

ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
2012-DR-003

TÜRKİYE KUMSALLARINDAKİ *Caretta caretta*
POPULASYONLARININ GENETİK YAPISI

CanYILMAZ

Tez Danışmanları:
Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN
Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI

AYDIN

ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
AYDIN

Biyoloji Anabilim Dalı Doktora Programı öğrencisi Can YILMAZ tarafından hazırlanan **Türkiye Kumsallarındaki *Carettacaretta* Populasyonlarının Genetik yapısı** başlıklı tez, 11.06.2012 tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

| | Ünvanı, Adı Soyadı | Kurumu | İmzası |
|--------|--------------------------|--------|--------|
| Başkan | : Prof.Dr. Oğuz TÜRKOZAN | ADÜ | |
| Üye | : Prof.Dr. Cemal TURAN | MKÜ | |
| Üye | : Prof.Dr. Yakup KASKA | PAÜ | |
| Üye | : Prof.Dr. Celal ÜLGER | ADÜ | |
| Üye | : Doç. Dr. Nazan ÜZÜM | ADÜ | |

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu **DOKTORA** tezi, Enstitü Yönetim Kurulunun Sayılı kararıylatarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Cengiz ÖZARSLAN
Enstitü Müdürü

ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

11/06/2012

Can YILMAZ

ÖZET

TÜRKİYE KUMSALLARINDAKİ *Carettacaretta* POPULASYONLARININ GENETİK YAPISI

Can YILMAZ

Doktora Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı
Tez Danışmanları: Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN
Prof. Dr. Fevzi BARDAKÇI
2012, 117 sayfa

İri başlı deniz kaplumbağası (*Caretta caretta*) tropikal ve subtropikal sularda yayılış gösterir. Akdeniz’de en fazla yuvalama alanları Yunanistan, Türkiye ve Libya’da bulunmaktadır. *C. caretta*’nın Akdeniz’de Türkiye yuvalama kumsallarında kapsamlı olarak populasyon ve koruma genetiği çalışması yapılmamıştır. Bu nedenle, Türkiye’nin Ege ve Akdeniz kıyıları boyunca on sekiz yuvalama kumsalında tespit edilen yuvalardaki ölü yavrulardan doku örnekleri alınarak mitokondrial DNA’nın kontrol bölgesi (n=256) ve altı mikrosatellitlokusu (n=213) izole edilmiş ve *C. caretta* yuvalama kumsallarının genetik yapısının belirlenmesi amaçlanmıştır. Toplamda yedi tane mtDNAhaplotipi tespit edilmiştir. Yuvalama kumsalları arasında mtDNA bakımından tespit edilen genetik farklılıklar dişilerin yuvalama bölgesine sadakatini ve dişi bireyler arasındaki genetik yapılanmayı gösterirken, mikrosatellit verileri ise çalışılan yuvalama kumsallarında bireyler arasında genetik yapılanma olmadığını göstermektedir. Bu bulgular yuvalama kumsalları arasında erkek geçişli bir gen akışı olduğunu göstermektedir. Sonuç olarak, mtDNA bakımından Türkiye yuvalama kumsalları beş yönetim birimine ayrılmıştır. nDNA bakımından yuvalama kumsalları genetik bir yapılanma göstermemiştir.

Anahtar Sözcükler: *Caretta caretta*, mitokondrial DNA kontrol bölgesi, haplotip, mikrosatellit, Akdeniz

ABSTRACT**POPULATION GENETIC STRUCTURE OF THE LOGGERHEAD
(*Caretta caretta*) IN THE TURKEY**

Can YILMAZ

Ph.D. Thesis, Department of Biology
Supervisors: Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN
Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI
2012, 117 pages

The loggerhead is distributed in tropical and subtropical waters. Greece, Turkey and Libya are the countries with the densest loggerhead nesting in Mediterranean. No detailed studies are available on the population and conservation genetics of the loggerhead turtles nesting on the coasts of Turkey. We, therefore, aimed to determine the genetic structure of the *C. caretta* populations at the eighteen nesting beaches along the Aegean and Mediterranean coast of Turkey by using the control region of the mitochondrial DNA (mtDNA) (n= 256) and six microsatellite loci (n=213). A total of seven mtDNA haplotypes were determined. The mitochondrial genetic differences among nesting colonies supported the nest site fidelity of females while microsatellites did not show genetic structuring which means male-mediated gene flow among nesting colonies. In conclusion, based on mtDNA results five management units were described in Turkey. No genetic structuring was observed among nesting beaches in terms of DNA.

Keywords: *Caretta caretta*, mitochondrial DNA control region, haplotype, microsatellite, Mediterranean,

ÖNSÖZ

Bu çalışmanın her aşamasında benden yardımlarını ve desteklerini esirgemeyen tez danışmanlarım sayın Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN ve sayın Prof. Dr. Fevzi BARDAKCI hocalarıma içten teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmalarım sırasında benden sıcak arkadaşlığını ve çok faydalı yardımlarını esirgemeyen sevgili arkadaşım Dr. Efkan BAĞDA'ya, örneklerin toplanması sırasında yuvalama kumsallarındaki proje ekibi sorumlularına ve laboratuvar çalışmalarında yardımlarını esirgemeyen Erinç ŞEN, Uğur HENDER ve tekrar Dr. Efkan BAĞDA'ya teşekkür ederim.

Örneklerin toplanmasında katkı sağlayan Serep ERGENE, A. Fuat CANBOLAT, Yakup KASKA, Hakan DURMUŞ, Bektaş SÖNMEZ, Aşkın Hasan UÇAR ve Cemil AYMAK'a teşekkür ederim.

Bu çalışmanın gerçekleşmesi için maddi kaynak sağlayan TÜBİTAK (106T248 no'lu proje)'a teşekkür ederim.

Bana çalışabilme olanağı sağlayan sevgili aileme teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

| | |
|---|------|
| KABUL VE ONAY SAYFASI | iii |
| BİLİMSEL ETİK BİLDİRİM SAYFASI | v |
| ÖZET | vii |
| ABSTRACT | ix |
| ÖNSÖZ | xi |
| SİMGELER DİZİNİ..... | xv |
| ŞEKİLLER DİZİNİ..... | xvii |
| ÇİZELGELERDİZİNİ | xix |
| 1. GİRİŞ | 1 |
| 2. KAYNAK ÖZETLERİ | 8 |
| 3. MATERYAL VE YÖNTEM | 13 |
| 3.1 Çalışma Alanı ve Örneklerin Toplanması..... | 13 |
| 3.2 Total Genomik DNA izolasyonu | 15 |
| 3.2.1. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi..... | 15 |
| 3.3. PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) | 16 |
| 3.3.1. Mitokondrial DNA (mtDNA) Reaksiyon Koşulları..... | 16 |
| 3.3.2. Mitokondrial DNA (mtDNA) Dizi Analizi | 19 |
| 3.3.3. Mitokondrial DNA (mtDNA) Veri Analizleri | 20 |
| 3.3.4. Mikrosatellit (nDNA) Reaksiyon Koşulları | 21 |
| 3.3.5. Mikrosatellit (nDNA) Veri Analizleri..... | 24 |
| 4. BULGULAR | 25 |
| 4.1. Mitokondrial DNA (mtDNA) | 25 |
| 4.2. Mikrosatellit (nDNA)..... | 41 |
| 5. TARTIŞMA ve SONUÇ | 83 |
| 5.1.Mitokondrial DNA (mtDNA) Verilerinin Karşılaştırılması..... | 83 |
| 5.2.Mikrosatellit (nDNA)Verilerinin Karşılaştırılması | 92 |
| KAYNAKLAR | 97 |
| ÖZGEÇMİŞ | 113 |

SİMGELER DİZİNİ

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

ŞEKİLLER DİZİNİ

| | |
|--|----|
| Şekil 1.1. Deniz kaplumbağalarının filogenetik ağacı | 2 |
| Şekil 1.2. Kuzey Atlantik Akıntısı | 11 |
| Şekil 3.1. <i>Carettacaretta</i> örneklerinin toplandığı yuvalama kumsalları..... | 13 |
| Şekil 3.2. mtDNA analizinde kullanılmış tüm oligonükleotid çiftlerinin karşılaştırma şeması..... | 17 |
| Şekil 3.3. mtDNA kontrol bölgesi PZR ürünleri | 19 |
| Şekil 3.4. PZR temizleme kiti ile temizlenen PZR ürünleri..... | 19 |
| Şekil 3.5. BioEdit 7.0.9. programı tarafından bir DNA dizisi görüntüsü | 20 |
| Şekil 3.6. <i>Cc 7</i> lokusu PZR ürünleri | 22 |
| Şekil 3.7. <i>Cc117</i> lokusunun grafik görüntüsü..... | 23 |
| Şekil 4.1. Ege ve Akdeniz kıyısı boyunca <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları, haplotip dağılımları..... | 27 |
| Şekil 4.2. Yuvalama kumsallarının UPGM ve Neighbour- Joining filogenetik ağaçları..... | 33 |
| Şekil 4.3. NCA analizine dayalı mtDNA haplotiplerinin tahmini kladogramı ... | 38 |
| Şekil 4.4. Atlantik ve Akdeniz’de tespit edilen <i>C. caretta</i> popülasyonlarına ait mtDNA kontrol bölgesi haplotip ağı analizi..... | 40 |
| Şekil 4.5. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Cc-117</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 50 |
| Şekil 4.6. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Cm-72</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 51 |
| Şekil 4.7. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Cm-84</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 52 |
| Şekil 4.8. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Cc-141</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 53 |
| Şekil 4.9. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Cc-7</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 54 |
| Şekil 4.10. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları <i>Ccar-176</i> lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı..... | 55 |
| Şekil 4.11. Yuvalama kumsallarına ait <i>Cc-117</i> lokusu alel ve alel sıklıkları | 56 |
| Şekil 4.12. Yuvalama kumsallarına ait <i>Cm-72</i> lokusu alel ve alel sıklıkları | 56 |
| Şekil 4.13. Yuvalama kumsallarına ait <i>Cm-84</i> lokusu alel ve alel sıklıkları | 57 |
| Şekil 4.14. Yuvalama kumsallarına ait <i>Cc-141</i> lokusu alel ve alel sıklıkları | 57 |
| Şekil 4.15. Yuvalama kumsallarına ait <i>Cc-7</i> lokusu alel ve alel sıklıkları | 58 |

| | |
|---|----|
| Şekil 4.16. Yuvalama kumsallarına ait <i>Ccar-176</i> lokusuael ve alel sıklıkları ... | 58 |
| Şekil 5.1. mtDNA haplotiplerinin tahmini haplotip ağı | 91 |

ÇİZELGELER DİZİNİ

| | |
|---|----|
| Çizelge 3.1. <i>C. caretta</i> örneklerine ait lokalite bilgileri..... | 14 |
| Çizelge 3.2. Mikrosatellit analizinde kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve boya özellikleri | 22 |
| Çizelge 4.1. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip dağılımı ... | 26 |
| Çizelge 4.2. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotiplerine karşılık gelen polimorfik bölgeler | 27 |
| Çizelge 4.3. <i>C.caretta</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip sıklıkları ... | 28 |
| Çizelge 4.4. Haplotip, nükleotid çeşitliliği ve etkili populasyon büyüklüğünün kumsallar arasında karşılaştırılması..... | 29 |
| Çizelge 4.5. <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarına ait mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) değerleri ile yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırılmaları | 31 |
| Çizelge 4.6. Gruplandırılmış yuvalama kumsallarının mtDNA bakımından ikişerli karşılaştırılması..... | 34 |
| Çizelge 4.7. Yuvalama kumsalları arası göç oranları | 35 |
| Çizelge 4.8. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi..... | 37 |
| Çizelge 4.9. Yuvalama kumsallarına göre birey ve mikrosatellit alellerinin dağılımı..... | 41 |
| Çizelge 4.10. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Cc 117</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri..... | 43 |
| Çizelge 4.11. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Cm 72</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri..... | 44 |
| Çizelge 4.12. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Cm 84</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri..... | 45 |
| Çizelge 4.13. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Cc 141</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri..... | 46 |
| Çizelge 4.14. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Cc 7</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri..... | 47 |
| Çizelge 4.15. <i>C. caretta</i> örneklerinin <i>Ccar 176</i> lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gen sayısı (N), alel sayısı (k), alel sıklıkları, gen | |

| | | |
|----------------------|---|----|
| | çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G)heterozigotluk değerleri | 48 |
| Çizelge 4.16. | <i>C. caretta</i> örneklerinin incelenen lokusların toplamında istatistiksel olarak tamamlayıcı değerleri..... | 49 |
| Çizelge 4.17. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 59 |
| Çizelge 4.18. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G), Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 60 |
| Çizelge 4.19. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının yıllara göre Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı | 62 |
| Çizelge 4.20. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının yıllara göre gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G), Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı . | 64 |
| Çizelge 4.21. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının etkili populasyon büyüklüklerinin karşılaştırılması | 66 |
| Çizelge 4.22. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının nDNA bakımından genetik yapı olarak ikiyeşerli karşılaştırılması..... | 67 |
| Çizelge 4.23. | <i>C. caretta</i> yuvakama kumsallarının yuvalama kumsallarının yıllara göre nDNA bakımından genetik yapı olarak ikiyeşerli karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık dereceleri | 69 |
| Çizelge 4.24. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsalları arası göç tahminleri..... | 70 |
| Çizelge 4.25. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının mtDNA ve nDNA genetik yapılarının karşılaştırılması | 74 |
| Çizelge 4.26. | <i>C. caretta</i> yuvalama kumsallarının, mtDNA ve nDNA verilerine dayalı, etkili populasyon büyüklüklerinin (N_e) karşılaştırılması | 78 |
| Çizelge 4.27. | Mikrosatellit lokusların beş gruba dayalı beklenen (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri ve Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı..... | 79 |
| Çizelge 4.28. | Guruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi..... | 81 |
| Çizelge 4.29. | Guruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi..... | 81 |
| Çizelge 5.1. | Akdeniz'deki yuvalama populasyonlarına ait haplotipler ve yüzdeleri..... | 87 |
| Çizelge 5.2. | Akdeniz'deki <i>C. caretta</i> yuvalama populasyonlarının haplotip ve nükleotid çeşitliliği ve etkili populasyon büyüklüğü | 88 |

| | |
|---|----|
| Çizelge 5.3. Akdeniz'deki yuvalama populasyonlarının mtDNA bakımından ikişerli karşılaştırılması..... | 90 |
| Çizelge 5.4. Akdeniz yuvalama populasyonlarının <i>Cc117</i> , <i>Cm72</i> , <i>Cm84</i> , <i>Cc141</i> , <i>Cc7</i> ve <i>Ccar176</i> lokusları bakımından karşılaştırılması | 93 |

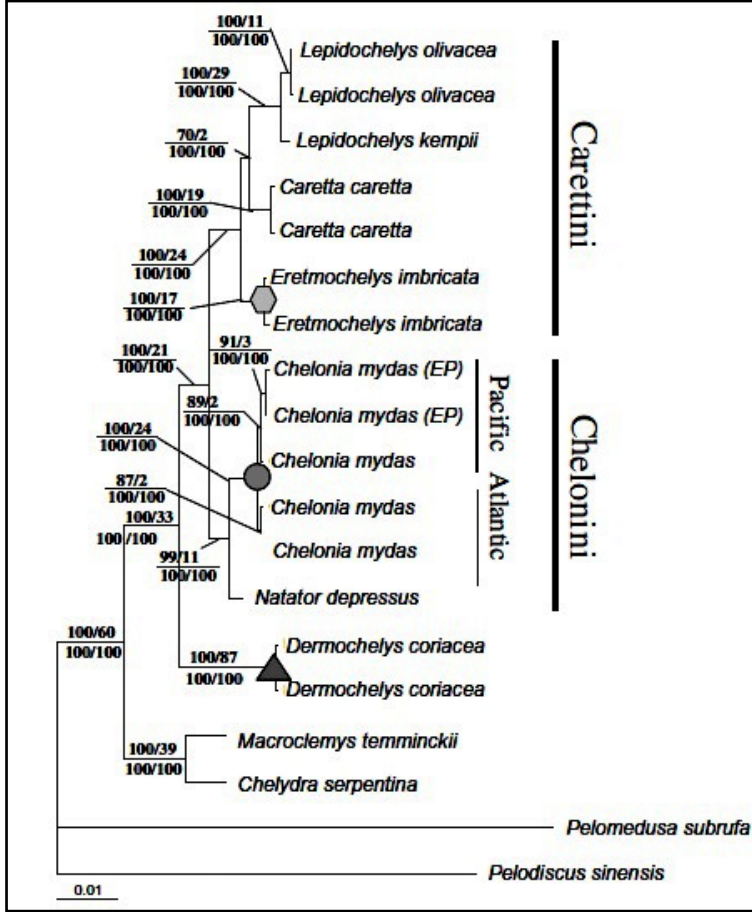
n

1.GİRİŞ

Deniz kaplumbağalarının en fazla görüldüğü dönem 130 milyon öncesindeki Kretase dönemidir. Fosil kayıtları günümüzden 20 yıl öncesine dayanır. Hirayama (1998) tarafından Doğu Brezilya’da Erken Kretase dönemine (~110 milyon yıl önce) ait sedimentlerden tanımlanan 20 cm’lik *Santanachelys gaffneyi* modern deniz kaplumbağalarının bilinen ilk fosil formudur. Günümüzde yaşayan tüm cins ve türler Eosen’in başlangıcı ile Pleistosen arasındaki dönemde yani 60–110 milyon yıl önce ortaya çıkmıştır (Marquez, 1990). Deniz kaplumbağaları, deniz yılanları ve iguanalarla birlikte deniz suyuna adapte olmuş hayatta kalmayı başaran sürüngenlerdir. Kretase döneminin sonlarına doğru (60–70 milyon yıl önce) deniz kaplumbağaları 4 farklı familyaya evrimleşti (Toxochelidae, Protostagidae, Cheloniidae, Dermochelyidae) ve dünya okyanuslarında yayıldı. Bu dört familyadan sadece Chelonidae ve Dermochelyidae familyaları günümüze kadar hayatta kalabilmiştir. Chelonidae familyasında 5 tane cins (*Caretta*, *Natator*, *Chelonia*, *Lepidochelys* ve *Eretmochelys*), Dermochelyidae familyasında 1 tane cins (*Dermochelys*) bulunmaktadır. Bu iki familyada hala tartışmalar devam etmektedir. Bu problemlerin çoğu özellikle Cheloniidae familyasındaki türlerin benzerliklerinden kaynaklanmaktadır. Bu türlerin ayrımı dış morfolojilerine bakılarak yapılmaya çalışıldı. Bazı türlerde özellikle *Chelonia* cinsinde morfolojilerine bakılarak ayrımlar yapılamadı. Böyle durumlarda moleküler ve filogenetik araştırmalarla çözümler arandı. Bu araştırmalarda özellikle albümin proteinleri, serum elektroforezleri, mtDNA (mitokondri DNA’sı) ve nDNA (çekirdek DNA’sı) sekanslarına göre ayrımlar yapılmaya çalışılmıştır.

Moleküler filogenetik çalışmaları yapılarak Cheloniidae familyasının 3 soy hattına (tribus) (*Natatorini*, *Chelonini* ve *Carettini*) ayrıldığı tespit edilmiştir (Gaffney ve Meylan 1988; Zanger vd., 1988). Bu soy hatları fosil kanıtlarına göre 63–24 milyon yıl (Paleosen, Eosen ve Oligosen) önce farklılaşmıştır. *Natatorini* (*Natator depressus*) ve *Cheloinini* (*Chelonia mydas*) sadece tek tür içermesine rağmen *Carettini* (*Caretta caretta*, *Eretmochelys imbricata*, *Lepidochelys olivacea* ve *Lepidochelys kempii*) 4 tane tür içermektedir. Yapılan moleküler çalışmalara göre *Eretmochelys imbricata* *Carettini*’nin en erken kolunu oluşturduğu ve *Lepidochelys kempii*’ninde yapılan mtDNA sekans analizi sonuçlarına göre Miyosen ortasında (yaklaşık 10 milyon yıl önce) *Caretta caretta* türünden ayrılmış olduğu tespit edilmiştir. Naro-Maciel vd. (2008) ise Cheloniidae

familyasının 2 soy hattına (tribus) (*Chelonini* ve *Caretini*) ayrıldığını tespit etmişlerdir. Bu çalışmada *Natator depressus* *Chelonini* tribus'u içine dahil edilmiştir (Şekil 1.1)



Şekil 1.1. Deniz kaplumbağalarının nDNA ve mtDNA verileri kullanılarak yapılmış olan MP (maksimum parsimoni) filogenetik ağacı (Naro-Maciel vd., 2008)

Deniz kaplumbağalarının büyük iklim değişikliklerine cevap verip günümüze kadar nasıl gelebildiği oldukça önemlidir. Deniz kaplumbağalarında genetik yapının, populasyonlar arasında gen akışının kesilmesi, uzun mesafelerde meydana gelen göçler ve tarihsel olarak populasyonların ayrılması yüzünden etkilendiği tespit edilmiştir (Reece vd., 2005). Ayrıca Pleistosen dönemi süresince iklim ve deniz seviyesinde meydana gelen değişimler genetik yapı ve populasyon

büyükliğünde önemli değişmelere sebep olmuştur. Doğal populasyonların populasyon genetiği ve filocoğrafyası, yuvalama habitatlarında izole olmuş populasyonların karakteristik yayılışları ve erginleşme sürelerini içeren yaşam hikâyeleri ile yakından ilişkilidir (Reece vd., 2005).

Son yıllarda deniz kaplumbağalarının yaşam hikâyelerine ilişkin birkaç soru akla gelmiştir. Bu sorular;

- 1- Dişiler eşeyssel olgunluğa ulaştıktan sonra yumurtadan çıktıkları kumsala geri dönüyorlar mı?
- 2- Erkekler yuvalama populasyonları arasında gen akışı sağlıyor mu?
- 3- Deniz kaplumbağası türleri arasında evrimsel bir ilişki var mı?
- 4- DNA parmak izi (fingerprint) deniz kaplumbağası göçlerini izlemek için kullanılabilir mi?

