alaşehir'den iki akrebe dayanılarak kayıt verilmiş ve bu kayıt Birula (1917) tarafından takip edilmiştir (Werner, 1902; Birula, 1917 atfen, Yağmur, 2005). Ancak Türkiye'den *H. judaicus* türü bulunamamış ve bu kayıt daha sonraki çalışmalarda (Vachon, 1947a; 1947b; 1951; Tolunay, 1959) teyit edilmemiştir (Levy ve Amitai, 1980; Yağmur, 2005).

Akrepler, hastalık naklinde rol almamalarına karşın beslenme ve savunma amaçlı sahip oldukları zehir (venom) bakımından medikal önemleri olan artropodlardır. Bugüne kadar tanımlanan akrep aileleri içerisinde yaklaşık 50 türün venomu insanlar için tehlikeli olup medikal önemleri vardır (David, 2005). Bu türlerin büyük bir çoğunluğu *Buthidae* ailesinden, *Buthus*, *Parabuthus*, *Mesobuthus*, *Tityus*, *Leiuris*, *Androctonus*, *Centruroides*

soylarına aittir. Bu türlerden *Tityus serrulatus*, *Centruroides suffusus* Güney Amerika'da, *Androctonus crassicauda*, *Buthus occitanus* Orta Doğu ve Kuzey Afrika'da, *Parabuthus granulatus* Güney Afrika'da, *Mesobuthus tamulus* ve *Palamneus swammerdami* türleri Hindistan'da yaygın ve öldürücü akrepler olarak bilinirler (Balozet, 1971; Isbister ve ark., 2003; David, 2005).

Dünyanın en toksik beş akrebinden biri olan *A. crassicauda*, Orta Asya ve Türkiye'de tıbbi yönden en önemli türdür (Radmanesh, 1990; İsmail ve ark., 1994; Crucitti, 1998; Demirsoy ve ark., 2001; Ozkan ve ark., 2006b). *A. crassicauda*, Türkiye' de daha çok Güney Doğu Anadolu bölgesi olmak üzere bazı Doğu Anadolu bölgesi illerinde bulunur (Demirsoy ve ark., 2001; Crucitti, 2003; Özkan ve Karaer, 2003).

Ozkan ve ark., (2006b) tarafından Türkiye'de ilk defa Şanlıurfa yöresinde akrep sokmalarının epidemisi ve klinik bulguları halk sağlığı bakımından değerlendirilmiştir. Yine aynı çalışma ile bölgede akrep sokmalarında etkili türü belirlemek amacıyla toplanan akreplerin tamamının *A. crassicauda* olduğu; yapılan anket formundaki bilgilere göre skorpionizm olgularının % 50,8'de bu türün rol oynadığı; en fazla akrep sokma olgusunun ise Ağustos ayında olduğu tespit edilmiştir.

Androctonus crassicauda türünden elde edilen venom, antivenom üretiminde antijen olarak kullanılmaktadır (Tulga 1960; 1964). Üretim yönünden monovalent karakterde üretilen *A. crassicauda* antivenomun farklı akrep türlerinin venomlarına karşı etkili olması nedeniyle de polyvalent özellik gösteren (Tulga 1960; 1964; Ozkan ve ark., 2007a) ve Türkiye'de görülen tüm akrep sokması vakalarında, Refik Saydam Hıfzıssıhha Merkezi Başkanlığı (RSHMB) tarafından üretilen Ulusal antivenom kullanılmaktadır (Tulga 1960; 1964; Ozkan ve ark., 2006a).

Çevresel koşullar altında morfolojik ve biyolojik karakter kazanmış olan akrelerde, tür ve alt tür ayrımları ile ilgili sorunlarla karşılaşılabilir (Karataş, 2001). Gerek belli bir bölgedeki akrep tür perspektifinin boyutları ile ortaya konmasında gerekse de tür veya alt türlerin kesin olarak saptanması konusunda son zamanlarda yararlanılmaya başlanılan DNA temelli moleküler analizler, filogenetik tekniklerle oldukça destekli verilere ulaşılması ile Doğu, Akdeniz ve Orta Doğu akrep faunasındaki akrelerin identifikasyon çalışmaları ile ilgili birçok sorunun anlamlı yanıtlara kavuşmasını sağlamıştır (Gantenbein ve ark., 1999; Fet ve Braunwalder, 2000).

1.1. Evrimleri

Kayalar üzerinde şekillenmiş ilk akrep fosili 420 milyon yıl öncesi *Silurian* dönemine aittir (Demirsoy ve ark., 2001). Bu dönem dinazorların görüldüğünden yaklaşık 200 milyon yıl öncedir (Aytaç, 1992). Fosillerdeki akrelerin, şimdi nesli tükenmiş olan dev su akrebine (Eurypterid) çok benzer yönleri bulunmaktadır (Dunlop ve Webster, 1999).



Şekil 1.1. Eurypterid fosili (Fossil museum, 2008).

Akrep fosillerinde elde edilen verilere göre, akrelerin *Silurian* döneminden *Oligocen* dönemine kadar olan zamanda yayıldıkları bildirilmektedir. Bu dönemlerde yaşamış yengeç görünümünde ve boyları

yaklaşık iki metre kadar bir deniz hayvanı olan “*Merostomata*”dan köken aldıkları ileri sürülmektedir. Bunlar Mezozoik çağdan beri hiç değişmeden kalan “Kral Yengeç” *Limulus* ile aynı orijinden geldikleri ve *Silurian* dönemde bir takım değişikliklerle karaya çıktıkları bildirilmektedir. Bildirilen en eski ve ilk kara akrep türü *Palaephonus nuncioides*, Thorell ve Linstom tarafından Grönland adasında bulunmuştur (Özkan, 1992; Farley, 1999; Demirsoy ve ark., 2001; Yağmur, 2005).

Karbonifer dönemi akreplerinin tarsları üzerinde pençeleri bulunmaktadır. Bu özelliklerinden dolayı *Euscorpionina* sub-ordo'su içinde yer almaktadır. Bu sub-ordo içinde yer alan ve en eski tür olarak bilinen bir metre boyundaki *Brontoscorpion willsi* Stomer (1963) tarafından İskoçya’da bulunmuştur. Bu akrep türü, boyu ve diğer morfolojik özellikleri bakımından Karbonifer döneminde yaşayan akreplere benzemektedir. Boylarının uzun olması su desteğine gereksinimleri olması ile açıklanmaktadır. Mezozoik dönemde yaşayan *Mesophoridae* ailesine ait akreplerin kalıntıları bulunmuştur. IV. zamanda ortaya çıktığı bildirilen *Buthidae* ailesi içinde yer alan *Tityus eogonus*’un III. zamana ait akrep fosilleri içinde bulunduğu ve yaşayan türlere benzediği bildirilmektedir (Yağmur, 2005).

Aslında bunların karada veya denizde yaşayıp yaşamadıkları hakkında büyük tartışmalar vardır. Yaklaşık 300 milyon yıl önce Karbonifer dönemin sonunda görülen akrep, modern akrep neslidir (Şekil 1. 2). Bu nesilde günümüze kadar az değişiklik olmuştur. Birbirlerine benzerlik gösteren yaklaşık 1500 kadar türün günümüze kadar nesillerini devam ettirdikleri bilinmektedir (Mullen ve Stockwell, 2002).



Şekil 1.2. Modern akrep (*Palaeoananteris ribnitiadamgartensis*) nesline ait fosil (Lourenço, 2001b).

1.2 Akrelerin Genel Özellikleri

1.2.1. Morfoloji

Akreler, büyük, güçlü, üzerleri kalın bir kitin tabakası ile kaplı ve morfolojik yapıları nedeniyle çok kolay tanınan artropodlardır. Uzunlukları 15 mm ile 210 mm arasında (Şekil 1. 3) değişir (Mullen ve Stockwell, 2002; Özkan ve Karaer, 2004). Dorso-ventral basık ve uzun bir yapıları vardır. Çoğunlukla yaşadıkları ortamın rengindedirler (Wolfgang, 1971; Yaman, 1996; Özcel ve Daldal, 1997).



Şekil 1.3. *Heterometrus swammerdami* ve *Microtityus rickyi* (Dawson, 2001).

1.2.1.1 Akrelerin Dış Yapısı

Akreler, dorso-ventral basık olup vücutları, cephalothorax ve abdomen olmak üzere iki kısımdan meydana gelmiştir (Oytun, 1969; Merdivenci, 1981; Demirsoy, 1998).

1.2.1.1.1. Cephalothorax (Prosoma)

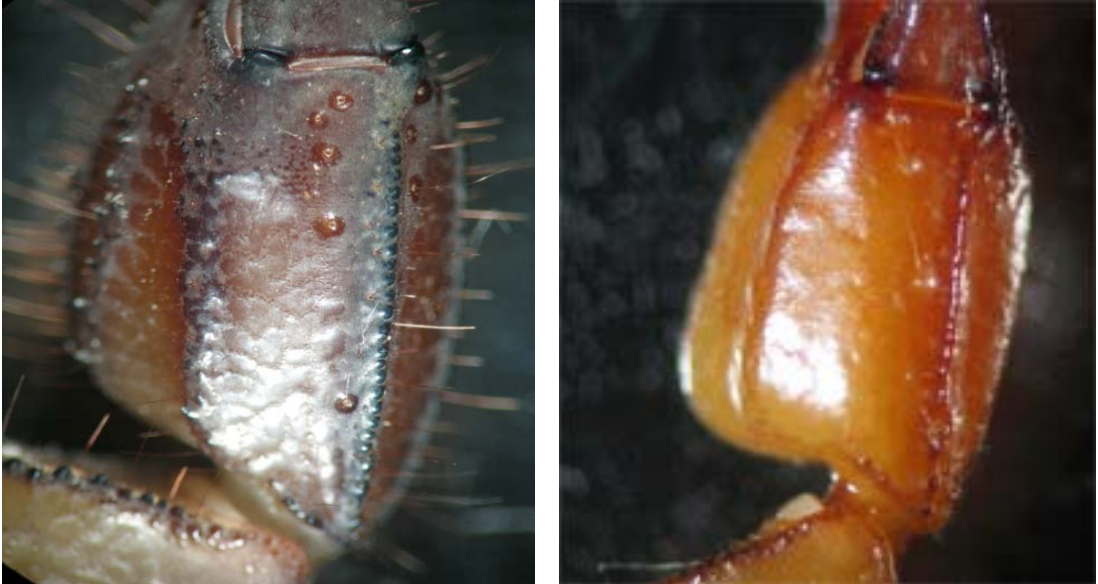
Vücut bölümlerinden cephalothorax, prosoma olarak da bilinmektedir. Cephalothorax, segmentsiz olup baş ve gövdenin kaynaşmasından meydana gelmiştir. Cephalothorax'ın üst kısmı karapaks denilen yekpare sert bir kabuk ile örtülüdür. Karapaks zırh veya baş kalkanı olarak da bilinmektedir (Balozet, 1971; Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Demirsoy ve ark., 2001). Cephalothorax'ta

bir çift pedipalp, bir çift chelicera ve dört çift bacak bulunur (Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004).

1.2.1.1.1. Pedipalp

İlk çift ayak gibi görünen ve cephalothorax'ın önünden iki yana doğru uzanan bir çift pedipalpleri vardır. Bütün ektremitelerin en büyüğü ve en kalınıdır. Av hayvanlarını yaralamak, yakalamak ve ezmek için bu organelleri kullanırlar (Aytaç, 1992; Yaman, 1996). Pedipalplerin üzerinde havadaki titreşimleri algılayan "trichobothrium" olarak adlandırılan küçük duyu tüyler bulunmaktadır (Şekil 1. 4). Trichobothrium'un alt kısmı fincan gibi ve ince uzun tek bir tüy bulunmaktadır (Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004).

Pedipalpler, coxa, trochanter, femur, patella, tibia ve tarsus kısımlarının birleşmesinden meydana gelir (Oytun, 1969; Merdivenci, 1981; Özkan ve Karaer, 2004).



Şekil 1.4. Pedipalplerin ventral yüzeyinde bulunan trichobothrium ve dağılımı (Özkan ve ark., 2007b).

Coxa, cephalothrax'a eklenmiş pedipalpin ilk proksimal segmentidir. Trochanter, coxa ile femur arasında ikinci segment olup kısadır. Femur, trochanter ile patella arasında uzun ve silindirik üçüncü segmenttir. Tibia kısmında dikenlere benzer oluşumlar bulunur. İnsanlarda ellere karşılık gelen pedipalplerin kısaçıklı dördüncü ve beşinci segmentine chela denilmektedir (Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Özkan ve Karaer, 2004).

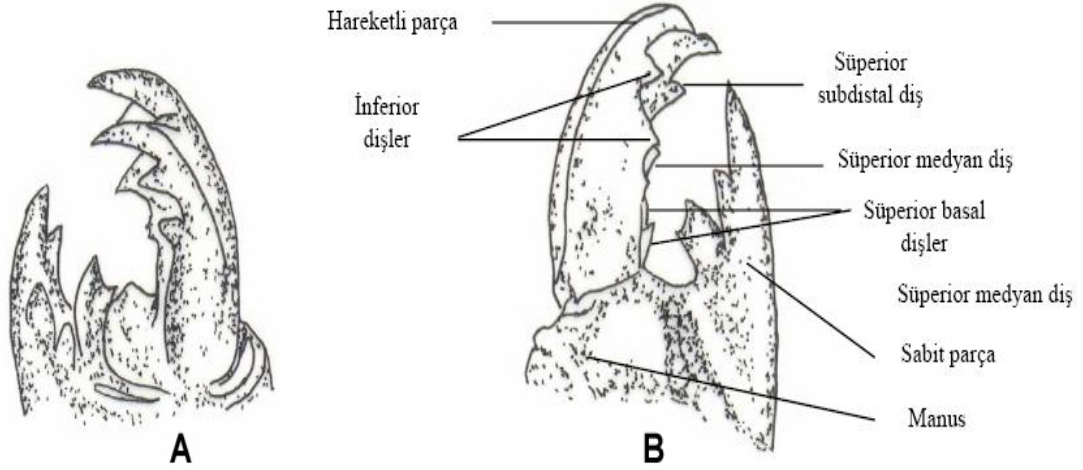
Chela'yı oluşturan bu kısaçıkların üst bölümü sabit, alt kısmı ise hareketlidir. Hareketli veya eklemlili parmağı olan dördüncü segment tarsus olup büyük ve çok net bir şekilde görülür. Kısaçıkların şekli türlere göre değişiklik gösterir (Yaman, 1996).

Buthidae ailesindeki akrelerde tarsuslar tipik sıralı dişlerle doludur. Akrelerle özgü olarak tarsus da abduksiyon kas bulunmaz. Tarsusun açılması, cephalothoraxın dorso-ventral yönde kontraksiyonu ve buna bağlı olarak hidrostatik basıncın artmasıyla gerçekleşir. Tibia, beşinci ve son segment olup sabit, hareketsiz kalın kısımdır. Erkek akrelerin pedipalpleri daha ince yapılı olmasıyla dişilerden ayrılırlar (Karataş ve Karataş, 2001; Özkan ve Karaer, 2004).

1.2.1.1.1.2. Chelicera

Pedipalpler'in hemen ventralinde ve pedipalplere oranla çok daha küçük olan cephalothoraxın ilk çift ekstremitesidir (Şekil 1. 5). Chelicera, coxa, tibia ve tarsus olmak üzere üç segmentten oluşmuştur. Ekseriya pençe tırnaklı çeneler halindedirler. Ailelere bağlı olarak farklılık göstermektedir (Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004). Son iki segment (tarsus ve tibia) hareketli parmak (tarsus) ve sabit parmak (tibia) tarzında kısaçıklı bir makas oluşturacak şekilde birbirlerine eklemlidir. Bunlardan birinin çevresi sarılmış gibi olup karapaks sınırı ile örtülüdür. İkinci segment biraz daha uzun olup üst

kısmı dışa doğru konvektir. İç yüzünde ise ince dikenimsi kıllarla (setea) kaplı yakalama işlemine yarayan dişe benzer oluşumlar vardır. Üçüncü segment hareket edebilen parçadır. Bu parça yakalama işlemi için ikinci makası taşıyan segment (coxa) olarak ifade edilir (Aytaç, 1992; Özkan; 1992).



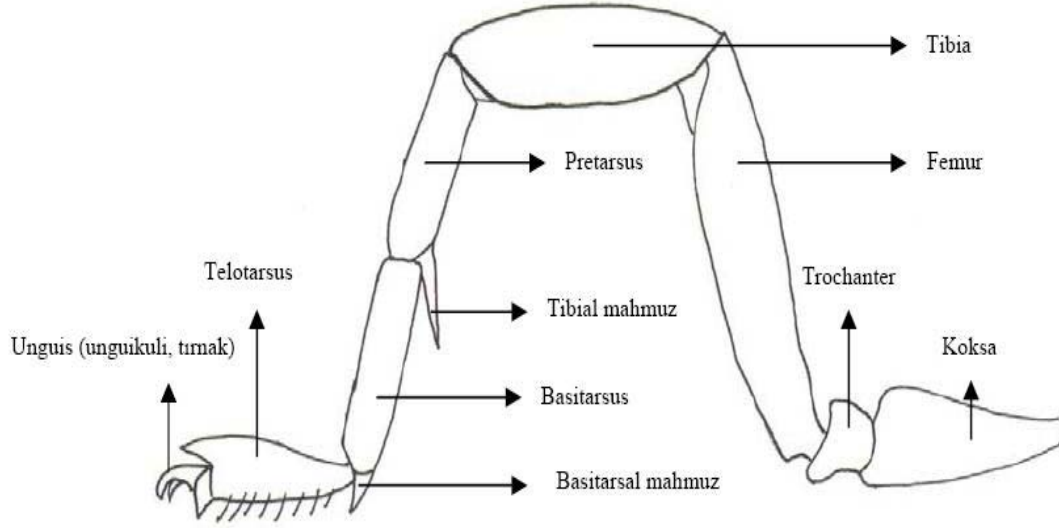
Şekil 1.5. Chelicera (Yağmur, 2005).

Bu kısım eğilip bükülür ve avını emmeden önce yakalamaya yarar. Fakat iki nokta arasındaki uzaklık nedeniyle dinlenme esnasında sabittir (Özkan ve Karaer, 2004). Bu parçalardaki dişler sınıflandırmada rol oynar (Karataş ve Karataş, 2001). Chelicera, avları tutmaya ve bazen de birbirlerine sürtmek suretiyle ses çıkarmaya yarar (Yaman, 1996).

1.2.1.1.1.3. Bacak

Her göğüs halkasında bir çift olmak üzere dört çift bacak vardır (Şekil 1. 6). Geniş bir coxa ile başlayan bacaklar yedi eklemlidir. Bacaklar, birbirlerine yakın olarak cephalothorax'ın alt kısmından çıkar. Bacak; coxa, trochanter, femur, tibia, basitarsus ve telotarsus kısımlarından oluşur (Şekil 1. 6). Bu segmentler ince membranla birbirlerine bağlanır. Bacakların en uçtaki tarsal

segmentinde tırnaklar bulunur (Aytaç, 1992; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004).



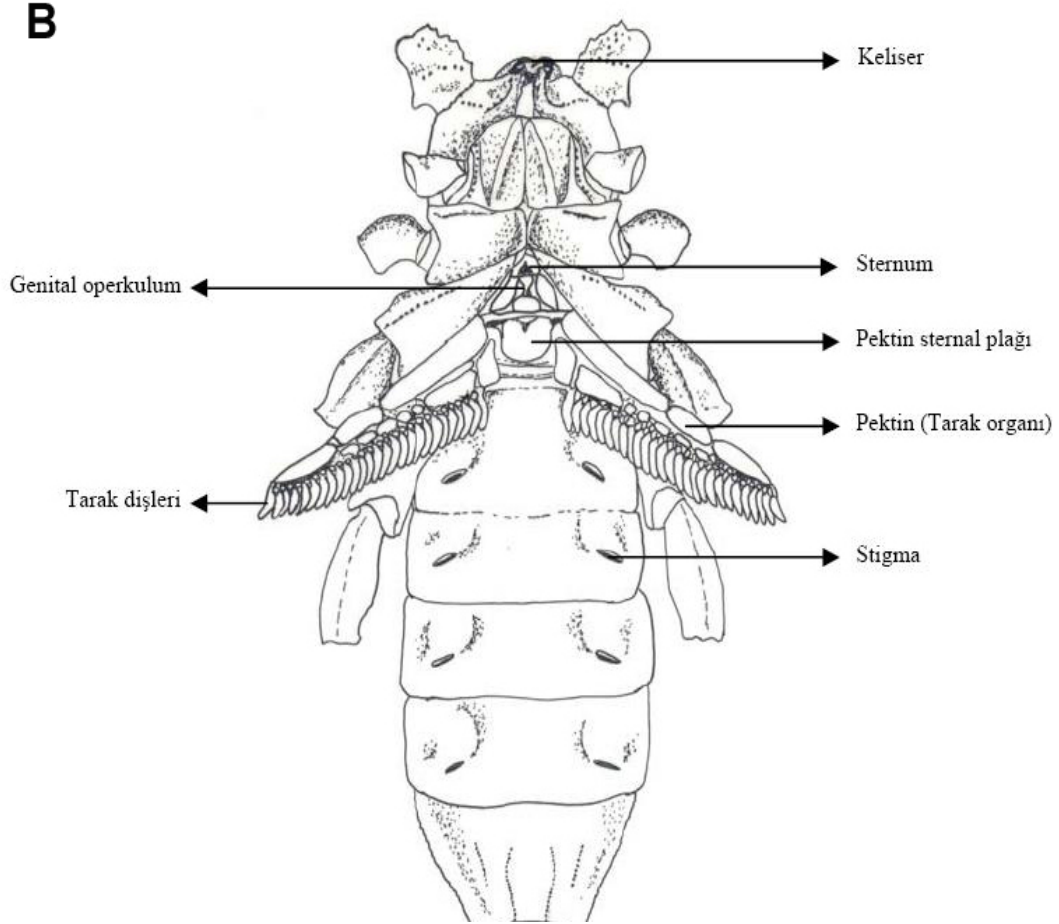
Şekil 1.6. Lateralinden bacağıın genel görünümü (Yağmur, 2005).

En küçük olan birinci coxa'dır. En uzun coxa, dördüncü coxa'dır Cephalothoraxın ventral yüzeyinde birinci ve ikinci coxa da kitinli plaklar ve salgı bezleri vardır (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992). Bu oluşumların sindirim olayında önemli görev yaptıkları düşünülmektedir. Akrep yürüdüğünde tarsus ile son iki segment ağırlığı çeker. Bacakları, hareket ve kazma organı olarak kullanılır (Yaman, 1996; Demirsoy ve ark., 2001). Dişi akrepler bacaklarını yavruların hareket etmesinde de kullanılır (Lourenço, 2000b). Bacaklar üzerinde yerdeki titreşimleri algılamaya yarayan ince tüyler bulunmaktadır (Demirsoy, 1998; Özkan ve Karaer, 2004).

1.2.1.1.1.4. Genital Operculum

Dördüncü çift coxa'ya yakın ve birinci mesosomal segmentin (Genital segment) ventral yüzeyinde sternum ile tarak organları arasında akreplerin üreme organlarını örten yarık bir kapak vardır (Aytaç, 1992; Lourenço, 2000b). Genital operculum adı verilen bu kapağın altında, dışarı açılan tek bir

genital delik (dişilerde) bulunur. Genital operculum farklı ve çeşitli şekildedir. Sadece farklı türde değil aynı türün erkek ve dişisinde de farklılık gösterir. Dişilerde her iki operculum orta çizgi boyunca birleşir. Erkeklerde genital operculum genellikle kısmen veya tamamen ayrılmıştır. Erkeklerde konik çiftleşme aygıtı (papillae genitale) sternitin altındaki genital açıklıkta bulunur (Şekil 1. 7) (Özkan ve Karaer, 2004).

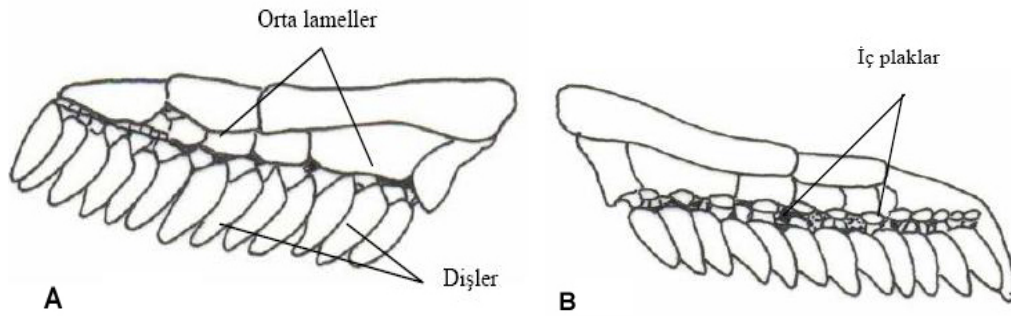


Şekil 1.7. Akrebin ventralden görünümü (Yağmur, 2005).

1.2.1.1.1.5. Pectens (Tarak organı)

İkinci sternitin üzerinde ekstremitelerin değişmesiyle meydana gelmiş genital deliğin ön tarafında bir çift tarak organı yer alır. Her bir tarak organı, bir sap kısmı ile bu sapın üzerine sıra ile dizilmiş dişlerden oluşmuştur. Tarak organı üç parçadan ibarettir; proksimal parça en uzununu, orta parça ise en kısasıdır

(Şekil 1. 8). Tarak organının, kemoreseptör olarak çiftleşmede rol aldığı ve yüzey titreşimlerini algılayarak mekano-reseptör olarak görev yaptığı sanılmaktadır (Özkan, 1992). Tarak organı, hem erkek hemde dişi akrepte bulunur. Ancak erkek tarak organı daha geniş olup daha fazla sayıda küçük diş taşır. Bu tarağımsı yapı akreplere özgü morfolojik bir özelliktir (Karataş ve Karataş, 2001).



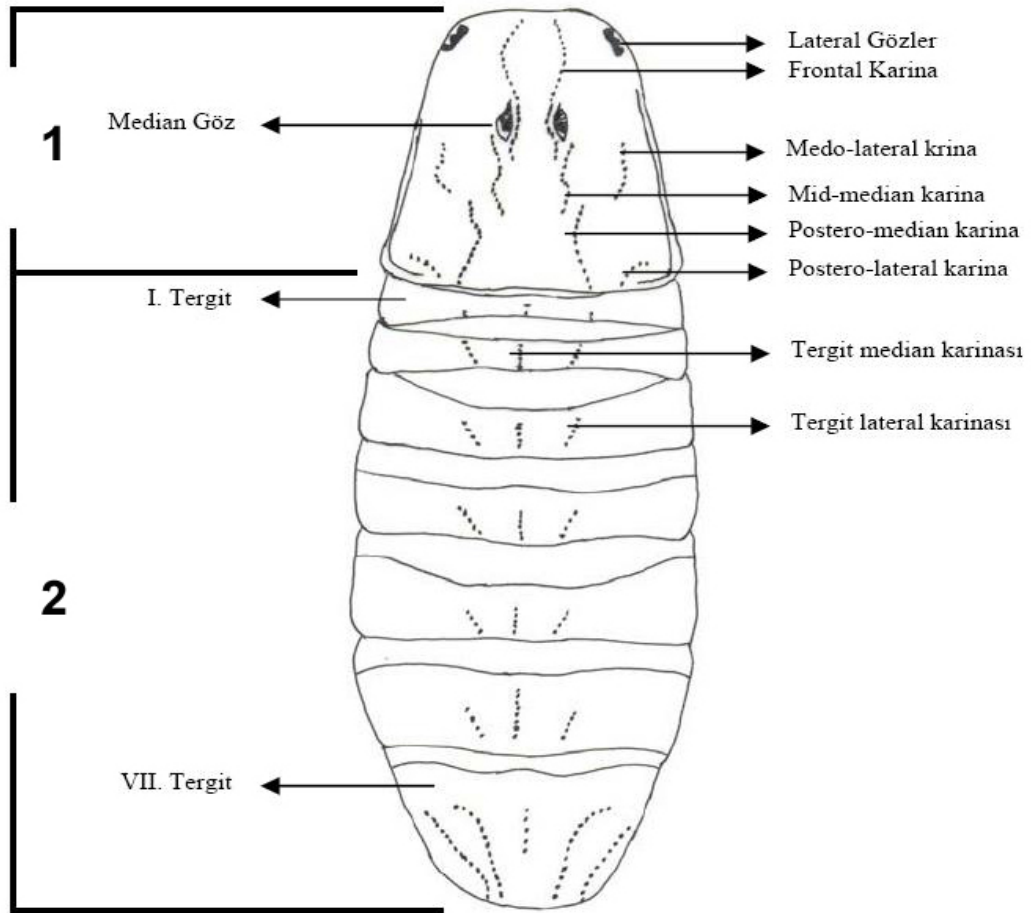
Şekil 1.8. Sağ (A) ve sol (B) tarak organı (Yağmur, 2005).

1.2.1.1.1.6. Sternum

Tüm akreplerin sternumları üçüncü ve dördüncü coxa arasındaki çok küçük plaklardan oluşur (Şekil 1.7). Bazı soyların sternumu, eni dar kitin şeritleri halinde, bazılarında ise bir küçük üçgen plak ya da pentagonal şekildedir (Yaman, 1996; Demirsoy ve ark., 2001). Sternumun şekli ailelerin tanımlanmasında önemlidir. *Buthidae* ailesi akreplerin sternumunun boyu eninden fazla, üçgen şeklinde ve öne doğru oldukça daralmıştır. *Chactidae* ailesindeki akreplerin sternumun boyu ekseriya genişliğinden uzun değildir. *Bothriuridae* ailesindeki türlerin sternumu çok belirgin olmasa bile iki ayrı parçalıdır. Sternumu oldukça geniş ve belirgindir. *Scorpionidae* ailesine ait türlerin sternumu genellikle beş köşeli, yan kenarları birbirine paralel ve boyu eninin yarısı kadardır (Özkan ve Karaer, 2003).

1.2.2. Abdomen (Opistosoma)

Abdomen, preabdomen ve postabdomen olarak ikiye ayrılır. Ovaryum içinde gelişmenin ilk döneminde, sekiz segmentli olan preabdomen ilk yedi segmentinde, sonradan kaybolan ekstremite taslaklarına sahiptir. Küçük taslaklar halinde beliren abdomen ekstremiteleri sonradan kaybolduklarından yetişkin hayvanlarda preabdomen ve postabdomen tamamen ekstremitesizdir (Çağlar, 1957). Cephalothorax'a bütün genişliği ile bağlanan preabdomen yedi geniş segmentten oluşmuştur (Özkan ve Karaer, 2004). Bu segmentlerin sırt taraflarında tergit (Şekil 1.9), karın taraflarında sternit (Şekil 1.10) adı verilen kitin plak bulunur (Demirsoy ve ark., 2001).



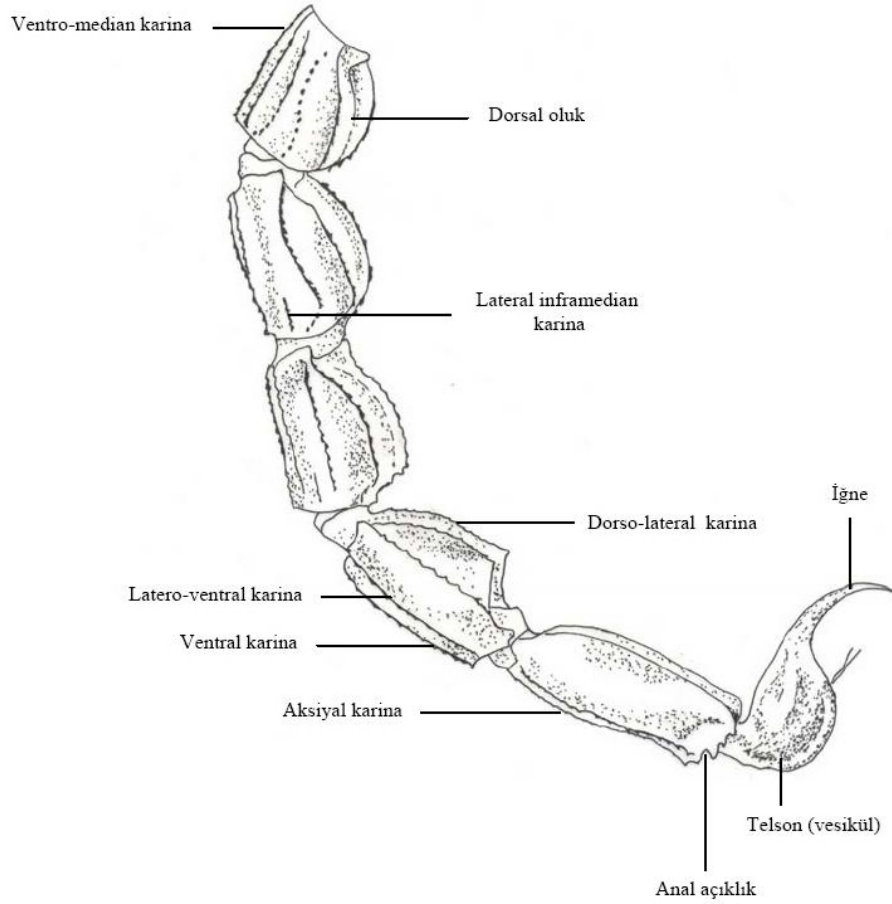
Şekil 1.9. Akrebin dorsalden görünümü 1: Prosoma, 2: Mesosoma (Yağmur, 2005).

1.2.2.1. Preabdomen

Preabdomenin birinci segmenti dar sternitlidir. Bu sternitin ortasında, serbest kenarı yuvarlak ve ortası yarık olan genital kapak (genital operculum) bulunur. İkinci sternit üzerinde de bir çift tarak organı bulunur. Sternitlerde kitap trakelerine ait birer çift solunum delikleri (stigma) vardır (Şekil 1.7), (Çağlar, 1957; Demirsoy ve ark., 2001).

1.2.2.2. Postabdomen

Postabdomenin ilk beş segmentinin her biri yekpare bir kitin zırhla örtülüdür. Postabdomen halkaları, preabdomen halkalarına oranla daha incedir. Kuyruk halkaları (postabdomen) zehir kesesi hariç aynı kalınlıktadır (Demirsoy ve ark., 2001; Karataş ve Karataş, 2001; Mullen ve Stockwell, 2002). Postabdomen, dinlenme sırasında yana doğru kıvrık durur. Yürüme sırasında arkaya uzanır. Sokma anında ise, kuyruk tamamen yay biçiminde ve üstten olmak üzere cephalothoraxa doğru kıvrıktır (Yaman, 1996; Özkan ve Karaer, 2004). Postabdomenin en son halkasında armuda benzeyen zehir kesesi (telson) ve zehir kesesinin ucunda kıvrık duran birde zehir iğnesi vardır (Yeşilyurt, 2005; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c). Kesenin içinde iki tane zehir bezi bulunur. Zehir bezleri birbirinden bağımsız olarak ve birer kanalla iğneye açılırlar. Zehir kesesi aşağı yöne hariç tüm yönlere doğru hareket edebilir. Zehir kesesinin ucundaki iğnenin çıkış yeri (terminal, subterminal gibi) türlere göre değişebilmektedir (Oytun, 1969; Merdivenci, 1981; Yaman, 1996) (Şekil 1.10).



Şekil 1.10. Postabdomenin lateralden genel görünümü (Yağmur, 2005).

1.2.3. Akrelerin İç Yapısı

1.2.3.1. Sindirim Sistemi

Akrelerin, pedipalpler ile birinci ve ikinci yürüme bacaklarının dip parçaları arasında, atriyumun içinde ve bir üst dudağın altında çok küçük ağız vardır. Emici yutaktan sonra içerisine tükürük bezleri açılmış kısa yemek borusu gelir. Median hatta dar ve uzun bir orta bağırsak bulunur (Şekil1.13A). Orta bağırsak boyunca uzanan büyük bir bezden ayrılan beş çift kanal orta bağırsağa açılır. Son bağırsak kısadır (Çağlar, 1957; Özkan, 1992). Akreler böcek, örümcek ve bazende küçük rodentlerle beslenirler. Pedipalpleriyle avlarını canlı halde yaralayarak yakalar ve ezer (Özcel ve Daldal, 1997).

Birinci ve ikinci yürüme bacaklarının cephalothorax'a bağlandığı yerde çiğneyici eklentiler arasında ezilir, sonra da yutak vasıtasıyla emilir. Sindirim sistemi, V. metasomal segmentin önünde anal açıklık ile sonlanır (Şekil 1.10) (Aytaç, 1992).

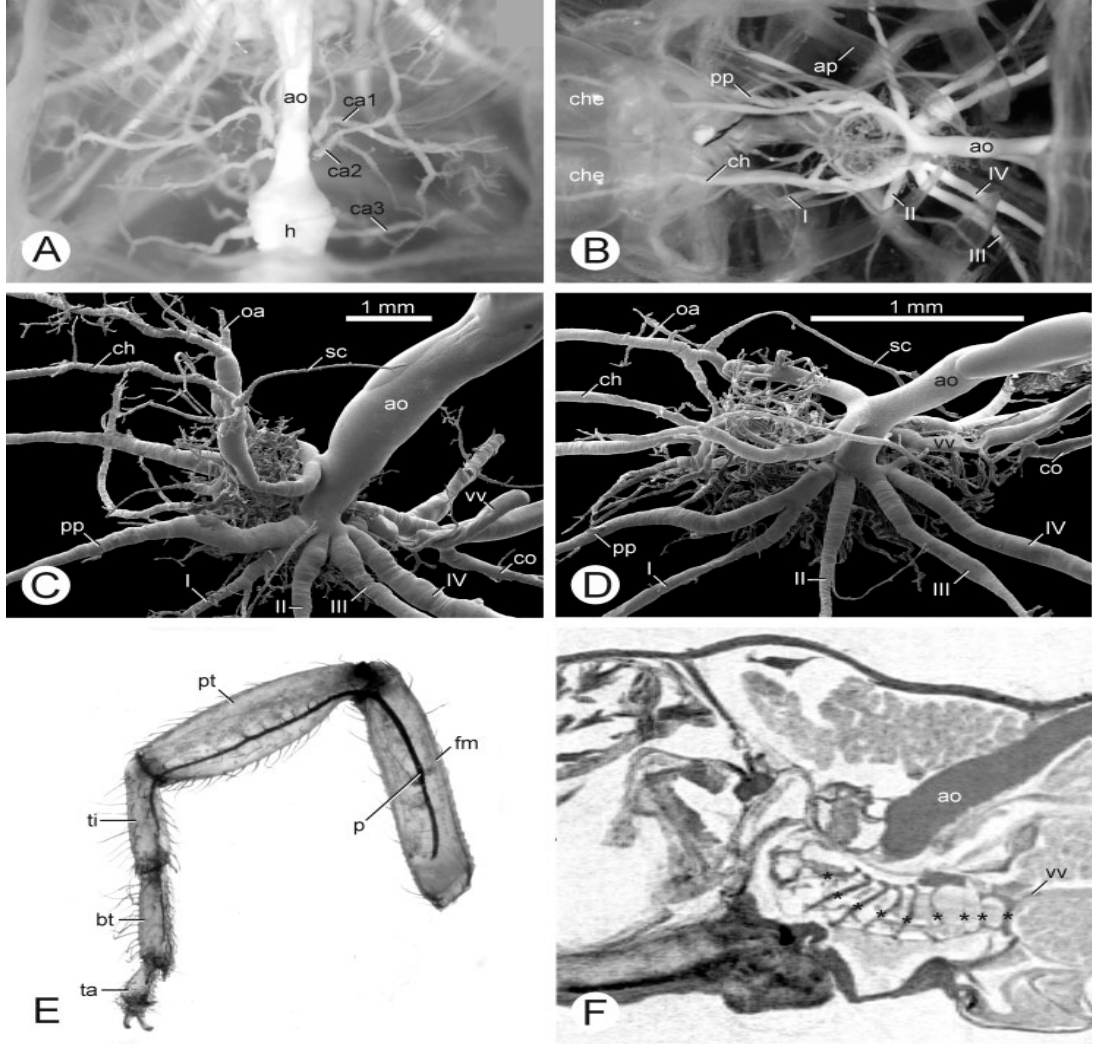
1.2.3.2. Boşaltım Sistemi

Boşaltım organları malpighi tüpleri ve coxa bezleridir. Malpighi tüplerinin sayısı bir veya iki çift olabilir. Bunlar preabdomenin son segmenti içinde bulunur ve orta barsağın son kısmına açılır (Çağlar, 1957). Coxa bezleri bir çift olup cephalothoraxta diyaframın hemen önünde yer alır. Bu bezlerde bir başlangıç kesesi ile bir toplama kanalı ve bir de bu kanalın son kısmını oluşturan boşaltım kanalı ayırt edilir. Boşaltım kanalları üçüncü yürüme bacaklarının diplerinden dışarı açılır (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Özkan ve Karaer, 2007).

1.2.3.3. Dolaşım Sistemi

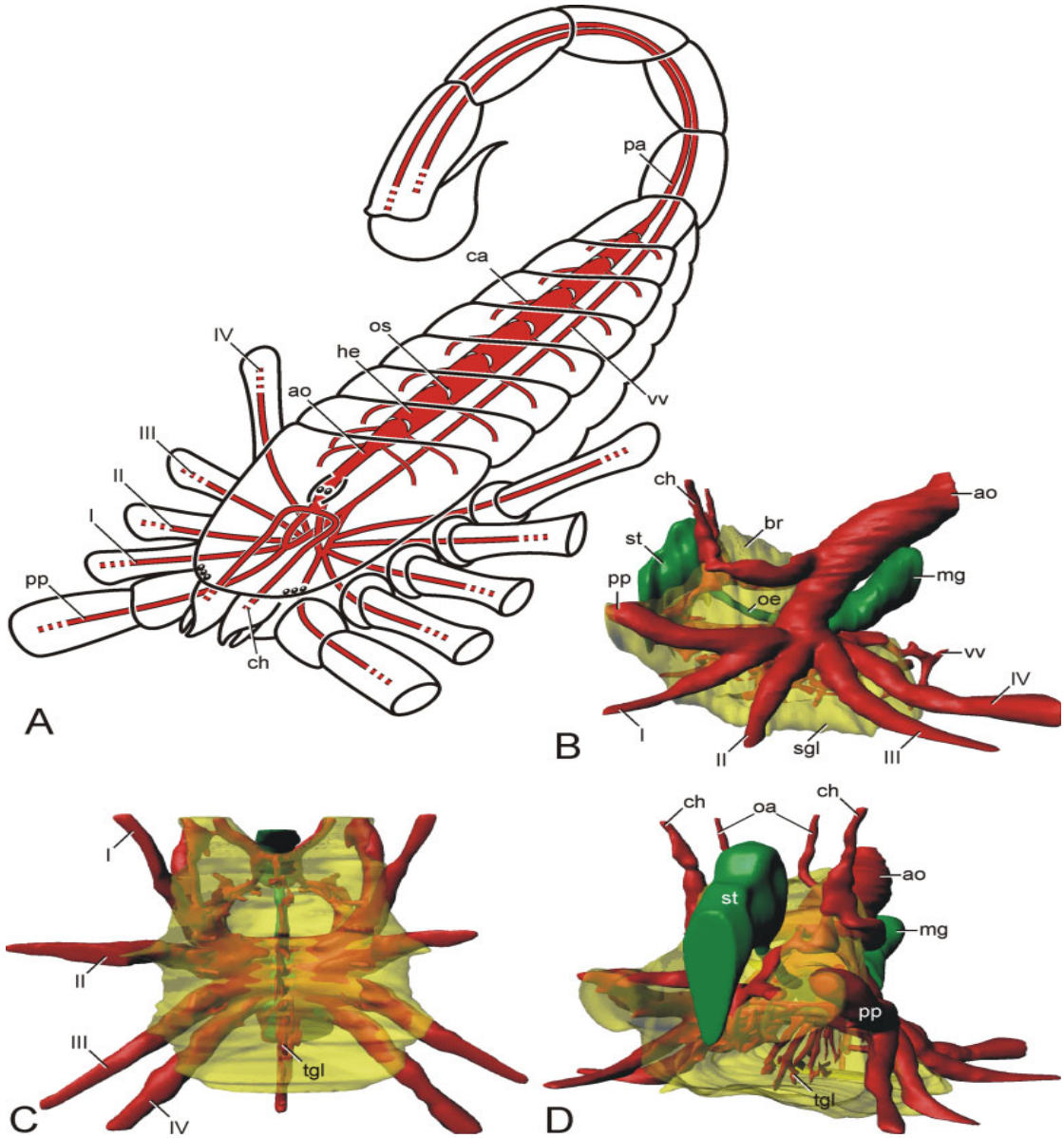
Akrepler, Arachnidae ailesi içinde dolaşım sistemleri en iyi gelişmiş olan artropodlardır. Dolaşım sistemi; kalp, kan damarları, sinuslerden meydana gelmiştir. Kalp, sırt tarafta bütün preabdomen boyunca yedinci segmentten on üçüncü segmente kadar uzanan sekiz çift ostiyumlu bir boru şeklindedir (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992). Ön ve arka uçlarından ayrılan birer büyük aorttan başka yanlarından da yedi çift arter çıkar. Ön aortta birçok kanallara bölünür (Şekil 1.11-13). Bu kanallardan ikisi yemek borusunun yanlarından aşağı inerek, karın sinir sisteminin yanlarından, arkaya uzanır (Wirkner ve Prendini, 2007). Akrebin kanı renksizdir. Lenfatik sıvı yoğun granüllü yuvarlak kan hücreleri ile granülsüz ve merkezi olmayan nükleuslu lökositleri içerir. Kontraksiyonda kan kalp tarafından altı ön damardan aorta cephalica içine itilir. Arterlerin hepsi vena lakünlerinde sonlanır. Lakünlerin içindeki kan, karın tarafta bir sinusta toplandıktan sonra solunum organlarına gider. Burada

temizlenir ve perikard boşluğuna geri döner (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Wirkner ve Prendini, 2007) (Şekil 1.12).



Şekil 1.11. Ön aort sistemi (Buthidae), (Wirkner ve Prendini, 2007).

A: *Lychas mucronatus*; yumuşak doku ve karapak. Ön aort sisteminde kalpden üç çift kardiyak arterin (ca) çıkışı **B:** *L. mucronatus* ön aort sisteminin görünüşü; yürüme bacaklarına ait bağlar (sağ ve sol) **C:** *Androctonus amoreuxi* ön aort sisteminin SEM ile görüntüsü. **D:** *L. mucronatus* ön aort sisteminin SEM ile görüntüsü. **E:** *Parabuthus leiosoma* yürüme bacağındaki bacak arterin görüntüsü. **F:** Prosoma kısmında inen aortun MicroCT sanal kesit görünümü. Dokuz adet transgangliyonik arterler (asterisks) ao, aort; ap, ayak bağı; bt, basitarus; ca, kardiyak arter; ch, chelicerel arter; che, chelicera; co, coxa; fm, femur; h, kalp; I-IV, ayak arterleri I - IV; oa, optik arter; p, ayak arteri; pp, pedipalpal arteri; pt, praetarsus; sc, supraserebral arter; ta, tarsus; ti, tibia; vv, ventral vessel.



Şekil 1.12. Akrelerin Hemolenf Vaskular Sisteminin üç boyutlu görüntülenmesi (Wirkner ve Prendini, 2007).

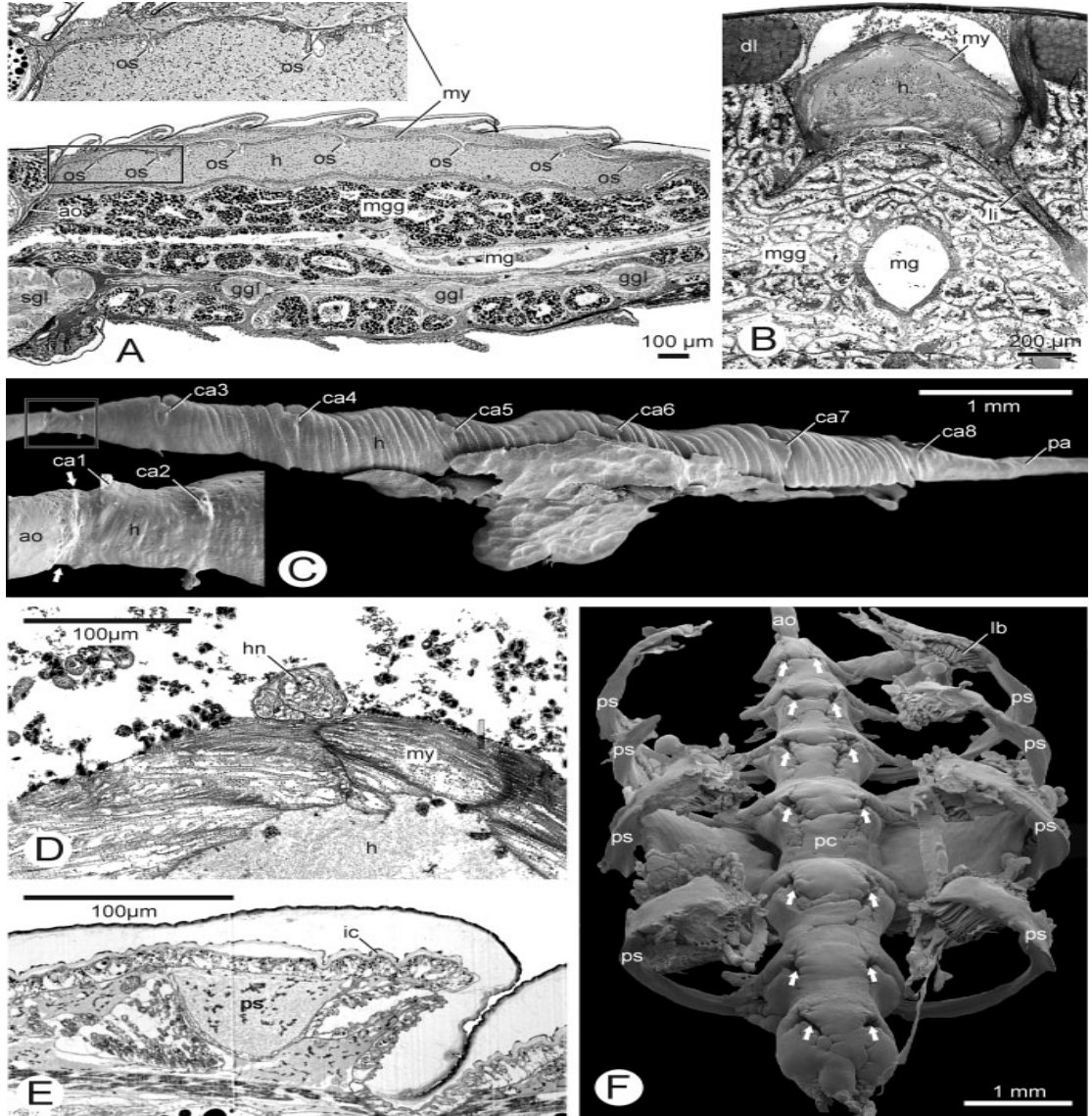
A: Akrelerde HVS (Hemolenf Vaskular Sistem) şematik diyagramı. **B–D:** *Buthacus arenicola* türünün prosoma kısmında bulunan organ sistemlerinin MicroCT taraması ile gösterilmesi. **B:** Lateral görünüm **C:** Ventralden görünüm **D:** Oblik görünüm **ao**, aort; **br**, beyin; **ca**, kardiak arter; **ch**, cheliceral arter; **he**, Kalp; I-IV, Ayak arterleri I-IV; **mg**, Orta Bağırsak; **oa**, optikal arter; **oe**, özofagus; **os**, kapak; **pa**, posterior aort; **pp**, pedipalpal arter; **sgl**, subözofagal ganglion; **st**, mide; **tgl**, transgangliyonik arter; **vv**, ventral kese.

1.2.3.4. Sinir Sistemi

Sinir sistemleri; iki loblu bir beyin ile büyük bir göğüs gangliyonu kitlesi ve 7 – 8 abdomen gangliyonundan oluşmuştur. Abdomen gangliyonlarından son dördü post abdomende bulunur (Çağlar, 1957; Wirkner ve Prendini, 2007). Yemek borusunun başlangıç kısmında da küçük bir gangliyon vardır. Sinirlerle beyine bağlı olan bu gangliyondan sindirim borusuna giden ve visceral sinir sistemini oluşturan sinirler ayrılır. Ayrıca, vücudun ön kısmındaki pharyngeal gangliyondan çıkan, lateral ve ana gözler ile mandibulalara bağlanan sinirler bulunur (Şekil 1.12), (Çağlar, 1957; Özkan ve Karaer, 2004; Wirkner ve Prendini, 2007).

1.2.3.5. Solunum Sistemi

Solunum organları preabdomen'in üçüncü, dördüncü, beşinci ve altıncı sternitlerinde, eliptikal veya sirküler açılımlı dört parçadan ibaret kitap trakeleridir. Kitap trakeler, vücudun orta kısmının ventral yüzünde bulunurlar. Kitap trakelerinin ince kütikül tabakasından oluşan yüzü ve iki akciğer boşluğunun iç yüzleri farklı kalınlıktadır. Kitap trakeler, akreplerin değişik gruplarında farklı amaçlar ve özellikler gösterirler. Bu nedenle sistematikte önemleri büyüktür. Ayrıca kitap trakelere ait de birer çift solunum deliği (stigma) vardır. Bu oluşumlar yelpaze şeklinde olup ana solunum organına bağlıdır (Şekil 1.13). Yedinci halkada stigma yoktur. Stigmaların her biri ayrı olarak vücut boşluğuna açılır (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Demirsoy ve ark., 2001).



Şekil. 1.13. Kalp ve eşlik eden yapılar (Buthidae).

A: *Centruroides exilicauda*'nın mesosoma boyunca kesit görünümü. Kalbin 1. mesosomal segmentten sonuncu segmente uzanışı. Her bir segmente bir çift kapak (os) bulunur. **B:** *Buthacus arenicola*'nın mesosomal segment kesiti. Bir çift hipokardiak ligament kalbin ventralindedir (li). **C:** *C. exilicauda* kalbi SEM ile görüntüsü. Sekiz çift kardiak arter kolu kalbin ventralinden çıkar. Kalp kası spiral Şekildedir. Ok yönünde anteriora doğrudur **D:** *B. arenicola* ait kalp siniri kalbin üst kısmından uzanır. **E:** Mesosomal segment. Pulmono-perikardiyal sinus ilişmiş kabuk oluşumu. Yeni gömlek oluşumu (ic). **F:** *C. exilicauda*'nın pericardium ve ilişkili yapıların dökümü. Pericardium (pc) yanlarından ayrılan hipocardial ligamentler (oklar) Kitap akciğerlerin lamelleri (lb). ao, aorta; ca, kardiak arter; dl, dorsal longitudinal kas; ggl, ganglion; h, kalp; li, ligament; mg, orta bağırsak; mgg, orta bağırsak bezi; my, miyocardium; os, ostium; pa, posterior aorta; ps, pulmono-pericardial sinus; sgl, subözofagal ganglion (Wirkner ve Prendini, 2007).

1.2.3.6. Salgı Sistemi

Akrelerin salgı sistemleri coxal, lenfatik ve lenfoid bezlerden oluşur. Coxal bezler, bacakların üçüncü parçasının vücuda bağlandığı yerde bulunur (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Özkan, 1992). Lenfatik bezler; tam halka, yarım halka ve küçük oval olmak üzere üç şekilde görülür. Lenfoid bezler bir çifttir. İki kısa keseden ibaret olup ön uçları ile diyaframa bağlanmıştır. Vücut boşluğu içinde serbest olarak sallanır. Lenfatik ve lenfoid bezlerin salgıları, akrebin vücudundaki yabancı maddeleri absorbe etme ve bakterileri de zararsız hale getirme özelliğindedir (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004; Wirkner ve Prendini, 2007) (Şekil 1.13A).

1.2.3.7. Görme Organları

Akrepler, karapaksta bir çift basit median göz ve her biri lateralde bulunan iki ile beş çift arası bir grup küçük göz taşır (Yaman, 1996). Median gözler; genellikle aynı yönde alttaki oküler tümsek üzerinde karapaksın anterior sınırından sonra, birlikte yerleşim gösterir. Median gözler, iki tabakadan oluşmuştur (Yaman, 1996; Özkan ve Karaer, 2004). Lateral gözler; karapaksın ön kısmında köşelerde bulunur. Bazı akreplerde bu gözler körelmiştir. Bazı mağara ve mesken akrep türleri (*Sotanochoactas ellioti*) gözsüz de olabilir. Göz sayısı ve dağılımı tür ayrımında önemlidir (Özkan ve Karaer, 2004).

1.2.3.8. Genital Organları

Akrepler, ayrı eşeylidir. Genital organlar abdomenin birinci mesosomal segmenti üzerinde bulunur. Erkeklerde bir çift testis vardır. Testislerin şekilleri değişik olabilir. Her iki testis bir çapraz bağ ile birleşir. Testislere ait sperm

kanalları birleştikinden bir tek genital delik bulunur. Spermaları iplik şeklindedir (Çağlar, 1957; Özkan ve Karaer, 2004). Dişilerin üreme organları ağ şeklinde ve parçalanmamıştır. Akrepler vivipardır. Gelişme ovaryumun içinde geçer (Çağlar, 1957; Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2004).

1.2.3.9. Duyu Sistemleri

Duyu organı olarak dokunum tüyleri, bacaklardaki ince tüyler, abdomenin ikinci sternitindeki taraklar ve cephalothorax'daki median ve lateral gözlerdir. Akrepler yürürken etrafı kollamak üzere pedipalplerini biraz yukarıda tutarlar. Pedipalplerin üzerinde bulunan küçük duyu tüyler (trichobothrium) ile havadaki titreşimleri algılar (Aytaç, 1992; Özkan, 1992; Özkan ve Karaer, 2004).

1.4. Yaşam Biçimleri

1.4.1. Doğal Ortamları

Akrepler, ılık ve nemli yerlerde yaşar. Ekvatora doğru inildikçe hem çeşitleri, hem de vücut büyüklükleri artmaktadır. Akrepler yaşadıkları doğal ortamlarına göre, iki gruba ayrılmıştır (Yaman, 1996; Özcel ve Daldal, 1997; Demirsoy ve ark., 2001).

a. Ağaç yarıklarında, ağaç kabuklarının ve taşların altında yaşayan akrepler, genellikle ılık ve nemli ortamları seçtikleri için daha çok muz, palmye, şeker kamışı gibi bitkilerin diplerinde bulunur. Ağaç kazan tür olarak bilinen *Liocheles australiensis* Avusturalya 'da *Araucoria huntsteinii*

çam ağacının 40 m üstünde kaydedilmiştir (Yaman, 1996; Özkan ve Yaman, 2004; Özkan ve Karaer, 2007).

b. Toprakta, oyuk veya yarıklarda yaşayan yer akrepleri, çok kurak bölgelerde yerin derinliklerine iner. Derinlere inmekteki amaçları, nemli ortam aramaktır. *Alacran tartarus* türüne yerin 812 m derinliğinde rastlanmıştır (Özkan ve Yaman, 2004).

Akrepler buldukları çevreye uygun şekilde gelişim gösterir. Geniş tarsal tırnaklar ile birçok sert uzun kıl (macro setae) taşıyan psammofilik (kum seven) akrepler yumuşak kumlu ortamlarda yaşar. *Uroplectes*, *Opistophtalmus* ve *Parabuthus* soylarına ait türler bu kategoridedir. Fossorial (kazmaya yatkın) akrepler, yengeç benzeri geniş chela bulunur. Bu türler kısa-sert ve kuvvetli bacaklara sahiptir. *Cheloctonus*, *Karasbergia* ve *Lisposoma* soyuna ait türler kazmaya yatkındır. Lithofilik akrepler, kaya yarıklarda yaşar (Fet ve ark., 1998).

Arboreal akrepler, ağaç oyuklarında ve ağaç kabukları altında yaşamaya uyum sağlamışlardır (Yaman, 1996; Özkan ve Yaman, 2004; Özkan ve Karaer, 2007).

Bazı akrep türleri de olağan üstü adaptasyon yeteneğine sahiptir. Sorroca Yarımadası'nda (Kaliforniya) bulunan *Vaejovis janssi*, bütün doğal ortamlarda yaşamaktadır. Bu tür, balta girmemiş ormanlarda, ağaçlarda, bitkili ve bitkisiz toprakta, kumda, taşların arasında ve deniz kıyısında görülmüştür. *Scorpio maurus* türü, İsrail'de deniz seviyesinin 3 m altında ve Atlas Dağ'ında tespit edilmiştir (Özkan ve Yaman, 2004; Özkan ve Karaer, 2007).

Vejovidae ve *Chactidae* ailesine ait bazı türler, donmaya karşı dayanıklıdır. Bu özelliklerinden dolayı 2000m kadar yükseklerde bulunabilirler. *Orobothriuris crassimanus* türü 5500m yükseklikte kaydedilmiştir (Özkan ve Yaman, 2004).

1.4.2. Beslenmeleri

Akrepler, en zor ortamlarda hayatta kalma konusunda uzmandır (Hadley, 1974; Özkan ve Karaer, 2007). Aylarca hatta iki yıl kadar uzun bir süre açlığa dayanabildikleri bildirilmektedir. Soğukkanlı hayvanlar arasında metabolik hızları en düşük hayvanlardır. Bu nedenle az yiyecek uzun süre aç kalabilmektedir. Besinlerden aldıkları sıvı sebebiyle uzun süre susuz da kalabilirler (Bürchell, 1971; Özkan ve Karaer, 2007). Akrepler fazla sıcaklığa duyarlı, neme bağımlı olduklarından her zaman ılık ve ıslak bölgeleri tercih eder. Bu nedenle kışkaçlarını kullanarak çukur kazar ve gerekli nemli ortamı sağlar. Ayrıca kazdıkları bu çukurları tuzak olarak da kullanır. Zamanlarının çoğunu yemeğe ihtiyaç duymadan bu çukurlarda saklanarak geçirir (Yaman, 1996; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Yaman, 2004; Özkan ve Karaer, 2007).

Gün içinde çoğunlukla loş ve karanlık yerlerde gizlenen akreplerin özel kamufajları yoktur. Çoğunlukla geceleri aktif olmalarına karşı yağmur ormanlarında yaşayan bazı türler, ormanın karanlık olan kısımlarında gündüzleri de aktif olabilir (Hubert ve ark., 1996).

Dokunma duyuları çok iyi gelişmiş olan akrepler, fiziksel etkenlere karşı da son derece dirençlidir. Yırtıcı ve yağmacı tabiatlı olmakla birlikte, avlanmada uzmanlaşmamış ve yemek konusunda titiz olmayan hayvanlardır. Hava ve yerden gelen titreşimlerle algıladıkları avlarını, peşine düşmek yerine, sabırlı bir şekilde pusuda bekleyerek avlanır. Başlıca besinleri, böcek, örümcek ve kırkayaktır. Öte yandan, büyük akrepler, küçük yılanları,

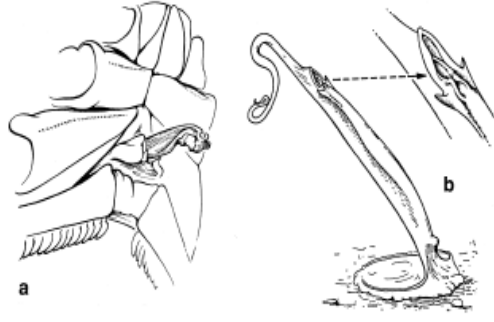
kertenkele ve fareleri dahi yiyebilir. Yamyamlık akreplerde sıklıkla görülmektedir. Avlarını kısıkaçlarıyla yakalayarak sıkın ve kemer şeklindeki kuyruğunu avına uzatarak sokan akrep, venomu ile böcekleri hemen öldürür (Polis ve Farley, 1979; Casper, 1985; Yaman, 1996; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Yaman, 2004; Özkan ve Karaer, 2007). Akrepler, ne kadar venom enjekte edeceklerini avlarına göre belirleyebilir (David, 2005). Büyük kısıkaçlara sahip akrepler, küçük avlarını güçlü kısıkaçlarını kullanarak öldürürken, ince ve zayıf kısıkaçlı akrepler avlarını yakalar, çok etkili venomlarını kullanarak avı sokar ve felç ederek öldürür. Birinci bacakların altındaki boşlukta bulunan cheliserini avına tamamen yerleştirir. Tükürük ve sindirim enzimleri salgılayarak dokuları sıvılaştırıncaya kadar bekler ve oluşan sıvıyı emer (Casper, 1985; Aytaç, 1992; Özkan, 1992).

İnsanları ve büyük hayvanları beslenmek amacıyla değil, ancak rastgele dokunuldukları veya basıldıklarında, kendilerini tehlikede hissettikleri zamanlarda sokar. Daha hareketli oldukları geceleri ve sıcakta, sokmaya daha çok isteklidir (Özkan ve Karaer, 2007).

1.4.3. Üremeleri

1.4.3.1. Çiftleşmeleri

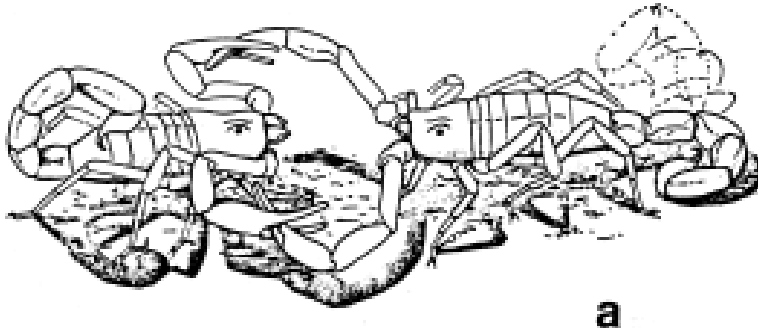
Akreplerin üremeleri ile ilgili iki görüş bulunmaktadır: Çiftleşmek amacıyla erkek ve dişiler bir araya gelmez. Ancak ilkbaharda çok kısa bir dönemde erkekler, dişileri arayarak döllemeye çalışır. Erkeklerde spermler bir kese içerisinde oluşur; genellikle sperm kesesi eşey deliğinden dışarı çıkmış vaziyettedir (Şekil 1.14) (Wolfgang, 1971; Bullington, 1996; Lourenço, 2000b).



Şekil 1.14. Erkek akrepte (a); spermatopoherenin çıkışı (b) spermatopohere (Lourenço, 2000b).

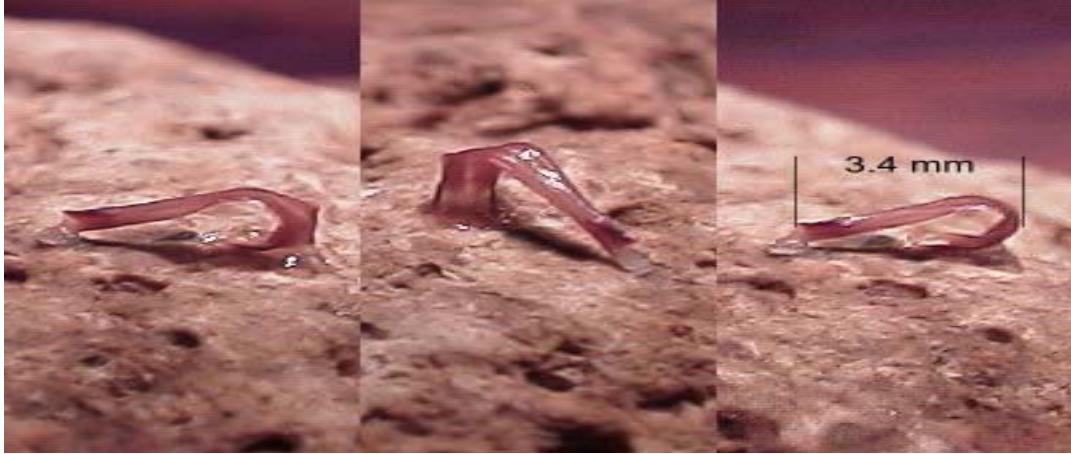
Bu kese içerisindeki spermleri kıskaçları ile alır ve bir dişiye gördüğü anda onu oyalayarak veya ansızın yakalayarak, kıskaçı ile taşıdığı sperm kesesini dişinin eşey deliğine yapıştırır. Bu olayı gerçekleştirdikten sonra hemen kaçar. Aksi halde ölümden kurtulamaz. Zira dişi onu parçalar (Bürchell, 1971; Wolfgang, 1971; Bullington, 1996; Yaman, 1996; Lourenço, 2000b).

Çiftleşme ile ilgili diğer bir görüş de şöyledir: Erkek ve dişi akrepler birbirlerini feromon sayesinde bulur. Bunun için tarak organını kullanırlar. İlk hareketi erkek yapar. Erkek akrep, karmaşık bir kur yaparak kendini dişiye gösterir. Çiftleşme sırasında, üreme organları karşılaşmaz. Çoğunlukla erkek, dişinin kıskaçlarını yakalar, karşılıklı olarak şiddetli bir şekilde birbirlerini çekerler (Şekil 1. 15) (Bullington, 1996; Yaman, 1996; Lourenço, 2000b).



Şekil 1.15. Erkek ve dişinin çiftleşme öncesi pedipalpleri ile birbirlerini kavramaları (Lourenço, 2000b).

Birleşme sırasında kısıkaçlarını birbirine geçiren erkek ve dişi akrepler dönmeye başlar. Bu olay çoğu zaman insanların yaptığı dansa benzer (*Promenade a deux*). Dans sırasında erkek abdomenini bükerek kuyruğunu olabildiğince ön tarafa doğru uzatır. Kuyruk ucundaki iğnesini kullanarak dişinin abdomen segmentleri arasındaki yumuşak membranı kaşırcasına araştırır (sexuel sting) (Bullington, 1996; Lourenço, 2000b). Erkek akrep, vücudunun alt tarafında bulunan tarak organını çiftleşmenin başından sonuna kadar titretir ve dönme hareketlerinin sayesinde 15 – 40 cm²'lik bir alan temizlenmiş olur. Dans sırasında erkek, içerdiği yapışkan sayesinde kese tarzındaki sperm paketini yere bırakır (Şekil 1. 16) (Bullington, 1996; Yaman, 1996; Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007).



Şekil 1.16. Erkek akrep (*Centruroides flavopictus*) tarafından bırakılan spermatophore (Bokma, 2005).

Bu arada erkek, dişiye yerdeki spermlerin üzerine bazı manevralar yaptırarak çekmeye çalışır. Bu çekme mücadelesi sırasında dişinin genital deliği yerdeki spermlere değer. Spermler yapışkan olduğu için dişinin genital deliğine yapışır ve yine mücadele sürdüğü için sperm keseciği patlar, spermler genital delikten içeri girme şansını bulur. Sonra erkek ve dişi can acıtacak şekilde ayrılırlar. Çiftleşmeleri yaklaşık 45 dakika sürer. Küçük erkek akrep hızlıca kaçar fakat çoğu zaman bu kaçış başarılı olmaz. Erkek akrep, dişi tarafından öldürülür (Bullington, 1996; Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007).

Çiftleşmelerin daha çok geceleri ve yeni ay veya ayın olmadığı dönemlerde olduğu belirtilmektedir. Yeni doğum yapmış dişi akrepler tekrar çiftleşebildikleri gibi erkek akreplerde fazla sayıda çiftleşme yeteneğine sahiptir, bu nedenle erkek akrep çok kısa sürede yeni sperm keseciği üretebilir (Polis ve Farley, 1979).

1.4.3.2. Gebelikleri ve Embriyolojik Gelişim

Dişiler, spermleri bazen yumurtaları dölleninceye kadar depolayabilirler. Örneğin; *Isometrus maculatus* gibi türler tek çiftleşme ile birkaç doğum yapabilir. Dişi akrebin vücudunun içindeki kuluçka odasında, döllenmiş yumurtalar içinde embriyolar gelişir. Akreplerde embriyolojik gelişim iki farklı yolla olmaktadır: Apoikogenikal gelişimde ovum ve kese bulunur ve yavru kapalı membran içinde doğar. Katoikogenikal gelişimde ise kese bulunmaz ve yavru membransız doğar. *Centruroides* gibi apoikogenikal gelişim gösteren türlerde bile ova keseden beslense dahi gelişen embriyo bazı besinleri direkt olarak annenin sisteminden alır (Bullington, 1996; Lourenço ve Cuellar, 1999; Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007).

Embriyonun, ovariuterus ile direkt temasta olduğu apoikogenik gelişimden farklı olarak katoikogenik gelişimde, gelişen embriyo dişi ovariuterusundan kaynaklanan özel bir divertikül aracılığıyla tüm besinleri alır. Bazı yerlerde apoikogenikal gelişim gösteren akreplerin ovoviviparous olarak kabul edilmesine karşın apoikogenik embriyoların bazı besinleri; anne sisteminden alması nedeniyle, tüm akrepler viviparous olarak düşünülmektedir (Lourenço, 2000b).

Ovaryum (yumurtalık) içinde gelişmenin ilk safhasında, sekiz segmentli olan preabdomenin ilk yedi segmentinde, sonradan kaybolan ekstremiter taslakları meydana gelir (Şekil 1. 17-18). Gebelikleri oldukça uzundur: Birkaç

ay sürebildiği gibi bir yıldan fazla süren gebelikler de görülebilir (Çağlar, 1957; Bullington, 1996; Lourenço, 2000b).



Şekil 1.17. Akrep embriyoları (*Parabuthus sp.*) (Ythier, 2003).

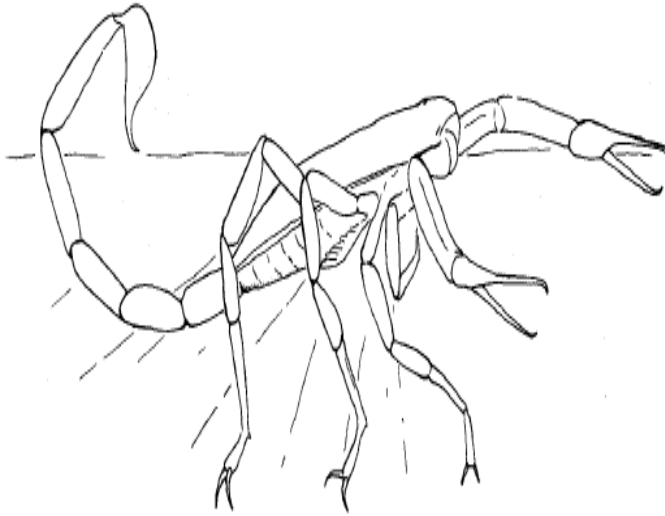


Şekil 1.18. Akrep (*Opisthophthalmus laevipes*) embriyosu (Visser, 2008a).

1.4.3.3. Doğumları

Yavrular, annelerinin vücudunda yaklaşık 7–12 ay kalarak gelişir ve genellikle ilkbahar/yaz aylarında dünyaya gelirler. Ancak tropikal iklimlerde türe bağlı olarak yıl içerisinde tercih ettikleri aylarda doğururlar (Bullington, 1996; Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2007).

Doğum pozisyonu; dişi akreler doğum başlangıcından birkaç saat önce kendilerini doğum yapacakları duruş şekline hazırlanırlar. Bu duruş şekli, türlere göre değişiklik göstermekle birlikte genellikle son iki çift bacaklar üzerinde karın ve vücudun ön kısmını yerden olabildiğince yükselttilerek sağlanır (Hjelle, 1974). İlk iki çift bacaklar havada serbest olarak bulunur. Pedipalpler vücuttan uzak ve bükük vaziyettedir (Şekil 1.19). Doğum süresince yürüme hareketleri gerekse bile bu pozisyonu korurlar (Lourenço, 2000b).



Şekil 1.19. Akrepte doğum pozisyonu (Hjelle, 1974).

Doğum; doğum süresi yavru sayısına, büyüklüğüne ve türlere göre değişkenlik göstermekle birlikte saatlerce hatta günlerce sürebilmektedir. Birinci çift bacakların birleşme noktasında doğum sepeti (Birth basket) içerisinde bulunan yavrular, genital operculumun açılmasıyla birer birer dışarı çıkarlar (Şekil 1. 20–21). Doğan yavrular bir zarla kaplıdır (Bürchell, 1971; Wolfgang, 1971; Benton, 1991; Lourenço, 2000b).



Şekil 1.20–21. Akrepte doğum (*Uroplectes sp.*) (Visser, 2008b).

Doğumdan hemen sonra ya yavrular tarafından ya da annelerin yardımıyla bu zardan kurtulurlar (Şekil 1.21). Doğum pozisyonunu devam ettiren dişi akrep birinci çift bacaklarını kullanarak yavruların zardan kurtulmasına yardım eder sonra yavrular hemen annelerin sırtına çıkarlar (Şekil 1. 22), (Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007).



Şekil 1.22. Doğan yavruların doğum kesesinden kurtularak annelerin sırtına çıkışı (Lourenço, 2000b).

Doğum sepetinden yavrular baş önde, kuyruk önde, sağ yan geliş veya sol yan geliş gibi pozisyonlarda doğabilmektedir. Ancak genellikle yavrular baş önde, kuyruk önde ya da sağ yan geliş pozisyonunda doğarlar. Türe bağlı olarak 3–4 yavrudan 110 yavruya kadar değişkenlik gösterebilmektedir.

Yavrular bir batında doğdukları için cinsiyet oranları genellikle 1:1 olur. Ancak bazı türlerde cinsiyet oranı 3:1 ya da 4:1 (dişi : erkek) oranında da olabilmektedir (Bürchell, 1971; Wolfgang, 1971; Benton, 1991; Bullington, 1996; Yaman, 1996; Lourenço ve Cuellar, 1999; Lourenço, 2000b).

1.4.3.4. Yavruların Gelişimi

Doğan yavrular, annenin bacakları yardımıyla sırtı tırmanır. Neonatal veya birinci instar akrep yavruları doğdukları an akrepten ziyade, çok toplu beyaz cisimcikler gibi, ince kısıkaçlı, bacaklı ve bir kuyruklu büyük sinek kurtçukları gibi görünür. Bu dönem içerisinde annelerinden düşen yavrular tekrar annelerinin sırtına çıkmadıklarında su kaybı sonucu ölür. Yavruların gelişimleri pro-juvenil ve juvenil olarak iki döneme ayrılmıştır. Anne sırtında bulunan yavrular ilk gömlek değişimini burada yapar ve bu dönem pro-juvenil dönemdir. Bu dönemdeki yavrularda yeme ve sokma özelliği bulunmaz (Benton, 1991; Bullington, 1996; Lourenço, 2000b). Birinci gömlek değişimini tamamlayan yavrular juvenil olarak kabul edilir. Yenilenen kabukları ile pembe renkli görülen ikinci instar dönemi yavruları, ergin akreplerin minik versiyonları gibidir. Ancak birkaç gün sonra renkleri giderek grimsi kahverengine dönüşür ve annelerinin sırtında kalmaya devam eder. (Benton, 1991; Bullington, 1996; Yaman, 1996; Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007). Birkaç hafta içerisinde yavrular buldukları çevreyi keşfetmek için annelerinden ayrılarak kısa geziler yapar. Bu gezi sonunda dönen yavru akrepler annelerin pedipalpleri ile çevrelediği alandan tekrar annelerin sırtına çıkar (Şekil 1. 23) (Bullington, 1996; Lourenço, 2000b; Özkan ve Karaer, 2007).

Yapılan bu geziler zamanla uzar ve en sonunda yavru akrepler, zamanlarının çoğunu annelerinden uzakta geçirir (Savary, 1996).



Şekil 1.23. Ayrılan yavruların anneleri tarafından sırtta alınışı (Lourenço, 2000b).

1.4.3.5. Yavruların Oryantasyonu

Türlere göre annelerin sırtlarına rastgele, uzunlamasına ve çapraz olarak üç şekilde yerleşir (Savary, 1996).

a. *Rastgele yerleşim gösteren yavrular*, annelerinin sırtında bir veya daha fazla kat olacak şekilde yığılır (Şekil 1. 24). Bu yığın grupsuz ve düzensiz şekillerdedir. *Buthidae* ailesine ait *Centruroides exilicauda* (Wood), *Centruroides gracilis* (Laterielle), *Centruroides insulanus* (Thorell), *Isometrus maculatus* (DeGeer), *Parabuthus hunteri* (Herbst) ve *Euscorpiidae* ailesi içerisinde *E. carpathicus* (Linnaeus), *E. flavicaudus* (DeGeer), *E. italicus* (Herbst) ve *Megacornuus gertachi* (Diaz), *Ischuridae* ailesi *Hadogenes* cinsine ait türlerin yavruları rastgele yerleşim gösterir (Savary, 1996).

b. *Çapraz yerleşim gösteren yavrular* iki, üç veya daha fazla kat oluşturacak şekilde yerleşmiştir. Yavrular, annelerinin sırtının uzun eksenine düzgün açılarla yerleşir. Yavruların yüzleri orta kısma bakar, bu kısım derin bir boşluk şeklinde görülür. Örneğin, *Diplocentridae* ailesine ait *Diplocentrus whitei* (Gervais) türünün yavruları çapraz yerleşim gösterir (Savary, 1996).

c. *Uzunlamasına yerleşim gösteren yavrular*, tek sıra halinde annenin vücudunun uzun eksenine paralel olacak şekilde dizilmiştir. Yavrular annelerinin sırtı ile direk temas halinde ve yüzleri ön tarafa bakacak şekildedir. Örneğin, *Vaejovidae* ailesine ait türlerin yavrularında da bu tür bir yerleşim görülür (Savary, 1996).

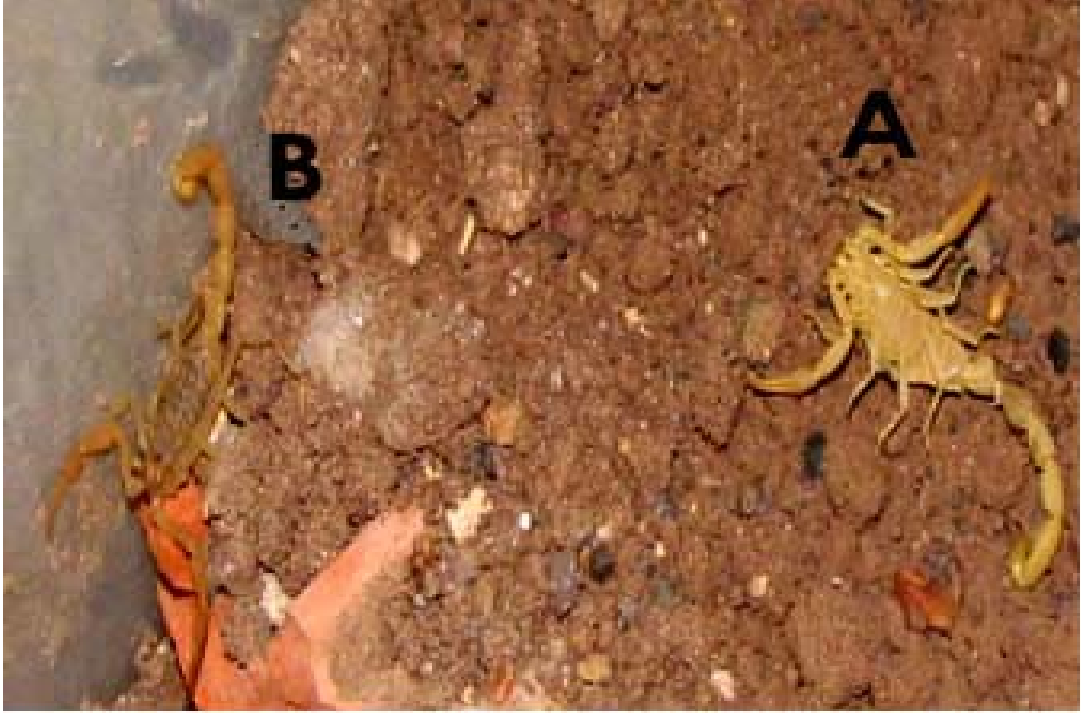


Şekil 1.24. Anne sırtına yerleşen yavruların rasgele dağılımı (Ozkan ve ark., 2007a).

1.4.3.6. Gömlek Değişimi

Anne sırtından inen yavrular, 6–7 ay kadar annelerinin arkasında dolaşırlar. Akrelerin çoğu 1–3 yılda eşeyssel erginliğe ulaşır; ergin olarak da 1–3 yıl daha yaşarlar. Böylece ömür uzunlukları 2–6 yıl arasında değişir.

Bu süre içerisinde 6–9 kez gömlek değiştirirler (Şekil 1. 25). Olası akrep ölümlerinin çoğu bu gömlek değiştirme sırasında meydana gelmektedir (Demirsoy ve ark., 2001; Özkan ve Karaer, 2007).



Şekil 1.25. Gömlek değişimini tamamlamış akrep (B) gömlek (A), (Özkan ve Karaer, 2007)

1.5. Akrelerin Taksonomisi

Yapılan en son çalışmalar ile (Soleglad ve Fet 2003a; Fet ve Soleglad, 2005; Rein, 2008) günümüzde kabul gören temel sınıflandırmayı aşağıdaki şekilde özetlemek mümkündür;

Âlem	Animale		
Anaç	Artropoda		
Sınıf	Arachnoidea		
Takım	Scorpiones		
	Infraorder	Orthosterni	Pocock, 1911
	Parvorder	Pseudochactida	Soleglad ve Fet, 2003
	Superfamily	Pseudochactoidea	Gromov, 1998
Family			
Pseudochactidae	Gromov, 1998		
Parvorder Buthida	Soleglad ve Fet, 2003		
Superfamily Buthoidea	C. L. Koch, 1837		

Family

Buthidae C. L. Koch, 1837

Family

Microcharmidae Lourenço, 1996

Parvorder Chaerilida Soleglad ve Fet, 2003

Superfamily Chaeriloidea Pocock, 1893

Family

Chaerilidae Pocock, 1893

Parvorder Iurida Soleglad ve Fet, 2003

Superfamily Chactoidea Pocock, 1893

Family

Chactidae Pocock, 1893

Subfamily Chactinae Pocock, 1893

Subfamily Brotheinae Simon, 1879

Subfamily Uroctoninae

Family

Euscorpiidae Laurie, 1896

Subfamily Euscorpiinae Laurie, 1896

Subfamily Megacorminae Kraepelin, 1905

Subfamily Scoriopinae Kraepelin, 1905

Family

Superstitioniidae Stahnke, 1940

Subfamily Superstitioniinae Stahnke, 1940

Subfamily Typlochactinae Mitchell, 1971

Family

Vaejovidae Thorell, 1876

Superfamily Iuroidea Thorell, 1876

Family

Iuridae Thorell, 1876

Family**Caraboctonidae Kraepelin, 1905**

Subfamily Caraboctoninae Kraepelin, 1905

Subfamily Hadrurinae Stahnke, 1974

Superfamily Scorpionoidea Latreille, 1802

Family**Bothriuridae Simon, 1880**

Subfamily Bothriurinae Simon, 1880

Subfamily Lisposominae Lawrence, 1928

Family**Scorpionidae Latreille, 1802**

Subfamily Diplocentrinae Karsch, 1880

Subfamily Scorpioninae Latreille, 1802

Subfamily Urodacinae Pocock, 1893

Family**Hemiscorpiidae Pocock, 1893**

Subfamily Hemiscorpiinae Pocock, 1893

Subfamily Heteroscorpioninae Kraepelin, 1905

Subfamily Hormurinae Laurie, 1896

1.6. Türkiye Akrepleri

Türkiye'de bugüne kadar *Buthidae*, *Chacthidae*, *Euscorpiidae*, *Scorpionidae* ve *Iuridae* ailelerine ait 16 tür tespit edilmiştir (Vachon, 1951; Tulga, 1960; 1964; Fet ve Braunwalder, 2000; Karataş, 2003; Karataş, 2005; Karataş ve Çolak, 2005).

1. Aile: Buthidae (C. L. Koch, 1837)**Soy:** *Androctonus* (Hemprich & Ehrenberg, 1829)Tür: *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807)**Soy:** *Leiurus* (Hemprich & Ehrenberg, 1829)

Tür: *Leiurus quinquestriatus* (Ehrenberg, 1828)

Soy: Mesobuthus (Vachon, 1950)

Tür: *Mesobuthus caucasicus* (Nordmann, 1840)

Tür: *Mesobuthus eupeus* (C.L. Koch, 1839)

Tür: *Mesobuthus gibbosus* (Brulle, 1832) *anatolicus* (Schenkel, 1947)

Tür: *Mesobuthus nigrocinctus* (Ehrenberg, 1828)

Soy: Compsobuthus (Vachon, 1949)

Tür: *Compsobuthus matthiesseni* (Birula, 1905)

Soy: Hottentotta (Birula, 1908)

Tür: *Hottentotta saulcyi* (Simon, 1828)

2. Aile: Euscorpiidae (Laurie, 1896)

Soy: Euscorpius (Thorell, 1876)

Tür: *Euscorpius germanus* (C.L. Koch, 1837)

Tür: *Euscorpius carpathicus* (Linne, 1763)

Tür: *Euscorpius italicus* (Herbest, 1800)

Tür: *Euscorpius tergestinus* (C.L. Koch, 1837)

Tür: *Euscorpius mingrelicus* (Kessler, 1874)

3. Aile: Scorpionidae (Latereille, 1802)

Soy: Scorpio (Linnaeus, 1758)

Tür: *Scorpio maurus fuscus* (Ehrenberg, 1829)

4. Aile: Iuridae (Pocock, 1893)

Soy: Calchas (Birula, 1899)(Paraiurus Francke, 1985)

Tür: *Calchas nordmanni* (Birulla, 1899)

Soy: Iurus (Thorell, 1876)

Tür: *Iurus asiaticus (Iurus dufourei asiaticus)* (Birulla, 1903)

1.6.1. Türkiye Akrepleri Teşhis Anahtarı

Türkiye akrep faunasında kaydı bilinen akreplerin bağlı oldukları ailelerin tanı anahtarı (Kovařík, 1999):

1. Pedipalp tibiasının ventral yüzeyinde trichobotria bulunmaz; sternum üçgen şeklidir; chela ince yassılaşırsa; Buthidae ailesi.....**2**
 - Pedipalp tibiasının ventral yüzeyinde bir ya da daha fazla sayıda trichobotria bulunursa.....**10**
2. Sarı veya sarımsı kahverenginde ise..... **3**
 - Vücut siyah ise..... **9**
 - Vücut siyahımsı yeşil renkte, Median gözlerin arasındaki frontal çıkıntılar düz ise.....***Hottentotta saulcyi***
3. İlk iki mesosomal segment beş karinalı ise.....***Leiurus quinquestriatus***
 - İlk iki mesosomal segment beş karinalı ise.....**4**
4. Pedipalpin hareketli parmağında dış lateral granülleri Şekil 2. 2-4 deki gibi ise..... **5**
 - Pedipalpin hareketli parmağında dış lateral granülleri Şekil 1. 26 1' deki gibi ise.....***Compsobuthus matthiesseni***
5. Pedipalpin hareketli parmağında bir terminal; dört distal granül varsa (Şekil 1.26) dış lateral granülleri Şekil 1.26 2-4 deki gibi ***Mesobuthus***..... **6**

6. Dördüncü metasomal segment 10 karinalı ise..... ***Mesobuthus gibbosus***

- Dördüncü Metasomal segment sekiz karinalı ise..... **7**

7. Pedipalpin hareketli parmağında diyagonal Şekilli 12 granül sırası var ise; Cheliserden metasomanın sonuna kadar olan uzunluk 40–55 mm ise..... ***Mesobuthus eupeus***

- Pedipalpin hareketli parmağında bir terminal; diyagonal Şekilli 13 ya da 14 granül sırası var ise; Erginlerin uzunluğu 60-80 mm ise..... ***Mesobuthus caucasicus***

8. Pedipalpin hareketli parmağında bir terminal; üç distal granül varsa (Şekil 1. 26)..... ***Androctonus*** **9**

9. Birinci metasomal segmentin dorsal yüzeyi pürüzsüz ve posteriora doğru kalınlaşıyor ise..... ***Androctonus crassicauda***

10. Pedipalp el kısmı çok geniş, yuvarlak ve genişliği uzunluğu kadar ise..... ***Scorpio maurus fuscus***

- El tamamıyla yuvarlak değil; uzunluğu genişliğinden fazla ise..... **11**

11. Pedipalpde el kısmının ventral yüzeyindeki trichobothriaların sayısı ve dağılımı Şekil 1.26-7 gibi ise..... ***Calchas nordmanni***

- Pedipalpde el kısmının ventral yüzeyindeki trichobothriaların sayısı ve dağılımı Şekil 1. 26 gibi ise *lurus* **12**

- Pedipalpde el kısmının ventral yüzeyindeki trichobothriaların sayısı ve dağılımı Şekil 1.26'daki gibi ise..... ***Euscorpius***..... **3**

- Pedipalpte el kısmının ventral yüzeyindeki trichobothriaların sayısı ve dağılımı Şekil 1.26'daki gibi ise..... ***E. italicus***

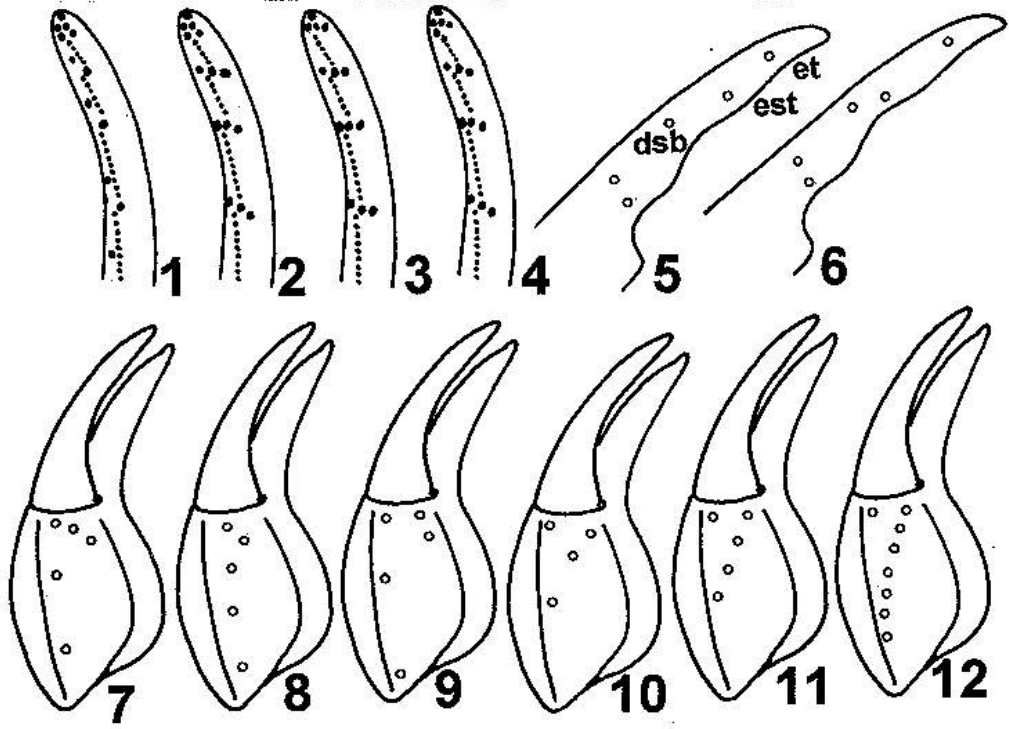
12. Ergin erkeklerin pedipalplerindeki parmaklar karşılıklı deldiklerinde açıklık kalıyor ise..... ***lurus asiaticus***

13. Beşinci metasomal segmentin ventral yüzeyi yuvarlak ve pürüzsüz ise..... **14**

- Beşinci metasomal segmentin ventral yüzeyin merkezinde göze çarpan büyüklükte kaba granüller bulunur ise***E. carpathicus***

14. Pedipalbin sabit parmağındaki trichobothria dsb - est and est - et arasındaki uzaklıklar birbirine eşite yakın ise (Şekil 1.26-5) ***E. germanus***

Pedipalbin sabit parmağındaki trichobothria dsb - est and est - et arasındaki uzaklıklar iki kat ya da daha uzun ise (Şekil 1. 26-6).....***E. mingrelicus***



Şekil 1. 26. Pedipalp ve hareketli parmağın ventral yüzü (Kovařík, 1999)

(1–4). Pedipalpin sabit parmağın dorso-external yüzü (5–6). Chelanın ventral görünümü (7–12). *Compsobuthus matthiesseni* (1); *Mesobuthus gibbosus* (2); *Euscorpium germanus* (5); *E. mingrelicus* (6); *Calchas nordmanni* (7); *Iurus asiaticus* (8); *E. carpathicus* (10); *E. italicus* (12).

1.6.2. Buthidae (C. L. Koch, 1837) Ailesi

Buthidae ailesine ait günümüze kadar 74 soy ve 529 tür tespit edilmiştir (Prendni ve Wheeler, 2005; Rein, 2008). Bunlardan dört soya ait altı tür ülkemizde bulunmaktadır (Fet ve Braunwalder, 2000; Karataş ve Karataş, 2001; Özkan ve Karaer, 2003; Karataş, 2005; Karataş ve Çolak, 2005). Dünya’da geniş dağılım gösteren bir akrep ailesidir (Kürtüllü, 2006). Medikal yönden en önemli ailedir. Subtropikal ve tropikal bölgelerde ve ılıman ortamlarda yaşarlar. Türlerin çoğu sarı, kahverenkli veya siyah renklidir. Boyları 20–120 mm arasında değişmektedir (Özkan ve Karaer, 2003; Karataş, 2005; Karataş ve Çolak, 2005; Rein, 2008). Oldukça tehlikeli olan bu akreplerin sternumlarının boyu eninden fazla, üçgen şeklinde ve öne doğru oldukça daralmıştır (Yaman, 1996). Kalın ve kuvvetli bir kuyruğa ve ince pedipalplere sahiptir. Pedipalplerin ventral yüzeyinde trichobotrium

bulunmaz (Kovařík, 1999; Rein, 2008). Gözler her iki yanda ve 3–5 tanedir. Bu ailede, toksisitesi yüksek türler bulunmakta ve zehiri insanlar için öldürücü özelliكتedir (Özkan ve Karaer, 2003).

1.6.2.1. *Androctonus* (Hemprich & Ehrenberg, 1829) Soyu

Türlerin çoğu sarı, kahverenkli veya siyah renklidir (Rein, 2008). Boyları 100–120 mm arasında değişmektedir (Demirsoy ve ark., 2001). Medikal yönden en önemli olan türleri *Androctonus australis*, *Androctonus crassicauda*, *Androctonus amoreuxi*, *Androctonus mauretanicus*, *A. mauretanicus mauretanicus*, *Androctonus bicolor*, *Androctonus aeneas aeneas*, *A. oeneas oeneas*'dır (Vachon, 1952a; 1952b; Balozet, 1971; Bücherl, 1971; Özkan ve Karaer, 2003).

1.6.2.1.1. *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807)

Yunanca *andras* (άνδρας), “adam” anlamında ve *kteinein* (κτείνειν) ise “öldüren” anlamında olup *Androctonus* ismi “Adam öldüren” olarak bilinir. Latince de *crassus* “kalın ya da şişman” ve *cauda* ise “kuyruk” anlamında olup *crassicauda* (crassi-cauda) “kalın kuyruk” anlamındadır. Bu nedenle Orta Doğu'da yaygın olarak “adam öldüren kalın kuyruk” olarak bilinmektedir (Wikipedia, 2008).

Androctonus crassicauda 80 ile 100 mm uzunluğundadır (Vachon, 1951; 1952a; Demirsoy ve ark., 2001; Ozkan ve ark., 2006c). Bu tür koyu kahve ve siyah renkte, kısıkaçları çok tıknaz ve kuyruğu oldukça kıvrıktır. Pedipalplerin hareketli parmağın distalinde dört ve terminal kısmında bir granül bulunur. Pedipalplerin chela kısmı yuvarlak ve dolgundur. Birinci metasomal segmentin dorsal yüzeyi düzdür (Vachon, 1951; 1952a; Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006; Karataş ve Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c). Orta

Asya ve Türkiye’de tıbbi yönden en önemli türdür (Radmanesh, 1990; İsmail ve ark., 1994; Crucitti, 1998; Demirsoy ve ark., 2001; Ozkan ve ark., 2006c).

Üçüncü metasomal segmentin yüksekliği genişliğinden fazladır. Kuyruk posteriore doğru kalınlaşır ve yüksekliği de artar (Vachon, 1952a; Demirsoy ve ark., 2001; Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c). Vezikülün genişliği V. kuyruk segmentinin genişliğinden azdır. Karapaksta medio-lateral karinalar ile postero-median karinalar tam olarak bağlanmaz (Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006).

1.6.2.1.1.1. Morfolojik Özellikleri

a. Renk

Genelde siyah veya koyu kahverengidirler, fakat çok az oranda koyu sarı ve krem renkli örneklerle de rastlanmaktadır. Mesosomanın ventrali, yürüme bacakları daha açık renklidir. Telsonun uç kısmı kırmızımsı ya da siyah renktedir (Vachon, 1951; 1952a; Demirsoy ve ark., 2001; Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c; Rein, 2008).

b. Prosoma

Karapaks geniş, uzun ve anteriorde hemen hemen düzdür. Lateral gözler 3 tane olup, karapaksın anterio-lateralindedir. Median gözler karapaksın nispeten anterioruna yakın yerleşmiştir (Vachon, 1952a; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c; Rein, 2008).

c. Mesosoma

Yedinci tergit haricinde diğer tergitler, 3 karinalıdır. VII. tergit 5 karinalı olup interkarinal ve lateral kısımları granülsüz olmasına karşın lateral kenarları daha belirgin ve dişlidir. Medianda bulunan karina ise 4–5 kaba granülden oluşur (Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006).

d. Metasoma

Bütün metasomal segmentleri geniş, kalın ve dorsalden posteriora doğru yüksekliği artar. III. ve IV. kuyruk segmentleri en kalın olan segmentlerdir. V. kuyruk segmentinden başlayarak telsona doğru giderek daralma görülür. Telson, küçük olup iğne kısmı yarı oranında siyahtır. İlk üç segmentin genişliği, bu segmentlerin uzunluğundan ve yüksekliğinden fazladır. Yüksekliği en fazla olan segment III. segmenttir (Vachon, 1952a; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c).

e. Chela

Chela'da parmaklar manus kısmından daha uzundur. Hareketli parmakta 15, sabit parmaktada 14 eğik granül sırası bulunur, (Yeşilyurt, 2005; Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006).

f. Eşeyssel Dimorfizm

Dişiler, erkeklere göre daha geniş abdomene sahiptir. Metasoma erkeklerde daha uzundur. En önemli özellik ise tarak organının erkeklerde daha uzun ve geniş olmasıdır. Erkeklerde tarak diş sayısı 31–35; dişide 24–29 arasında değişmektedir (Yağmur, 2005; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c).

1.6.2.1.1.2. Habitat

A. crassicauda, kserofilik (kurağı seven) bu nedenle yağış almaz ve oldukça kurak bir iklime sahip bölgelerde yaygın bir akrep türüdür. Yapılan çalışmalarda, örnekler, bozkır vejetasyonlu arazide, taş altında olmak birlikte yaygın olarak, köy içlerinde ya da köylere çok yakın yerlerde, kerpiç evlerde, harabelerden, evlerin çevresindeki bozkır arazide taş altlarından toplanmıştır. Bu türün insanların yaşadığı yerlerde yaşadığı ve evlerin içine sokulduğu (antropotolerant olduğu) bu da insanların yaşadığı yerlerde beslenme kaynağı olarak bulunan çeşitli hayvanlarla ilgili olduğu ve bu türün 15 °C sıcaklığa kadar ve gece aktif olduğu bildirilmiştir (Crucitti, 2000, 2001; Crucitti ve Vignoli, 2002; Yağmur, 2005).

1.6.1.1.1.3. Coğrafik Dağılımı

a. Dünyada Yayılışı

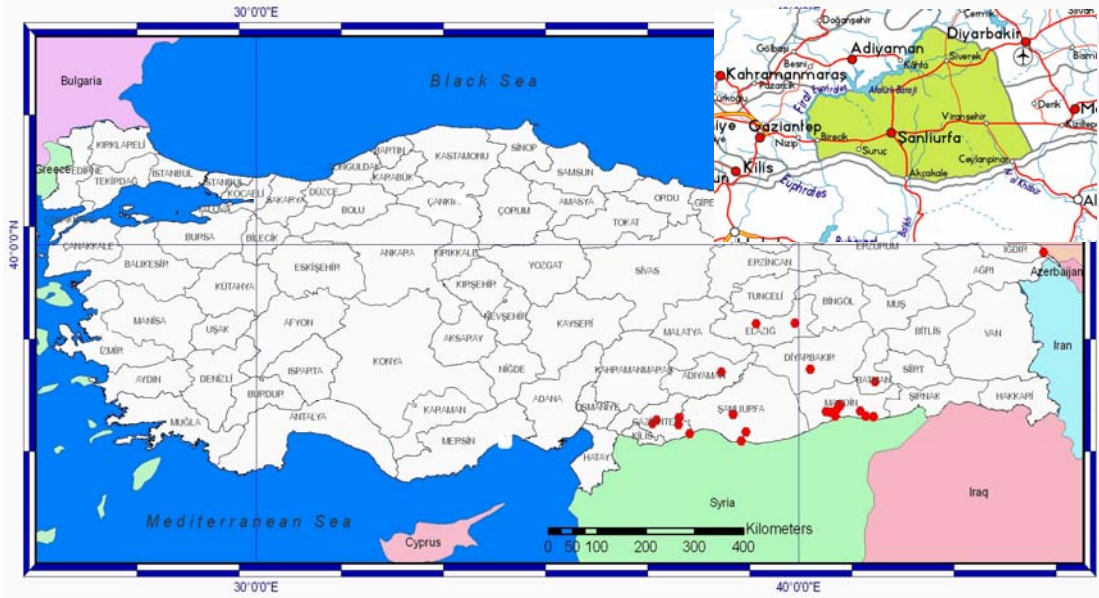
Androctonus crassicauda; Azerbaycan, Bahreyn, Birleşik Arap Emirlikleri, Ermenistan, Irak, İran, İsrail, Kuveyt, Mısır (Sina çölü), Suriye, Suudi Arabistan, Türkiye, Umman, Ürdün ve Yemen'de (Vachon, 1952a; 1952b; Zuhair, 1988; Mullen ve Stockwell, 2002) yayılmıştır (Şekil 1.27).



Şekil 1.27. *A. crassicauda*'nın dünyada ki yayılışı (Latoxan, 2008).

b. Türkiye’de Yayılışı

Androctonus crassicauda, Türkiye’de varlığı ilk kez Tolunay ve Kosswing tarafından toplatılan akreplerde Vachon tarafından yapılmıştır (Vachon, 1951; Tulga, 1960; 1964). *A. crassicauda*, Türkiye’de daha çok Güney Doğu Anadolu ve Doğu Anadolu bölgesinde (Şekil 1. 28) Elazığ, Diyarbakır, Şanlıurfa, Mardin, Gaziantep, Adana, Hatay, illerinde bulunduğu anlaşılmıştır (Vachon, 1947a; 1951; Tolunay, 1959; Tulga, 1960; 1964; Merdivenci, 1981; Crucitti, 1999; Demirsoy ve ark., 2001; Crucitti, 2003; Crucitti ve Cicuzza, 2001; Crucitti ve Vignoli, 2002; Ozkan ve Filazi, 2004; Karataş ve Çolak, 2005; Kürtüllü, 2006; Karataş ve Kürtüllü, 2006).



Şekil 1.28. *Androctonus crassicauda*’nın Türkiye’deki yayılışı (Orijinal).

1.7. Genotiplendirme

1.7.1. Tür Kavramı

Tür; yapısal özellikleriyle genetik karakterleri birbirine benzeyen ve yine aynı genetik karakterde yeni kuşaklar verebilen bireylerin tümü şeklinde biyolojik genetik bir bütün olarak tanımlanmaktadır. Diğer bir taraftan “yapısal ve

işlevsel özellikleri yönünden birbirine benzeyen ve aynı çevresel koşullara benzer tepki gösteren doğal koşullarda serbest olarak birbirleriyle çiftleşip verimli yavrular oluşturabilen bireyler topluluğu” şeklinde de tür tanımı yapılmaktadır. Tür, dinamik bir varlıktır yeni döller oluşturarak varlığını devam ettirir. Yeni döllerin oluşumu sürecinde, gen havuzu içeriğinde değişimler olur, farklı ya da aynı alanlarda olan değişimler, türleri kendi içerisinde bir alt birimleşmeye götürür ve alt birimleşmenin tamamlanmasıyla yeni türler oluşur. Türler genellikle kendi içerisinde fenotipik ve genetik olarak farklılaşmış gruplara veya popülasyonlara bölünmüştür. Türü meydana getiren popülasyondaki bireyler birbirinin aynısı değil benzeri olurlar. Yani, anatomik, fizyolojik özellikleri, protein yapısı ve davranışları bakımından belirli değişimler (varyasyonlar) gösterirler. Değişim faktörü türlerin temel özelliklerinden birini oluşturur. Ancak, aynı türe ait bireyler arasındaki değişimler, farklı türlere ait bireyler arasındaki değişimlere göre çok daha azdır. Başka bir ifadeyle iki farklı tür arasında gen akışı tamamen kesilmiş, yani eşeyssel yalıtım (izolasyon) sağlanmış durumdadır. Bunun yanında istisnai bir durum olarak ikiz türler ve hatta bazen birbirine oldukça uzak akraba olan türler arasında karşılıklı döllenme ve yavru meydana getirme görülebilir. Fakat gen ve kromozom dağılımındaki dengesizliklerden dolayı bu yavrular hayvanlarda verimli olmazlar (Kühn, 1964; Hadorn ve Wehner, 1974; Demirsoy, 1998; Kocataş, 2003; Ergüden, 2007).

1.7.1.1. Tür Oluşumu

Yeni türlerin oluşumunda yalıtım (izolasyon mekanizması) en büyük etkiye sahiptir. Çünkü gen akışı devam eden popülasyonlarda tür düzeyinde farklılaşma oluşamaz. Bir popülasyon belirli bir süre birbirinden coğrafik olarak yalıtılmış alt popülasyonlara bölünürse, bir zaman sonra kendi aralarında çiftleşme yeteneklerini yitirerek, yeni tür özelliği kazanmaya başlar. Bu süre içerisinde oluşacak çiftleşme davranışlarındaki farklılaşmalar, yalıtımı çok daha etkili duruma getirmektedir. Kalıtsal yapı açısından birleşme

ve döl meydana getirme yeteneklerini koruyan birçok popülasyon, sadece çiftleşme davranışlarında meydana gelen farklılaşmadan dolayı yeni tür özelliği kazanmıştır (Demirsoy, 1998; Ergüden, 2007).

Bir tür, ekolojik gereksinimlerine karşılık bulduğu sürece yayılış alanını genişletir. Genişleyen yayılış alanı yeni bariyerlerin ortaya çıkmasıyla bölünebilir. Bunun sonucunda bariyerler popülasyonu alt gen havuzlarına böler. Her bir gen havuzu, süreç içerisinde farklılaşmalar geçirerek yeni ve bağımsız gen havuzları ve de yeni türler oluşur (Ergüden, 2007).

Tür topluluğunu oluşturan bireyler birçok ortak özelliğe sahip olup; diğer türlerden bir veya daha fazla özellik bakımından farklılık gösterirler. Bu türün bireyleri ortak bir atadan türemişlerdir. Aralarında genetik akrabalık bulunan bu bireyler birbirleriyle çiftleşince kendilerine benzeyen ve doğurgan olan yavrular meydana getirirler (Ergüden, 2007).

Bir türün yaşadığı alanda bulunmasının iki nedeni vardır. Bunlar evrimsel ve ekolojik nedenlerdir. Ekolojik olarak tür yaşadığı habitatın koşullarında yaşamını sürdürecektir ve üreyebilecek uyumlara sahiptir. Evrimsel olarak ise; türün atası orada yaşamış ve tür orada oluşmuştur. Ya da tür önce başka yerde oluşmuş yani atası orada yaşamamış sonra oraya taşınmıştır (Demirsoy, 1998). Bir türün yaşadığı alanda mı evrimleştiği yoksa sonradan mı oraya yayıldığı, akraba türlerinin yayılışı ile tahmin edilebilir. Bu açıdan türlerin yayılışı önemlidir. Yayılışlar türleşme şekilleri hakkında, türleşme şekilleri de yayılışları hakkında fikir verir (Ergüden, 2007).

Türler, simpatrik ve allopatrik olarak iki yolla oluşabilir. Simpatrik tür, aynı ekonişi paylaştıkları halde, aralarında çiftleşip üreyebilme engeli olan canlılardır. Allopatrik tür ise, aynı tür mensupları oldukları halde, farklı coğrafi alanlarda yaşayan canlılardır. Doğal engellerin ve zaman faktörünün etkisiyle, bir topluluğun iki kolu coğrafi olarak ne kadar birbirinden uzakta ise

ve ekolojik koşullar açısından birbirinden ne kadar farklı ortamlarda yaşıyorlarsa, bunların iki farklı alt tür olarak gelişme olasılıkları o kadar fazladır. Söz konusu gruplar arasındaki coğrafi engeller çeşitli nedenler ile ortadan kalktığında, bu iki topluluk karşılaşma olanağı bulur, fakat simpatrik türler haline geldikleri için, artık aralarında çiftleşip üreme olanağı kalmamıştır (Ergüden, 2007).

Morfolojik olarak birbirine benzeyen fakat çoğalma bakımından birbirlerinden ayrılan türlere sibling (ikiz), iki veya daha fazla alt türlere politipik, alt türleri olmayan türlere monotipik, dünya da geniş alanlara yayılmış türlere kozmopolit ve belirli kıtalara yayılmış türlere ise kıtasal (kontinental) türler denilmektedir (Kuru, 1999; Ergüden, 2007).

1.7.1.2. Alt Tür Kavramı

Bir türe ait bireyler buldukları çevrede aynı gen havuzuna sahip bir populasyon oluşturur. Böylece her bir tür birçok bölgesel populasyonlardan oluşur. Bunlardan bazıları birbirlerinden oldukça farklıdır. Bu bireylerin oluşturdukları tür altı gruplara alt tür (subspecies) denilmektedir. Bir türün içerisinde genellikle coğrafik yalıtım, dolayısıyla coğrafik ırklara bağımlı olarak alt türler oluşabilir. Bunlar türün diğer populasyonlarından taksonomik olarak farklıdır. Alt türler, kendi içlerinde kısmi yalıtımdan dolayı, gen bileşimi bakımından birbirlerine daha çok benzeyen gruplardan meydana gelmiştir. Böyle bir politipik türün alttürleri ilke olarak gen bileşimleri bakımından farklı olmakla beraber, bir araya getirildiklerinde çiftleşebilirler ve verimli döller meydana getirebilirler (Demirsoy, 1998; Bilgin, 1999).

1.7.2. Tür Tespitinde Kullanılan Morfolojik Tekniklerin Önemi

Akrelerde bulunan morfolojik karakterler çeşitli sınıflara ayrılmış gruplar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde kullanılmaktadır. Farklı türlerin tanımlanması ve arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde, akrelerin teşhisinde ayırt edici morfolojik özelliklerinden biri olan meristik karakterler de yaygın olarak kullanılmaktadır (Vachon, 1952a; 1952b; Fet ve Soleglad, 2002; Soleglad ve Fet, 2003b).

Türler içinde meydana gelen fenotipik değişim, sadece genetik kontrol altında olmayıp, aynı zamanda çevresel etmenlerin de etkisi altındadır. Bununla birlikte görülen fenotipik esneklik, onların davranış ve fizyolojilerinde meydana gelen modifikasyonlar sayesinde çevresel değişimlere adapte olmalarını sağlamaktadır. Bu modifikasyonlar, çevresel değişimin etkilerini azaltarak, morfoloji, üreme ve yaşam sürelerinde değişimlere de yol açmaktadır (Bilgin, 1999; Ergüden, 2007).

Genetik tekniklerin kullanımından önce, morfolojik farklılığın tamamıyla genetik farklılaşmadan kaynaklandığı sanılmakta ve stokların tespiti, genellikle morfolojik özellikler kullanarak yapılmaktaydı (Marr, 1957). Fakat, fenotipik tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyon tespitinde fenotipik değişimin direk olarak genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlı hale gelmiştir (Ergüden, 2007).

1.7.3. Genetik Tekniklerin Tür Tespitinde Kullanımı

Genetik tekniklerin sistematikte çeşitli amaçlarla kullanımı mümkündür (Turan, 2000; Bardakçı ve Karataş, 2005). Belirgin ya da güvenilir morfolojik farklılıkları olmayan türlerin ayırt edilmesi, çok uzun zaman önce farklılaşmış olan türlerin sınıflandırılmasında kullanılabilecek morfolojik homolojileri

saptamak güç olduğundan, moleküler teknikler bu durumda yararlı karakterler olarak kullanılabilir (Ergüden, 2007).

Morfolojik özelliklerine göre pek çok türün teşhisi için oldukça deneyim sahibi olmak gerekir. Özellikle teşhisi zor olan türlere özgü teknikler geliştirilmesi, teşhislerinin daha kesin olarak yapılmasına olanak sağlar. Belki de yakın gelecekte türlerin teşhisinde kullanılabilecek genetik belirteçlerle tür teşhis anahtarlarının geliştirilmesi mümkün olacaktır (Fet ve Soleglad, 2002; Soleglad ve Fet, 2003a; 2003b).

Genetik verilerin diğer en önemli özelliklerden birisi de, moleküler saat kullanarak türlerin ayrılma zamanlarının tahmin edilmesine olanak vermesidir. Belli bir türün ya da taksonun genomu (mitokondri ya da çekirdek genomu) veya genomunun belli bölgeleri için mutasyon oranlarına ait bilgiler varsa, karşılaştırılan taksonlar arasındaki nükleotid farklılıklarını (divergens) hesaplayarak ne kadar zaman önce farklılaştıklarını tahmin etmek mümkündür. Bu yolla oluşturulan filogenetik ağaçların dal uzunluklarını hesaplamak ve türler arasındaki evrimsel ilişkilerini zamansal olarak da tahmin etmeye olanak sağlar. Son olarak, popülasyon genetikçileri moleküler teknikler kullanarak türleşme ve türleşmeye neden olan evrimsel güçler ve işleyişi hakkında önemli bilgiler sağlamaktadırlar (Ergüden, 2007).

1.7.4. Moleküler Sistemikte Kullanılan Genetik Teknikler

Popülasyon genetiği çalışmalarında türlerin ve popülasyonlar arası farklılıkların tespitinde fenotipik tekniklerin yanında moleküler genetik teknikler de kullanılmaktadır. Tek başına kullanılan fenotipik teknikler genotipik dayanağı olmadığından ve çevresel etkilere göre değişiklik gösterdiğinden yanıltıcı olabilmektedir. Bu nedenle moleküler genetik tekniklere ihtiyaç duyulmaktadır (Turan, 2002; Ergüden, 2007). Bu amaçla birçok genetik teknik geliştirilmiştir.

Populasyon genetiđi alıřmalarında gnmzde yaygın olarak kullanılan teknikler; Protein elektroforez, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), Sınırlama Paralarının Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), DNA Dizileme Metodu, DNA Parmak İzi Metodu, Mikrosatellite ve Polimorfik DNA'nın Rastgele ođaltılması (RAPD) teknikleridir (Ergden, 2007).

DNA zincirleme metodunda DNA zincirinde istenilen blgenin nkleotid diziliminin ortaya ıkarılması ile zincir zerinde meydana gelen deđiřimler tespit edilebilmektedir (Ergden, 2007).

1.7.4.1. Deoksiribo Nkleik Asit (DNA)

DNA'nı yapı tařları nkleotidlerdir.

- d**A**TP : Deoxyadenosine triphosphate
- d**G**TP : Deoxyguanosine triphosphate
- d**T**TP : Deoxythymidine triphosphate
- d**C**TP : Deoxycytidine triphosphate, olmak zere

drt farklı nkleotid vardır.

Bu nkleotidler dNTP'lar (deoxynucleoside triphosphate) olarak isimlendirilmiřtir. Bir nkleotid, bir nitrojen baz, bir řeker molekl ve bir trifosfat olmak zere  ana kısımdan oluřur. Nkleoitidlerde yalnızca nitrojen baz kısmı farklılık gsterir. DNA, bir nkleotidden (řeker molekl 5. C atomu pozisyonunda) fosfat grubu ile 3. C atomundaki řeker molekl arasında birleřirler. Yeni nkleotid eklenmesi zincirin 3. yan kısmında olur (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008).

Hcre iindeki DNA'nın ođu ekirdekte bulunur. Bu DNA kromozomal DNA olarak isimlendirilir. Besin molekllerinin oksidatif degrassiyonunda rol oynayan mitokondriler ayrıca mitokondriyal DNA ierir. karyotik hcrelerde

fotosentez olayında rol oynayan kloroplastlarda kloroplast DNA sahiptir. Organizmalarda genetik materyallerin büyüklükleri Çizelge 1.1 de görüldüğü gibi farklılık göstermektedir (Vanfleteren, 2004).

DNA, canlı hücrelerde genetik bilginin saklandığı tek kromozal komponenttir. DNA'da saklı genetik bilgi, replikasyon suretiyle kalıtılabilmekte ve transkripsiyon olayı ile RNA'ya aktarıldıktan sonra translasyon olayı ile protein haline çevrilmektedir. DNA baz kompozisyonu türden türe değişmekte ancak aynı türlerin farklı dokularından izole edilen DNA örnekleri aynı baz kompozisyonuna sahiptir. Türler ne olursa olsun bütün DNA'larda adenin (A) kalıntılarının sayısı, Timin (T) kalıntılarının sayısına eşittir (A=T). Diğer taraftan benzer olay Guanin (G) ile Sitozin (C) kalıntıları içinde geçerlidir (G=C). İnsan ve hayvan DNA'larında A ve T çoktur (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

Çizelge 1.1. Genetik materyallerin büyüklüğü.

DNA Tipi	Organizma	Baz Çiftinin Büyüklüğü
Kromozomal DNA	Memeliler	6×10^9
	Bitkiler	$2 \times 10^8 - 2 \times 10^{11}$
	Mantar	$2 \times 10^7 - 2 \times 10^8$
Mitokondriyal DNA	Hayvanlar	$16 \times 10^3 - 19 \times 10^3$
	Yüksek bitkiler	$150 \times 10^3 - 250 \times 10^4$
	Mantar	$17 \times 10^3 - 78 \times 10^3$
	Green alga	16×10^3
	Protozoa	$22 \times 10^3 - 40 \times 10^3$
Kloroplast DNA	En yüksek bitkiler	$120 \times 10^3 - 200 \times 10^3$
	Green alga	180×10^3

Bir organizmadaki her protein molekülünün aminoasit dizisi her RNA molekülünün nükleotid dizisi, organizmanın DNA molekülleri tarafından belirlenir; protein veya RNA yapısı için gerekli bilgi, DNA'daki nükleotid dizisinin karşılığı olarak bulunur. Protein veya RNA gibi bir fonksiyonel biyolojik ürünün sentezi için gereken bilgiyi saklayan bir DNA segmenti veya

bir kromozom bölümü gen olarak adlandırılır. Üç tip gen bulunur; Protein kodlayan genler: Transkrip RNA içerisinde proteinleri sentezleyen gen. RNA özel genleri: Yalnızca transkrip RNA içerisindedir. Sonuncusuda düzenleyici genlerdir (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008).

İlk iki gen tipleri yapısal genlerdir. Protein sentezleyen ribozomal RNA (rRNA) kodları genlerin farklı kısımlarıdır. Ökaryotik hücrelerde 50–5000 tanımlanmış gen kopyaları vardır. Günümüzde de bu gen bölgeleri uygun primerler baz dizilimleri tasarlanarak DNA amplifikasyonunda kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışık 2008).

Prokaryot ve ökaryot hücrelerde bulunan ribozomlar, yapı ve işlev bakımından birbirine büyük benzerlik göstermektedir. Esas farklılık, ribozomları oluşturan alt birimlere ait rRNA ve protein çeşitlerindedir. Her ribozom, Svedberg ünitesi (S) olarak belli sedimentasyon katsayılarına sahip olan çeşitli rRNA'lar kombine olarak ribozomları oluştururlar (Altınışık 2008; TUBİTAK, 2008). Böylece farklı çökme sabitlerine sahip rRNA moleküllerinden ve farklı sayıda çeşitli proteinlerden oluşuyor. 16S çökme sabitine sahip olan rRNA, prokaryot ribozomunun 30S'lik küçük alt biriminde yer alıyor (Altınışık 2008; TUBİTAK, 2008).

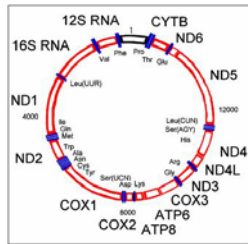
Tüm canlılarda 16S rRNA dizisi, yüksek derecede korunmuşluk göstermektedir. Bu nedenle de canlılar arasındaki akrabalık ilişkilerinin çalışılması için kusursuz bir molekül olarak yıllara meydan okuyan bu evrensel molekülün taşıdığı oligonükleotid damgaları adı verilen nükleotid dizileri, filogenetik gruplar arasında gösterdiği benzerliklere göre, evrimsel yakınlığın yorumlanmasında kullanılmaktadır (TUBİTAK, 2008).

1.7.4.1.1. Mitokondrial DNA (mtDNA)

Populasyon genetiği, filogenetik çalışmalar, tür içi ve türler arasındaki genetik benzerlik/farklılıkların ortaya konulması amacıyla yapılan araştırmalarda mtDNA molekülünün iki önemli özelliğinden yararlanılmaktadır. Bu özellikler, mtDNA molekülünde yeni kombinasyonların oluşmaması ve mtDNA molekülünün anaya ait kalıtım modeline sahip olmasıdır (Avisé 2004). Bu nedenle, mtDNA molekülünün birinci önemli özelliği; mitokondriyel genetik materyal daire şeklinde ve ikili sarmal tek bir DNA molekülünden oluştuğu için, çekirdek DNA molekülünde homolog kromozomlar arasında gerçekleşen parça değişimi (crossingover) meydana gelmemektedir. Buna bağlı olarak da döllerde yeni kombinasyonlar (recombination) oluşmamaktadır.

Mutasyon olma sıklığı düşük olduğu için, mtDNA molekülünde meydana gelen genetik varyasyonun kaynağı nükleotid eksilmesi (deletion), nükleotid ilave edilmesi (insertion), nükleotid dönüşümleri (substitution), belirli gen bölgelerinde DNA parçalarının farklı uzunluklarda olması ile mtDNA molekülünde meydana gelen değişimler eklemeli olarak generasyonlar boyunca korunmakta ve dölden döle aktarılmaktadır (Togan ve ark., 2005; Özdiil, 2007).

Evrim çalışmalarında genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Şekil 1.29) (Wilson, ve ark., 1985). mtDNA nispeten yüksek evrimleşme hızından dolayı, yakın akraba türler ve bir türün populasyonlarını karşılaştırmada son derece yararlı olmuştur (Harrison, 1989).



Şekil 1.29. mtDNA'da bulunan gen bölgeleri (Logan, 2005).

Mitokondri genomu, filogenetik alıřmalar iin yararlı olan pek ok zelliklere sahiptir (Awise, 1994). En nemli zelliđi klonal kalıtımıdır. Diđer bir zellikte, mtDNA pek ok ekirdek geninden daha hızlı evrimleřmiřtir. Bu zelliđinden dolayı, yakın akraba tr ve populasyonların filogenetik iliřkilerini alıřmak iin uygundur. MtDNA'nın anasal olarak kalıtımlanıyor olması, filogenetik analizler iin avantaj olarak kabul edilir. Bylece, alıřılan populasyon ya da taksondaki haplotipler ve sıklıkları ve de buradan hesaplanan nkleotid farklılıkları (divergence) karřılařtırılabilir. Mitokondri DNA sadece anasal olarak kalıtıldığından, haplotiplerin de nkleotid eřitliliđi (diversity) ve farklılıđı (divergens) karřılařtırılarak, haplotiplerin filogenetik iliřkileri ilgili populasyonun filogenetiđi ve filocođrafyası hakkında nemli bilgiler verir (Bardakı ve Karatař, 2005).

1.7.4.1.2. mtDNA Gen Blgesinin Seimi

Farklı mtDNA genleri, farklı oranlarda evrimleřtikleri iin, genellikle yapılan alıřmaya ve tre uygun mtDNA geni seilmektedir. Filogenetik alıřmalarda, mitokondrial ve nkleer ribozomal gen blgeleri zel bir konuma sahiptir. Mitokondrial gen blgesi bir hcrede yođun bir dzeyde bulunur, fakat yumurta aracılıđı ile deđiřmeden alt kuřađa intikal ettiklerinden dolayı, genellikle bu kopyaların hepsi bir populasyonda aynı zelliđe sahiptir. Gruplar arasındaki kk farklılıklar DNA'nın kk blgelerinde meydana gelen delesyon ve dublikasyonlar aracılıđı ile gndeme gelir (Turan, 2000; Logan, 2005; Togan ve ark., 2005; Kence, 2006; Olgun, 2007).

Akreplerde filogenetik iliřkiyi ortaya koymak amacı ile deđiřik gen blgelerinden yararlanılabilmektedir (Prendini ve ark., 2003c). Bunlar;  mitokondrial (mt) ribozomal DNA (rDNA) blgelerine ynelik 16S rDNA ve 12S rDNA gen sekansları, nkleer rDNA blgelerinden 28s rDNA ve cytochrome c oxidase subunit I(COI)'dir (Prendini ve ark., 2003c).

Moleküler filogenetik analizde gen bölgelerinin seçimi kritik bir aşama olmasına rağmen birçok araştırmacı tarafından uygun ya da kendi çalışmalarındaki DNA amplifikasyonuna elverişli primerler seçilmektedir. Günümüzde de genel kabul görmüş olan gen bölgelerini yansıtan birçok primer kullanılmaktadır. Bunlar; nükleer large-subunit ribozomal DNA geninin, değişik bir fragmenti (D3 bölgesi) seçilmektedir. Bu gen bölgesi, filogenetik çalışmalarda, aile ve soy düzeyinde önemli ve yeterli bilgi sağlamaktadır. Bu fragment Nunn ve ark., (1996) tarafından tasarlanmış ve primer olarak yüksek ve düşük seviyeli değişik artropod filogeni çalışmalarında kullanılmaktadır.

COI için gen fragmenti, *Drosophila yakuba* mt genin 1539 ve 2172 pozisyonları arasındaki gen bölgesi (Clary ve Wolstenholme, 1985) ve DNA amplifikasyonunda kullanılan iki çift primer Harrison ve ark., (1987) ve Folmer ve ark., (1994) tarafından tasarlanmıştır. Bu primerler Coleoptera, Lepidoptera, Orthoptera ve diğer insekt grupları arasındaki ilişkiyi tanımlamasının (Harrison ve ark., 1987; Harrison, 1989; Simon ve ark., 1994; Wahlberg ve Zimmermann, 2000; Zimmermann ve ark., 2000) yanı sıra örümceklerde (Arnedo ve ark., 2002) ve ayrıca günümüzde de artropod filogenetik çalışmalarında (Giribet ve ark., 2001) kullanılmıştır.

Nükleer small-subunit rRNA (12S rDNA) ve nükleer large-subunit rRNA (16S rDNA) homolog mitokondriyal genlerin karşılaştırmalı fragmentleri de seçilmiştir. Bu fragmentler, *D. yakuba*'nın mitokondriyal gen bölgelerinde sırasıyla, 12887 ve 13398 arasındaki pozisyon ile 14233 ve 14588 pozisyona karşılık gelmektedir (Clary ve Wolstenholme, 1985). Günümüzde filogenetik çalışmalarda en çok kullanılan 16S rDNA primerini, Simon ve ark., (1994) tasarlamış olup türler arası ve tür içindeki farklılığı belirlemede kullanılmaktadır (Fet ve ark., 1999; Prendini ve ark., 2003c). Aynı fragmentin yaklaşık 100 baz çifti (bç) daha kısa olarak akrep sınıfları; *Buthus occitanus* (Gantenbein ve ark., 1999), *Centruroides exilicauda* (Gantenbein ve ark., 2001), *Euscopius* (Gantenbein ve ark., 1999, Huber ve ark., 2001),

Mesobuthus gibbosus (Gantenbein ve ark., 2000; Gantenbein ve Largader, 2002) arasındaki, tür içerisinde ve türler arası varyasyon çalışmalarında kullanılmıştır.

Kocher ve ark., (1989) tarafından tasarlanmış olan 12S fragmenti, primer olarak ve günümüzde artropodlar ve insektler arasındaki ilişkilerin belirlenmesine yönelik çalışmalarda kullanılmaktadır (Prendini ve ark., 2003c).

1.7.5. Genomik DNA İzolasyonu

DNA, çekirdekten, mitokondrilerde ve kloroplastlardan izole edilir. İzolasyonda genel prensip olarak, membran DNA çevresindeki tüm bariyerlerin kaldırılması gerekmektedir. Bu amaçla, proteinase K kullanılarak çekirdek ve hücre membranları çözündürülür. Bu aşamada, sıvı fazlı DNA etanol ile proteinler çöktürülerek, çöken proteinler ve yağlar fenol faz aşaması ile uzaklaştırılır. İzole edilen DNA konsantrasyonu ve kalitesi, jel üzerinde kontrol edilir (Prendini ve ark., 2003c; Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

1.8. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction - PCR)

Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) yönteminin geliştirilmesi, moleküler biyoloji alanında çok önemli bir dönüm noktası olarak kabul edilmektedir (Saiki ve ark., 1985; Saiki ve ark., 1988). Bu tekniğin geliştirilmesinden sonra birçok organizmada DNA varyasyonu tespit etmek amacıyla yapılan çalışmalarda büyük bir artış olmuştur. PCR doğal DNA replikasyon işleminin temel bileşenleri kullanılarak DNA'nın tüpler içinde çoğaltılması ya da kopyalanmasıdır. Hücrede pek çok proteinin ve enzimin rol aldığı karmaşık işlemler sonucunda bütün bir genom replike olmaktadır. Çok basit olarak

DNA ikili sarmalı açılmakta, ebeveyn molekülün her bir eksenini kalıp (şablon) olarak kullanılarak yeni iki tamamlayıcı (komplementer) eksen sentezlenmektedir. Yeni eksenlerin sentezlenmesi, Watson ve Crick (1953) kurallarına göre A-T ve G-C arasında olacak şekilde baz çiftlerinin oluşması yeteneğine bağlıdır. Ayrıca DNA replikasyonunun başlayabilmesi için kalıp DNA ile tamamlayıcı olan RNA primerlerinin de sentezlenmesi gerekmektedir. DNA polimeraz enzimi, kısa oligonükleotidlerin (primer) 3' OH ucuna yeni nükleotidleri ekleyerek yeni oluşan DNA eksenini uzatabilmektedir. DNA'nın tüpler içinde çoğaltılması için; 6-30 nükleotid uzunluğunda primerlere, optimum pH seviyesine ve tuz konsantrasyonunu optimum yapan tampon çözeltiye, DNA polimeraz enziminin ihtiyaç duyduğu magnezyuma ve yeni sentezlenecek olan zincire eklenecek 4 tip nükleotide (dNTP) ihtiyaç duyulmaktadır (Mcpherson ve Møller 2001; Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008). PCR yöntemi genel olarak üç basamaklık bir döngünün defalarca tekrarlanmasına dayanan bir teknik olup üç aşamadan oluşmaktadır.

Bu aşamalar;

- a) DNA eksenlerinin birbirinden ayrılması (denaturation),
- b) Primerlerin komplementer DNA bölgesiyle bağlanması (annealing),
- c) Yeni eksenlerin sentezinin yapılması (extension) aşamalarıdır.

Ön Denatürasyon: Çift zincirli DNA'nın tek zincir haline getirildiği basamaktır. Buna göre ilk adımda, çoğaltılacak olan DNA, denatüre edilerek tek zincirli hale getirilir. Oligonükleotid primer, ısıya dayanıklı bir DNA polimeraz ve 4 adet dNTP'den oluşan reaksiyon karışımı içinde bulunan DNA, 90–95°C'de 5 dakika süreyle ısıtılarak denatüre edilir (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

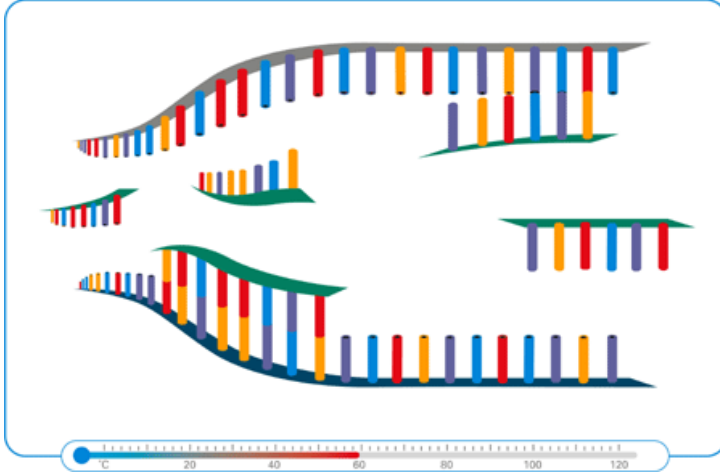
PCR reaksiyonunda üç temel basamak mevcuttur. Bunlar sırasıyla: denatürasyon, bağlanma (annealing) ve uzama (extension) aşamalarıdır.

Denatürasyon: Çift zincirli DNA'nın tek zincir haline getirildiği basamaktır. Buna göre ilk adımda, çoğaltılacak olan DNA, denatüre edilerek tek zincirli hale getirilir. Oligonükleotid primer, ısıya dayanıklı bir DNA polimeraz ve 4 adet dNTP'den oluşan reaksiyon karışımı içinde bulunan DNA, 90–95°C'de 1 dakika süreyle ısıtılarak denatüre edilir (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008) (Şekil 1. 30).



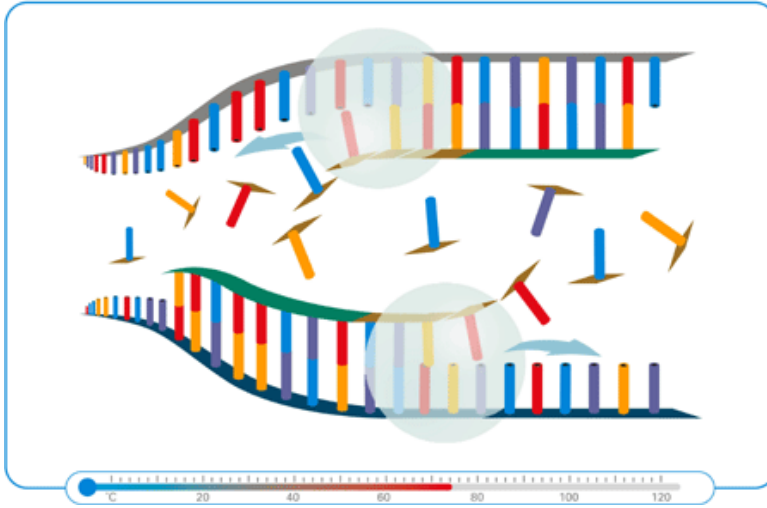
Şekil 1.30. Denatürasyon (Enigma, 2008).

Bağlanma (annealing): Primerlerin bağlandığı basamaktır. Sıcaklık 50 ila 70°C arasında bir değere düşürülür ve primerlerin tek zincir haline getirilmiş DNA'ya bağlanması sağlanır. Bu primerler, 15–30 nükleotid uzunluğunda yapay oligonükleotidlerdir. Çoğaltılacak olan DNA bölgesinin uçlarındaki tamamlayıcı dizilere özgül olarak bağlanarak kalıp DNA'nın sentezi için başlangıç noktası görevi yaparlar (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008) (Şekil 1. 31).



Şekil 1.31. Bağlanma (Enigma, 2008).

Uzama (Extension): DNA polimeraz enzimi tarafından zincir uzamasının gerçekleştirildiği basamaktır (Şekil 1. 32). DNA sentezi 70 ila 75°C arasında gerçekleşir. Polimeraz enzimi, nükleotidleri 5' ucundan 3' ucuna doğru ekleyerek, primerlerin uzamasını sağlar ve hedef DNA'nın iki zincirli kopyasını oluşturur (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

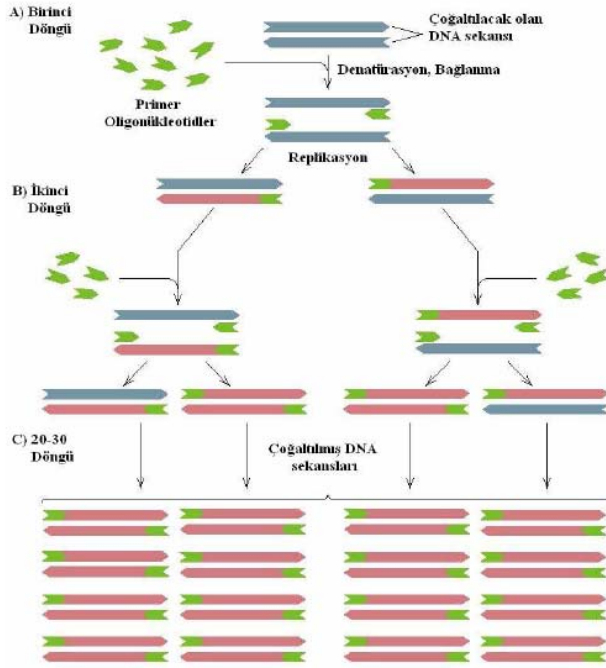


Şekil 1.32. Polimeraz enzim bağlanması ve zincir uzaması (Enigma, 2008).

1.8.1. Taq Polimeraz

PCR reaksiyonlarında önceden polimeraz enzimi olarak *E. coli*'nin DNA polimeraz enziminin Klenow Fragmenti kullanılmaktaydı (Arnheim ve Erlich 1992; Olgun, 2007). Klenow Fragmenti sıcaklığa dayanıklı olmadığından dolayı, her PCR döngüsünde denatürasyon aşamasından sonra yeniden enzim ekleme zorunluluğu duyulmaktaydı. Bu durumun üstesinden gelebilmek için sıcak su kaynaklarında yaşayan *Thermus aquaticus* bakterisinden DNA polimeraz enzimi izole edilmiştir. *T. aquaticus*'dan sıcağa dayanıklı DNA polimeraz enziminin izolasyonu, primer bağlanması ve uzatılmasının yüksek sıcaklıklarda uygulanmasına izin vermiştir. Böylece hedef olmayan sekanslarda, yanlış bağlanmalar azalmıştır. Bu enzimin bulunmasının diğer bir avantajı da sıcaklığı kontrol edilebilen otomatik PCR makinelerinin kullanılabilmesine olanak sağlamasıdır (Vanfleteren, 2004).