Bu sorular son yıllarda yapılan moleküler genetik çalışmalarla cevaplarını bulmaktadır (Bowen ve Avise, 1995; Bowen ve Karl, 1996).

Deniz kaplumbağalarının morfolojik evriminin düşük hızda gerçekleşmesi, moleküler sistematığın uygulanmasını bu hayvanlar için özellikle kullanışlı kılmaktadır. Moleküler genetik veri, sistematik anlaşmazlıkları çözmeye yardımcı eder (Bowen ve Karl, 1996). Habitat kullanımı, filopatri, çiftleşme davranışı ve çiftleşme modelleri populasyon yapısını belirlemede önemli rol oynarlar ve moleküler teknikler deniz kaplumbağalarında gözlenmesi zor olan bu davranışların içyüzünü anlamada güçlü yöntemler sağlar (Meylan vd., 1990; Karl vd., 1992; Allard vd., 1994; Norman vd., 1994; Roberts vd., 2004; Formia vd., 2006).

Geniş yayılımlı farklı habitatları yüksek sadakat ile kullanan deniz kaplumbağalarının yaşam hikâyeleri, onların filocoğrafyası ve populasyon genetiğini doğrudan etkiler. Bu etkileşimden faydalanılarak sadece yuvalama kumsallarında yuva yapan dişiler ile yuvadan yeni çıkmış yavruların gözlenmesi, markalanması ve örneklenmesi üzerine odaklanmıştır. Deniz kaplumbağası araştırmalarının içerdiği önemli eksiklikler moleküler teknikler kullanılarak tamamlanabilir. Moleküler teknikler, deniz kaplumbağalarının yaşam hikâyesi ve

evriminin gizli bileşenlerini incelemek için uygun ekstra özelliklere sahiptir (Bowen ve Karl, 1996).

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

Deniz kaplumbağaları ile yapılan ilk populasyon genetiği çalışması Smith vd. (1977) tarafından protein elektroforezi ile *C. caretta* ve *C. mydas* yuvalama kumsallarının incelendiği araştırmadır (Bowen ve Karl, 2007). Muhtemelen düşük metabolizma hızı ve uzun nesil süresinden kaynaklanan düşük genetik çeşitlilik gözlenmesinden dolayı, araştırmanın mtDNA ve çekirdek DNA çalışmaları ile tekrarlanması gerekmiştir (Avisé vd., 1992; Karl vd., 1992; Martin ve Palumbi, 1993). Gözlemlenen düşük varyasyon oranlarından sonra araştırmacıların çoğu mtDNA kontrol bölgesi ve mikrosatellit çalışmalarına yönelmiştir (Bowen ve Karl, 2007).

Mitokondrial DNA hem populasyonların hemde türlerin demografik geçmişi ve evrimsel tarihini gösteren bir belirteç olarak son 30 yıldır yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu belirteç filocoğrafya ve moleküler ekolojinin yeni alanları için çok değerli yararlar sağlamaktadır. Mitokondri DNA'sının % 90'ından fazlası kodlama yapan bölgedir ve intron içermez. mtDNA; 13 protein, 22 *tRNA*, 2 *rRNA*'yı şifreler. Protein genleri; *sitokrom b*, 7 *NADH* dehidrogenaz alt birimi, 3 sitokrom oksidaz alt birimi ve 2 ATPaz alt biriminden ibarettir. mtDNA dizi verileri filocoğrafya ve sistematik için önemli bilgilere sahiptir (Hillis ve Moritz, 1996). Yarı özerk, endosimbiyotik kökenli mtDNA haploittir. Anasal kalıtlı ve doğal seçilime uğrar. mtDNA'nın mutasyonlara yatkınlığı çekirdekteki genlerden daha fazladır. mtDNA'daki yüksek mutasyon oranı, koruyucu histonların olmaması, DNA'nın oksidatif fosforilasyonda rolü olan serbest radikallerle karşılaşması ve sınırlı bir onarım mekanizmasına bağlıdır. Hayvan mitokondri genomu yüksek derecede korunmuş gen içeriği ve düzenine sahiptir (Boore, 1999), intron içermez, rekombinasyon göstermez (Avisé, 1994, 2004; Moore, 1995; Sunnucks, 2000) ve herbir hücrede çok sayıda kopyası bulunur. Çekirdek

genomuna nazaran mtDNA dizisinin elde edilmesi ve analizi daha kolaydır. Toplamda nükleotid yer deęiřtirme oranı mitokondri genomunda daha yüksektir (Brown vd., 1979) ve deęiřken karakterlerin zengin bir kaynaęıdır. Bununla birlikte, hem yeni ayrılmıř soy hatlarını (tür içinde ve nispeten yakın türler arasında) alıřmak için kullanıřlı hızlı evrimleřen genleri hem de daha eski ayrılmaların (cinsler ve familyalar arasında) alıřılması için elveriřli yavař evrimleřen genlerin bir karıřımını sunar (Engstrom vd., 2007). mtDNA yüksek eřitlilięine (Hudson ve Turelli, 2003) raęmen, ekirdek genomuna oranla daha küçük etkili populusyon büyüklüęüne sahiptir (Moore, 1995; Engstrom vd., 2007).

Kaplumbaęa taksonları ile yapılan derin filogenetik alıřmalarında çoęunlukla yavař evrimleřme hızına sahip *12S* ve *16S rRNA* (Shaffer vd., 1997; Naro-Maciel vd., 2008) ve ortalama bir evrimsel hıza sahip *sitokrom b (cyt b)* genleri kullanılır (Bowen vd., 1993; Spinks vd., 2004). *Cyt b*, *NADH 4* ve dięer protein řifreleyen genler, daha yakın akraba türler arasındaki (Engstrom vd., 2002; Feldman ve Parham, 2002) veya türler içindeki filocoęrafik alıřmalarda (Bowen vd., 1993; Dutton vd., 1996; Starkey vd., 2003; Spinks ve Shaffer, 2005) sıka kullanılmaktadır. mtDNA molekülünün en hızlı evrimleřen paralarından biri kontrol bölgesidir (d-loop). Bu bölge, bir protein kodlamaz ve DNA molekülünün replikasyon orijiniidir. mtDNA kontrol bölgesi, yüksek evrimleřme hızından dolayı populusyon ve tür ii seviyelerdeki alıřmalarda kullanılmaktadır (Allard vd., 1994; Encalada vd., 1994; Norman vd., 1994; Pearse vd. 2006; McGaugh vd., 2007). Bununla beraber, mtDNA'nın anasal ve bir birim olarak kalıtılması nedeniyle (Avise, 1994), hibrit zonlarda tam bir özüm sunamamasından (Ferris vd., 1983; Tegelstrom, 1987) dolayı bir türün evrimsel ve ekolojik tarihinde sınırlı bir bakıř aısı saęlar. Bu yüzden mtDNA hipotezlerini sınamak için sık sık ekirdek DNA'sı verilerine ihtiya duyulur.

Mikrosatellitler, populusyon yapısını yani populusyon ve bireyler arasındaki farklılıkların tespiti için kullanılan popüler belirtelerdir (Bruford ve Wayne, 1993). Mikrosatellitler veya basit dizi tekrarları (SSRs=simple sequence repeats) hem kodlama yapan hem de kodlama yapmayan bölgelerde bulunan, bireyden bireye farklılık gösteren, 2-6 bazdan oluřmuř, tekrar sayısı deęiřken tekrarlı DNA dizileridir (Tautz, 1989) ve yüksek derecede polimorfiktir. Polimorfizmin kaynaęının neler olduęu tartıřmaları sürmekle birlikte, DNA replikasyonu boyunca oluřan kaymaların (slippage) etkili olabileceęi düşünölmektedir (Tautz ve Rentz, 1984; Levinson ve Gutman, 1987; Stephan, 1989; Weber, 1990; Schlötterer

ve Tautz, 1992). Mikrosatellit lokuslarındaki evrim, yeni aleller için tek bir tekrar ünitesinin kazanılması veya kaybedilmesi ile oluşan stepwise mutasyon modelini (SMM) izler (Kimura ve Ohta, 1978; Shriver vd., 1993; Valdes vd., 1993). Bu modele alternatif olan diğer bir model, mikrosatellit lokuslarındaki yeni alellerin rekombinasyon sırasında, eşit olmayan crossing-over'dan oluştuğunu öngörür. Bu lokuslar sonsuz alel modeline (IAM, Kimura ve Ohta, 1978) göre gelişmektedir. Bununla birlikte Di Rienzo vd. (1994)'nin yaptığı bir simulasyon çalışmasında insandaki birçok lokusta mikrosatellit evrimsel süreci için iki fazlı mutasyon (TPM) modelinin en uygun olduğu gösterilmiştir. İki basamaklı evrimsel modelde tipik olarak yeni aleller tek bir tekrar ünitesinin kazanılması yahut kaybedilmesi ile oluşmaktadır. Bununla birlikte sık olmayan alel büyüklüğündeki büyük değişikliklerde görülmektedir.

Ortalama olarak mutasyon oranı her nesil başına her gamette 10^{-2} ve 10^{-5} arasında değişmektedir (Page ve Holmes, 1998). Buna bağlı olarak küçük coğrafik bölgeler içinde bile bireyler ve populasyonlar arasındaki farklılıklar tespit edilebilir. Mikrosatellitler hem anadan hemde babadan kalıtılan ko-dominant belirteçlerdir. Mikrosatellitler genellikle nötral olarak düşünülürler ve genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde yararlı ve kullanışlıdır.

Deniz kaplumbağaları üzerine moleküler genetik çalışmalar anasal filopatri (maternal philopatry) (Bowen vd., 1995), populasyon genetiği (Lahanas vd., 1994), çoklu babalık (multiple paternity) (Kichler, 1996; Kichler vd., 1999) ve sistematigi (Bowen vd., 1991) kapsamakta ve koruma biyolojisi çalışmalarında önemli bilgiler sağlamaktadır. Bir populasyonun büyüklüğünde dramatik bir azalma veya demografik bir dar boğaz olduğu zaman genetik sürüklenme ile populasyonun genetik çeşitliliğinde anlamlı derecede azalma meydana gelir. Genetik çeşitliliğin kaybı, potansiyel olarak soy içi üremenin artması nedeniyle zararlı alellerin baskısının artmasına ve bunun sonucunda da populasyondaki bireylerin uyum gücünün azalmasına neden olur. Bu genetik çeşitlilikteki azalma küçük populasyonlarda daha hızlı meydana gelir. Bu genetik çeşitliliğin azalmasının tespiti türlerin koruma çalışmalarında oldukça önemlidir.

Populasyon yapısını tespit etmek için yapılan ilk çalışmalar markalama-tekrar yakalama çalışmalarıdır (Bowen vd., 2005). Geçmişte yapılan genetik çalışmalar genetik yapının sadece mtDNA belirteçleri ile değil (Laurent vd., 1993, Laurent vd., 1998, Encalada vd., 1998 ve Schroth vd., 1996) bir de nDNA belirteçleri ile

tespit edilmesi gerektiğini desteklemiştir. Allozim ve mtDNA çalışmaları populasyon yapısını tespit etmek için daha etkili sonuçlar sağlar, ayrıca bu genetik düşünce içinde daima bir boşluk vardır (Wright, 1951; Mills ve Allendorf, 1996). Mikrosatellitlerin (nDNA belirteçleri) incelenmesiyle bu boşluklar kapanmaya başlamıştır. Pearce (2002)'de Atlantik'te nDNA belirteçleri ile Kuzey-Amerika populasyonlarından kökenlenen erkeklerin diğer populasyonların dışlarıyla çiftleştiğini tespit etmiştir. Çoklu lokus kararlılık testleri, populasyonlar arasında gen akışı olsa bile populasyon yapısını çözebilir (Rannala ve Mountain 1997; Cornuet vd., 1999; Goudet vd., 2002).

Eğer yuvalama populasyonları arasında anlamlı derecede farklılıklar gözleniyorsa, populasyonların izole olduğunu ve populasyonlar arasında gen akışının düşük olduğunu söyleyebiliriz. Eğer iki yuvalama populasyonu arasında genotip frekansı anlamlı derecede farklı değilse o zaman bu populasyonlar tek bir populasyon olarak değerlendirilmelidir. Bu populasyonlar arasında genotip frekanslarında farklılığın olmamasının 3 sebebi olabilir (FitzSimmons vd., 1999). Bunlar;

- 1- Populasyonun örnek hacminin az olması nedeniyle istatistiksel analizlerde yeterli olmaması (Baverstock ve Moritz 1996),
- 2- Populasyonun yeni ayrılması yüzünden genetik çeşitliliğin henüz birikmemesi,
- 3- Populasyonlar arasında göç olmasından kaynaklanır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Akdeniz’de yuva yaptığı tespit edilen *Caretta caretta* ve *Chelonia mydas* türlerinin CITES (Nesli Tehlike Altında Olan Yabani Hayvan ve Bitki Türlerinin Uluslararası Ticaretine İlişkin Sözleşme) anlaşmasına göre uluslararası ticareti yasaklanmıştır. Diğer taraftan *C. caretta*, 2011IUCN (Uluslararası Doğa Koruma Birliği)’nin kırmızı listesinde yakın gelecekte nesli tükenme tehlikesiyle karşı karşıya olan tür olarak (Endangered)A1abd (A:populasyondaki azalma, 1:üç generasyon veya 10 yılda %70’e eşit ve büyük azalma, a:direkt gözlem, b:bolluk indeksi ve d:yokoluş seviyesi) koduyla listelenmiştir. *C. mydas* ise yine yakın gelecekte nesli tükenme tehlikesiyle karşı karşıya olan tür olarak (Endangered), A2bd (A:populasyondaki azalma, 2:üç generasyon veya 10 yılda %50’e eşit ve büyük azalma, b:bolluk indeksi ve d:yokoluş seviyesi) koduyla listelenmiştir. Ayrıca her iki tür de Bern Sözleşmesi (1979) (Avrupa Doğal Hayatı ve Yaşamı Koruma Anlaşması) ile koruma altındadır.

Genetik çalışmalar sonucunda Atlantik populasyonlarından farklılaştığı tespit edilen Akdeniz’deki *C. caretta* populasyonunun (Bowen vd., 1993; Laurent vd., 1993), en önemli yuvalama alanlarını Türkiye (yıllık ortalama 2145 yuva) ve Yunanistan (yıllık ortalama 3472 yuva) teşkil etmektedir (Baran ve Kasperek, 1989; Margaritoulis, 2000; Margaritoulis vd., 2003; Kaska vd., 2005a; Casale ve Margaritoulis 2010). Bunu daha az sayıda potansiyele sahip olan Kıbrıs (Akdeniz’deki yuvaların %10’nu) (Broderick ve Godley, 1996;Broderick, vd., 2002, Casale ve Margaritoulis, 2010), Libya (yıllık ortalama 147 yuva) (Laurent, vd., 1995; Laurent, vd., 1999; Hamza ve Ghmati, 2006), Lübnan (yıllık ortalama 81 yuva) (Newburry vd., 2002; Kasperek, 2004; St Jhon vd., 2004; Aureggi vd., 2005; Cross ve Bell, 2006),İsrail (yıllık ortalama 57 yuva) (Kuller, 1999; Levy, 2005), Suriye (yıllık ortalama 17 yuva (Kasperek, 1995; Casale ve Margaritoulis, 2010),İtalya (yıllık ortalama 10 yuva) (Mingozni, vd., 2007), Malta (Mallia vd., 2002), Mısır (Kasperek, 1993; Clarke vd., 2000) ve Tunus (Laurent vd., 1990; Casale ve Margaritoulis 2010) takip etmektedir.

Akdeniz’de yıllık yuva yapan dişi *C. caretta* sayısının tahmini olarak 5000 olduğu düşünülmektedir (Margaritoulis vd., 2003). Atlantik kıyılarında ise yaklaşık olarak yıllık yuva yapandışi *C. caretta* sayısının 80000 olduğu tahmin edilmektedir (Ehrhart vd., 2003). Akdeniz’deki ana yuvalama bölgeleri Doğu Akdeniz’de (Margaritoulis vd., 2003) bulunmasına rağmen Batı Akdeniz’den de az sayıda

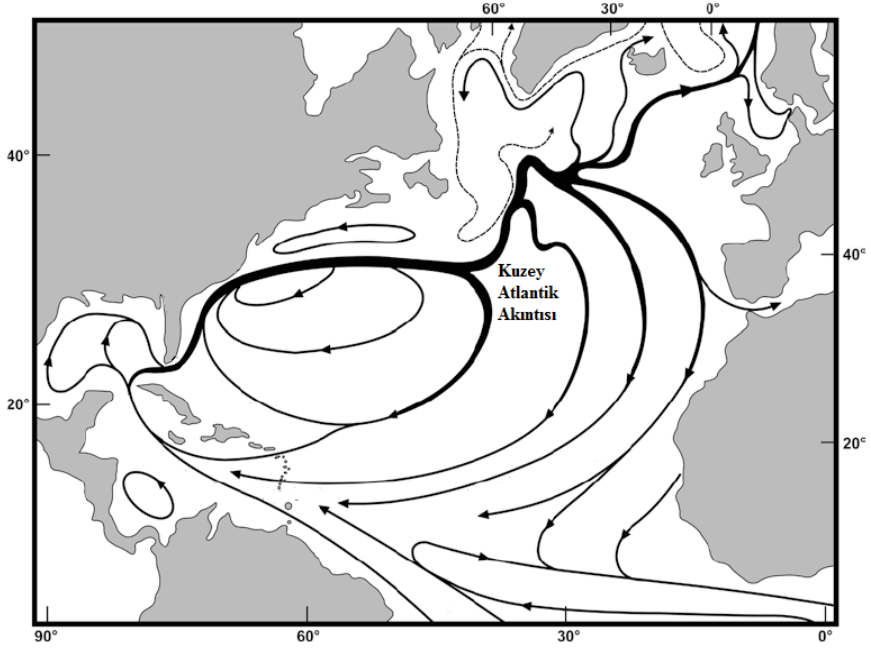
yuvalama rapor edilmiştir (Llorente vd., 1992; Tomas vd., 2002; Delauguerre ve Cesarini, 2004). Akdeniz’de yıllık ortalama yuva sayısı 7200 olarak tespit edilmiştir (Casale ve Margaritoulis 2010). Türkozan vd. (2003) tarafından yapılan çalışmada *C. caretta*’nın Türkiye’deki 20 kumsala yılda ortalama 1267 yuva yaptığı hesaplanmıştır. Canbolat (2004) Türkiye’nin Ege ve Akdeniz kıyıları boyunca yıllık ortalama *C. caretta* yuva sayısının 2005 olduğunu belirtmiştir. Casale ve Margaritoulis (2010) Türkiye’nin Ege ve Akdeniz kıyıları boyunca yıllık ortalama 2145 *C. caretta*’nın yuva yaptığını tahmin etmiştir. Buradaki genel verilerden de anlaşılacağı üzere Türkiye, Akdeniz’deki *C. caretta* yuvalarının %29.79 (2145/7200)’unu oluşturmaktadır.

C. caretta yavruları yumurtadan çıktıktan sonra kumsalı terk edip denize yönelirler. Kıyıdaki neritik zona girmeden önce, beş yıl ya da daha uzun süre pasif olarak sürüklenirler (Carr, 1986). Genç kaplumbağalarda göç yavru döneminden sonra bir pelajik safhayla başlar (Carr 1987; Bolten, 2003a). Örneğin Kuzey Batı Atlantik yuvalama kumsallarından ayrılan yavru döneminin sonundaki kaplumbağalar (post-hatchling) için bu pelajik habitat Grand Banks’lardan (Kanada), Azores, Madeira (Portekiz) ve Akdeniz’e kadar uzanır (Bolten vd., 1998; Laurent vd., 1998; LaCasella vd., 2005). Daha ileriki yaştaki genç kaplumbağalar Kuzey-Batı Atlantik’in kıyısız sularını takip ederek sert-kabuklu omurgasızları tüketerek geri dönerler (Bolten 2003b; Hopkins-Murphy vd., 2003). Ergenlik öncesi ilk üreme göçlerinden önce on yıl ya da daha uzun süre kıyıdaki beslenme yerlerini işgal ederler (Carr, 1987). Batı Atlantik *C. caretta* kaplumbağaları için olgunluk yaşının 12–30 arasında olduğu tahmin edilmiştir (Frazer ve Ehrhart, 1985; Zug vd, 1986; Klinger ve Music, 1992).

Karmaşık populasyon yapısı cinsiyete dayalı yayılış ve göçlerle meydana gelir. *C. caretta* deniz kaplumbağaları hem populasyon çakışmasına hem de cinsiyete dayalı yayılışa sahiptir ve bu da karmaşık populasyon yapısını incelemek için oldukça önemlidir. Deniz kaplumbağaları üreme sezonu sonrası beslenme bölgelerine göç eder. Bu beslenme bölgelerinde farklı üreme bölgelerinden gelen populasyonlar karışık halde bulunurlar. mtDNA kalıtım materyali, dişilerin ‘doğum yeri davranışı’ni (natal homing behaviour) içeren deniz kaplumbağaların yaşam hikâyelerinin evrimsel geçmişini tespit etme gibi özel bir anlamlı durumda rol oynar (Meylan vd., 1990). Ergin dişilerin 2–3 yıl arayla aynı yuvalama bölgelerine üremek için tekrar gelmeleri, yani ‘yuvalama bölgesine sadakat’in (nest site fidelity) ‘doğum yeri davranış’ının bir ürünü olup olmadığı tam olarak

belli değildir. Ergin dişilerin ‘yuvalama bölgesine sadakat’i ve sosyal etkileşimleri yavruların markalanmasıyla açıklanabilir (Owens vd., 1982). Son zamanlarda yapılan *C. caretta* populasyonlarının genetik çalışmalarında, belli bir kumsala üremek için gelen kaplumbağaların mtDNA haplotip sıklıkları arasında önemli farklılıklar bulunması, yuvalayan dişilerin ‘doğum yeri davranışı’ teorisini desteklemektedir (Bowen vd., 1993; Encalada vd., 1998). Yine Pasifik (Japonya)’te yapılan çalışmada mtDNA bakımından yuvalama kumsallarının genetik yapılarının farklı olduğu ve dişilerin kesin bir ‘doğum yeri davranışı’ teorisini desteklediği tespit edilmiştir (Hatase vd., 2002). Bu sonuçlar genetik olarak ayrı üreme birimlerinin demografik olarak da bağımsız olduklarını ve ayrı ayrı yönetilmeleri gerektiğini ortaya koymuştur (Schroth vd., 1996; Bowen, 2003). Yuvalayan populasyonlar arasında mtDNA haplotip sıklıklarındaki farklılıklar, beslenme birlikleri ile köken aldıkları yuvalama birliklerini ilişkilendirmek için genetik markalar olarak kullanılmıştır (Norman, 1994). Deniz habitatlarının taranması, *C. caretta* türünün stoklarının genel olarak çok sayıda farklı yuvalama birliklerinden köken aldığını göstermiştir (Bowen vd., 1995; Engstrom vd., 2002; Bowen, 2003; Bass vd., 2004; Bowen vd., 2004).