PCR, bir zincir reaksiyonudur, çünkü yeni DNA zincirlerinin sayısı her döngüde iki katına çıkar ve yeni zincirler bir sonraki döngüde kalıp görevi görür. Bir döngü 4–5 dakika sürer ve pek çok kez tekrar edilir. 20–30 döngü sonunda, DNA miktarında yaklaşık 1.000.000 kez artış olur. İşlem, ısı döngüsü (thermocycler) denilen makinelerde, döngü sayısı ve sıcaklıkları önceden belirlenen programlarla otomatik olarak gerçekleştirilir (Şekil 1. 33) (Vanfleteren, 2004; Olgun, 2007; Altınışık 2008).



Şekil 1.33. PCR reaksiyonu (Olgun, 2007)

1.8.2. PCR Avantajları

Polimeraz Zincir Reaksiyonu üç şekilde karakterize edilebilir: seçicilik, duyarlılık ve hız. PCR ile yapılan klonlama işlemi, konak hücre ile yapılan klonlama işleminden daha avantajlıdır. PCR reaksiyonu hızlıdır ve konak ile yapılan klonlama işlemi haftalar alırken, PCR ile yapılan klonlama işlemi birkaç saat içinde tamamlanabilmektedir. PCR primerleri, bilgisayar program destekli aletlerde oluşturulabildiği gibi, ticari olarak sentezletirilmesi de ekonomiktir (Vanfleteren, 2004; Olgun, 2007).

Polimeraz Zincir Reaksiyonu çok hassastır ve çok küçük miktarlardaki DNA örneği veya ham, işlenmemiş hücre lizatları da mükemmel kalıplar olarak iş görmektedir. Bu avantajları ile PCR yönteminin çok geniş kullanım alanları mevcut olmakla beraber çeşitli PCR yöntemleri de bulunur. Bu yöntemler, kullanılan markere göre adlandırılmaktadır (Olgun, 2007; Ergüden, 2007).

1.9. Sekanslama Prensibi

Sekanslamanın prensibi, bir genin nükleotid dizisini belirlemektir. Bu nedenle, dizinin belirlenmesinde PCR ürünü sekanslamada kullanılmaktadır. PCR'da olduğu gibi üç temel aşamada, 30–40 döngü olacak şekilde reaksiyon gerçekleştirilir. Denaturasyon sırasında, bütün enzimatik reaksiyonların durması ile 94°C–98 °C'de DNA sarmalının açılması sağlanır. Sekanslama reaksiyonunda, PCR'da elde edilen standart DNA kopyası ve primerler kullanılarak 37°C–65°C aralığında gerçekleştirilen '*annealing*' ve 72°C'de gerçekleştirilen *extension* aşamalarından oluşmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

1.10. DNA Dizi Analizi Yöntemi

Bireyler arasındaki genetik farklılıkların tespit edilmesinde kullanılan etkin yöntemlerin başında DNA dizi analizi yöntemi gelmektedir. Otomatik DNA dizi analiz cihazlarının geliştirilmesi ve elde edilebilirliklerinin kolaylaşması sonucunda moleküler biyoloji çalışmalarında DNA dizi analizinden yararlanılması gittikçe yaygınlaşmaktadır. DNA dizi analizinin genetik temeli 1970'li yıllarda ortaya konan iki farklı yöntemle dayanmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

Maxam ve Gilbert (1977) tarafından ortaya konan ve bazı nükleotidlere (A, T, C ya da G) özgü kimyasal kesim reaksiyonu temelinde geliştirilen yöntemdir. Maxam–Gilbert yöntemi olarak ifade edilen bu teknikte dizi analizi yapılacak hedef DNA bölgesinin uç kısımları radyoaktif madde ile etiketlenmekte ve bazlara özgün noktalardan kesim yapabilen çeşitli kimyasal maddeler ile DNA molekülü 4 ayrı reaksiyon alt grubunda incelenmektedir. Örneğin birinci alt grup, dimetil sülfat ve piperidin ile muamele edilerek sadece G nükleotid pozisyonundan kesim yapılmaktadır. Bu işlemin sonunda G nükleotidi ile son bulan farklı uzunluklarda DNA parçacıkları elde

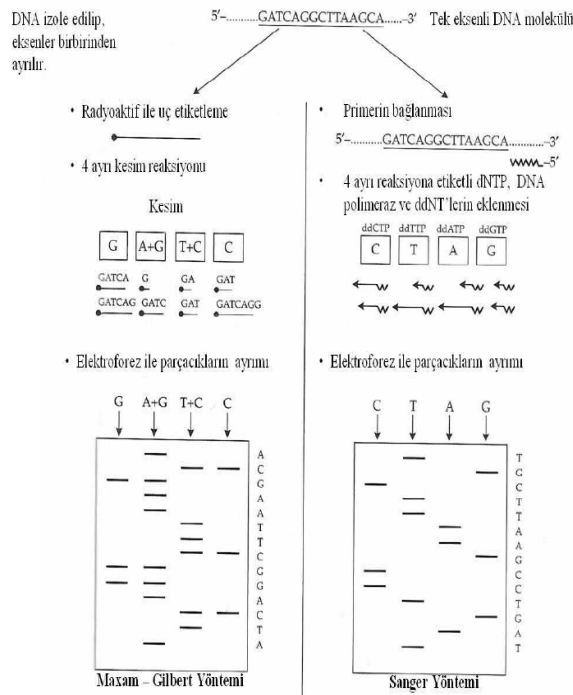
edilmektedir. Daha sonra poliakrilamid jel elektroforezi ile parçacıklar ayrılmakta ve otoradyografi ile görüntülenmektedir. Diğer üç nükleotide özgü benzer reaksiyonlar da yapılarak elde edilen parçacıklar jel elektroforezi ile ayrılmaktadır. En son olarak otoradyografi sonucu görüntülenen bantlardan yararlanılarak DNA dizisi elde edilmektedir (Şekil 1.34).

Diğer taraftan, 1970'li yıllarda Sanger ve ark., (1977) tarafından ortaya konan ve Sanger yöntemi olarak bilinen diğer bir DNA dizi analizi yöntemi, günümüzde kullanılmakta olan otomatik DNA dizi analizi tekniklerinin öncüsü olarak kabul edilmektedir. Bu yöntem laboratuvar ortamında (*in-vitro*) gerçekleştirilen DNA replikasyonu işleminin kontrollü bir şekilde yarıda kesilmesi temeline dayanmaktadır. İkili sarmal DNA tek eksenli hale getirilmekte ve hedef DNA bölgesinin bir bölümü ile komplementer olan kısa bir DNA parçacığı, bu bölge ile hibrit oluşturmaktadır. Bu primer/hedef DNA (template) karışımı DNA polimeraz enzimi tarafından katalize edilen ve primere yeni nükleotidlerin ilave edilmesi temelinde 4 ayrı reaksiyon alt grubunda incelenmektedir. Her bir reaksiyonda 4 tip deoksinükleotidlere (dA, dC, dG ve dT) ilave olarak deoksinükleotidlerde var olan 3' OH grubunu taşımayan dideoksinükleotidler (ddN) de bulunmaktadır. Yeni sentezlenen DNA molekülü, ya primerin uç kısmı etiketlenerek ya da sentez sırasında etiketli deoksinükleotid ilave ederek radyoaktif etiketli hale getirilmektedir. Yeni DNA eksen sentezinin yapılması nükleotidlerin serbest 3' OH grubuna eklenmesi ile devam etmekte ve uzayan eksene ddNTP eklendiği zaman eksen uzaması devam edememektedir (Altınışık 2008).

Polimeraz reaksiyonu, ddNTP'lerin nadir ve rasgele ilave edildiği durumlarda yürütülmekte ve ayrıca farklı bazlarda sonlandırılan farklı uzunluklarda DNA molekülleri seti elde edilmektedir. Maxam-Gilbert yönteminde olduğu gibi, her bir reaksiyon grubuna ait parçacık seti, poliakrilamid jel elektroforezi ile ayrılmakta ve otoradyografi ile görüntülenerek doğrudan jelden okunmaktadır. PCR yöntemi bulunmadan önce, genler biyolojik vektörlere klonlanıp, dizi analizi için uygun hale

getirilmekteydi. Ancak PCR ile bu zor ve zaman alıcı işlemler yapılmadan dizi analizi reaksiyonunda primerler ile çoğaltım yapılmakta ve jel elektroforezi ile doğrudan sonuca gidilebilmektedir (Avisé 2004).

PCR ve DNA dizi analizi işlemleri otomatik sistemlerde kısa sürede yapılmaktadır. Otomatik DNA dizi analizi yapan cihazlarda elde edilen veri çeşitli yazılımlardan yararlanılarak Şekil 1.34’de görüldüğü gibi bir bilgisayar çıktısı şeklinde elde edilmektedir.



Şekil 1.34. DNA dizi analiz yöntemleri (Avisé 2004).

1.11. Genetik Analiz

Sekanslama ile nükleotid dizi eşleşmesi sonucu organizmalar arasındaki olası genetik yakınlığın bulunması sağlanmaktadır. Böylece türler arasındaki evrim ilişkisini belirlemekle birlikte iki organizmanın ortak atalarından olan uzaklığının belirlenmesinde de kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004; Altınışik 2008).

1.11.1. Analiz Yöntemleri

Sekanslar arasında filogenetik ilişkinin kontrolü iki yöntemle yapılır;

a. Fenetik Metot

Uzaklık metotları temelinde ve sekansdaki benzerlik ile soy ağacının hesaplanmasıdır. Bu hesaplama ile sonuçlanan ağac dendogram olarak adlandırılır. Dendogram evrimsel ilişkiyi yansıtmaz (Vanfleteren, 2004).

b. Cladistic Metot

Parsimony ya da Likelihood metotları temelinde evrimin olası farklı yolları ile soy ağacının hesaplanmasıdır. Bu soy ağacına cladogram denilir. Cladistic metot, eşleşen her bir pozisyonun kullanılmasıyla yapılan soy ağacı evrim bilgisidir (Vanfleteren, 2004).

1.11.1.1. Filogenetik Analiz

Organizmaların evrimsel tarihi filogeni olarak adlandırılır. Filogeni sözcüğü Yunanca “phylon” (kabile) ve “genesis” (köken) kelimelerinden türetilmiştir. Filogenetik analiz tekniği Alman entomolog Hennig tarafından 1960’lı yıllarda yapılmıştır. Filogenetik analiz tekniği ile türlerin, evrimsel olarak birbirlerine ne kadar yakın oldukları ortaya konulmaktadır (Vanfleteren, 2004).

1.11.1.1.1.Moleküler Filogenetik Analiz

a. Nükleik Asit Dizi Analizleri

Organizmalar arasındaki evrimsel farklılıklar, organizmanın genomunda ortaya çıkan mutasyon ile ilişkilidir. Genel kural olarak, iki DNA dizisi arasındaki farklılık ne kadar çok ise, bunların ortak atalarından farklılaşma zamanları da o kadar eskiye dayanır. Bu kural, belirli bir gendeki mutasyon hızının zaman içinde sabit olduğu, diğer bir ifade ile mutasyon hızlarını düzenleyen bir moleküler saatin bulunduğu varsayımına dayanır. Nükleik asit dizilerine dayalı filogenetik analizin ana basamakları ana hatlarıyla aşağıda ele alınmaktadır (Vanfleteren, 2004).

b. Homoloji ve Hizalama (Alignment)

Filogenetik analizler, farklı türlerden elde edilen dizilerin karşılaştırılması esasına dayanır. İncelenecek diziler benzer (homolog) olmalıdır. Moleküler biyolojik yöntemlerle belirlenen homolog diziler alt alta aynı hizada dizilir (alignment). Bu aşamadan sonra, filogenetik ağacın oluşturulmasında kullanılacak yaklaşımın belirlenmesi ve ağaç çizimidir. Son olarak belirlenen filogenetik ağaç üzerinden değerlendirme ve yorum yapılır (Vanfleteren, 2004).

c. Benzerlik (Homoloji)

Evrimsel olarak aynı atadan köken alan dizilerin birbirleri ile homolog oldukları kabul edilir. Karşılaştırılan iki dizinin ortak atadan köken alıp almadığının bilinmediği durumlarda, homolog diziler arasındaki benzerliğin rastlantısal olmadığını istatistiksel olarak gösterilmesi ile belirlenir. Homoloji başlıca iki yolla oluşur. Bir türün iki türe farklılaşması veya aynı genom içinde

gen duplikasyonu ile meydana gelir. İki türe farklılaşma da oluşan genlere ortolog, gen duplikasyonu ile oluşan genlere de paralog adı verilmektedir (Vanfleteren, 2004).

d. Hizalama

İki nükleotid dizisinin karşılaştırılabilmesi için dizilerin hizalanması gerekmektedir.

A dizisi : TGAACTCCACCAAAA GGAAGACTG
 B dizisi : TAGGCTCACGCACCA CATCATACT
 * *** ** **

Bu iki dizi bu şekilde hizalanırsa, dizilerdeki yıldızla gösterilen sekiz nükleotidin eşleştiği (match) görülmektedir. Ancak farklı bir hizalama ile eşleşen nükleotid sayısı on beş olarak belirlenmektedir.

A dizisi : TGAACTC - - - CACCAA AAAGG AAGACTG
 B dizisi : TAGGCTCACGCACCAA CAT - - CA TACT
 * *** * * * * * * * ***

Bu dizilerde (-) ile gösterilen boşlukların (gap) bir dizideki insersiyonları mı yoksa diğer dizideki delesyonları mı gösterdiğine karar verilemez. Bu nedenle, böyle durumlarda, nötral bir terim olan indel (insersiyon-delesyon) kullanılır. Birbirleri ile homolog olmayan iki dizinin boşluklar bırakılarak hizalanması riski vardır. Bu risk, özellikle çok sayıda dizi birbirleri ile karşılaştırıldığında daha da artar. Bunun önüne geçmek için, bırakılan her bir boşluk için belirli bir ağırlıkta ceza puanı (gap penalty) öngörülmektedir. Bu tür hesaplamalar ve hizalama için bilgisayar programları geliştirilmiştir. Bunlardan en çok Clustal W, TreeAlign ve BLAST 2 sequence programları kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004).

e. Metrik Skorlama Sistemi

Hizalanan iki dizi arasındaki homoloji, nükleotid çiftleri arasındaki benzerlik ya da genetik uzaklığın (distance) ölçülmesi ile belirlenmektedir. Karşılaştırılan iki dizide benzer olan her nükleotid çifti için "1", farklı olan için "0" değeri verilir. Uzaklık skoru belirlenirken ise farklı olan her bir nükleotid çifti için "1", farklı olanlar için "0" değeri verilir. Bir dizi algoritma bu değerleri kullanarak genetik uzaklığı temsil eden bir sayıya çevirir. Bu yolla elde edilen sayı, iki dizî arasındaki evrimsel uzaklığın bir ölçüsü olarak kabul edilmektedir. Kullanılan farklı skorlama sistemleri içerisinde en yaygın metrik skorlama sistemi kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004).

f. Veri Tabanı Sistemi

Filogenetik analizlerin temelinde homolog dizilerin karşılaştırılması yer alır. Karşılaştırma için önceden bilinen veriler kullanılır. Bu veriler, dünya üzerindeki çeşitli veri tabanı sistemlerinde toplanmakta ve araştırmacıların kullanımına sunulmaktadır. GenBank verilerine ulaşma ve basit karşılaştırmalar yapmaya imkan veren Entrez programına, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> adresinden ulaşılabilir.

Genetik uzaklığın belirlenmesinde, iki dizide yer alan nükleotid arasındaki genetik uzaklığı ölçmek için, karşılaştırılan iki dizide farklı olan nükleotid pozisyonlarının sayısı ile farklılıkların sayısı, farklı pozisyonların sayısının toplam nükleotid sayısına oranı ile oran farklılık (p-distance), Jukes-Cantor, Tajima-Nei, Kimura 2-parametre ve Sinonim/nonsinonim değişimlerinin belirlenmesi yöntemleri kullanılmaktadır (Vanfleteren, 2004).

1.11.1.1.2. Filogenetik Ağaç

Filogenetik ilişkilerin ortaya konulmasında iki temel yaklaşım bulunmaktadır. Bunlardan geleneksel yaklaşımda, organizmaların morfolojik, anatomik, biyokimyasal ve gelişmesel özellikleri karşılaştırılması ile ortaya konulmaktadır. Moleküler yaklaşımda ise farklı türlerin nükleik asit dizilerinin karşılaştırılması ile filogenetik ilişkiler belirlenmektedir. Bu yaklaşımların kullanımı ile filogenetik analizlerde elde edilen veriler bir dizi algortim ve istatistiği işlemler kullanılarak filogenetik ağaç olarak bilinen çizelgelere dönüştürülmektedir. Filogenetik ağacın dallarından her biri monofletik bir grubu belirler ve bu gruptan her birinin evrim sürecinin bir aşamasında diğerlerinden fenotipik ya da genotipik düzeyde farklılaştığı düşünülür (Vanfleteren, 2004).

1.11.1.1.2.1. Filogenetik Ağaç Oluşturma

Homolog diziler hizalandıktan sonra bunlar arasındaki ilişkilerin araştırıldığı birçok yaklaşım bulunmaktadır. Ağaçların oluşturulmasında doğrudan dizilerin ya da genetik uzaklığın kullanılması ile oluşturulmaktadır. Ayrıca filogenetik ağacın oluşturulmasında optimalite (en uygunluk) ölçütlerinin ya da algoritmaların kullanılmasıdır. "Parsimony" (ekonomi) ve "maximum likelihood" (maksimum olabilirlik) yöntemleri optimalite ölçütleri arasında en sık kullanılanıdır (Vanfleteren, 2004).

Parsimony, incelenen diziler veya genetik uzaklıklar ile uyumlu bir ağacı elde etmek için gerekli en az mutasyonların belirlenmesine dayalı bir yöntemdir. İlk olarak morfolojik karakterler için geliştirilen bu yöntemde, dört nükleotidin herhangi bir çifti arasında evrimsel değişim olduğu var sayılır. Bu nedenle, yalnızca değişim hızı yüksek olan bölgeler değerlendirmeye alınır ve bunlarla elde edilen veriler ile en uyumlu ağaç topolojisi elde edilir. Parsimony yöntemi ile ağaçların oluşturulmasında kesin veya "heuristik" yaklaşımların

kullanılması ile en uygun ağaç belirlenir. Bu nedenle “branch and bound” algoritmi geliştirilmiştir (Vanfleteren, 2004).

Maximum likelihood, bir evrim modeli bağlamında, incelenen nükleotid dizilerinin elde edilme olasılığını maksimize eden evrim hızı ve soy ağacının belirlenmesini sağlar (Vanfleteren, 2004).

Algoritmik yöntemlerden en sık kullanılanı “Neighbor Joining” yöntemidir. Minimal evrim yöntemine dayanan bu yöntemde birbirlerine genetik uzaklığı en az olan türler birleştirilerek bir filogenetik ağaç oluşturulur.

Filogenetik analizler için birçok bilgisayar programı geliştirilmiştir. Bunlardan en sık kullanılanları, Phylogenetic Analysis Using Parsimony (PAUP), Phylogeny Inference Package (PHYLIP) paketidir. Son yıllarda da kullanım kolaylığı yönünden yaygın olarak Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) programı kullanılmaktadır. Bu programlarla, hizalama, parsimony, maximum likelihood, neighbor-joining gibi birçok yöntemin kullanılması ile soy ağaçlarının oluşturulmasına imkan vermektedir (Vanfleteren, 2004).

Dünyada ve Türkiye’de farklı iklimsel coğrafik ve biyoekolojik ortam koşullarına (Güneydoğu Anadolu Projesi [GAP] etkisi?), göre uyum kazanmış alt tür ve varyetelerinin de olabileceği gerçeği göz önünde bulundurularak, Şanlıurfa ilinin coğrafik konumu nedeniyle, bu il çalışma sahası olarak belirlenmiştir. Çalışma kapsamında bu ilde, GAP’ın etkisinin fazla olduğu bir alanda toplanan akrepler ilk olarak renk varyetelerine göre gruplandırılacak, her bir grubu temsil edecek akreplerden DNA ekstraksiyonu yapılarak ve genotiplendirileceklerdir.

Türkiye *A. crassicauda* akrep türü perspektifini önemli boyutlarda temsil edebileceği düşünülen Şanlıurfa ilindeki bu türün morfolojik tanı anahtarlarının oluşturulması, genetik analizlerinin yapılması, Türkiye akrep faunasında bulunan türlerle filogenetik ilişkisini belirleyecek soy ağaçlarının çıkarılması, çalışmada kullanılacak grupların birbirleriyle ve aynı soyda bulunan diğer türlerle olan benzerlik ve farklılıklarının belirlenerek filogenetik konumunun belirlenmesi konu olarak tespit edilmiştir.

Bu araştırmada, Türkiye'nin Şanlıurfa ili Kıyas beldesine ait *A. crassicauda*'nın mitokondriyel DNA molekülü bakımından genetik yapısının tanımlanması, olası yeni alttürlerin belirlenmesi ve bireyler arasındaki morfolojik ve genetik farklılıkların tespit edilmesi ve filogenetik konumunun belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. GEREÇ ve YÖNTEM

Araştırma, Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Parazitoloji Anabilim Dalı, Protozooloji ve Entomoloji Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

2.1. Gereç

2.1.1. Çalışma Sahası

Bu araştırmada, Türkiye'de *Androctonus crassicauda* türünün dağılım gösterdiği illerin (Gaziantep, Mardin ve Adıyaman) merkezinde bulunması özelliği ve Orta Doğu Ülkelerine (Suriye) geçiş kapısı durumunda bulunan Şanlıurfa ili çalışma sahası olarak belirlenmiştir. Şanlıurfa ili sınırları içerisinde Merkeze bağlı Kısas beldesinde örnek toplanmıştır.

2.1.1.1. Çalışma Sahasının Coğrafik Konumu

Şanlıurfa, 30–36 kuzey enlem ve 37–40 doğu boylamları arasında yer alır. Deniz seviyesinden 518 m yüksekliktedir. Şanlıurfa'nın yüzölçümü 18.584 km²'dir. Bu yüzölçümüyle Türkiye yüzölçümünün yaklaşık % 3'ünü oluşturur. Şanlıurfa bu yüzölçümü ile Türkiye'nin yedinci büyük şehridir. Doğuyu batıya bağlayan birçok tarihi, ticari ve askeri yolların üzerinde yer almış olması nedeniyle, geçmişte ve günümüzde önemli bir ilimiz olan Şanlıurfa, Güneydoğu Anadolu Bölgesinin Orta Fırat bölümünde yer alır. Şanlıurfa ili, güneyde Suriye toprakları, batıda Gaziantep, kuzeybatıda Adıyaman, kuzeydoğuda Diyarbakır, doğuda Mardin illeriyle komşudur. Şanlıurfa ilinin büyük bölümünü, hafif dalgalı yayla düzlükleri kaplar. Kuzeydoğusunda yükselen Karacadağ, sönmüş bir yanardağ kütlesi olup zirvesi 1.957 metre ile ilin en yüksek noktasıdır. Karacadağ'dan güneye ve güneybatıya doğru il toprakları alçalır ve Suriye sınırları yakınında yükselti 450 m nin altına düşer.

Bu kesimde Harran Ovası gibi düzlüklere rastlanır. Şanlıurfa ilinin akarsuları, bütünüyle Fırat nehri havzasında toplanır.

2.1.1.2. Çalışma Sahasının İklimi

Şanlıurfa kontinental (kara) iklim özelliği gösterir. Yazları çok kurak ve sıcak, kışları bol yağışlı, nispeten ılıman geçmektedir. Şanlıurfa matematik konum itibariyle Ekvatora daha yakındır. Şanlıurfa'nın ortalama yükseltisi ise 518 m dir. Deniz etkisinden uzak bir bölgede bulunmaktadır. Bu nedenle kontinental iklim özelliği ağır basmaktadır. Bu özellik sıcaklık ve yağış bakımından kendisini göstermektedir. Atmosfer yeteri derecede nemli olmadığından ve karalar daha çabuk ısınıp daha çabuk soğuduğundan Şanlıurfa'da günlük ve yıllık sıcaklık farkları şiddetlidir. Şanlıurfa ilinde kaydedilen en yüksek sıcaklık 46.8 °C (Temmuz) olarak ölçülmüştür. Şanlıurfa'da en soğuk -12.4 °C (Şubat) ölçülmüştür. Şanlıurfa'da yıllık ortalama yağış 462 mm olarak hesaplanmıştır. Yıllık ortalama sıcaklık 18.6 °C, buharlaşma 2048 mm, rüzgâr hızı 2.8 m/sn'dir (Meteoroloji Bölge Müdürlüğü, 2008).

2.1.1.3. Güneydoğu Anadolu Projesi'sinin (GAP) Çalışma Sahasındaki Ekosisteme Olan Etkisi

Şanlıurfa, dünyanın ve Türkiye'nin en önemli bölgesel kalkınma projesi olan GAP'ın merkezi durumundadır. GAP'ın ekolojik etkileri üzerine sistemli olarak yapılmış detaylı bilimsel veriler bulunmamakla beraber, mevcut bazı çalışmalarda konu irdelenmiştir. Böcek türleri bakımından oldukça zengin olan GAP bölgesinde özellikle Odonata, Orthoptera türleri önemli bir yer tutmaktadır. Bölgenin barajlardan dolayı gittikçe nemli bir yapı kazanması böcek faunası üzerine etki yaptığı çeşitli çalışmalarla ifade edilmiştir. GAP

projesine baėlı olarak bitki deseninde ve evre Őartlarında olması beklenen deėiŐmeler sonucu blgedeki bitkilerde tespit edilen zararlı bceklerle onların predatrlerinde de artıŐlar olacaktır. Hatta daha nce bu blgede yayılıŐ gstermeyen ancak bitki deseninde olması beklenen deėiŐimlerle birlikte blge faunasına yeni bcek trlerinin gelmesi de olasıdır. Diėer taraftan GAP ile yılda iki defa yapılan ekimlerle zellikle pamuk ekiminin yaygınlaŐması ile taban suyu seviyesi zamanla artmıŐtır (nl, 2008). Őyle ki; suyu seven pamuk ekimiyle bol su verilmesine baėlı olarak topraėın altında bulunan "taban suyu" ykselmesiyle Őanlıurfa'ya baėlı Kısas Beldesi İlkretim Okulu'nu su basmıŐtır (Kadioėlu, 2008).

2.1.2. Morfolojik lmlerde Kullanılan Ara ve Gereler

AraŐtırmada kullanılan akrelerin morfolojik zelliklerin belirlenmesinde stereo-mikroskop (Stemi 2000-C ZEISS / KL 1500 LCD), grntlenmesinde dijital fotograf makinesi (Canon G5), morfolojik lmlerinin kaydedilmesinde, 0.01 mm hassasiyetli dijital kumpas (Shenzhen LEO Electronics Co., Ltd-China) kullanılmıŐtır.

2.1.3. Genetik alıŐmada Kullanılan Ara – Gereler ve Kimyasallar

2.1.3.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu amacı ile kullanılan malzeme ve kimyasallar izelge 2.1'de verilmiŐtir.

Çizelge 2.1. DNA izolasyonunda kullanılan araç ve gereçler.

DNA İzolasyonunda Kullanılan Araç ve Gereçler	
Adı	Modeli
pH Metre	Mettler Toledo -340
Sıvı Azot Tankı	34XT-Taylor Wharton
Hassas Terazı	Sartorius- L2200 S
Porselen Havan	Rosenthalg-Bavaria 182
Alüminyum Folyo	Catering Foil 500x75 mm
Ependorf Tüp (1.5 – 2.0 ml)	QIAGEN GmbH
Su Banyosu	Nüve (30-110 °C)
Soğutmalı Santrifüj	Sigma-202MK
Otomatik Pipet (10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Eppendorf-Reference
Pipet Ucu ((10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Cornig Incorporated
Çalkalayıcı-Votrex	Permenant-Fete
Isıtıcı Mağnetik Karıştırıcı	İKAMAG® RCT
Membran Filtre	Milipore-45 µl
Kapaklı Cam Şişe (100 ml)	BORO 33
Erlen Mayer (200 ml)	Teknik Cam
Mezür (100 ml)	Teknik Cam
Soğutucu-Dondurucu Kombinasyonları (+ 4/-20 oC)	LABCOLD
DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar	
Adı	Üretici-Cas No:
Tris Base	aMRESCO- 77-86-1
HCl (Hidroklorik asit)	Merck- K25410314
EDTA (Etilendiamin tetraasetikasit)	aMRESCO-6381-92-6.
NaOH (Sodyum hidroksit)	Merck- 048 787662
COONH ₄ -CH ₃ (Amonyum Asetat)	Merck-631-61-8
SDS (Sodium Dodecyl Sulfate)	aMRESCO-151-21.3
Rnase A	Promega- A797A
Phenol/ Kloroform/Isoamyle	aMRESCO- 2266B024
Proteinase K (20 mg/ml)	QIAGEN GmbH
Ethanol absolut	Merck- K14422083
Elution Buffer	QIAGEN GmbH

2.1.3.2. PCR Amplifikasyonunda Kullanılan Malzeme ve Kimyasallar

Bacaktan izole edilen spesifik DNA amplifikasyonu ve sekanslaması amacı ile gerçekleştirilen PCR yönteminde kullanılan malzeme ve kimyasallar Çizelge 2.2’de verilmiştir.

Çizelge 2.2. PCR yönteminde kullanılan malzeme ve kimyasallar.

PCR Amplifikasyonunda Kullanılan Araç ve Gereçler	
Adı	Modeli
Thermocycler	Biometra® TGradient
PCR reaksiyon tüpü	QIAGEN GmbH
Ependorf Tüp (1.5 – 2.0 ml)	QIAGEN GmbH
Soğutmalı Santrifüj	Sigma-202MK
Otomatik Pipet (10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Eppendorf-Reference
Pipet Ucu ((10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Cornig Incorporated
Çalkalayıcı-Votreks	Permenant-Fete
Soğutucu-Dondurucu kombinasyonları (+ 4/-20 °C)	LABCOLD
QIAquick PCR pürifikasyon kiti	QIAGENTM GmbH
PCR Reaksiyon Reagentleri	
Adı	Üretici
PCR-Buffer	10 x Promega, USA
MgCl ₂ (Magnesiumchlorid)	25 mM, Promega, USA
Deoxyribonukleotidtriphosphate	dATP, dCTP, dGTP, dTTP, herbiri 100 mM.
Taq DNA Polymerase	5 U/µl, Promega, USA
Primer F	Alpha DNA (74930 pmol)
Primer R	Alpha DNA (74045 pmol)
PCR Sekansında Kullanılan Reagentler	
AmpliTag® DNA Polymerase	
FS (Perkin-Elmer) dye-labelled terminators	(ABI Prism™ BigDye™ v.1.1 Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit
Big Dye	
Big Dye Extender Buffer	
Primer F	Alpha DNA (74930 pmol)
Primer R	Alpha DNA (74045 pmol)

2.1.3.3. PCR Ürününün Jel Elektrofrezde Spesifik Bantların Görüntülenmesinde Kullanılan Malzemeler

Ekstrakte edilen DNA'nın ve spesifik PCR amplifikasyonu sonunda elde edilen DNA'nın jel elektroforezi ile spesifik bantların görüntülenmesinde kullanılan malzeme ve kimyasallar Çizelge 2. 3'de verilmiştir.

Çizelge 2.3. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan araç ve gereçler.

Agaroz Jel Elektroforezinde Kullanılan Araç ve Gereçler	
Adı	Modeli
Hassas Terazı	Sartorius- L2200 S
Elektroforez Cihazı	Bio-Rad
Güç Kaynağı	Biometra- Pack P25
Transilluminatör	UVP- M-20
Dijital kamera ve Ölçüm Düzeneđi-PC	Canon TV 200M
UV Koruyucu Başlık	UVC - 803
Otomatik Pipet (10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Eppendorf-Reference
Pipet Ucu ((10µl – 20 µl - 200µl – 1000 µl)	Cornig Incorporated
Çalkalayıcı-Votreks	Permenant-Fete
Soğutucu-Dondurucu kombinasyonları (+ 4/-20 oC)	LABCOLD
Parafilm	American National can
Mezür (50 - 100 ml)	Teknik Cam
Erlen Mayer (200 ml)	Teknik Cam
Agaroz Jel Elektroforezinde Kullanılan Kimyasallar	
Kimyasal	Konsantrasyon - Üretici
Ethidiumbromid	10 mg/ml, Sigma
Agarose	Prona-E.U
Tris-Borat-EDTA (TBE)	5 X Promega, USA
Loading Buffer	4,4 ml TE-Puffer, 2 ml Glycerol, 0,6 ml %1'lik -w/v- Bromphenol mavisi
DNA Marker	(0,5 mg DNA/ml, peqGOLD 100 bp DNA-Leiter, Peqlab, Erlangen)
Bidistile Su	

2.2. Yöntem

2.2.1. Örneklerin Toplanması

Örnekler, hem gece hem de gündüzleri gerçekleştirilen arazi çalışmalarıyla elde edilmiştir. Gece yapılan arazi çalışmalarında, U.V. lamba ve el feneri yardımıyla köylerdeki evlerin duvarlarında, taş ve kayaların üzerinde, gündüz çalışmalarında taş ve kaya altlarında örnekler canlı olarak ateş maşasıyla yakalanmıştır. Canlı akrep örnekleri plastik kutular içerisinde muhafaza edilerek Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Parazitoloji Anabilim Dalı, Protozooloji ve Entomoloji laboratuvarına getirilmiştir. DNA ekstraksiyonunda kullanılacak örnek Prendini ve ark., (2002) tarafından açıklanan koşullarda muhafaza edilmiştir.

2.2.2. Akrelerin Beslenmesi

Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi, Parazitoloji Anabilim Dalı, Protozooloji ve Entomoloji laboratuvarında 24 ± 4 °C' de % 50–60 nem koşullarına sahip laboratuvarında, lokalitelerine göre ayrı plastik kutular içerisinde tutulan canlı akrep örnekleri günlük su verilerek, hamamböceği (*Blattodea; Blatella germanica*) çekirge (Orthoptera) veya karasinek (*Musca domestica*) ile beslenmişlerdir.

2.2.3. Morfolojik Karakterler

2.2.3.1. Akrelerin Gruplandırılması

Fenotip özelliklerin belirlenmesinde genel ölçüt olarak, toplanan örnekler çıplak göz ile renk varyetesine uygun olarak gruplandırılmıştır. Oluşturulan gruplardaki örneklerin vücut bölümlerindeki (prosoma, mesosoma, metasoma) renk farklılıkları değerlendirilmiştir. Stereo-mikroskop altında örneklerin vücut bölümlerinin incelenmesi, Kovařík (1999) tarafından tanımlanan teşhis anahtarına göre yapılmıştır.

2.2.3.2. Morfometrik Ölçümler

Morfolojik özelliklerinin tanımlanmasında, vücut ölçümleri Vachon (1952c; 1952d) tarafından belirtilen ölçütlere uygun morfolojik karakterler üzerinden yapılmıştır.

2.2.4. Morfometrik Ölçümler İstatistiği Değerlendirilmesi

Tüm vücut ölçümleri milimetrik olarak belirlenmiştir. Morfometrik ölçüm değerleri ortalama ve standart sapma ile birlikte değerlendirilmiştir. Ölçüm verileri SPSS 11 paket programı yardımıyla nonparametrik Kruskal Wallis Testi ile gruplar arası farklılıklar analiz edilmiştir. İstatistiki analiz sonunda $P < 0.05$ olarak belirlenen parametreler istatistiksel olarak önemli kabul edilmiştir.

2.3. Genetik İnceleme

Stereo-mikroskop altında incelenen örnekler, çıplak göz ile belirlenen renk varyetesine göre oluşturulan her bir gruptan moleküler genetik analizi için örnekler kullanılmıştır.

2.3.1. Uygulanan Genetik Teknikler

2.3.1.1. Mitokondrial DNA'nın İzolasyonu

Bütün akrep bacağı dokusundan mtDNA'nın elde edilmesinde Sambrook ve ark., (1989) tarafından verilen standart yöntem uygulanmıştır. Standart protokole göre; steril porselen havanda sıvı nitrojen içinde doku ezilmiş ve her bir örnek steril 1,5 ml eppendorf tüpü içerisine alınarak üzerine yaklaşık 10 hacim ekstraksiyon bufferı (10mM Tris-Cl[pH 8.0]; 0.1M EDTA [pH 8.0]; 20 g/ml Rnase A; % 10 SDS) ilave edilmiştir. Örnek materyaller karıştırıldıktan sonra 37 °C'de 60 dakika (dk) su banyosunda inkubasyona bırakılmıştır. İnkubasyon sonrası protease K (100 µg/ml) ilave edilmiştir. Örnekler düzenli aralıklarla girdap oluşturulacak şekilde döndürülerek 50 °C'de 180 dk su banyosunda tutulmuştur. İnkubasyon sonunda oda sıcaklığına getirilen materyallere eşit hacimde fenol/kloroform/isoamil

(24:23:1-v:v) ilave edilerek örnek 10 dk boyunca alt üst edilerek yavaşça karıştırılmıştır. Oda sıcaklığında 5,000 x g, 15 dk santrifüj edilerek örnek iki faza ayrılmıştır. Geniş ağızlı pipet ile süpernatant (sıvı faz) yeni bir tüpe alınmıştır. Alınan sıvı faz en az iki defa eşit hacimde fenol/kloroform/isoamil ilave edilerek ekstrakte edilmiştir. Ekstraksiyon örneği üzerine 0,2 hacim 10M Amonyum asetat ve 2 hacim % 100 alkol ilave ederek, girdap oluşacak şekilde döndürülerek karıştırılmıştır. Oda sıcaklığında 5,000x g, 15 dk santrifüj edilerek genomik DNA çöktürülmüştür. DNA iki defa % 70 alkol ile yıkanmıştır. Eppendorf tüpleri, oda sıcaklığında peletlerde en son alkol kalıntısı uçuncaya kadar açık tutulmuştur. Peletlere 40 µl “Elution Buffer” (çözme solüsyonu) ilave edilmiştir. Daha önce 50 °C’ ye ayarlanan su banyosunda 2 dakika bekletilerek DNA peleti çözündürülmüştür. DNA eppendorf tüpleri +4 °C’de muhafaza edilmiştir.

2.3.1.2. DNA Miktarının Belirlenmesi

İzole edilen DNA örnekleri 260 nm dalga boyunda spektrofotometre ile ölçümü yapılmıştır. PCR uygulamaları için DNA örnekleri çalışma boyunca -20°C’de saklanmıştır.

2.3.1.3. Agaroz Jelin Hazırlanışı ve Jel Elektroforezi ile Örneklerin Görüntülenmesi

DNA ekstraksiyonu sonrası için % 1’lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bunun için 0,50 g agarose, 50 ml 1x TBE (Tris, borat, EDTA Buffer) ile karıştırılıp mikrodalga fırında köpürüp saydamlaşana kadar bekletilmiştir. Saydamlaşan jel üzerine 2,5 µl Ethidium Bromide (10mg/ml) eklenerek 60 °C’ ye kadar soğutulan elektroforezis küveti içerisine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Jel soğuduktan sonra, içerisinde seyreltilmiş 1x TBE Buffer bulunan elektroforezis tankına koyulmuş ve 10 µl DNA örnekleri 2 µl 6X ’lik loading

buffer'la (yükleme çözeltisi) karıştırılarak sırasıyla jeldeki küçük haznelere yerleştirilmiştir. Elektrik akımının gerçekleşmesi için, güç kaynağı 30 dk süre ile 25 mA ve 50 V'a ayarlanmıştır.

Elektroforez tamamlandıktan sonra güç kaynağı kapatılarak jel elektroforez tankından uzaklaştırılmış ve UV transilluminatör cihazında, UV koruyucu maske ile akreplerden izole edilen mtDNA örneklerinin doğrulanması amacıyla görüntülenmiştir.

2.3.1.4. PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu

Türler arasındaki genetik farklılığın derecesini belirlemek amacıyla mtDNA 16S rDNA genleri kullanılmıştır. DNA ekstraksiyonundan sonra, universal primerler kullanarak PCR metodu ile mtDNA 16S rDNA genleri çoğaltılmıştır (Simon ve ark., 1994). Akreplere ait belirli bir gen bölgesinin spesifik olarak üretilmesi amacı ile Simon ve ark. (1994) tarafından tarif edilen mitokondriyal (mt) 16S rRNA gen fragmenti amplifikasyonunda kullanılan PCR primerleri; "Universal" primer 16Sbr ya da LR-J-12887 (Simon ve ark., 1994) akrebe özel versiyonu forward primeridir. Reverse primer Fet tarafından akrebe özel, sekans dizayına sahiptir. Bu primerler, CGA TTT GAA CTC AGA TCA (forward, 18-mer) ve GTG CAA AGG TAG CAT AAT CA (reverse, 20-mer) sıralamasına sahiptir (Gantenbein ve ark., 1999). Bu sıralamada *Drosophila yakuba* mitokondriyal genomunda 12867–12887 ve 13218–13310 pozisyonunu karşılamaktadır (Clary ve Wolstenholme, 1985; Gantenbein ve ark., 1999). Bunun için aşağıda dizinleri verilen universal primerlerden yararlanılmıştır.

Primerler Alpha DNA (Montreal) firmasından sağlanmıştır.

Forward Primer	5'- CGA TTT GAA CTC AGA TCA-3'	(74930 pmol)
Reverse Primer	5'-GTG CAA AGG TAG CAT AAT CA-3'	(74045 pmol)

Liyofilize primerler distile su (RNase free) ile çözündürülerek 100 pmol/μl yoğunlukta hazırlanmış ve az bir kısmı da 1:10 oranında sulandırılarak 10 pmol/μl (10 μM) yoğunluğa çekilmiş ve -20 °C'de muhafaza edilmişlerdir.

Desoxyribonukeotidtriphosphate'lar (dNTPs) ise, işlemler öncesinde direktiflere uygun olarak eşit miktarda karıştırılmış, her bir nükleotid yoğunluğu 10 mM olacak şekilde dNTP-mix hazırlanmış ve yine -20 °C'de saklanmıştır.

PCR amplifikasyon işlemi 50μl hacimlerinde reaksiyon gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyon işleminde her bir örnek için PCR-Buffer (1x), MgCl₂ (1,5-3mM), dNTPs-mix (200 μM), forward primer (0,3μM), reverse primer (0,3μM), Taq-Polymerase (1,25 U), 2 μl DNA ve RNase free distile su kullanılarak, reaksiyon toplam 50 μl'lik hacimde gerçekleştirilmiştir. Hazırlama işleminden sonra tüpler vorteksledikten sonra kısa zamanlı santrifüje edilmiş ve Thermocycler'e yerleştirilmiştir.

Literatür verilerine göre (Gantenbein ve ark., 1999; 2000) spesifik DNA'nın amplifikasyonu amacı ile Thermocycler'da Çizelge 2.4'de verilen program kullanılmıştır.

Çizelge 2.4. PCR programı.

Ön denaturasyon	94-95 °C	5 dk	1 tekrar
Denaturasyon	94-95 °C	25 sn	35-40 tekrar
Annealing	48-50 °C	20 sn	
Extension	72 °C	90 sn	

2.3.1.5. Agaroz Jel Elektroforez ve Spesifik Bantların Görüntülenmesi

PCR ürünü etidyum bromidli, 1–2 %'lik agaroz jelde (1 X TBE) içerisinde yürütülerek amplifikasyonun doğrulanması amacıyla fotoğraflanmıştır.

2.3.1.5.1. Agaroz Jel'in Hazırlanması

PCR ürününün jel elektroforezde yürütülmesi amacı ile %1-2'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bu amaç için 1 g agarose tartılmış, 100 ml 1xTBE buffer içerisine karıştırılmış ve mikrodalga fırında ısıtılarak jel haline getirilmiştir. Daha sonra jel üzerine 5µl ethidium bromid solusyonu ilavesi ile pipete edilmiş; kimyasalın jele karışmasını takiben jel tankına, uygun taraklar yerleştirilmiş ve hava kabarcığı olmayacak biçimde sıvı jel tankına dökülerek donması beklenmiştir. Donan jelden taraklar alınmış, içerisinde TBE solüsyonu bulunan Elektroforez tankına yerleştirildikten sonra tank içerisine yeteri kadar TBE konarak jelin tamamen sıvı içerisine gömülmesi sağlanmıştır. Jelde bulunan birinci gözeneğe 5 µl marker (500 ng DNA), sonrakilere ise sırasıyla, loading buffer ile karıştırılan PCR ürünü konmuştur (2 µl loading buffer + 8 µl PCR ürünü). Elektroforez güç kaynağı 90 V'a ayarlanmış ve yürüme işlemi bantlar jelin sonuna 2 cm kadar yaklaştıklarında sonlandırılmıştır.

2.3.1.5.2. Spesifik Bantların Görüntülenmesi

Hazırlama işlemi tamamlanan jelde bulunan bantlar transilluminatörde UV eşliğinde görünür hale getirilmiş ve dijital görüntüleme düzeneği ile fotoğrafları çekilmiştir.

2.3.1.6. PCR Ürünün Pürifikasyonu

Elde edilen PCR ürünün agaroz jelde teyit edilmesinden sonra PCR ürünü QIAquick PCR pürifikasyon kiti (QIAGENTM) ile üretici talimatlarına uygun olarak pürifiye edilmiştir.

2.3.1.7. Pürifiye PCR Ürünün Sekans Siklusu

Her bir sekans siklus reaksiyonu için 200-400ng DNA örneği kullanılmıştır. Pürifiye PCR ürünün sekans siklusunda, BigDye sekans siklus Kiti v.3.1'den 8 uL, 3,2 µM primer, and 10 ng pürifiye PCR ürünü ile 20 µl'lik hacimde thermocyclerde gerçekleştirilmiştir. Sekanslama siklus programı, thermocycler'da, denaturasyon (96 °C'de 10 sn), annealing (50 °C'de 5 sn), extension (60 °C'de 4 dk) (bu üç aşama 25 tekrar), ve 4 °C süregelen kapanış ısısı şeklinde ayarlanmıştır. Sekans Purifikasyonu ethanol çöktürme (NaOAc-EDTA-EtOH) yöntemi ile yapılmıştır (RefGen, ODTÜ- Ankara).

2.3.2. Nükleotid Dizi Eşleme ve Filogenetik Analiz

Nükleotid dizi analizi Gen Araştırmaları ve Biyoteknoloji, (RefGen, ODTÜ- Ankara) Merkezinde otomatik ABI 3100 Genetik Analizatör ile yapılmıştır. Bütün DNA sekans analiz sonuçları CLUSTALW (Kumar ve ark., 2004; Tamura ve ark., 2007), BLAST 2 Sequence (Tatiana ve Thomas, 1999) ve göz ile eşleştirilmiştir. DNA sekans verileri MEGA 4.1 (Kumar ve ark., 2004; Tamura ve ark., 2007) programı kullanılarak filogenetik analizler yapılmıştır. Analizler grup içi çalışılan örnekler arasında ilişkiyi ve soy ağacının tanımlanması, ayrıca Türkiye faunasındaki diğer türlerle ve *Androctonus* soyuna bağlı türlerle olan ilişki belirlenmiştir.

3. BULGULAR

3.1. Örnekler

Stereo-mikroskop altında ve çıplak göz ile incelenen örnekler renk varyetelerine göre; (Kızılımsı sarı (**A**[n:8]); kızıl kahverengi (**B**[n:7]) ve siyah (**C**[n:8]) olmak üzere üç gruba ayrılmıştır (Şekil 3.1, 3.2).



Şekil 3.1. Renk varyetelerine göre oluşturulan gruplar: Siyah ve kızılımsı sarı renkli akrepler.



Şekil 3.2. Çalışma örneklerinin ventralden görünümü (Üst: (B) Kızıl kahverengi, (A) Kızılımsı sarı ve (C) Siyah).

3.2. Habitat

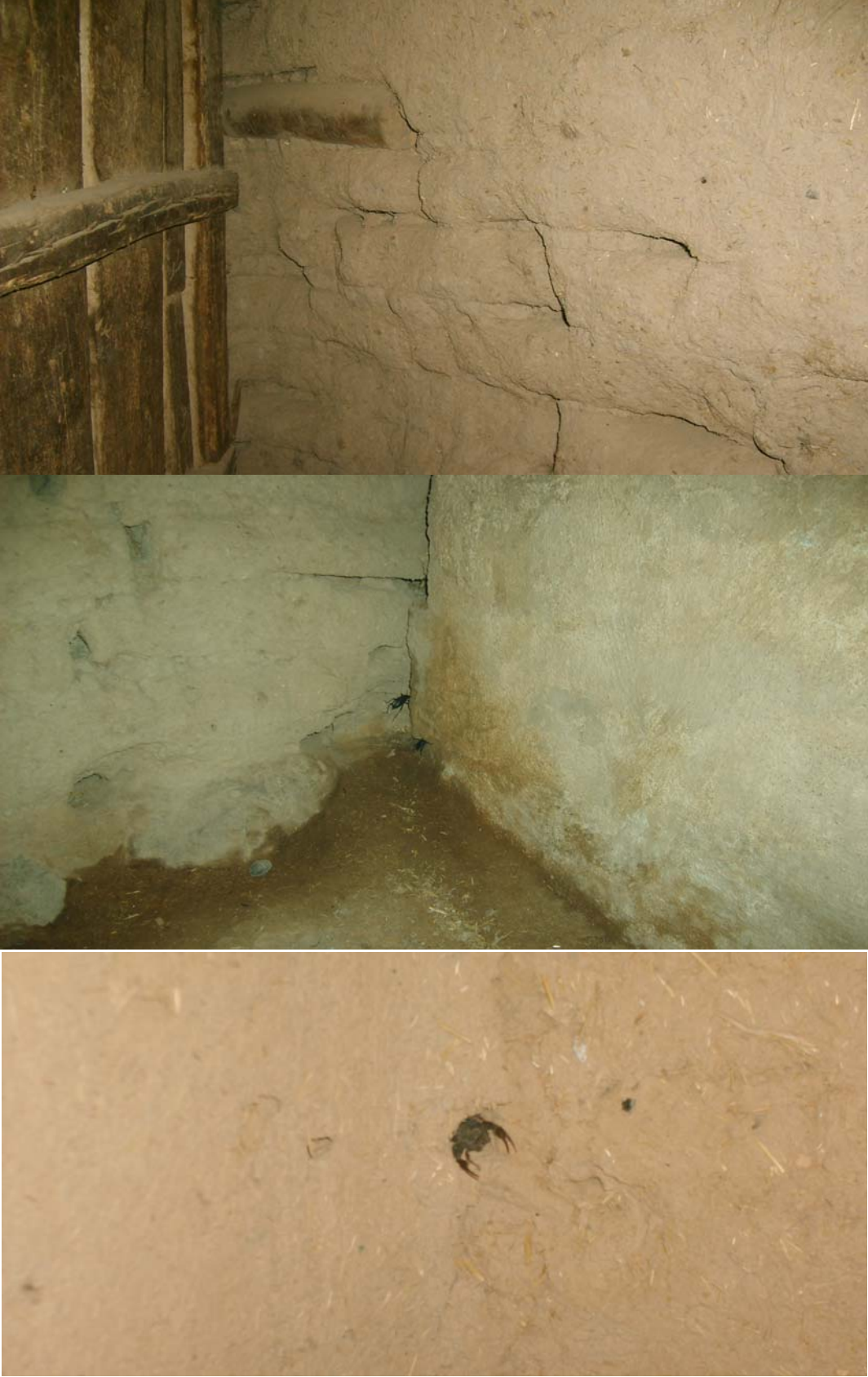
Çalışma sahasında toplanan örnekler, daha çok köy içlerinde ya da köylere çok yakın yerlerde, kerpiç (Harran evi), evlerde (Şekil 3.3) harabelerde, evlere ait ahır ve kilerdeki yığınlar altında toplanmıştır. Daha çok insanların

yaşadığı toprak ve saman karışımı ile sıvanmış evlerin iç ve dış cephelerindeki çatlak ve yarıklarda yaşamaktadır. Gündüzleri aktif olmayıp geceleri bu yarık ve çatlaklardan dışarı çıktıkları gözlenmiştir (Şekil 3.4). Ayrıca aktif oldukları dönemde evlerin çevresinde ve arazideki taş altlarında bulunmuştur.



Şekil 3.3. Harran evi.





Şekil 3.4. Örneklerin toplandığı alanlara (Habitatları) ait görüntüler (Orijinal).

3.3. Morfolojik Bulgular

Araştırmada elde edilen morfometrik ölçümlerinin ortanca (X) ve standart sapma değerleri (S.D) kullanılan örneklerin cinsiyetlerinden bağımsız yürütülmüştür. Gruplarda bulunan örneklerin ortalama toplam vücut uzunlukları sırasıyla; 92.74 mm (A grubu); 87.57 mm (B grubu) ve 87.04 mm (C grubu) olarak ölçülmüştür.

3.3.1. Dış Yapıya Ait Morfolojik Özellikleri

a. Prosoma

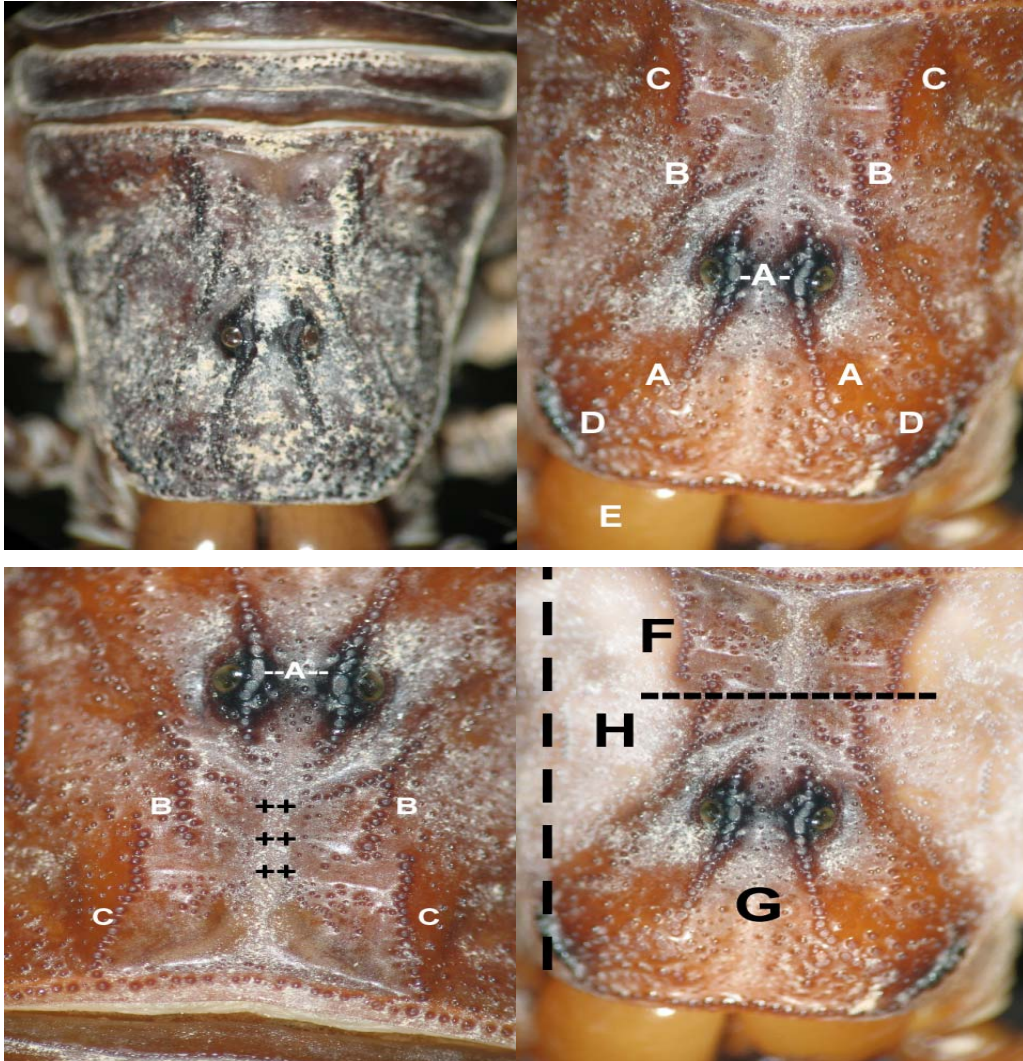
A grubundaki örneklerin ortanca prosoma uzunluğu, 13.70 mm iken B ve C grubundaki örneklerin ortanca değerleri birbirine yakın bulunmuştur. Prosoma ortanca uzunluğunun nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arasındaki bu farklılık anlamlı bulunmuştur ($p < 0.05$).

b. Karapaks

Karapaks geniş, uzun ve anteriorde hemen hemen düz olmakla birlikte anterior ve posterior sınırları belirgin sıralı granüllerle lateral sınırlar ise nizami ve yoğun küçük sıralı granüllerle çevrilmiştir.

Karapaksın anterio-lateralinde üç çift lateral gözlerle birlikte nispeten karapaksın anterioruna yakın olan lateral gözlerden daha büyük bir çift median göz tespit edilmiştir. Çalışmadaki örneklerin karapaksındaki karinasyon incelendiğinde, frontal karinaların belirgin olduğu, medianda, median gözlerin arasından karapaksın anterioruna ve lateralde bulunan gözlere doğru birbirinden hilal şekli çizerek uzaklaştığı görülmüştür. Ayrıca frontal karinanın median gözün bulunduğu kısımda tümsek oluşturduğu ve

rengin siyahlaştığı görülmüştür. Ancak frontal karinalar hiçbir örnekte karapaksın anterior kenarına ulaşmadığı gibi median gözün arkasında da hemen sonlanmaktadır. Böylece ortasında bir oluk oluşturduğu izlenmiştir. Medio-lateral karinalar ile postero-median karinalar birbirlerine bağlanmazlar. Mid-median ve postero-median karinalar birbirinin devamı şeklinde ve “küçük ve büyük bir kelebeği” çağrıştırmaktadır. Diğer taraftan frontal, mid-median ve postero-median karinalara bütün olarak bakıldığında izafi olarak “erlene konmuş bir kelebek” görüntüsü belirmektedir (Şekil 3.5).

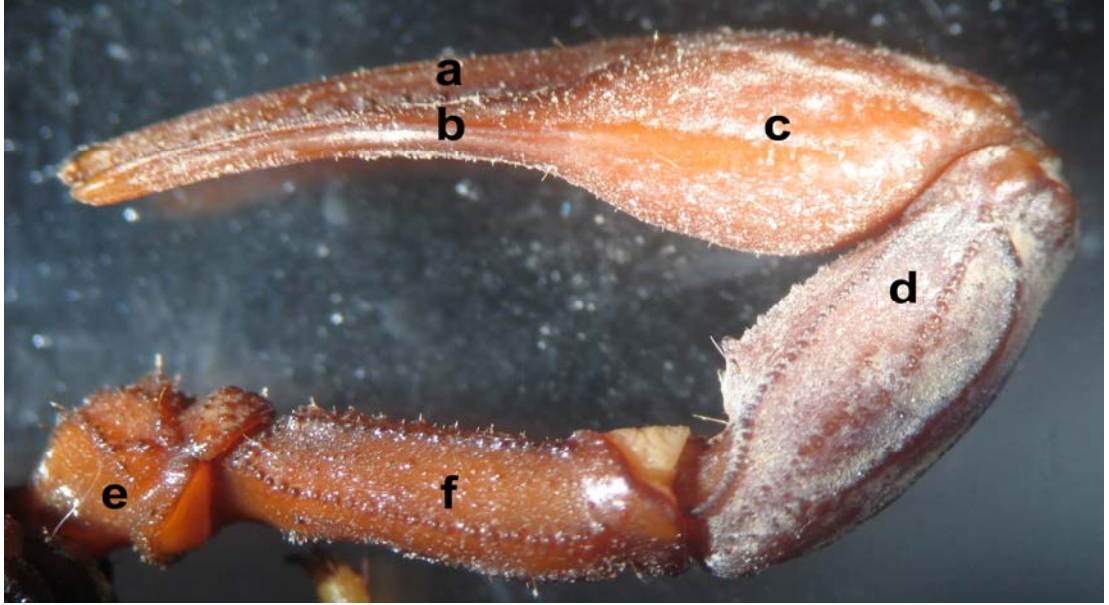


Şekil 3.5. Kızıl kahverengi ve siyah örneklere ait karapaks (A: Frontal karina, B: Mid-median karina, C: Postero-median karina D:Lateral gözler, E:Chelicer, F: Kelebek görünümü, G: Frontal karinalar arası oluk H: Erlen görünümü).

c. Pedipalpler

Pedipalpler iyi gelişmiş ve sert kütiküllüdür. Chelada el, parmaklardan kısa; parmaklar dorsalden bakıldığında uç kısımda hafifçe içe kıvrıktır. Elin karinaları daha az belirgin; yüzeyi düz ve parlaktır. Chelanın morfometrik ölçüm sonuçlarında, bütün gruplarda chelanın yüksekliği eninden fazladır. A grubundaki örneklerin ortanca chela yüksekliği nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arasındaki bu farklılık anlamlı bulunmuştur ($p < 0.05$).

Femur silindirik olup, 5 karinalıdır. Bütün karinaları iyi gelişmiş düzenli dişlidir. Femurun dorsal ve internalindeki interkarinal sahaları ince granüllü, diğer yüzeyleri düzdür. Patella, 8 karinalı; sadece eksternal median karinası az gelişmiş, neredeyse düz; diğer karinaları iyi gelişmiş ve düzenli dişlidir. İnternal median karina proksimalde kalın bir dişçikle başlar ve dentikülleri distale doğru küçülür (Şekil 3.6).



Şekil 3.6. Kızıl kahverengi örneğin sağ pedipalpi (a: Hareketli parmak, b: Sabit parmak, c: manus, d: Patella, f: Femur, e: Trochanter).



Şekil 3.7. Harekeli parmak (a: Bir terminal granül, b: Üç distal granül) ve sıralı granüllerin görünümü.

Tüm gruplarda, sağ ve sol hareketli parmakta 14, A ve C gruplarında her iki sabit parmakta ortalama 13, B grubunda ortalama 14 eğik granül sırası (Çizelge 3.1) tespit edilmiştir (Şekil 3.7). Sabit parmakta bulunan eğik granül sırası, nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arasındaki bu farklılık anlamlı bulunmuştur ($p < 0.05$).

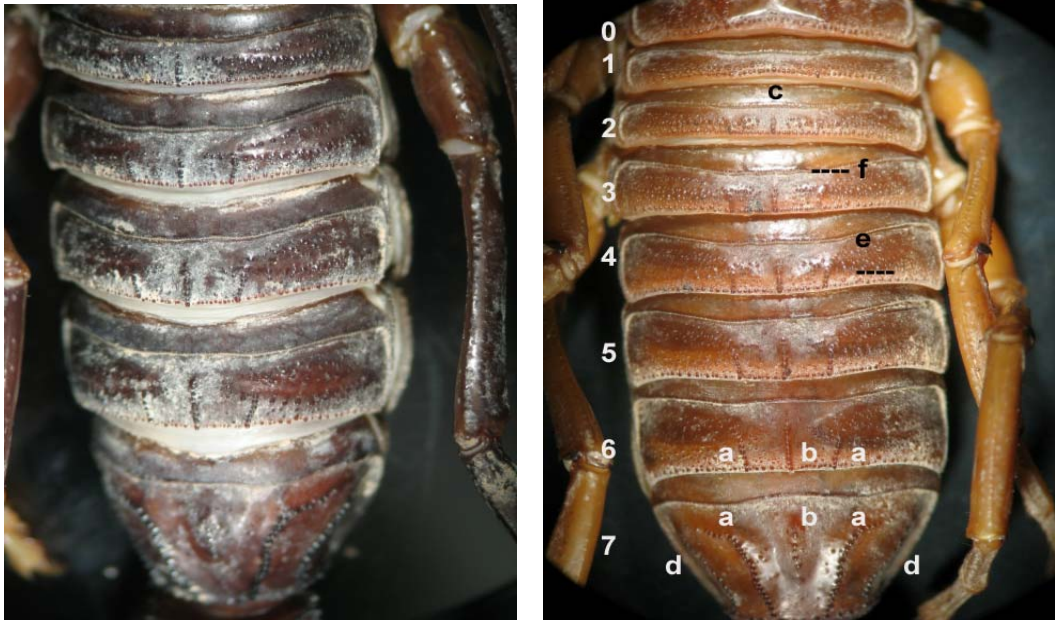
Çizelge 3.1. Cephalothorax ve mesosomaya ait morfometrik ölçümler.

GRUP (n:3)	A (n:8)		B (n:7)		C (n:8)	
Parametreler	X (mm)	± S.D	X (mm)	± S.D	X (mm)	± S.D
TU	92.74	4.72	87.57	4.88	87.04	6.38
CEPHALOTHORAX						
Pr-U	13.70*	1.13	12.64	1.09	12.86	1.72
PPU	36.93	2.58	25.10	2.20	35.57	3.67
ChU	17.26	1.07	15.34	4.40	16.48	1.21
ChG	3.94	0.34	3.78	0.26	3.79	0.30
ChY	4.79*	0.28	4.48	0.19	4.18	0.43
HP-U	11.82	0.61	11.69	0.85	11.16	0.82
HPDSOL	14.62	0.51	14.85	0.37	14.50	0.75
HPDSAĞ	14.75	0.46	14.57	0.53	14.50	0.75
SP-U	17.19	1.04	17.70	3.89	16.30	1.39
SPDSOL	13.75	0.88	14.28*	0.48	13.37	0.51
SPDSAĞ	13.75	0.46	14.28*	0.48	13.37	0.51
PTi-U	9.60	0.62	9.23	0.44	9.02	0.48
PTi-G	4.00	0.24	3.90	0.27	3.70	0.35
PTi-Y	3.40	0.27	3.35	0.15	3.21	0.27
PF-U	8.78	0.40	8.10	0.88	8.18	0.44
PF-G	2.83	0.19	2.49	0.28	2.59	0.24
PF-Y	2.44	0.26	2.30	0.18	2.26	0.21
PTR-U	3.77	0.53	3.90	0.42	3.61	0.29
PTR-G	3.62	0.36	3.19	0.24	3.28	0.36
PTR-Y	3.39	0.28	3.41	0.33	3.42	0.41
KP-U	10.67	0.69	10.20	0.68	10.00	0.84
KPP-U	6.38	0.50	6.7	0.49	6.46	0.47
KPDU	11.57	0.71	11.13	0.81	10.87	1.29
ST-U	2.10	0.27	2.21	0.27	1.96	0.30
STP-G	0.81	0.11	0.97*	0.12	0.71	0.11
STD-G	2.19	0.30	2.05	0.24	1.80	0.37
Cx II- U	4.19	0.18	4.28	0.39	4.00	0.32
Cx III- U	6.84	0.55	6.59	0.67	6.71	0.45
Cx IV- U	12.15	0.86	11.41	1.05	11.90	0.85
PEC-U	9.4	0.61	8.99	0.60	8.80	0.59
PECDA-U	8.57	0.96	8.32	0.68	8.07	01.09
PECDS	♂	35 (n:1)		34-35 (n:2)		33 (n:1)
	♀	25 (n:7)		25 (n:5)		25 (n:7)
MESOSOMA (PREABDOMEN)						
MS-U	26.75	4.38	35.31	2.60	24.72	2.48
MS-G	13.70	4.72	12.64	1.09	12.86	1.72

*: p<0.05 n: Örnek sayısı; X: Ortanca değer; S.D: Standart sapma

d. Mesosoma

Yedinci tergite haricinde diğer tergitler, orta kısımda bir median ve iki lateral olmak üzere toplam üç karinalıdır. Birinci ve ikinci tergitedeki median ve lateral karinalar fazla belirgin olmayan 2-3 granül şeklindedir (Şekil 3.8). Median ve lateral karinalara dorsalden bakıldığında “açık kitap” görüntüsü şeklindedir. tüm tergitlerin anterior ve lateral sınırları küçük, nizami ve yoğun sıralı granüller (kale suru gibi) belirlerken posterior sınırı daha iri sıralı granüller belirlenmiştir. Ancak birinci tergitin lateralinde sıralı granül bulunmamaktadır. Anteriordan bakıldığında tergitlerin proksimal kısmı pürüzsüz, parlak “yaka” ya da “hemşire kepi” görünümünü andirmektedir. Ayrıca tergitlerin genişliği posteriora doğru orantısız olarak arttığı görülmüştür. Diğer tergitlerden farklı olarak VII. tergite beş karinalı ve tergitin interkarinal ve lateral kısımları granülsüz olmasına karşın lateral kenarları daha belirgin ve dişlidir. Medianda bulunan karina ise 4–5 kaba granülden oluşur. VII. tergite haricinde diğer tergitler, 3 karinalıdır. VII. tergite 5 karinalıdır (Şekil 3.8). Mesosomaya ait morfometrik ölçümler Çizelge 3.1’de verilmiştir.



Şekil 3.8. Siyah ve kızıl kahverengi grubunda bulunan *A. crassicauda*’nın tergitlerin genel görünümü

(0: Karapaks distali, 1: I. tergite, 2: II. tergite, 3: III. tergite, 4: IV. tergite, 5: V. tergite, 6: VI. tergite, 7: VII. tergite, a: Median karina, b: Lateral karina c: Yaka ya da kepi oluşumu, d: e: Kaba sıralı granüller, f: İnce sıralı granüller,

e. Bacaklar

Gruplar arasında bacak rengi bakımından A ve B grubu örneklerinin bacakların daha çok sternitin rengine yakın olmakla birlikte sarı, kirli sarı renginde, C grubundakilerin ise koyu kahve ve siyah renkleri arasında değiştiği görülmüştür. Tüm örneklerde 1. ve 2. çift bacakların tibial femur eklemünde (*articulatio genu*) nokta, 3. ve 4. çift bacaklarda plak tarzı kırmızımsı koyu renkli bir alan görülmüştür (Şekil 3.9).



Şekil 3.9. Sırasıyla 1. 2. 3. 4. çift bacaklarda *Articulatio genu*.

Ayrıca yine gruplarda bulunan tüm örneklerin 1. ve 2. çift bacaklarda bir çift basitarsal mahmuz olduğu, 3. ve 4. çift bacaklarda basitarsal mahmuzla birlikte tibial mahmuz da tespit edilmiştir (Şekil 3.10). Tüm bacaklarda telotarsus ve basitarsusda yoğun kalın kılların (*stea*) olduğu görülmüştür. Yürüme bacaklarının coxa uzunluk ölçümleri Çizelge 3.1'de görüldüğü gibi tüm gruplarda en uzun coxanın 4. çift bacağına ait olduğu bulunmuştur.



Şekil 3.10. Birinci çift yürüme bacağıın genel görünümü (Alt şekil), basitarsal ve tibial mahmuz ile basitarsus ve telotarsusda bulunan stea (Üst şekil).

f. Eşeyssel Dimorfizm

Erkeklerde en belirgin özellik, tarak organı daha uzun, geniş ve diş sayısında farklılık vardır. Bazı örneklerde tarak organının uzunluğu, IV. coxa'nın boyuna erişmektedir (Şekil 3.11). Bu çalışmada erkeklerin tarak organında 33-35 diş sayısı, dişilerde de ortalama 25 diş sayısı tespit edilmiştir. Morfometrik ölçümler Çizelge 3.1'de verilmiştir.