C. caretta deniz kaplumbağası Akdeniz’de en yaygın olarak bulunan türdür (Broderick vd., 2002). Çoğu üreme bölgeleri Doğu Akdeniz’de lokalize olmuştur. Batı Akdeniz’deki beslenme bölgeleri, Akdeniz üreme populasyonlarında üretilmiş olandan daha fazla genç birey içerir (Argano ve Baldari, 1983; Laurent 1990a, 1990b). Kuzey Atlantik genç deniz kaplumbağalarının okyanus akıntılarıyla Akdeniz’e girdiği düşünülmektedir (Carr, 1987; Laurent, 1990) (Şekil 1.2). Önceki genetik çalışmalar Akdeniz’deki yuvalama populasyonlarının, Pleistosen sonu, Holosen başlarında (~10 bin yıl önce) Atlantik’ten izole olmaya başladığını göstermektedir (Bowen vd.,1992; Encalada vd., 1996). Bu yüzden Akdeniz populasyonu bağımsız bir birim olarak değerlendirilmektedir. Akdeniz populasyonunun Atlantik populasyonundan genetik olarak izole olması, genetik sürüklenme ve soy içi üreme etkisi ile genetik çeşitliliğin azalması nedeniyle Akdeniz populasyonu değeri artan bir populasyondur (Carreras vd., 2007). Laurent vd. (1998) Türkiye’deki *C. caretta* yuvalama populasyonlarının mtDNA haplotip frekanslarının anlamlı olarak farklı olduklarını belirtmişlerdir. Bu farklılığa dayanarak önemli bir yönetim birimi olarak yuvalama populasyonlarını tanımlamışlardır.



Şekil 1.2. Kuzey Atlantik Akıntısı (Luke vd., 2004)

Ülkemizin Akdeniz kıyıları ve kumsalları *C. caretta* deniz kaplumbağaları için son derece önemlidir. Akdeniz'in kendi içerisinde de bazı alt popülasyonların varlığı, koruma çalışmalarını daha da güçleştirmektedir (Margaritoulis vd., 2003). Carreras vd., (2007) Akdeniz'de *C. caretta* kaplumbağaları ile yaptıkları çalışmada, Doğu Akdeniz'deki tüm yuvalama popülasyonlarının, kaplumbağa popülasyonlarının genetik çeşitliliğine katkılarından dolayı, büyüklüklerine bakılmaksızın ayrı ayrı korunmaları gerektiğini ileri sürmüşlerdir. Bowen vd. (1993)'leri *C.caretta* yuvalama popülasyonlarının demografik bağımsız birimler olarak yönetilmesi gerektiğini belirtmişler.

Şu ana kadar Türkiye'de *C. caretta* popülasyonlarının genetik yapısını inceleyen kapsamlı bir çalışma bulunmamaktadır. Ancak birkaç kumsalı içeren az sayıda çalışma vardır (Schroth vd., 1996; Laurent vd., 1998; Carreras vd., 2007). Schroth vd. (1996) hem nDNA hemde mtDNA belirteçleriyle yapmış oldukları çalışmada Türkiye yuvalama kumsallarının Akdeniz'deki popülasyonlardan farklı olduğunu tespit etmişlerdir. Laurent vd. (1998) Türkiye yuvalama birliklerinin diğer Akdeniz yuvalama popülasyonlarından mtDNA haplotip frekansları bakımından

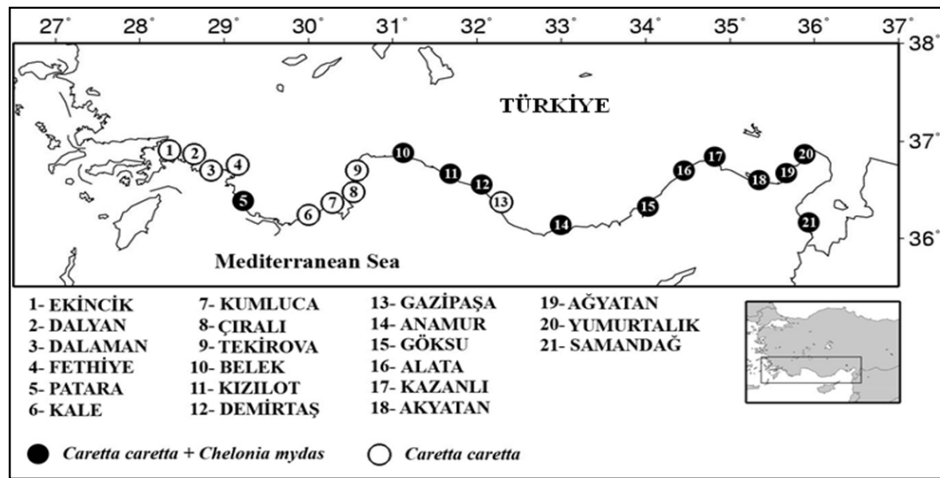
farklı olduğunu ve bu bakımdan ayrı bir yönetim birimi olarak değerlendirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir. Carreras vd. (2007) Akdeniz genelinde yapmış oldukları çalışmada Türkiye'nin doğusunda bulunan yuvalama populasyonlarının Akdeniz'de bulunan diğer yuvalama populasyonlarından genetik olarak farklı olduğunu tespit etmişlerdir.

Bu çalışmada *C. caretta* için önemli yuvalama populasyonlarının genetik yapıları hem mtDNA (d-loop bölgesi) hem de çekirdek DNA (mikrosatellit DNA) belirteçleri ile ortaya konulacaktır. Bunun sonucunda ülkemizde yuvalayan *C. caretta* deniz kaplumbağalarının mevcut populasyonları ya da evrimsel olarak önemli birimleri ve bunların kökenleri ve yayılış alanları saptanacaktır.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Çalışma Alanı ve Örneklerin Toplanması

Türkiye'nin Ege Denizi ve Akdeniz kıyısı boyunca toplam 18 *C. caretta* deniz kaplumbağası yuvalama kumsallından (Şekil 3.1) 2003, 2004, 2005, 2006, 2007 ve 2008 üreme sezonu boyunca 256 farklı yuvadan toplam 256 doku örneği toplandı. Çizelge 3,1'de yuvalama kumsalları ve örnekleme sayıları verilmiştir. Üreme döneminde yavru çıkışı gerçekleşen yuvalardan, kontrol açışları esnasında kendiliğinden yuva içinde sıkışıp ölmüş veya kumsalda denize ulaşmadan ölüp kuruyan yavru bireylerin ön yüzgeçleri alınarak %95'lik etanol (v/v) içinde saklanmıştır. *C.caretta* dişisi bir üreme sezonu boyunca yaklaşık 11-16 gün aralıklarla 1-5 kere yuva yapar. Bu yüzden aynı bireylerin yuvalarından tekrar örnekleme yapılmasını önlemek için markalanmış ergin dişilerin yuvalarından veya 10 günlük periyot içinde yapılmış yuvalardan örnek toplanmıştır.



Şekil 3.1. *Caretta caretta* örneklerinin toplandığı yuvalama kumsalları (sadece Ekincik, Demirtaş ve Yumurtalık yuvalama kumsallarından örnek toplanmamıştır) ve koyu boyalı yuvalama kumsallarında hem *C. caretta* hemde *C. mydas* yuvalama yapmaktadır

Çizelge 3.1. *Caretta caretta* örneklerine ait lokalite bilgileri (K:Kuzey, D:Doğu)

| Yuvalama Kumsalları | Tarih | Koordinatlar | | Yuva Sayısı |
|----------------------|-------|--------------|--------------|-------------|
| Dalyan/Muğla | 2004 | K36° 46' 28" | D28° 37' 50" | 15 |
| Dalyan/Muğla | 2005 | K36° 48' 07" | D28° 36' 09" | 15 |
| Dalyan/Muğla | 2008 | | | 10 |
| Dalaman/Muğla | 2007 | K36° 42' 01" | D28° 41' 27" | 15 |
| Dalaman/Muğla | 2008 | K36° 40' 36" | D28° 47' 57" | 5 |
| Fethiye/Muğla | 2003 | K36° 39' 09" | D29° 06' 36" | 15 |
| Fethiye/Muğla | 2008 | K36° 41' 48" | D29° 02' 05" | 15 |
| Patara/Antalya | 2007 | K36° 14' 55" | D36° 17' 35" | 2 |
| Patara/Antalya | 2008 | K29° 18' 57" | D29° 15' 44" | 3 |
| Kale/Antalya | 2007 | K36° 13' 30" | D29° 56' 43" | 4 |
| | | K36° 15' 33" | D30° 04' 11" | |
| Kumluca/Antalya | 2007 | K36° 18' 56" | D30° 13' 47" | 15 |
| | | K36° 18' 55" | D30° 12' 33" | |
| Çıralı/Antalya | 2007 | K36° 25' 21" | D30° 29' 17" | 14 |
| Çıralı/Antalya | 2008 | K36° 23' 42" | D30° 28' 37" | 8 |
| Tekirova/Antalya | 2006 | K36° 28' 54" | D30° 31' 17" | 2 |
| | | K36° 30' 39" | D30° 32' 34" | |
| Belek/Antalya | 2007 | K36° 29' 35" | D31° 08' 52" | 15 |
| Belek/Antalya | 2008 | K36° 29' 42" | D31° 07' 39" | 10 |
| Kızılot/Antalya | 2007 | K36° 26' 29" | D31° 17' 48" | 4 |
| Kızılot/Antalya | 2008 | K36° 23' 57" | D31° 23' 17" | 8 |
| Gazipaşa/Antalya | 2007 | K36° 10' 08" | D32° 09' 56" | |
| | | K36° 08' 30" | D32° 10' 40" | |
| Anamur/Mersin | 2007 | K36° 00' 43" | D32° 28' 56" | 14 |
| Anamur/Mersin | 2008 | K36° 03' 10" | D32° 32' 55" | 10 |
| Göksu Deltası/Mersin | 2005 | K36° 11' 09" | D33° 32' 33" | 15 |
| Göksu Deltası/Mersin | 2008 | K36° 13' 54" | D34° 02' 48" | 12 |
| Alata/Mersin | 2007 | K36° 22' 46" | D34° 12' 43" | 4 |
| Alata/Mersin | 2008 | K36° 22' 07" | D34° 11' 50" | 2 |
| Kazanlı/Mersin | 2007 | K36° 29' 13" | D34° 26' 41" | 2 |
| | | K36° 28' 58" | D34° 28' 22" | |
| Akyatan/Adana | 2006 | K36° 22' 11" | D35° 07' 19" | 2 |
| Akyatan/Adana | 2007 | K36° 20' 03" | D35° 11' 40" | 2 |
| Akyatan/Adana | 2008 | | | 2 |
| Ağyatan/Adana | 2006 | | - | 1 |
| Samandağ/Hatay | 2007 | K36° 04' 30" | D35° 03' 33" | 6 |
| | | K36° 00' 21" | D35° 35' 20" | |
| Toplam | | | | 256 |

3.2. Toplam Genomik DNA İzolasyonu

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

Alkolü uzaklaştırılan örneklerden 0.1 g tartılarak, mikrosantrifüj tüplerine konuldu ve üzerlerine 500 µl STE (0.1 M NaCl, 0.05 M Tris ve 0.001 M EDTA, pH 8.0) tamponu ilave edildi. Steril bir makasla dokular iyice parçalandı. Üzerlerine 25 µl proteinaz K (Sigma, 10 mg/ml) eklenerek karıştırıldı. 50 µl SDS (% 10'luk) ilave edilen tüpler 2 saat 55 °C'de, zaman zaman alt-üst edilerek, inkübe edildi. İnkübasyondan sonra üzerlerine eşit hacimde PCI (Fenol: kloroform: izoamil alkol 25:24:1; v:v:v) eklenen tüpler yavaşça alt-üst edildi ve oda sıcaklığında 5 dk bekletildi. Karışım 13200 g'de 5 dk santrifüj edildi. Bir mikropipet yardımıyla üst berrak tabaka alınarak yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. Bu sırada orta tabakanın (interfaz) bozulmamasına dikkat edildi. Üzerlerine eşit hacimde ikinci kez PCI ilave edilip oda sıcaklığında alt-üst edilerek 5 dk bekletildikten sonra, 13 200 g'de 5 dk santrifüj edildi. Orta fazın benzer şekilde bozulmamasına dikkat edilerek, mikropipetle üst berrak tabaka alındı ve yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. Üzerlerine 1 ml soğuk mutlak etanol ilave edilerek 20 dk buz üzerinde bekletildi. DNA gözle görününceye kadar tüpler yavaşça alt üst edildi. Örnek 1 dk 13200 g'de santrifüj edilerek çöktürüldü. Alkol uzaklaştırıldı. Çöktürülen DNA'dan alkolü tamamen uzaklaştırmak için, tüpler 37 °C'de 5-10 dk inkübe edildi. Pellet 250 µl TE (1 mM Tris-HCl, pH 7.5, 0.1 mM EDTA) içinde çözdürüldü. Çalışma için +4 °C'de saklandı.

3.2.1. Genomik DNA'nın Kalite ve Miktarının Belirlenmesi

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

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

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

S.K.- Sulandırma katsayısı.

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

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

3.3. PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)

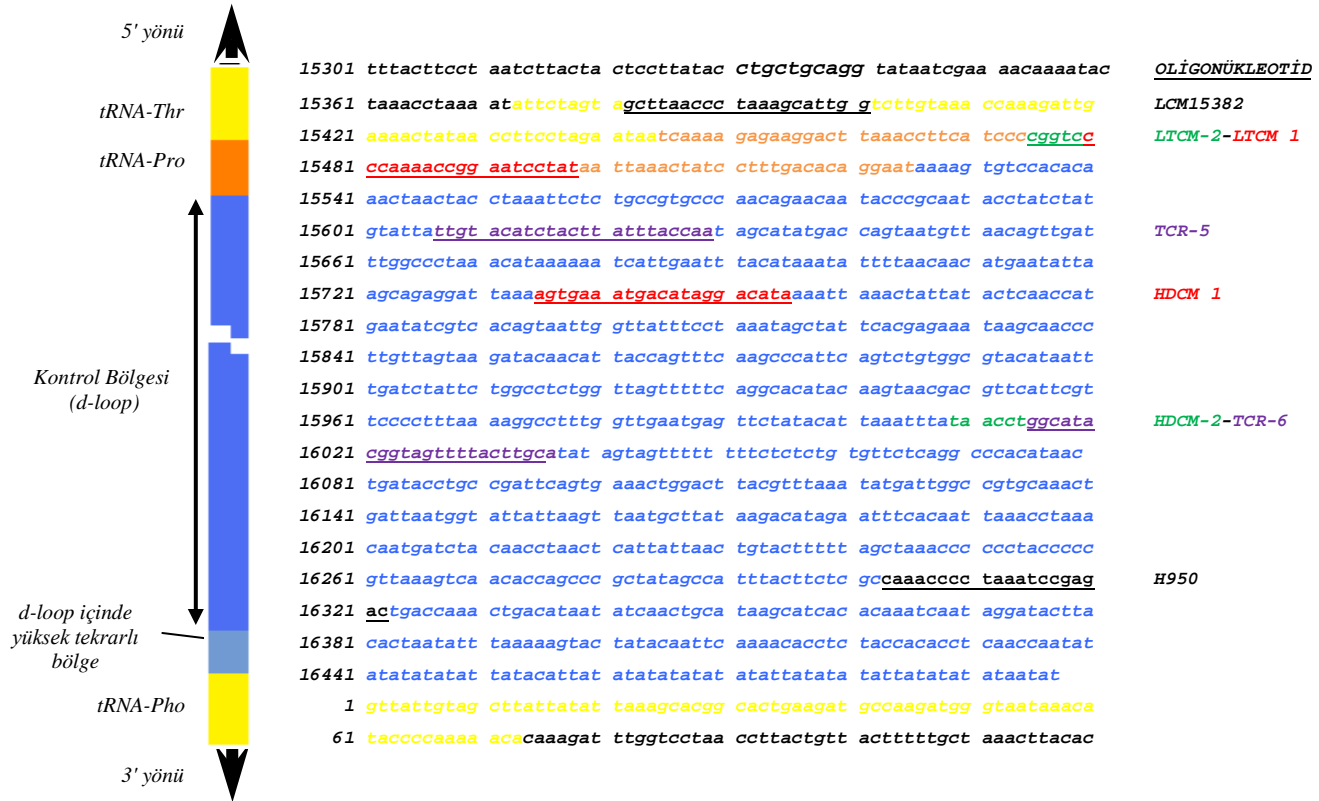
3.3.1. mtDNA Reaksiyon Koşulları

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

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

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

oligonükleotidleri (Abreu-Grobois vd., 2006) kullanılarak PZR (Mastercycler Personal, Eppendorf, Almanya) ile mtDNA kontrol bölgesi çoğaltıldı (Şekil 3.2)

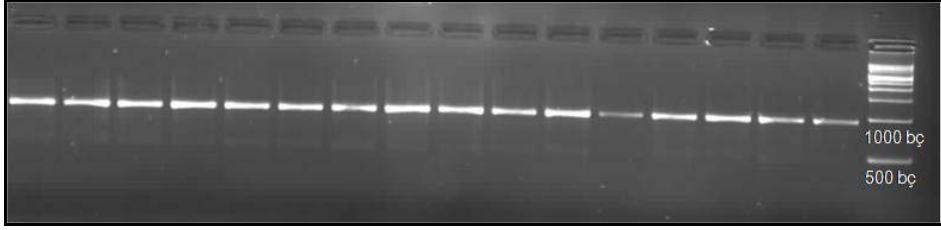


Şekil 3.2. mtDNA analizinde kullanılmış tüm oligonükleotid çiftlerinin karşılaştırma şeması [Abreu-Grobois vd. (2006)'den değiştirilerek], çalışma için LCM15382 ve H950 oligonükleotidleri kullanıldı

Akdeniz’de daha önce yapılan mtDNA kontrol bölgesi çalışmaları TCR-5 ve TCR-6 (Şekil 3.2) primerleri kullanılarak yaklaşık olarak 390 bç bölgede yapılmıştır. Çalışmalarda tespit edilen haplotipler, Archie Carr envanter sitesinde (<http://accstr.ufl.edu/ccmtdna.html>) CC-A2, CC-A3, CC-A6, CC-A10, CC-A13, CC-A20, CC-A29, CC-A31 ve CC-A32 (CC: *Caretta caretta* ve A: Atlantik) olarak isimlendirilmiştir. LCM15382 ve H950 primerleri (Şekil 3.2) kullanılarak yaklaşık olarak mtDNA’nın 859 bç bölgesi ile yapılan çalışmalarda tespit edilen haplotipler 390 bç bölgenin dışında baz farklılığı göstermediği için yine Archie Carr envanter sitesinde (<http://accstr.ufl.edu/cclongmtdna.html>) CC-A2.1, CC-A3.1, CC-A6.1, CC-A10.1, CC-A13.1, CC-A20.1, CC-A29.1, CC-A31.1 ve CC-A32.1 (CC: *Caretta caretta*, A: Atlantik ve .1: TCR 5 ve TCR 6 primerleri ile çalışılmış olan bölgenin dışında kalan bölgede baz farklılığı olmadığı) olarak isimlendirilmiştir. Çalışmada tespit edilen haplotipler, kendi aralarında karşılaştırıldıktan sonra çoğu daha önce çalışılmış olan 390 bç bölge ve bu bölgenin dışında baz farklılığı göstermemesinden dolayı Archie Carr envanter sitesinde bulunan haplotip isimleriyle aynı (CC-A2.1, CC-A3.1, CC-A13.1, CC-A43.1) olarak isimlendirilmiştir. Tespit edilen haplotipler Archie Carr envanter sitesinde bulunan haplotiplerle karşılaştırıldığında sadece üç tanesinde baz farklılığı olduğu tespit edilmiştir. Bu siteye gönderilen haplotipler CC-A52.1, CC-A53.1 olarak isimlendirilmiş ve bir tane haplotip CC-A3.1 haplotipinin 390 bç bölgesi dışında baz farklılığı gösterdiği için CC-A3.2 olarak isimlendirilmiştir.

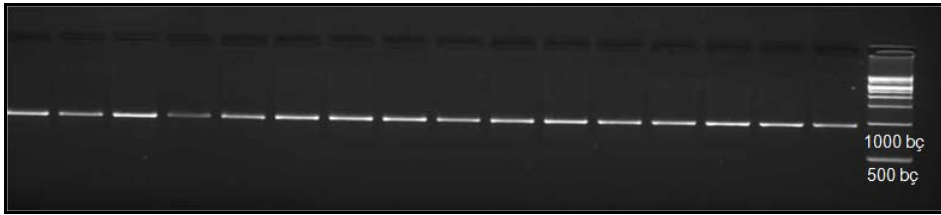
mtDNA kontrol bölgesi, son hacimde 4 ng/μl kalıp DNA (100 ng/μl), 1x Taq tamponu [10x Taq Buffer; 100 mM Tris-HCl (pH 8.8), 500 mM KCl, % 0.8 Nonidet P40; Fermentas, MBI], 1.5 mM MgCl₂ (25 mM; Fermentas, MBI), 0.1 mM dNTP karışımı (herbir dATP, dTTP, dCTP, dGTP 0.5 mM; Fermentas, MBI), 0.02 U/μl Taq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

PZR ürünleri % 1’lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. mtDNA kontrol bölgesi PZR ürünleri

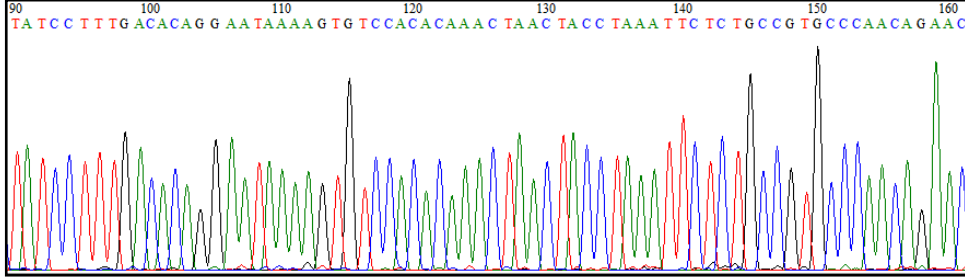
Agaroz jelde kontrol edilen PZR ürünleri PZR temizleme kiti (GenElute PCR Clean-Up Kit, Sigma, Almanya) kullanılarak temizlendi. Kitle temizlenen örnekler % 1'lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. PCR temizleme kiti ile temizlenen PZR ürünleri

3.3.2. mtDNA Dizi Analizi

PZR temizleme kiti ile temizlenen ve agaroz jelle kontrol edilen PZR ürünlerine, enzimatik sentez yöntemi (Sanger ve Coulson, 1975) kullanılarak geliştirilmiş bir kapiller sistemle (Automatic Sequencer 3730xl) otomatik DNA dizi analizi yaptırıldı (Macrogen Inc., Güney Kore). DNA dizi analiz sonuçları BioEdit ver 7.0.9 (Hall,1999) programı (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>) kullanılarak görüntülendi (Şekil 3.5). DNA dizi verileri, Clustal W çoklu dizi hizalama programı (Clustal W multiple sequence alignment program) (<http://www.clustalw.genome.jp/>) ile hizalandı. Gözle de kontrol edilen hizalama dizileri arasında uzunluk farklılıkları olması nedeniyle örneklerin başlangıç ve sonlanma noktalarından hizalamalar yapıldı. Her bir örneğin dizi uzunluğu 862 baz çifti olarak hizalandı. Sonuçlar daha önce tanımlanmış haplotiplerle (GenBank; <http://ncbi.nlm.nih.gov> ve Archie Carr Center for Sea Turtle Research= ACCSTR; <http://accstr.ufl.edu>) kıyaslandı.



Şekil 3.5. BioEdit 7.0.9 programı tarafından bir DNA dizisinin görüntüsü

3.3.3. mtDNA Veri Analizi

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

Yuvalama kumsalları arasındaki genetik uzaklıklara dayalı olarak MEGA 3.1 programı kullanılarak UPGMA ve Neighbor-joining ağaçları yapılmıştır.

Etkili populasyon büyüklüğü (Ne), deniz kaplumbağaları için hesaplanan mtDNA kontrol bölgesi için saptanmış mutasyon oranı ($\mu = 2 \times 10^{-8}$) kullanılarak

$$\pi = 2Ne \cdot \mu \text{ (Chen ve Herbert 1999)}$$

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

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

çeşitliliği kullanılarak tekrar hesaplandı.

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

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

3.3.4. Mikrosatellit Reaksiyon Koşulları

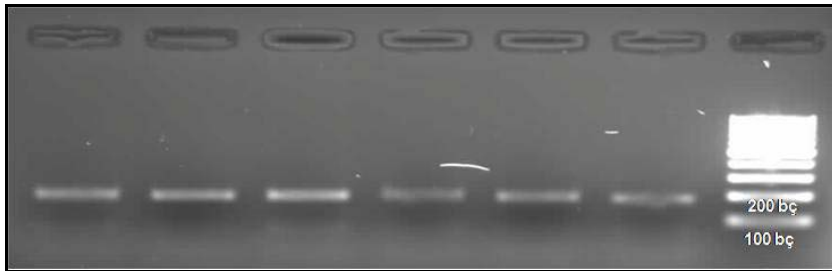
Daha önceki çalışmalarda deniz kaplumbağaları için tanımlanmış altı mikrosatellit lokusu çalışıldı (Çizelge 3.2). Mikrosatellit lokusları DY 549, 6-FAM ve NED floresans boya ile 5' ucu etiketlenmiş oligonükleotidler kullanılarak PZR ile çoğaltıldı. Amplifikasyonda kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve floresans etiket bilgileri Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Mikrosatellit analizinde kullanılan oligonükleotidlerin dizi ve boya özellikleri

| Lokus | Oligonükleotid Dizisi | Floresans Boya |
|-----------------|--|----------------|
| <i>Cm-72</i> | 5'-CTA TAA GGA GAA AGC GTT AAG ACA-3' 5'-CCA AAT TAG GAT TAC ACA GCC AAC-3' | 5': DY 549 |
| <i>Cm-□4</i> | 5'-TGT TTT GAC ATT AGT CCA GGA TTG-3' 5'-ATT GTT ATA GCC TAT TGT TCA GGA-3' | 5': 6-FAM |
| <i>Cc-117</i> | 5'-TCT TTA ACG TAT CTC CTG TAG CTC-3' 5'-CAG TAG TGT CAG TTC ATT GTT TCA-3' | 5': DY 549 |
| <i>Cc-7</i> | 5'-TGC ATT GCT TGA CCA ATT AGT GAG-3' 5'-ACA TGT ATA GTT GAG GAG CAA GTG-3' | 5': NED |
| <i>Cc-141</i> | 5'-CAG CAG GCT GTC AGT TCT CCA C-3' 5'-TAG TAC GTC TGG CCT GAC TTT-3' | 5': NED |
| <i>Ccar-176</i> | 5'-GGC TGG GTG TCC ATA AAA GA-3' 5'-CCC TAA GTA AAG ATT GGC TGC T-3' | 5': 6-FAM |

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

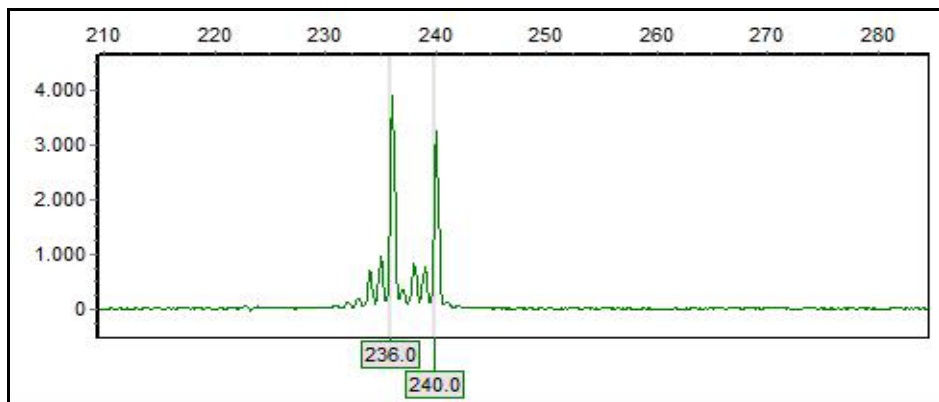
PZR ürünleri % 1'lik agaroz jele yüklenerek kontrol edildi (Şekil 3.6)



Şekil 3.6. *Cc7* lokusu PZR ürünleri

3.3.5. Mikrosatellit Veri Analizi

Mikrosatellit alel büyüklükleri ABI 3730 Automated DNA Analyzer (Applied Biosystems) ile belirlendi (Macrogen Inc., Güney Kore). Alel büyüklükleri Genemarker v1.8 (SoftGenetics LLC™) programı kullanılarak hesaplandı (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. *Cc-117* lokusunun grafik görüntüsü

Populasyonlara göre lokusların alel sayısı (k), beklenen heterozigotluk (H_B ; gen çeşitliliği) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri hesaplandı. Populasyon çiftleri arasındaki genetik uzaklık (F_{st}) belirlendi ve populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı ile lokuslar arasında bağlantı dengesizliğinin varlığı test edildi. Populasyon çiftleri arasındaki farklılığı belirlemek için p (olasılık) değerleri, Markov chain randomization (Guo ve Thompson, 1992) ile hesaplandı. Bütün bu istatistiksel analizler Genepop v 4.0 (Rousset, 2008) kullanılarak yapıldı. Yakın tarihlerde populasyonlarda meydana gelmiş olası darboğazları tespit etmek için iki fazlı mutasyon modeli (TPM) kullanılarak, Wilcoxon testi uygulandı (Bottleneck ver. 1.2; Cornuet ve Luikart, 1996).

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

$H = 4Ne\mu/(1+4Ne\mu)$ formülünden tespit edilen sonsuz-alel (infinite-allele) modeli (IAM: Kimura ve Crow, 1964) ile, $H = 1-(1/\sqrt{1+8Ne\mu})$ formülünden tespit edilen stepwise mutasyon modeli (SMM: Ohta ve Kimura, 1973) dir.

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

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

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

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

4.BULGULAR

4.1.Mitokondrial DNA

Yapılan mtDNA kontrol bölgesi analizleri sonucu toplam 7 tane haplotip tespit edilmiştir. Bunlar; CC-A2.1, CC-A3.1, CC-A13.1, CC-A43.1, CC-A52.1, CC-A53.1 ve CC-A3.2 haplotipleridir (Çizelge 4.1).Bu haplotiplerden CC-A2.1 (CC-A2) ve CC-A3.1 (CC-A3) Türkiye’de yapılan daha önceki çalışmalarda da tespit edilmiştir (Carreras vd., 2007 ve Laurent vd., 1998). Ayrıca bu iki haplotip hem Akdeniz hem de Atlantik yuvalama kumsallarında paylaşılmaktadır (Encalada vd., 1998 ve Laurent vd., 1998). Gazipaşa yuvalama kumsalında tespit edilen CC-A13.1 (CC-A13) ve Samandağ yuvalama kumsalından tespit edilen CC-A43.1 (CCA-43) haplotipleri ilk olarak Atlantik yuvalama kumsalından (Florida yuvalama kumsalı) rapor edilmiştir (Bowen vd., 2004). CC-A13.1 (CC-A13) haplotipi Akdeniz’de beslenme bölgesinde yapılan çalışmada belirlenirken (Carreras vd., 2006) her ikisi de Türkiye ve Akdeniz yuvalama kumsalları için yeni kayıttır. Anamur yuvalama kumsalında tespit edilen CC-A52.1 (CC-A52, Heteroplazmi), Belek ve Göksu Deltası yuvalama kumsallarında tespit edilen CC-A53.1 (CC-A53) ve Göksu Deltası’nda tespit edilen CC-A3.2 haplotipleri Türkiye, Akdeniz ve Atlantik yuvalama kumsalları için yeni haplotiplerdir. Bu haplotipler şu an için sadece Türkiye yuvalama kumsallarından kaydedilmişlerdir. Yeni haplotipler Archie Carr envanter sitesinde (<http://accstr.ufl.edu/cmmtDNA.html>) CC-A52.1, CC-A53.1 ve CC-A3.2 adıyla yer almaktadır. Ayrıca bu tespit edilen yeni haplotipler Genbank veri bankasında (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) *HM366724* (CC-A52.1), *HM179462* (CC-A53.1) ve *HM179461* (CC-A3.2) veri numarasıyla (accession number) tescil edilmiştir.

Yuvalama kumsallarına ait yedi mtDNA d-loop haplotiplerine karşılık gelen polimorfik bölgeler verilmiştir (Çizelge 4.2). Polimorfizmler bir transversiyon (•) ve altı transisyon (°) oluşur.

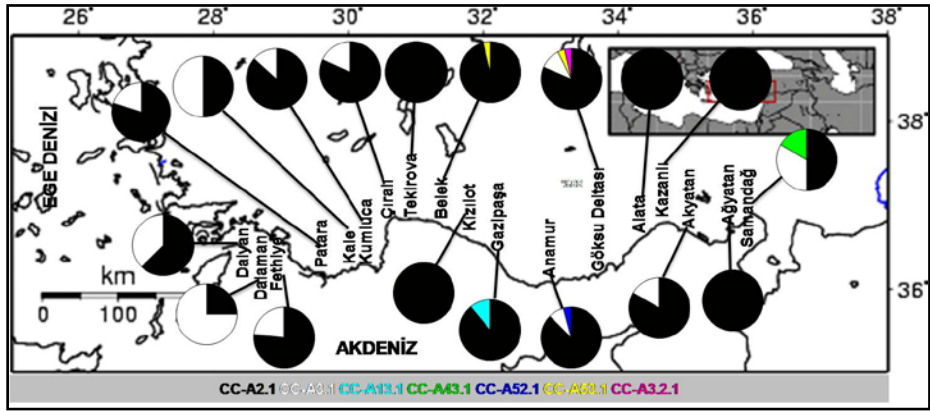
Çizelge 4.1. *C. caretta* yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip dağılımı (* Heteroplazmi)

| Yuvalama Kumsalı | Tarih | Örnek Sayısı | CC-A2.1 | CC-A3.1 | CC-A13.1 | CC-A43.1 | CC-A52.1* | CC-A53.1 | CC-A3.2 |
|-------------------------|--------------|---------------------|----------------|----------------|-----------------|-----------------|------------------|-----------------|----------------|
| Dalyan | 2004-5-8 | 40 | 25 | 15 | - | - | - | - | - |
| Dalaman | 2007-8 | 20 | 5 | 15 | - | - | - | - | - |
| Fethiye | 2003-8 | 30 | 23 | 7 | - | - | - | - | - |
| Patara | 2007-8 | 5 | 4 | 1 | - | - | - | - | - |
| Kale | 2007 | 4 | 2 | 2 | - | - | - | - | - |
| Kumluca | 2007 | 15 | 13 | 2 | - | - | - | - | - |
| Çıralı | 2007-8 | 22 | 18 | 4 | - | - | - | - | - |
| Tekirova | 2006 | 2 | 2 | - | - | - | - | - | - |
| Belek | 2007-8 | 25 | 24 | - | - | - | - | 1 | - |
| Kızılot | 2007-8 | 12 | 12 | - | - | - | - | - | - |
| Gazipaşa | 2007 | 9 | 8 | - | 1 | - | - | - | - |
| Anamur | 2007-8 | 24 | 21 | 2 | - | - | 1 | - | - |
| G. Deltası | 2005-8 | 27 | 22 | 3 | - | - | - | 1 | 1 |
| Alata | 2007 | 6 | 6 | - | - | - | - | - | - |
| Kazanlı | 2007 | 2 | 2 | - | - | - | - | - | - |
| Akyatan | 2006-7-8 | 6 | 5 | 1 | - | - | - | - | - |
| Ağyatan | 2006 | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - |
| Samandağ | 2007 | 6 | 3 | 2 | - | 1 | - | - | - |
| Toplam | | 256 | 196 | 54 | 1 | 1 | 1 | 2 | 1 |

Çizelge 4.2. *C. caretta* yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotiplerine karşılık gelen polimorfik bölgeler (°:Transversiyon, °:Transisyon)

| Haplotip | Baz Sırası | 182 | 272 | 280 | 321 | 390 | 515 |
|-----------|------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| CC-A2.1 | C | C | G | A | G | G | |
| CC-A3.1 | . | . | . | . | A° | . | . |
| CC-A13.1 | . | . | A° | . | . | . | . |
| CC-A43.1 | . | . | . | G° | . | . | . |
| CC-A 52.1 | . | A° | . | . | A° | . | . |
| CC-A53.1 | . | . | . | . | . | . | A° |
| CC-A3.2 | T° | . | . | . | A° | . | . |

C.caretta yuvalama kumsallarına ait mtDNA d-loop haplotip sıklıklarının yuvalama alanlarına göre dağılımı belirlendi (Çizelge 4.3). Toplamda yuvalama kumsallarında sıklığı en fazla olan haplotip CC-A2.1 (% 76.6) haplotipi dir. İkinci olarak sıklığı en fazla olan haplotip CC-A3.1 (% 21.1) haplotipi dir. Diğer haplotiplerin sıklıkları; % 0.4 (CC-A13.1), % 0.4 (CC-A43.1), % 0.4 (CC-A52.1), % 0.8 (CC-A53.1) ve % 0.4 (CC-A3.2) olarak belirlendi (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. Ege ve Akdeniz kıyısı boyunca *C. caretta* yuvalama kumsalları haplotip dağılımları

Çizelge 4.3. *C. caretta* yuvalama kumsallarına ait mtDNA haplotip sıklıkları (* Heteroplazmi)

| YuvalamaKumsalı | CC-A2.1 | CC-A3.1 | CC-A13.1 | CC-A43.1 | CC-A52.1* | CC-A53.1 | CC-A3.2 |
|------------------------|----------------|----------------|-----------------|-----------------|------------------|-----------------|----------------|
| Dalyan | 0.625 | 0.375 | - | - | - | - | - |
| Dalaman | 0.250 | 0.750 | - | - | - | - | - |
| Fethiye | 0.767 | 0.233 | - | - | - | - | - |
| Patara | 0.800 | 0.200 | - | - | - | - | - |
| Kale | 0.500 | 0.500 | - | - | - | - | - |
| Kumluca | 0.867 | 0.133 | - | - | - | - | - |
| Çıralı | 0.812 | 0.188 | - | - | - | - | - |
| Tekirova | 1 | - | - | - | - | - | - |
| Belek | 0.960 | - | - | - | - | 0.040 | - |
| Kızılot | 1 | - | - | - | - | - | - |
| Gazipaşa | 0.889 | - | 0.111 | - | - | - | - |
| Anamur | 0.875 | 0.083 | - | - | 0.042 | - | - |
| G. Deltası | 0.815 | 0.111 | - | - | - | 0.037 | 0.037 |
| Alata | 1 | - | - | - | - | - | - |
| Kazanlı | 1 | - | - | - | - | - | - |
| Akyatan | 0.83 | 0.167 | - | - | - | - | - |
| Ağyatan | 1 | 0 | - | - | - | - | - |
| Samandağ | 0.500 | 0.333 | - | 0.167 | - | - | - |
| Toplam | 0.766 | 0.211 | 0.0039 | 0.0039 | 0.0039 | 0.0078 | 0.0039 |

Yuvalama kumsallarına ait haplotip (h) ve nükleotid (π) çeşitliliği ile etkili populasyon büyüklüğü (Ne) belirlenmiştir. (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.4. Haplotip, nükleotid çeşitliliği ve etkili populasyon büyüklüğünün kumsallar arasında karşılaştırılması (h :Haplotip çeşitliliği, π :Nükleotid çeşitliliği; Ne : Etkili populasyon büyüklüğü)

| YuvalamaKumsalı | h | π | Ne |
|------------------------|-----------------------|-------------------------|------------------------|
| Dalyan | 0.4808 | 0.000563 | 14.075 |
| Dalaman | 0.3947 | 0.000462 | 11.550 |
| Fethiye | 0.3492 | 0.000409 | 10.225 |
| Patara | 0.4000 | 0.000468 | 11.700 |
| Kale | 0.6667 | 0.000781 | 19.525 |
| Kumluca | 0.2476 | 0.000290 | 7.250 |
| Çıralı | 0.3368 | 0.000394 | 9.850 |
| Tekirova | - | - | - |
| Belek | 0.0800 | 0.000094 | 2.350 |
| Kızılot | - | - | - |
| Gazipaşa | 0.3333 | 0.000390 | 9.750 |
| Anamur | 0.2667 | 0.000413 | 10.325 |
| G. Deltası | 0.2789 | 0.000339 | 8.475 |
| Kazanlı | - | - | - |
| Alata | - | - | - |
| Akyatan | 0.3333 | 0.000390 | 9.750 |
| Ağyatan | - | - | - |
| Samandağ | 0.7333 | 0.001015 | 25.375 |
| Toplam | 0.3728 | 0.00046 | 11.500 |

Yuvalama kumsalları arasında haplotip çeşitliliği 0 ile 0.7333, nükleotid çeşitliliği ise 0 ile 0.001015 arasında değişmektedir. Örnek sayısı az olan Kale(N=4) ve Samandağ (N=6) yuvalama kumsalları dikkate alınmadığında en fazla haplotip ve nükleotid çeşitliliği Dalyan Kumsal'ında ($h=0.4808$, $\pi=0.000563$) tespit edilmiştir.

Etkili populasyon büyüklüğü nükleotid çeşitliliğine bağlı olarak (Ne) 2.350 ile 25.375 arasında değişmektedir. Bazı yuvalama kumsallarında örnekleme sayısı az olduğundan etkili populasyon büyüklüğü tespit edilememiştir.

Bütün yuvalama kumsalları (Dalaman hariç) CC-A2.1 haplotipi ile şekillenmesine rağmen ikili (pairwise) karşılaştırılmalarında genetik uzaklık bazı yuvalama kumsallarında yüksek derecede anlamlı farklılıkların varlığını göstermiştir (**Gamma_{st}(γ_{st}): 0.213 p<0.001**). Ağyatan yuvalama kumsalında sadece 1 örnek olduğu için istatistiksel analize sokulmamıştır. Yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırmalarına ait X^2 (haplotip bazlı analiz) ve Z^* (nükleotid, sekans bazlı analiz) testi analizleri sonucunda Dalaman Kumsalı'nın; Kale, Akyatan ve Samandağ kumsalları hariç diğer üreme kumsallarıyla genetik olarak farklı olduğu belirlendi. Ayrıca Dalyan Kumsalı'nın; Belek, Kızılot, Gazipaşa ve Samandağ üreme kumsalları ile Fethiye-Belek, Kale-Belek, Kale-Kızılot, Belek-Samandağ ve Kızılot-Samandağ kumsalları arasında genetik olarak farklar belirlendi (Çizelge 4.5). Daha önce yapılan çalışmaların aksine (Laurent vd., 1998) Türkiye'nin batısındaki yuvalama kumsallarında CC-A3.1 haplotipi sıklığı oldukça yüksektir.