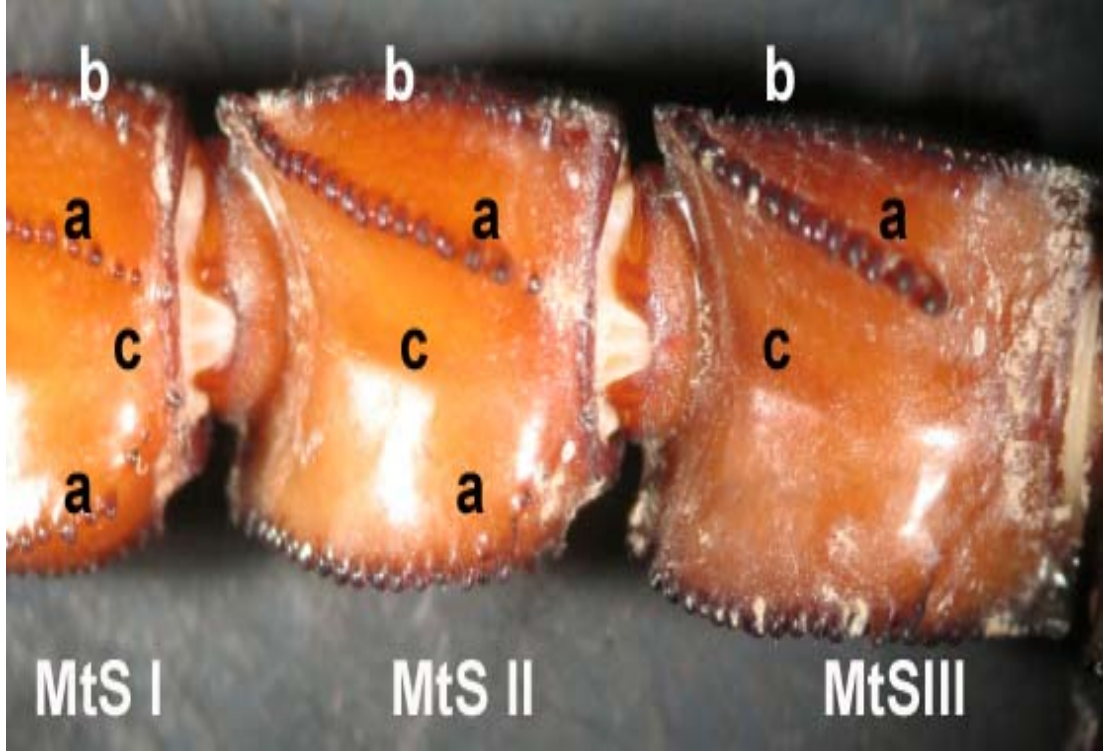
Şekil 3.11. Erkek IV. coxa'nın boyuna erişen tarak organı.

g. Metasoma

Metasomanın morfometrik ölçüm bulguları Çizelge 3.2'de verilmiştir. Metasomanın tüm segmentleri geniş, kalın ve dorsalden posteriora doğru yüksekliğinin arttığı tespit edilmiştir. Çalışmada kullanılan tüm örneklerde, III. ve IV. segmentlerin en kalın olan metasomal segmentler olduğu görülmüştür. Ancak gruplar arası karşılaştırmada C grubunun IV. segmentinin ortanca yüksekliği nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arasındaki bu farklılık anlamlı bulunurken ($p < 0.05$) grup içindeki ölçüm değerleri ile de paralellik görülmüştür. Yani tüm gruplarda IV. Metasomal segmentlerin genişliği yüksekliğinden fazla olduğu görülmüştür. Metasomanın V. segmentinden başlayan diğer segmentlere oranla telsona doğru bir daralmanın olduğu belirlenmiştir.

Bütün metasomal segmentlerin uzunlukları bu segmentlerin genişliklerinden ve yüksekliklerinden fazla olduğu bulunmuştur. Bütün gruplarda, metasomal segmentin ortasında yer alan III. segment yüksekliği

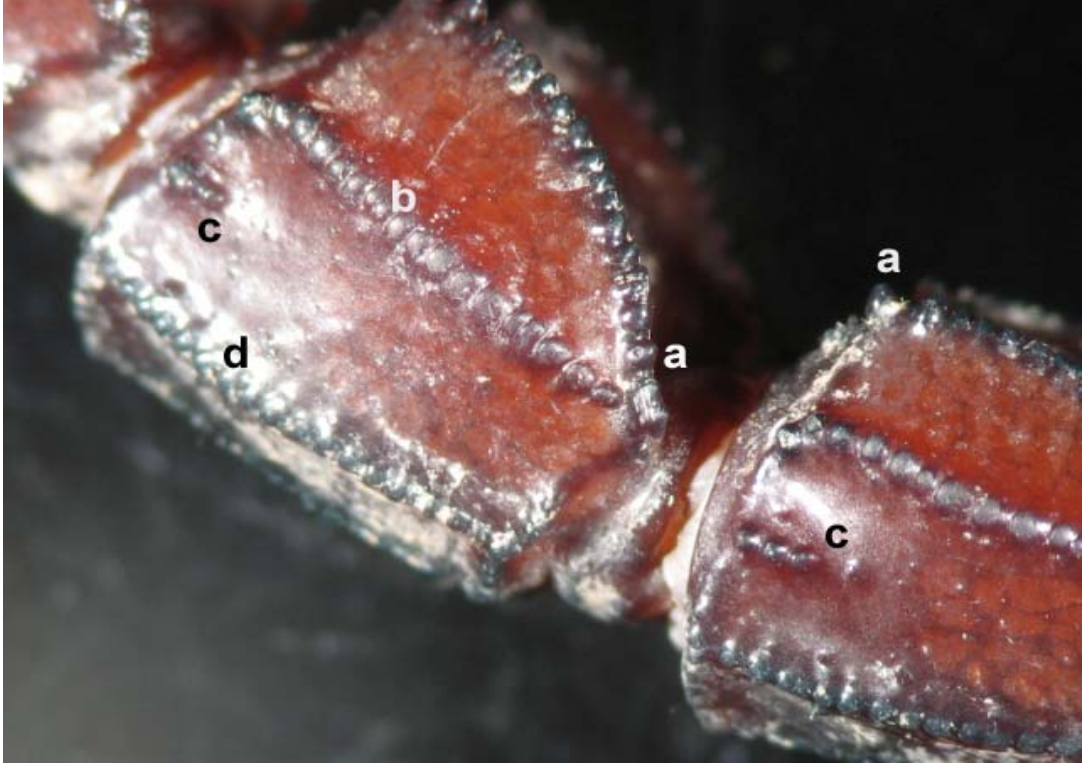
en fazla olan segment olduğu görülmüştür (Şekil 3.12). Segmentlerin dorsal yüzeyi pürüzsüz, parlak ve anteriordan posteriora doğru yükseklikle paralel bir derinlik kazandığı görülmüştür.



Şekil 3.12. Metasomal segment (a: Dorsal karinalar, b: Lateral karinalar, c: Segmentlerin dorsal yüzeyi).

İlk metasomal segmentte 10 tam karina olmasına karşın II. – IV. segmentlerde 8 karinanın olduğu gözlenmiştir. Tüm segmentlerde dorso-median karinaların iyi geliştiği ve çok belirgin olduğu kaydedilmiştir. Bu belirginliğin de diğer segmentlere oranla özellikle III. ve IV. segmentlerin distal ucundaki son dentriküllerde olduğu izlenmiştir.

Lateral inframedian karinalar II. ve III. segmentlerde sadece distal uçta 2-3 belirgin granule segmentin 1/3 kadar uzanmaktadır (Şekil 3.13). Diğer taraftan, IV. ve V. segmentlerde lateral karinalar bulunmamaktadır. Bu nedenle, V. metasomal segment beş karinalıdır. I. ve IV. ventro-median karinalar iyi gelişmiş ancak V. segmentte proksimalden distale doğru küçülerek seyreden 5-7 belirgin granül bulunmaktadır.



Şekil 3.13. II. ve III. metasomal segment (a: Dorsal karinalar, b: Lateral karinalar, c: Lateral inframedian karina, d: Ventro-lateral karina).

Telson diğer segmentlere göre küçük olup kese ile iğnenin birleştiği kısımda koyu kahverengi-kızıl renge ve iğne tamamen siyahtır. İğnenin uzunluğu vezikülden kısa ancak genişliğinden de fazladır. Telson da vezikülün ventralinde V. segmentin devamı gibi görünen bir ventro-median ve iki ventro-lateral granül sırası izlenmiştir. Bu granül sıraları arası da bir şerit gibi görülmektedir (Şekil 3.14). Telsonda iğnenin morfolojik ölçülerinde A ve C gruplarında iğnenin uzunluğu yakın bulunurken B grubu örneklerin iğne ortanca uzunluğu farklı bulunmuştur. Gruplar arasındaki bu farklılık nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile de anlamlı bulunmuştur ($p < 0.05$).



Şekil 3.14. V. metasomal segment ile telsonun dorsalden ve lateralden görünümü (a: Ventro-lateral granül sırası, b: Ventro-median granül sırası, c: Granüller arası şerit, d: Anüs, e: Ventro-lateral karinalar, f: Ventro-median karina).

Çizelge 3.2. Metasomal morfometrik ölçümler.

GRUP (n:3)	A (n:8)		B (n:7)		C (n:8)	
	X (mm)	± S.D	X (mm)	± S.D	X (mm)	± S.D
METASOMA (POSTABDOMEN)						
MTT-U	52.70	3.61	51.03	3.37	50.35	2.52
MT I-U	7.95	0.48	7.56	0.43	7.10	1.25
MT I-G	7.28	0.53	6.9	0.32	7.20	0.79
MT I-Y	6.55	0.36	6.07	0.35	6.10	0.45
MT II-U	8.48	0.49	8.23	0.49	8.14	0.45
MT II-G	7.74	0.42	7.40	0.27	7.40	0.53
MT II-Y	7.06	0.42	6.60	0.68	6.29	1.29
MT III-U	8.76	0.56	8.50	0.39	8.49	0.54
MT III-G	8.17	0.45	7.86	0.41	7.59	0.65
MT III-Y	7.78	0.41	7.34	0.45	7.37	0.65
MT IV-U	9.60	0.56	9.38	0.58	9.22	0.50
MT IV-G	8.00	0.49	7.68	0.48	7.48	0.48
MT IV-Y	7.78	0.53	7.11	0.48	6.95*	0.64
MT V-U	9.92	0.60	9.53	0.51	9.41	0.63
MT V-G	7.73	0.37	7.00	0.28	6.95	0.40
MT V-Y	5.54	0.33	5.07	0.35	5.12	0.47
TLS-U	10.64	0.75	10.09	0.57	10.01	0.97
İ- U	3.63	0.32	5.46*	0.43	3.53	0.42
K-U	6.22	0.45	5.86	0.33	5.51	0.54
K-G	4.34	0.41	4.03	0.32	4.03	0.45
K-Y	3.57*	0.25	3.2	0.17	3.29	0.26

*: $p < 0.05$ n: Örnek sayısı; X: Ortanca değer; S.D: Standart sapma

Araştırmada elde edilen morfometrik sonuçların nonparametrik istatistiksel analizinde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arası anlamlı ($p<0.05$) bulunan parametreler ve istatistiki sonuçlar Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Nonparametrik istatistiksel analizde, Kruskal Wallis testi ile gruplar arası anlamlı bulunan farklılıklar.

Parametreler	Ki-Kare	P	Anlamlılık Değeri
Pr-U	14.918	0.001	$P<0.05$
CH-Y	10.540	0.005	$P<0.05$
SPDSOL	6.064	0.048	$P<0.05$
SPDSAĞ	8.511	0.014	$P<0.05$
STP-G	10.698	0.005	$P<0.05$
MT V-Y	7.161	0.028	$P<0.05$
İ-U	14.551	0.001	$P<0.05$
K-Y	6.354	0.042	$P<0.05$

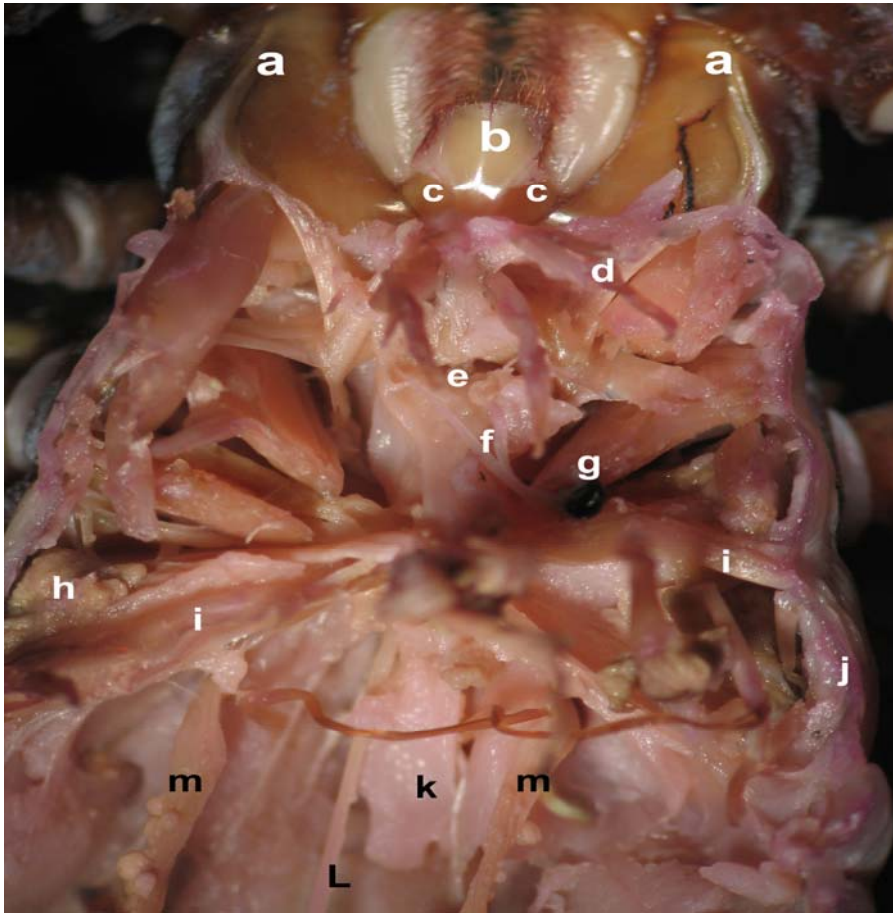
3.3.2. İç Yapıya Ait Morfolojik Özellikleri

3.3.2.1. Sindirim ve Boşaltım Sistemi Bulguları

Örneklere, tergitlerin kalıp izini taşıyan ve kalbin her iki yanında preabdomen boyunca uzanan büyük sindirim bezi bulunmaktadır (Şekil 3.15). Ayrıca, pedipalpler ile birinci ve ikinci yürüme bacaklarının dip parçaları arasında, atriyumun içinde ve bir üst dudağın altında çok küçük ağız vardır. Emici farenksden sonra kısa yemek borusu ile median hatta dar ve uzun bir orta bağırsaktan sonra metasomal segment içerisinde uzanarak V. Metasomal segmentin hemen önünde anal açıklık olarak sonlanmaktadır (Şekil 3.14). Boşaltım organlarından biri olan bir çift coxa bezleri cephalothoraxta diyaframın hemen önünde yer almıştır. Üçüncü çift bacağın vücuda bağlandığı yer olan, III. coxanın altında yuvarlak ve yüzeyi pürüzsüz coxal bezler ile küçük oval ve halka şeklinde lenfatik bezler görülmüştür (Şekil 3.16).



Şekil 3.15. Preabdomen boyunca uzanan iki büyük sindirim bezi.



Şekil 3.16. Sinir sistemi a: Pedipalpler, b: Apodeme, c: Farenks, d: e: Beyin f: Optik Sinirler, g: Kas, h: Coxal bez, i: Diafram, k: Bağırsak, L: Sinir sistemi, m: Oviduk.

3.3.2.2. Solunum Sistemi Bulguları

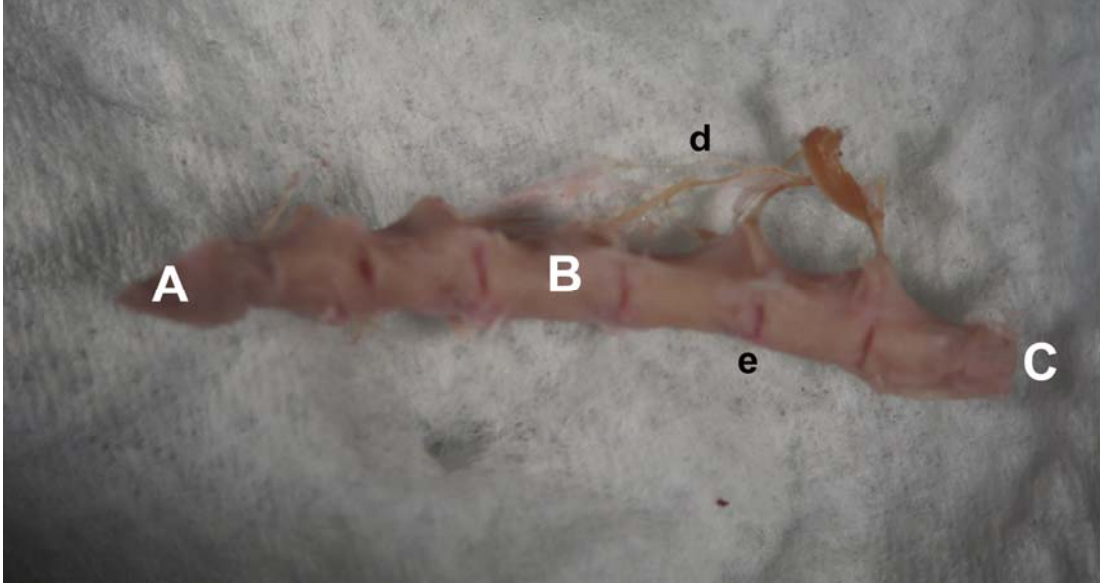
Preabdomen'in üçüncü, dördüncü, beşinci ve altıncı sternitlerine tamamen gömülmüş ve vücudun ventral yüzünde eliptikal şekilde pürüzsüz kitap trakeler tespit edilmiştir (Şekil 3.17).



Şekil 3.17. Preabdomenin ventral yüzünde bulunan kitap trakeler

3.3.2.3. Dolaşım Sistemi Bulguları

Dorsal yüzeyi açılan akrep örneğinde ilk görünen sırt tarafta bütün preabdomen boyunca uzanan kalp görülmüştür. Kalbin bilateral ventrodorsal ligamentlerle desteklendiği görülmüştür. Vücuttan ayrılan kalpte lateral kısımda altı çift ostiyumlu ve dorsal de çift olarak segmental arterler çıkmıştır (Şekil 3.18-19).



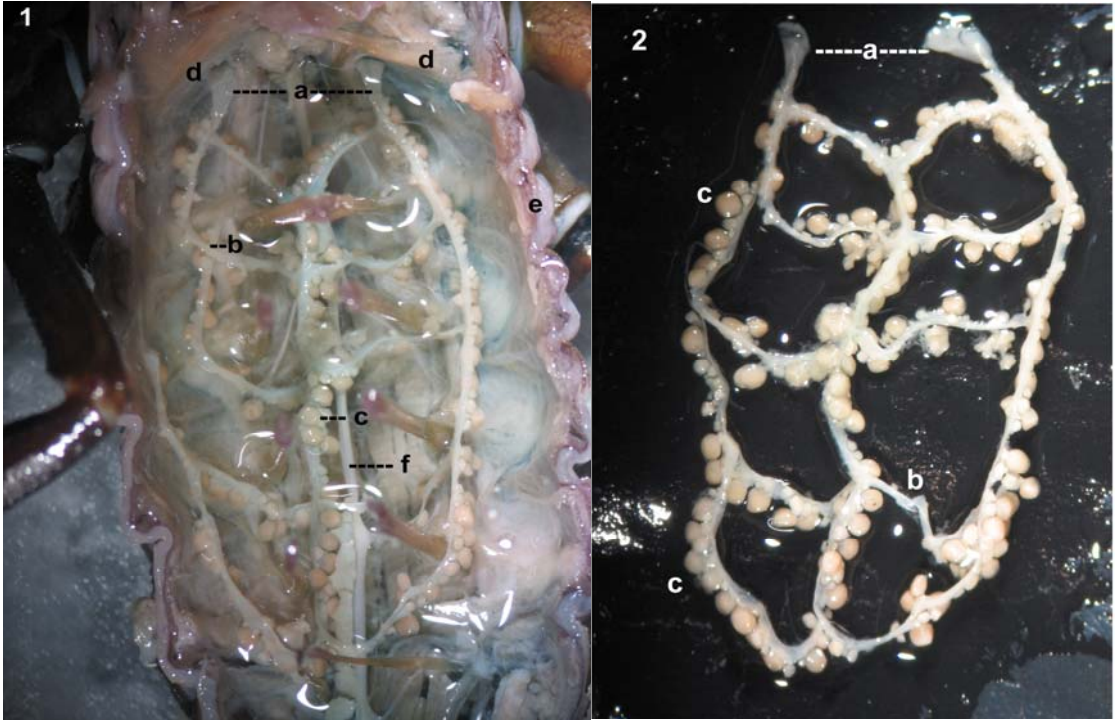
Şekil 3.18. Kalp ve eşlik eden yapılar (A: Anterior aort; B: Kalp, C: Posterior aort; e: Ostium, d: Segmentel arterler).

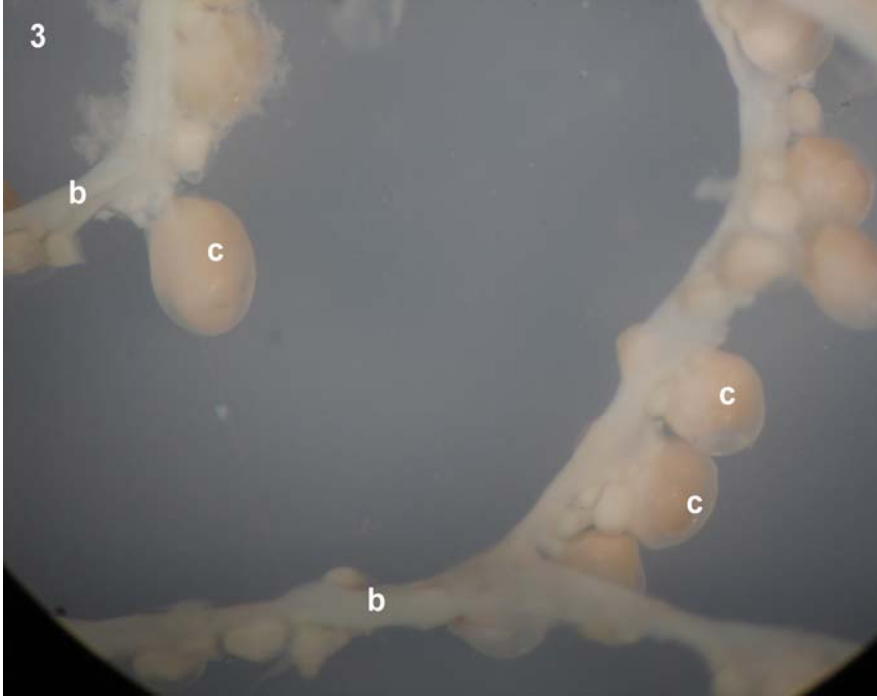


Şekil 3.19. Kalp, ostium ve segmentel arterler.

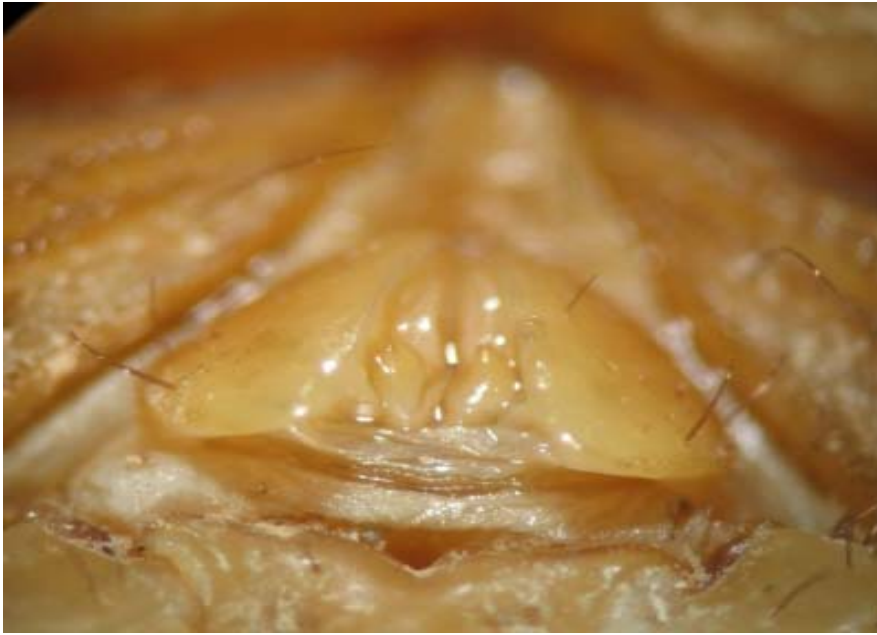
3.3.2.4. Genital Organlar

Genital sistem organları, preabdomende sindirim bezleri arasına gömülmüş olarak bulunur. Ovaryumun biri ortada ikisi de yanlarda olmak üzere uzunlamasına üç ana boru (oviduk) şeklinde posteriora doğru uzanmaktadır (Şekil 3.20-1). Bu üç ana hat, beş enine borucukla sekiz adet gözenek oluşturarak birbirbirlerine bağlanmışlardır (Şekil 3.20-2). Akrebin ventro-dorsal iç yüzeyi sekiz ligament ile bağlanmıştır. Ligamentlerin her biri de bu gözeneklerden geçmektedir. Oviduk duvarında tomurcuk benzeri küçük küreler şeklinde çok sayıda olgun yumurta folikülleri görülmüştür (Şekil 3.20-3). Yanlarda uzanan oviduklar, proksimalde sperm hazinesi meydana getirmek üzere genişledikten sonra birleşerek, genital operkülün altında bulunan bir tek delikle dışarı açılmaktadır. Erkek bireylerde de genital plak ortadan iki yana açılırken (Şekil 3.21) Dişilerde tek parça halinde yukarı kalkmaktadır.





Şekil 3.20. Genital sistem (Siyah grup). 1-2-3: a: Sperm hazinesi, b: Oviduk, c: Ovum, d: Diafram, e: Pleural membran, f: Sinir sistemi.



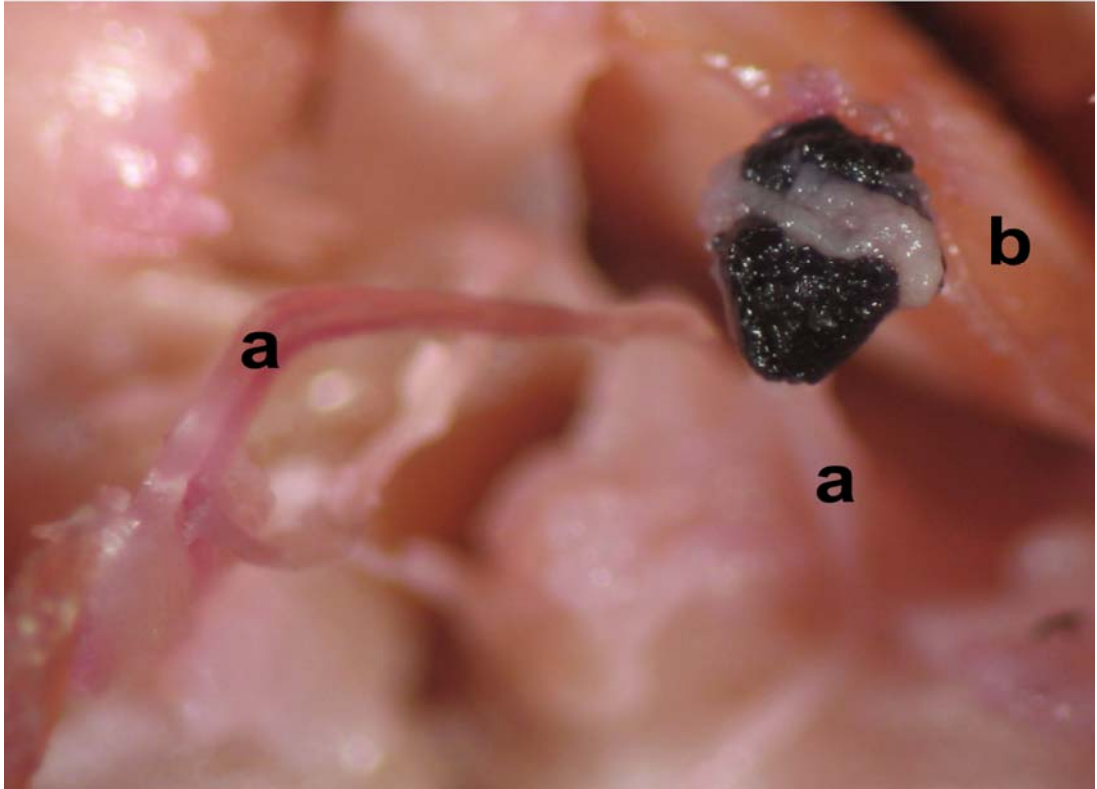
Şekil 3.21. Erkekten genitak plak ve spermatophorenin dışarı çıktığı açıklık.

3.3.2.5. Sinir Sistemi Bulguları

Karapaksın altında bulunan beyinden çıkan bir çift optik sinir median gözlerle bağlanmıştır (Şekil 3.22). Sinir sistemi, sindirim sistemine paralel olarak posteriora doğru uzanır. Sinirlerle beyine bağlı olan gangliyondan sindirim borusuna giden ve visseral sinir sistemini oluşturan sinir dallarına ayrılmıştır.

3.3.2.6. Gözler

Median gözler bir çift optik sinir ile doğrudan beyine bağlanmıştır. Median gözler siyah renkte ve çok sayıda ocellerin grup halinde birleşmesi sonucu oluşmuştur (Şekil 3.22).



Şekil 3.22. Optik sinirler (a) ve median gözler (b).

3.4. Moleküler Genetik Analizi DNA Örnek Konsantrasyonları

Moleküler genetik analizi için her grubu temsilen üç örnek (genetik analiz örnek kodları; A1: 3, A2: 4, A3: 5, B1: 7, B2: 8, B3: 9, C1: 12, C2: 16, C3: 17) kullanılmıştır.

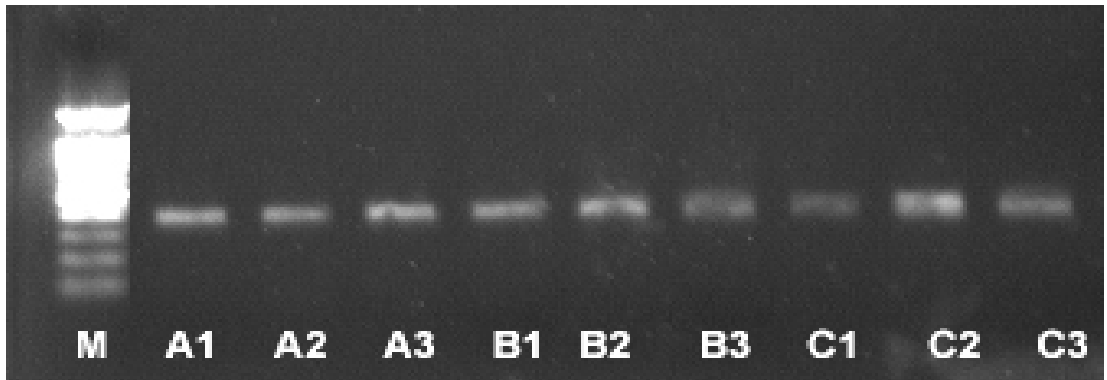
3.4.1. DNA Örnek Konsantrasyonları

Spektrofotometre ölçümü sonucu DNA miktarı sonuçları Çizelge 3.4'de gösterilmiştir. İzole edilen DNA miktarları 9 µg/ml ile 0.5 µg/ml arasında değişmiştir. PCR uygulamaları için DNA örnekleri 100ng/µl'ye seyreltilmiş ve çalışma boyunca -20°C'de saklanmıştır.

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan A-B ve C gruplarına ait DNA örneklerinin spektrofotometrik ölçüm sonuçları ve son konsantrasyonları.

Grup	Örnek No	DNA Miktarı (µg/ml)	Son Konsantrasyon
A	1	4.9	100ng/µl
	2	3.0	
	3	4.9	
B	1	7.0	
	2	3.7	
	3	0.5	
C	1	1.25	
	2	1.05	
	3	9.0	

3.4.2. Jel Görüntüleri



Şekil 3.23. Örneklerden izole edilen DNA'ların jel görüntüsü. Marker (M [100'er bazlık DNA merdiveni]).

3.5. PCR Optimizasyonu

Literatür verilerine göre (Gantenbein ve ark., 1999; 2000) PCR amplifikasyon programı sonunda spesifik DNA amplifikasyonu sağlanmamıştır. Bu nedenle Çizelge 3.5'de görüldüğü gibi farklı $MgCl_2$ konsantrasyonlarında ve bağlanma sıcaklığında PCR koşulları düzenlenmiştir.

Çizelge 3.5. PCR Optimizasyonu.

PCR Optimizasyonu							
PCR SIKLUS DÖNGÜSÜ	PCR Program				Döngü Sayısı		
	25 mM $MgCl_2$	Döngü	Sıcaklık (°C)			Zaman (dk)	
	3 μ l (1.5 mM)	Ön Denaturasyon	94		5	1	
		Denaturasyon	94		1		
	4 μ l (2.0 mM)	Annealling	45.0	45.3	46.1	47.4	1
			48.8	50.3	51.7	53.1	
			54.6	55.9	56.7	57.0	
5 μ l (2.5 mM)	Extensiyon	72		1.5	45		
6 μ l (3.0 mM)	Son Extensiyon	72		10			

Optimizasyon işlemi tamamlandıktan PCR ürünleri kısa süreli santrifüje edilmiş ve jel elektroforez de yürütülmüştür.

3.5.1. PCR Amplifikasyonu Programı

PCR optimizasyonu sonunda PCR ürünlerin jel elektroforez görüntüsüne göre uygun PCR amplifikasyon koşulları belirlenmiştir (Çizelge 3.6).

Çizelge 3.6. PCR reaksiyon programı.

Aşama	Sıcaklık (°C)	Zaman (dk)	Döngü Sayısı
Ön Denaturasyon	94	5	1
Denaturasyon	94	1	45
Annealling	48	1	
Extensiyon	72	1.5	
Son Extensiyon	72	10	1

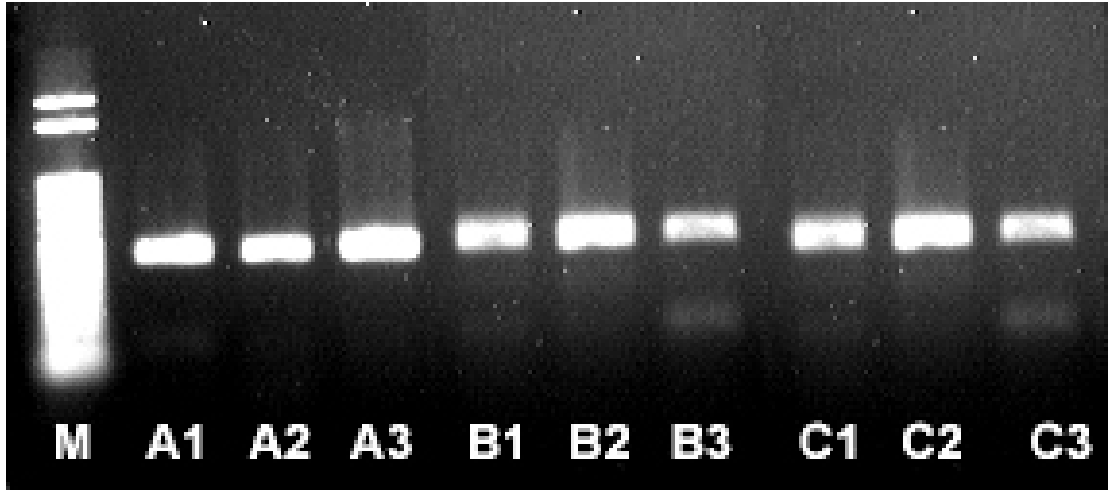
Optimize edilen koşullar ile belirlenen reaksiyon programında her bir örnek için belirtilen reaksiyon karışımı (PCR-Buffer, MgCl₂, dNTPs-mix, primer F, primer R, Taq-Polymerase, Template DNA ve RNase free distile su) ile toplam 25 µl'lik PCR amplifikasyon işlemi gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.7).

Çizelge 3.7. PCR reaksiyon karışımı.

PCR Reaksiyon Karışımı			
Final Hacim (µl)	Reagen	Miktar (µl)	Son Konsantrasyon
25	10 X PCR Buffer	2.50	1 X
	25 mM MgCl ₂	4.00	2.0 mM
	10 mM dNTP	0.50	0.2 µM
	Primer F	0.75	0.3 pmol
	Primer R	0.75	0.3 pmol
	Taq Polymerase (5U/µl)	0.125	1.25 U
	Template DNA	0.75	-
	Steril Su	15.625	-

Amplifikasyon işlemi tamamlandıktan sonra thermocycler'den alınan tüpler kısa süreli santrifüje edilmiş ve jel elektroforez aşamasına kadar +4 °C'de muhafaza altına alınmışlardır.

3.5.2. PCR Ürün Görüntülenmesi



Şekil 3.24. Çalışmada kullanılan örneklerin primer F ve Primer R ile elde edilen PCR amplifikasyon ürünlerinin agaroz jeldeki görüntüsü. Marker (M [100'er bazlık DNA merdiveni]).

3.6. Dizi Eşleştirme (Aligment)

Nükleotid dizilerinin karşılaştırılabilmesi için dizilerin hizalanması gerekmektedir. Örneklerin, forward (F) ve reverse (R) primerler ile elde edilen PCR sekans ürününün nükleotid dizi analiz kromotogramları FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile nükleotid dizi verileri görüntülenmiştir. Nükleotid dizilimlerinin eşleştirilmesi BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 2 sekans (Tatiana ve Thomas, 1999) programı (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/bl2seq/wblast2.cgi>) ile yapılmıştır.

Diziler hizalandıktan sonra, dizilerdeki eşleşmeyen nükleotidin primer forward ve primer reverse 'deki nükleotide ait kromotogram pik görüntülerinin göz ile kontrol edilerek, nükleotid dizilimleri düzenlenmiştir. Düzenleme sonunda yapılan eşleşme ile birbirleriyle homolog olan iki dizinin eşleştiği dizilim bölgesi sekans verisi olarak alınmıştır.

Sekans verisi, BLAST 2 sekans programı ile örnek dizilimleri ve Şanlıurfa ilinde *A. crassicauda* (Gen Bank Acc. AJ277598) ait GenBank verisi ile karşılaştırılarak, nükleotid dizilimlerindeki eşleşme ve dizideki genetik varyasyonlar ortaya konulmuştur.

3.6.1. A Grubu Örnekleri Dizi Eşleştirme

A grubu örneklerine ait primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek belirlenen nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 3.8'de verilmiştir. Bu araştırmada nükleotid dizi analizinde A3 örneği çalışma dışı tutulmuştur.

Çizelge 3.8. A grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.

ÖRNEKLER	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
A1	F	TGAAAACGACCTTCTTTTTGAACTCTGGAGGATTTTT TTTAGTTGATTCAATGAGTTTTACTTTTTAGTAAAAAGG CTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATAAAAAC TTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATATTAC ACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAA ATAAACGAACTTGTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATA GAAATAAGTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCT AGAAAGTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGAT GTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAA AAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTTCCATGATCT GAGTCAAATCGA	396
	R	TAAACCTTTATTTTGAACCTGGAATGATTGAGTAAACC AGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTACTT TTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAA GACCCATAAAAACCTTTATTTTTTTTTGTTTTGATTA GGAAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG CTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTGTTTTAATACCTA GAAATTTAAAATAGAAATAAGTACTTTAGGGATAAC AGCTTAATTCACCTAGAAAGTCTAATTGACAAGTGAG TTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTC GCAAAAGCTTAAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAA TTTTCCATGATCTGAGTCAAATCGA	410
A2	F	TTGGAGACTGGATCGAATGAGTAACCAGGAGGATTTT TTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAA GGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATAAA ACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATAT TACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAA AAAATAAACGAACTTGTTTAATACCTAGAAATTTTAAA ATAGAAATAAGTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTC CTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTC GATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTT AAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTTCCATGA TCTGAGTCAAATCGA	398
	R	CACGGGGCCAACCGATTTTATAGCTTTTGCACAACA AAAGGTATTTAATTCAACATCGAGGTCATAAACTCAC TTGTCAATTAGAATTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATC CCTAAAGTAACTTATTTCTATTTTAAAATTTCTAGGTAT TAAAACAAGTTCGTTTATTTTTCAAAGAAAGCCTAATT TCTTACCAGCCCAAGTGAATATTTTTCCCTTTAATCA AAAACAAAAAATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGT CTAAAAGATGTATTTAGCCTTTTTACTAAAAAGTAAAA TTCATTTCTTCACTAAAAAATCCTCCTGGTTTACT CTTTCATTCCAGTCTCAAATTAAGGACTAATGATTATG CTACCTTTGCACA	399
A3	F	ATGAAGTAGCTCCTTGGAGCATTTTTTTAATTTGATC ACTGAATTTTACTTTTTAGTAAAGGGCTAAATTCCTTCT TAAAACAAAAACCCTATAAACTTTAAATTTTTTTGT TTTTGATTAAGGGGAAAAATATAACCCTGGGGGGGGG AAAAAATAAGGCTTCTTTGAAAAATAACCAACCTGG TTTTAATACCTAAAAATTTTAAAAAATAATTTACTT TAGGATAAACGCTTTATTTCACTTAAAGGTTCTAATTG ACAAGTGAGTTAAGGACCCCAAGGTTAATTTAAAATAC CTTTGGTTGCCAAAAGCTTAAAAGGAGGCCGGTTC AACCTTAAAAATTTCTGGATTCTGA	372
	R	CCCTCTCCTTAGCCTTTGGCGCATCAAAGGTATTTTAA TTCACCATCGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAA CTTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTATTTTAAAATTTCTAGGTATTAACAAGTTCG TTTATTTTTTCAAAGAAAGCCTAATTTCTTACCAGCCCC AGTGTAATATTTTTCCCTTTAATCAAAAACAAAAAATA TAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGATGATTT TAGCCTTTTTACTAAAAAGTAAATTCATTTCTTCACT AAAAAATAATCCTCCGGGTTAACTCTTTCATTCCAGC CTCAAATTAATAAACTAAGGATAATGCTACCTTTGCAC AAA	389

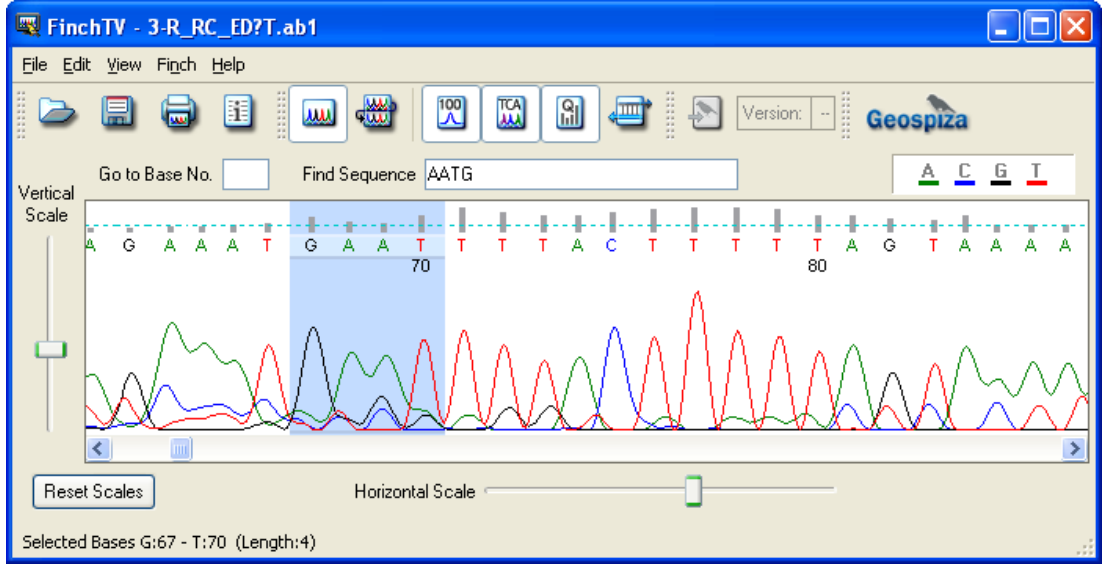
3.6.1.1. A1 Örneği

A1 örneğin, F ve R (Reverse Complement [RC]) primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda 347 nükleotidin, 345'i birbiri ile eşleşmiştir (% 99). Bu eşleşmede, primer F'in 121. pozisyonunda bir boşluk (% 0) ile 56. pozisyonunda bulunan "G" nükleotidine karşılık, primer R (RC)'nin 342. pozisyonunda ki "A" nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür (Çizelge 3. 9).

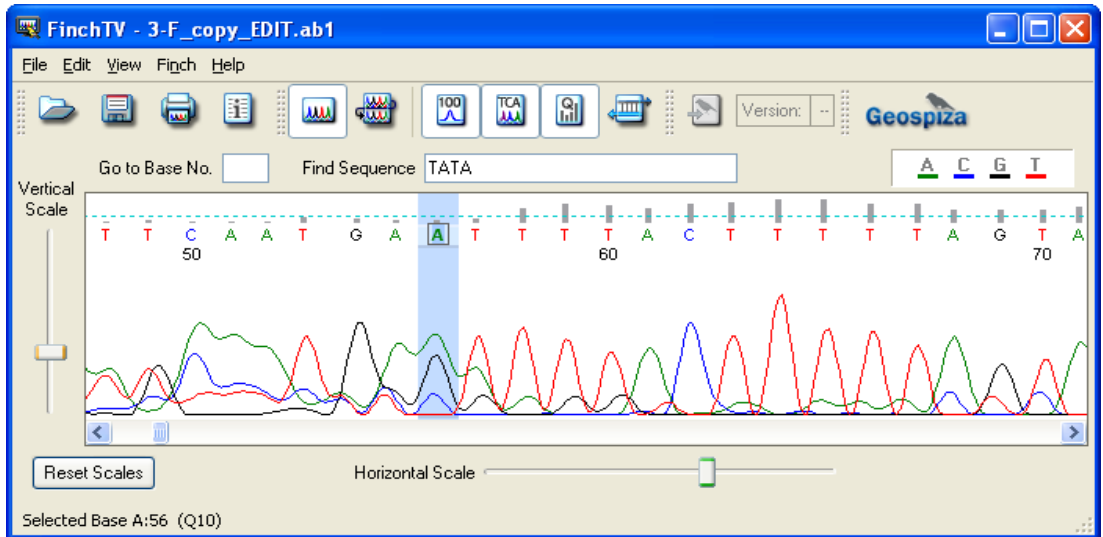
Çizelge 3.9. A1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi (Query: Primer F- Sbjct: Primer R(RC)).

		Score = 580 bits (314), Expect = 1e-162 Identities = 345/347 (99%), Gaps = 1/347 (0%) Strand=Plus/Minus	
Query	51	AATGA	110
Sbjct	347	AATGA	288
Query	111	AAAAC	169
Sbjct	287	AAAAC	228
Query	170	GAAAT	229
Sbjct	227	GAAAT	168
Query	230	TAGAA	289
Sbjct	167	TAGAA	108
Query	290	TGAGT	349
Sbjct	107	TGAGT	48
Query	350	AGGTC	396
Sbjct	47	AGGTC	1

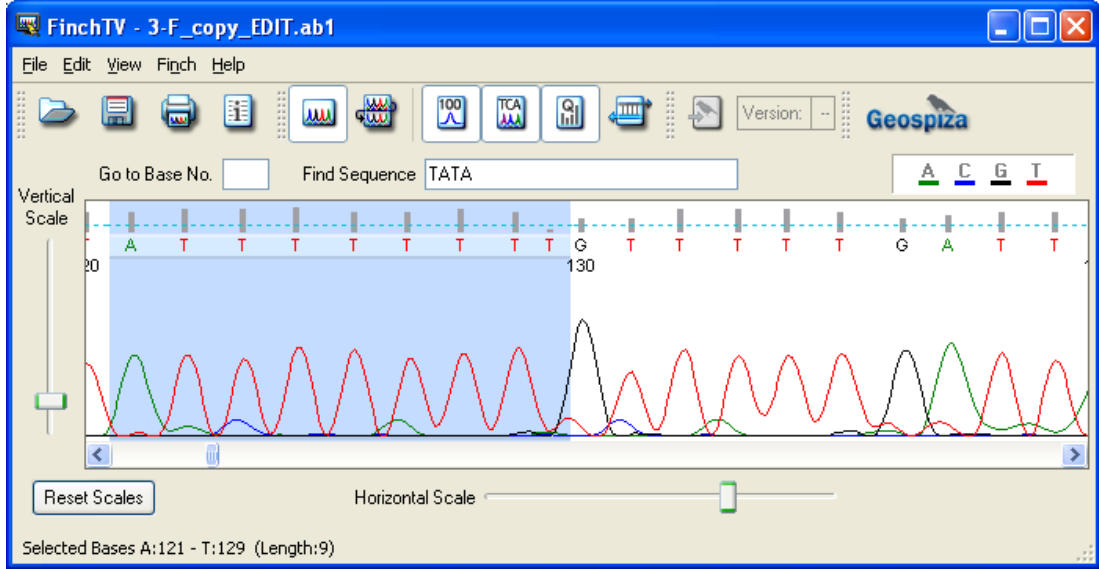
Primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünlerinin nükleotid dizilimlerine ait her iki kromotogram görüntüleri olası sinyal hatalarına karşı göz ile kontrol edilmiştir. Nükleotid dizilimleri kromotogram verilerine uygun olarak primer F'in 121. pozisyonunda (Şekil 3.25-28) boşlukta "T" primer F'in 56. pozisyonunda bulunan "A" nükleotidleri görülmüştür (Şekil 3.26-28).



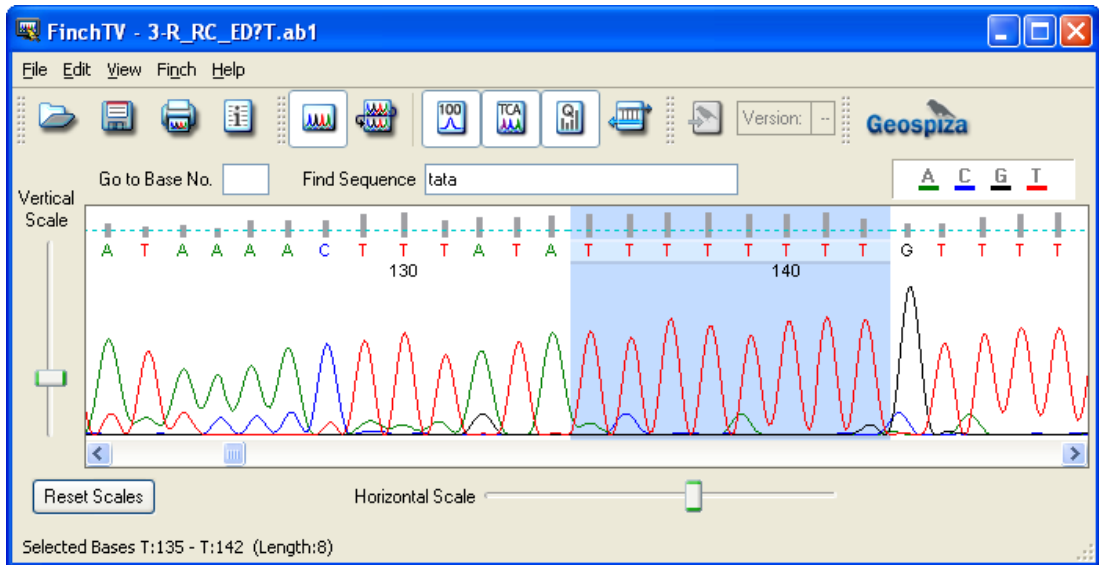
Şekil 3.25. Primer F – R, PCR sekans ürününün 121. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.26. Primer F – R, PCR sekans ürününün 56. pozisyonundaki nükleotid dizilerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.27. A1 örneğin primer F, PCR sekans ürününde “T” pozisyonu.



Şekil 3.28. A1 örneğin primer R, PCR sekans ürününde “T” pozisyonu

Düzenleme sonunda tekrar Mega BLAST 2 sekans programı ile yapılan eşleştirmede primer F' in 51- 397 pozisyonunda bulunan nükleotid dizisi, primer R(RC) 'in 1–347 pozisyonunda bulunan nükleotid dizisi ile % 100 eşleşerek uygun nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 3. 10).

Çizelge 3.10. A1 örneği primer F ile R (RC) PCR sekans ürünün düzenleme sonunda eşleştirilmesi.

Query	51	AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	110
Sbjct	347	AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	288
Query	111	AAAAC TTTATA TTTT TTTT GTTTT TGATTAAAGGGAAAAATATTACTG GGGCGGTGAA	170
Sbjct	287	AAAAC TTTATA TTTT TTTT GTTTT TGATTAAAGGGAAAAATATTACTG GGGCGGTGAA	228
Query	171	GAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA	230
Sbjct	227	GAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA	168
Query	231	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG	290
Sbjct	167	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG	108
Query	291	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAAGG	350
Sbjct	107	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAAGG	48
Query	351	AGGTCGTTCGACCTTTAAAATTTTCCATGATCTGAGTTCAAATCGA	397
Sbjct	47	AGGTCGTTCGACCTTTAAAATTTTCCATGATCTGAGTTCAAATCGA	1

A1 örneği, 347 bç (51–397) olan nükleotid dizisi,

5'-

AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA
 AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATA
 TTACTG GGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGA
 ACTTGT TTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGA
 TAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGAC
 CTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAAGGAG
 GTCTGTTTCGACCTTTAAAATTTTCCATGATCTGAGTTCAAATCGA - 3'
 olarak belirlenmiştir.

3.6.1.2. A2 Örneği

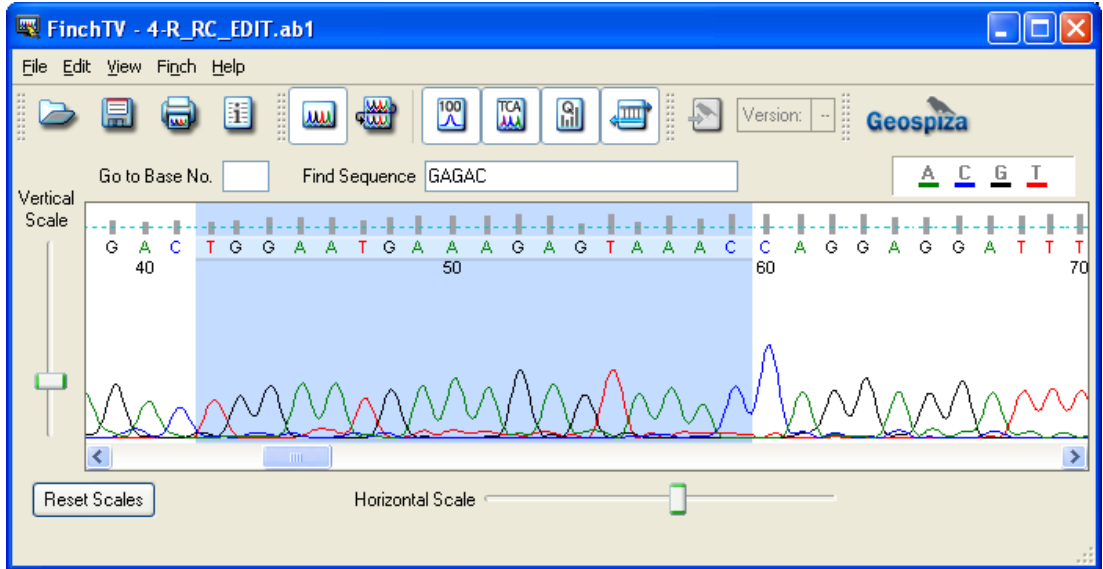
A2 örneğin F ve R primerleri (RC) ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirme sonucunda, dördü boşluk (gap) olmak üzere 349 nükleotidin 344'i birbiri ile eşleştiği görülmüştür (Çizelge 3.11).

Çizelge 3.11. A2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

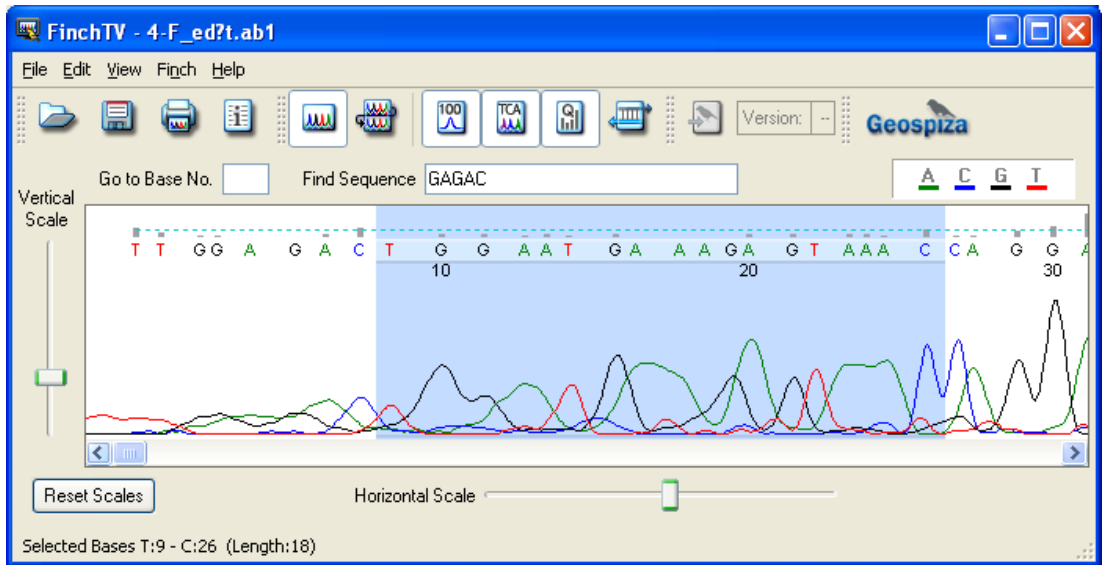
		Score = 529 bits (286), Expect = 4e-147Identities = 344/349 (98%), Gaps = 4/349 (1%)Strand=Plus/Plus	
Query	4	GAGACTGGATGAAAGAGTAACCAGGAGGATTTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTT	61
Sbjct	37	GAGACTGGATGAAAGAGTAACCAGGAGGATTTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTT	95
Query	62	ACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTAT	121
Sbjct	96	ACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTAT	155
Query	122	ATTTTTTTGTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGC	181
Sbjct	156	ATTTTTTTGTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGC	215
Query	182	TTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAAG	241
Sbjct	216	TTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAAG	275
Query	242	TTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATG	301
Sbjct	276	TTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATG	335
Query	302	ACCTCGATGTTGAATTAAAAATACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAA	349
Sbjct	336	ACCTCGATGTTGAATTAAAAATACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAA	384

Bu eşleşmede, primer F'in 12., 24. ve 344. pozisyonlarda boşluk olmasına karşılık primer R (RC) de bu pozisyonlarda "A" nükleotidlerinin olduğu görülmüştür. Ayrıca primer F'in 19. pozisyonunda "T" nükleotidine karşılık, bu pozisyona denk gelen primer R (RC) de "A" nükleotidi ile eşleşmiştir. Diğer taraftan dördüncü boşluğun primer F'nin 15. pozisyonunda olan "C" nükleotidine karşılık, primer R (RC) 48. pozisyonunda boşluk geldiği görülmüştür (Çizelge 3. 11). Eşleşmeyen nükleotid(ler) her iki kromotogram görüntüsü göz ile kontrol edilmiştir.

A2 örneğinin primer R (RC) dizisindeki "TGGAAATGAAAGAGTAAAC" nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsünde 45., 48., 52., ve 57. pozisyonlarda bulunan nükleotid pikleri (Şekil 3.29) ile bu pozisyonlara karşılık gelen primer F' dizisindeki "TGGATCGAATGAGTAAAC" nükleotid piklerine (Şekil 3.30) ait kromotogram görüntüleri karşılaştırılmıştır.

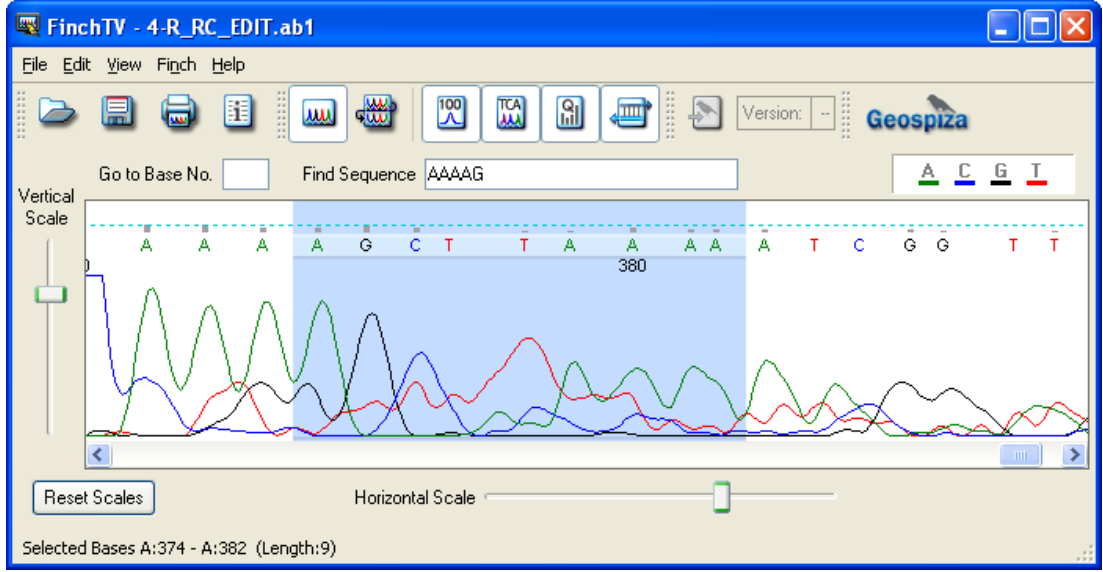


Şekil 3.29. A2 örneğinin primer R dizisindeki “TGGATGAAAGAGTAAAC” nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsü.

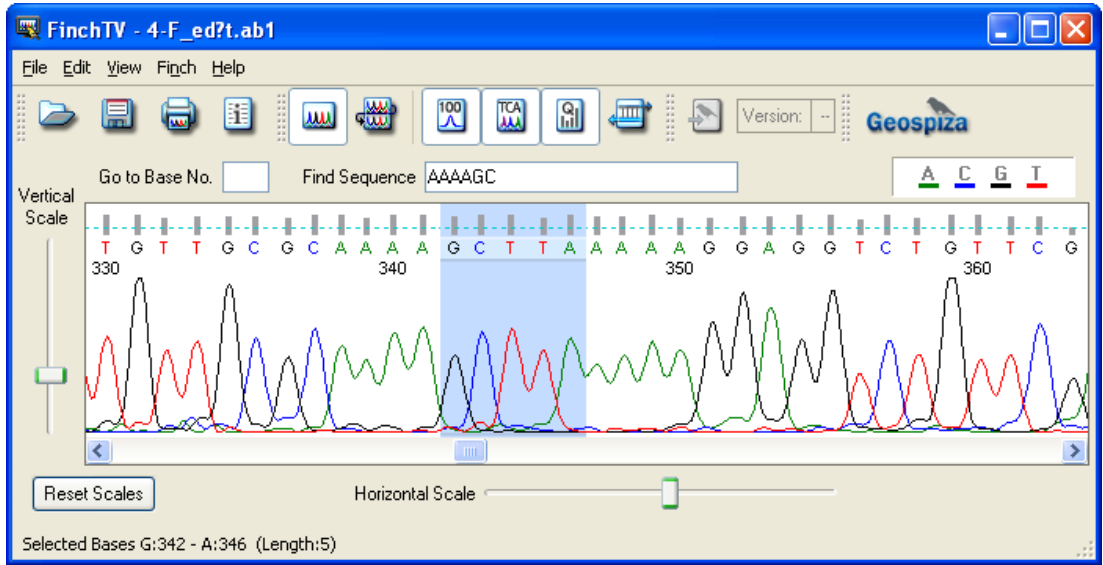


Şekil 3.30. A2 örneğinin primer F’de dizisindeki “TGGATGAAAGAGTAAAC”nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsü.

Farklılığın olduğu bölgedeki nükleotid dizilim kromotogram görüntüsündeki nükleotidlere ait sinyal verilerine göre uygun nükleotid ile düzenlenmiştir (Şekil 3.31- 32).



Şekil 3.31. A2 örneğinin primer R dizisindeki “AGCTA~~A~~TAAAA” nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsünde 377. ve 378. pozisyonda “A” nükleotidinde ait pik görülmemiştir. Bu pozisyonda okunan “A” nükleotidi dizi içerisinde silinerek düzenlenmiştir.



Şekil 3.32. A2 örneğinin primer F dizisindeki “AGCTTA” nükleotid piklerine ait kromotogram görüntüsünde 344. ve 345. pozisyonlarda iki adet “T” nükleotidinde ait pik görülmüştür.

Düzenleme sonunda eşleştirme tekrarlanan eşleştirme ile uygun nükleotid dizilimi (347/347) belirlenmiştir (Çizelge 3. 12).

Çizelge 3.12. A2 örneği PCR sekans ürününün düzenleme sonundaki eşleştirme verisi.

Score = 556 bits (301), Expect = 2e-155 Identities = 347/347 (100%), Gaps = 0/347 (0%) Strand=Plus/Plus	
Query	4 GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA 63
Sbjct	37 GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA 96
Query	64 CTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATAAAACTTTATA 123
Sbjct	97 CTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATAAAACTTTATA 156
Query	124 TTTTTTTGTTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT 183
Sbjct	157 TTTTTTTGTTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT 216
Query	184 TTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAATAGAAATAAGT 243
Sbjct	217 TTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAATAGAAATAAGT 276
Query	244 TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA 303
Sbjct	277 TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA 336
Query	304 CCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAA 350
Sbjct	337 CCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAA 383

A2 örneğinin nükleotid dizilimi, 347 bç (4-350)

5'-

GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGA
 AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA
 AGACCCATAAACTTTATATTTTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATA
 TTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGA
 ACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGA
 TAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGAC
 CTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAGCTTAAAAA-3'
 (347bç)

olarak belirlenmiştir.

3.6.1.3 Grup İçi Eşleştirme

A1 ile A2 örneklerine (347 bç) ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 3.13).

Çizelge 3.14. B grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.

ÖRNEKLER	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
B1	F	CCGTAAAGATGAAATCTGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGA AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTT AGACAAGAAGACCCTATAAAAACCTTTATTTTTTTGTTTTG ATTTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATT AGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCT AGAAATTTTAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAG CTTAATTCACCTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT GACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGCAAAA GCTTAAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAAATTTCCATG ATCTGAGTTCAAATC	384
	R	TTTAAAGGTCGAAAGACCTCCTTTTTAGCTTTTGCGCACAA AGGTATTTTAAATCAACATCGAGGTCATAAACTCACTTGTC AATTAGAACTTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAG TAACCTATTTCTATTTTTAAAATTTCTAGGTATTAACAAGT TCGTTATTTTTCAAAGAAAGCCTAATTTCTCACCGCCC CAGTGTAATTTTTCCCTTTAATCAAAAACAAAAAATATA AAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGATGATTTTTAGC CTTTTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTCTCAACTAAAAAAA AATCCTCCTGGTTACTCTTTCATTCCAGTCTCAAATTTAA AGACTAATGATTATGCTACCTTTGCACA	400
B2	F	GTATTTATAATTGAGACTGGAATGAATAGTAACCAGGAGG ATTTTTTTTAGTTGAAGACATGAATTTTACTTTTTAGTAAA AAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAA CTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACA CTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAA ACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAAGAAATA AGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAAGTTC TAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAA TACCTTTTGTTCGCGCAAAAAGCTTAAAAAGGAGGTCTGTT GACCTTTAAAATTTCCATGATCTGAGTTCAAATCGA	405
	R	TATGGAAGGTCGAAAAGACCTCCTTTTTAGCTTTTGCGC AACAAAGGTATTTTAAATCACCATCGAGGTCATAAACTCAC TTGTCAATTAGAATTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCC TAAAGTAACTTATTTCTATTTTTAAAATTTCTAGGTATTA CAAGTTCGTTTTTTTTCAAAGAAAGCCTAATTTCTTCAC CGCCCCAGTGAATATTTTTCCCTTTAATCAAAAACAAAA AATATAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGATGTAT TTTAGCCTTTTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTCTTCAACTA AAAAAAAATCCTCCTGGTTACTCTTTCATTCCAGTCTCAA ATTTAAAGACTAATGATTATGCTTACCTTTGCACAA	406
B3	F	TGGGAATGAGTAATCCTGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAG AACCTGAATTTTACTATTTTAGTAAAAGGCTAAAATACATC TTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAAACCTTTATTTTTTTGTT TTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGA AATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAAT ACCTAGAAATTTTAAAAAGAAATAAGTTACTTTAGGGATA ACAGCTTAATTCACCTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT TTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGCA AAAGCTTAAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTTAAAAATTTTC CATGATCTGAGTTCAAATCAGA	390
	R	CAGAAACCTTCCCTTTTATGCTTTTGCGCACAAAAGGTAT TTTAATCCACATCGAGGTCATAAACTCACTTGCAATTAG AACTTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAGTAACTT ATTTCTATTTTTAAAATTTCTAGGTATTAACAAGTTCGTTT ATTTTTCAAAGAAAGCCTAATTTCTCACCGCCCCAGTGT AATATTTTTCCCTTTAATCAAAAACAAAAAATATAAAGTT TATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGATGATTTTTAGCCTTTTT ACTAAAAGTAAAATTCATTTCTCAACTAAAAAAAATCCT CCTGGTTACTCTTTCATTCCAGTCTCAAATTTAAAGACTA ATGATTATGCTACCTTTGCAC	393

3.6.2.1. B1 Örneği

B1 örneğin forward ve reverse primerleri (RC) ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online Mega BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan eşleştirmesinde, Çizelge 3.15’de görüldüğü gibi primer F’in 33-91 bç pozisyonunda bir boşluk olmasına karşılık primer R (RC) de 272-331 bç diziliminde iki, 332- 359 bç dizilimde de iki olmak üzere toplam 5 boşluk (%1) ile 328 nükleotidin 323’i eşleşmiştir (% 98).