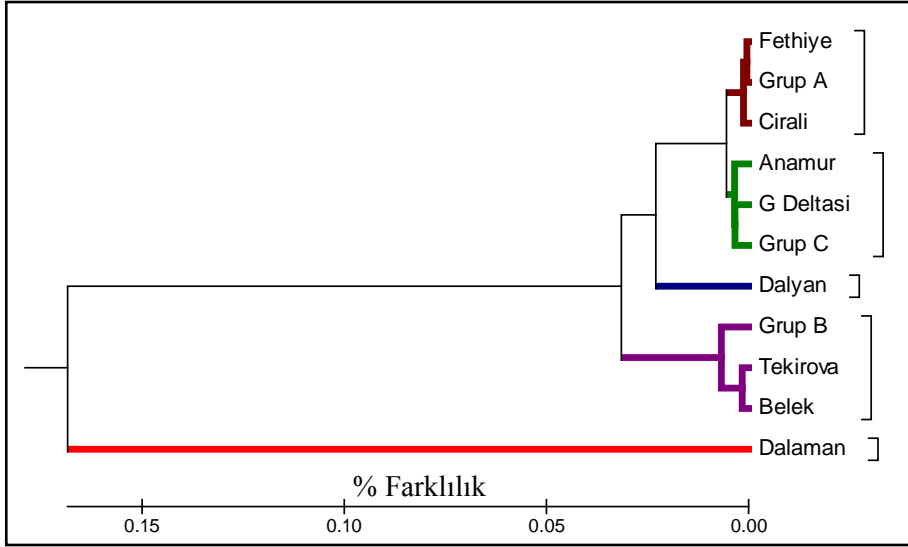
Genetik olarak farklı olmayan ve örnek sayısı 10'dan az olan yuvalama kumsalları coğrafik yakınlıklarına göre birleştirilerek grup oluşturuldu ve yuvalama kumsalları arasındaki ikişerli karşılaştırmalarına ait genetik uzaklık (γ_{st}) verileri kullanılarak, ($\gamma_{st}= 0.019$, **p< 0.0001**) UPGMA ve Neighbor-Joining uzaklık ağaçları yapıldı (Şekil 4.2). Yapılan UPGMA ağacına göre Dalyan, Dalaman, Batı (Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı), Orta (Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa) ve Doğu (Anamur, G. Deltası, Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ) olmak üzere beş grubun varlığı ortaya çıkmaktadır.

Çizelge 4.5. *C. carettay* yuvalama kumsallarına ait mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) değerleri ile yuvalama kumsallarının ikiye karşılaştırılmaları. mtDNA için populasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık dereceleri. Sol taraf X^2 , sağ taraf Z^* testi, ^ap<0.05, ^bp<0.01 ve ^cp<0.001).

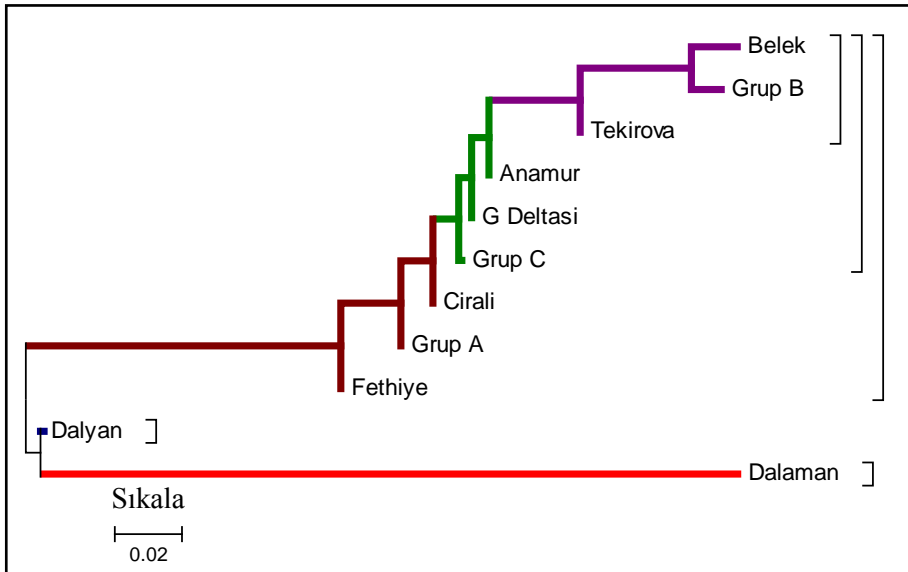
| Yuvalama Kumsalları | γ_{st} | Yuvalama Kumsalları | γ_{st} |
|----------------------------|---------------------------------|----------------------------|---------------------------------|
| Dalyan-Dalaman | ^b 0.125 ^a | Fethiye-Kızılot | 0.08 |
| Dalyan-Fethiye | 0.023 | Fethiye-Gazipaşa | 0.069 |
| Dalyan-Patara | 0.013 | Fethiye-Anamur | 0.020 |
| Dalyan-Kale | 0.005 | Fethiye-G. Deltası | 0.012 |
| Dalyan-Kumluca | 0.054 | Fethiye-Alata | 0.048 |
| Dalyan-Çıralı | 0.040 | Fethiye-Kazanlı | 0.010 |
| Dalyan-Tekirova | 0.028 | Fethiye-Akyatan | 0.000 |
| Dalyan-Belek | ^b 0.175 ^b | Fethiye-Samandağ | 0.024 |
| Dalyan-Kızılot | ^a 0.122 ^a | Patara-Kale | 0.100 |
| Dalyan-Gazipaşa | ^a 0.099 ^a | Patara-Kumluca | 0.007 |
| Dalyan-Anamur | 0.069 | Patara-Çıralı | 0.000 |
| Dalyan-G. Deltası | 0.050 | Patara-Tekirova | 0.010 |
| Dalyan-Alata | 0.073 | Patara-Belek | 0.090 |
| Dalyan-Kazanlı | 0.028 | Patara-Kızılot | 0.150 |
| Dalyan-Akyatan | 0.006 | Patara-Gazipaşa | 0.091 |
| Dalyan-Samandağ | ^a 0.013 | Patara-Anamur | 0.007 |
| Dalaman-Fethiye | ^c 0.260 ^b | Patara-G. Deltası | 0.091 |
| Dalaman-Patara | ^a 0.004 ^a | Patara-Alata | 0.120 |
| Dalaman-Kale | 0.042 | Patara-Kazanlı | 0.067 |
| Dalaman-Kumluca | ^c 0.373 ^c | Patara-Akyatan | 0.040 |
| Dalaman-Çıralı | ^c 0.325 ^c | Patara-Samandağ | 0.040 |
| Dalaman-Tekirova | ^a 0.100 ^a | Kale-Kumluca | 0.134 |
| Dalaman-Belek | ^c 0.571 ^c | Kale-Çıralı | 0.074 |
| Dalaman-Kızılot | ^c 0.529 ^c | Kale-Tekirova | 0.250 |
| Dalaman-Gazipaşa | ^c 0.435 ^c | Kale-Belek | ^b 0.307 ^a |
| Dalaman-Anamur | ^c 0.369 ^c | Kale-Kızılot | ^b 0.429 ^a |
| Dalaman-G. Deltası | ^c 0.309 ^c | Kale-Gazipaşa | 0.063 |
| Dalaman-Alata | ^b 0.409 ^b | Kale-Anamur | 0.096 |
| Dalaman-Kazanlı | ^a 0.214 ^a | Kale-G. Deltası | 0.278 |
| Dalaman-Akyatan | 0.156 | Kale-Alata | 0.37 |
| Dalaman-Samandağ | 0.028 | Kale-Kazanlı | 0.250 |
| Fethiye-Patara | 0.001 | Kale-Akyatan | 0.067 |
| Fethiye-Kale | 0.038 | Kale-Samandağ | 0.040 |
| Fethiye-Kumluca | 0.014 | Kumluca-Çıralı | 0.004 |
| Fethiye-Çıralı | 0.004 | Kumluca-Tekirova | 0.018 |
| Fethiye-Tekirova | 0.019 | Kumluca-Belek | 0.06 |
| Fethiye-Belek | ^a 0.108 ^a | Kumluca-Kızılot | 0.064 |

Çizelge 4.5 devamı

| Yuvalama Kumsalları | γ_{st} | Yuvalama Kumsalları | γ_{st} |
|----------------------------|---------------|----------------------------|---------------------------------|
| Kumluca-Gazipaşa | 0.061 | Belek-Kazanlı | 0.003 |
| Kumluca-Anamur | 0.003 | Belek-Akyatan | 0.114 |
| Kumluca-G. Deltası | 0.005 | Belek-Samandağ | ^b 0.179 ^a |
| Kumluca-Alata | 0.042 | Kızılot-Gazipaşa | 0.067 |
| Kumluca-Kazanlı | 0.018 | Kızılot-Anamur | 0.037 |
| Kumluca-Akyatan | 0.017 | Kızılot-G. Deltası | 0.040 |
| Kumluca-Samandağ | 0.069 | Kızılot-Alata | 0.000 |
| Çıralı-Tekirova | 0.018 | Kızılot-Kazanlı | 0.000 |
| Çıralı-Belek | 0.087 | Kızılot-Akyatan | 0.200 |
| Çıralı-Kızılot | 0.073 | Kızılot-Samandağ | ^a 0.204 ^a |
| Çıralı-Gazipaşa | 0.065 | Gazipaşa-Anamur | 0.042 |
| Çıralı-Anamur | 0.008 | Gazipaşa-G. Deltası | 0.040 |
| Çıralı-G. Deltası | 0.005 | Gazipaşa-Alata | 0.048 |
| Çıralı-Alata | 0.045 | Gazipaşa-Kazanlı | 0.022 |
| Çıralı-Kazanlı | 0.018 | Gazipaşa-Akyatan | 0.112 |
| Çıralı-Akyatan | 0.004 | Gazipaşa-Samandağ | 0.151 |
| Çıralı-Samandağ | 0.042 | Anamur-G. Deltası | 0.008 |
| Tekirova-Belek | 0.003 | Anamur-Alata | 0.023 |
| Tekirova-Kızılot | 0.000 | Anamur-Kazanlı | 0.009 |
| Tekirova-Gazipaşa | 0.022 | Anamur-Akyatan | 0.014 |
| Tekirova-Anamur | 0.009 | Anamur-Samandağ | 0.057 |
| Tekirova-G. Deltası | 0.009 | G. Deltası-Alata | 0.024 |
| Tekirova-Alata | 0.000 | G. Deltası-Kazanlı | 0.009 |
| Tekirova-Kazanlı | 0.000 | G. Deltası-Akyatan | 0.007 |
| Tekirova-Akyatan | 0.100 | G. Deltası-Samandağ | 0.039 |
| Tekirova-Samandağ | 0.088 | Alata-Kazanlı | 0.000 |
| Belek-Kızılot | 0.013 | Alata-Akyatan | 0.167 |
| Belek-Gazipaşa | 0.048 | Alata-Samandağ | 0.161 |
| Belek-Anamur | 0.049 | Kazanlı-Akyatan | 0.100 |
| Belek-G. Deltası | 0.049 | Kazanlı-Samandağ | 0.088 |
| Belek-Alata | 0.008 | Ağyatan-Samandağ | 0.028 |



A



B

Şekil 4.2. Yuvalama kumsallarının haplotip sıklıklarına bağlı olarak ikişerli karşılaştırmalarına ait genetik uzaklıklarına (γ_{st}) dayalı UPGM ve Neighbor-Joining filogenetik ağaçları (**A**: UPGM. **B**: Neighbor-Joining. Grup A: Patara, Kale ve Kumluca; Grup B: Kızılot ve Gazipaşa; Grup C: Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ)

UPGMA ağacı sonucunda tespit edilen beş gruba dayalı X^2 (haplotip bazlı analiz) ve Z^* (nükleotid, sekans bazlı analiz) testi analizleri tekrar yapıldı (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Gruplandırılmış yuvalama kumsallarının mtDNA bakımından ikişerli karşılaştırılması. Alttaki bölüm mtDNA'ya (γ_{st} değerleri) dayalı populasyonlar arasındaki genetik mesafeyi gösteriyor. Üstteki bölüm mtDNA yuvalama kumsalları arasındaki göç oranlarını, alttaki sağ taraf X^2 , sol taraf Z^* testi anlamlılık derecelerini gösteriyor ^ap<0.05, ^bp<0.01 ve ^cp<0.001 (Batı: Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı; Orta: Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa; Doğu: Anamur, G. Deltası, Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ)

| | Dalyan | Dalaman | Batı | Orta | Doğu |
|---------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|--------------------|-------|
| Dalyan | - | 1.75 | 7.76 | 0.92 | 3.77 |
| Dalaman | ^a 0.125 ^b | - | 0.89 | 0.18 | 0.7 |
| Batı | ^a 0.031 | ^c 0.220 ^c | - | 2.74 | 28.85 |
| Orta | ^c 0.214 ^c | ^c 0.582 ^c | ^c 0.084 ^b | - | 6.19 |
| Doğu | ^b 0.062 ^a | ^c 0.265 ^c | 0.008 | ^a 0.039 | - |

Çizelgeye göre yapılan gruplamalar arasındaki ikili karşılaştırmalarda sadece Batı ve Doğu grupları arasında genetik olarak fark tespit edilmemiştir.

mtDNA genetik uzaklığa dayalı (γ_{st}) yuvalama kumsalları arasındaki göç oranları (Nm) verilmiştir (Çizelge 4.7). Genetik uzaklık (γ_{st}) değerlerine bağlı yuvalama kumsalı çiftleri arasındaki gen akışı (göç oranı, Nm) değerlerinin 0.19 ile 756 arasında büyük değişkenlik gösterdiği belirlendi. Gen akışı en düşük Dalaman-Belek (0.19). en yüksek ise Çıralı-Patara (756) arasında ölçüldü.

Çizelge 4.7. mtDNA ya bağlı yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırmaları arasıy (σ_{st} değerlerine bağlı) göç oranları.(Nm: kumsalları arasındaki göç oranları)

| Yuvalama Kumsalları | Nm | Yuvalama Kumsalları | Nm |
|----------------------------|-------------|----------------------------|------------|
| Dalyan-Dalaman | 1.75 | Fethiye-Anamur | 12.46 |
| Dalyan-Fethiye | 10.71 | Fethiye-G. Deltası | 20.65 |
| Dalyan-Patara | 18.69 | Fethiye-Alata | 4.93 |
| Dalyan-Kale | 45.65 | Fethiye-Kazanlı | 13.14 |
| Dalyan-Kumluca | 4.36 | Fethiye-Akyatan | - |
| Dalyan-Çıralı | 5.97 | Fethiye-Samandağ | 9.97 |
| Dalyan-Tekirova | 8.75 | Patara-Kale | 2.25 |
| Dalyan-Belek | 1.18 | Patara-Kumluca | 38 |
| Dalyan-Kızılot | 1.81 | Patara-Çıralı | 756 |
| Dalyan-Gazipaşa | 2.28 | Patara-Tekirova | 3.50 |
| Dalyan-Anamur | 3.39 | Patara-Belek | 2.54 |
| Dalyan-G. Deltası | 4.49 | Patara-Kızılot | 1.42 |
| Dalyan-Alata | 3.19 | Patara-Gazipaşa | 2.51 |
| Dalyan-Kazanlı | 8.75 | Patara-Anamur | 35.9 |
| Dalyan-Akyatan | 44.55 | Patara-G. Deltası | 71.55 |
| Dalyan-Samandağ | 18.74 | Patara-Alata | 1.83 |
| Dalaman-Fethiye | 0.71 | Patara-Kazanlı | 3.50 |
| Dalaman-Patara | 0.94 | Patara-Akyatan | 69.75 |
| Dalaman-Kale | 5.70 | Patara-Samandağ | 5.97 |
| Dalaman-Kumluca | 0.42 | Kale-Kumluca | 1.61 |
| Dalaman-Çıralı | 0.52 | Kale-Çıralı | 3.12 |
| Dalaman-Tekirova | 0.92 | Kale-Tekirova | 0.75 |
| Dalaman-Belek | 0.19 | Kale-Belek | 0.56 |
| Dalaman-Kızılot | 0.22 | Kale-Kızılot | 0.33 |
| Dalaman-Gazipaşa | 0.33 | Kale-Gazipaşa | 0.65 |
| Dalaman-Anamur | 0.43 | Kale-Anamur | 2.35 |
| Dalaman-G. Deltası | 0.5 | Kale-G. Deltası | 3.70 |
| Dalaman-Alata | 0.36 | Kale-Alata | 0.42 |
| Dalaman-Kazanlı | 0.92 | Kale-Kazanlı | 0.75 |
| Dalaman-Akyatan | 1.35 | Kale-Akyatan | 3.50 |
| Dalaman-Samandağ | 1.59 | Kale-Samandağ | 5.9 |
| Fethiye-Patara | 323.75 | Kumluca-Çıralı | 59.69 |
| Fethiye-Kale | 6.64 | Kumluca-Tekirova | 13.81 |
| Fethiye-Kumluca | 17.7 | Kumluca-Belek | 3.71 |
| Fethiye-Çıralı | 64.12 | Kumluca-Kızılot | 3.66 |
| Fethiye-Tekirova | 13.14 | Kumluca-Gazipaşa | 3.87 |
| Fethiye-Belek | 2.07 | Kumluca-Anamur | 79.75 |
| Fethiye-Kızılot | 2.88 | Kumluca-G. Deltası | 54.76 |
| Fethiye-Gazipaşa | 3.38 | Kumluca-Alata | 5.69 |

Çizelge 4.7 devamı

| Yuvalama Kumsalları | Nm | Yuvalama Kumsalları | Nm |
|----------------------------|-----------|----------------------------|-----------|
| Kumluca-Kazanlı | 13.81 | Belek-Samandağ | 1.15 |
| Kumluca-Akyatan | 14.44 | Kızılot-Gazipaşa | 3.50 |
| Kumluca-Samandağ | 3.36 | Kızılot-Anamur | 6.45 |
| Çıralı-Tekirova | 13.50 | Kızılot-G. Deltası | 6.07 |
| Çıralı-Belek | 2.61 | Kızılot-Alata | - |
| Çıralı-Kızılot | 3.19 | Kızılot-Kazanlı | - |
| Çıralı-Gazipaşa | 3.59 | Kızılot-Akyatan | 1 |
| Çıralı-Anamur | 30.80 | Kızılot-Samandağ | 0.98 |
| Çıralı-G. Deltası | 48.12 | Gazipaşa-Anamur | 5.75 |
| Çıralı-Alata | 5.25 | Gazipaşa-G. Deltası | 5.95 |
| Çıralı-Kazanlı | 13.50 | Gazipaşa-Alata | 5 |
| Çıralı-Akyatan | 63.92 | Gazipaşa-Kazanlı | 11 |
| Çıralı-Samandağ | 5.69 | Gazipaşa-Akyatan | 1.98 |
| Tekirova-Belek | 81 | Gazipaşa-Samandağ | 1.40 |
| Tekirova-Kızılot | - | Anamur-G. Deltası | 32.23 |
| Tekirova-Gazipaşa | 11 | Anamur-Alata | 10.75 |
| Tekirova-Anamur | 27.95 | Anamur-Kazanlı | 27.95 |
| Tekirova-G. Deltası | 26.23 | Anamur-Akyatan | 18.20 |
| Tekirova-Alata | - | Anamur-Samandağ | 4.11 |
| Tekirova-Kazanlı | - | G. Deltası-Alata | 10.22 |
| Tekirova-Akyatan | 2.25 | G. Deltası-Kazanlı | 26.83 |
| Tekirova-Samandağ | 2.60 | G. Deltası-Akyatan | 35.80 |
| Belek-Kızılot | 18.50 | G. Deltası-Samandağ | 6.09 |
| Belek-Gazipaşa | 5.01 | Alata-Kazanlı | - |
| Belek-Anamur | 4.89 | Alata-Akyatan | 1.25 |
| Belek-G. Deltası | 4.99 | Alata-Samandağ | 1 |
| Belek-Alata | 31 | Kazanlı-Akyatan | 2.25 |
| Belek-Kazanlı | 81 | Kazanlı-Samandağ | 2.60 |
| Belek-Akyatan | 1.93 | Ağyatan-Samandağ | 8.75 |

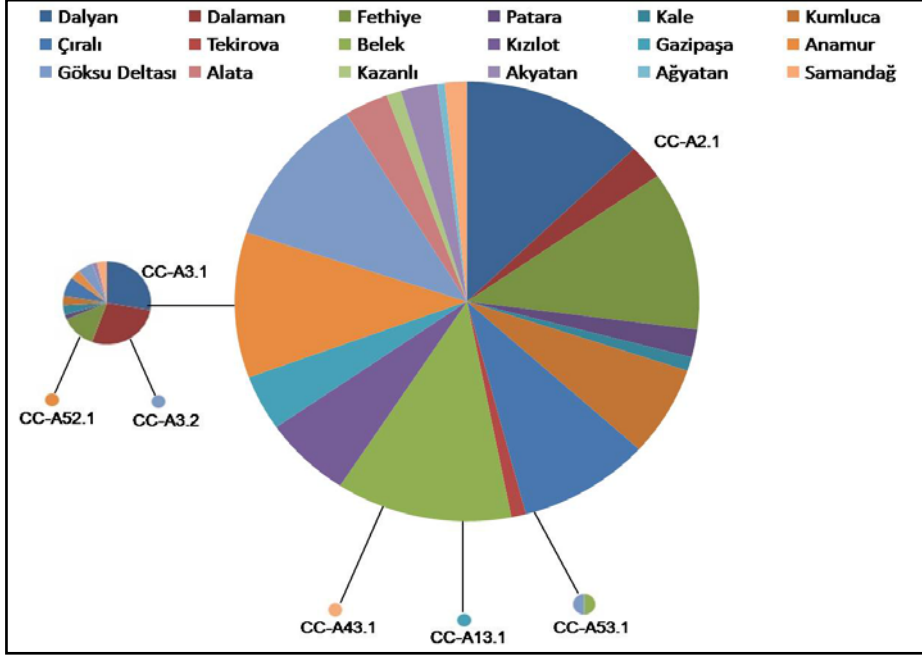
Genetik olarak farklı olmayan ve örnekleme hacmi 10'dan az olan yuvalama kumsalları coğrafik yakınlıklarına göre gruplandırılarak gruplar ve kumsallar arasındaki ikili karşılaştırmalarına ait genetik uzaklık (d_{st}) değerlerine göre yapılan UPGMA ağacına göre gruplandırılarak kumsallar ve gruplar arasındaki varyasyonu tespit etmek için Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) yapılmıştır (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi (Grup sayısı:5; 1:Dalyan; 2:Dalaman; 3: Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı; 4: Belek, Tekirova, Kızılot ve Gazipaşa; 5: Anamur, Göksu Deltası, Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ)

| <i>Caretta caretta</i> | Varyasyon | Varyasyon Yüzdesi | Fiksasyon İndeksi | P |
|--|-----------|-------------------|-------------------|---------|
| Gruplar Arasında | 0.04808 | 23.4 | 0.23405 F_{CT} | 0.00098 |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | -0.00677 | -3.30 | -0.04304 F_{SC} | 0.81427 |
| Yuvalama Kumsalları İçinde | 0.16413 | 79.89 | 0.20108 F_{ST} | 0.00000 |

Moleküler varyans analizi sonucunda tespit edilen varyasyon hepsi gruplar arasında (% 23.4 $p=0.00098$) ve yuvalama kumsalları içinde (% 79.89 $p=0.00000$) tespit edilmiştir.

Türkiye'deki *C. caretta* yuvalama kumsallarının NCA (Nested Clade Analyses) analizi ile haplotiplerin istatistiksel “köksüz tutumluluk ağı” oluşturuldu (Şekil 4.3 ve Çizelge 4.9).



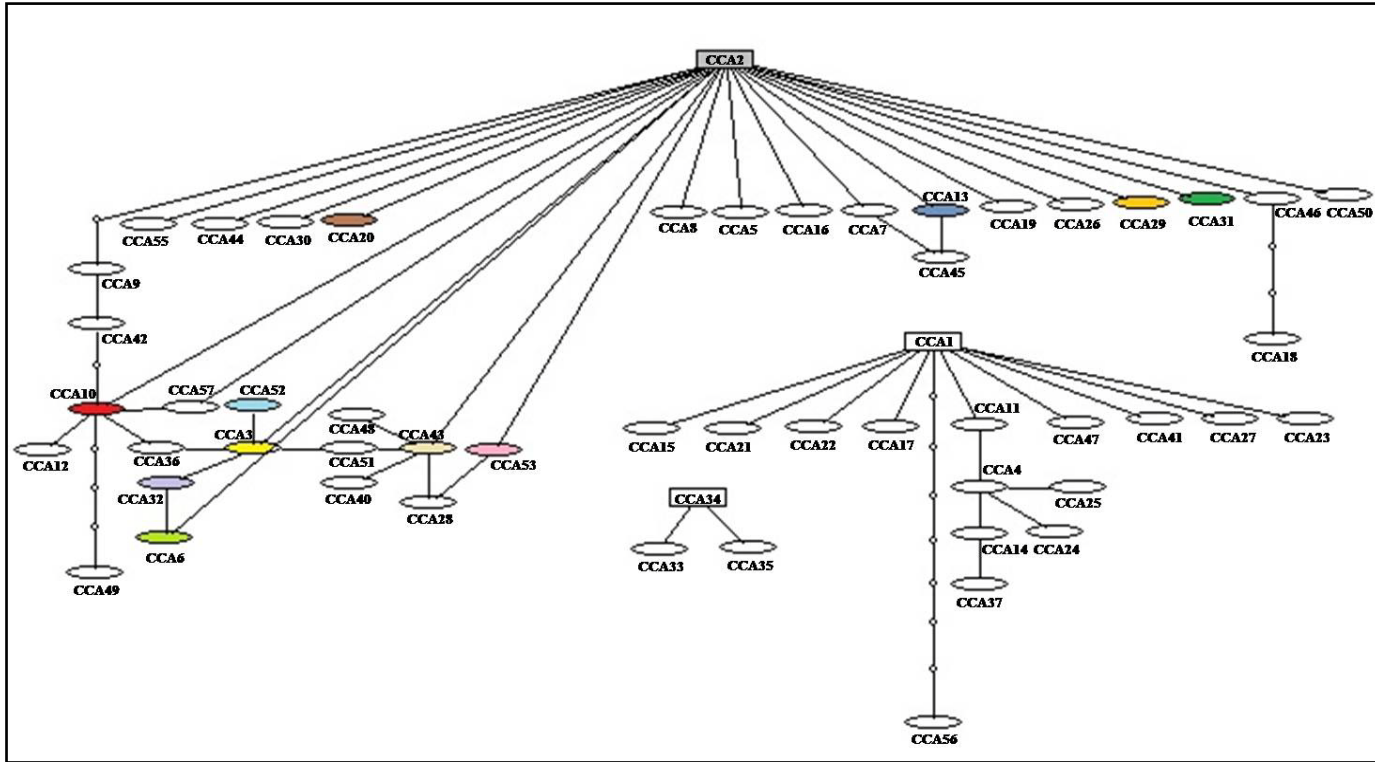
| Klad | Alt klad | Dc | Dn |
|-----------------|----------|-------------------|-------------------|
| Klad 1–1 | CC-A13.1 | T 0.0 | 36.4658*s |
| | CC-A53.1 | T 100.7467 | 99.2983 |
| | CC-A43.1 | T 0.0 | 298.8538 |
| | CC-A2.1 | I 157.1606 | 15□.6271 |
| | IT | 106.7872 | 24.1481 |
| Klad 1–2 | CC-A52.1 | T 0.0 | 172.809 |
| | CC-A3.2 | T 0.0 | 263.97□1 |
| | CC-A3.1 | I 179.8322 | 182.7368 |
| | IT | 179.8322 | -35.6533 |
| Toplam | Klad 1–1 | 158.1321*s | 156.6753*s |
| | Klad 1–2 | 183.6175 | 227.8779*1 |

Şekil 4.3. NCA analizine dayalı mtDNA haplotiplerinin tahmini kladogramı.

Her bir pay grafiği her bir popülasyondaki bir haplotipi ve onun frekansını temsil etmektedir. Tam çizgiler haplotipleri % 95'ten daha yüksek bir olasılığa sahip olan tek bir mutasyonel değişimle bağlamaktadır. Çizelge her bir yuva kladı için NCA sonuçlarını göstermektedir. Her bir alt klad için Dc (bir kladın coğrafik olarak yayılış ölçümü) ve Dn (Diğer kladlara coğrafik olarak yakınlığı) uzaklıkları verilmiştir. IT, bir klad da iki veya daha fazla alt klad olduğu durumlarda grup içerisinde uçtaki ve içteki kladlar arasındaki uzaklıklardaki ortalama farklılığı göstermektedir. (ns: önemsiz; s:önemli derecede küçük; l: önemli derecede büyük)

Atasal haplotip olarak CC-A2.1 ve CC-A3.1 haplotipleri tanımlandı. Analiz sonucu 2 klada ayrıldı. Klad 1-1'de CC-A2.1, CC-A13.1, CC-A43.1 ve CC-A53.1 haplotipleri ve Klad 1-2'de CC-A3.1, CC-A52.1 ve CC-A3.2 haplotipleri yer aldı. NCA haplotip ağına göre haplotip CC-A3.1 (G-A), CC-A13.1 (G-A), CC-A43.1 (A-G) ve CC-A53.1 (G-A) haplotipleri CC-A2.1'den bir baz değişimi sonucu meydana gelmiştir. Haplotip CC-A52.1 (G-A.C-A) ve CC-A3.2 (G-A.C-T) ise haplotip CC-A2.1'den iki baz değişimi sonucu veya bağımsız olarak CC-A3.1 den bir baz değişimi sonucu oluşmuştur (Şekil 4.3).

Atlantik ve Akdeniz *C. caretta* populasyonlarına ait yayınlanmış (ACCSTR; <http://accstr.ufl.edu>) mtDNA kontrol bölgesi haplotiplerinin haplotip tutumluluk ağı analizi yapıldı (Şekil 4.4). Atlantik ve Akdeniz'deki yuvalama populasyonlarında 3 tane soy hattı tespit edildi. Akdeniz'deki ve Türkiye yuvalama kumsallarında tespit edilen haplotiplerin CC-A2 haplotipinden köken aldığı gözlemlendi.



Şekil 4.4. Atlantik, Akdeniz ve Türkiye’de tespit edilen *C. caretta* populasyonlarına ait mtDNA kontrol bölgesi haplotip ağı analizi (Renkli olanlar Akdeniz ve Türkiye yuvalama populasyonlarında tespit edilen haplotipler, CC-A3.2 haplotipi bulunmuyor)

4.2. Mikrosatellit (nDNA)

Türkiye’de incelenen 17 *Caretta caretta* yuvalama kumsallarından 213 örnekten altı farklı mikrosatellit lokusu çalışıldı (Çizelge 4.9). Lokuslardan her biri polimorfik olup alel sayıları 8 (*Cm-72*) ile 17 (*Ccar-176*) arasında değişmektedir.

Çizelge 4.9. Yuvalama kumsallarına göre birey ve mikrosatellit alellerinin dağılımı (Ort: ortalama)

| Yuvalama Kumsalı | Birey | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | <i>Cc-141</i> | <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> |
|------------------|------------|---------------|--------------|--------------|---------------|-------------|-----------------|
| Dalyan | 34 | 9 | 3 | 9 | 10 | 11 | 9 |
| □alaman | 20 | 7 | 4 | 9 | 8 | 10 | 10 |
| Fethiye | 26 | 9 | 3 | 9 | 9 | 9 | 9 |
| Patara | 5 | 6 | 1 | 5 | 5 | 6 | 3 |
| Kale | 4 | 3 | 2 | 4 | 4 | 5 | 4 |
| Kumluca | 13 | 5 | 3 | 7 | 7 | 9 | 8 |
| Çıralı | 22 | 8 | 3 | 8 | 10 | 11 | 8 |
| Tekirova | 1 | 1 | 1 | 2 | 2 | 2 | 8 |
| Belek | 25 | 10 | 2 | 9 | 10 | 10 | 10 |
| Kızılot | 12 | 5 | 4 | 7 | 9 | 10 | 6 |
| Gazipaşa | 7 | 5 | 2 | 7 | 8 | 6 | 5 |
| Anamur | 18 | 7 | 3 | 7 | □7 | 11 | 6 |
| G. Deltası | 11 | 4 | 2 | 7 | 8 | 9 | 5 |
| Alata | 6 | 6 | 2 | 6 | 4 | 8 | 2 |
| Akyatan | 4 | 4 | 1 | 5 | 6 | 6 | 2 |
| Ağyatan | 1 | 2 | 1 | 2 | 2 | 2 | 1 |
| Samandağ | 4 | 6 | 2 | 4 | 5 | 5 | 3 |
| Toplam | 213 | 11 | 8 | 11 | 14 | 16 | 17 |
| Ort. | | 5.71 | 2.29 | 6.29 | 6.71 | 7.65 | 5.82 |

Altı lokus için toplamda ortalama 12.83 olan alel sayısı, polimorfik lokuslar içinde en az *Cm-72* (2.29) ve en yüksek ise *Cc-7* (7.65) lokusundan saptandı.

Tekirova ve Ağyatan’da örnek sayısı az olduğu için (sadece 2 ve 1) gözlenen heterozigotluk değerleri gerçeği yansıtmayacağından bu iki yuvalama kumsalı dışında gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri ise en düşük Patara ($H_G=0.592$) ve en yüksek Samandağ ($H_G=0.729$) yuvalama kumsalında saptanmıştır (Çizelge 4.16). En yüksek alel sayısı *Cc-117* lokusunda Belek (10 alel), *Cm-72* lokusunda Dalaman ve Kızılot (4 alel), *Cm-84* lokusunda Dalyan,

Dalaman, Fethiye ve Belek (9 alel), *Cc-141* lokusunda Dalyan, ıralı ve Belek (10 alel), *Cc-7* lokusunda Dalyan, ıralı ve Anamur ve son olarak *Ccar-176* lokusunda Dalaman ve Belek (10 alel) yuvalama kumsallarında belirlendi (izelge 4.10, 4.11, 2.12, 4.13, 4.14, 4.15 ve 4.16).

Yuvalama kumsallarına gre mikrosatellit lokuslarının alel sıklıkları belirlenerek grafik ile gsterildi (ekil 4.5, ekil 4.6, ekil 4.7, ekil 4.8, ekil 4.9 ve ekil 4.10). Mikrosatellit lokuslarının toplam alel sıklıkları belirlendi (ekil 4.11, ekil 4.12, ekil 4.13, ekil 4.14, ekil 4.15 ve ekil 4.16).

Çizelge 4.10. *C. caretta* örneklerinin *Cc-117* lokusu DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (*k*) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan. AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

| <i>Cc-117</i> | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | | | H_G | H_B |
|---------------|----------------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------------|-------------|
| | N | <i>k</i> | 230 | 232 | 234 | 236 | 238 | 240 | 242 | 246 | 248 | 250 | 252 | | |
| DLY | 68 | 9 | 0.059 | 0 | 0.427 | 0.044 | 0.029 | 0.140 | 0.010 | 0.221 | 0.015 | 0 | 0.044 | 0.75 | 0.62 |
| DLM | 40 | 7 | 0.05 | 0.025 | 0.525 | 0.05 | 0 | 0.075 | 0 | 0.25 | | 0.025 | 0 | 0.67 | 0.60 |
| FTH | 52 | 9 | 0.039 | 0 | 0.442 | 0.039 | 0.096 | 0.115 | 0.039 | 0.173 | 0.039 | 0 | 0.019 | 0.76 | 0.85 |
| PTR | 10 | 6 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.1 | 0 | 0.1 | 0 | 0.4 | 0 | 0 | 0 | 0.86 | 0.60 |
| KL | 8 | 3 | 0 | 0 | 0.375 | 0 | 0 | 0.25 | 0 | 0.375 | 0 | 0 | 0 | 0.75 | 0.75 |
| KML | 26 | 5 | 0.154 | 0 | 0.423 | 0.077 | 0 | 0.192 | 0 | 0.154 | 0 | 0 | 0 | 0.76 | 0.77 |
| ÇRL | 44 | 8 | 0.023 | 0 | 0.409 | 0.091 | 0.114 | 0.091 | 0 | 0.136 | 0.091 | 0.046 | 0 | 0.79 | 0.86 |
| TKR | 2 | 1 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| BLK | 50 | 10 | 0.04 | 0 | 0.34 | 0.04 | 0.02 | 0.14 | 0.04 | 0.24 | 0.04 | 0.04 | 0.06 | 0.81 | 0.84 |
| KZL | 24 | 5 | 0 | 0 | 0.583 | 0 | 0.083 | 0.083 | 0 | 0.208 | 0 | 0 | 0.042 | 0.62 | 0.75 |
| GZP | 14 | 5 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0.071 | 0.143 | 0.071 | 0.214 | 0 | 0 | 0 | 0.77 | 0.71 |
| ANM | 36 | 7 | 0 | 0 | 0.528 | 0.083 | 0.056 | 0.111 | 0 | 0.167 | 0.028 | 0 | 0.028 | 0.69 | 0.67 |
| GDLT | 22 | 4 | 0 | 0 | 0.546 | 0.136 | 0 | 0.182 | 0 | 0.136 | 0 | 0 | 0 | 0.67 | 0.46 |
| ALT | 12 | 6 | 0.083 | 0 | 0.25 | 0.083 | 0.083 | 0.25 | 0 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0.85 | 1 |
| AKY | 8 | 4 | 0 | 0 | 0.375 | 0.25 | 0 | 0.125 | 0 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0.83 | 0.75 |
| AĞY | 2 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| SMN | 8 | 6 | 0 | 0 | 0.375 | 0.125 | 0.125 | 0.125 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.125 | 0.92 | 0.75 |
| Ort. | | 5.71 | | | | | | | | | | | | 0.70 | 0.70 |

Çizelge 4.11. *C. caretta* örneklerinin *Cm-72* lokusu mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (*k*) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri(Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

| <i>Cm-72</i> | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | |
|--------------|----------------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------------|-------------|
| | N | <i>k</i> | 223 | 224 | 234 | 236 | 240 | 242 | 243 | 247 | H_G | H_B |
| DLY | 68 | 3 | 0.956 | 0 | 0.015 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.029 | 0.09 | 0.09 |
| DLM | 40 | 4 | 0.875 | 0 | 0.025 | 0 | 0 | 0.05 | 0 | 0.050 | 0.24 | 0.2 |
| FTH | 52 | 3 | 0.962 | 0 | 0.019 | 0 | 0 | 0.019 | 0 | 0 | 0.08 | 0.08 |
| PTR | 10 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| KL | 8 | 2 | 0.875 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.25 | 0.25 |
| KML | 26 | 3 | 0.885 | 0 | 0.077 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.039 | 0.22 | 0.23 |
| ÇRL | 44 | 3 | 0.864 | 0 | 0.091 | 0 | 0 | 0.023 | 0 | 0.023 | 0.25 | 0.27 |
| TKR | 2 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| BLK | 50 | 2 | 0.96 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.04 | 0 | 0 | 0.08 | 0.08 |
| KZL | 24 | 4 | 0.875 | 0.042 | 0 | 0 | 0 | 0.042 | 0.042 | 0 | 0.24 | 0.17 |
| GZP | 14 | 2 | 0.929 | 0 | 0.071 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.14 | 0.14 |
| ANM | 36 | 3 | 0.944 | 0 | 0 | 0.028 | 0.028 | 0 | 0 | 0 | 0.11 | 0.11 |
| GDLT | 22 | 2 | 0.955 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.046 | 0.09 | 0.09 |
| ALT | 12 | 2 | 0.833 | 0.167 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.33 | 0 |
| AKY | 8 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| AĞY | 2 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| SMN | 8 | 2 | 0.75 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.250 | 0 | 0 | 0.42 | 0.5 |
| Ort. | | 2.29 | | | | | | | | | 0.15 | 0.13 |

Çizelge 4.12. *C. caretta* örneklerinin *Cm-84* lokusu mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (*k*) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

| <i>Cm-84</i> | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | | | H_G | H_B |
|--------------|----------------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------------|-------------|
| | N | <i>k</i> | 312 | 313 | 314 | 315 | 316 | 318 | 320 | 322 | 323 | 324 | 326 | | |
| DLY | 68 | 9 | 0.074 | 0.088 | 0.309 | 0.279 | 0 | 0.059 | 0 | 0.118 | 0.029 | 0.029 | 0.015 | 0.81 | 0.65 |
| DLM | 40 | 9 | 0.1 | 0.05 | 0.325 | 0.225 | 0.025 | 0 | 0 | 0.175 | 0.025 | 0.05 | 0.025 | 0.82 | 0.7 |
| FTH | 52 | 9 | 0.077 | 0 | 0.192 | 0.346 | 0.039 | 0.039 | 0.019 | 0.212 | 0 | 0.058 | 0.019 | 0.80 | 0.65 |
| PTR | 10 | 5 | 0.1 | 0 | 0.5 | 0.1 | 0 | 0 | 0 | 0.1 | 0 | 0.2 | 0 | 0.75 | 0.8 |
| KL | 8 | 4 | 0.125 | 0 | 0.375 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0.63 | 1 |
| KML | 26 | 7 | 0.039 | 0 | 0.269 | 0.385 | 0.077 | 0 | 0 | 0.115 | 0 | 0.077 | 0.039 | 0.80 | 0.39 |
| ÇRL | 44 | 8 | 0.114 | 0.046 | 0.273 | 0.227 | 0.091 | 0 | 0 | 0.136 | 0.023 | 0.091 | 0 | 0.85 | 0.73 |
| TKR | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| BLK | 50 | 9 | 0.06 | 0.02 | 0.4 | 0.08 | 0.08 | 0 | 0.06 | 0.2 | 0 | 0.08 | 0.02 | 0.79 | 0.72 |
| KZL | 24 | 7 | 0.042 | 0.125 | 0.125 | 0.208 | 0.25 | 0 | 0 | 0.125 | 0 | 0.125 | 0 | 0.86 | 0.67 |
| GZP | 14 | 7 | 0.071 | 0.214 | 0.214 | 0.143 | 0.214 | 0 | 0.071 | 0 | 0.071 | 0 | 0 | 0.91 | 0.71 |
| ANM | 36 | 7 | 0.194 | 0.028 | 0.25 | 0.333 | 0 | 0.028 | 0 | 0.111 | 0 | 0.056 | 0 | 0.80 | 0.56 |
| GDLT | 22 | 7 | 0.091 | 0 | 0.182 | 0.409 | 0.091 | 0.046 | 0 | 0.091 | 0 | 0.091 | 0 | 0.81 | 0.55 |
| ALT | 12 | 6 | 0 | 0 | 0.5 | 0.083 | 0 | 0.083 | 0 | 0.167 | 0.083 | 0.083 | 0 | 0.75 | 0.83 |
| AKY | 8 | 5 | 0.125 | 0 | 0.125 | 0.375 | 0 | 0.125 | 0 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0.83 | 1 |
| AĞY | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0.5 | 1 |
| SMN | 8 | 4 | 0 | 0.375 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.25 | 0 | 0.125 | 0 | 0.83 | 0.75 |
| Ort. | | 6.29 | | | | | | | | | | | | 0.77 | 0.75 |