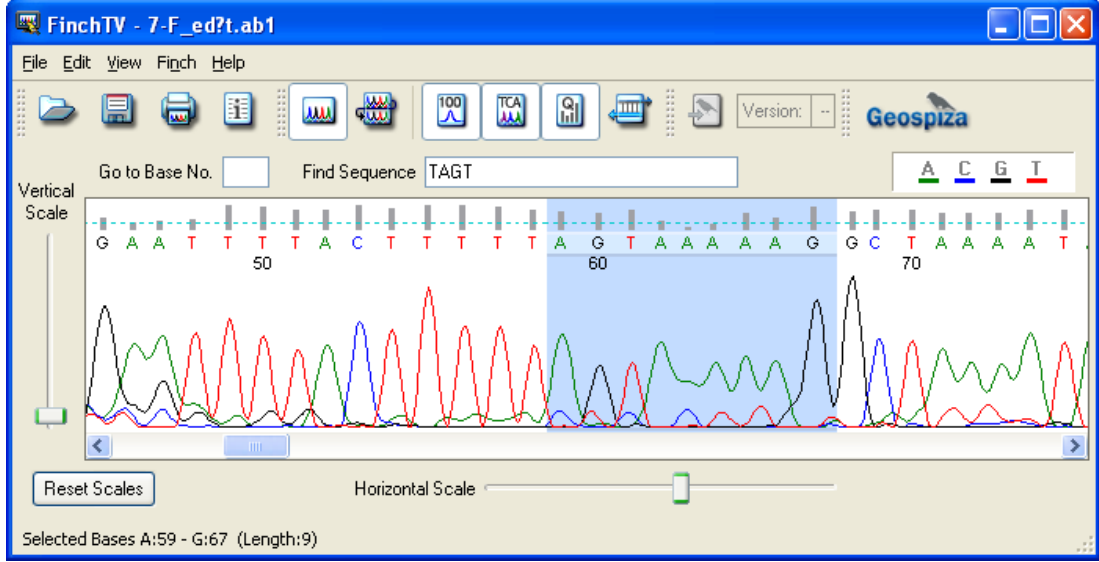
Çizelge 3.15. B1 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 525 bits (284), Expect = 5e-146 Identities = 323/328 (98%), Gaps = 5/328 (1%) Strand=Plus/Plus	
Query	33 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGT AAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 91
Sbjct	77 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGT AAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 136
Query	92 AGACCTATAAAACTTTATATTTTTTGTGTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACTACTGGG 151
Sbjct	137 AGACCTATAAAACTTTATATTTTTTGTGTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACTACTGGG 196
Query	152 GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAA 211
Sbjct	197 GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAA 256
Query	212 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAA 271
Sbjct	257 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAA 316
Query	272 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTT GTT GCGCAAAAGCT 331
Sbjct	317 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTT GTT GCGCAAAAGCT 374
Query	332 AAAAAGGAGGTCT TTCGACCTTTAAA 359
Sbjct	375 AAAAAGGAGGTCT TTCGACCTTTAAA 400

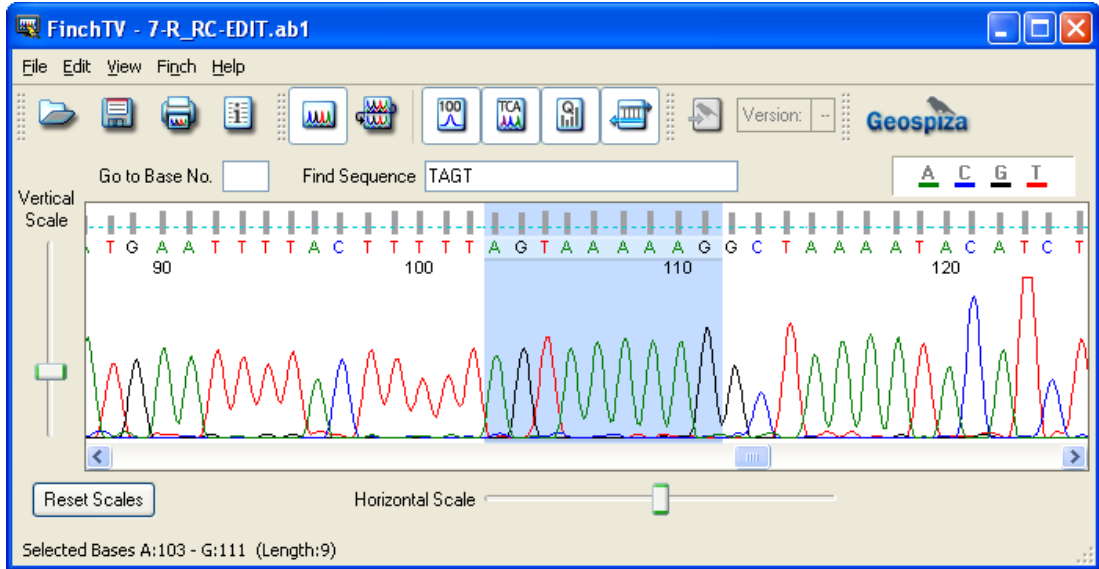
Eşleşmeyen nükleotid(ler) primer F ve R ürünlerinin kromotogram görüntülerindeki nükleotid sinyalleri göz ile kontrol edilerek nükleotid dizi(leri) hataları her iki kromotogram verisinin karşılaştırılması ile düzenlenmiştir.

B1 örneği, primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsünde 62.-66. pozisyonda bulunan “A” sinyallerinin ardışık ve yaygın olması nedeniyle 4 adet “A” nükleotidi olarak (Çizelge 3.15) okunmasına karşılık primer R (RC) PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsünde değerlendirildiğinde, 106.-110. pozisyonda bulunan “A” sinyalin çok net ve 5

adet “A” nükleotidinin olduğu görülmüştür (Şekil 3.33). Bu nedenle primer F’de 62. pozisyonda bulunan “C” nükleotidi “A” nükleotidi olarak düzenlenmiştir (Şekil 3.34).

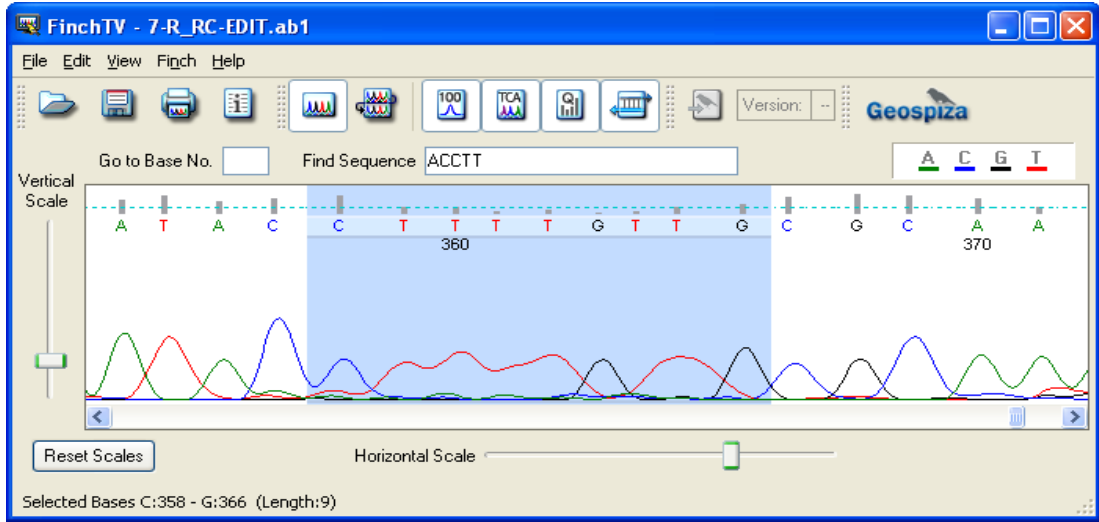


Şekil 3.33. Primer F PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsün de 62.66. pozisyonda bulunan “A” nükleotidlerine ait sinyaller.

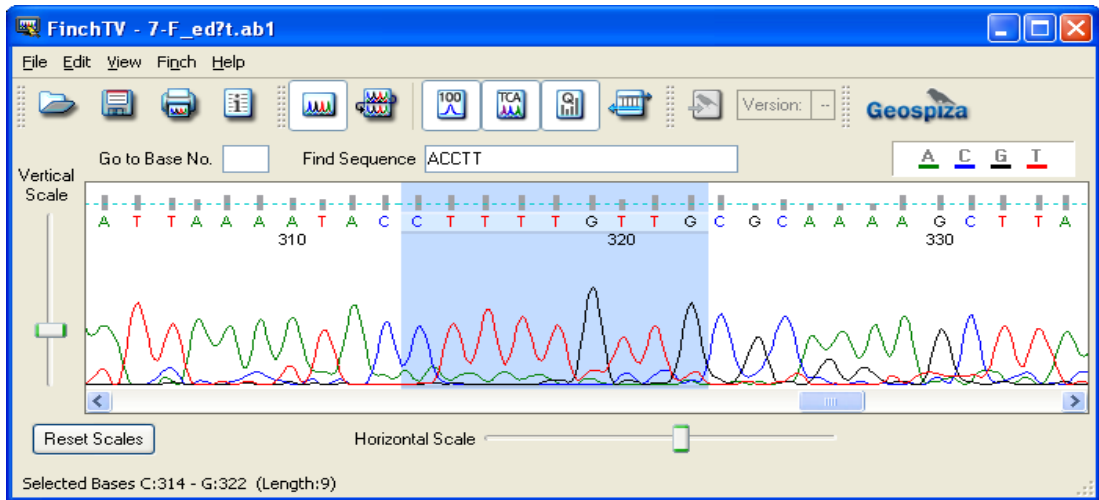


Şekil 3.34. Primer R(RC) PCR sekans ürünün kromotogram görüntüsün de 106.-110. pozisyonda bulunan “A” nükleotidleri.

Ayrıca, B1 örneği, primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürününün kromotogram görüntüsünde “CTTTIGTIGCGC” nükleotid dizisinde 362. pozisyondaki sinyal piklerinin süregen olması ve 365. pozisyondaki “T” nükleotidlerine ait sinyal pikinin geniş olması nedeniyle eksik okunmuştur (Şekil 3.35) ancak primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürününün kromotogram görüntüsünde ki “CTTTIGTIGCGC” nükleotid dizisinde 318. ve 321. pozisyonlarda bulunan “T” nükleotidlerine ait sinyal piklerinin çok net olduğu görülmüştür (Şekil 3.36).



Şekil 3.35. B1 örneği primer R, PCR sekans ürününün 362.-365. pozisyonlardaki “T” nükleotidlerine ait sinyal piklerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.36. B1 örneği primer F, PCR sekans ürününün 318.-321. pozisyonlardaki “T” nükleotidlerine ait sinyal piklerinin kromotogram görüntüsü.

Düzenleme sonunda tekrar eşleştirilerek, eşleşen uygun nükleotid dizilimi (328/328) belirlenmiştir (Çizelge 3. 16).

Çizelge 3.16. B1 örneği PCR sekans ürünlerinin kromotogramdaki nükleotid sinyal hatalarının düzenlenmesi sonunda yapılan eşleştirme.

Score = 558 bits (302), Expect = 5e-156 Identities = 328/328 (100%), Gaps = 0/328 (0%) Strand=Plus/Plus	
Query	33 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 92
Sbjct	77 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 136
Query	93 AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG 152
Sbjct	137 AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG 196
Query	153 GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA 212
Sbjct	197 GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA 256
Query	213 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA 272
Sbjct	257 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA 316
Query	273 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCAAAAAGCT 332
Sbjct	317 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCAAAAAGCT 376
Query	333 TAAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAA 360
Sbjct	377 TAAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAA 404

B1 örneğine ait nükleotid dizilimi, 328 bç (primer F; 33-360);

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTTGATTAAAGG
GAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAA
TAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTACT
TTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT
TTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAA
AAAGGAGGTCTGTTTCGACCTTTAAA-3'

olarak belirlenmiştir.

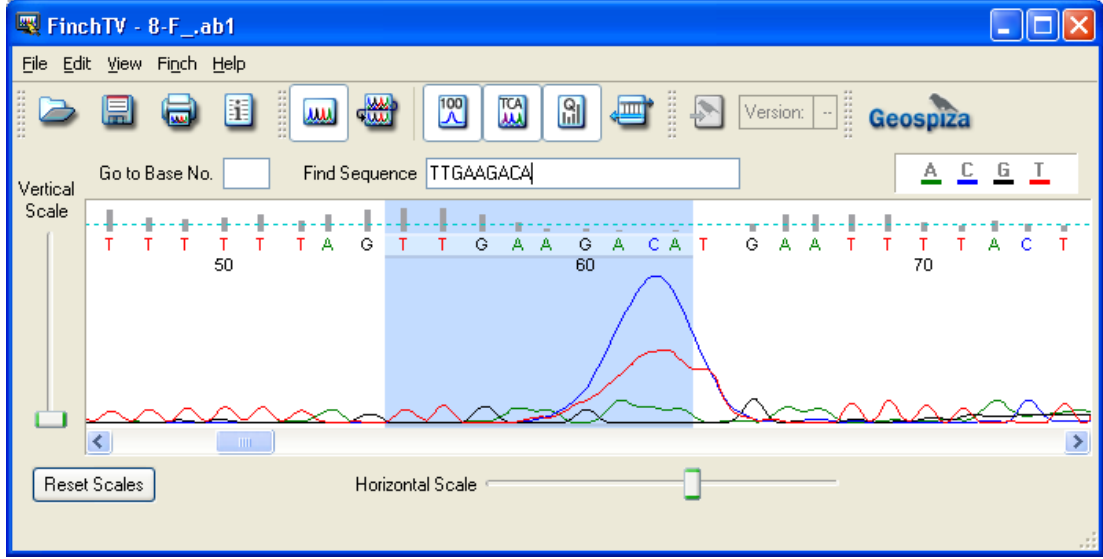
3.6.2.2. B2 Örneği

B2 örneğin primer F ve R ile çoğaltılarak elde edilen nükleotid dizilimlerinin eşleştirmesinde, Çizelge 3.17’de görüldüğü gibi Primer F’in 4.-63. pozisyonunda bulunan baz farklılığı ile % 99’ lik bir oran ile 373 nükleotidin 372’si eşleşmiştir.

Çizelge 3.17. Primer F ve R ile B2 örneğinin çoğaltılan ürünlerinin eşleştirilmesi.

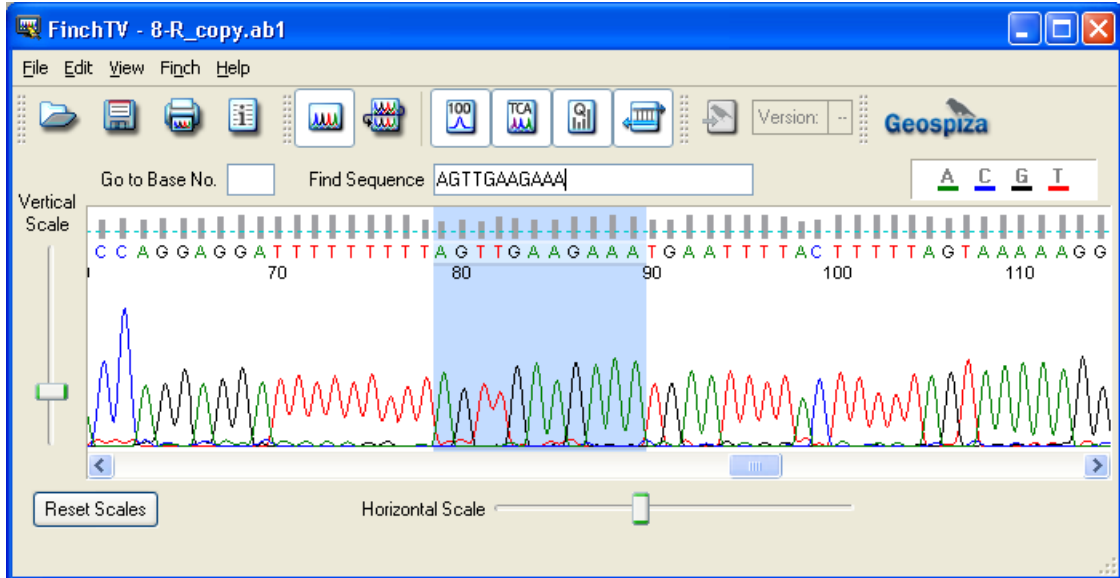
B2 PCR SEKANS ÜRÜNLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 603 bits (326), Expect = 3e-169 Identities = 372/373 (99%), Gaps = 0/373 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	4	TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTGTAGT	TGAAGACA	63	
Sbjct	30	TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTGTAGT	TGAAGAAA	89	
Query	64	TGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATATAA		123	
Sbjct	90	TGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCATATAA		149	
Query	124	AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAA		183	
Sbjct	150	AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAA		209	
Query	184	ATTAGGCTTTCCTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAG		243	
Sbjct	210	ATTAGGCTTTCCTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAG		269	
Query	244	AAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA		303	
Sbjct	270	AAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA		329	
Query	304	GTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGG		363	
Sbjct	330	GTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGG		389	
Query	364	TCTGTTTCGACCTT		376	
Sbjct	390	TCTGTTTCGACCTT		402	

B2 örneği, primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürününün kromotogram görüntüsünde 62. pozisyonda bulunan “C” sinyali olarak okunan nükleotidin, önünde ve arkasındaki nükleotidlerin sinyalleriyle birlikte değerlendirilmiş (Şekil 3.37) “A” nükleotidine ait sinyalin de diğer nükleotidlerle aynı boyda olduğu görülmüştür. Diğer taraftan primer R(RC) PCR sekans ürününün kromotogram görüntüsüyle de değerlendirildiğinde, 88. pozisyonda bulunan “A” sinyalin çok net olduğu görülmüştür (Şekil 3.38). Bu nedenle Primer F’de 62. pozisyonda bulunan “C” nükleotidi “A” nükleotidi olarak düzenlenmiştir.



Şekil 3.37. B2 örneğinin primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürününün “TTGAAGACA” pozisyonunda bulunan “C” nükleotidinin (62. pozisyon) kromotogramdaki görüntüsü.

Bu eşleşmede, Çizelge 3.17’ de gösterildiği pozisyonda bulunan primer F’de “C” nükleotidine karşılık primer R (RC)’de “A” nükleotidinin karşılık geldiği görülmüştür.



Şekil 3.38. B2 örneğinin primer R ile çoğaltılan PCR sekans ürününün “TTGAAGAAA” pozisyonunda bulunan “A” (88) nükleotidinin kromotogramdaki görüntüsü.

Çizelge 3.18. Primer F ve R ile B2 örneğinin çoğaltılan düzenlenmiş ürünlerinin eşleştirilmesi

B2 PCR SEKANS ÜRÜNLERİNİN DÜZELTME SONU EŞLEŞTİRİLMESİ			
Score = 608 bits (329), Expect = 6e-171 Identities = 373/373 (100%), Gaps = 0/373 (0%) Strand=Plus/Plus			
Query	4	TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAA	63
Sbjct	30	TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAA	89
Query	64	TGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCTATAA	123
Sbjct	90	TGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCTATAA	149
Query	124	AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAA	183
Sbjct	150	AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAA	209
Query	184	ATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAG	243
Sbjct	210	ATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAG	269
Query	244	AAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATTCAGTAAAGTTCTAATTGACAAGTGA	303
Sbjct	270	AAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATTCAGTAAAGTTCTAATTGACAAGTGA	329
Query	304	GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGG	363
Sbjct	330	GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGG	389
Query	364	TCTGTTGACCTT 376	
Sbjct	390	TCTGTTGACCTT 402	

B 2 örneğine ait nükleotid dizilimi, 373 bç (Primer F; 4-376- Primer R; 30-402);

5'-

TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTTA
GTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTT
AGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTGAATTAAAGGG
AAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAAT
AAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTT
TAGGGATAACAGCTTAATTCAGTAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTT
TATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAA
AAGGAGGTCTGTTGACCTT-3' 373 bç

olarak belirlenmiştir.

3.6.2.3. B3 Örneği

B3 örneğine ait nükleotid dizilimi, 312 bç (33-341)

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGG
GAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAA
TAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTACT
TTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT
TTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTTGTTGCGCAAAGCTTAA
AAAGGAGGT-3'

olarak belirlenmiştir.

3.6.2.4. Grup İçi Eşleştirme

B1 (328 bç) ile B2 (373 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir (Çizelge 3.19).

Çizelge 3.19. B1 ve B2 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

B1 VE B2 PCR SEKANS ÜRÜNLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 551 bits (298), Expect = 7e-154 Identities = 324/324 (100%), Gaps = 0/324 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	50	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	109		
Query	61	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGAAAAATATTACACTGGG	120		
Sbjct	110	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGAAAAATATTACACTGGG	169		
Query	121	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	180		
Sbjct	170	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	229		
Query	181	TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA	240		
Sbjct	230	TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA	289		
Query	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCT	300		
Sbjct	290	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCT	349		
Query	301	TAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTT	324		
Sbjct	350	TAAAAGGAGGTCTGTTTCGACCTT	373		

Diğer taraftan, B2 (373 bç) ile B3 (312 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. Bu eşleşmede, 312 bç ile % 100 eşleştiği (Çizelge 3.20).

Çizelge 3.20. B1 ve B3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

B1 ile B3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRMESİ					
Score = 529 bits (286), Expect = 3e-147 Identities = 312/312 (100%), Gaps = 0/312 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Query	61	AGACCTATAAACTTTATATTTTTTGTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG	120		
Sbjct	61	AGACCTATAAACTTTATATTTTTTGTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG	120		
Query	121	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	180		
Sbjct	121	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	180		
Query	181	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAA	240		
Sbjct	181	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAA	240		
Query	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAAAGCT	300		
Sbjct	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAAAGCT	300		
Query	301	TAAAAAGGAGGT	312		
Sbjct	301	TAAAAAGGAGGT	312		

B2 (373 bç) ile B3 (312 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verilerinin eşleştirilmesinde Çizelge 3.21'de de görüldüğü gibi B1 (328 bç) ile B2 (373 bç) örneklerin eşleştirilmesi ile benzer sonuç elde edilmiştir.

Çizelge 3.21. B2 ve B3 PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

B2 ile B3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 523 bits (283), Expect = 2e-145 Identities = 311/312 (99%), Gaps = 0/312 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	48	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA			107
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA			60
Query	108	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGAAAAATATTACACTGGG			167
Sbjct	61	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGAAAAATATTACACTGGG			120
Query	168	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA			227
Sbjct	121	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA			180
Query	228	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA			287
Sbjct	181	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA			240
Query	288	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCT			347
Sbjct	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCT			300
Query	348	TAAAAAGGAGGT		359	
Sbjct	301	TAAAAAGGAGGT		312	

B grubuna ait örneklerin eşleştirme verilerine göre B1 ile B3 örneklerine ait ortak nükleotid dizilimi (Çizelge 3. 20).

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGG
GAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAA
TAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAATAGAAATAAGTTACT
TTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT
TTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAA
AAAGGAGGT – 3'

312 olarak belirlenmiştir.

3.6.3. C Grubu Dizi Eşleştirme

C grubu örneklerine ait primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünleri FinchTV 1.4 (<http://www.finchtv.com>) programı ile görüntülenerek nükleotid dizisi ve uzunluğu Çizelge 3.22'de verilmiştir.

Çizelge 3.22. C grubu örneklerin primer F ve R ile çoğaltılan PCR sekans ürünü.

ÖRNEKLER	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (BÇ)
C1	F	GAACTAGGATCATTGTGAAAACCTGGAGGATTTTTTTTT AGTTGAATGAATCTGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCT AAAATACATCTTTTACACAAGAAGACCCTATAAACTTTA TATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTG GGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAAC GAACTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATA GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTT CTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTA AAATACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAAAAAGGAGGCT GTTTCGACCTTTAAAAATTTCCATGATCTGAGTTCAAAT	394
	R	GGGATTTAAGGTGAAAAGACCTCCTTTTTAAGCTCTATT GCAGCGACAAAGGTATTTAATTTCACTCATCGAGGTCA TAACTCACTTGTCAATTAGAACCTTCTAAGTGAATTAAG CTGTTATCCCTAAAGTAACTTATTTCTATTTAAAAATTTCT AGGTATTAACAAGTTCGTTTATTTTTTCAAGAAAGGCC TAATTTCTTACC GCCCAGTGTAATTTTTCCCTTTAA TCAAAAACAAAAAATAAAAGTTTTATAGGGTCTTCTT GTCTAAAAGATGTATTTTAGCCTTTTTACTAAAAAGTAAA ATTCATTTCTCACTAAAAAATCCTCCTGGTTTACT CTTTCATTCCAGTCTCAAATTAAGACTAATGATTATGC TACCTTTGCACA	412
C2	F	AACTTTGTTTTGAGACTGGATGAAGAGTAACCAGGAGG ATTTTTTTTAGTTGAAGAATTGAATTTTACTTTTTAGTAA AAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATA AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAAATAT TACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAA AATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATA GAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTA GAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGT TGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAAAAAG GAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAAATTTCCATGATCTGAGT TCAAATCGA	403
	R	AAAACCTTCCTTTTTTAGCTTTTTCGCAACAAAAGGTATT TTAATTCATTTCATCGAGGTCAATAACTCACTTGTCAATTA GAACCTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCCTAAAAGTAA CTTATTTCTATTTAAAAATTTCTAGGTATTAACAACAGTTC GTTTATTTTTTCAAGAAAGCCTAATTTCTTACC GCCC AGTGTAATATTTTTCCCTTTAATCAAAAACAAAAAATAT AAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAGATGTATTTA GCCTTTTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTCTTCACTAAA AAAAATCCTCCTGGTTTACTCTTTCATTCCAGTCTCAA TTAAAAACTAATGATTATGCTACCTTTGCACA	392
C3	F	TAAATTTGAAAAC TAGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGG ATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAA AAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATA AACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAAATAT TACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAA AATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATA GAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTA GAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGT TGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAAAAAG GAGGTCTGTTTCGACCTTTAAAAATTTCCATGATCTGAGT TCAAATCGA	404
	R	GGGAATTAAGGCGAAGACCTCCTTTTTAGCTTTTTCGCGC ACAAAGGTATTTAATTCACATCGAGGTCAATAACTCA CTTGTCAATTAGAACCTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATC CCTAAAGTAACTTATTTCTATTTAAAAATTTCTAGGTATTA AAACAAGTTCGTTTATTTTTTCAAGAAAGCCTAATTTCT TACC GCCCAGTGTAATTTTTCCCTTTAATCAAAAAC AAAAAATATAAAAGTTTTATAGGGTCTTCTTGTCTAAAAG ATGTATTTAGCCTTTTTACTAAAAAGTAAAATTCATTTCT TCAACTAAAAAATCCTCCTGGTTTACTCTTTCATTCC AGTCTCAAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGCA CA	402

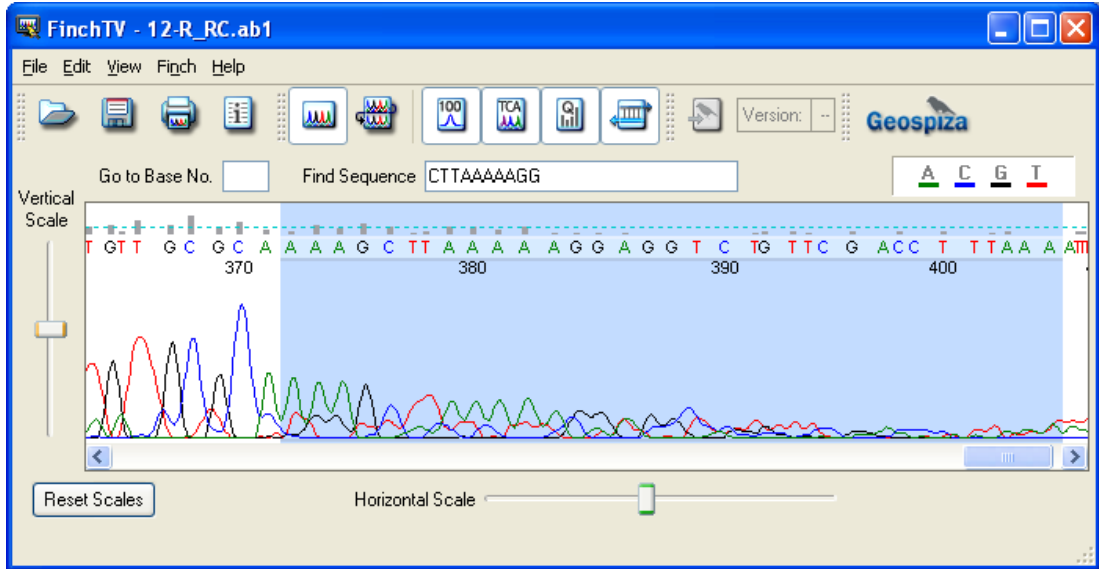
3.6.3.1. C1 Örneği

C1 örneğin forward ve reverse primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan ilk Mega eşleştirmesi sonucunda (Çizelge 3. 23), 10 boşluk (%2) ile 336 nükleotidin 321'i eşleşmiştir (% 95).

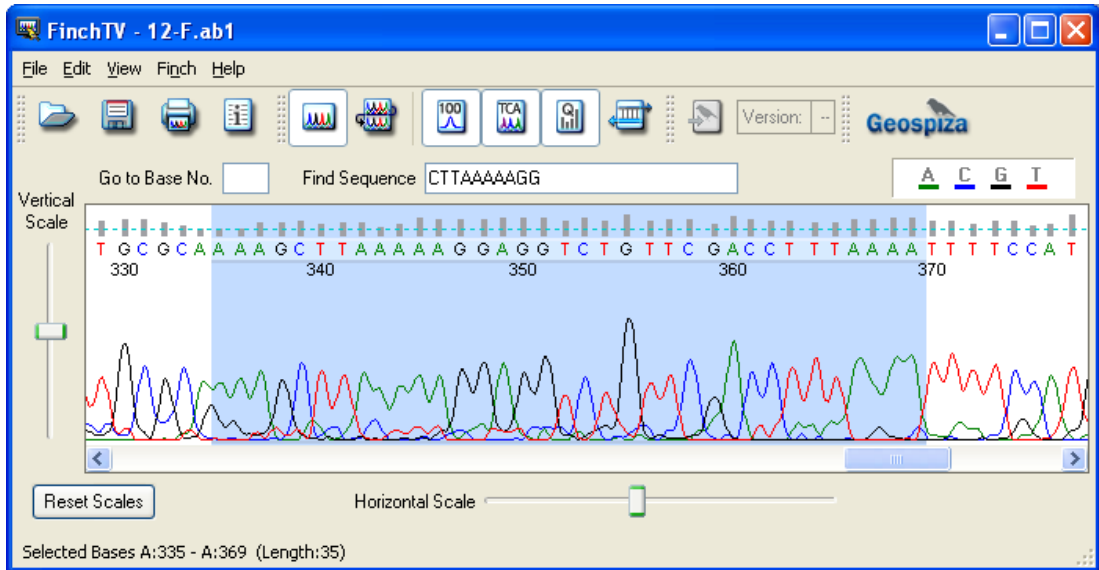
Çizelge 3.23. C1 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

		Score = 477 bits (258), Expect = 2e-131 Identities = 321/336 (95%), Gaps = 10/336 (2%) Strand=Plus/Plus	
Query	40	AGTTGAAAGAACTGGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTACAA	99
Sbjct	77	AGTTGAAAGAACTGGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTACAA	134
Query	100	GAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACT	159
Sbjct	135	GAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACT	194
Query	160	GGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAG	219
Sbjct	195	GGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAG	254
Query	220	AAATTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTC	279
Sbjct	255	AAATTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGTTC	314
Query	280	TAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGCTGAACTTAAATACCTTTGTGCGCA	336
Sbjct	315	TAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGCTGAACTTAAATACCTTTGTGCGCA	373
Query	337	AAGCTTAAAAAGGAGGTCTTTTCACCTTAAA	370
Sbjct	374	AAGCTTAAAAAGGAGGTCTTTTCACCTTAAA	407

Eşleşmeyen nükleotid(ler) her iki kromotogram görüntüsü kontrol edilerek eşleşmeyen nükleotid dizi(leri) kromotogram verisine uygun nükleotid ile düzenlenmiştir (Şekil 3.39-40) .



Şekil 3.39. C1 örneğinin primer R ile çoğaltılan PCR sekans ürününün “AAGCTTAAAAAGGAGGTCTTTCACCTTAAA” pozisyonunda bulunan nükleotidlerin sinyal piklerinin kromotogramdaki görüntüsü.



Şekil 3.40. C1 örneğinin primer F ile çoğaltılan PCR sekans ürününün “AAGAGCTTAAAAAGGAGGTCTTTCACCTTAAA” pozisyonunda bulunan nükleotidlerin sinyal piklerinin kromotogramdaki görüntüsü.

Düzenleme sonunda tekrar eşleştirilerek, eşleşen uygun nükleotid dizilimi (333/333) belirlenmiştir (Çizelge 3. 24).

Çizelge 3.24. Düzenlenmiş C1 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 564 bits (305), Expect = 1e-157 Identities = 333/333 (100%), Gaps = 0/333 (0%) Strand=Plus/Plus				
Query	40	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTCTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	99	
Sbjct	77	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTCTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	136	
Query	100	AGACCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	159	
Sbjct	137	AGACCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	196	
Query	160	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAA	219	
Sbjct	197	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAA	256	
Query	220	ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	279	
Sbjct	257	ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	316	
Query	280	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	339	
Sbjct	317	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	376	
Query	340	TTAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTT	372	
Sbjct	377	TTAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTT	409	

C1 örneğine ait nükleotid dizilimi, 333 bç (77-409);

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTCTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTTTGTTTTTGGATTAAAG
GGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAA
AATAACGAACCTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTA
CTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA
GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTT
AAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTT-3'

olarak belirlenmiştir.

3.6.3.2. C2 Örneği

C2 örneğin forward ve reverse primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan ilk Mega eşleştirmesi sonucunda (Çizelge 3. 25) 5 boşluk (%1) ile 357 nükleotidin 349'i eşleşmiştir (% 95).

Çizelge 3.25. C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

		Score = 529 bits (286), Expect = 4e-147 Identities = 349/357 (97%), Gaps = 5/357 (1%) Strand=Plus/Plus		
Query	9	TTTGAGACTGG	ATG AAGAGT AAC CAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAA	TGAATT 65
Sbjct	33	TTTGAGACTGG	ATG AAGAGT AAC CAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAA	TGAATT 92
Query	66	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAACTTT		125
Sbjct	93	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAACTTT		152
Query	126	ATATTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG		185
Sbjct	153	ATATTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG		212
Query	186	CTTCTTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA		245
Sbjct	213	CTTCTTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA		272
Query	246	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT		305
Sbjct	273	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT		332
Query	306	GACCTCGATG	TGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAGCT	AAAAAGGA GGT 360
Sbjct	333	GACCTCGATG	TGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAGCT	AAAAAGGA GGT 389

Eşleşmeyen nükleotid(ler) her iki kromotogram görüntüsü kontrol edilerek eşleşmeyen nükleotid dizi(leri) kromotogram verisine uygun nükleotid ile düzenlenmiştir. Düzenleme sonunda tekrar eşleştirilerek, eşleşen uygun nükleotid dizilimi (355/355) belirlenmiştir (Çizelge 3. 26).

Çizelge 3.26. Düzenlenmiş C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

Score = 575 bits (311), Expect = 6e-161 Identities = 355/355 (100%), Gaps = 0/355 (0%) Strand=Plus/Plus			
Query	9	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	68
Sbjct	33	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	92
Query	69	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	128
Sbjct	93	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	152
Query	129	ATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG	188
Sbjct	153	ATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG	212
Query	189	CTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAA	248
Sbjct	213	CTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAA	272
Query	249	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	308
Sbjct	273	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	332
Query	309	GACCTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGT	363
Sbjct	333	GACCTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGT	387

C2 örneğine ait nükleotid dizilimi, 355 bç (33-387);

5'-

TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAA
GAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAA
GAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTGAATTAAAGGGAAAAAT
ATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACG
AACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGG
ATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA
CCTCGATGTTGAATTAAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGA
GGT-3'

olarak belirlenmiştir.

3.6.3.3. C3 Örneği

C3 örneğın forward ve reverse primerleri ile elde edilen nükleotid dizilimlerinin online BLAST 2 sekans programı kullanılarak yapılan ilk Mega eşleřtirmesi sonucunda (Çizelge 3. 27), 5 boşluk (%1) ile 361 nükleotidin 355'i eşleşmiştir (% 95).

Çizelge 3.27. C2 örneğı PCR sekans ürünlerinin eşleřtirilmesi.

Score = 547 bits (296), Expect = 1e-152 Identities = 355/361 (98%), Gaps = 5/361 (1%) Strand=Plus/Plus	
Query	3 AATTTGAAACTAGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATG 62
Sbjct	32 AATTTGAGACTAGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATG 89
Query	63 AATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAA 122
Sbjct	90 AATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAA 149
Query	123 CTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAAGAAAT 182
Sbjct	150 CTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAAGAAAT 209
Query	183 TAGGCTTTCCTTGAAAAATAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAA 242
Sbjct	210 TAGGCTTTCCTTGAAAAATAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAA 269
Query	243 ATAAGTFACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT 302
Sbjct	270 ATAAGTFACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT 329
Query	303 TTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTGCGCAAAAGCTAAAAAGGAGGTC 362
Sbjct	330 TTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTGCGCAAAAGCTAAAAAGGAGGTC 386
Query	363 T 363
Sbjct	387 T 387

Eşleşmeyen nükleotid(ler) her iki kromotogram görüntüsü kontrol edilerek eşleşmeyen nükleotid dizi(leri) kromotogram verisine uygun nükleotid ile düzenlenmiştir. Düzenleme sonunda tekrar eşleştirilerek, eşleşen uygun nükleotid dizilimi (359/359) belirlenmiştir (Çizelge 3. 28).

Çizelge 3.28. Düzenlenmiş C2 örneği PCR sekans ürünlerinin eşleştirilmesi.

		Score = 582 bits (315), Expect = 3e-163 Identities = 359/359 (100%), Gaps = 0/359 (0%) Strand=Plus/Plus	
Query	3	AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAA	62
Sbjct	32	AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAA	91
Query	63	TTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACT	122
Sbjct	92	TTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACT	151
Query	123	TTATATTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTA	182
Sbjct	152	TTATATTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTA	211
Query	183	GGCTTCTTTGAAAAAATAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAAATTTAAATAGAAAT	242
Sbjct	212	GGCTTCTTTGAAAAAATAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAAATTTAAATAGAAAT	271
Query	243	AAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTT	302
Sbjct	272	AAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTT	331
Query	303	ATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGTCT	361
Sbjct	332	ATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGTCT	390

C 3 örneğine ait nükleotid dizilimi, 359 bç (32-390);

5'-

AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTTAGTTG
AAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGAC
AAGAAGACCCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAA
ATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAAC
GAACCTGTTTTAATACCTAGAAAATTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGG
GATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATG
ACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGG
AGGTCT -3'

olarak belirlenmiştir.

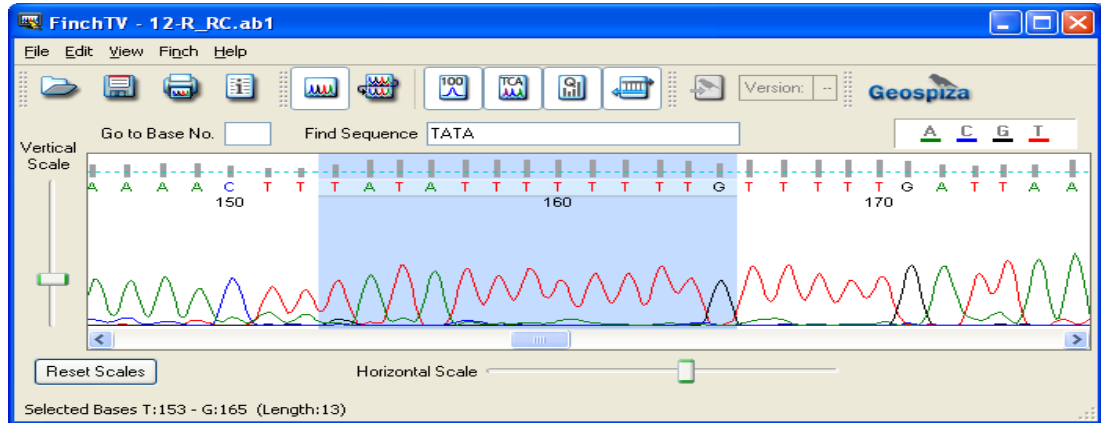
3.6.3.4. Grup İçi Eşleştirme

C1 (333 bç) ile C2 (355 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verileri Mega BLAST 2 sekans programı ile eşleştirilerek ortak nükleotid dizilimi belirlenmiştir. Bu eşleşmede, Çizelge 3.29' de gösterildiği pozisyonda bulunan B1'deki "T" nükleotidine karşılık C2'de "BOŞLUK" karşılık gelmektedir.

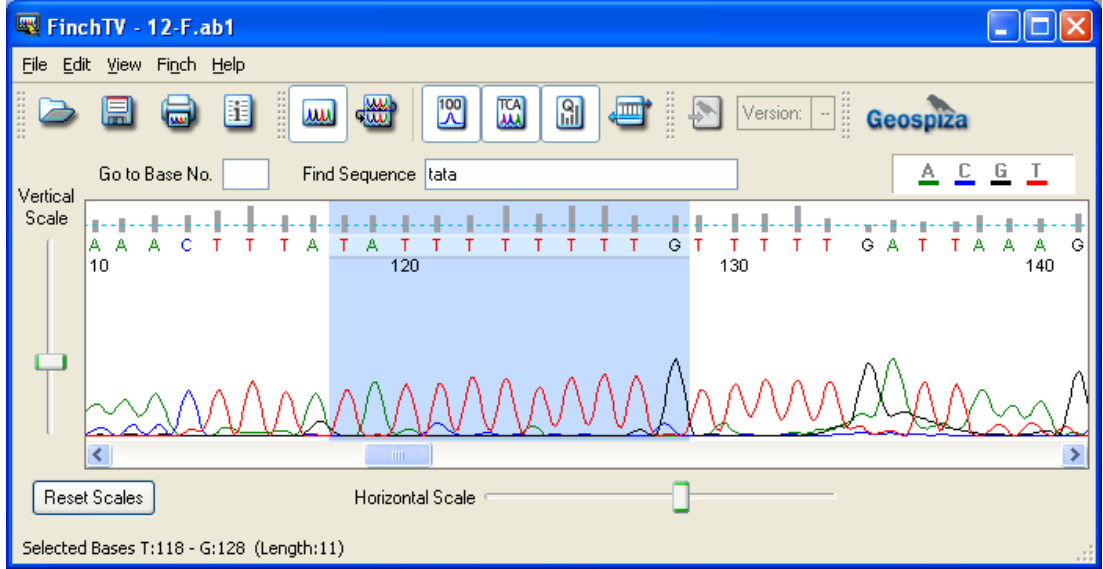
Çizelge 3.29. C1 ile C2 örneklerinin eşleştirilmesi.

C1 ile C2 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 523 bits (283), Expect = 2e-145 Identities = 312/313 (99%), Gaps = 1/313 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	44	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	103		
Query	61	AGACCTATAAAACTTTATA-TTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	120		
Sbjct	104	AGACCTATAAAACTTTATA-TTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	162		
Query	121	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	180		
Sbjct	163	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	222		
Query	181	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	240		
Sbjct	223	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	282		
Query	241	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	300		
Sbjct	283	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	342		
Query	301	TTAAAAAGGAGGT	313		
Sbjct	343	TTAAAAAGGAGGT	355		

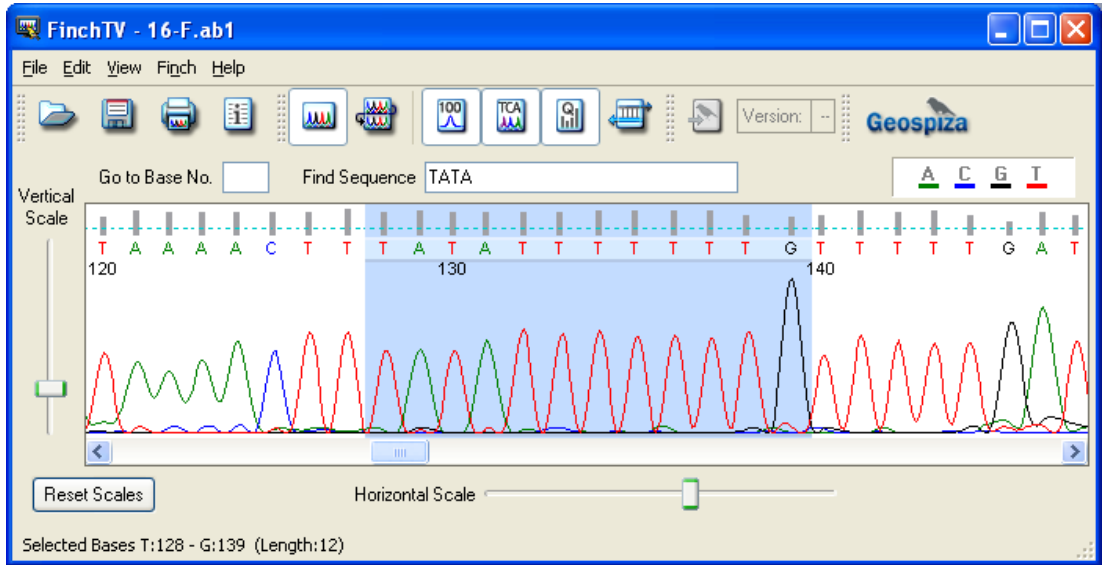
Bu da C1’de “**TATATTTTTTTG**” pozisyonunda 8 adet “**T**” nükleotidine (Şekil 3.41-44) karşılık C2’ de aynı pozisyonda “**TATATTTTTTTG**” yedi adet “**T**” nükleotidinin (Şekil 3.42-44) olmasından kaynaklanmıştır. Örneklere ait nükleotid dizi kromotogram görüntüleri ile nükleotid sinyalleri değerlendirilmiş ve bu farklılık doğrulanmıştır.



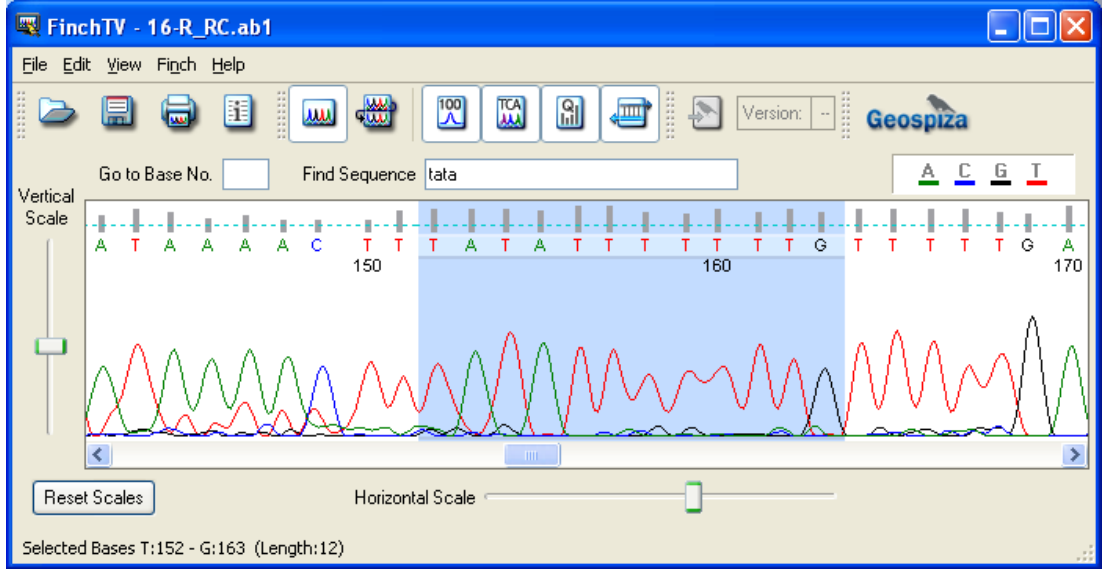
Şekil 3.41. C1 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “**TATATTTTTTTG**” pozisyonunda 8 adet “**T**” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.42. C1 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.43. C2 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTG” pozisyonunda 7 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



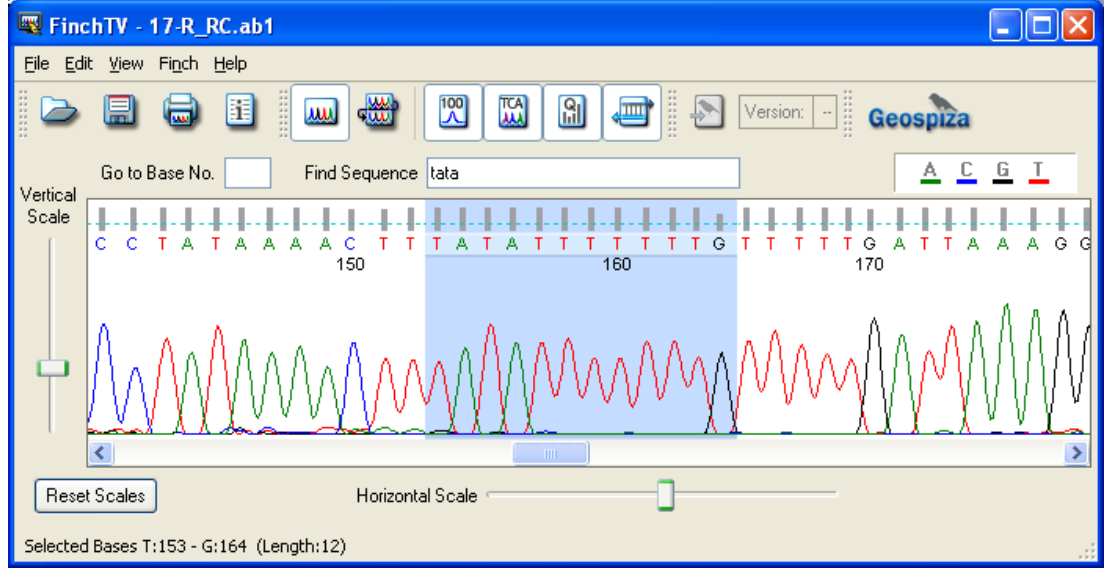
Şekil 3.44. C2 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATA**TTTTTTT**G” pozisyonunda 7 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

C1 (333 bç) ile C3 (359 bç) örneklerine ait elde edilen sekans verilerinin eşleştirilmesinde Çizelge 3.30’da görüldüğü gibi C1 ile C2 örneklerin eşleştirilmesinde farklılık görülen nükleotid dizilimdeki “T” nükleotidinden kaynaklandığı belirlenmiştir.

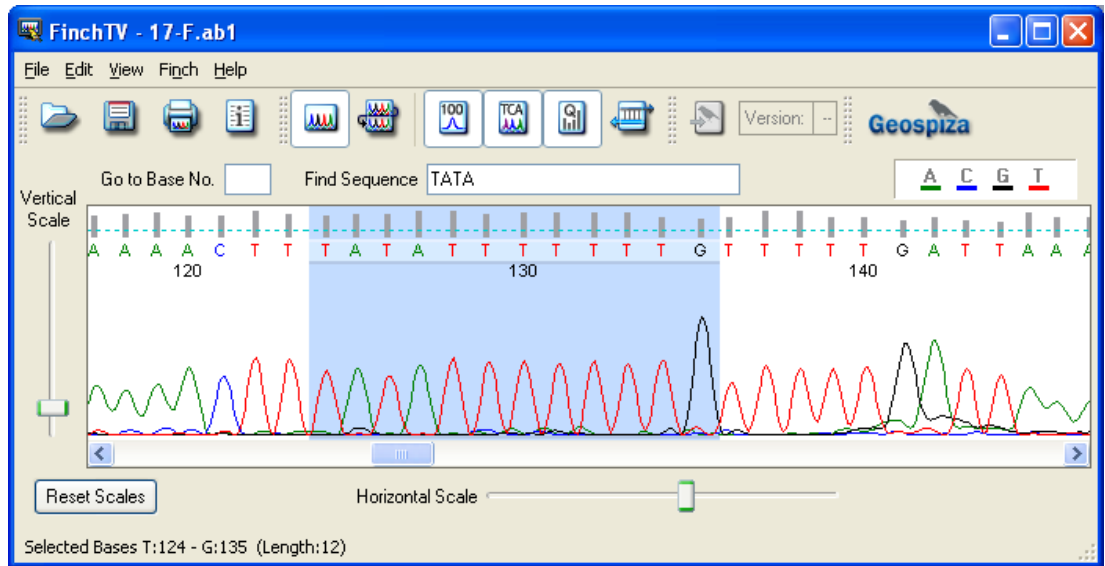
Çizelge 3.30. C1 ile C3 örneklerinin eşleştirilmesi.

C1 ile C3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 527 bits (285), Expect = 1e-146 Identities = 314/315 (99%), Gaps = 1/315 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	46	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	105		
Query	61	AGACCTATAAACTTTATA T TTTTTTGTTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTGG	120		
Sbjct	106	AGACCTATAAACTTTATA T TTTTTTGTTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTGG	164		
Query	121	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAA	180		
Sbjct	165	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAA	224		
Query	181	ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	240		
Sbjct	225	ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	284		
Query	241	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGC	300		
Sbjct	285	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGC	344		
Query	301	TTAAAAGGAGGTCT	315		
Sbjct	345	TTAAAAGGAGGTCT	359		

C3 örneğinde farklılık görülen nükleotid dizimdeki “T” nükleotidi kromotomgramda kontrol edilmiştir (Şekil 3.45-46).



Şekil 3.45. C3 örneği primer R ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.46. C3 örneği primer F ile çoğaltılan PCR ürünündeki “TATATTTTTTTG” pozisyonunda 8 adet “T” nükleotid piklerinin kromotogram görüntüsü.

Diğer taraftan C2 ve C3 örnekleri Çizelge 3.31’de görüldüğü gibi tamamen eşleşmiştir.

Çizelge 3.31. C2 ile C3 örneklerinin eşleştirilmesi.

C2 ile C3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 575 bits (311), Expect = 5e-161 Identities = 355/355 (100%), Gaps = 0/355 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	60		
Sbjct	3	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	62		
Query	61	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	120		
Sbjct	63	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	122		
Query	121	ATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG	180		
Sbjct	123	ATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG	182		
Query	181	CTTTCCTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAA	240		
Sbjct	183	CTTTCCTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAA	242		
Query	241	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	300		
Sbjct	243	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	302		
Query	301	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGT	355		
Sbjct	303	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAGGT	357		

Bu durumda nükleotid dizilimlerinde C1’de “**TATATTTTTTTG**” pozisyonunda 8 adet “**T**” nükleotidine karşılık C2 ve C3’de aynı pozisyonda “**TATATTTTTTTG**” yedi adet “**T**” nükleotid olması ile C grubu örneklerinden iki farklı ortak sekans elde edilmiştir;

C grubuna ait örneklerin eşleştirme verilerine göre C2 ile C3 örneklerine ait ortak nükleotid dizilimi (Çizelge 3. 31).

5’-

TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAA
GAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAA
GAAGACCCTATAAACTTTATA**TTTTTTT**GTTTTTGATTAAGGGAAAAAT
ATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACG
AACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGG
ATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA
CCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGA
GGT – 3’

355 bç olarak belirlenmiştir.

C1 örneğine ait nükleotid dizilimi ;

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATA**T**TTTTTTTTGTTTTTGATTAAAG
GGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAA
AATAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTA
CTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA
GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCTT
AAAAGGAGGTCT-3'

315 bç olarak belirlenmiştir.

C1 örneğine ait nükleotid dizilimi ile C2 ile C3 ortak sekans verisi eşleştirildiğinde Çizelge 3.1 görüldüğü gibi tek farklılık C1 nükleotid dizisinde "**TATA**T**TTTTTTTG**" pozisyonunda bulunan "**T**" nükleotidi ile C2 ve C3 nükleotid dizisinde "**TATA-~~T~~TTTTTTTG**" pozisyonunda bulunan "**-**" nükleotidinden kaynaklanan **ekleme/silinme** baz değişiminden (**T ↔ Ø**) dolayı C grubuna ait iki farklı ortak sekans dizilimi belirlenmiştir.

C1; C2; C3 sekans verisinde;

5'-

AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT
TAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATA**T**TTTTTTTTGTTTTTGATTAAAG
GGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAA
AATAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGTTA
CTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGA
GTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCTT
AAAAGGAGGTCT-3' (315 bç)

ve C2 ile C3 (314 bç) ortak sekans verisinde "**TATA**T**TTTTTTTG**" pozisyonunda bulunan "**T**" sayısından kaynaklanmıştır.

3.6.4. Gruplar Arası Dizi Eşleşmesi

Çalışmada kullanılan gruplardaki örneklere ait nükleotid dizilimlerinin eşleştirilme sonuçları Çizelge 3.32-45’ de verilmiştir.

Gruplar arası yapılan eşleştirme neticesinde görüldüğü gibi tek farklılık A grubu örnekleri ile C1 örneğindeki”**TATATTTTTTTTG**” nükleotid dizi pozisyonunda bulunan “**T**” nükleotid sayısının 8 diğer taraftan B grubu ile C2 ve C3 örneklerinin nükleotid dizisinde “**TATATTTTTTTTG**” **7 adet “T**” nükleotidin olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 3.32. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile B1 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 536 bits (290), Expect = 2e-149 Identities = 319/320 (99%), Gaps = 1/320 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	60	
Sbjct	10	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	69	
Query	61	AAAACFTTATA T	TTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAAATATTACTG	GGGCGGTGAA 120
Sbjct	70	AAAACFTTATA T	TTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAAATATTACTG	GGGCGGTGAA 128
Query	121	GAAATTAGGCTTTC	TTGAAAAAATAACGAACTTGTTT	TAATACCTAGAAATTTTAAAA	180
Sbjct	129	GAAATTAGGCTTTC	TTGAAAAAATAACGAACTTGTTT	TAATACCTAGAAATTTTAAAA	188
Query	181	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTAAT	CACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG	240
Sbjct	189	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTAAT	CACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG	248
Query	241	TGAGTTTATGACCT	CGATGTTGAATTAAATACCTTTG	TGCGCAAAAGCTTAAAAAGG	300
Sbjct	249	TGAGTTTATGACCT	CGATGTTGAATTAAATACCTTTG	TGCGCAAAAGCTTAAAAAGG	308
Query	301	AGGTCGTTCGACCT	TTAAA	320	
Sbjct	309	AGGTCGTTCGACCT	TTAAA	328	

Çizelge 3.33. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile B2 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 527 bits (285), Expect = 1e-146 Identities = 314/315 (99%), Gaps = 1/315 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	2	ATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT	TAGACAAGAAGACCCTATA	61
Sbjct	58	ATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT	TAGACAAGAAGACCCTATA	117
Query	62	AAACTTTATA	TTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATT	ACTGGGGCGGTGAAG	121
Sbjct	118	AAACTTTATA	TTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATT	ACTGGGGCGGTGAAG	176
Query	122	AAATTAGGCTTCTTT	GAAAAAATAAACGAACTTGTTTAATACCT	TAGAAATTTTAAAT	181
Sbjct	177	AAATTAGGCTTCTTT	GAAAAAATAAACGAACTTGTTTAATACCT	TAGAAATTTTAAAT	236
Query	182	AGAAATAAGTFACTTT	TAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAGT	241
Sbjct	237	AGAAATAAGTFACTTT	TAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAGT	296
Query	242	GAGTTTATGACCTCGATGTT	GAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCT	TAAAAAGGA	301
Sbjct	297	GAGTTTATGACCTCGATGTT	GAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCT	TAAAAAGGA	356
Query	302	GGTCTGTTTCGACCTT			316
Sbjct	357	GGTCTGTTTCGACCTT			371

Çizelge 3.34. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile B3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 507 bits (274), Expect = 2e-140 Identities = 303/304 (99%), Gaps = 1/304 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT	TAGACAAGAAGACCCTAT	60
Sbjct	10	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTT	TAGACAAGAAGACCCTAT	69
Query	61	AAACTTTTATA	TTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATT	ACTGGGGCGGTGAA	120
Sbjct	70	AAACTTTTATA	TTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATT	ACTGGGGCGGTGAA	128
Query	121	GAAATTAGGCTTCTTT	GAAAAAATAAACGAACTTGTTTAATACCT	TAGAAATTTTAAAA	180
Sbjct	129	GAAATTAGGCTTCTTT	GAAAAAATAAACGAACTTGTTTAATACCT	TAGAAATTTTAAAA	188
Query	181	TAGAAATAAGTFACTTT	TAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAG	240
Sbjct	189	TAGAAATAAGTFACTTT	TAGGGATAACAGCTTAATTCACCTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAG	248
Query	241	TGAGTTTATGACCTCGATGTT	GAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCT	TAAAAAGG	300
Sbjct	249	TGAGTTTATGACCTCGATGTT	GAATTAATAACCTTTTGTTGCGCAAAGCT	TAAAAAGG	308
Query	301	AGGT			304
Sbjct	309	AGGT			312

Çizelge 3.35. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile C1 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 547 bits (296), Expect = 1e-152 Identities = 324/324 (100%), Gaps = 0/324 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AAGAAGACCCTAT 60
Sbjct	10	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AAGAAGACCCTAT 69
Query	61	AAAAC	TTATATTTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAA	TATTACTGGGGCGGTGAA 120
Sbjct	70	AAAAC	TTATATTTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAA	TATTACTGGGGCGGTGAA 129
Query	121	GAAAT	TAGGCTTCTTTGAAAA	AATAACGAACTTGTTTT	AATACCTAGAAATTTAAAA 180
Sbjct	130	GAAAT	TAGGCTTCTTTGAAAA	AATAACGAACTTGTTTT	AATACCTAGAAATTTAAAA 189
Query	181	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTA	AATCACTTAGAAAGTTCT	AAATGACAAG 240
Sbjct	190	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTA	AATCACTTAGAAAGTTCT	AAATGACAAG 249
Query	241	TGAGTT	TATGACCTCGATGTTGA	AATAAATACCTTTGTT	GCGCAAAAGCTTAAAAAGG 300
Sbjct	250	TGAGTT	TATGACCTCGATGTTGA	AATAAATACCTTTGTT	GCGCAAAAGCTTAAAAAGG 309
Query	301	AGGTCTGTT	CGACCTTAAAAATTT		324
Sbjct	310	AGGTCTGTT	CGACCTTAAAAATTT		333

Çizelge 3.36. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile C2 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ						
Score = 507 bits (274), Expect = 2e-140 Identities = 303/304 (99%), Gaps = 1/304 (0%) Strand=Plus/Plus						
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AAGAAGACCCTAT 60	
Sbjct	53	AATGAATTTTACTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AAGAAGACCCTAT 112	
Query	61	AAAAC	TTTATA	TTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAA	TATTACTGGGGCGGTGAA 120
Sbjct	113	AAAAC	TTTATA	TTTTTTTGT	TTTTGATTAAGGGAAAA	TATTACTGGGGCGGTGAA 171
Query	121	GAAAT	TAGGCTTCTTTGAAAA	AATAACGAACTTGTTTT	AATACCTAGAAATTTAAAA 180	
Sbjct	172	GAAAT	TAGGCTTCTTTGAAAA	AATAACGAACTTGTTTT	AATACCTAGAAATTTAAAA 231	
Query	181	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTA	AATCACTTAGAAAGTTCT	AAATGACAAG 240	
Sbjct	232	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTTA	AATCACTTAGAAAGTTCT	AAATGACAAG 291	
Query	241	TGAGTT	TATGACCTCGATGTTGA	AATAAATACCTTTGTT	GCGCAAAAGCTTAAAAAGG 300	
Sbjct	292	TGAGTT	TATGACCTCGATGTTGA	AATAAATACCTTTGTT	GCGCAAAAGCTTAAAAAGG 351	
Query	301	AGGT			304	
Sbjct	352	AGGT			355	

Çizelge 3.37. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A1 ile C3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 510 bits (276), Expect = 1e-141 Identities = 305/306 (99%), Gaps = 1/306 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AGAAGACCCTAT 60
Sbjct	55	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAA	AATACATCTTTTAGACA	AGAAGACCCTAT 114
Query	61	AAAAC	TTTATA	TTTTTTGTTTTGATTA	AAGGGAAAAATATTAC
Sbjct	115	AAAAC	TTTATA	TTTTTTGTTTTGATTA	AAGGGAAAAATATTAC
Query	121	GAAATTAGGCTTTCT	TTGAAAAATAAACGAA	CTTGTTTTAATACCTA	GAAATTTTAAAA 180
Sbjct	174	GAAATTAGGCTTTCT	TTGAAAAATAAACGAA	CTTGTTTTAATACCTA	GAAATTTTAAAA 233
Query	181	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTT	AAATCACTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAG 240
Sbjct	234	TAGAAATAAGTTACT	TTAGGGATAACAGCTT	AAATCACTTAGAAAGT	TCTAATTGACAAG 293
Query	241	TGAGTTTATGACCTC	GATGTTGAATTA	AAAATACCTTTGTTG	CGCAAAAGCTTAAA
Sbjct	294	TGAGTTTATGACCTC	GATGTTGAATTA	AAAATACCTTTGTTG	CGCAAAAGCTTAAA
Query	301	AGGTCT			306
Sbjct	354	AGGTCT			359

Çizelge 3.38. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A2 ile B2 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 512 bits (277), Expect = 4e-142 Identities = 306/307 (99%), Gaps = 1/307 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	41	AGTTGAAGAAATGAAT	TTTACTTTTTAGTAAA	AAAGGCTAAAATACAT	CTTTTAGACAAGA 100
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAAT	TTTACTTTTTAGTAAA	AAAGGCTAAAATACAT	CTTTTAGACAAGA 60
Query	101	AGACCCTATAAAAC	TTTATA	TTTTTTGTTTTT	GATTAAGGGAAAAAT
Sbjct	61	AGACCCTATAAAAC	TTTATA	TTTTTTGTTTTT	GATTAAGGGAAAAAT
Query	161	GGCGGTGAAGAAAT	TAGGCTTTCTTTG	AAAAATAAACGAACT	TGTTTTAATACCTA
Sbjct	120	GGCGGTGAAGAAAT	TAGGCTTTCTTTG	AAAAATAAACGAACT	TGTTTTAATACCTA
Query	221	ATTTTAAAATAGAA	ATAAGTTACTTTA	GGGATAACAGCTT	AAATCACTTAGAA
Sbjct	180	ATTTTAAAATAGAA	ATAAGTTACTTTA	GGGATAACAGCTT	AAATCACTTAGAA
Query	281	ATTGACAAGTGAGT	TTATGACCTCGAT	GTTGAATTA	AAAATACCTTTT
Sbjct	240	ATTGACAAGTGAGT	TTATGACCTCGAT	GTTGAATTA	AAAATACCTTTT
Query	341	TTAAAAA			347
Sbjct	300	TTAAAAA			306

Çizelge 3.39. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A2 ile B3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 512 bits (277), Expect = 4e-142 Identities = 306/307 (99%), Gaps = 1/307 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	41	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	100		
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Query	101	AGACCCTATAAACTTTATA TTTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	160		
Sbjct	61	AGACCCTATAAACTTTATA TTTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	119		
Query	161	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	220		
Sbjct	120	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	179		
Query	221	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	280		
Sbjct	180	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	239		
Query	281	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	340		
Sbjct	240	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	299		
Query	341	TTAAAAA	347		
Sbjct	300	TTAAAAA	306		

Çizelge 3.40. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A2 ile C1 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 516 bits (279), Expect = 3e-143 Identities = 307/307 (100%), Gaps = 0/307 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	41	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	100		
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Query	101	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	160		
Sbjct	61	AGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTTGTTTTGGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	120		
Query	161	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	220		
Sbjct	121	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTAAATACCTAGAA	180		
Query	221	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	280		
Sbjct	181	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACTTAGAAAGTTCTA	240		
Query	281	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	340		
Sbjct	241	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC	300		
Query	341	TTAAAAA	347		
Sbjct	301	TTAAAAA	307		

Çizelge 3.41. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

A2 ile C2 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 553 bits (299), Expect = 2e-154 Identities = 346/347 (99%), Gaps = 1/347 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	60		
Sbjct	4	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	63		
Query	61	CTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTTATA	120		
Sbjct	64	CTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTTATA	123		
Query	121	TTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT	180		
Sbjct	124	TTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT	182		
Query	181	TTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGT	240		
Sbjct	183	TTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGT	242		
Query	241	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA	300		
Sbjct	243	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA	302		
Query	301	CCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	347		
Sbjct	303	CCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	349		

Çizelge 3.42. Gruplar arası dizi eşleşmesi.

B2 ile C3 ÖRNEKLERİ SEKANS VERİLERİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 553 bits (299), Expect = 2e-154 Identities = 346/347 (99%), Gaps = 1/347 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	60		
Sbjct	6	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	65		
Query	61	CTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTTATA	120		
Sbjct	66	CTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTTATA	125		
Query	121	TTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT	180		
Sbjct	126	TTTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT	184		
Query	181	TTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGT	240		
Sbjct	185	TTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAATAGAAATAAGT	244		
Query	241	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA	300		
Sbjct	245	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA	304		
Query	301	CCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	347		
Sbjct	305	CCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	351		

Bu nedenle, çalışmada kullanılan örnekler her ne kadar morfolojik olarak renk varyetelerine göre üç gruba ayrılmış olsalarda genetik

karakterizasyonları yapılan grublardaki örneklerin bir adet “T” nükleotidinin varlığı/yokluğundan dolayı iki genetik gruba ayrıldığı görülmüştür.

Bu durumda gruplara ait ortak sekans verileninin eşleştirilmesinde de; A grubu örnekleri (Çizelge 3.41) ile C1 örneğinin (Çizelge 3.43) bir genetik grubu, B grubu örnekleri ile C2-3 örneklerinin (Çizelge 3.44) de diğer bir genetik grubu temsil ettikleri doğrulanmıştır (Çizelge 3.46) .

Çizelge 3.43. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.

A VE B GRUBLARININ ORTAK NÜKLEOTİD DİZİSİ					
Score = 496 bits (268), Expect = 3e-137 Identities = 297/298 (99%), Gaps = 1/298 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT			60
Sbjct	10	AATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT			69
Query	61	AAACTTTATA TTTTTTGT TTTT GATTAAAGGGAAAAATATTACTG GGGCGGTGAA			120
Sbjct	70	AAACTTTATA TTTTTTGT TTTT GATTAAAGGGAAAAATATTACTG GGGCGGTGAA			128
Query	121	GAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAATTTTAAAA			180
Sbjct	129	GAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTAAATACCTAGAAATTTTAAAA			188
Query	181	TAGAAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAG			240
Sbjct	189	TAGAAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAG			248
Query	241	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAA			298
Sbjct	249	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAATACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAA			306

Çizelge 3.44. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.

A VE C 2-3 GRUBLARININ ORTAK NÜKLEOTİD DİZİSİ					
Score = 496 bits (268), Expect = 3e-137 Identities = 297/298 (99%), Gaps = 1/298 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	60	
Sbjct	53	AATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	112	
Query	61	AAAAC	TTTATA	TTTTTTT	TGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAA
Sbjct	113	AAAAC	TTTATA	TTTTTTT	TGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAA
Query	121	GAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA	180		
Sbjct	172	GAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA	231		
Query	181	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATGACAAG	240		
Sbjct	232	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATGACAAG	291		
Query	241	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	298		
Sbjct	292	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCTTAAAAA	349		

Çizelge 3.45. Gruplar arası ortak dizi eşleşmesi.