Çizelge 4.13. *C. caretta* örneklerinin *Cc-141* lokusu mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (*k*) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

| <i>Cc-141</i> | | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | | | | | H_G | H_B |
|---------------|----|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------------|-------------|
| | N | <i>k</i> | 179 | 181 | 187 | 191 | 193 | 195 | 197 | 199 | 201 | 203 | 205 | 207 | 210 | 212 | | |
| DLY | 68 | 10 | 0.015 | 0 | 0.118 | 0 | 0 | 0.044 | 0.353 | 0.044 | 0.132 | 0.147 | 0.074 | 0.015 | 0 | 0.059 | 0.82 | 0.80 |
| DLM | 40 | 8 | 0 | 0 | 0.05 | 0 | 0 | 0.1 | 0.35 | 0.05 | 0.125 | 0.1 | 0.125 | 0 | 0 | 0.1 | 0.83 | 0.85 |
| FTH | 52 | 9 | 0 | 0 | 0.096 | 0 | 0 | 0.058 | 0.365 | 0.096 | 0.096 | 0.154 | 0.058 | 0.019 | 0 | 0.058 | 0.82 | 0.89 |
| PTR | 10 | 5 | 0 | 0 | 0.1 | 0 | 0 | 0 | 0.1 | 0.1 | 0.6 | 0 | 0.1 | 0 | 0 | 0 | 0.65 | 0.8 |
| KL | 8 | 4 | 0 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.375 | 0.25 | 0 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.79 | 1 |
| KML | 26 | 7 | 0 | 0 | 0.077 | 0 | 0 | 0.039 | 0.308 | 0.231 | 0.154 | 0.154 | 0.039 | 0 | 0 | 0 | 0.82 | 1 |
| ÇRL | 44 | 10 | 0.023 | 0 | 0.091 | 0 | 0 | 0.023 | 0.25 | 0.091 | 0.227 | 0.046 | 0.159 | 0 | 0.023 | 0.068 | 0.85 | 0.91 |
| TKR | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| BLK | 50 | 10 | 0 | 0.040 | 0.08 | 0 | 0 | 0.08 | 0.42 | 0.1 | 0.06 | 0.08 | 0.1 | 0.020 | 0 | 0.02 | 0.80 | 0.64 |
| KZL | 24 | 9 | 0 | 0.042 | 0.042 | 0 | 0 | 0.125 | 0.417 | 0.083 | 0.125 | 0.083 | 0.042 | 0.042 | 0 | 0 | 0.80 | 0.92 |
| GZP | 14 | 8 | 0 | 0 | 0.143 | 0 | 0 | 0.071 | 0.286 | 0.071 | 0.143 | 0.071 | 0.143 | 0.071 | 0 | 0 | 0.89 | 1 |
| ANM | 36 | 7 | 0 | 0 | 0.194 | 0 | 0 | 0.083 | 0.333 | 0.083 | 0.139 | 0.028 | 0.139 | 0 | 0 | 0 | 0.82 | 0.78 |
| GDLT | 22 | 8 | 0 | 0 | 0.227 | 0 | 0 | 0.046 | 0.318 | 0.091 | 0.182 | 0 | 0.091 | 0 | 0 | 0.046 | 0.83 | 0.89 |
| ALT | 12 | 4 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.083 | 0 | 0.25 | 0 | 0.417 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.75 | 0.83 |
| AKY | 8 | 6 | 0 | 0 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.25 | 0.25 | 0.125 | 0.125 | 0 | 0 | 0 | 0.125 | 0.96 | 0.75 |
| AĞY | 2 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| SMN | 8 | 5 | 0 | 0 | 0.375 | 0 | 0 | 0 | 0.25 | 0 | 0.125 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.125 | 0.83 | 1 |
| Ort. | | 6.70 | | | | | | | | | | | | | | | 0.78 | 0.88 |

Çizelge 4.14. *C. caretta* örneklerinin *Cc-7* lokusu mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (*k*) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

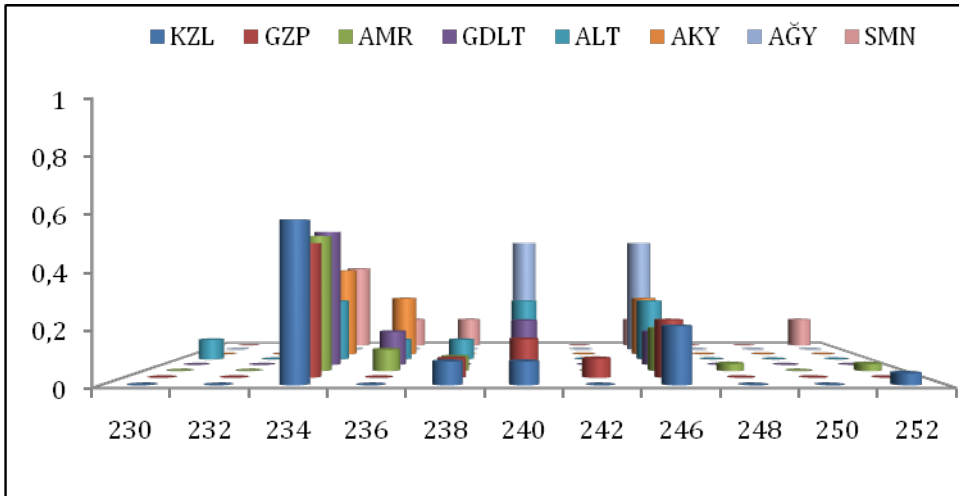
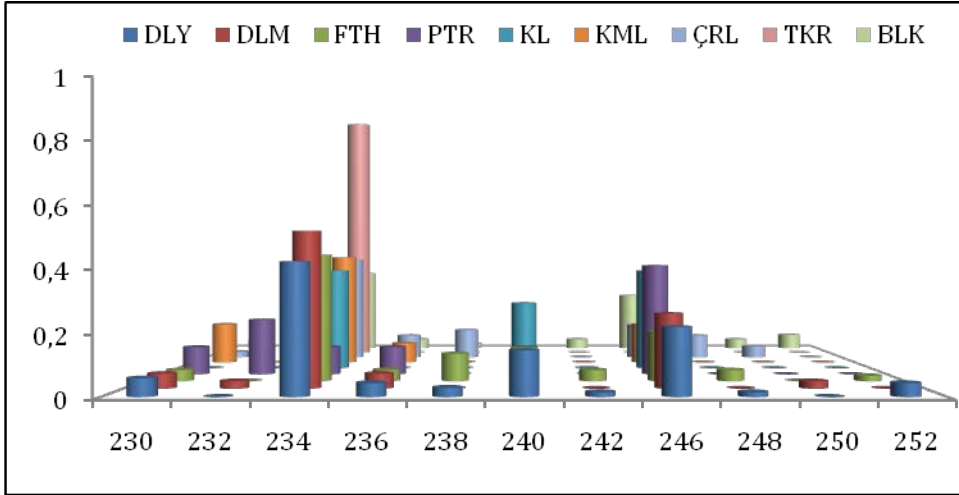
| <i>Cc-7</i> | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | | | | | | | | H_G | H_B |
|-------------|----------------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------------|-------------|
| | N | <i>k</i> | 166 | 168 | 172 | 174 | 176 | 178 | 182 | 184 | 186 | 188 | 192 | 194 | 196 | 198 | 200 | 202 | | |
| DLY | 68 | 11 | 0 | 0.061 | 0.197 | 0.152 | 0.015 | 0.091 | 0 | 0.091 | 0.015 | 0.076 | 0 | 0.106 | 0.015 | 0.182 | 0 | 0 | 0.88 | 0.88 |
| DLM | 40 | 10 | 0 | 0.075 | 0.1 | 0.325 | 0 | 0.025 | 0 | 0.1 | 0 | 0.025 | 0.025 | 0.1 | 0 | 0.175 | 0 | 0.050 | 0.85 | 0.85 |
| FTH | 52 | 9 | 0 | 0.135 | 0.096 | 0.231 | 0 | 0.077 | 0 | 0.25 | 0.019 | 0.039 | 0 | 0.058 | 0 | 0.096 | 0 | 0 | 0.85 | 0.92 |
| PTR | 10 | 6 | 0 | 0 | 0.2 | 0.2 | 0 | 0.1 | 0 | 0.1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.2 | 0 | 0.200 | 0.9 | 1 |
| KL | 8 | 5 | 0 | 0.125 | 0.375 | 0.125 | 0 | 0.375 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.75 | 1 |
| KML | 26 | 9 | 0 | 0.115 | 0.231 | 0.269 | 0 | 0.039 | 0.039 | 0.154 | 0 | 0.039 | 0 | 0.039 | 0 | 0.077 | 0 | 0 | 0.87 | 0.69 |
| ÇRL | 44 | 11 | 0.023 | 0.091 | 0.114 | 0.205 | 0.023 | 0.068 | 0 | 0.159 | 0 | 0.114 | 0 | 0.091 | 0 | 0.091 | 0 | 0.023 | 0.90 | 0.96 |
| TKR | 2 | 2 | 0 | 0.5 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| BLK | 50 | 10 | 0 | 0.06 | 0.18 | 0.24 | 0 | 0.08 | 0 | 0.08 | 0.08 | 0.1 | 0 | 0.06 | 0 | 0.1 | 0.02 | 0 | 0.88 | 0.88 |
| KZL | 24 | 10 | 0 | 0.042 | 0.125 | 0.167 | 0 | 0 | 0.042 | 0.167 | 0.125 | 0.083 | 0.042 | 0.083 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.91 | 1 |
| GZP | 14 | 6 | 0 | 0.143 | 0.214 | 0.214 | 0 | 0.286 | 0 | 0.071 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.071 | 0 | 0 | 0.85 | 1 |
| ANM | 36 | 11 | 0 | 0.083 | 0.111 | 0.194 | 0 | 0.194 | 0.028 | 0.083 | 0.028 | 0.083 | 0.028 | 0.028 | 0 | 0.139 | 0 | 0 | 0.89 | 1 |
| GDLT | 22 | 9 | 0 | 0.091 | 0.182 | 0.227 | 0 | 0.046 | 0 | 0.091 | 0.046 | 0.046 | 0 | 0.136 | 0 | 0.136 | 0 | 0 | 0.89 | 1 |
| ALT | 12 | 8 | 0 | 0.083 | 0.25 | 0.167 | 0.083 | 0 | 0 | 0.083 | 0 | 0 | 0.083 | 0.167 | 0 | 0.083 | 0 | 0 | 0.92 | 1 |
| AKY | 8 | 6 | 0 | 0.125 | 0.125 | 0 | 0 | 0.125 | 0 | 0.375 | 0.125 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.125 | 0 | 0 | 0.88 | 1 |
| AĞY | 2 | 2 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| SMN | 8 | 5 | 0 | 0.125 | 0.25 | 0.25 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.25 | 0 | 0.125 | 0.92 | 0.75 |
| Ort. | | 7.65 | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.83 | 0.94 |

Çizelge 4.15. *C. caretta* örneklerinin *Ccar-176* lokusu mikrosatellit DNA analizi sonucunda elde edilen gensayısı (N), alel sayısı (k) ve alel sıklıkları, gen çeşitliliği (H_B) ve gözlenen (H_G) heterozigotluk değerleri (Ort.: Ortalama, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

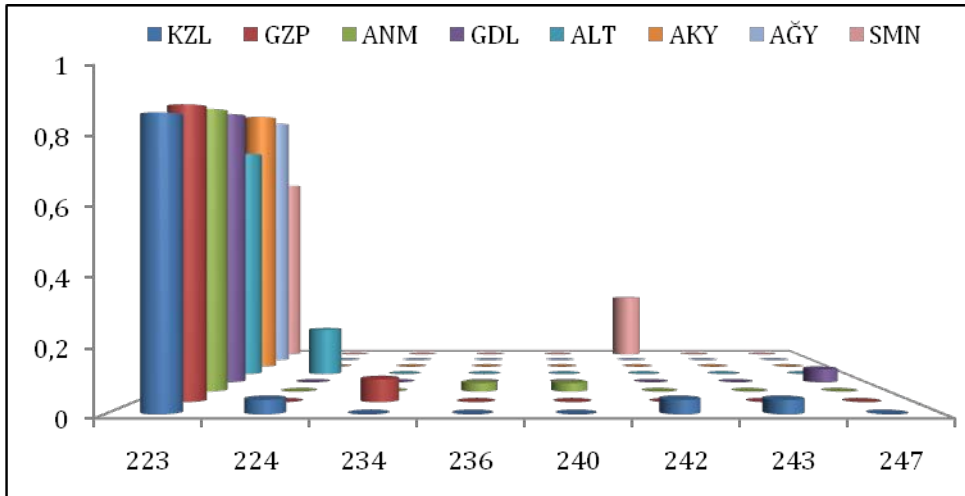
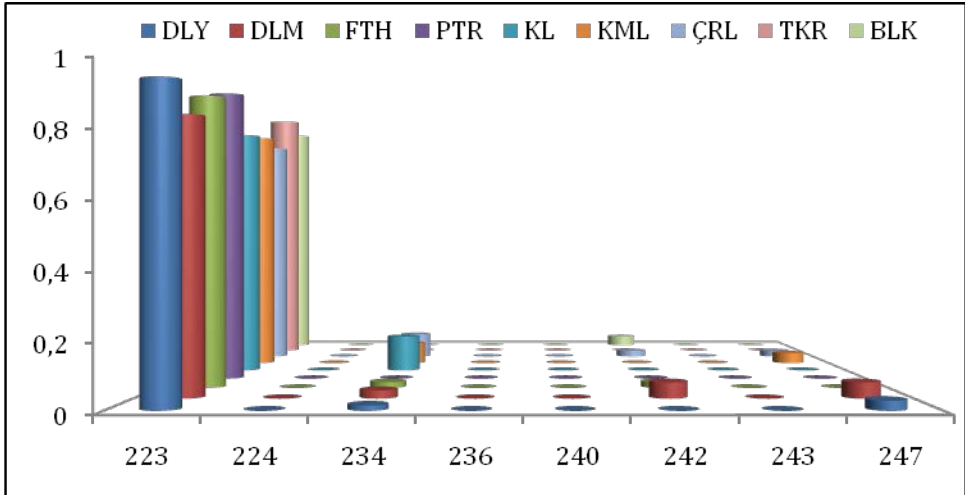
| <i>Ccar-176</i> | | Alel Büyüklüğü | | | | | | | | | | | | | | | | | | H_G | H_B |
|-----------------|----|----------------|------|------|------|------|------|-------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|-------------|-------------|
| | N | k | 177 | 179 | 185 | 187 | 189 | 191 | 193 | 195 | 197 | 199 | 201 | 203 | 205 | 209 | 210 | 211 | 215 | | |
| DLY | 68 | 9 | 0.16 | 0 | 0.06 | 0.65 | 0 | 0 | 0.02 | 0.03 | 0.02 | 0 | 0.03 | 0 | 0 | 0.03 | 0 | 0.02 | 0 | 0.56 | 0.59 |
| DLM | 40 | 10 | 0.2 | 0 | 0.03 | 0.53 | 0 | 0.025 | 0.08 | 0 | 0.03 | 0 | 0.05 | 0 | 0.03 | 0 | 0.03 | 0 | 0.03 | 0.69 | 0.7 |
| FTH | 52 | 9 | 0.14 | 0.02 | 0.09 | 0.64 | 0 | 0 | 0.02 | 0 | 0 | 0.04 | 0.02 | 0 | 0 | 0.02 | 0 | 0.02 | 0 | 0.58 | 0.69 |
| PTR | 10 | 3 | 0.1 | 0.1 | 0 | 0.8 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.38 | 0.4 |
| KL | 8 | 4 | 0.25 | 0.13 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0.13 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.75 | 0.75 |
| KML | 26 | 8 | 0.08 | 0.04 | 0.04 | 0.58 | 0.04 | 0.04 | 0 | 0 | 0.15 | 0 | 0.04 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.65 | 0.69 |
| ÇRL | 44 | 8 | 0.11 | 0.02 | 0.02 | 0.57 | 0 | 0 | 0.05 | 0 | 0.09 | 0 | 0.12 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.02 | 0.66 | 0.59 |
| TKR | 2 | 8 | 0.5 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.5 | 1 |
| BLK | 50 | 10 | 0.08 | 0.04 | 0.02 | 0.54 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.12 | 0.04 | 0.1 | 0.02 | 0 | 0.02 | 0 | 0.02 | 0 | 0.69 | 0.76 |
| KZL | 24 | 6 | 0.29 | 0 | 0.04 | 0.54 | 0 | 0 | 0 | 0.04 | 0.04 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.04 | 0 | 0 | 0 | 0.64 | 0.58 |
| GZP | 14 | 5 | 0.36 | 0 | 0.07 | 0.36 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.14 | 0 | 0.07 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.76 | 0.86 |
| ANM | 36 | 6 | 0.17 | 0.03 | 0.06 | 0.56 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.17 | 0 | 0.03 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.65 | 0.67 |
| GDLT | 22 | 5 | 0.14 | 0 | 0 | 0.5 | 0 | 0 | 0.05 | 0 | 0.05 | 0 | 0.27 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.67 | 0.91 |
| ALT | 12 | 2 | 0.25 | 0 | 0 | 0.75 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.43 | 0.17 |
| AKY | 8 | 2 | 0.25 | 0 | 0 | 0.75 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.42 | 0.5 |
| AĞY | 2 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| SMN | 8 | 3 | 0.13 | 0 | 0 | 0.75 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.13 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.46 | 0.5 |
| Ort. | | 5.82 | | | | | | | | | | | | | | | | | | 0.56 | 0.61 |

Çizelge 4.16: *C. caretta* örneklerinin incelenen lokusların toplamında istatistiksel olarak tamamlayıcı değerleri (*k*: Alel sayısı, H_G : Gözlenen heterozigotluk, H_B : Beklenen heterozigotluk, Ort.: Ortalama, SS: Standart sapma, SH: Standart hata, DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)

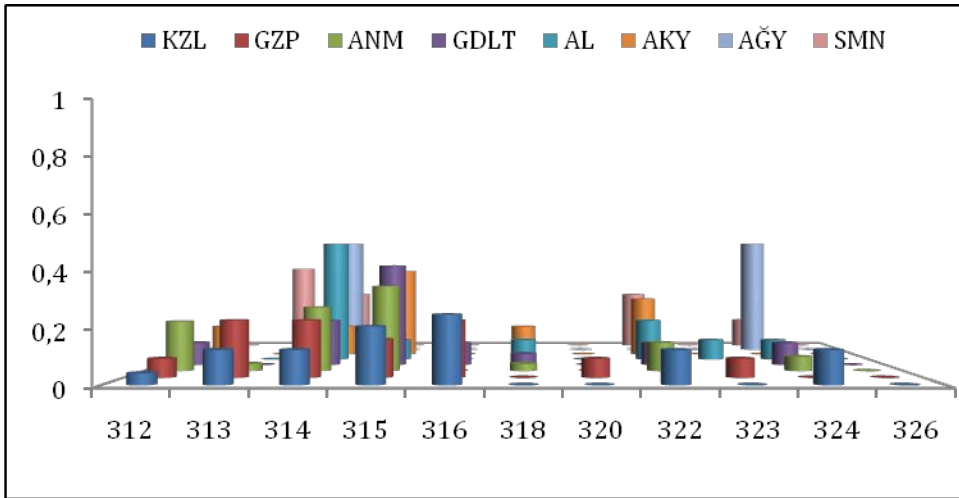
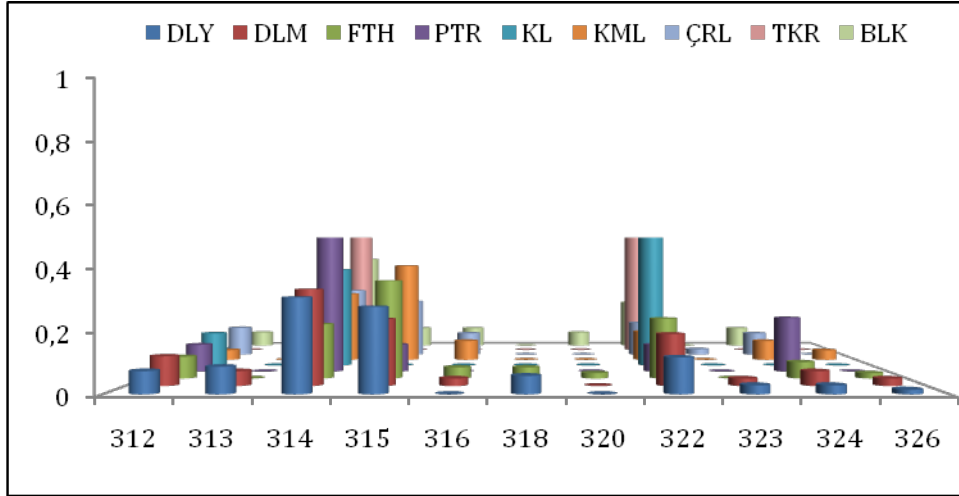
| | Ort. k | SS. k | SH. k | Ort. H_G | SS. H_G | SH. H_G | Ort. H_B | SS. H_B | SH. H_B |
|-------------|-----------|----------|----------|---------------|--------------|--------------|---------------|--------------|--------------|
| DLY | 8.500 | 2.81 | 1.15 | 0.651 | 0.30 | 0.12 | 0.602 | 0.28 | 0.11 |
| DLM | 8.000 | 2.28 | 0.93 | 0.682 | 0.23 | 0.09 | 0.650 | 0.24 | 0.10 |
| FTH | 8.000 | 2.45 | 1.00 | 0.648 | 0.30 | 0.12 | 0.679 | 0.31 | 0.13 |
| PTR | 4.333 | 1.97 | 0.80 | 0.592 | 0.35 | 0.14 | 0.600 | 0.36 | 0.15 |
| KL | 3.667 | 1.03 | 0.42 | 0.653 | 0.21 | 0.08 | 0.792 | 0.29 | 0.12 |
| KML | 6.500 | 2.17 | 0.89 | 0.686 | 0.24 | 0.10 | 0.628 | 0.28 | 0.11 |
| ÇRL | 8.000 | 2.76 | 1.13 | 0.715 | 0.24 | 0.10 | 0.720 | 0.26 | 0.10 |
| TKR | 2.667 | 2.66 | 1.09 | 0.333 | 0.26 | 0.11 | 0.667 | 0.52 | 0.21 |
| BLK | 8.500 | 3.21 | 1.31 | 0.674 | 0.30 | 0.12 | 0.653 | 0.29 | 0.12 |
| KZL | 6.833 | 2.32 | 0.95 | 0.683 | 0.25 | 0.10 | 0.681 | 0.30 | 0.12 |
| GZP | 5.500 | 2.07 | 0.85 | 0.712 | 0.29 | 0.12 | 0.738 | 0.32 | 0.13 |
| ANM | 6.833 | 2.56 | 1.05 | 0.661 | 0.28 | 0.12 | 0.630 | 0.30 | 0.12 |
| GDLT | 5.833 | 2.64 | 1.08 | 0.662 | 0.29 | 0.12 | 0.637 | 0.34 | 0.14 |
| ALT | 4.667 | 2.42 | 0.99 | 0.672 | 0.23 | 0.10 | 0.639 | 0.44 | 0.18 |
| AKY | 4.000 | 2.10 | 0.86 | 0.653 | 0.37 | 0.15 | 0.667 | 0.38 | 0.15 |
| AĞY | 1.667 | 0.52 | 0.21 | 0.333 | 0.26 | 0.11 | 0.667 | 0.52 | 0.21 |
| SMN | 4.167 | 1.47 | 0.60 | 0.729 | 0.23 | 0.09 | 0.708 | 0.19 | 0.08 |