B VE C2-3 GRUBLARININ ORTAK NÜKLEOTİD DİZİSİ					
Score = 529 bits (286), Expect = 3e-147 Identities = 312/312 (100%), Gaps = 0/312 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60	
Sbjct	44	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTT	TTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	103	
Query	61	AGACCTATAAACTTTATA	TTTTTTT	GTTTTT	TGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGG
Sbjct	104	AGACCTATAAACTTTATA	TTTTTTT	GTTTTT	TGATTAAAGGGAAAAATATTACTGGG
Query	121	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	180		
Sbjct	164	GCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAA	223		
Query	181	TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA	240		
Sbjct	224	TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA	283		
Query	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCT	300		
Sbjct	284	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCT	343		
Query	301	TAAAAAGGAGGT	312		
Sbjct	344	TAAAAAGGAGGT	355		

Bu çalışmada C1 (314 bç) ortak nükleotid dizi uzunluğu A grubu ortak nükleotid dizi uzunluğundan (298 bç) fazla olması nedeniyle, C1 örneği birinci genetik grup (G1), diğer taraftan nükleotid dizi uzunluğu 315 bç (B: 312 bç)

olan C2-3 nükleotid dizisi ikinci genetik (G2) grup olarak tanımlanmıştır (Çizelge 3.46).

Çizelge 3.46. G1 (C1) ve G2 (C2-3) genetik gruplarının nükleotid dizileri içerisinde A (**kırmızı**) ve B (**mavi**) gruplarının ortak nükleotid dizisinin konumu.

GENETİK GRUP	NÜKLEOTİD DİZİSİ	UZUNLUK (bc)
G1 (C1)	AGTTGAAGA AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGC TAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAA CTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATA TTACTGTTGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTG AAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATT TTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTT AATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTA TGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTGCGC AAAAGCTTAAAAAGGAGGTCT	314
G2 (C2-3)	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGC TAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAAA CTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGGGAAAAATAT TACTGTTGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGA AAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATT TAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTA ATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTGCGCA AAAGCTTAAAAAGGAGGTCT	315

3.6.5. *Androctonus crassicauda*'nın (Gen Bank Acc. Number AJ277598) Nükleotid Dizisi ile Eşleştirme

Bu çalışmada örneklerden elde edilen nükleotid dizileri ile GenBank'da *A. crassicauda*'ya ait sekans verisi (Çizelge 3.47) ile eşleştirilmiştir.

Çizelge 3.47. *Androctonus crassicauda*'nın nükleotid dizisi.

<i>Androctonus crassicauda</i> (Gen Bank Acc. AJ277598) SEKANS VERİSİ		
1	AAAGGTCGAACAGACTCCTTTTTAAGCTTTTGCACAACAAAAGGTATTTTAATTCAACAT	60
61	CGAGGTCATAAACTCACTTGTCAATTAGAACTTTCTAAGTGAATTAAGCTGTTATCCCTA	120
121	AAGTAACTTATTTCTATTTTAAAAATTTCTAGGTATTAACAGGTTTCGTTTATTTTTC	180
181	AAGAAAGTCTAATTTCTTCACCGCCCGAGTGAATATTTTCCCTTTAATTAACAAA	240
241	AAATATAAAGTTTTATAGGGTCTTCTGTCTAAAAGATGTATTTTAGCCTTTTACTAA	300
301	AAAGTAAATTCATTTCTTCAACTAAAAAATCCTCCTGGTTTACTCTTTCATTCAG	360
361	TCTCAAATTAAGACTAATGATTATGCTACCTTTGG	397

Eşleştirme sonucunda tespit edilen nükleotid eksilmesi (deletion), ilave edilmesi (insertion) veya dönüşümleri (substitution) gibi genetik varyasyonlar, örneklere ait kromotogram görüntülerinden nükleotid(ler)in pikleri değerlendirilerek, genetik varyasyon(lar) doğrulama işlemi yapılmıştır.

Eşleştirme neticesinde, beş nükleotidde genetik varyasyon tespit edilmiştir. A1 (Çizelge 3. 48), A2 (Çizelge 3.49) ve C1 (Çizelge 3.50) örneklerine ait nükleotid dizisinde "TATA**T**TTTTTTTG" pozisyonunda bulunan "T" nükleotidi ile *A.crassicauda*'nın nükleotid dizisinde "TATA-**TTTTTTTG**" "-" pozisyonunda bulunan nükleotiden kaynaklanan **ilave/eksilme (T ↔ Ø)** tespit edilmiştir.

Çizelge 3.48. A1 (Query) ile *A. crassicauda*'nın (Sbjct) nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

A1 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 508 bits (275), Expect = 5e-141 Identities = 312/317(98%), Gaps = 2/317 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	AATGAATTTTACTTTT	AGCTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	60	
Sbjct	315	AATGAATTTTACTTTT	AGCTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTAT	256	
Query	61	AAAAC	TTTATA-TTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAA	120	
Sbjct	255	AAAAC	TTTATA-TTTTTTTGTTTTAATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAA	197	
Query	121	GAAATTAG	CTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA	180	
Sbjct	196	GAAATTAGACTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAA		137	
Query	181	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG		240	
Sbjct	136	TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAG		77	
Query	241	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAAGG		300	
Sbjct	76	TGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAAGG		17	
Query	301	AGCTCTGTTTCGACCTTT		317	
Sbjct	16	AG-TCTGTTTCGACCTTT		1	

Çizelge 3.49. A2 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

A2 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 536 bits (290), Expect = 2e-149 Identities = 343/347(98%), Gaps = 1/347 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAAC	CAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	60	
Sbjct	364	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAAC	CAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATTTTA	305	
Query	61	CTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATA	120	
Sbjct	304	CTTTT	TAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATA	245	
Query	121	TTTTTTT	GTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGCT	180	
Sbjct	244	TTTTTTT	GTTTTTTGTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGCT	186	
Query	181	TTCTTTGAAAAAATAAACGAAC	TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAAGT	240	
Sbjct	185	TTCTTTGAAAAAATAAACGAAC	TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAAGT	126	
Query	241	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA		300	
Sbjct	125	TACTTTAGGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGA		66	
Query	301	CCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAA		347	
Sbjct	65	CCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAA		19	

Çizelge 3.50. C1 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

C1 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ	
Score = 525 bits (284), Expect = 5e-146 Identities = 321/326(98%), Gaps = 2/326 (0%) Strand=Plus/Minus	
Query	1 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 60
Sbjct	324 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 265
Query	61 AGACCTATAAACTTTATAATTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG 120
Sbjct	264 AGACCTATAAACTTTATAATTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG 206
Query	121 GGCGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAA 180
Sbjct	205 GGCGTGAAGAAATTAGACTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAA 146
Query	181 ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA 240
Sbjct	145 ATTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA 86
Query	241 ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC 300
Sbjct	85 ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGC 26
Query	301 TTAAAAGGAGCTCTGTTTCGACCTTT 326
Sbjct	25 TTAAAAGGAGCTCTGTTTCGACCTTT 1

Çizelge 3.51. B1 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

B1 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ	
Score = 529 bits (286), Expect = 3e-147 Identities = 321/325(98%), Gaps = 1/325 (0%) Strand=Plus/Minus	
Query	1 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 60
Sbjct	324 AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA 265
Query	61 AGACCTATAAACTTTATAATTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG 120
Sbjct	264 AGACCTATAAACTTTATAATTTTTTGTTTTTGATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGG 205
Query	121 GCGGTGAAGAAATTAGGCTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAA 180
Sbjct	204 GCGGTGAAGAAATTAGACTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAA 145
Query	181 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA 240
Sbjct	144 TTTTAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAA 85
Query	241 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCT 300
Sbjct	84 TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCGAAAAGCT 25
Query	301 TAAAAGGAGCTCTGTTTCGACCTTT 325
Sbjct	24 TAAAAGGAGCTCTGTTTCGACCTTT 1

Çizelge 3.52. B2 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

B2 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 569 bits (308), Expect = 2e-159 Identities = 365/371(98%), Gaps = 1/371 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	TTAATTGAGACTGGAATGAAATAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATG	60		
Sbjct	371	TTAATTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATG	312		
Query	61	AATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAAGACCTATAAAA	120		
Sbjct	311	AATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTAGACAAGAAGACCTATAAAA	252		
Query	121	CTTTATATTTTTTTGTTTTTATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAAGAAAT	180		
Sbjct	251	CTTTATATTTTTTTGTTTTTATTAAAGGGAAAAATATTACTGGGGCGGTGAAGAAAT	192		
Query	181	TAGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAATAGAA	240		
Sbjct	191	TAGACTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAATAGAA	132		
Query	241	ATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT	300		
Sbjct	131	ATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGT	72		
Query	301	TTATGACCTCGATGTTGAATTAAATACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAAGGAGGTC	360		
Sbjct	71	TTATGACCTCGATGTTGAATTAAATACCTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAAGGAGGTC	13		
Query	361	TGTTTCGACCT	371		
Sbjct	12	TGTTTCGACCT	2		

Çizelge 3.53. B3 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

B3 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 508 bits (275), Expect = 4e-141 Identities = 307/310(99%), Gaps = 0/310 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	324	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGA	265		
Query	61	AGACCTATAAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTATTAAAGGGAAAAATATTACTGGG	120		
Sbjct	264	AGACCTATAAAACTTTATATTTTTTTGTTTTTATTAAAGGGAAAAATATTACTGGG	205		
Query	121	GCGGTGAAGAAATTAGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAA	180		
Sbjct	204	GCGGTGAAGAAATTAGCTTTCTTTGAAAAAATAAACGAACCTGTTTTAATACCTAGAAA	145		
Query	181	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAA	240		
Sbjct	144	TTTTAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGATAACAGCTTAATCACTTAGAAAGTTCTAA	85		
Query	241	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAATACCTTTTGTGCGCAAAAGCT	300		
Sbjct	84	TTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAAATACCTTTTGTGCGCAAAAGCT	25		
Query	301	TAAAAAGGAG	310		
Sbjct	24	TAAAAAGGAG	15		

Çizelge 3.54. C2 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

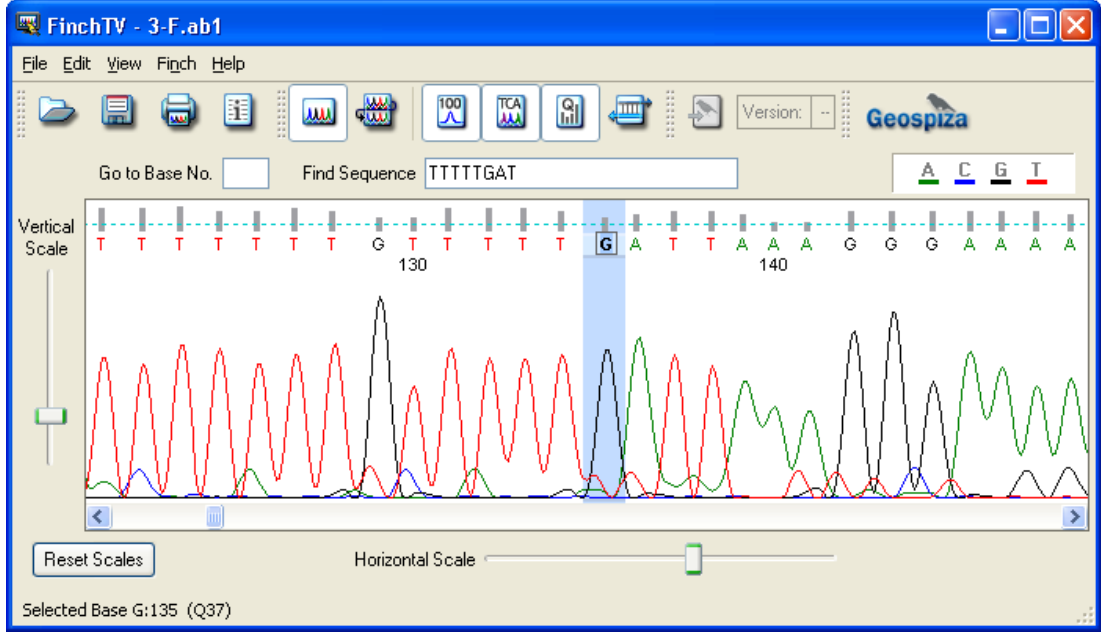
C2 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 555 bits (300), Expect = 6e-155 Identities = 350/353(99%), Gaps = 0/353 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	60		
Sbjct	367	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	308		
Query	61	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTT	120		
Sbjct	307	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACTTT	248		
Query	121	ATATTTTTTTGTTTTT G ATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAG G	180		
Sbjct	247	ATATTTTTTTGTTTTT A ATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAG A	188		
Query	181	CTTCTTTGAAAAATAAACGAAC T TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA	240		
Sbjct	187	CTTCTTTGAAAAATAAACGAAC C TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA	128		
Query	241	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	300		
Sbjct	127	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	68		
Query	301	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAG	353		
Sbjct	67	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAG	15		

Çizelge 3.55. C3 ile *A. crassicauda*'nın nükleotid dizisinin eşleştirilmesi.

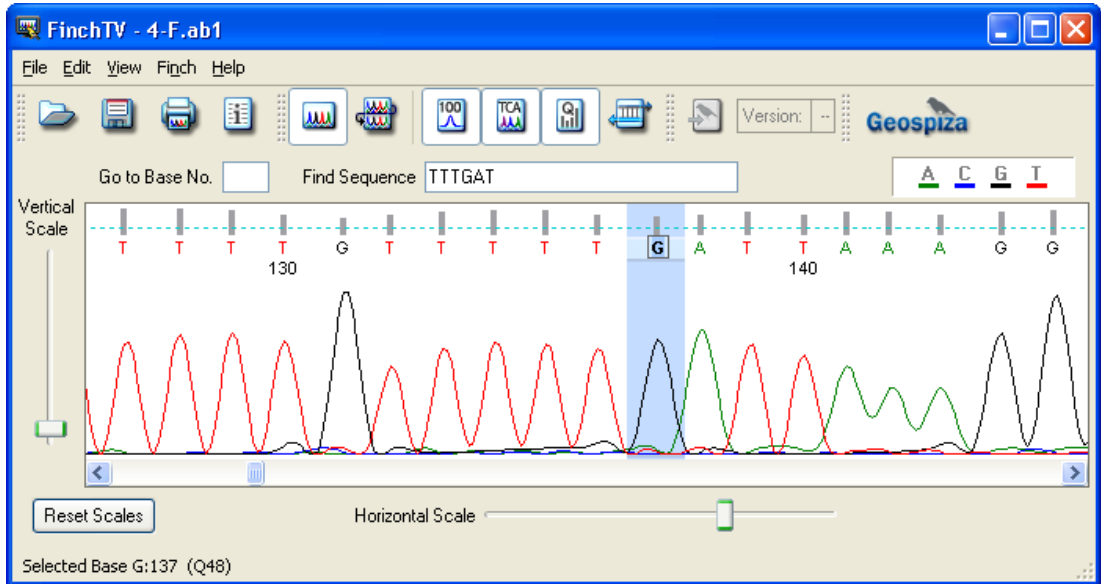
C3 İLE AJ277598 SEKANS VERİSİNİN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 558 bits (302), Expect = 5e-156 Identities = 355/359(98%), Gaps = 1/359 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAA	60		
Sbjct	369	AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAA	310		
Query	61	TTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACT	120		
Sbjct	309	TTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCCTATAAACT	250		
Query	121	TTATATTTTTTTGTTTTT G ATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTA	180		
Sbjct	249	TTATATTTTTTTGTTTTT A ATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTA	190		
Query	181	G GCTTCTTTGAAAAATAAACGAAC T TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAAT	240		
Sbjct	189	G ACTTCTTTGAAAAATAAACGAAC C TGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAAT	130		
Query	241	AAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTT	300		
Sbjct	129	AAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTT	70		
Query	301	ATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAG G TCT	359		
Sbjct	69	ATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAGCTTAAAAAGGAG T TCT	12		

Örneklerin nükleotid dizilerinde “TT**G**AT” pozisyonlarında bulunan “G → A” ya da “TT**A**AT” pozisyonunda *A. crassicauda* nükleotid dizisindeki “A → G”

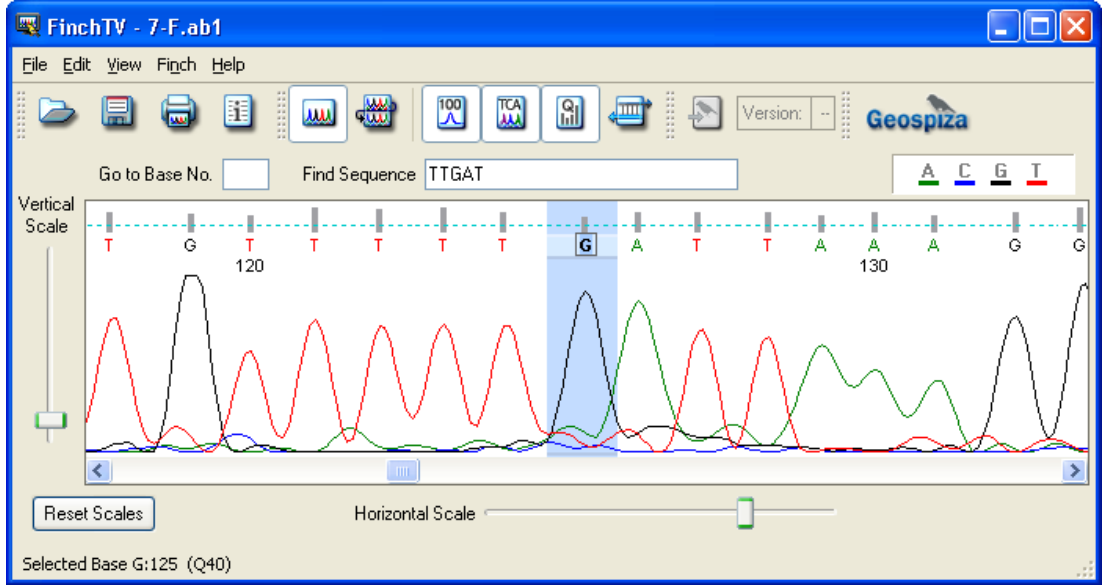
nükleotid dönüşümleri (substitution) tespit edilmiş (Çizelge 3.47) ve A1(Şekil 3.47), A2 (Şekil 3.48), B1 (Şekil 3.49) B2 (Şekil 3.50), B3 (Şekil 3.51) C1, (Şekil 3.52), C2 (Şekil 3.53), C3 (Şekil 3.54) kromotogram görüntüleri ile bu genetik varyasyon doğrulanmıştır.



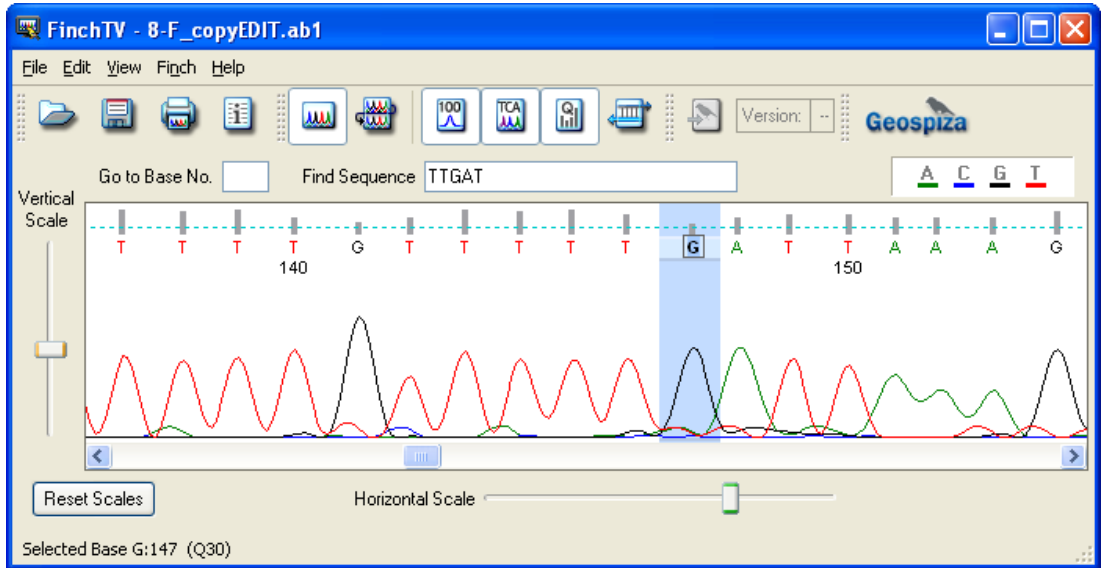
Şekil 3.47. A1 örneğinin “TT**G**AT” nükleotid dizisinde 135. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



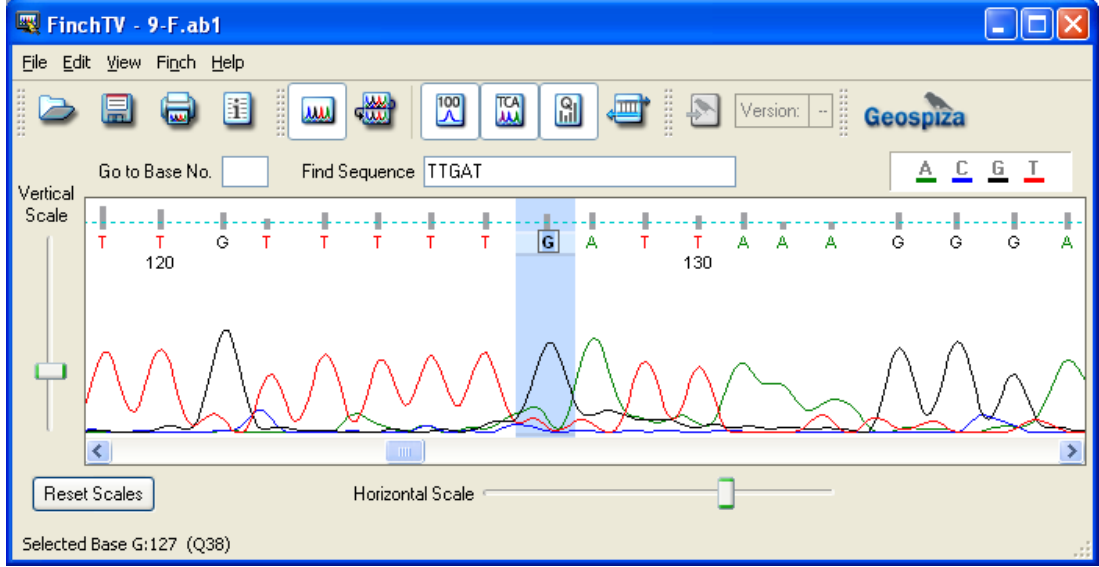
Şekil 3.48. A2 örneğinin “TT**G**AT” nükleotid dizisinde 137. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



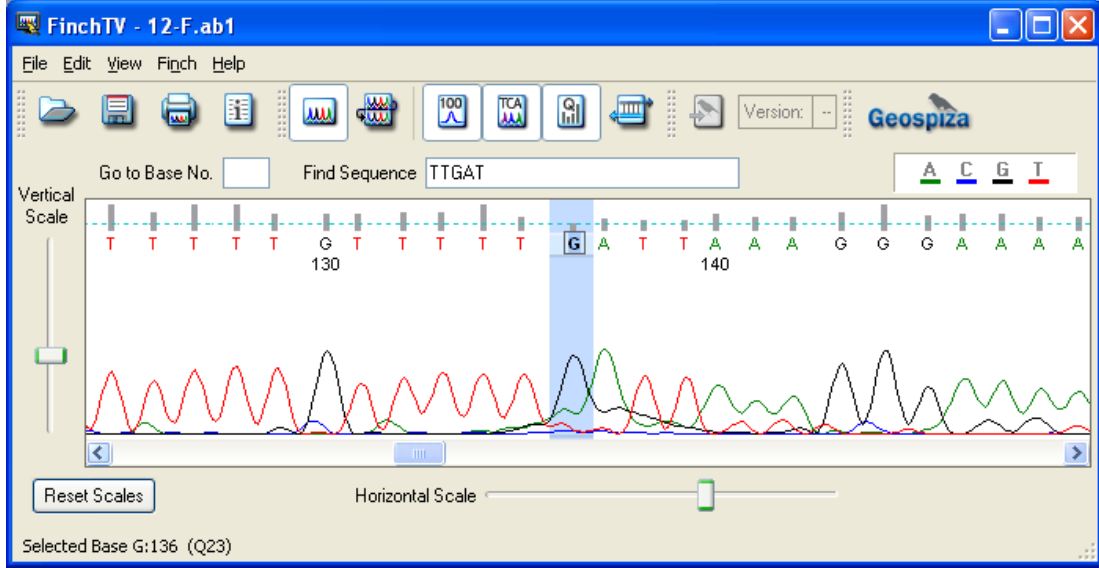
Şekil 3.49. B1 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 125. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



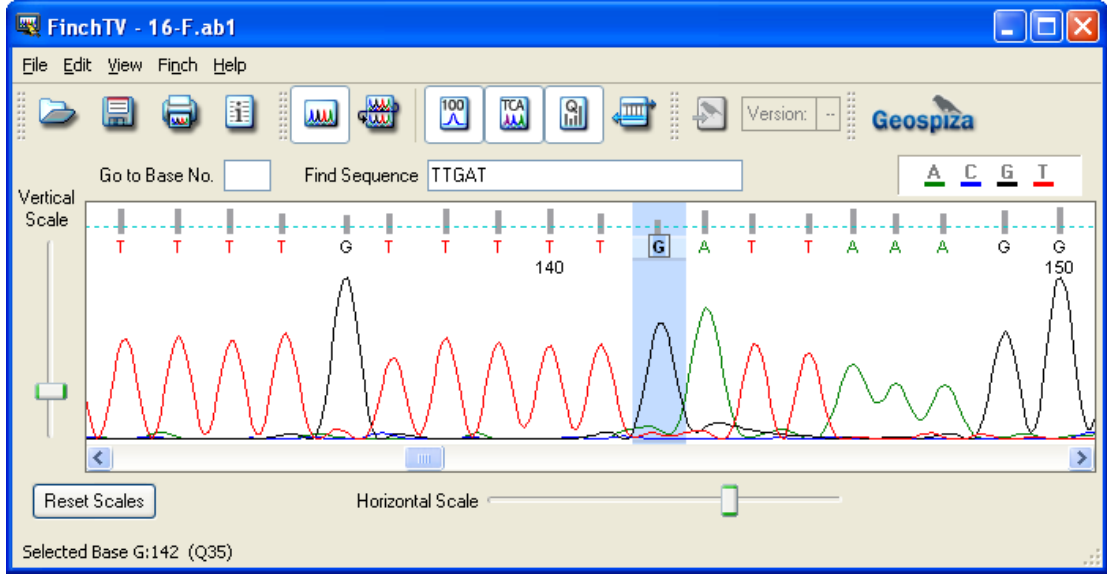
Şekil 3.50. B2 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 147. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



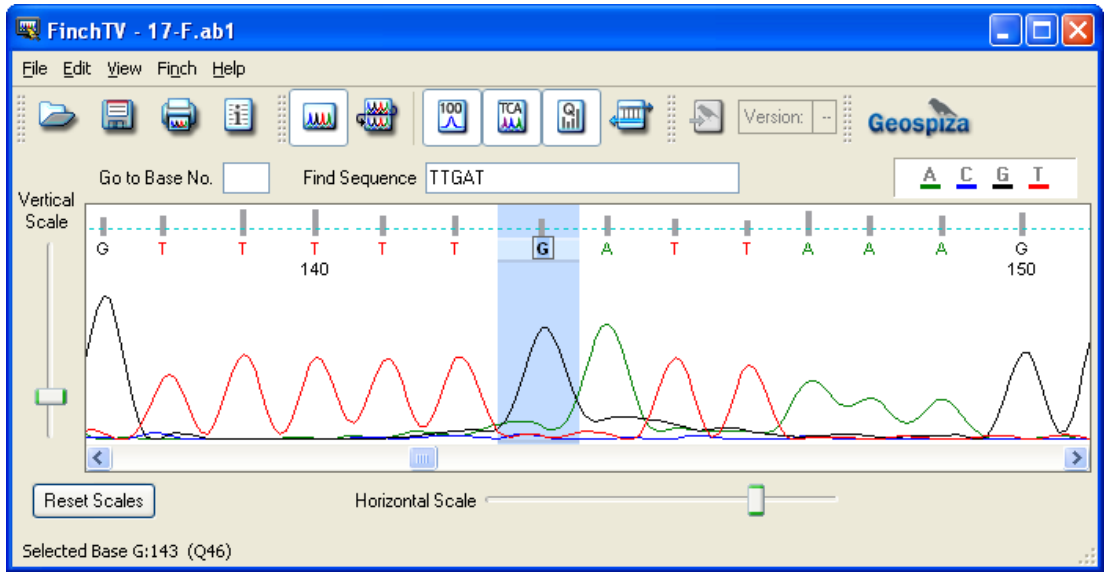
Şekil 3.51. B3 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 127. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.52. C1 örneğinin “TTGAT” nükleotid dizisinde 136. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



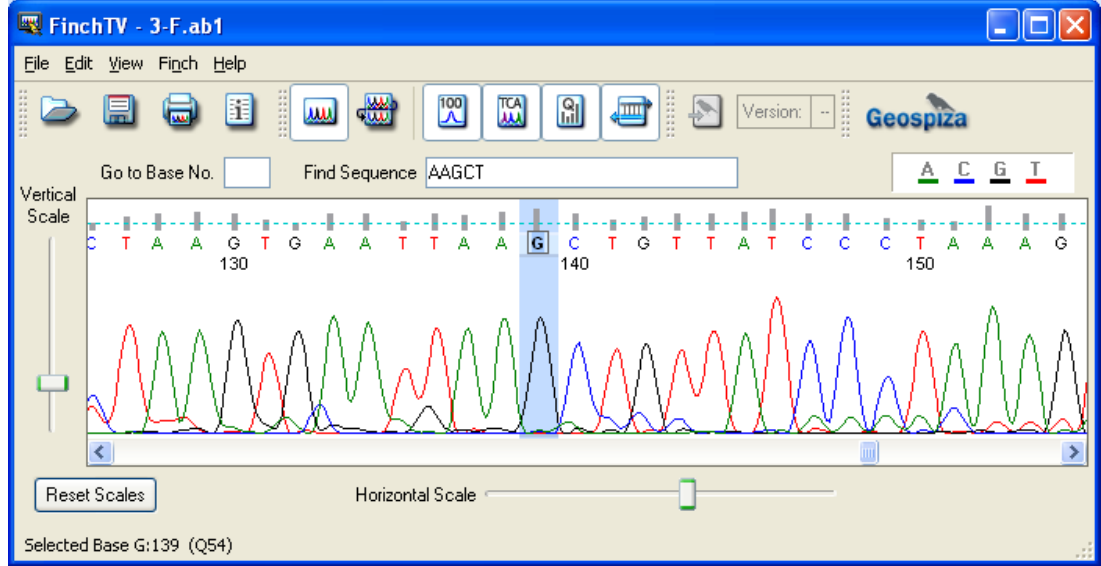
Şekil 3.53. C2 örneğinin “TT**G**AT” nükleotid dizisinde 142. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



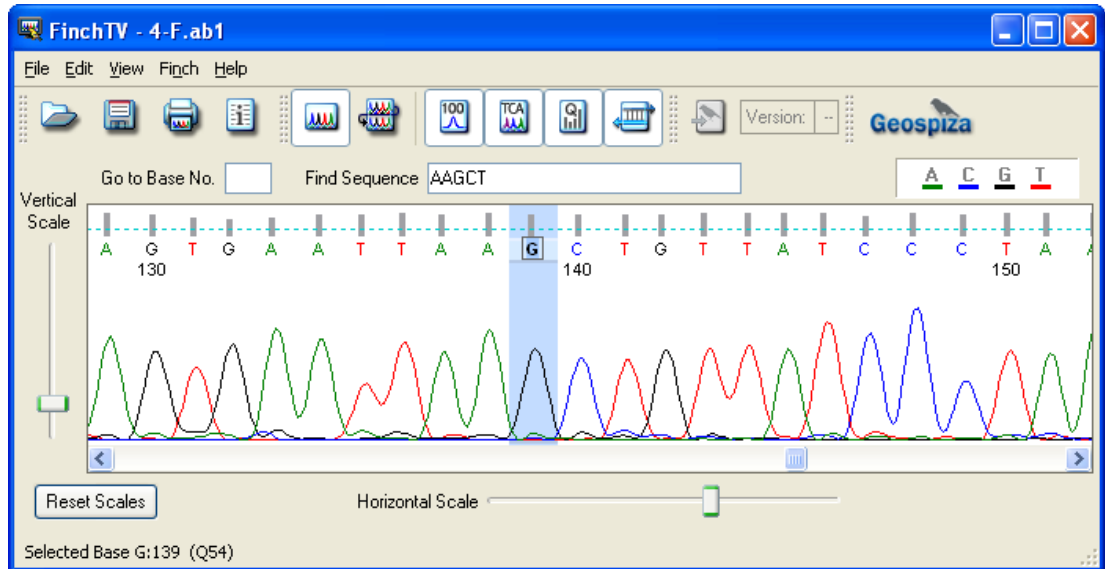
Şekil 3.54. C3 örneğinin “TT**G**AT” nükleotid dizisinde 143. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

Ayrıca, A1, A2, B1, B2, B3, C1, C2 ve C3 örneklerinin nükleotid dizilerinde; “AG**G**CT” nükleotid pozisyonun da bulunan “G” ile “G → A”, A. *crassicauda* “AG**A**CT” nükleotid dizisinde “A → G” nükleotid dönüşümlerin olduğu, bu genetik varyasyonlar A1(Şekil 3.55), A2 (Şekil 3.56), B1 (Şekil

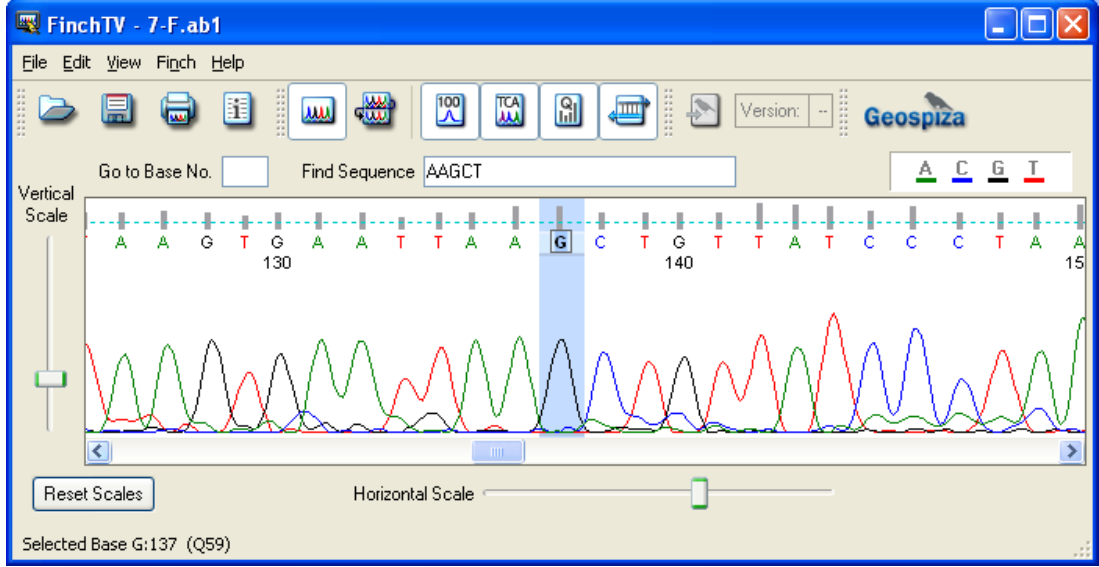
3.57) B2 (Şekil 3.58), B3 (Şekil 3.59) C1, (Şekil 3.60), C2 (Şekil 3.61), C3 (Şekil 3.62) kromotogram görüntüleri ile de doğrulanmıştır.



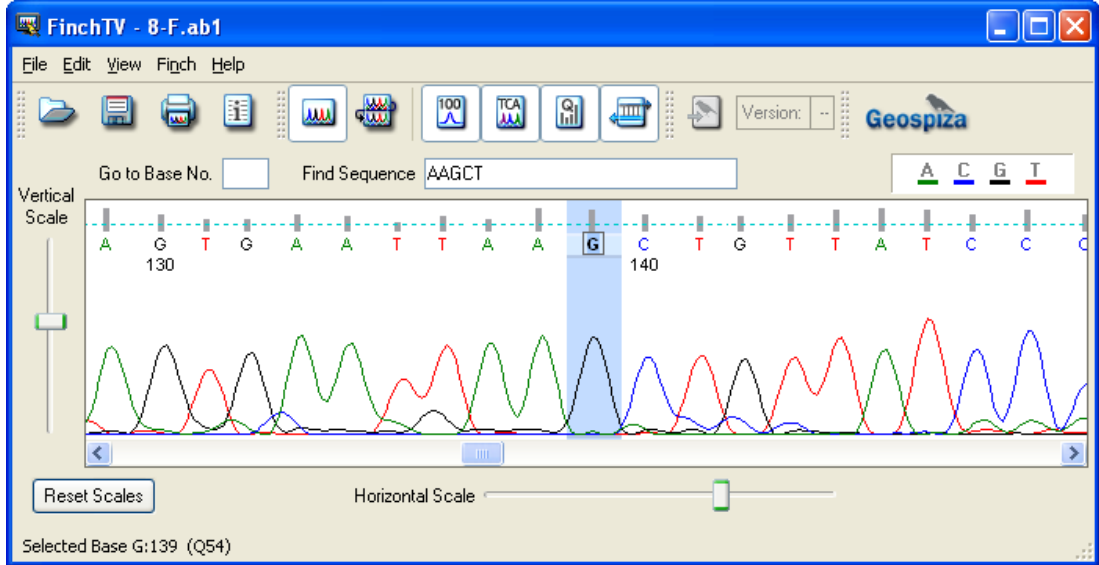
Şekil 3.55. A1 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



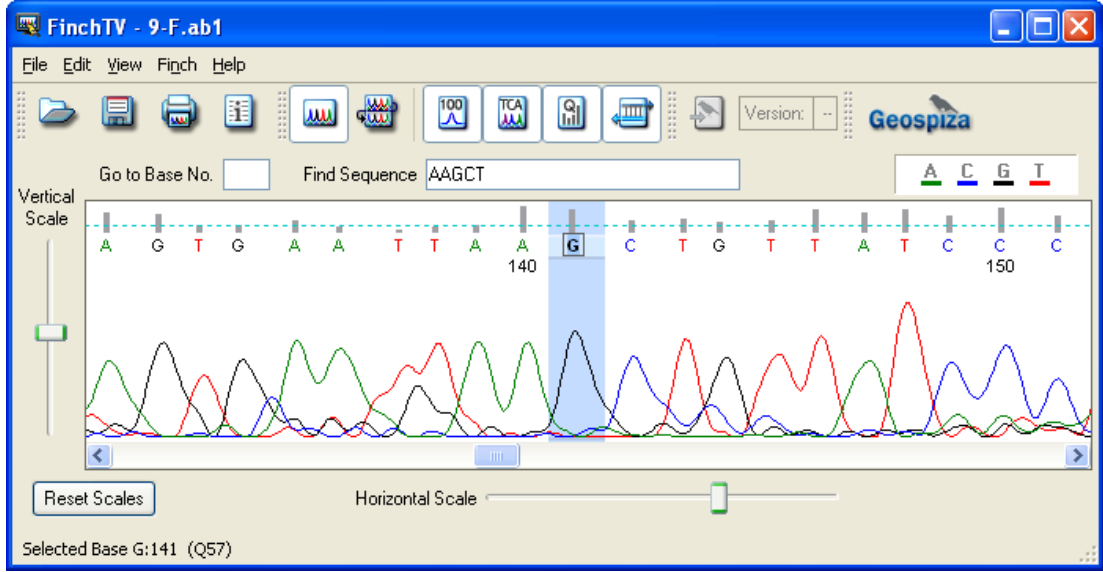
Şekil 3.56. A2 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



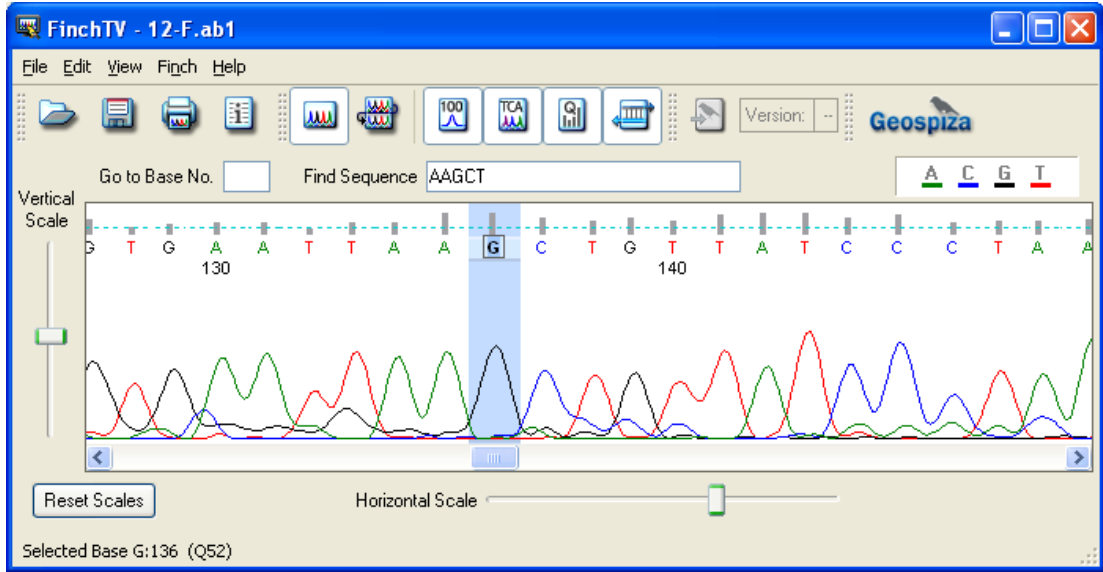
Şekil 3.57. B1 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 137. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



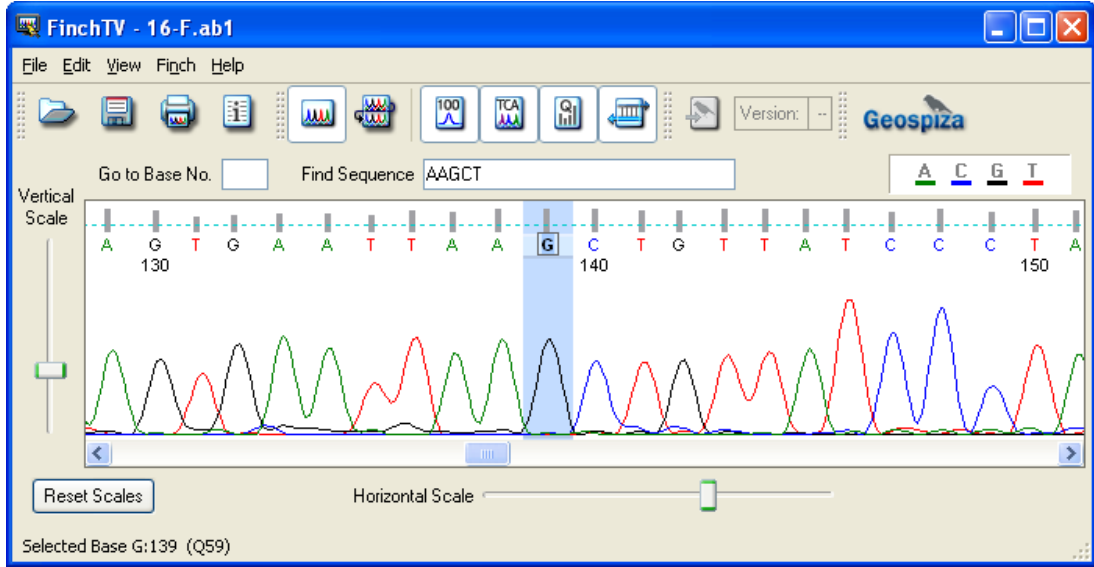
Şekil 3.58. B2 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



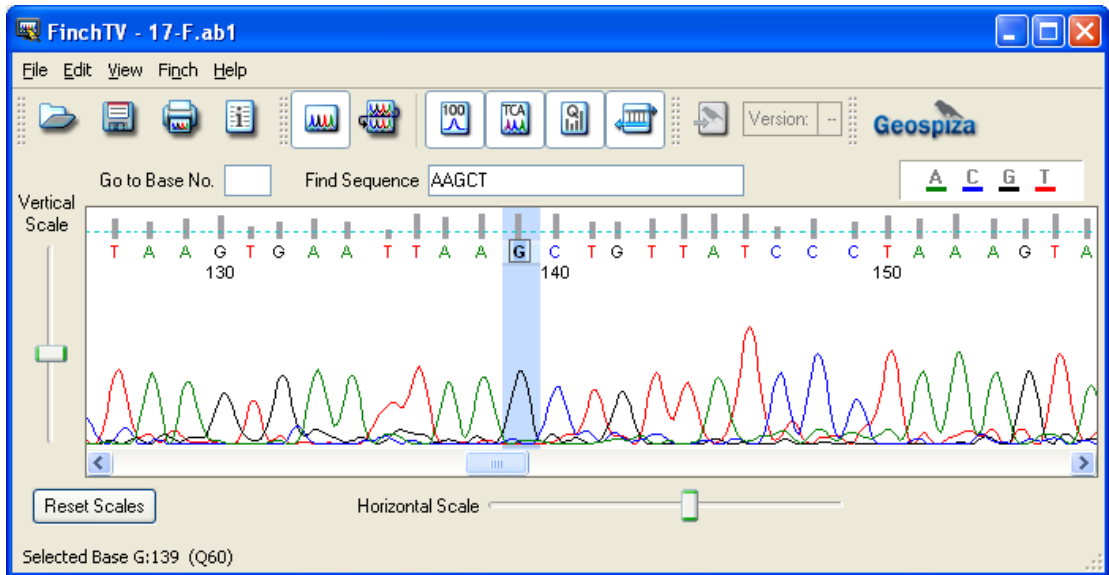
Şekil 3.59. B3 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 141. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.60. C1 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 136. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



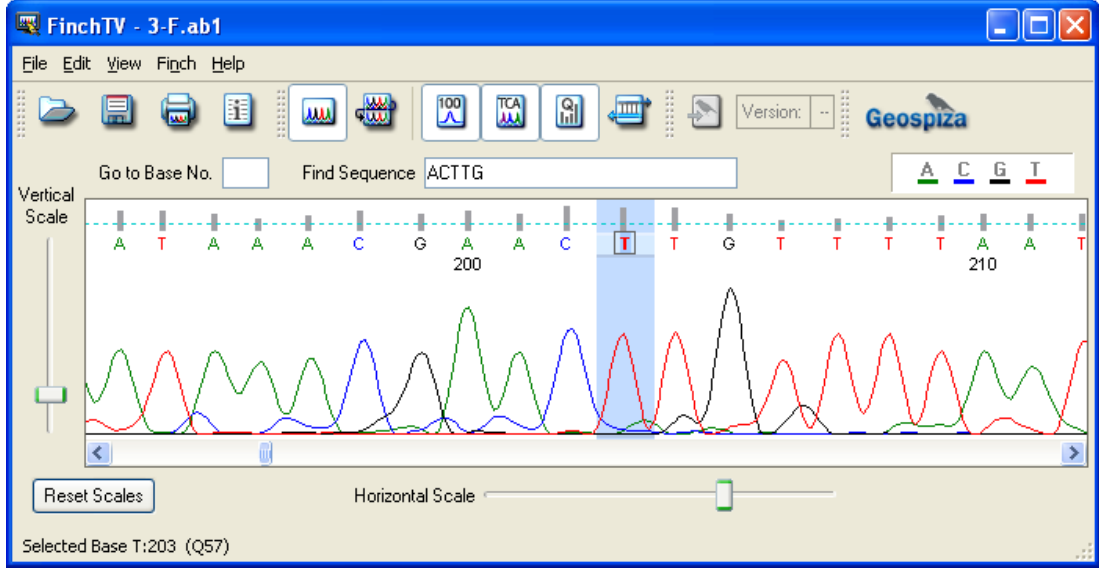
Şekil 3.61. C2 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “**G**” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



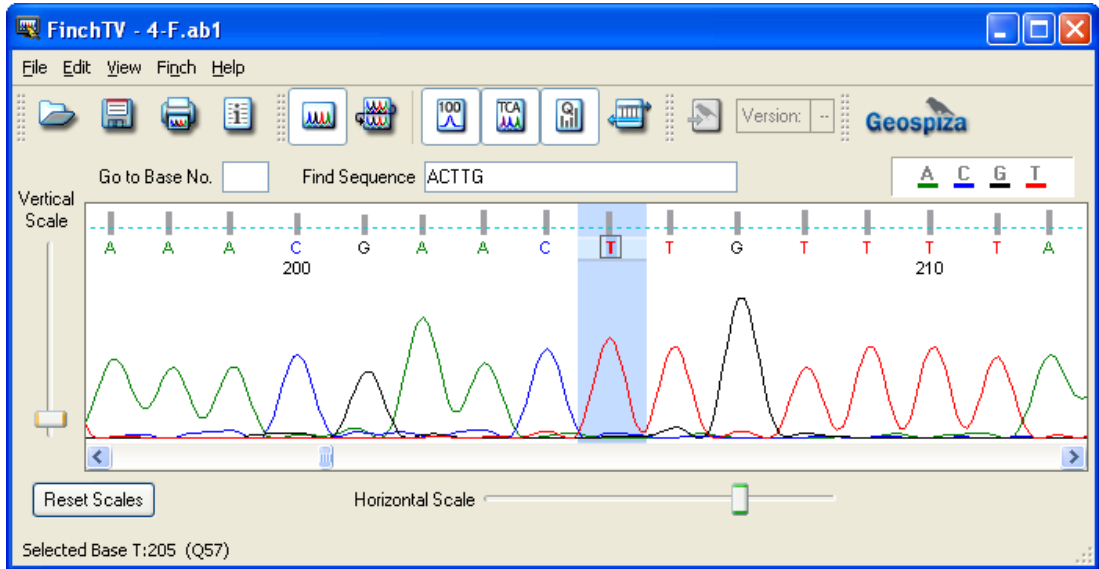
Şekil 3.62. C3 örneğinin “AA**G**CT” nükleotid dizisinde 139. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “**G**” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

Diğer taraftan, tüm örneklerin “AC**T**TG” dizisinde “**T** → **C**” ya da “**C** → **T**” nükleotid dönüşümlerin olduğu bu genetik varyasyonlar, A1(Şekil 3.63), A2 (Şekil 3.64), B1 (Şekil 3.65) B2 (Şekil 3.66), B3 (Şekil 3.67) C1, (Şekil 3.68),

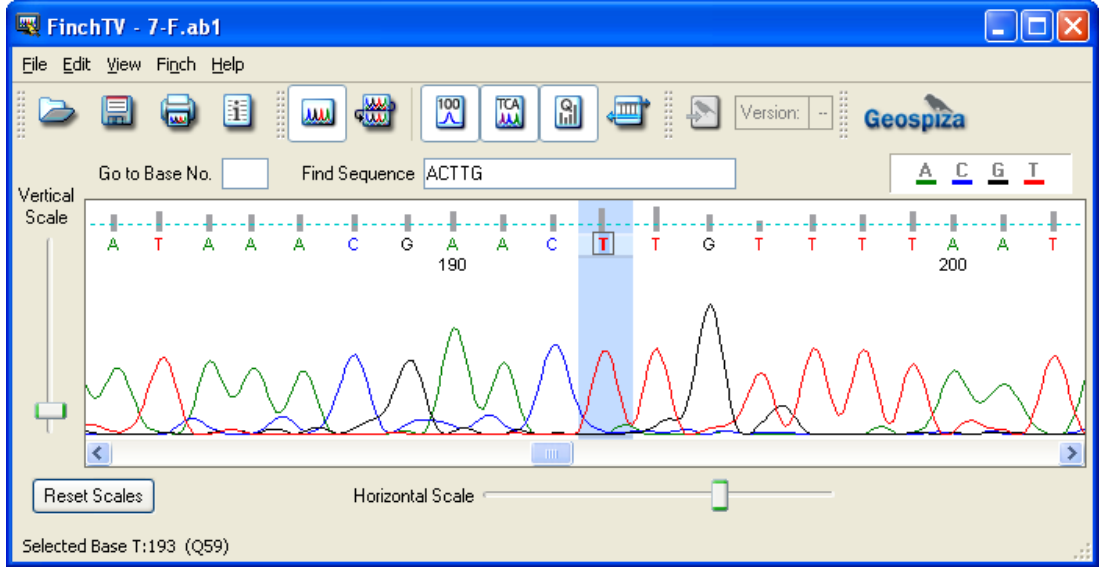
C2 (Şekil 3.69), C3 (Şekil 3.70) kromotogram görüntüleri ile de doğrulanmıştır.



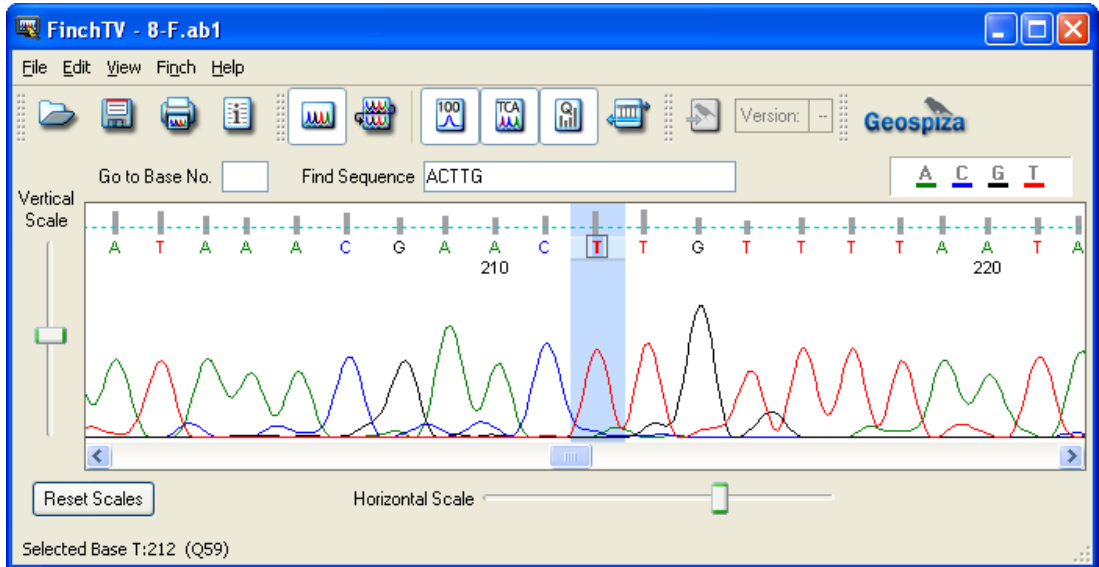
Şekil 3.63. A1 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 203. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



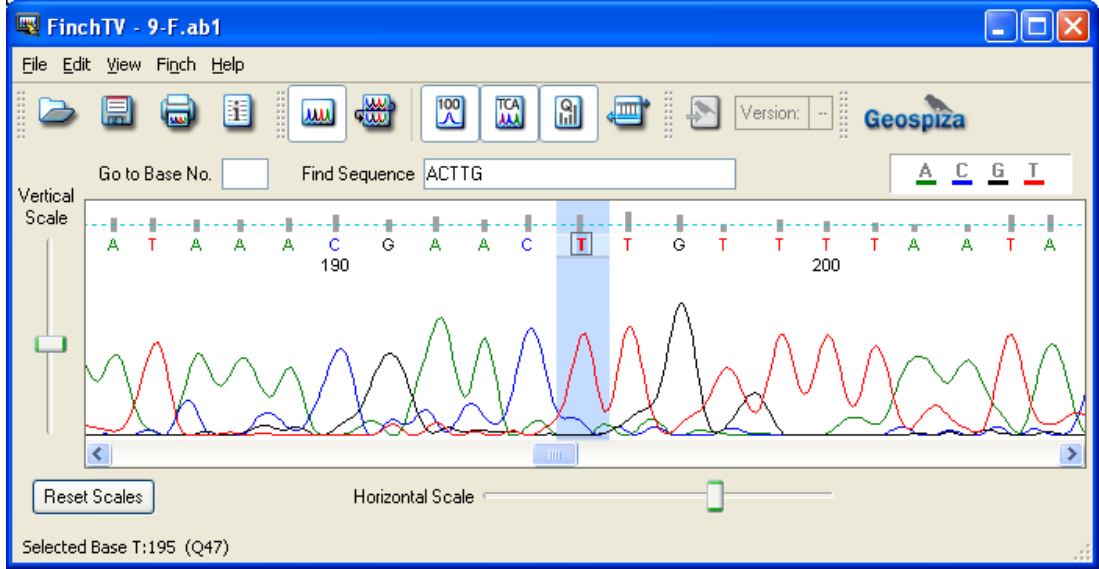
Şekil 3.64. A2 örneğinin “ACTCT” nükleotid dizisinde 205. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



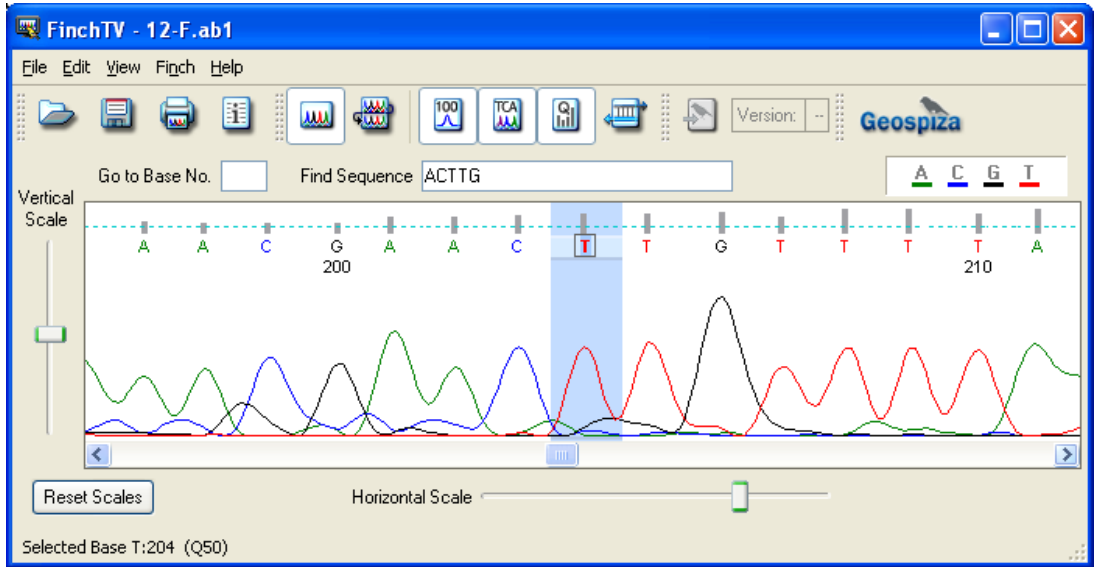
Şekil 3.65. B1 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 193. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



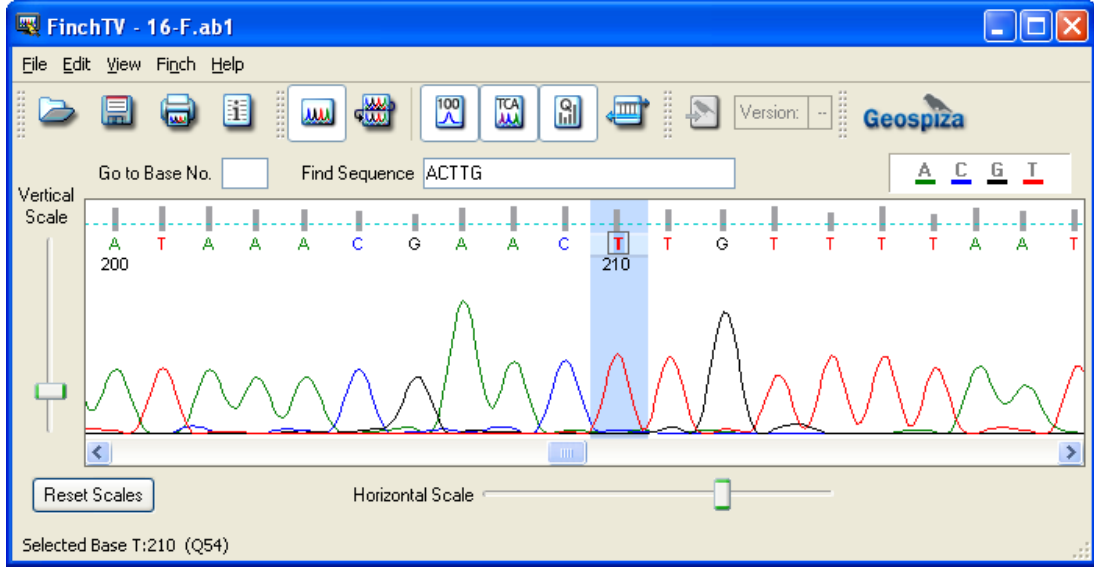
Şekil 3.66. B2 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 212. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



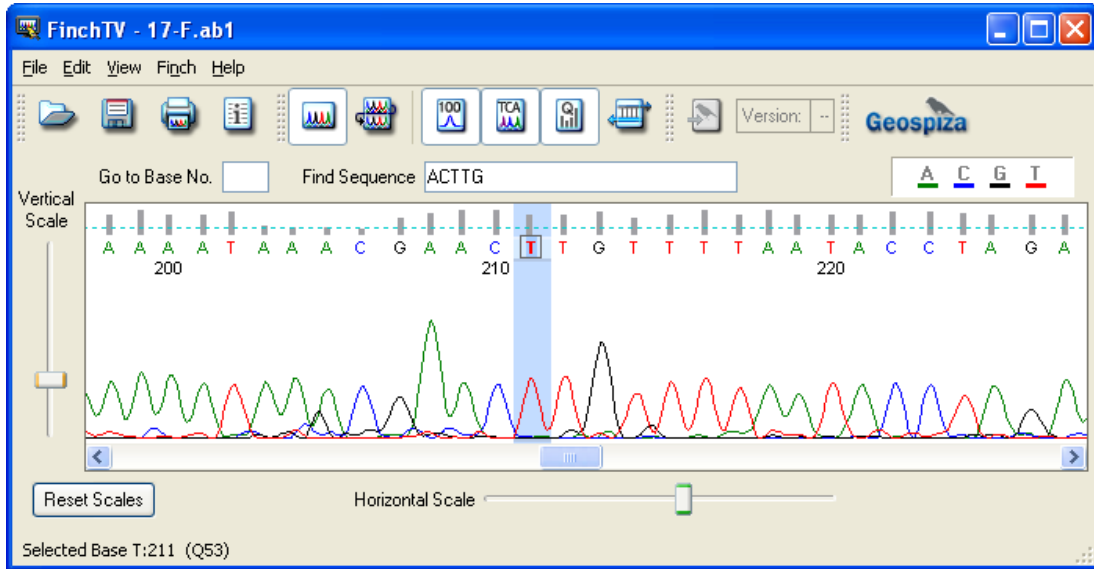
Şekil 3.67. B3 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 195. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.68. C1 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 204. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

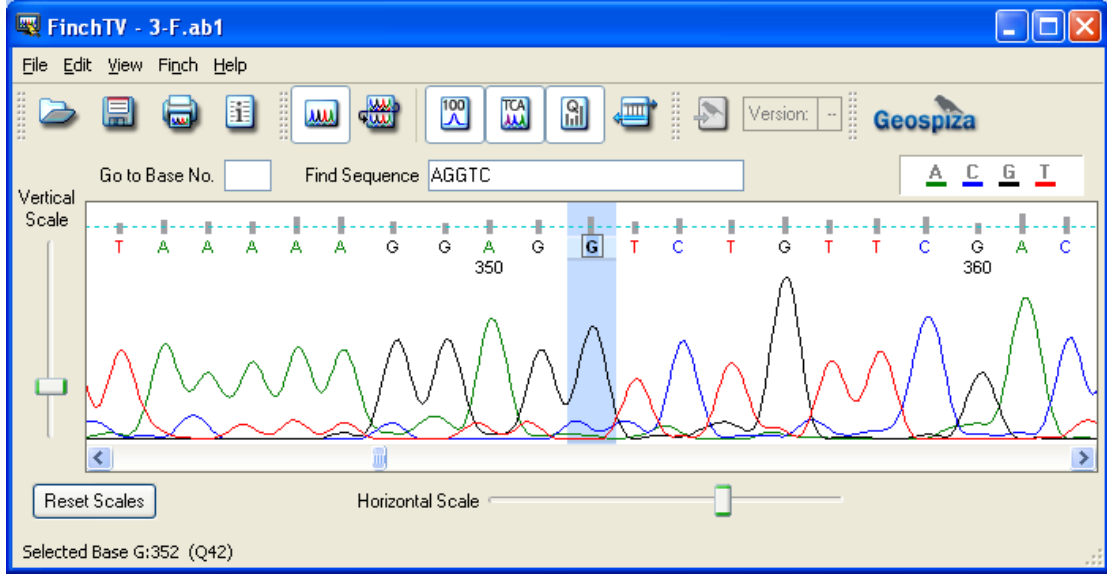


Şekil 3.69. C2 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 210. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

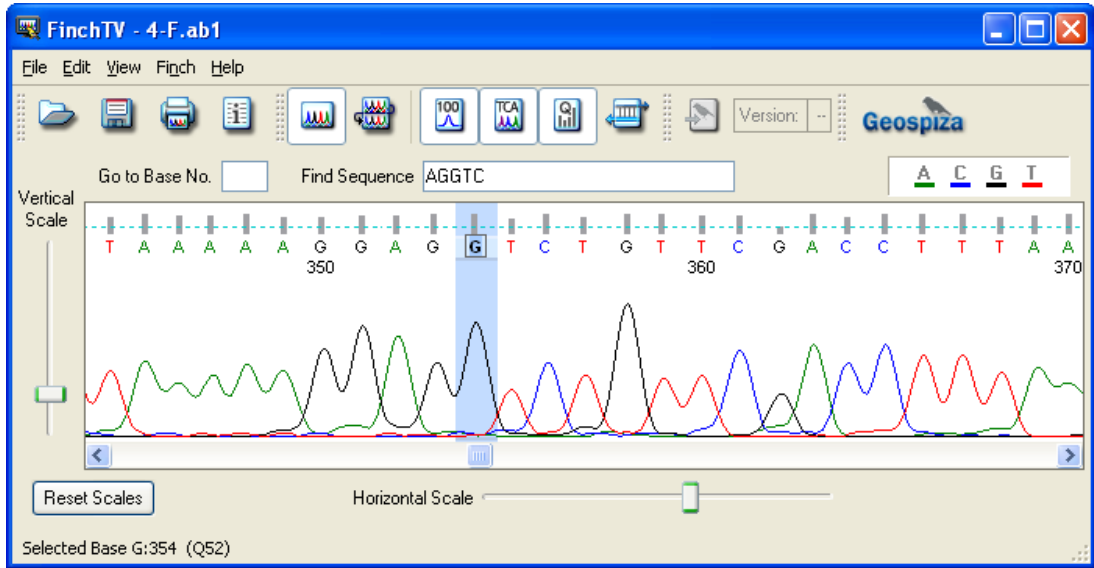


Şekil 3.70. C3 örneğinin “ACTTCT” nükleotid dizisinde 211. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “T” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

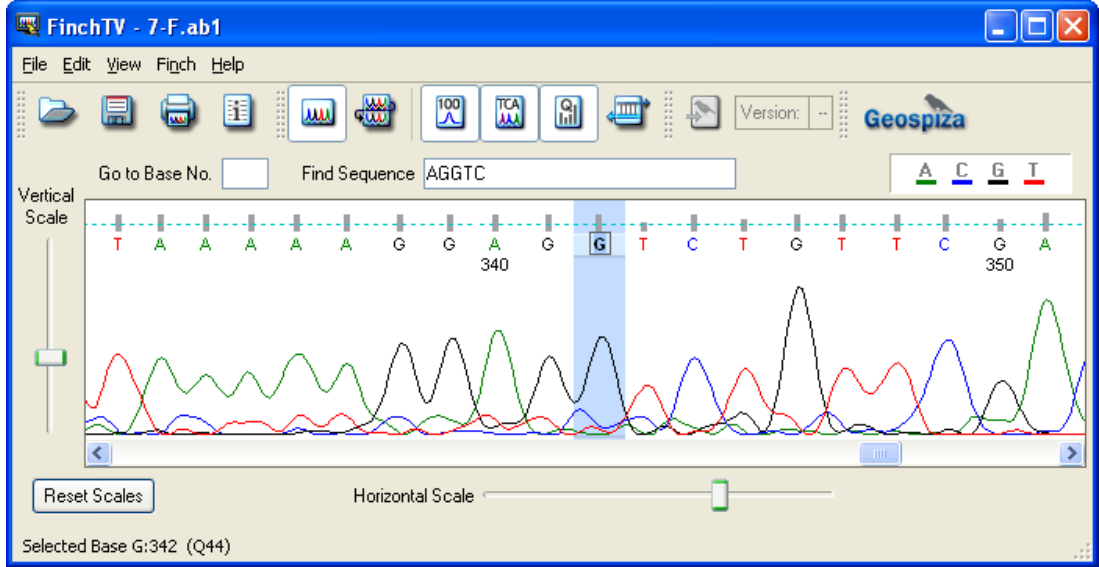
Yine A1, B1, B2, C1, , C2 örneklerinin nükleotid dizilerinde “AGGTC” nükleotid dizisinde “G” nükleotidinin **ilave/eksilme** ($G \leftrightarrow \emptyset$) olarak görülen genetik varyasyonu, A2, B3 ve C3 örneklerin kromotogram görüntülerinde “G” nükleotidi görülmüş olmasına rağmen bu örneklerin nükleotid uzunluklarının kısa olması nedeniyle eşleşme verisi olarak tespit edilememiştir (Şekil 3.71-78).



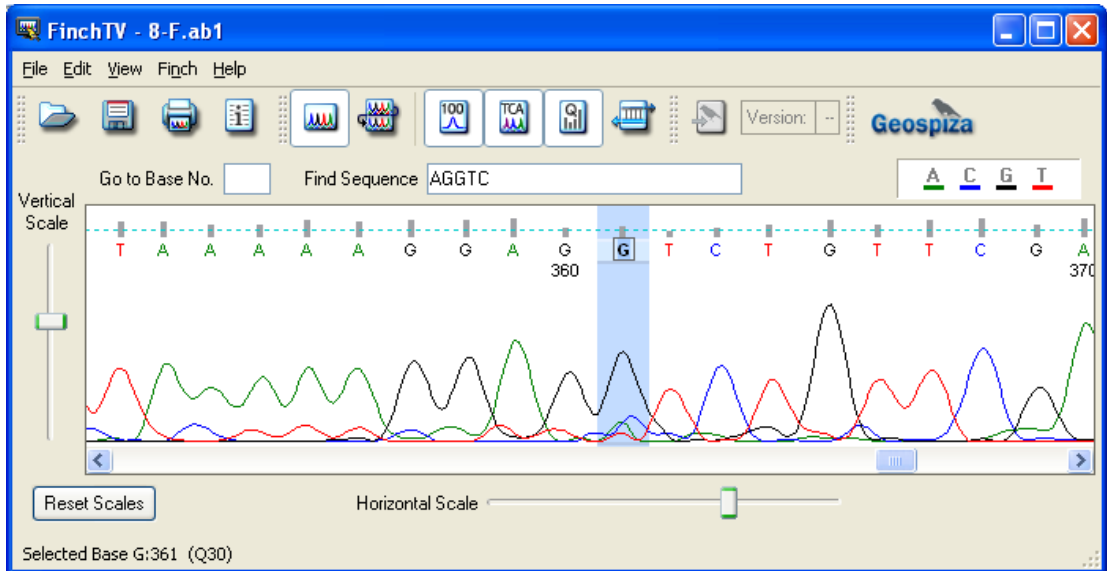
Şekil 3.71. A1 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 352. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



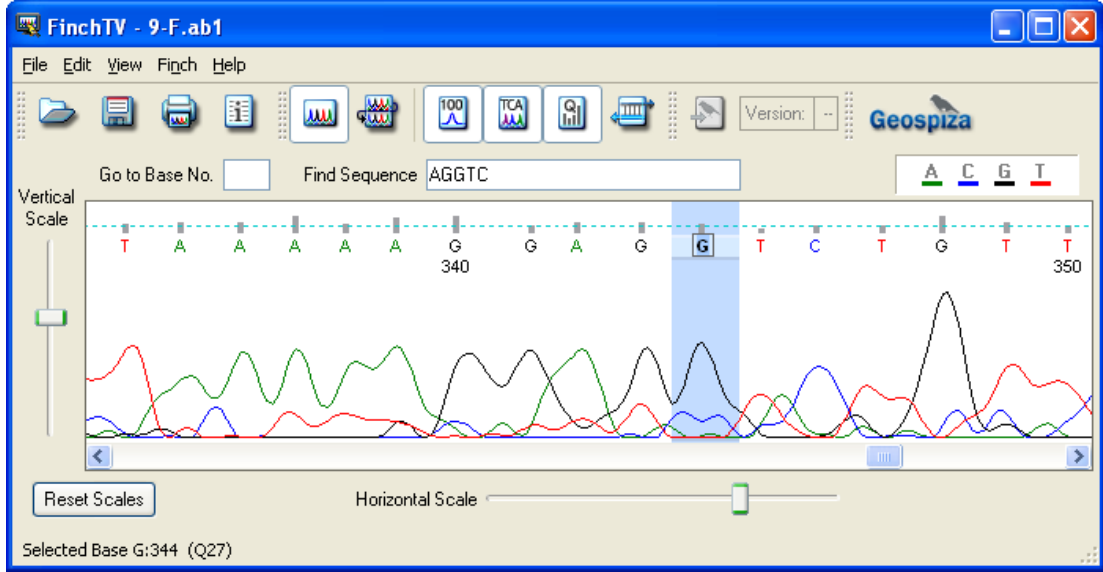
Şekil 3.72. A2 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 354. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



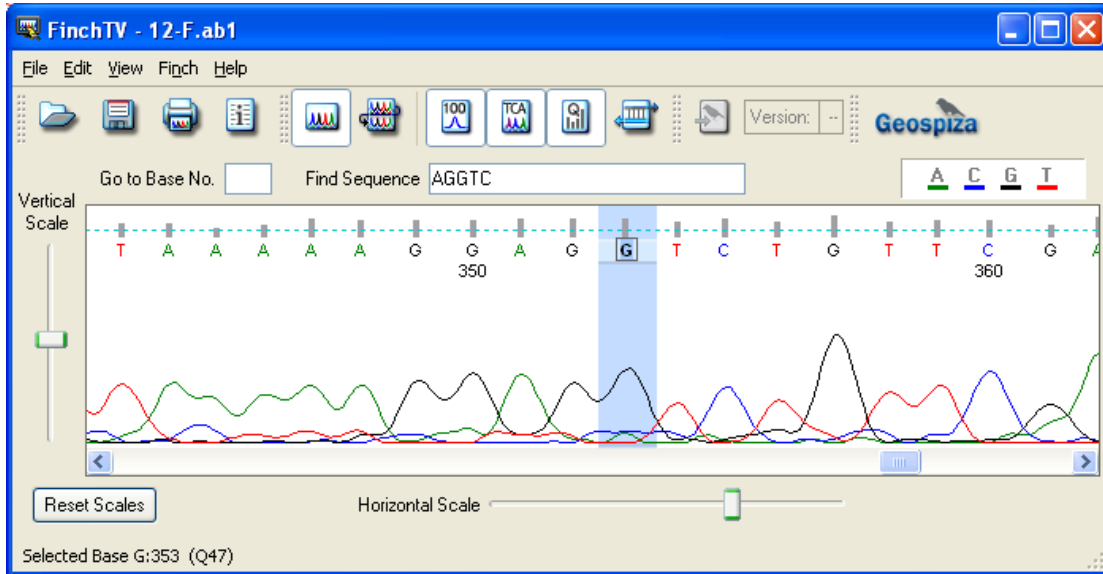
Şekil 3.73. B1 örneğinin “AG^GTC” nükleotid dizisinde 342. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



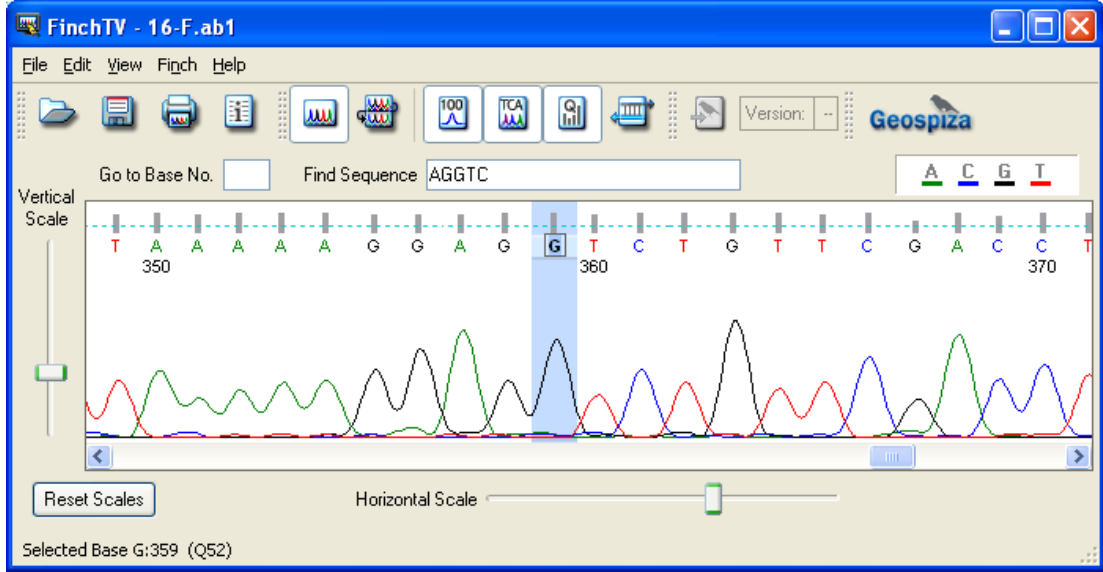
Şekil 3.74. B2 örneğinin “AG^GTC” nükleotid dizisinde 361. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



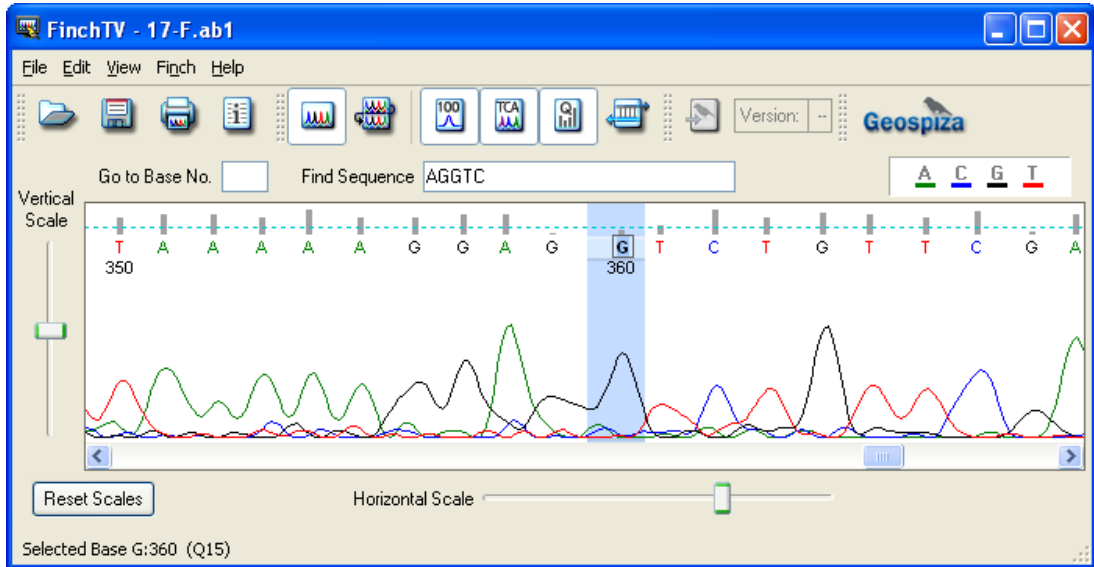
Şekil 3.75. B3 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 344. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.76. C1 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 353. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.77. C2 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 359. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.



Şekil 3.78. C3 örneğinin “AGGTC” nükleotid dizisinde 360. pozisyonda nükleotid dönüşümü olarak tespit edilen “G” nükleotidinin kromotogram görüntüsü.

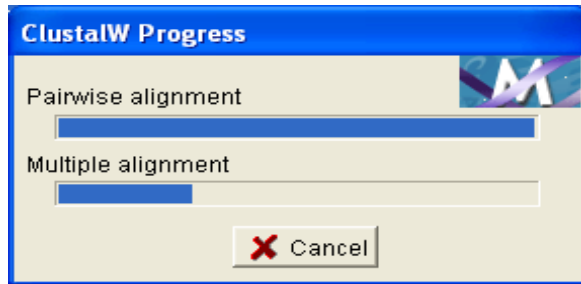
Özetle, bu çalışmada dizi analizi yapılan örnekler ile GenBank sekans verisi ile yapılan eşleştirmede tespit edilen ve doğrulanan genetik varyasyonlar Çizelge 3.56'da verilmiştir.

Çizelge 3.56. Çalışma örneklerinde tespit edilen genetik varyasyonlar. *: Eşleştirme Çizelgelerinde görülmemele birlikte kromotogram görüntüleri ile bu varyasyon doğrulanmıştır.

ÖRNEK	GENETİK VARYASYON	G. VARYASYON TIPI
A1 A2* C1	T ↔ Ø	İlave / eksilme
	G ↔ A	Dönüşüm
	G ↔ A	Dönüşüm
	T ↔ C	Dönüşüm
	G ↔ Ø*	İlave / eksilme*
B1- B2 B3* C2 C3*	G ↔ A	Dönüşüm
	G ↔ A	Dönüşüm
	T ↔ C	Dönüşüm
	G ↔ Ø*	İlave / eksilme*

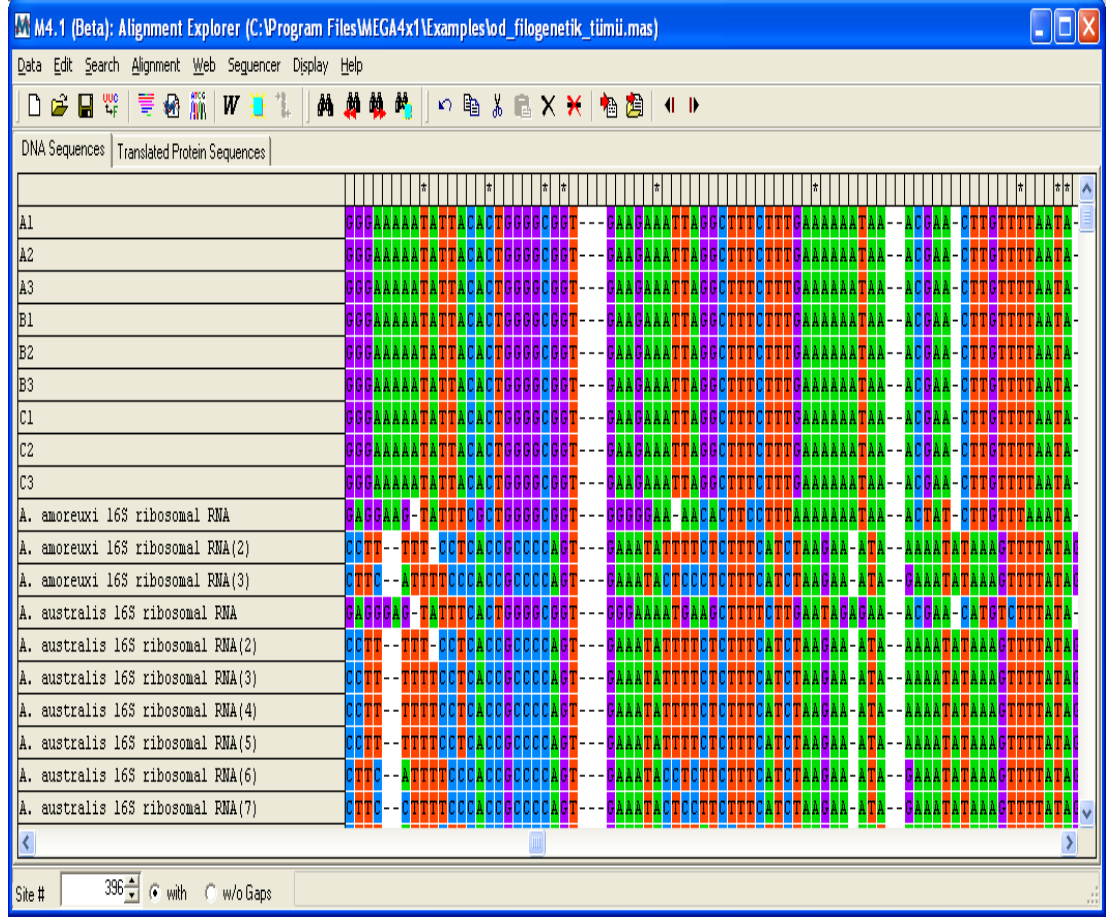
3.7. Filogenetik Analiz

DNA dizilerinin hizalanmasında yaygın olarak CLUSTALW kullanılmaktadır. Bu araştırmada da MEGA 4.1 programı (Tamura ve ark., 2007) ile filogenetik analiz için örneklerin nükleotid dizisi çift ve çok yönlü olarak hizalanmıştır (Şekil 3.79) .



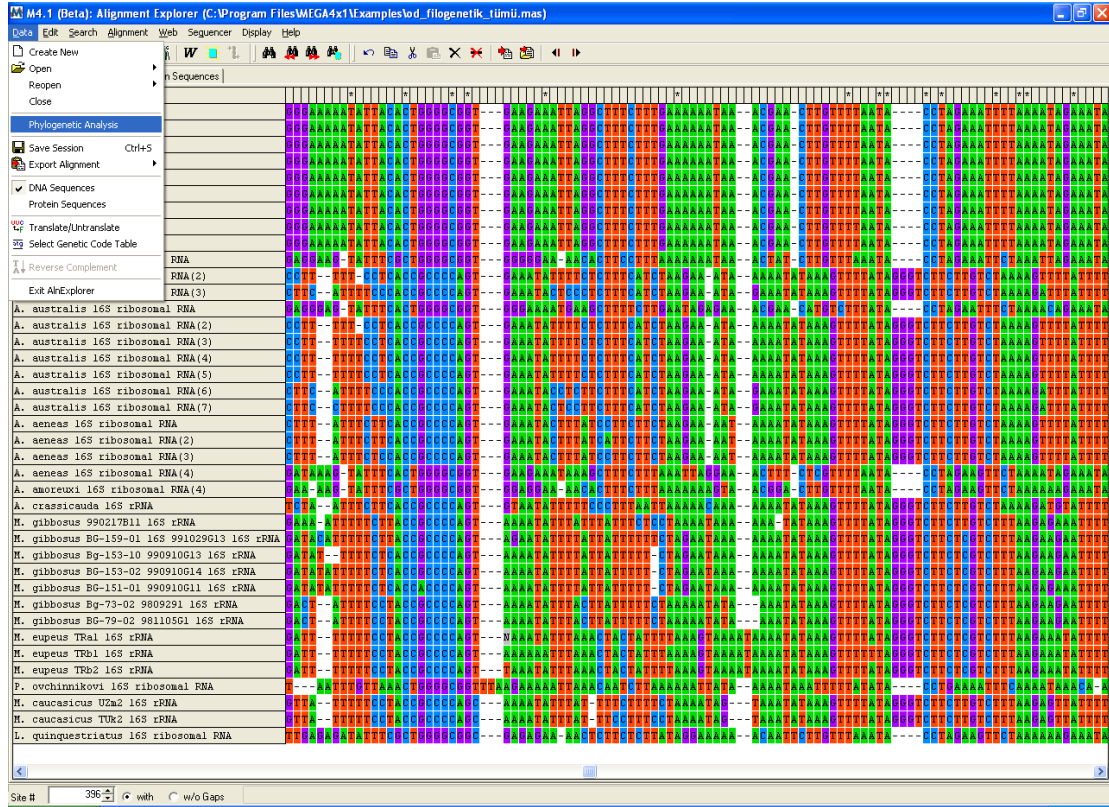
Şekil 3.79. ClustalW ile çift ve çok yönlü hizalama.

Hizalanan nükleotidler eşleşen ve boşluk kısımları görülecek şekilde nükleotidlere ait renk kodları ile belirlenmiştir (Şekil 3.80).

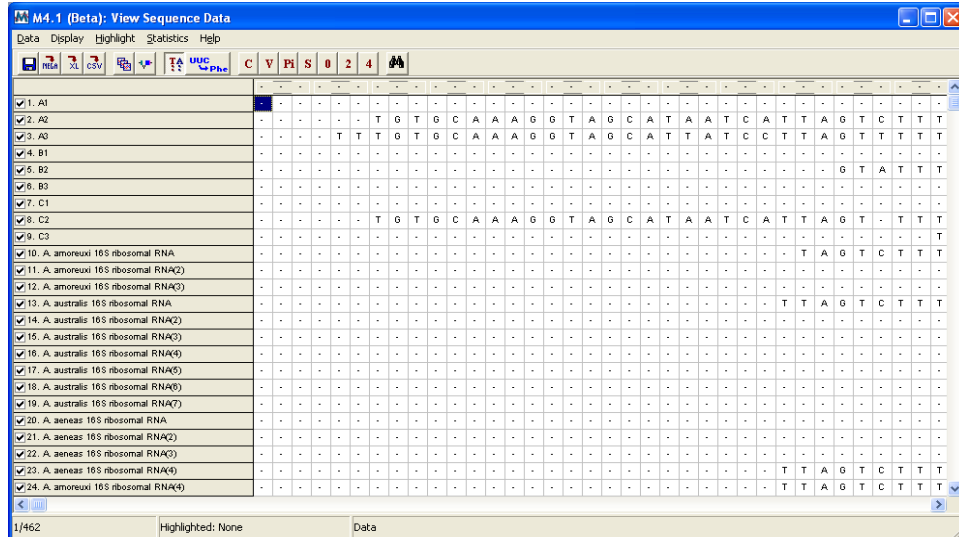


Şekil 3.80. Hizalanan diziler.

Hizalandıktan sonra filogenetik analizler için temel verisi oluşturulmuştur (Şekil 3.81-82).



Şekil 3.81. Hizalanmış dizilerde filogenetik analiz.



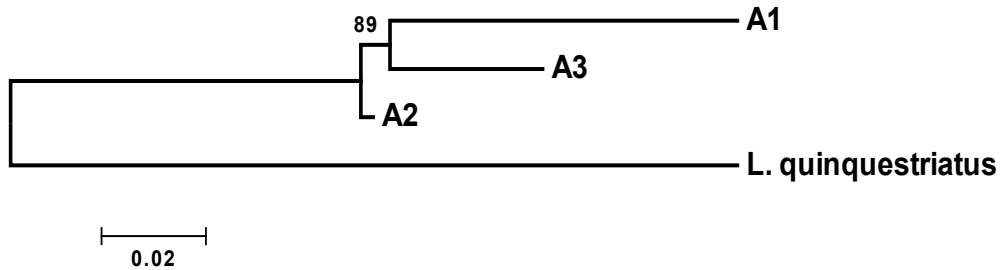
Şekil 3.82. Filogenetik analiz verisi.

3.7.1. Grup İçi Filogenetik Analiz

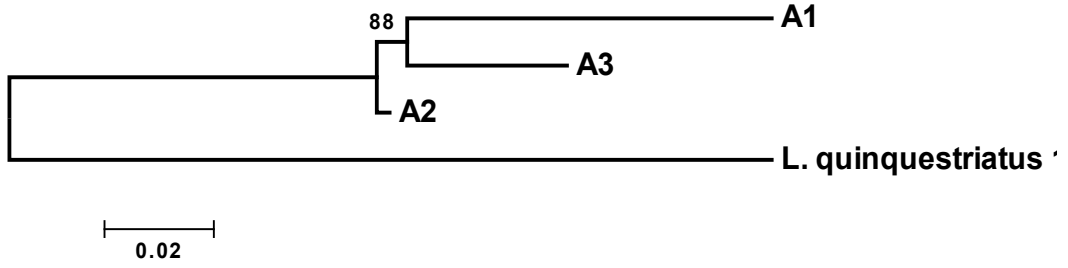
DNA dizi analiz verileri kullanılarak örnekler arasındaki genetik farklılıkların ortaya konulması amacıyla, MEGA 4.1 programı kullanılmıştır (Tamura ve ark., 2007). DNA dizilerinin karşılaştırılması ile filogenetik analizler tekniklerinden Neighbor-Joining (NJ), Minimum Evolution (ME), Maximum Parsimony (MP) ve Unweighted Pair Group Method with Arithmetic (UPGMA) metotları, "Pairwise Distance" hesaplaması ile çalışmada kullanılan örneklerin moleküler sistematikteki evrimsel ilişkileri ortaya konulmuştur. Filogenetik analiz teknikleri kullanılarak çıkarılan filogenetik ağacın (cladogram) güvenilirliği için "bootstrap" ve "interior branch length" testleri kullanılmıştır. Grup içindeki örnekler arasındaki moleküler sistematikteki ilişkiyi göstermek için grup dışı olarak *L. quinquestriatus* (Gen Bank Acc. AY226174) akrep türüne ait sekans verisi kullanılmıştır.

3.7.1.1. A Grubunun Filogenetik Analizi

A grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan soy ağacına (Şekil 3.83) göre, A1 ve A3 örnekleri % 89 Minimum Evolution Metodu(Şekil 3.84) ile de % 88 oranında birbirine en yakın örnek olarak görülmektedir



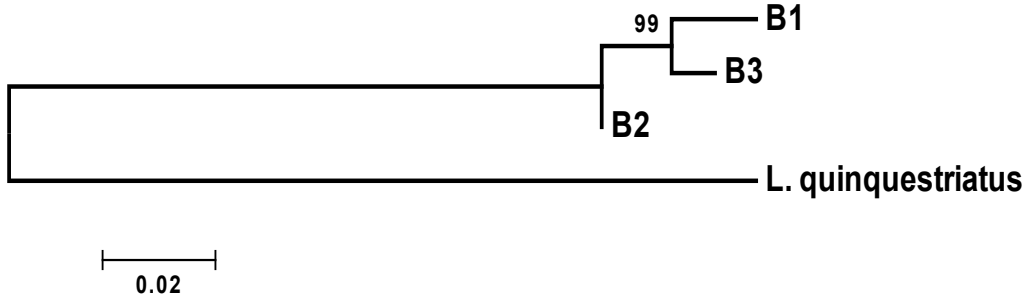
Şekil 3.83. Neighbor-Joining metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı.



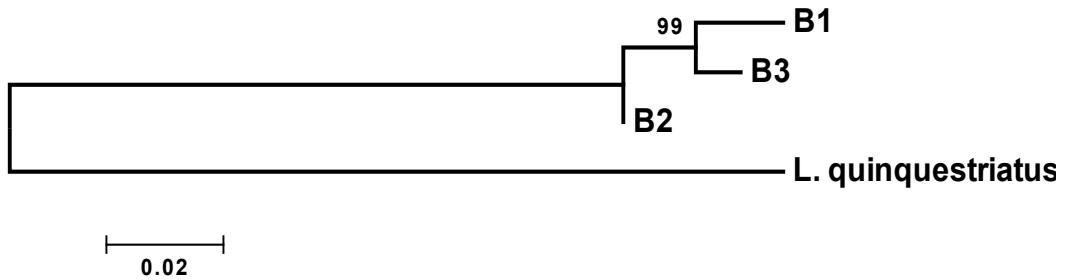
Şekil 3.84. ME metodu ile oluşturulan A grubunun soy ağacı

3.7.1.2. B Grubu Filogenetik Analiz

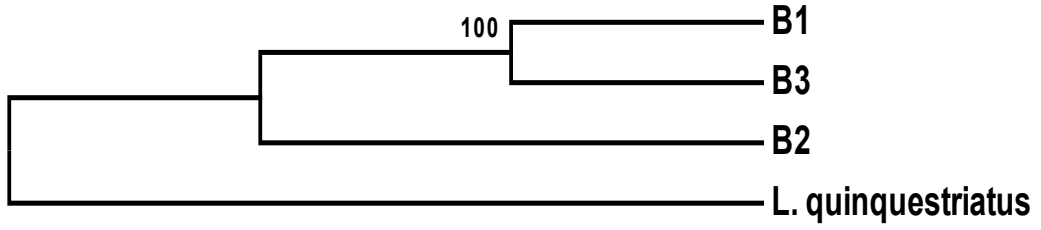
B grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining (Şekil 3.85) ve Minimum Evolution (Şekil 3.86) metotları ile oluşturulan soy ağacına göre % 99, Maximum Parsimony Metodu (Şekil 3.87) ile de % 100 oranında B1 ve B3 örnekleri birbirine en yakın örnek olarak bulunmuştur.



Şekil 3.85. NJ metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.



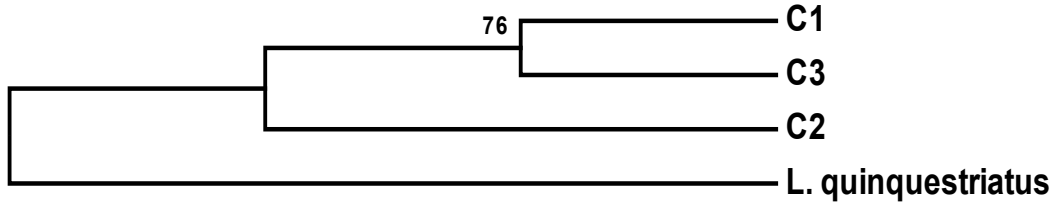
Şekil 3.86. ME metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.



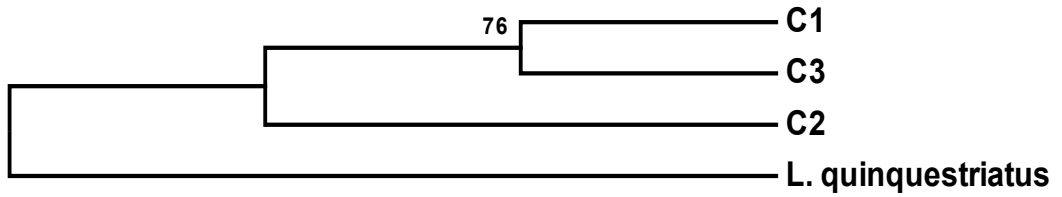
Şekil 3.87. MP metodu ile oluşturulan B grubunun soy ağacı.

3.7.1.3. C Grubu Filogenetik Analiz

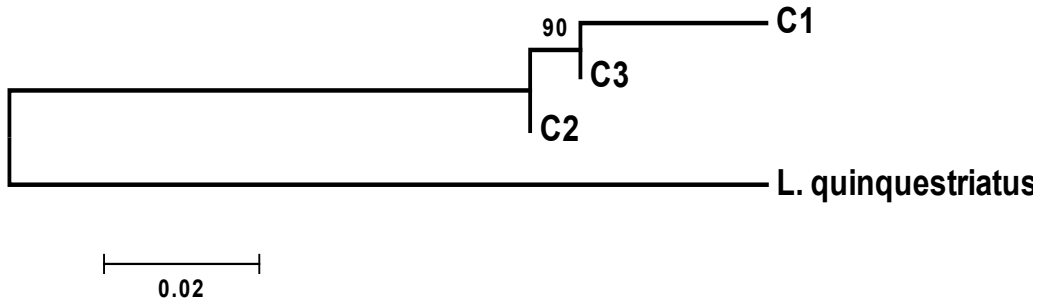
C grubu örnekleri arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Maximum Parsimony (Şekil 3.88) ve UPGMA (Şekil 3.89) metotları ile oluşturulan soy ağacına göre % 76, Neighbor-Joining Metodu (Şekil 3.90) ile de % 90 oranında C1 ve C3 örnekleri birbirine en yakın örnek olarak bulunmuştur.



Şekil 3.88. MP metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.



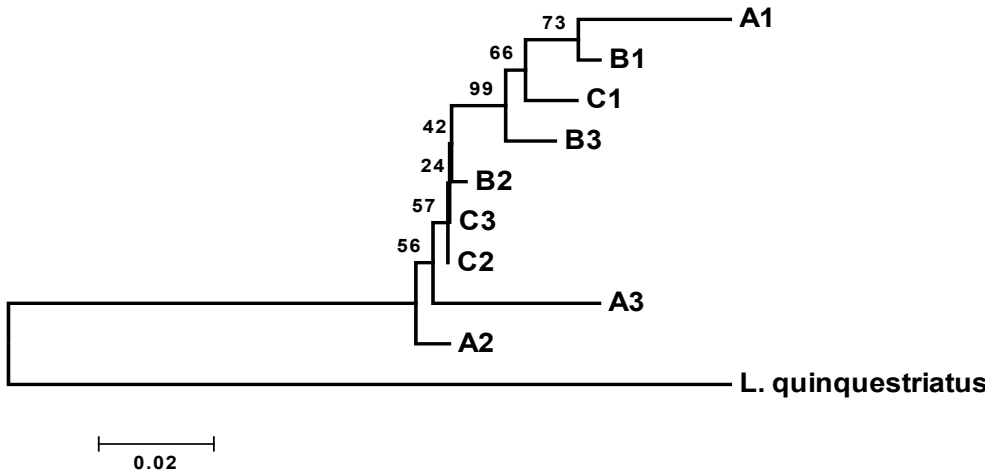
Şekil 3.89. UPGMA metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.



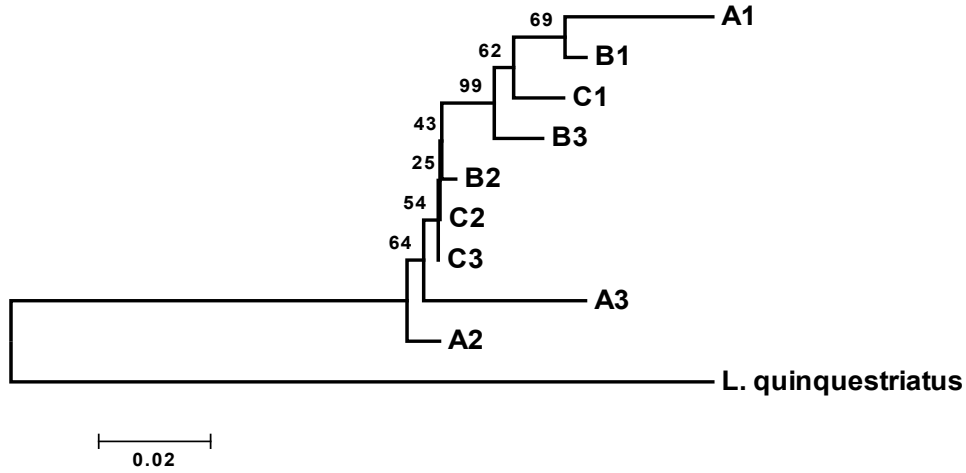
Şekil 3.90. NJ metodu ile oluşturulan C grubunun soy ağacı.

3.7.2. Gruplar Arası Filogenetik Analiz

Gruplar arasında moleküler sistematik ilişki (1000 tekrar), Neighbor-Joining (Şekil 3.91) ve Minimum Evolution (Şekil 3.92) metotları ile birbirlerine paralel soy ağaçları oluşturulmuştur.



Şekil 3.91. Gruplar arasında NJ metodu ile oluşturulan soy ağacı.



Şekil 3.92. Gruplar arasında ME metodu ile oluşturulan soy ağacı.

3.7.3. *A. crassicauda*'nın Türkiye Akrep Faunasında Bulunan Türlerle Olan Filogenetik Konumu

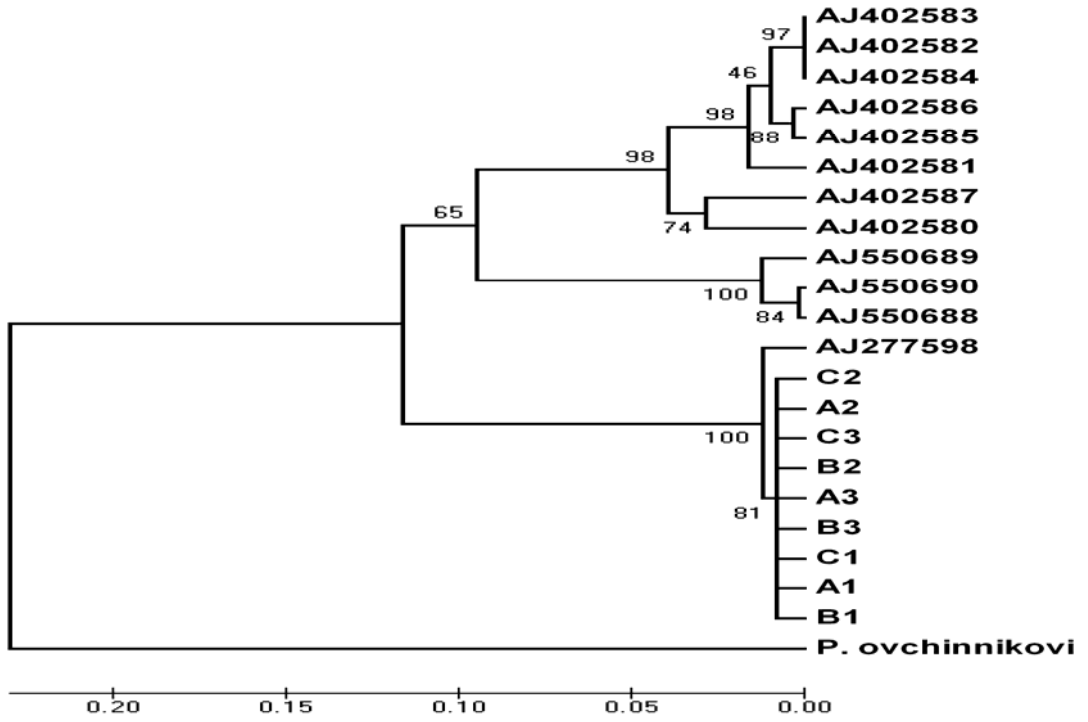
Bu çalışmada Türkiye akrep faunasında bulunan türler ile DNA dizi analizi yapılan örneklerin filogenetik analiz teknikleri ile moleküler sistematikteki evrimsel ilişkileri ortaya konulmuştur. Çalışmada, Mesobuthus soyuna bağlı olan *M. eupeus* ve *M. gibbosus* türlerinin GenBank'daki sekans verileri (Çizelge 3.58) kullanılmıştır. Soyağaçlarında filogenetik ilişkiyi göstermek için grup dışı olarak *Pseudochactas ovchinnikovi* (Gen Bank Acc. AY226174) akrep türüne ait sekans verisi kullanılmıştır.

Filogenetik analiz neticesinde, Neighbor-Joining metotları (Şekil 3.93) Maximum Parsimony (Şekil 3.95) ve UPGMA (Şekil 3.96) ile oluşturulan soy ağaçlarında Mesobuthus ve Androctonus soyları tespit edilmiştir. Oluşturulan filogenetik ağaç (Şekil 3.94) güvenilirliği için "bootstrap" ve "interior branch lenght" testleri uygulanmış ve soyağacı bulgularını desteklemiştir.

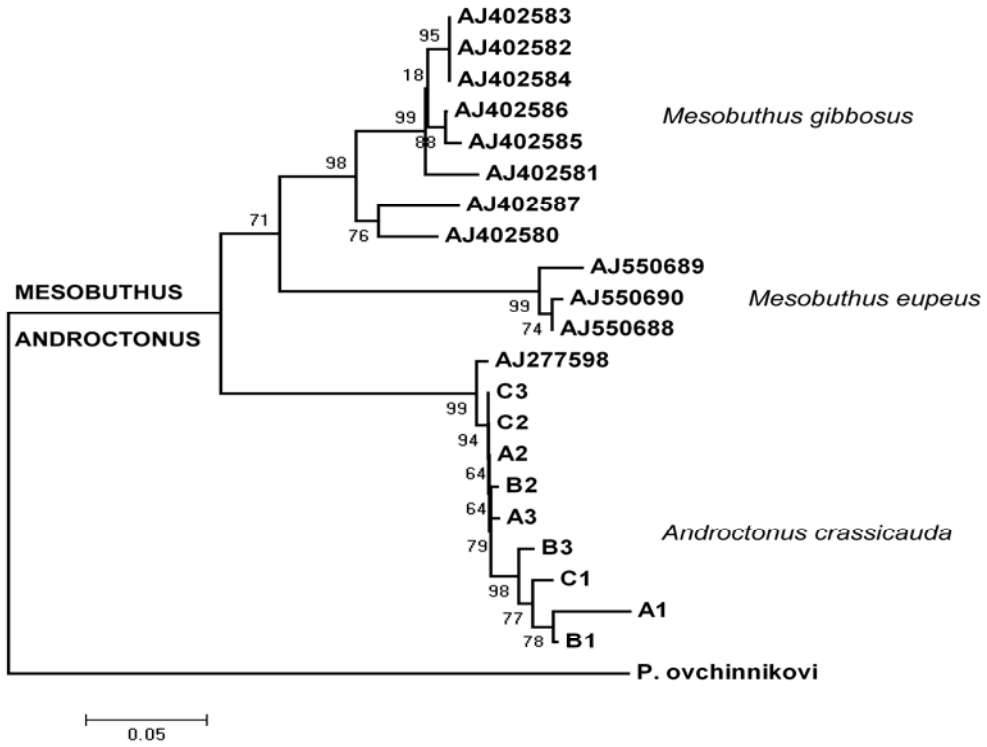
Çizelge 3.57. Türkiye akrep faunasında bulunan türlerin GenBank kayıt verileri (a: Gantenbein ve ark., 2002. b: Gantenbein ve Keightley, 2004. c:Gantenbein ve ark., 2003).

Türkiye Faunasında bulunan akrep türlerine ait GenBank verileri					
Akrep	Acc.Number	Lokalite	DNA	Gen Bölgesi	Uzunluk (bp)
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402580	Türkiye -Şelale	mt	16S rRNA	338
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402582	Türkiye -Muğla	mt	16S rRNA	337
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402583	Türkiye -Muğla	mt	16S rRNA	340
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402584	Türkiye -Yerkesik	mt	16S rRNA	340
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402585	Türkiye -Datça	mt	16S rRNA	339
<i>Mesobuthus gibbosus</i> ^a	AJ402586	Türkiye -Çitlik	mt	16S rRNA	337
<i>Mesobuthus eupeus</i> ^b	AJ550688	Türkiye - Gülşehir	mt	16S rRNA	333
<i>Mesobuthus eupeus</i> ^b	AJ550689	Türkiye - Cemilköy	mt	16S rRNA	335
<i>Mesobuthus eupeus</i> ^b	AJ550690	Türkiye - Cemilköy	mt	16S rRNA	335
<i>Androctonus crassicauda</i> ^b	AJ227598	Türkiye - Urfa	mt	16S rRNA	397
<i>Pseudochactas ovchinnikovi</i> ^c	AY226167	Özbekistan- Batatag	mt	16S rRNA	371

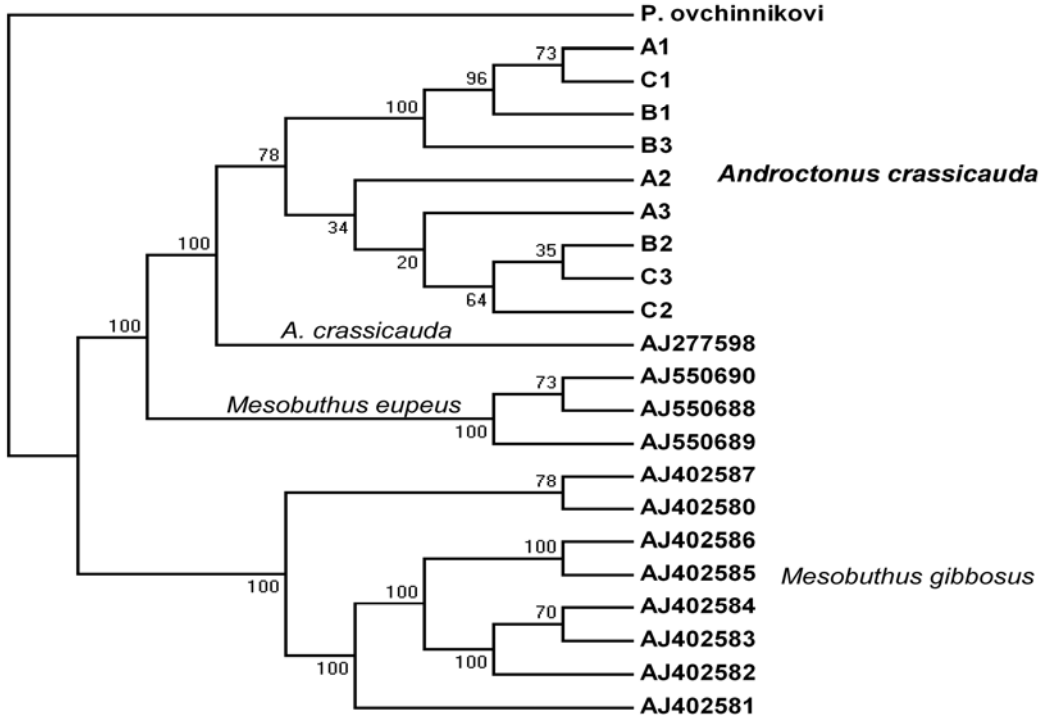
Mesobuthus eupeus'un Neighbor-Joining (Şekil 3.93), Maximum Parsimony (Şekil 3.95), ve UPGMA (Şekil 3.96) soy ağaçlarında % 100, *Mesobuthus gibbosus* ise Neighbor-Joining (Şekil 3.93), Maximum Parsimony (Şekil 3.5), ve UPGMA (Şekil 3.96) soy ağaçlarında % 100 yakın oldukları tespit edilmiştir. Diğer taraftan tüm soy ağaçlarında da *Androctonus crassicauda* ile dizi analizi yapılan örneklerin filogenetik konum olarak % 100 yakın bulunmuştur.



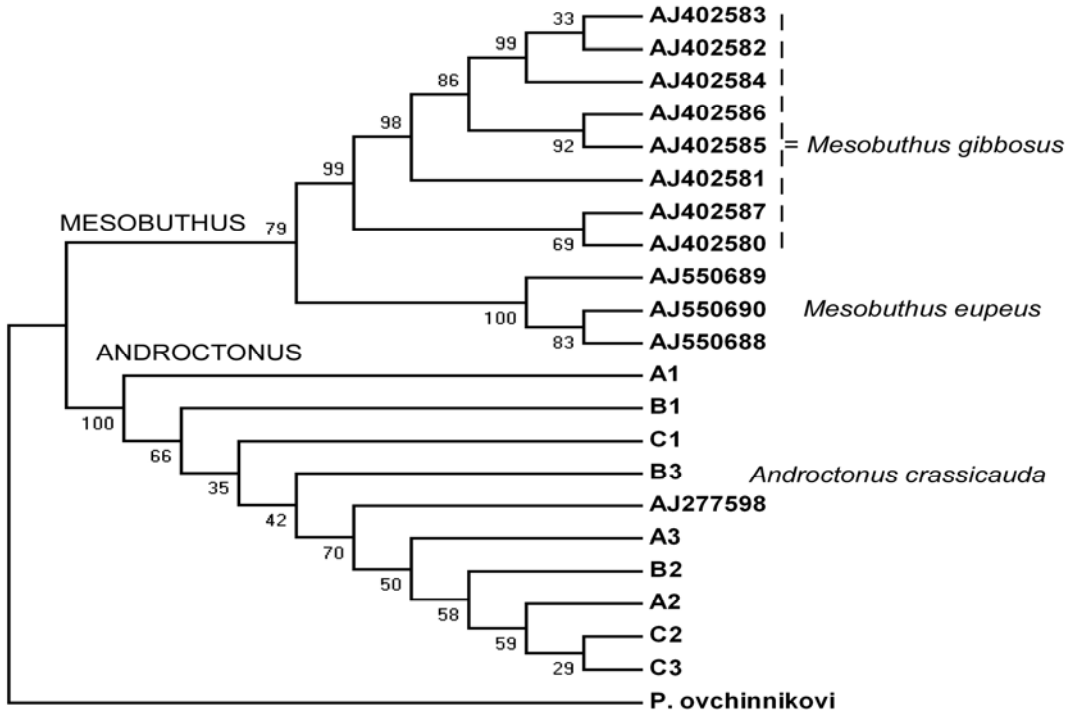
Şekil 3.93. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle NJ metodu ile oluşturulan soy ağacı.



Şekil 3.94. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle NJ metodu ile oluşturulan soy ağacının güvenilirliği için "interior branch length" testiyle elde edilen soyağacı.



Şekil 3.95. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle MP metodu ile oluşturulan soy ağacı.

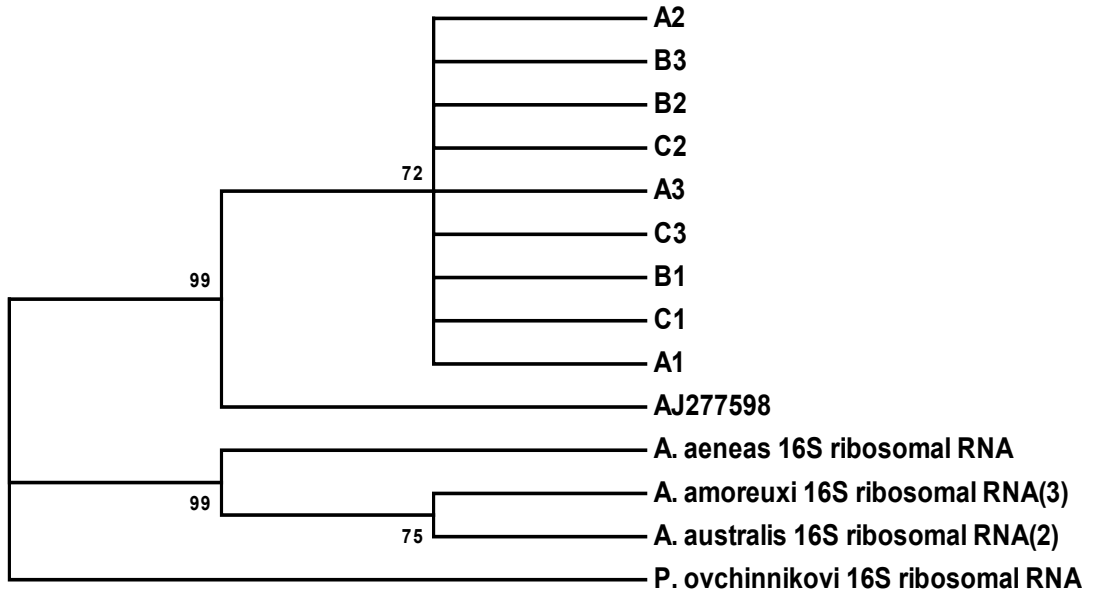


Şekil 3.96. GenBankda sekans verisi bulunan Türkiye faunasına ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı.

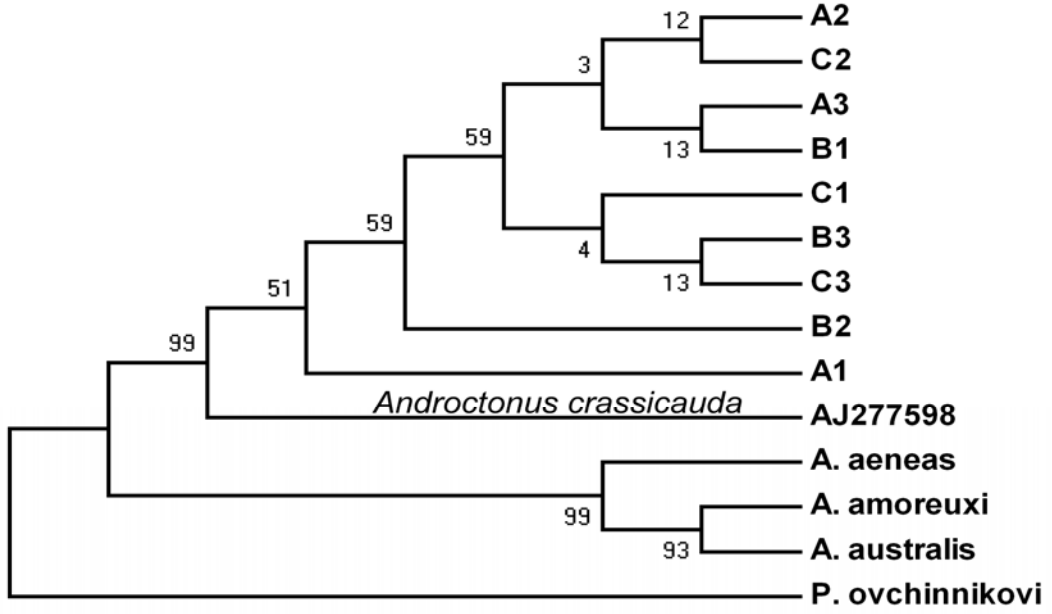
3.7.4. Androctonus Soyuna Ait Türlerle Olan Filogenetik Konumu

Bu çalışmada Androctonus soyunda bulunan *A. aeneas* (Gen Bank Acc. DQ124365 -304bç), *A. amoreuxi* (Gen Bank Acc. AY226175 – 375 bç) ve *A. australis* (Gen Bank Acc.DQ144727 304bç) türler ile DNA dizi analizi yapılan örneklerin filogenetik konumu belirlenmiştir. *A. aeneas*, *A. amoreuxi* ve *A. australis* türlerinin GenBank'da kayıdı bulunan sekans verileri kullanılmıştır. Soyağaçlarında filogenetik ilişkiyi göstermek için grup dışı olarak *Pseudochactas ovchinnikovi* (Gen Bank Acc. AY226174) akrep türüne ait sekans verisi kullanılmıştır.

Maximum Parsimony (Şekil 3.97), ve UPGMA (Şekil 3.98) soy ağaçlarında *A. crassicauda* ile çalışmada dizi analizi yapılan örnekler % 100 yakın bulunmuştur. Diğer taraftan *A. aeneas*, *A. amoreuxi* ve *A. australis* türler Maximum Parsimony ve UPGMA soy ağaçlarında % 99 yakın bulunurken *A. amoreuxi* ve *A. australis* türleri filogenetik olarak yakın görülmüştür.



Şekil 3.97. GenBankda sekans verisi bulunan Androctonus soyuna ait türlerle MP metodu ile oluşturulan soy ağacı.



Şekil 3.98. GenBankda sekans verisi bulunan *Androctonus* soyuna ait türlerle UPGMA metodu ile oluşturulan soy ağacı.

Çalışmada kullanılan tüm DNA dizilerinin genetik mesafe değerleri de hesaplanmıştır. Böylece örneklerin genetik uzaklıkları ve birbirine yakınlıkları belirlenmiştir. Çift yönlü genetik uzaklık değerleri Çizelge 3.60' da verilmiştir. Hesaplama değerlerine göre, A3 örneği, A2 örneğine % 1 (0.010) oranda uzak bulunurken C2 ve C3 örneklerine (0.000) tamamen yakın bulunmuştur. Diğer taraftan, bu örnekler *Pseudochactas ovchinnikovi* sırasıyla % 45.9, 44.7 ve 44.7 oranda uzak oldukları hesaplanmıştır.

A2, C2, C3 (0.010) örnekleri % 1, A3 (0.020) örneği % 2 ve %1.3 oranda B2 (0.013) örneği bildirilen *A. crassicauda*'ya yakın hesaplanırken örnekler içerisinde genetik mesafesi % 3.3 oranda C1, B1 (0.033) ve en fazla da A1 örneğinde (0.061) hesaplanmıştır (Çizelge 3.58).

Çizelge 3.58. DNA dizilerinin genetik mesafe değerleri (1–2–3: A; 4–5–6; B 7–8–9: C grubu, 10. *P.ovchinnikovi* 13. *A. crassicauda* 11–14–15: *M.eupeus* 19–20–21–22: *M. gibbosus*).

[1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22]
[1]																						
[2]	0.051																					
[3]	0.058	0.010																				
[4]	0.033	0.023	0.030																			
[5]	0.054	0.003	0.013	0.026																		
[6]	0.047	0.016	0.023	0.023	0.020																	
[7]	0.037	0.023	0.030	0.030	0.026	0.023																
[8]	0.051	0.000	0.010	0.023	0.003	0.016	0.023															
[9]	0.051	0.000	0.010	0.023	0.003	0.016	0.023	0.000														
[10]	0.529	0.447	0.459	0.481	0.454	0.482	0.495	0.447	0.447													
[11]	0.319	0.255	0.255	0.285	0.260	0.275	0.280	0.255	0.255	0.456												
[12]	0.275	0.211	0.211	0.239	0.215	0.230	0.239	0.211	0.211	0.462	0.172											
[13]	0.061	0.010	0.020	0.033	0.013	0.026	0.033	0.010	0.010	0.436	0.250	0.215										
[14]	0.313	0.250	0.250	0.280	0.255	0.270	0.275	0.250	0.250	0.449	0.003	0.168	0.245									
[15]	0.324	0.259	0.260	0.290	0.264	0.280	0.285	0.259	0.259	0.468	0.026	0.185	0.255	0.023								
[16]	0.261	0.202	0.203	0.230	0.207	0.217	0.226	0.202	0.202	0.453	0.176	0.086	0.206	0.171	0.188							
[17]	0.271	0.211	0.211	0.240	0.216	0.226	0.235	0.211	0.211	0.452	0.184	0.086	0.215	0.180	0.197	0.006						
[18]	0.261	0.202	0.203	0.230	0.207	0.217	0.226	0.202	0.202	0.439	0.192	0.079	0.206	0.188	0.206	0.020	0.020					
[19]	0.261	0.202	0.203	0.230	0.207	0.217	0.226	0.202	0.202	0.439	0.192	0.079	0.206	0.188	0.206	0.020	0.020	0.000				
[20]	0.261	0.202	0.203	0.230	0.207	0.217	0.226	0.202	0.202	0.439	0.192	0.079	0.206	0.188	0.206	0.020	0.020	0.000	0.000			
[21]	0.275	0.215	0.216	0.244	0.220	0.230	0.239	0.215	0.215	0.463	0.201	0.082	0.219	0.196	0.214	0.036	0.036	0.030	0.030	0.030		
[22]	0.257	0.194	0.194	0.222	0.199	0.213	0.222	0.194	0.194	0.456	0.184	0.057	0.198	0.180	0.194	0.071	0.071	0.078	0.078	0.078	0.078	

4. TARTIŞMA

Artropoda anacı, Chelicerata anaç bölümünde, ekonomik (*Boophilus microplus*) ve medikal (*Ixodes scapularis*), öneme sahip birçok eklembacaklı bulunmaktadır (Jones ve ark., 2007). Yine bu anaç bölümünde olan akrep, hastalık naklinde rol almamasına karşın sahip olduğu venom bakımından medikal öneme sahip bir eklembacaklıdır. Türkiye’de bugüne kadar *Buthidae*, *Chacthidae*, *Euscorpiidae*, *Scorpionidae* ve *Iuridae* aileleri içinde 16 tür tespit edilmiştir (Özkan ve Karaer, 2003; Karataş ve Çolak, 2005; Karataş, 2007; Ozkan ve ark., 2007b). Bunlardan *Buthidea* ailesinde yer alan *Androctonus*, *Leiurus Mesobuthus* soyları medikal yönden önemli türlere sahiptir (Özkan ve Kat, 2005; Özkan ve ark., 2006a).

Karaya çıktıkları ilk günden günümüze kadar morfolojik bakımdan çok az değişen akreplerin tanımlanan morfolojik özellikleriyle sistematikteki yerleri belirlenmiştir. Ancak günümüzde yararlanılmaya başlanan DNA temelli moleküler filogenetik teknikler ve analizlerle, bazı akreplerin aile, soy ve tür düzeyinde sistematikteki yerleri değişmiştir.

Bu araştırmada, Türkiye’nin Şanlıurfa ili Kıyas beldesine ait *A. crassicauda* akrep türünün morfolojik karakterlerle fenotip özelliklerinin belirlenmesi ve fenotipleri tanımlanan gruplar içerisinde ve arasındaki farklılıkların/benzerliklerin ya da yeni alttürün belirlenmesi ile Türkiye akrep faunasındaki filogenetik konumunun tespit edilmesi amacıyla mtDNA’nın büyük alt birimi olan 16S gen bölgesinde yararlanılarak PCR yöntemi ile DNA dizi analizi yapılmıştır.

Buthidae ailesine ait türlerde karapaksda üç çift lateral göz bulunur (Vachon, 1952b; Kovařík, 1999). *A. crassicauda* *Buthidae* ailesine ait bir türdür (Vachon, 1951; 1952c). Bu çalışmada kullanılan örneklerin tamamında, karapaksın anterio-laterinde üç çift lateral göz tespit edilmiştir.

Sistematikte *Androctonus* soyunun diagnostik özelliği olan vücut rengini (Vachon, 1952c; Kovařík, 1999), *A. crassicauda* vücut rengi için krem, koyu kahve ve siyah renkte, bacaklar daha açık renkli, iğne uç kısmı siyahımsı bir renkte olduğu bildirilmiştir (Yağmur, 2005; Yeşilyurt, 2005; Ozkan ve ark., 2006c). Bu araştırmada incelenen örneklerden; A grubu örneklerin vücut rengi, sarımsı-kızıl, B grubu örnekleri de kızıl ile koyu kahve renkli vücut, C grubu örneklerinde vücut, koyu kahve veya siyah renkli olduğu görülmüştür. Ancak tüm gruplarda bulunan örneklerin telsondaki iğnenin uç kısmı siyah renkli olması ile bu çalışmalar ile benzemektedir.

A. crassicauda türüne ait diğer bir diagnostik özellik olan pedipalplerinin chela kısmının yuvarlak ve dolgun, hareketli parmağının distalinde üç ve terminal kısmında bir granül bulunmasıdır (Kovařík, 1999). Çalışmada incelenen tüm örnekler bu diagnostik özellik ile uyumuştur. Ayrıca pedipalplerde, femurun iyi gelişmiş beş karinalı, ve tibianın 8 karinalı olduğu (Yağmur, 2005; Yeşilyurt, 2005) çalışmamızdaki örneklere ait bulgularla paralellik göstermiştir. Ayrıca, bildirilen hareketli parmakta 15, sabit parmakta ise 14 eğik granül dizisi çalışmalar desteklemektedir.

Karapaks da yer alan frontal karinalar öne doğru bir üçgen oluşturacak biçimde birbirinden uzaklaşarak kaparapaksın anterioruna ulaşmadan sonlandığı bildirilmiştir (Yağmur, 2005). Yağmur tarafından üçgen olarak tanımlanan frontal karinalar bu çalışmada "erlen" olarak tanımlanmıştır.

Orta Doğu ve Kuzey Afrika'da yayılış gösteren *Androctonus* soyuna bağlı türler genel morfolojik özelliklerindeki farklılıklar ile tanımlanmıştır. Orta Doğu'da yaygın olan *Androctonus bicolor*, chelanın silindirik, vücut renginin sarı; *A. amoreuxi*, III. metasomal segmentin uzunluğunun genişliğinden daha

fazla, *A. australis* ise V. metasomal segmentdeki ventrolateral karinaların posteriore doğru aynı büyüklükte ve daha açık renkli olması ile morfolojik olarak *A. crassicauda*'dan ayrılmaktadır (Vachon, 1952b; 1952c; 1952d; Levy ve Amitai, 1980). Lourenço (2005)'de tarafından Orta Doğu ve Kuzey Afrika'dan toplanan örneklerden *A. crassicauda*'nın alt türü olarak tanımlanan *A. crassicauda gonneti*'yi (Vachon, 1948) tür seviyesine yükselterek *A. gonneti* olarak sistematikte tanımlamıştır. Diğer taraftan *A. crassicauda crassicauda* alt türü *A. crassicauda*'nın sinonimi haline getirilerek *A. crassicauda* (Olivier, 1807) olarak tanımlanmıştır (Yağmur, 2005).

A. crassicauda'nın metasomal segmentlerin geniş, kalın ve dorsalde bulunan karinaların posteriora doğru giderek yükseklik kazandığı bildirilmiştir. Diğer yandan en kalın segmentlerin III. ve IV. segmentler ve I. segmentte 10 tam karinanın; II-IV. segmentler de ise 8 karinanın olduğu bildirilmiştir (Yağmur, 2005; Yeşilyurt, 2005; Kürtüllü, 2006; Ozkan ve ark., 2006c). Bu bulgular çalışmamız ile örtüşmektedir.

Ergin bir *A. crassicauda*'nın boy uzunluğu 80-100 cm arasında değişmektedir (Özkan ve Karaer, 2003; Ozkan ve ark., 2006c). Toplam boyu Vachon (1952c) 75 mm Yağmur (2005) 74.6 mm, Ozkan ve ark., (2006c) dişilerde, ortalama 90 mm; erkeklerde ortalama 83 mm uzunluğunda, olduklarını bildirmişlerdir. Bu araştırmada da vücut uzunluğu 87-92 mm ölçülmüştür.

Yapılan morfolojik çalışmalarda *A. crassicauda*'nın tarak organındaki diş sayısını Vachon (1952b) erkekte 33, Levy ve Amitai (1980) dişilerde 22-28, erkeklerde 27-34; Yağmur (2005) dişilerde 22-28, erkeklerde 27-34; Yeşilyurt (2005) dişilerde 24-29, erkeklerde 32-35; Ozkan ve ark., (2006c) dişilerde ortalama 25, erkeklerde ortalama 33 adet olarak bildirmişlerdir. Bu çalışmada da paralel bulgular elde edilmiştir.

Filogenetik ve filocoğrafik çalışmalarda yaygın olarak mtDNA kullanılmaktadır (Gantenbein ve ark., 2005). Bu da mtDNA molekülünde yeni kombinasyonların oluşmaması ve maternal kalıtım modeline sahip olmasından (Avisé 2004) kaynaklanmaktadır. Ancak, Gantenbein ve ark., (2005) tarafından Mesobuthus soyundaki Orta ve Batı Asya akreplerinde rekombinasyonun (farklı kromozonlar arasında homolog DNA dizisinin değişimi) olabileceğine yönelik bazı kanıtlar bildirmiştir. Akrebin mitokondrial genleri tam olarak henüz açıklanmamıştır. Diğer taraftan akardan 14, örümcektekenden üç ve Yeni Dünya akrebi *Centruroides limpidus* 'dan bir mitokondrial gen bölgesi tamamlanmıştır. Bu nedenle araknid filogenisi içerisinde akrebin esas ya da türemiş araknid olabileceği tezinde dolayı filogenetik konumu oldukça tartışılmaktadır (Jones ve ark., 2007). Fet ve ark., (2003) tarafından Türkiye'de bulunan ve medikal önemi bulunmayan Euscorpiidae ailesine ait akrep türlerinin moleküler genetik analizleri yapılmıştır.

Bu araştırmada *A. crassicauda* türünden elde edilen DNA dizi analizleri neticesinde, iki genetik grup tespit edilmiştir. Genetik gruplar örneklerin nükleotid dizisinde bulunan "T" nükleotidinin ilavesi ya da silinmesinden kaynaklanan varyasyonla açıklanmıştır. Bu farklılıktan dolayı örnekler iki genetik gruba ayrılmıştır (Çizelge 4.1).

Gantenbein ve Largiadèr (2002) tarafından GenBank'a kaydı yapılan bir adet *A. crassicauda*'ya (Şanlıurfa-Türkiye) ait sekans verisi ile karşılaştırıldığında bu araştırmadaki genetik grupları belirleyen "T" nükleotidi, G2 ile uyumlu (Çizelge 4.2) sonuç gösterirken G1 ile farklılık görülmüştür (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.1. G1’de bulunan “T” nükleotidinin ilavesi ya da G2’deki “T” nükleotidin eksilmesi ile iki genetik grup oluşmuştur.

GENETİK GRUPLARIN EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 527 bits (285), Expect = 1e-146 Identities = 314/315 (99%), Gaps = 1/315 (0%) Strand=Plus/Plus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTGTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Query	61	AGACCCTATAAACTTTATA TTTTTTTGTTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTGG	120		
Sbjct	61	AGACCCTATAAACTTTATA TTTTTTTGTTTTTGATTAAGGGAAAAATATTACACTGG	119		
Query	121	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAA	180		
Sbjct	120	GGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAA	179		
Query	181	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA	240		
Sbjct	180	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA	239		
Query	241	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGC	300		
Sbjct	240	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGC	299		
Query	301	TTAAAAAGGAGGTCT	315		
Sbjct	300	TTAAAAAGGAGGTCT	314		

Çizelge 4.2. G2 ile *Androctonus crassicauda* sekans verisinin eşleştirilmesi.

GENETİK GRUP 2 (Query) VE <i>Androctonus crassicauda</i> (Sbjct) SEKANS VERİSİ EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 555 bits (300), Expect = 6e-155 Identities = 350/353 (99%), Gaps = 0/353 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	60		
Sbjct	367	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGAAGAAATGAATT	308		
Query	61	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	120		
Sbjct	307	TTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTT	248		
Query	121	ATATTTTTTTGTTTTT GATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAG	180		
Sbjct	247	ATATTTTTTTGTTTTT AATTAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAG	188		
Query	181	CTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA	240		
Sbjct	187	CTTCTTTGAAAAATAAACGAACTTGTTTTAATACCTAGAAATTTTAAAAATAGAAATAA	128		
Query	241	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	300		
Sbjct	127	GTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTAT	68		
Query	301	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAAAAAGGAG	353		
Sbjct	67	GACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTTCGCAAAAAGCTTAAAAAGGAG	15		

Ayrıca araştırma örneklerinden elde edilen tüm DNA dizilerinin, *A. crassicauda* dizisi ile yapılan eşleştirmesinde “T” nükleotidinden ayrı, G2’de üç pozisyonda genetik varyasyon tespit edilmiştir. Bu genetik varyasyonlar, iki nükleotid pozisyonunda ki **G↔A** ve bir pozisyonda da **T↔C** nükleotid

dönüşümleri olarak görülmüştür. Bu genetik varyasyonların bulunduğu nükleotidler, örneklerin nükleotid dizilerine ait kromotogram görüntüleri ile teyit edilmiştir.

Diğer taraftan, G1 grubunda “T” nükleotid varyasyonu ile birlikte farklı dört nükleotid pozisyonunda da genetik varyasyonlar belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Bu genetik varyasyonlar, G2 grubunda olduğu gibi, iki nükleotid pozisyonunda **G↔A** ve bir pozisyonda da **T↔C** nükleotid dönüşümleri olarak görülmüş ve doğrulanmıştır. Ancak G2'nin eşleştirilmesinde farklı olarak bir pozisyonda **G↔∅** nükleotid ilavesi ya da silinmesi şeklinde varyasyon tespit edilmiştir (Çizelge 4.3). Ancak G2'nin örneklerinin kromotogram görüntüleri değerlendirilmiş, bu genetik varyasyonunun G2'nin tüm örneklerinde mevcut olduğu görülmüştür. Bu da G2'nin nükleotid uzunluğunun (314 bç), G1 nükleotid uzunluğundan (315 bç) kısa olmasından kaynaklanmaktadır. Çünkü grupları belirleyen “T” nükleotidinin eksikliğinden dolayı G2 314 bç olarak belirlenmiştir. Tespit edilen bu genetik varyasyonlar ilk bu araştırmada bildirilmiştir.

Çizelge 4.3. G1 ile *Androctonus crassicauda* sekans verisinin eşleştirilmesi.

GENETİK GRUP 1 (Query) ve <i>Androctonus crassicauda</i> (Sbjct) SEKANS VERİSİ EŞLEŞTİRİLMESİ					
Score = 505 bits (273), Expect = 6e-140 Identities = 310/315 (98%), Gaps = 2/315 (0%) Strand=Plus/Minus					
Query	1	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTCTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGA	60		
Sbjct	324	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTCTAGTAAAAAGGCTAAAAATACATCTTTTAGACAAGA	265		
Query	61	AGACCTATAAACTTTTATA TTTTTTTGTTTTT GATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	120		
Sbjct	264	AGACCTATAAACTTTTATA TTTTTTTGTTTTT AATTAAAGGGAAAAATATTACACTGG	206		
Query	121	GGCGGTGAAGAAATTAG GCTTCTTTTGAAAAATAAACGAAC TGTTTTAATACCTAGAA	180		
Sbjct	205	GGCGGTGAAGAAATTAG ACTTCTTTTGAAAAATAAACGAAC TGTTTTAATACCTAGAA	146		
Query	181	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA	240		
Sbjct	145	ATTTTAAAAATAGAAATAAGTTACTTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTA	86		
Query	241	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAAAGC	300		
Sbjct	85	ATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTAATAACCTTTTGTGCGCAAAAAGC	26		
Query	301	TTAAAAAGGAG TCT	315		
Sbjct	25	TTAAAAAGGAG TCT	12		

Ehrenberg (1828) tarafından *Androctonus*'un bir alt soyu olarak tanımlanan *Leiurus quinquestriatus*'u, daha sonra Vachon (1949), *Leiurus* soyu içerisinde tek tür şeklinde tanımlamıştır (Yağmur, 2005). *L. quinquestriatus*, Türkiye akrep faunasında, Adıyaman (Tulga, 1964), ve Gaziantep (Yağmur, 2005) illerinde bildirilmiştir. Bu çalışmada grup içi ve gruplar arası oluşturulan soyağaçlarında *L. quinquestriatus* grup dışı kullanılmıştır. Oluşturulan soy ağaçları içerisinde örneklerden farklı olarak konumlanmıştır.

Mesobuthus gibbosus Balkan Yarımadası'nın güneyi (Arnavutluk, Bulgaristan, Karadağ, Makedonya, Yunanistan), Ege Adaları'nın tamamı ve Türkiye'yi içeren geniş bir alanda yayılmaktadır (Fet ve ark., 2000). Schenkel (1947), bir örnekle *M. gibbosus*'un tarak organındaki diş sayılarını dikkate alarak Anadolu popülasyonlarını *Mesobuthus gibbosus anatolicus* alttürü olarak tanımlamıştır. Kritscher (1993), tarafından bu alttürü reddetmesine karşın alttür durumu hala tartışmalıdır. Ancak son zamanlarda *Mesobuthus* soyundaki Orta ve Batı Asya (Türkiye'deki türler Çizelge 3.58 verilmiştir) türleriyle yapılan moleküler temelli çalışmalarda (Fet ve ark., 2003; Gantenbein ve ark., 2003; Gantenbein ve Keightley, 2004) bu alttür bildirilmemiştir.

Gantenbein ve ark., (2003) tarafından Avrasya da bulunan *Mesobuthus* türlerinin filogenetik konumları belirlenmiştir. Türkiye akrep faunasından *Mesobuthus eupeus* ve *M. gibbosus* türleri kullanılmıştır. *Mesobuthus eupeus* türleri doğu, *M. gibbosus* da batı sınıfı içerisinde konumlanmıştır. Bu araştırma da Türkiye faunasından Gantenbein ve ark., (2003) tarafından kullanılan GenBank verileri kullanılmış ve *Mesobuthus* soyuna ait DNA dizisi olan *M. gibbosus* türü ile oluşturulan soyağacında filogenetik analizi yapılan örneklerin % 100 oranda *Androctonus* ve *Mesobuthus* soyuna ayrıldıkları ve örneklerinde kendi soyları altında konumlandıkları görülmüştür. Bu paralelde, *Mesobuthus eupeus* türü ile yapılan filogenetik analizde de *M.gibbosus*'dan ayrıldığı ve bu türün A.

crassicauda'ya daha yakın olduđu tespit edilmiştir. Çünkü, *Mesobuthus eupeus*'un Türkiye'de Dođu Anadolu, Güneydođu Anadolu ve İç Anadolu Bölgelerinde bulunan yaygın bir türdür (Kinzelbach, 1985; Fet ve ark., 2000; Karataş ve Karataş; 2001; 2003).

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu araştırmada, aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir;

- a. Son zamanlarda *Androctonus crassicauda* üzerine yapılan morfolojik çalışma sonuçları bu araştırmanın sonuçlarıyla da desteklenmiştir.
- b. Türkiye’de ilk defa *A. crassicauda*’ya ait sekans verisi (Çizelge 5.1) bu çalışma ile elde edilmiştir.
- c. Sekanslar GenBank veri sistemine kaydedilmiştir.
- d. *A.crassicauda* fenotip olarak üç gruba ayrılmış olmasına rağmen 16S gen bölgesi bakımından iki genetik grup tespit edilmiştir.
- e. Genetik gruplardan, G1’i fenotip C1’i (siyah) ve G2’yi C2-3 (siyah) temsil ettiği belirlenmiştir.
- f. GenBank’da bulunan *A. crassicauda* sekans verisi “**T**” nükleotidinin ilavesi/eksilmesinden bağımsız olarak dört adet nükleotitte genetik varyasyon tespit edilmiştir.Bunlar;
 - G1 grubunda; “**T**” nükleotidinin ilavesi/eksilmesi
 - G1 grubunda; iki farklı nükleotid pozisyonunda **G↔A** nükleotid dönüşümü
 - G1 grubunda; **T↔C** nükleotid dönüşümü
 - G1 grubunda; **G↔∅** nükleotid ilavesi ya da silinmesi dönüşümü
 - G2 grubunda; iki farklı nükleotid pozisyonunda **G↔A** nükleotid dönüşümü

- G2 grubunda; T↔C nükleotid dönüşümü olan genetik varyasyonlar tespit edilmiştir.

Çizelge 5.1. Örneklerin sekansları.

ÖRNEK	Gen Bank Acc. Number	SEKANS	UZUNLUK (BÇ)
A1	FJ217732	AATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTAGAC AAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTAAGG GAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTTTGAA AAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAATAGAAAT AAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCTAATT GACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTTTGT TGCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTTAAAATTTTC CATGATCTGAGTTCAAATCGA	347
A2	FJ217733	GAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGTTGA AGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTTTTA GACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTA AGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCTT TGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAATAG AAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTTCT AATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAATACCTTT TGTTCGCAAAAGCTTAAAAA	347
B1	FJ217734	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACAT CTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTG ATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT TTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAA AATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAA GTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAAT ACCTTTTGTTCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTT AAA	328
B2	FJ217735	TTTTAATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTT TTTAGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATA CATCTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTT TGATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGG CTTTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTT AAAATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGA AAGTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAA ATACCTTTTGTTCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGTCTGTTGACCT T	373
B3	FJ217736	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACAT CTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTG ATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT TTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAA AATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAA GTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAAT ACCTTTTGTTCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGT	312
C1	FJ217737	AGTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACAT CTTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTG ATTAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCT TTCTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAA AATAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAA GTTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAAT ACCTTTTGTTCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGTCTGTTGACCTTT AAAAATTT	333
C2	FJ217738	TTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTAGT TGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATCTT TTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGATTA AAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTTCT TTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAATA GAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAGTT CTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAATACC TTTTGTTGCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGT	355
C3	FJ217739	AATTTGAGACTGGAATGAAAGAGTAAACCAGGAGGATTTTTTTTA GTTGAAGAAATGAATTTTACTTTTTAGTAAAAAGGCTAAAATACATC TTTTAGACAAGAAGACCCTATAAACTTTATATTTTTTTGTTTTGAT TAAAGGGAAAAATATTACACTGGGGCGGTGAAGAAATTAGGCTTT CTTTGAAAAATAAACGAACCTTGTTTAATACCTAGAAATTTAAAATA TAGAAATAAGTTACTTTAGGGATAACAGCTTAATTCACCTAGAAAG TTCTAATTGACAAGTGAGTTTATGACCTCGATGTTGAATTTAAAATAC CTTTTGTTCGCAAAAGCTTAAAAGGAGGTCT	359

ÖZET

***Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807;Scorpiones:Buthidae)'nın Genotiplendirilmesi ve Filogenetik Konumu**

Akrepler, son 400 milyon yıldır şekillerini çok az değiştirdiğinden yaşayan fosiller olarak tanımlanabilir. Karakteristik şekilleriyle kolayca tanınırlar. Akrepler, Arachnida sınıfında zehirli artropodlar olup örümcekler, keneler ve akarların akrabaları olarak düşünülmektedir.

Araknid filogenisinde özellikle, akrelerin filogenetik pozisyonu tartışmalıdır. Mitokondrial DNA, filogenetik ve filocoğrafik çalışmalarda yaygın olarak kullanılmaktadır. *Androctonus* soyundan *Androctonus crassicauda* antivenom üretimi ve skorpionizm için çok önemli akrep türüdür. Bu tür Orta Doğu coğrafyasında yaygın bulunmaktadır. *A.crassicauda* Güney Doğu Anadolu, özellikle Şanlıurfa ve Mardin'de insan skorpionizm vakaları için diğer türlerden çok daha önemlidir.

Bu çalışmada, Orta Doğu akrebi *A.crassicauda*'nın morfometrik ölçümlerini ve kullanılan 16S mitokondriyal DNA bölgesi ile genetik identifikasyonu belirlemek ve filogenetik analiz uygulanması ve Türkiye akrep faunasında bulunan türlerle filogenetik ilişkisini belirlenmesi amaçlandı.

Bu araştırmada, erkek ve dişi akrepler Şanlıurfa ilinden toplandı. Türün identifikasyonu için önemli vücut kısımları hassas dijital kumpas ile ölçüldü ve ayrıca 16S mtDNA bölgesi kullanılarak *A. crassicauda*'nın genetik identifikasyonu araştırıldı. Örnekler fenotipik olarak kızıl-kahverengi, kızıl-sarı ve siyah olarak üç gruba ayrıldı.

Genetik analiz için bütün örnekler % 96 etanol içerisinde muhafaza edildi. DNA bacak kas dokusundan fenol/klorform ekstraksiyon protokolüne göre izole edildi. 16S bölgesi kullanılan üniversal primerlerle PCR ile amplifiye edildi. Elde edilen DNA sekans verileri BLAST 2 programı ile eşleştirildi ve düzenlendi. Bütün yeni DNA sekansları GenBank'da depolandı. Kullanılan ClustalX programı ile filogenetik ağaçlar oluşturuldu. Böylece, Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ve DNA sekans verileri ile *A.crassicauda* tanımlandı.

Sunulan çalışmanın verileri ile *A. crassicauda*'nın teşhis anahtarları ve güncel bulgularının karşılaştırılmasında gruplar arasında morfolojik farklılık tespit edilmemiştir. Ancak, bu çalışmada, genetik analiz sonuçlarına göre iki genetik grup belirlendik.

Bu arařtırmanın sonuçlarına gre, GenBank'da kayıt edilen *A. crassicauda'nın* sekans verisi ile karřılařtırıldıđında 16S blgesinde 5 farklı nkleotidde genetik varyasyon deđerlendirildi. Bu nkleotid varyasyonlar ilk bu alıřma ile rapor edildi.

Anahtar Kelimeler: Akrep; *Androctonus crassicauda*; morfometri; PCR; Genotip; Trkiye.

SUMMARY

Genotyping and phylogenetic position of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807;Scorpiones:Buthidae)

Scorpions can be regarded as living fossils because they have changed so little during the last 400 million years. They have an easily recognisable characteristic shape. Scorpions are venomous arthropods of the Arachnida class and are considered relatives of spiders, ticks and mites. A key order in the arachnid phylogeny, is highly disputed in particular, the phylogenetic position of the Scorpiones.

Mitochondrial DNA (mtDNA) is widely used for phylogeographic and phylogenetic studies. *Androctonus crassicauda* from *Androctonus* genus is the most important scorpion species in Turkey for scorpionism and antivenom production. This species is found commonly in the Middle Eastern geography. *Androctonus crassicauda* can be found most commonly in south-eastern Anatolia, especially in Sanliurfa and Mardin provinces and is more important than other scorpion species for human scorpionism cases.

In this study, we aimed to determine the morphometric measurements and the genetic identification using 16S mitochondrial DNA region in the Middle Eastern scorpion *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807), and performe phylogenetic analysis using 16S mitochondrial DNA, and to explore further phylogenetic relationship with the scorpions in Turkey.

In this research, males and females scorpions were collected from Sanliurfa region with a sensitive digital capillars' body parts those important for the identification of a species. The specimens have been measured and genetically characterized using 16S mitochondrial DNA markers. The specimens were phenotypically divided into three group; reddish-brown; brown-yellow and black.

To analysis genetically, all the specimens were preserved in 96% ethanol. The DNA was extracted from leg muscle tissues using phenol/chloroform protocol. The 16S region was amplified by PCR using the universal primers. The obtained DNA sequences were edited and aligned using BLAST 2 program. All new DNA sequences were deposited in GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). The phylogenetic trees were created using ClustalX program. Then, Polymerase Chain Reaction (PCR) and DNA sequence data were utilized to identify *A. crassicauda*.

Comparing recent findings on *A. crassicauda* with the data from the present study, and according to the identification key, no morphological differences were detected between groups. However, this study determined two genetic groups according to the sequence analysis results.

This study showed that five different loci at the nucleotide level were determined to have genetic variation in the 16S region when compared with a known *A. crassicauda* sequence data (Gen Bank Acc. AJ277598). Nucleotide variations found in this research are the first descriptive report for *A. crassicauda*.

Key Words: Scorpion; *Androctonus crassicauda*; morphometri; PCR; Genoytpe; Turkey

KAYNAKLAR

- ALEXANDER, J.O. (1984). Scorpion sting. In: *Arthropods and Human Skin*. Berlin: Springer-Verlag, 199-207.
- ALTINIŞIK, M. (2008). Nükleotidler ve nükleik asitler. Erişim: [www.mustafaaltinisik.org.uk/89-1-12.pdf] Erişim Tarihi, 2008.
- ARNEDO, M.A., OROMI, P., RIDERA, C. (2002). Radiation of the spider genus *Dysdera* (Arenea, Dysderidae) in Canary Islands: Cladistic assesment based on multiple data sets. *Cladistic*, **17**; 313-353.
- ARNHEIM, N., ERLICH, H. (1992). Polymerase chain reaction strategy. *Ann. Rev. Biochem.*, **61**; 131 – 56.
- AVISE, J.C. (2004). Molecular Markers, Natural History and Evolution. 2nd Ed., Chapman and Hall, 684, New York.
- AYTAÇ, G. (1992). *Mesobuthus gibbous* türü akrep zehirinin şıçanlara etkili minimal lethal dozunun (MLD50) saptanması. E.Ü Sağlık Bilimleri Enst. Parazitoloji Anabilimdalı Yüksek Lisans Tezi.
- BALOZET, L. (1971). Scorpionism in the old world. In: Bücherl W., Buckley E. Eds., *Venomous Animals and Their Venoms. Venomous Invertebrates*. New York: Academic Press., **3**(56); 349-71.
- BARDAKÇI, F., KARATAŞ, M. (2005). Moleküler Belirteçler ve Sistematikte Kullanım Alanları. [In: Ed: Karataş, M.] Bölüm **15**; 425-434.
- BENTON, T.G. (1991). The life history of *Euscorpium flavicaudis* (Scorpiones, chactidae). *J. Arachnol.*, **19**; 105–110.
- BİLGİN, C.C. (1999). Sistematik zoolojide farklılık katsayısı (CD) kullanımı ve alttür kavramı. *Tr. J. Zoology.*, **23**(3); 769-773.
- BIRULA, A.A. (1917a). Arthrogastric Arachnids of Caucasia, I: Scorpions, Ann. Caucasian Museum, Tiflis, A 5, 253 pp. [in Russian], English translated by J. Salkind, Edited by E. Rabinovitz, *Israel Program for Scientific Translation*, No. 1206, Jerusalem, 1964, v+170.
- BIRULA, A.A. (1917b). Fauna of Russia and Adjacent Countries: Arachnoidea, Vol. I, Scorpions, No. 1, in:., Petrograd, xx+224 pp. [in Russian], English translated by B. Munitz, Edited by E. Rabinovitz, *Israel Program for Scientific Translation*, Jerusalem, 1965, xix+154.

- BOKMA, J. (2005). Scorpions mating. Erişim: [<http://johnbokma.com/mexit/2005/07/06/scorpions-mating.html>]. Erişim Tarihi: 2008.
- BULLINGTON, W.S. (1996). Natural history and captive care of flat rock scorpion *Hadogenes troglodytes* (Peters), *Vivarium*, **7(5)**; 18–21.
- BÜCHERL, W. (1971). Classification, biology and venom extraction of scorpion In: Bücherl W., Buckley E. Eds., *Venomous Animals and Their Venoms. Vol. III, Venomous Invertebrates*. New York: Academic Express. 3, 317-347.
- CAMPOS, D. (1986). Primeiro registro fóssil de scorpionoidea na chapada do araripe (Cretáceo Inferior), *Brasil. Ana. Academ. Brasileira Ciê.*, **58(1)**; 135–137.
- CARVALHO, M., LOURENÇO, W. (2001). A new family of fossil scorpions from the early *Cretaceous of Brazil*. *Paris Ser. Sci. Vie.*, **332**; 711–716.
- CASPER, G.S. (1985). Prey capture and stinging behavior in the emperor scorpion, *Pandinus imperator* (Koch) (Scorpiones, Scorpionidae). *J. Arachnol.*, **13**; 277–283.
- CLARY, D.O., WOLSTENHOLME D.R. (1985). The ribosomal RNA genes of *Drosophila* mitochondrial DNA. *Nucl. Acids Res.*, **13(11)**; 4029-4045
- CRUCITTI, P. (1993). Some topics on distribution patterns of the genus *Mesobuthus* in the near east based on ecological data (Scorpiones: Buthidae), *Biologia Gallo-Hellenica*, **20(1)**; 69-74.
- CRUCITTI, P. (1998). The scorpions of Anatolia: Biogeographical patterns (Scorpiones). XXXIIème Congr. Soc. Ital Biogeogr. Biogeogr. Anatolia-Roma, 29–31 Ottobre 1998: 34.
- CRUCITTI, P. (1999). The scorpions of Anatolia: Bio-geographical patterns, *Biogeo.*, **20**; 81-94.
- CRUCITTI, P. (2000). Scorpioni e escorpionismo nella provincia di Adiyaman (Turchia sudorientale) (Scorpiones). *Biol. Ital.*, **6**; 17-20.
- CRUCITTI, P. (2001). Problemi socio-sanitari dell'infestazione da scorpioni di Adiyaman (Turchia sud-orientale). *Biol. Ital.*, **11**; 42-48.
- CRUCITTI, P. (2003). Ricerche bio-ecologiche su *Androctonus crassicauda* nell'Anatolia sudorientale (Scorpiones, Buthidae). *Boll. Soc. entomol. Ital.*, **135(1)**; 3-14.

- CRUCITTI P., CICUZZA, D. (2000). Gli scorpioni del Parco Nazionale del Monte Nemrut (Turchia sud-orientale) (Scorpiones). *Mem. Soc. entomol. Ital.* **78(2)**; 275–294.
- CRUCITTI, P., CICUZZA, D. (2001). Scorpions of Anatolia: ecological patterns. In *Scorpions 2001. In memoriam Gary A. Polis*. Fet V. & Selden P.A. Eds., *Brit. Arachnol. Soc.* 225–234.
- CRUCITTI, P., MALORI, M. (1998a). Gli Scorpioni (Scorpiones) del Tauro (Turchia), *G. it. Ent.*, 9, 131-136 [in Italian with English summ.]. Crucitti, P. (1999). The scorpions of Anatolia: Bio-geographical patterns, *Biogeo.*, **20**; 81-94.
- CRUCITTI, P., MALORI, M. (1998b). Gli scorpioni (Scorpiones) del Tauro (Turchia). *Gior. Ital.Entomol.*, **9(48)**; 131–136.
- CRUCITTI, P., VIGNOLI, V. (2002). Gli scorpioni (Scorpiones) dell'Anatolia sud-orientale (Turchia). *Boll. Mus. Sci. nat. Torino*, **19(2)**; 433–480.
- ÇAGLAR, M. (1957). Omurgasız Hayvanlar, İ.Ü. Yayınlarından Sayı: 712, Fen Fakültesi yayınları, **20** ; 103 – 108.
- DAVID, C. (2005). Scorpion stings. *eMedicine Journal*, **2**;12.
- DAWSON, J. (2001). The Scorpion Files. Norwegian University of Science and Technology. Erişim:[<http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/>http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/large_small.jpg] Erişim Tarihi: 2008
- DEMIRSOY, A. (1998). Yaşamın Temel Kuralı, Omurgasızlar, Cilt II, Kısım I, 2.Baskı, Ankara. 734–739.
- DEMIRSOY, A., DURMUŞ, Y., AKBULUT, A. (2001). Türkiye scorpiones (akrep) faunasının sistematik ve biyolojik yönden incelenmesi. *Proje No : 1998 K 1001 40. Çevre Bakanlığı Çevre Koruma Genel Müdürlüğü Hayvanları Koruma Dairesi Başkanlığı*. Ankara. 118.
- DUNLOP, J.A., WEBSTER, M. (1999). Fossil evidence, terrestrialization and Archnid phylogeny. *J. Arachnol.*, **27**; 86–93.
- ENIGMA. (2008). Polymerase Chain Reaction (PCR) Technique.Erişim : [<http://www.enigmadiagnostics.com>]. Erişim Tarihi : 2008.
- ERGÜDEN, D. (2007). Türkiye denizlerindeki tirsilerin (Alosa Spp.) moleküler sistematığı. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi Su Ürünleri Anabilim Dalı Adana, 2007. 94.

- FARLEY, R.D. (1999). Ventral mesosomal changes in embryos from three scorpion families: Luridae, Buthidae and Vaejovidae. *J. Arachnol.*, **27**; 123–128.
- FET, V. (1985). Notes on some *Euscorpium* (Scorpiones: Chactidae) from Greece and Turkey, *Riv. Mus. civ. Nat. E.Caffi, Bergamo*, **9**; 3-11.
- FET, V. (1987). [The taxonomy and polymorphizm of *Euscorpium mingrelicus* (Kessler) (Scorpiones: Chactidae) in the Caucasus], 313, In: Problems of Soil Zoology (IX All-Union Conference), Tbilisi [in Russian].
- FET, V. (1988). Calchas Birula, 1899, a valid name, not a homonym of Chalcas Klug, 1850 (Scorpionida, Luridae and Coleoptera, Melyridae), *Bull. Br. Arachnol. Soc.*, **7(8)**; 252.
- FET, V. (1990). Old World Scorpions in the Smithsonian, *Amer. Arachnology*, **41(3)**; 3.
- FET, V. (1993). Notes on *Euscorpium mingrelicus* (Kessler, 1874) (Scorpiones: Chactidae) from the Caucasus, *Riv. Mus. civ. Nat. 'E.Caffi' Bergamo*, **16**; 1-8.
- FET, V. (1997a). Research note a note on *Euscorpium carpathicus* (Scorpiones, Chactidae) from the Crimea, *J. Arachnol.*, **25**; 106-108.
- FET, V. (1997b). Notes on the taxonomy of some Old World scorpions (Scorpiones: Buthidae, Chactidae, Ischnuridae, Scorpionidae), *J. Arachnol.*, **25(3)**; 245-250.
- FET, V. (1998). Case 3026: *Androctonus caucasicus* Nordmann, 1840 (currently *Mesobuthus caucasicus*; Arachnida, Scorpiones): Proposed conservation of the specific name, *Bult. Zool. Nomenci.*, **55(1)**; 14-16.
- FET, V., M. BARKER B. GANTENBEIN, B. (1999). Species-level variation of the mitochondrial 16S rRNA gene sequence: use in molecular systematics and biogeography. *Proceedings of the West Virginia Academy of Science*, **71(1)**; 15.
- FET, V., BECHLY, G. (2001). Case 3120a. Liochelidae, fam. nov. (Scorpiones): proposed introduction as substitute name for Ischnuridae Simon, 1879, as alternative to the suggested emendment of Ischnuridae Fraser, 1957 (Insecta, Odonata) to Ischnurinae in order to remove homonymy. *Bult. Zoo. Nomenci.*, **58(4)**; 280–281.
- FET, V., BRAUNWALDER, M.E. (2000). The scorpions (Arachnida, Scorpiones) of the Aegean area: Current problems in taxonomy and biogeography. *Belgian J. Zool.*, **130(1)**; 17–22.

- FET, V., KARATAŞ, AY., FET, E.V., KARATAŞ, A. (2003). [First data on the molecular phylogeny of Euscorpium (Scorpiones: Euscorpidae) from Turkey], Zool. Zhurnal (Moscow), 82 (12): 1518-1521 [in Russian; English summary; English translation published in: *Entomol Rev.*, 2003, **83(Suppl. 2)**; 249-252].
- FET, V., POLIS, G.A., SISSOM, W.D. (1998). Life in sandy deserts: the scorpion model. *J Arid Environ.*, **39**; 609-622.
- FET, V., SISSOM, W.D., LOWE, G., BRAUNWALDER, M.E. (2000). Catalog of the scorpions of the world (1758–1998). New York. *The New York Entomol Soc.*, 690.
- FET, V., SOLEGLAD, M.E. (2002). Morphology analysis supports presence of more than one species in the “*Euscorpium carpathicus*” complex (Scorpiones: Euscorpidae). *Euscorpium*, **3**; 1–51
- FET V., SOLEGLAD, M.E. (2005). Contributions to scorpion systematics. I. on recent changes in high-level taxonomy. *Euscorpium*, **31**; 1–8.
- FOLMER, O., BLACK, M.B., HOCH, W., LURZ, R.A., VRIJEHOEK, R.C. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial Cytochrome c Oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol.*, **3**; 294-299.
- FOSSIL MUSEUM. (2008). Eurypteris remipes Eurypterid sea scorpion fossil. Erişim:[<http://www.fossilmuseum.net/fossils/Chelicerata/Eurypteris-remipes/ER02B.jpg>]. Erişim Tarihi: 2008.
- FRANCKE, O.F. (1981). Taxonomic and zoogeographic observations on *lurus* Thorell (Scorpiones, luridae), *Bull. Br. Arachnol. Soc.*, **5(5)**; 221-224.
- FRANCKE, O. F., SOLEGLAD, M.E. (1981). The family luridae Thorell, 1876. *J. Arachnol.*, **9**; 233-258.
- GANTENBEIN, B., FET, V., BARKER, M.D. (2001). Mitochondrial DNA markers reveal a deep, divergent phylogeny in *Centruroides exilicauda* (Wood) (Scorpiones: Buthidae). Pp. 235–244 in: Fet, V. & P. A. Selden (eds). Scorpions 2001. In Memoriam Gary A. Polis. Burnham Beeches, Bucks: British Arachnological Society.
- GANTENBEIN, B., FET, V., GANTENBEIN-RITTER, I. A., BALLOUX, F. (2005). Evidence for recombination in scorpion mitochondrial DNA (Scorpiones: Buthidae). *Proc Biol Sci.*, **272(1564)**; 697–704.
- GANTENBEIN, B., FET, V., GROMOV, A.V. (2003). The first DNA phylogeny of four species of *Mesobuthus* (Scorpiones, Buthidae) from Eurasia, *J. Arachnol.*, **31**; 412-420.

- GANTENBEIN B., FET V., LARGIADÈR C.R., SCHOLL, A. (1999). First DNA phylogeny of the genus *Euscorpium* Thorell 1876 (Scorpiones, Euscorpiidae) and its bearing on the taxonomy and biogeography of this genus. *Biogeog.*, **75(3)**; 59–72.
- GANTENBEIN, B., KEIGHTLEY, D.P. (2004). Rates of molecular evolution in nuclear genes of east Mediterranean scorpions. *Evolution Int J Org Evolution.*, **58**; 2486-97.
- GANTENBEIN, B., KROPF, C., LARGIADÈR, C. R., AND SCHOLL, A. (2000). Molecular and morphological evidence for the presence of a new Buthid taxon (Scorpiones: Buthidae) on the island of Cyprus. *Rev. suisse Zool.*, **107(1)**; 213-232.
- GANTENBEIN, B., LARGIADÈR, C.R. (2002). *Mesobuthus gibbosus* (Scorpiones: Buthidae) on the island of Rhodes - hybridization between Ulysses' stowaways and native scorpions? *Mol Ecol.*, **11**; 925–938.
- GIRIBET, G., GREGORY, D., EDGECOMBE, W., WHEELER, W.C. (2001). Arthropod phylogeny based on eight molecular loci and morphology. *Nature*, **413(13)**; 157-161.
- HADLEY, N.F. (1974). Adaptational biology of desert scorpions. *J. Arachnol.*, **2**; 11–23.
- HADORN, E., WEHNER, R. (1974). Allgemeine zoologie. *Georg Thime Verlag*. Stuttgart, 533.
- HARRISON, R.G. (1989). Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends Ecol. Evol.*, **4**; 6-11.
- HARRISON, R.G., RAND, D.M., TILLIER, S., WHEELER W.C. (1987). Mitochondrial DNA variation in field crickets across a narrow hybrid zone. *Mol Biol Evol.*, **24**; 363-371.
- HJELLE, J.T. (1974). Observations on the birth and post-birth behavior of *Syntropis macrura*. Kraepelin. (Scorpionida: Vaejovidae). *J. Arachnol.*, **1**; 221-227.
- HUBER, D., GANTENBEIN, B., FET, V., SCHERABON, B. (2001). *Euscorpium carpathicum* (L.) from Austria (Scorpiones: Euscorpiidae): phylogenetic position clarified by mitochondrial DNA analysis. Pp. 273–278 in: Fet, V. & P. A. Selden (eds). Scorpions 2001. In Memoriam Gary A. Polis. Burnham Beeches, Bucks: *British Arachnological Society*.
- HUBERT, H., EVI, W., THIERRY, G. (1996). The relative abundance of *Brotheas amazonicus* (Chactidae, scorpiones) in different habitat types of a central Amazon rainforest. *J. Arachnol.*, **24**; 34–38.

- ISBISTER, GK., GRAUDINS, A., WHITE, J., WARRELL, D. (2003). Antivenom treatment in Arachnidism. *J Toxicol Clin Toxicol.*, **41(3)**; 291-300.
- ISMAIL, M., ABD-ELSALAM M.A., AL-AHAIDIB, M.A. (1994). *Androctonus crassicauda* a dangerous unduly neglected scorpion-I pharmacological and clinical studies. *Toxicon*, **32(12)**; 1599–1618.
- JONES, M., GANTENBEIN B., FET, V., BLAXTER, M. (2007). The effect of model choice on phylogenetic inference using mitochondrial sequence data: Lessons from the scorpions. *Mol Phylogenet Evol.*, **43(2)**; 583-595.
- KADIOĞLU, M. (2008). Mezopotamya'nın büyük düşü GAP'ı iklim değişimi ve iradesizliğe kaptırmayayım! *Hürriyet Gazetesi*, Erişim: [<http://www.hurriyet.com.tr/yazarlar/9524615.asp?yazarid=109>]. Erişim Tarihi: 28 Temmuz 2008.
- KARATAŞ, A. (2001). Doğu Akdeniz akrep (Scorpiones) faunası, E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi. 93.
- KARATAŞ, A. (2003). New records on the occurrence of *Hottentotta saulcyi* (Simon, 1880) (Scorpiones: Buthidae) In Turkey, *Israel J. Zool.*, **49(4)**; 315-316.
- KARATAŞ, A. (2005). *Mesobuthus caucasicus* (Nordmann, 1840) (Scorpiones: Buthidae) in Turkey, *Euscorpius — Occasional Publications In Scorpology, Euscorpius*, **25**; 1–7.
- KARATAS, A. (2007). *Mesobuthus nigrocinctus* (Ehrenberg, 1828) (Scorpiones: Buthidae) in Turkey: Distribution and morphological variation. *Euscorpius — Occasional Publications in Scorpology, Euscorpius*. **56**; 1-12.
- KARATAŞ, A., ÇOLAK, M. (2005). Scorpions of Gaziantep province (Turkey) (Arachnida: Scorpiones), *Euscorpius — Occasional Publications In Scorpology, Euscorpius*, **30**; 1–7.
- KARATAŞ, AY., KARATAŞ, A. (2001). First record of *Mesobuthus eupeus* (C.L. Koch, 1839) from central Anatolia (Scorpiones: Buthidae), p. 297-299 in Fet, V. & P.A. Selden (eds.). Scorpions 2001: In Memor-iam Gary A. Polis. Burnham Beeches, Bucks: *British Arachnological Society*.
- KARATAŞ, AY., KARATAŞ, A. (2003). *Mesobuthus eupeus* (C.L. Koch, 1839) (Scorpiones: Buthidae) in Anatolia, *Euscorpius*, **7**; 1-7.
- KARATAŞ, A., KÜRTÜLLÜ, M. (2006). Duplication of pedipalp segments in the scorpion *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) (Scorpiones: Buthidae) *Euscorpius — Occasional Publications in Scorpology, Euscorpius*. **43**; 1-4.

- KENCE, A. (2006). Türkiye balarılarında genetik çeşitlilik ve korunmasının önemi. *Uludağ Arıcılık Dergisi*. Şubat, 25-32.
- KINZELBACH, R. (1975). Die skorpione der ägäis: Beiträge zur systematik, phylogenie und biogeographie, -the Aegean scorpions, *Zool. Jb. Syst. Bd.*, **102**; 12-50.
- KINZELBACH, R. (1980). Zur kenntnis des kaukasischen skorpions *Calchas nordmanni*, Birula, 1899 (Scorpionida: Chactidae), *Verh. naturwiss. Ver. Hamburg*, (NF), **23**; 169-174.
- KINZELBACH, R. (1982). Die skorpionssammlung des naturhistorischen museums der stadt mainz, -teil I: Europa und Anatolien, *Mainzer Naturw. Archiv*, 20, 49-66.
- KINZELBACH, R. (1984). Die skorpionssammlung des naturhistorischen museums der stadt mainz, -teil II: Vorderasien, *Mainzer Naturw. Archiv*, **22**; 97-106.
- KINZELBACH, R. (1985). Vorderer orient. Skorpione (Arachnida: Scorpiones), tübinger atlas der vorderer Orients (TAVO), Karte Nr. A VI 14.2.
- KINZELBACH, R., KRUPP, R., ROTH, G., SCHNEIDER, W. (1985). Katalog der stationen der zoologischen sammelreisen im vorderen orient 1975-1983, Senckenberg-Courier, Frankfurt a. M.
- KJELLESVIG – WAERING, E. (1986). A restudy of the fossil scorpionida of the world. *Paleontographica Americana* (55). New York: *Paleontological Research Institute, Ithaca*, 287.
- KOCATAŞ, A. (2003). Ekoloji ve Çevre Biyolojisi. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi yayınları, No: 51, Bornova, İzmir, 597.
- KOVAŘÍK, F. (1996). First report of *Compsobuthus matthiesseni* (Scorpionida: Buthidae) from Turkey, *Klapalekiana*. **32**; 53–55.
- KOVAŘÍK, F. (1998). Stiri [Scorpions]. Madagaskar: Jihlava [Czech], 176.
- KOVAŘÍK, F. (1999). Review of European scorpions, with a key to species, *Serket*, **6(2)**; 38-44
- KUMAR, S., TAMURA, K., NEI, M. (2004). MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment *Briefings in Bioinformatics*. **5**;150-163.
- KURU, M. (1999). Omurgalı Hayvanlar. Palme Yayıncılık, Ankara, 702.

- KÜHN, A. (1964). Grundriss der allgemeinen zoologie. *Georg Thieme Verlag*. 15. Aufl., Stuttgart, 309.
- KÜRTÜLLÜ, M. (2006). Mardin ili'nde akrep türlerinin (Ordo: Scorpiones) dağılımı ve sistematik yönden incelenmesi. Niğde Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı Yüksek lisans tezi, 51.
- LAMORAL, B.A. (1980). Reappraisal of the suprageneric classification of recent scorpions and their zoogeography. in: gruber j. ed. verhandlungen. 8. Internationaler Arachnologen-Kongress Abgehalten Ander Universität Fur Bodenkultur Wien, 7–12 Juli, 1980. Vienna: H. Egermann, 1980, 439–444.
- LATOXAN. (2008). Erişim: [<http://www.latoxan.com>]. Erişim Tarihi: 2008.
- LEVY, G., AMITAI, P. (1980). Scorpiones, In: Fauna Palaestina, Arachnida I., *Israel Acad. Sci. Human.*, Jerusalem, 130.
- LINNAEUS, C. VON. (1758). Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis, Tomus I, Editio decima, reformata, L. Salvii, Holmiae [= Stockholm], 824.
- LOGAN, I. (2005). The medical implications of complete mitochondrial DNA sequencing. Erişim:[<http://www.jogg.info/12/Logan.htm>. Erişim Tarihi]. Erişim Tarihi : 2008.
- LOURENÇO, W. R. (1996). The biogeography of scorpions, [*Proceedings of the XIIIth International Congress of Arachnology, Geneva, 3-8.IX.1995*] Rev. suisse Zool., hors serie: 437-448.
- LOURENÇO W.R. (1998a). Une nouvelle famille est nécessaire pour des microscorpions humicoles de madagascar et d'afrique. *Paris Ser. Sci. Vie.*, 321, 845–848.
- LOURENÇO W.R. (1998b). A new species of Apistobuthus Finnegan, 1932 (Scorpiones, Buthidae) from Iran. Hamburg: *Entomologische Mitteilungen Aus Dem Zoologischen Museum*, **12(157)**; 237–244.
- LOURENÇO W.R. (2000a). Panbiogeographie, les familles des scorpions et leur repartition géographique. *Biogeo.*, **76**; 21–39.
- LOURENÇO, W. R. (2000b). Reproduction in scorpions, with special reference to parthenogenesis, *European Arachnology*, 71-85.
- LOURENÇO W.R. (2001a). Further taxonomic consideration on the northwestern African species of Buthacus Birula (Scorpiones, Buthidae), and description of two new species. Hamburg: *Entomologische Mitteilungen Aus Dem Zoologischen Museum*, **13(163)**; 255–269.

- LOURENÇO, W.R. (2001b). Male holotype of *Palaeoananteris ribnitiomadgartensis* (family Buthidae) in amber. Locality and horizon: Samland Peninsula, Baltic Coast. Eocene about 50 MY-BP. Photo by professor Wilson Lourenço (C). Erişim:[[http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/p_ribnitiomadgartensis\(fossil\).jpg](http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/p_ribnitiomadgartensis(fossil).jpg)]. Erişim Tarihi: 2008.
- LOURENÇO, W.R. (2002). Nouvelles considérations sur la classification et la biogéographie du genre *Microbuthus* Kraepelin (Scorpions, Buthidae): Caractérisation d'une nouvelle sous-espèce pour le Maroc. *Biogeog.*, **78(4)**; 165–176.
- LOURENÇO, W.R. (2003). Compléments a la faune de scorpions (Arachnida) de l'afrigue du nord, avec des considérations sur le genre *Buthus* Leach, 1815. *Rev. Suisse Zool.*, **110(4)**; 875–912.
- LOURENÇO, W.R. (2005). Nouvelles considérations taxonomiques sur lesespèces du genre *Androctonus* Ehrenberg, 1828 et description de deux nouvelles espèces (Scorpionés, Buthidae). *Rev.Suisse de Zool.*, **112(1)**; 145-171.
- LOURENÇO, W.R., CUELLAR, O. (1999). A new all-female scorpion and the first probable case of arrhenotoky in scorpion. *J. Arachnol.*, **27**; 149–153.
- MARR, J.C. (1957). The problem of defining and recognising subpopulations of fishes. *U.S. Fish Wild. Serv. Spec. Sci. Rep.*, **208**; 1-6.
- MAXAM, A.M., GILBERT, W. (1977). A new method for sequencing DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **74(2)**; 560-564.
- MCPHERSON, M.J., MØLLER, S.G. (2001). PCR: The basics from background to bench. BIOS Scientific Publishers Limited, 276., Oxford.
- MERDİVENCİ, A. (1981). Medikal entomoloji, İstanbul Üniversitesi Cerrahpaşa Tıp Fakültesi Yayınları Rektörlük No:2811 Dekanlık No.**74**; 285–289.
- METEOROLOJİ BÖLGE MÜDÜRLÜĞÜ, ŞANLIURFA. (2008). Şanlıurfa'nın Coğrafik Konumu. Erişim:[<http://sanliurfa.meteor.gov.tr/ortasayfa/sanliurfa/sanliurfaorta.html>]. Erişim Tarihi: 2008.
- MULLEN, G., STOCKWELL, S.A. (2002). Scorpions (Scorpionés). In: MULLEN G., DURDEN L. Eds. *Med Vet Entomol.*, Amsterdam: Academic Press. 411 – 423.
- NENILIN, A.V., FET, V. (1992). Zoogeographical analysis of the world scorpion fauna (Arachnida Scorpionés), *Arthropoda Selecta*, **1(2)**; 3-31.

- NUNN, G.B., THEISEN, B.F., CHRISTENSEN, T. B., ARCANTER, P. (1996). Simplicity-correlated size growth of the nuclear 28S ribosomal. RNA D3 expansion segment in the crustacean order Isopoda. *J. Mol. Evol.*, **42**; 211-223.
- OLGUN, G. (2007). Türkiye’de yayılıs gösteren kayalık faresi, *Apodemus mystacinus* (Danford and Alston, 1877) (Mammalia: Rodentia) populasyonlarının RAPD-PCR analizi. A.Ü. Fen Bilimleri Ens. Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı. Ankara. 65.
- OYTUN, H.Ş. (1969). Tıbbi Entomoloji. A.Ü Tıp Fak. Yayınlarından Sayı: 218, Ankara,
- OZKAN, O., ADIGÜZEL, S., ATES, C., BOZYIGIT, I., FILAZI, A. (2006a). Optimization of antiscorpion venom production. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, **12(3)**; 390-399.
- OZKAN, O., ADIGUZEL S., YAKIŞTIRAN S., CESARETLI Y., KARAER, Z. (2006b). *Androctonus crassicauda* (Oliver 1807) scorpionism in Sanliurfa province region of Turkey. *Acta Par. Turcica.*, **30(3)**; 239-245.
- OZKAN, O., ADIGUZEL, S., KAR, S. (2006c). Analysis of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) (Scorpiones: Buthidae) parametric values in Turkey. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, **12(4)**; 549-559.
- OZKAN, O., ADIGUZEL, S., KAR, S., YAKISTIRAN, S., CESARETLI, Y., KARAER K. Z. (2007a). Determination of potency and paraspecific effects of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) antivenom against *Mesobuthus gibbosus* (Brullé, 1832) Venom (Scorpiones: Buthidae). *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, **13(2)**; 500-508.
- OZKAN, O., CIFTCI, G., PEKMEZC, I G.Z., KAR, S., UYSAL, H., KARAER, K.Z. (2007b). Proteins, lethality and in vivo effects of *lurus dufourei asiaticus* scorpion venom *Toxicon*. **50(3)**; 294-395.
- OZKAN, O., FILAZI, A. (2004). The determination of acute lethal dose-50 (LD50) levels of venom in mice, obtained by different methods from scorpions, *Androctonus crassicauda* (Oliver 1807). *Acta Par. Turcica.*, **28(1)**; 50–53.
- OZKAN, O., KAT, I. (2005). *Mesobuthus eupeus* scorpionism in Sanliurfa region of Turkey. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, **11(4)**; 479–491.
- ÖZCEL, M.A, DALDAL, N. (1997). Parazitolojide Arthropod Hastalıkları ve Vektörler. *Türkiye Parazitoloji Derneği Yayını*, No:13; İzmir, 461–464.

- ÖZDİL, F. (2007). Mitokondriyel DNA PCR-RFLP (Restriksiyon Parça Uzunluk polimorfizmi markerleri kullanılarak türkiye'nin farklı yörelerine ait bal arılarının tanımlanması. A.Ü. Fen Bilimleri Ens. Zootekni Anabilim Dalı, Doktora Tezi. Ankara. 141.
- ÖZKAN, N. (1992). *Mesobuthus gibbous* türü akrep zehirinin farelerde minimal lethal dozunun(MLD50) saptanması E.Ü Sağlık Bilimleri Enst. Parazitoloji Anabilimdalı Yüksek Lisans Tezi, İzmir.
- ÖZKAN, Ö., KARAER, Z. (2003). Türkiye akrepleri. *Türk Hij Tecr Biyol Derg.*, **60(2)**; 55 – 62.
- ÖZKAN, Ö., KARAER, Z. (2004). Body structures of scorpions. *Acta Par. Turcica*. **28**; 54–58.
- ÖZKAN, Ö., KARAER, Z. (2007). Akreplerin biyolojisi. *Türk Hij Tecr Biyol Derg.*, **64(1)**; 51-60.
- ÖZKAN, Ö., YAMAN, N. (2004). Akrepler. *Ankara Bölgesi Veteriner Hekimler Odası Bülteni*, Ankara. Kasım, 15-18.
- POLIS, G. (1990). The Biology of Scorpions. Gary A. Polis, Ed. Stanford, California: Stanford University Press, 587.
- POLIS, G.A., FARLEY, R.D. (1979). Behavior and ecology of mating in the cannibalistic scorpion, *Paruroctonus mesaensis* sthanke (Scorpionida: Vaejovidae). *J. Arachnol.*, **7**; 33–46.
- PRENDINI, L. (2000). Phylogeny and classification of the superfamily Scorpionoidea Latreille 1802 (Chelicerata, Scorpiones): An exemaplar approach, *Cladistics*, **16**; 1-78.
- PRENDINI, L. (2001). Two new species of Hadogenes (Scorpiones, Ischnuridae) from South Africa, with a redescription of *Hadogenes bicolor* and a discussion of the phylogenetic position of Hadogenes. *J. Arachnol.*, **29**; 146–172.
- PRENDINI, L. (2003a). A new genus and species of Bothriurid scorpion from the Brandberg Massif, Namibia, with a reanalysis of Bothriurid phylogeny and a discussion of the phylogenetic position of Lisposoma Lawrence. *System. Entomol.*, **28**; 149–172.
- PRENDINI, L. (2003b). Revision of the genus Lisposoma Lawrence, 1928 (Scorpiones, Bothriuridae). *Insect System. Evol.*, **34**; 241–264.
- PRENDINI, L., CROWE, T.M., WHEELER, W.C. (2003c). Systematics and biogeography of family Scorpionidae (Chelicerata: Scorpiones), with a discussion on phylogenetic methods. *Invertebrate Systematics*, **17**; 185-259.

- PRENDINI, L., HANNER, R., DESALLE, R. (2002). Obtaining, storing and archiving specimens and tissue samples for use in molecular studies. pp. 176-248 In: DeSalle, R., Giribet, G. and Wheeler, W.C. (Eds.) *Methods and Tools in Biosciences and Medicine. Techniques in Molecular Evolution and Systematics*. Birkhäuser Verlag AG, Basel.
- PRENDINI, L., WHEELER, W.C. (2005). Scorpion higher phylogeny and classification, taxonomic anarchy, and standards for peer review in online publishing. *Cladistics*, **21**; 446–494.
- RADMANESH, M. (1990). *Androctonus crassicauda* sting and its clinical study in Iran, *J. Trop Med Hyg.*, 93, 323- 326.
- REIN, J.O. (2008). The Scorpion Files. Norwegian University of Science and Technology. Erişim: [<http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/>]. Erişim Tarihi: 2008.
- SAIKI, R.K., GELFAND, D.H., STOFFEL, S., SCHARF, S.J., HIGUCHI, R., HORN, G.T., MULLIS, K.B., ERLICH, H.A. (1988). Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*, **239**; 487-491.
- SAIKI, R.K., SCHARF, S., FALOONA, F. MULLIS, K.B. HORN, G.T., ERLICH, H.A., ARNHEIM, N. (1985). Enzymatic amplification of I-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science*, **230**; 1350-1354.
- SAMBROOK, J., FRITSCHI, E.F., MANIATIS, T. (1989). *Molecular cloning: A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- SANGER, F., NICKLEN, S., COULSON, A.R. (1977). DNA sequencing with chainterminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **74(12)**; 5463-5467.
- SANTIAGO-BLAY, J., FET, V., SOLEGLAD, M.E., CRAIG, P. (2004). A second scorpion specimen from Burmese Amber (Arachnida: Scorpiones). *J Syst Palaeontology*. **2(2)**; 147–152.
- SAVARY, W.E. (1996). Lavral orientation in scorpion: Phylogenetic patterns and ecological speculation, Presented as aPoster at *The American Arachnological Society Meeting*, August, Tuscon, Arizona.
- SCHENKEL, E. (1947). Einige Mitteilungen über Spinnentiere, *Rev. Suisse Zool.*, **54(1)**; 13-16.
- SIMON, C., F. FRATI, A. BECKENBACH, B., CRESPI, H., FLOOK, P. (1994). Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Entomol. Soc. Am.*, **87**; 651–701.

- SISSOM, W. (1990). Systematics, biogeography and paleontology. In: Polis G. Ed. *The Biology of Scorpions*. Stanford, California: Stanford University Pres. 64–160.
- SOLEGLAD, M.E., FET, V. (2003a). High-level systematics and phylogeny of the extant scorpions (Scorpiones: Orthosterni). *Euscorpius*. **11**; 1–175.
- SOLEGLAD, M.E., FET V. (2003b). The scorpion sternum: structure and phylogeny (Scorpiones: Orthosterni). *Euscorpius*, **5**; 1–34.
- SOLEGLAD, M.E., FET, V., KOVARIK, F. (2005). The systematic position of the scorpion genera *Heteroscorpion* Birula, 1903 and *Urodacus* Peters, 1861 (Scorpiones: Scorpionoidea). *Euscorpius*. **20**; 1–38.
- SOLEGLAD, M.E., SISSOM, W. (2001). Phylogeny of the family Euscorpiidae Laurie, 1896: A major revision. In: Fet V., Selden P. Eds. Scorpions. In Memoriam Gary Polis, A. *British Arachnological Society*. Burnham Beeches: Bucks. 25–111.
- STOCKWELL, S. (1989). Revision of the phylogeny and higher classification of scorpions (Chelicerata). Berkeley, California, University of Berkeley. Michigan, Ann Arbor: University Microfilms International, PhD Thesis. 319.
- TAMURA, K., DUDLEY, J., NEI, M., KUMAR, S. (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol.*, **24**; 1596-1599.
- TATIANA, A.T., THOMAS L.M. (1999). "Blast 2 sequences - a new tool for comparing protein and nucleotide sequences", *FEMS Microbiol Lett.*, **174**; 247-250
- TERUEL, R. (2002). First record of *Mesobuthus eupeus* (Koch, 1839) from western Turkey (Scorpiones: Buthidae), *Revista Ibérica de Aracnología*. **5**; 75-76.
- TOGAN, İ., SOYSAL, İ., BERKMEN, C.C., KOBAN, E. (2005). Irkların korunmasında moleküler işaretler. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*. **2(1)**; 43-49.
- TOLUNAY, M.A. (1959). Zur verbreitung der skorpione in der Türkei, *Z Angew Entomol.*, **43(4)**; 366–370.
- TUBİTAK. (2008). TUBİTAK Bilim ve Teknik Dergisi. Erişim: [http://www.biltek.tubitak.gov.tr/merak_ettikleriniz/index.php?kategori_id=7&oru_id=3956]. Erişim tarihi: 2008.

- TULGA, T. (1960). Türkiye' de varlığı ilk defa tespit edilen bir akrep türü (*Buthus quinquestriatus*) ile *Prionurus crassicauda*'ya karşı hazırladığımız akrep serumları arasında çapraz proteksiyon. *Türk Hij Tecr Biyol Derg.*, **20(2)**; 191-203.
- TULGA, T. (1964). Türkiye akrepleri ve Türkiye'de hazırlanmış anti-*Androctonus crassicauda* akrep serumunun paraspesifik etkisi. *Türk Hij Tecr Biyol Derg.*, **29(2)**; 146–155.
- TURAN, C. (2000). Stok ve tür tespitinde kullanılan moleküller, IV. Su Ürünleri Sempozyumu, Erzurum, 151-152.
- TURAN, C. (2002). Genetik. Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: **2**; Hatay, 169.
- ÜNLÜ, E. (2008). GAP'ın Ekolojik Etkileri. D.Ü. Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü. Erişim: [<http://www.dicle.edu.tr/~halks/kon12.htm>]. Erişim Tarihi: 2008.
- VACHON, M. (1947a). Remarques préliminaires sur le faune des Scorpions de Turquie, *Bull. Mus. Natl. Hist. Nat.*, **19(2)**; 161-164.
- VACHON, M. (1947b). Repartition et origine des scorpions de Turquie, *C. R. Société de Biogéog.*, **206(3)** ; 26-29.
- VACHON, M. (1951). A propos de quelques scorpions de Turquie collectés par M. le Professeur Dr. Curt Kosswig, -Prof. Kosswig tarafından Türkiye'de toplanan akrepler hakkında, *İ.Ü. Fen Fak. Mec.*, B, 16(4), 341-344.
- VACHON, M. (1952a). Description des scorpions du Nord-Ouest de L'Afrique (Maroc, Algerie, Tunisie, Fezzan, Sahara et Sahel). A. Famille des Buthidae E. Simon, 1879. [Part I: *Genera Cicileus, Buthiscus, Lissothus, Butheoloides and Anoplobuthus*]. In: VACHON M. *Etudes Sur Les Scorpions*. Inst. Pasteur D' Algerie, 71-115.
- VACHON, M. (1952b). Description des scorpions du Nord-Ouest de L'Afrique (Maroc, Algerie, Tunisie, Fezzan, Sahara et Sahel). A. Famille des Buthidae E. Simon, 1879. [Part II: Genus *Androctonus*]. In: VACHON M. *Etudes Sur Les Scorpions*. Inst. Pasteur D' Algerie, 116-78.
- VACHON, M. (1952c). Determination des scorpions du Nord-Ouest de L'Afrique: Tableau regionaux. Secteur sahlien [Regional identification keys for North-African scorpions (keys for families, genera and species). Also identification keys for identifying specimens based on the body, pedipalps or cauda]. In: VACHON M. *Etudes Sur Les Scorpions*. Inst. Pasteur D' Algerie, 420-70.
- VACHON, M. (1952d). Morphologie, Bionomie et repartition mondiale. In: VACHON M. *Etudes Sur Les Scorpions*. Inst. Pasteur D' Algerie, 1-44.

- VACHON, M. (1966). Liste des scorpions connus en Egypte, Arabie, Israël, Liban, Syrie, Jordanie, Turquie, Irak, Iran, *Toxicon*. **4**; 209-218.
- VACHON, M., KINZELBACH, R. (1987). On the taxonomy and distribution of the scorpions of the Middle East, *Tuebingen Atlas des Vorderen Orients*, A. **28**; 91-103.
- VANFLETEREN, J. (2004). Homepage: Working on ageing of *Caenorhabditis elegans* and phylogeny of nematodes. Erişim: [<http://users.ugent.be/~avierstr/index.html>]. Erişim Tarihi 2007.
- WAHLBERG, N., ZIMMERMANN, M. (2000). Pattern of phylogenetic relationships among members of the tribe Melitaeini (Lepidoptera: Nymphalidae) inferred from mtDNA sequences. *Cladistics*, **16**; 347-363.
- WIKIPEDIA. (2008). Fattail Scorpion. Erişim: [http://en.wikipedia.org/wiki/Fattail_scorpion] Erişim Tarihi: 2008.
- WILSON, A.C., CANN, R.L., CARR, S.M., GEORGE, M., GYLLENSTEN, U.B., HELMBYCHOWSKI, K.M., HIGUCHI, R.G., PALUMBI, S.R., PRAGER, E.M., SAGE, R.D., STONEKING, M. (1985). Mitochondrial-DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biol J Linn Soc.*, **26**; 375-400.
- WIRKNER, C.S., PRENDINI, L. (2007). Comparative morphology of the hemolymph vascular system in scorpions- a survey using corrosion casting, MicroCT, and 3D-Reconstruction. *J Morphol.*, **268(5)**; 401-413.
- VİSSER, J. (2008a). Embryo from *Opisthophthalmus laevip*. Erişim: [http://www.ub.ntnu.no/scorpion-files/visser/o_laevipes_embryo.jpg]. Erişim tarihi: 2008.
- VİSSER, J. (2008b). A *Uroplectes* sp. female giving birth. Erişim:[www.ub.ntnu.no/.../uroplectes_sp_birth1.jpg]. Erişim tarihi: 2008.
- WOLFANG, B. (1971). Classification, Biology and Venom Extraction of Scorpions. In: Bücherl W., Buckley E. Eds., *Venomous Animals and their Venoms. Vol. III, Venomous Invertebrates*. New York: **3(55)**; 317–349.
- YAĞMUR, E.A. (2005). Gaziantep akrepleri (Ordo: Scorpiones) ve zoocoğrafik dağılışları, Gaziantep Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü Yüksek Lisans Tezi. 150.
- YAMAN, N. (1996). Akrepler ve tıbbi önemleri, A.Ü Sağlık Bilimleri Enst. Parazitoloji Anabilimdalı Entomoloji ve Protozooloji Bilim Dalı Seminer.
- YEŞİLYURT, F. (2005). Anadolu'daki bazı akreplerin sistematığı ve biyoekolojisi (Arachnida: Scorpionida). Kırıkkale Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Bölümü Yüksek Lisans Tezi. 91.

- YTHIER, E. (2003). Embryos of a *Parabuthus* species. Eriřim: [www.ub.ntnu.no/.../visser/o_laevipes_embryo.jpg]. Eriřim tarihi: 2008.
- ZIMMERMANN, M., WAHLBERG, N., DESCIMON, H. (2000). Phylogeny of *Euphydryas* checkerspot butterflies (Lepidoptera: Nymphalidae) based on mitochondrial DNA sequence data. *Ann Entomol Soc Am.*, **93**; 347-355.
- ZUHAIR, S.A. (1988). Arthropods of medical importance in Jordan. *Jordan Med. J.*, **22**; 125-37.

ÖZGEÇMİŞ

I. BİREYSEL BİLGİLER

Adı : Özcan
Soyadı : ÖZKAN
Doğum yeri tarihi : Tunceli, 04 Nisan 1971
Medeni durumu : Evli
Askerlik durumu : Yaptı
İletişim adresi ve telefon :
 Şair Nazım Sk. Açelya Blk. 4/4 Y.Ayrancı- Çankaya/ANK. 0 312 440 64 07.
 E-posta: ozcanozkan_62@hotmail.com

II. Eğitim

Derece	Alan	Üniversite	Yıl
Lisans	Veteriner Fakültesi	Ankara Üniversitesi	1990-96
Y. Lisans	Veteriner Fakültesi	Ankara Üniversitesi	1990-96

Yabancı dil: İngilizce 55 (Mart 2006).

III. Unvanları

G ö r e v	Yıl	Kurum
Veteriner Hekim	1996	Refik Saydam Hıfzıssıhha Merkez Başkanlığı
Veteriner Hekim	1996-1999	RSHMB-Deney Hayvanları Laboratuvarı
Laboratuvar Şefi (Müdür)	1999-2000	RSHMB-Serum Üretim Laboratuvar Şefliği
Laboratuvar Şefi	2000-2001	RSHMB-Biyolojik Kontrol ve Araştırma Laboratuvarı
Laboratuvar Şefi (Müdür)	2001-2002	RSHMB-Serum Üretim Laboratuvar Şefliği
Laboratuvar Şefi	2002-2003	RSHMB- Zehir Araştırmaları Müdürlüğü
Laboratuvar Şefi	2003-2006	Zehir Araştırmaları Müdürlüğü-Kalite Temsilcisi
Laboratuvar Şefi	2006-	RSHMB- Deneysel Araştırma ve Uygulama Merkezi

IV. Mesleki Deneyimi

Turkish Journal Arachnology, Yayın Kurulu Üyesi, 2009-.

Turkish Journal Arachnology, Yayın Değerlendirme Hakemi, 2008-

Journal of Ven. Anim. and Tox. Incl. Trop. Diseases, Yayın Kurulu Üyesi, 2008-.

Journal of Ven. Anim. and Tox. Incl. Trop. Diseases, Yayın Değerlendirme Hakemi, 2005-

07-18 Temmuz 2008 Laboratuvar Hayvanları Bilim Kursu, Urecht Üniversitesi- Hollanda.

RSHMB Hayvan Test Araştırma Merkezinin Kurulması- MAT07/TR/15. **Proje Sorumlusu**

07 Temmuz- 04 Ağustos 2006. Akrep venom Araştırması, Department of Entomology, University of California, Davis, CA 95616, USA-**Araştırmacı.**

2006 EU Pre-Accession Financial Assistance Program 2004-Project No: TR 0402.10-twinning- EN ISO/IEC 17025 Quality System, Ministries of Health, Ankara. **Proje çalışanı.**

Temmuz 2004- Haziran 2007. İyi Laboratuvar Uygulamaları Projesi RTA Assistant .

Temmuz 2004 - Eylül 2007. İyi Laboratuvar Uygulamaları Projesi (EU Pre-Accession Financial Assistance Program 2004-Project No: TR 0402.10-twinning) Ministry of Health. **Kalite Sorumlusu**

Temmuz 2004 - Eylül 2007. İyi Laboratuvar Uygulamaları Projesi (EU Pre-Accession Financial Assistance Program 2004-Project No: TR 0402.10-twinning) Ministry of Health. **Proje çalışanı.**

2004 The Animal origin Venoms Research Center DPT-Project (Project of RSHC -MOH) Refik Saydam Hygiene Center- **Proje Sorumlusu.**

V. Üye Olduğu Bilimsel Kuruluşlar

Ankara Bölgesi Veteriner Hekimler Odası
 Veteriner Hekimler Derneği
 Türkiye Parazitoloji Dergisi
 Türkiye Araknoloji Derneği

VI. Bilimsel İlgi Alanları

VI.A. Science Citation Index (SCI) Tarafından Taranan Hakemli ve Süreli Dergilerde Yayınlanan Makaleler

A.1 Ozkan, O., Adiguzel S., Inceoglu, B., Lango J., Ertek M., Hammock Evaluation of the neutralizing capacity of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) antivenom against *Leiurus quinquestratus* (Ehrenberg, 1928) venom (Scorpiones: Buthidae). *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2008, 14(3), 481-496. **(SCI)**.

A.2 Ozkan O., Carhan A. The neutralizing capacity of *Androctonus crassicauda* antivenom against *Mesobuthus eupeus* scorpion venom. *Toxicon*. 2008, 52(2), 375-379 **(SCI)**

A.3 Ozkan O., Uzun R., Adigüzel S., Cesaretli Y., Ertek M. Evaluation of scorpion sting incidence in Turkey. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2008, 14(1), 128-140.**(SCI)**

A.4 Ozkan O., Bakır F., Adigüzel S., Effects of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) (Scorpiones: Buthidae) venom on rat metabolism. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2008, 14(1), 45-57 **(SCI)**.

A.5 Ozkan O., Gulay Ciftci, Gokmen Zafer Pekmezci, Sırrı Kar, Hamdi Uysal, Kadri Zafer Karaer. Proteins, lethality and *in vivo* effects of *Leiurus dufoureius asiaticus* scorpion venom. *Toxicon*. 2007, 50(3), 394-399 **(SCI)**.

A.6 Ozkan O., Adiguzel S., Yakiřtiran S. Kar S., Cesaretli Y., Karaer Z. Determination Of Potency And Paraspecific Effects of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) Antivenom Against Mesobuthus Gibbosus (Brullé, 1832) Venom (Scorpiones: Buthidae). *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2007, 13(2), 500-508. **(SCI)**

A.7 Ozkan O., Kar S, Güven E, Ergün E. Comparison of proteins, lethality and immunogenic compounds of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) (Scorpiones: Buthidae) venom obtained by different methods. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2007, 13(4), 844-856. **(SCI)**

A.8 Adigüzel S., **Ozkan, O.**, Inceoglu B. Epidemiological and clinical characteristic of scorpionism in children in Sanliurfa. *Toxicon*. 2007. 49(6), 875–880. **(SCI)**.

A9 Ozkan O., Adiguzel S., Kar S., Kurt M., Yakistiran S., Cesaretli Y., Orman M., Karaer Z. Effects of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807, Scorpiones: Buthidae) venom on rats: correlation among acetylcholinesterase activities and electrolytes levels. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2007, 13(1), 69-81. **(SCI)**.

VI.B. BIOSIS, BIOABS, ZOOREC, IBIS, ECOABS, CSA, IM, DI, vb. İndeksler Tarafından Taranan Hakemli ve Süreli Dergilerde Yayınlanan Makaleler

B1. Ozkan, O., Filazi A. The determination of acute lethal dose-50 (LD50) levels of venom in mice, obtained by different methods from scorpions, *Androctonus crassicauda* (Oliver 1807). *Acta Parasitologica Turcica* . 2004. 28 (1), 50-53.

B2. Ozkan O., Adiguzel S., Kar S. Analysis of *Androctonus crassicauda* (Olivier, 1807) (Scorpiones: Buthidae) parametric values in Turkey. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2006, 12(4), 549-559.

B3. Ozkan O., Adiguzel S., Yakiřtıran S., Filazi A. Study on the relation of venom toxicity of *Androctonus crassicauda* (OLIVIER, 1807) (SCORPIONES; BUTHIDAE) with telson size, weight and storage condition. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2006 12(2), 297-309.

B4. Ozkan, O., Kat, İ., *Mesobuthus eupeus* scorpionism in Sanliurfa region of Turkey. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2005, 11(4), 479-491.

B5. Ozkan, O., Karaer, Z., 2004. Body structures of scorpions. *Acta Parasitologica Turcica*. 28 (1): 54-8.

B6. Ozkan O., Adiguzel S., Ateř C., Bozyigit I., Filazi A. Optimization of antiscorpion venom production. *J. Venom. Anim. Toxins incl. Trop. Dis.*, 2006, 12(3), 390-399.

B7. Ozkan, O., Adiguzel S., Yakiřtıran S., Cesaretli Y., Karaer, Z., *Androctonus crassicauda* (Oliver 1807) scorpionism in Sanliurfa province region of Turkey. *Acta Parasitologica Turcica*. 2006 30(3), 239-245.

B8. Ozkan, O., Karaer, Z., Biology of scorpions. *Turkish Bulletin of Hygiene and Experimental Biology*. 2007, 64(1), 51-60.

B9. Özcan Özkan, Akrep antivenom üretimi. *Türk Hijyen ve Deneysel Biyoloji Dergisi*. 2008, 65(2), 97-108.

VI.C. Ulusal Hakemli Dergilerde Yayınlanan Makaleler

C1. Ozkan, O., Aylan, O., Ateş, C., 2004. Production of heterolog anti-rabies immune sera. *Etlik Vet.Control and Research Ins. J. Microbiology*, 15(1-2),49-54.

C2. Bozyiğit, İ., Ozkan, O., Belen, H., Nobunaga, T. A study breeding SPF. *Turkish Bulletin of Hygiene and Experimental Biology*, 2004, 61(1, 2, 3), 29-35.

C3. Ozkan, O., Karaer, Z., 2003. The scorpions in Turkey, *Turkish Bulletin of Hygiene and Experimental Biology*. 60(2), 55 – 62.

VI. D. DİĞER

D1. Ozkan, O., Yaman, N., 2004. Scorpion, Bulletin, Association of Veterinary Medicine in Ankara, November, 15-17.

D2. Ozkan, O., Yaman, N., 2004. Scorpion Venom, Bulletin, Association of Veterinary Medicine, Ankara, February, 19-22.

D3. Ozkan, O., Yaman, N., 2004. Envenomation Scorpion and First Aid, Bulletin, Association of Veterinary Medicine, Ankara, May, 14-16.

VII. Bilimsel Etkinlikleri

A. Aldığı Burslar

A.1 07 Temmuz- 04 Ağustos 2006. Akrep venom Araştırması, Department of Entomology, University of California, Davis, CA 95616, USA. Sağlık Bakanlığı

A.2 Laboratuvar Hayvanları Bilimi, Utrecht – Hollanda. 2008. MATRA

A.3 GLP-Principle Investigator, Modra- Slovakia.2008. Avrupa Birliği.

A.4 GLP-Principle Investigator, Bratislava- Slovakia.2008. Avrupa Birliği.

B. Ödüller

B1. Scorpionism in children in Sanliurfa, Turkey. TASSA Annual Conference, 24-25 Mart 2007, Yale, Univesity, CT-USA. Poster, Ömer TUNÇ Ödülü.

C. Projeleri

C.1. Türkiye Enfeksiyon Hastalıkları Kontrol Projesi, SPF Fare Üretimi. Ankara. Sağlık Bakanlığı- JICA. 2002

C.2. The Animal origin Venoms Research Center DPT-Project (Project of RSHC -MOH) Refik Saydam Hygiene Center. 2004.

C.3. RSHMB Hayvan Test Araştırma Merkezinin Kurulması- MAT07/TR/15. Sağlık Bakanlığı- Hollanda. 2008.

D. Konferans ya da verdiği seminerler

1. Konferans

Toxicology Congre X. Bite and Stings, toxications Carbon Monookside; 20-22 May 2004/ Bursa, 2004 (Konuşmacı).

Türk Araknoloji Derneği, Kırıkkale Üniversitesi, Sempozyum. 25 Aralık 2008. Kırıkkale. Türkiye Akrep Çalışmalarına Bakış (Konuşmacı).

Seminerler

Akrepler. A.Ü Sağlık Bilimleri Enst. Parazitoloji AD. Doktora Programı I.Seminer, 2007.

Türkiye Akrepleri ve Coğrafik Dağılımı. A.Ü Sağlık Bilimleri Enst. Parazitoloji AD. Doktora Programı I. Seminer, 2007.

Laboratuvar Hayvanları Bilimi Kursu 17-23 Kasım 2008 Ankara.

2. Posterler

The determination of acute lethal dose-50 (LD50) levels of venom in mice, obtained by different methods from scorpions, *Androctonus crassicauda* (Olivier 1807). Clinic Toxicology Congre X. Bite and Stings, Toxications Carbon Monookside; 20-22 May 2004/ Bursa, 2004.

Production of Scorpion Antivenom From Little Amount of Telson In A Short Time Clinic Toxicology Congre X. Bite and Stings, toxications Carbon Monookside; 20-22 May 2004/ Bursa, 2004.

Androctonus crassicauda (Oliver 1807) scorpionism in Sanliurfa region of Turkey Clinic Toxicology Congre X. Bite and Stings, toxications Carbon Monookside; 20-22 May 2004/ Bursa, 2004.

Production of Scorpion Antivenom From Little Amount of Telson In A Short Time. I. National Veterinary Pharmacology and Toxicology Congre, 22-24 September 2005, Ankara- Turkey.

Scorpionism cases evaluated clinic and epidemiologic in Sanliurfa region of Turkey XIV. National Parasitology Congre, 18-25 September 2005, IZMIR-Turkey.

Scorpionism in children in Sanliurfa, Turkey . TASSA Annual Conference, 24-25 Mart 2007, Yale, Univesity, CT-USA.

VIII. Diğer Bilgiler

A. Kurslar

- A.16** 2008 Laboratuvar Hayvanları Bilim Kursu, Utrecht - Hollanda
- A.15** 2008 GLP-Principle Investigator, Modra- Slovakia.
- A.14** 2008 GLP-Principle Investigator, Bratislava- Slovakia.
- A.13** 2007 PCR and Genetic Analysis, Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enst.
- A.12** 2006 GLP-Study Director, Ankara.
- A.11** 2006 RSHC -TS EN ISO/IEC 17025 Internal Audit System and Auditer, Ankara, 2006
- A.10** 2006 RSHC -TS EN ISO/IEC 17025 Quality System, Ankara.
- A.9** 2006 RSHC -TS EN ISO/IEC 9001:2000 Quality Management System, Ankara, 2006
- A.8** 2005 Expertise Centre EU MEDA Programme Support to the Quality Infrastructure in Turkey Measurement Uncertainty Training certificate (Ps.035/05), Ankara.
- A.7** 2004 GLP (Good Laboratory Practice), GLP Federal Bureau Germany; Ankara
- A.6** 2004 TSE - Calibration and General Metrology Training. Ankara
- A.5** 2004 TSE Eğitimi; TS EN ISO/IEC 17025 Kalite Sistemi İç tetkik ve denetçi Eğitimi, Ankara.
- A.4** 2004 TSE Eğitimi; Kalibrasyon ve Genel Metroloji, Ankara.
- A.3** 2004 TSE- TS EN ISO/IEC 17025 Kalite Sistemi Eğitimi, Ankara.
- A.2** 2002 Türkiye Enfeksiyon Hastalıkları Kontrol Projesi, Ankara.
- A.1** 1999 Gevher Neshibe, Laboratory hayvanları ve deneysel Araştırma kongresi. Erciyes Üniversitesi, Tıp Fak. Kayseri.

B. Sertifikalar

- B.12** GLP-Principle Investigator, Modra- Slovakia-2008.
- B.11** GLP-Principle Investigator, Bratislava- Slovakia-2008
- B10.** Gevher Neshibe, Laboratory hayvanları ve deneysel Araştırma kongresi katılım sertifikası
- B.9** Certificate, Peer reviewed a scientific paper submitted for publication in The Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases Center for Study of Venoms and Venomous Animals, Sao Paulo State University, Botucatu-SP-Brazil. 2006.
- B8.** GLP (Good Laboratory Practice), Katılım sertifikası GLP Federal Bureau Germany-Ankara,
- B7.** PCR and Genetic Analysis, Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enst.
- B6.** Certificate, Peer reviewed a scientific paper submitted for publication in The Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases Center for Study of Venoms and Venomous Animals, Sao Paulo State University, Botucatu-SP-Brazil. 2006
- B6.** GLP Çalışma Yöneticisi Sertifikası- Ankara.
- B5.** University Medical Faculty. Clinic Toxicology Congre X. Bite and Stings, toxications Carbon Monookside. Mudanya, Bursa- Turkey.
- B4.** TSE - TS EN ISO/IEC 17025 Kalite Sistemi Eğitimi
- B3.** TSE - Kalibrasyon ve Genel Metroloji Eğitimi
- B2.** RSHC TS EN ISO 9000: 2000 Kalite Yönetim Sistemi Eğitimi
- B1.** RSHC TS EN ISO/IEC 17025 Kalite Sistemi Eğitimi