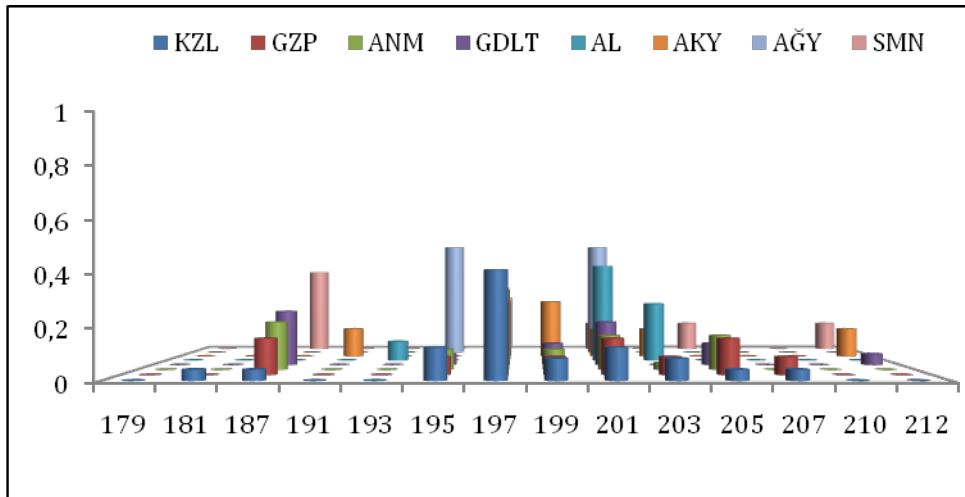
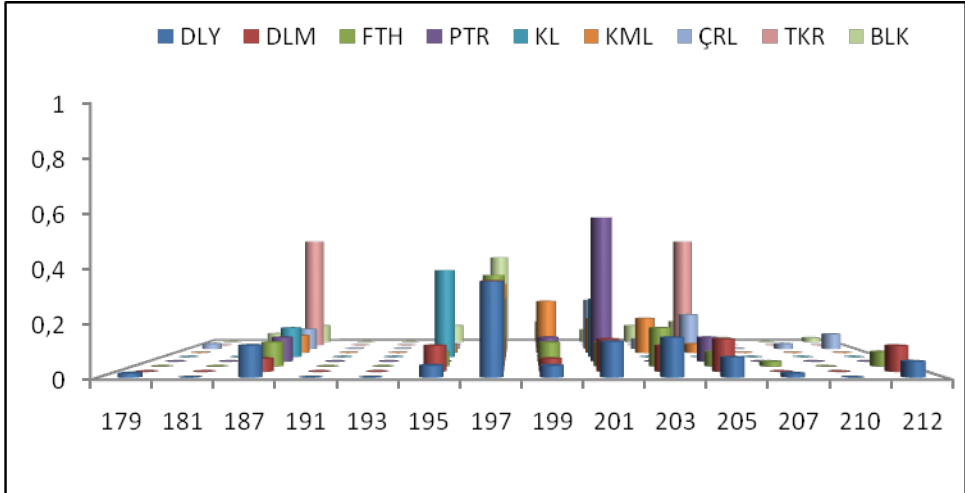
Şekil 4.5. *C. caretta* yuvalama kumsalları *Cc-117* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)



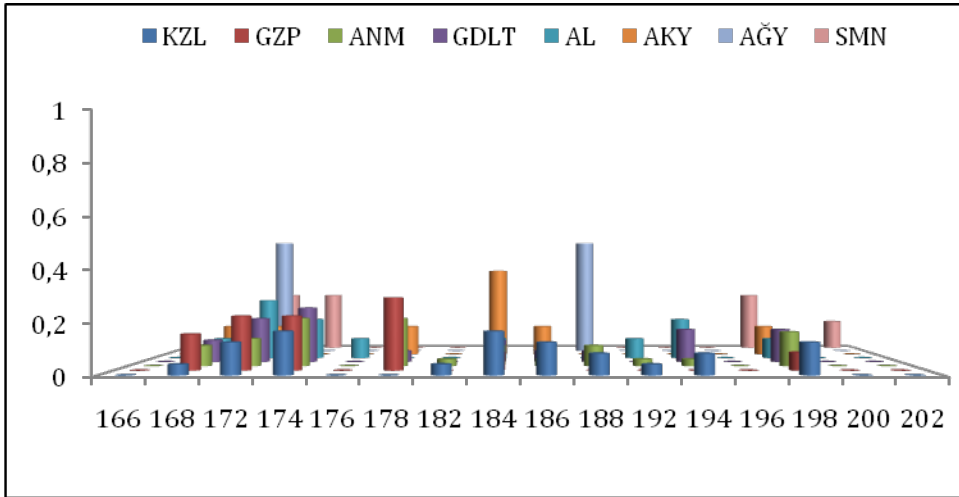
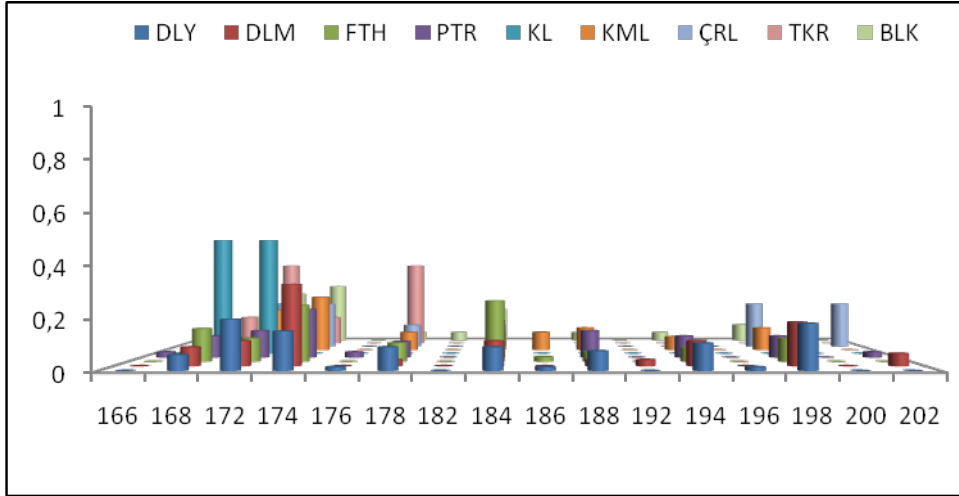
Şekil 4.6. *C. caretta* yuvalama kumsalları Cm-72 lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)



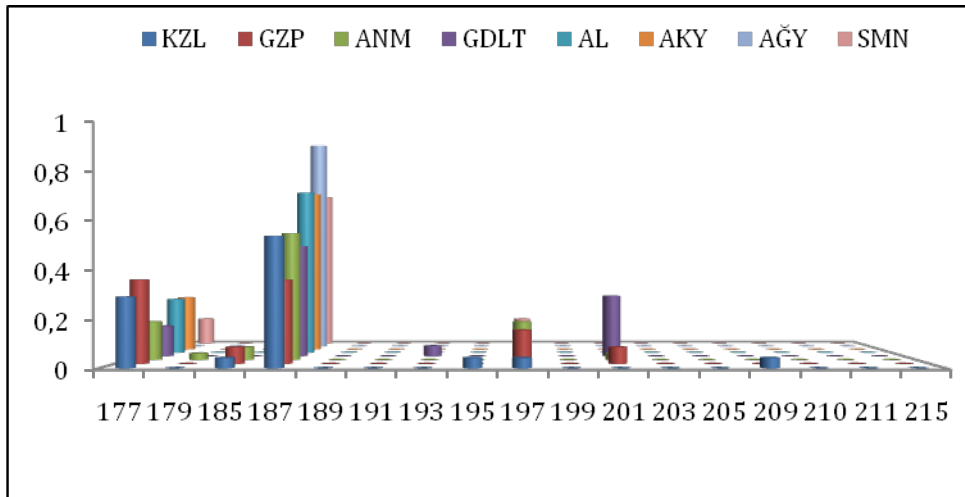
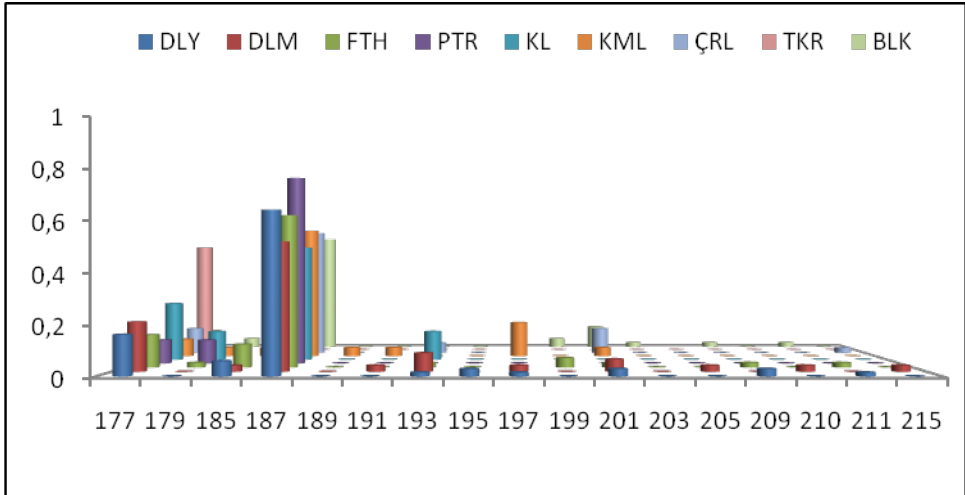
Şekil 4.7. *C. caretta* yuvalama kumsalları *Cm-84* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, AL: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)



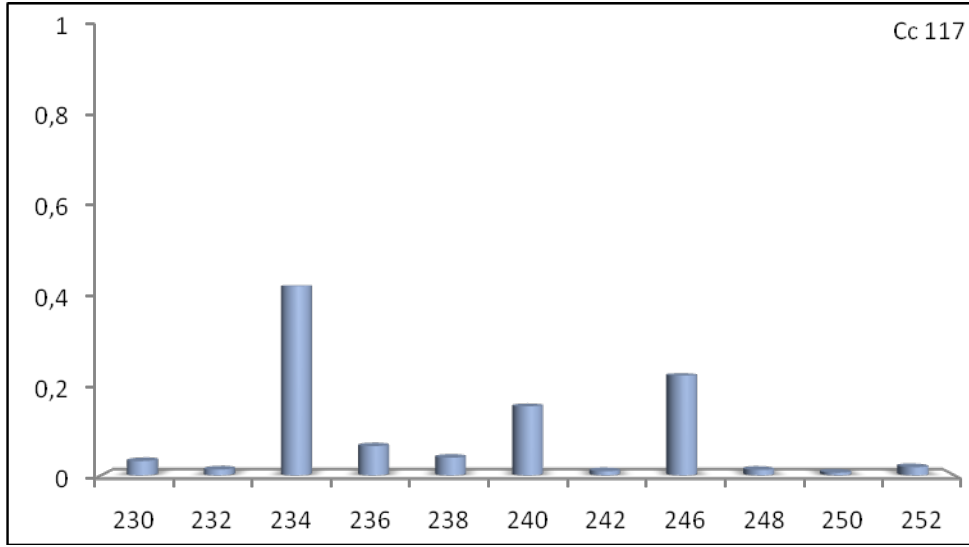
Şekil 4.8. *C. caretta* yuvalama kumsalları *Cc-141* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)



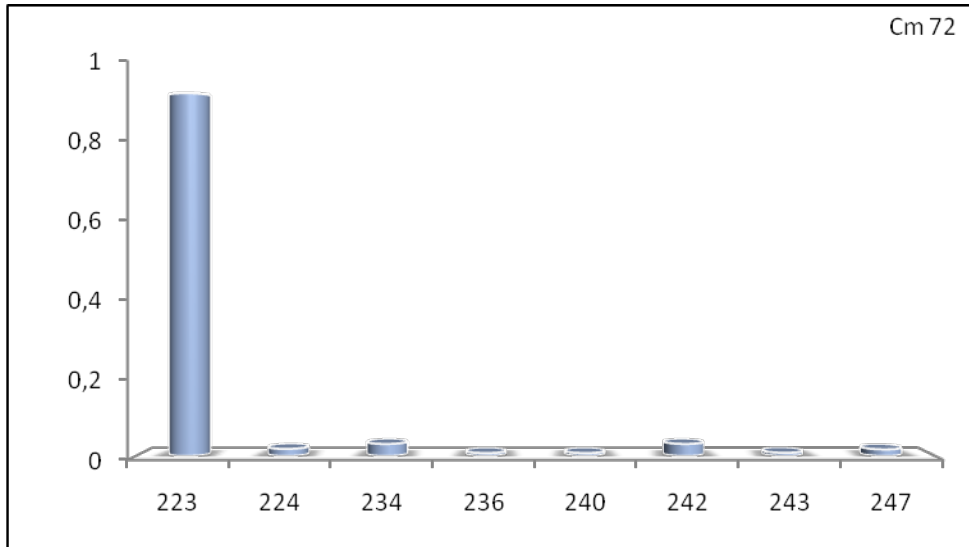
Şekil 4.9. *C. caretta* yuvalama kumsalları *Cc-7* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağyatan ve SMN: Samandağ)



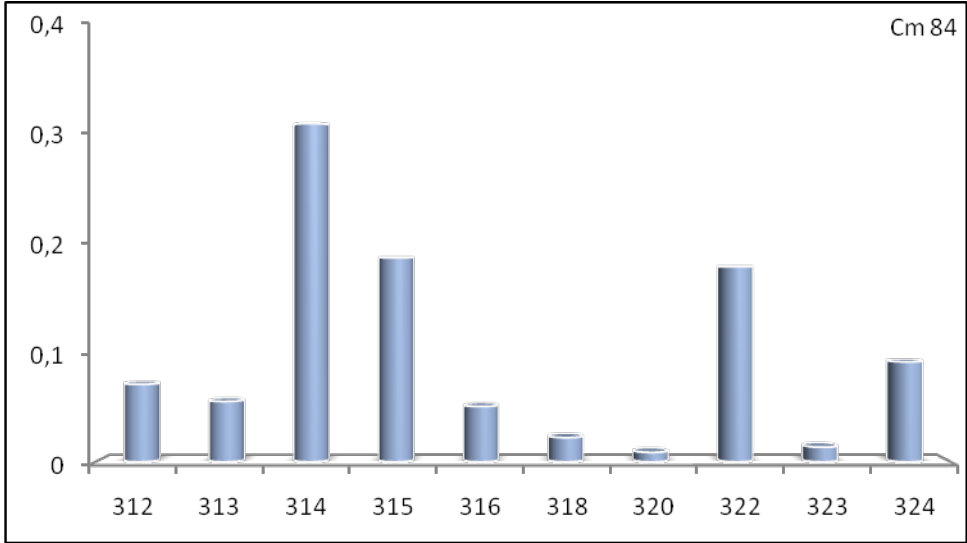
Şekil 4.10. *C. caretta* yuvalama kumsalları *Ccar-176* lokusunun alel ve alel sıklıkları dağılımı (DLY: Dalyan, DLM: Dalaman, FTH: Fethiye, PTR: Patara, KL: Kale, KML: Kumluca, ÇRL: Çıralı, TKR: Tekirova, BLK: Belek, KZL: Kızılot, GZP: Gazipaşa, ANM: Anamur, GDLT: G. Deltası, ALT: Alata, AKY: Akyatan, AĞY: Ağıyatan ve SMN: Samandağ)



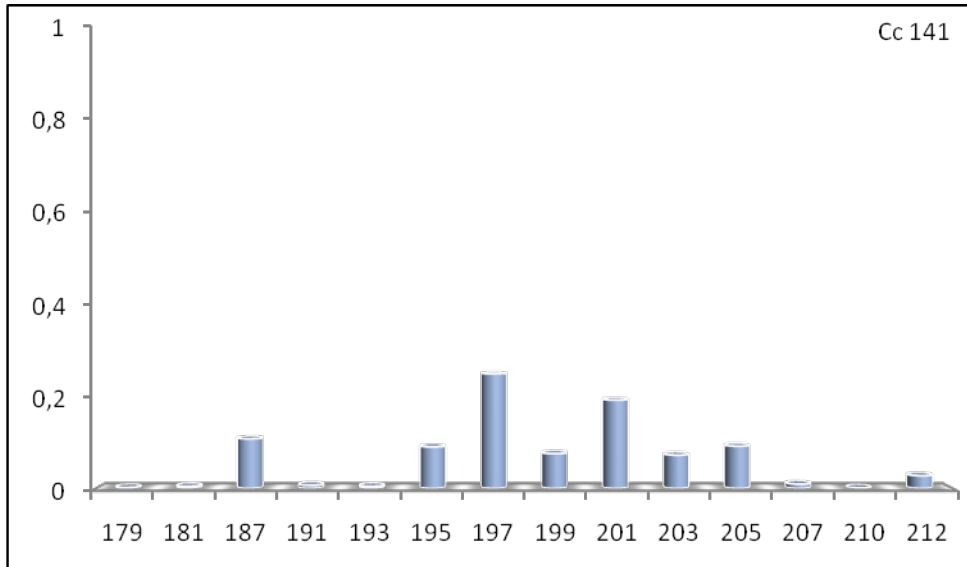
Şekil 4.11. Yuvalama kumsallarına ait *Cc-117* lokusu alel ve alel sıklıkları



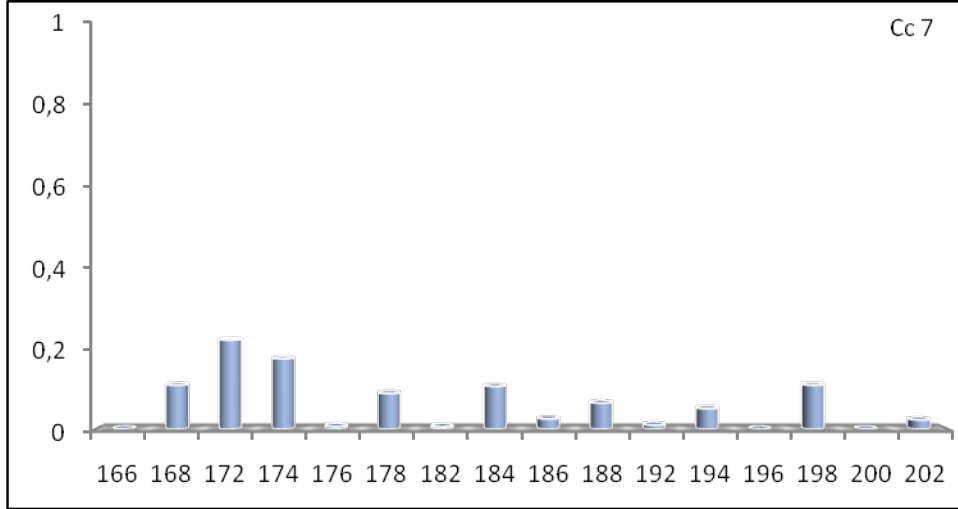
Şekil 4.12. Yuvalama kumsallarına ait *Cm-72* lokusu alel ve alel sıklıkları



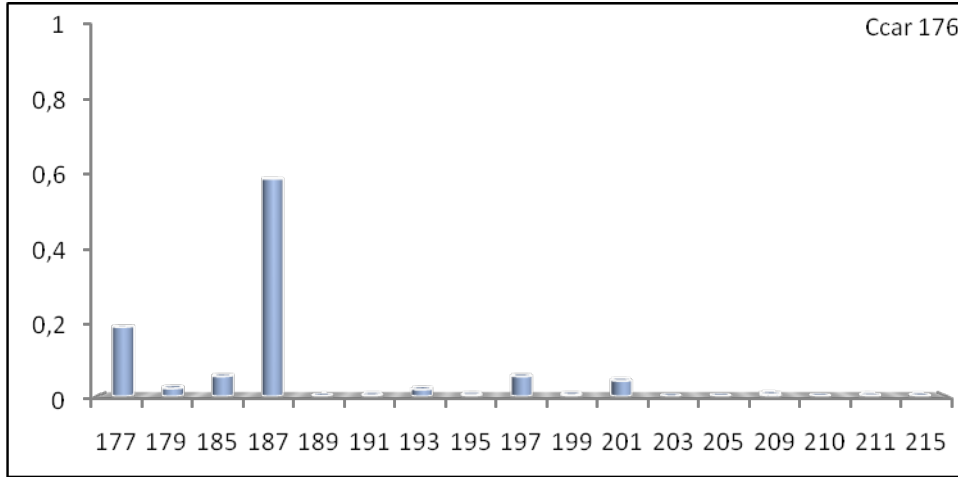
Şekil 4.13. Yuvalama kumsallarına ait *Cm-84* lokusu alel ve alel sıklıkları



Şekil 4.14. Yuvalama kumsallarına ait *Cc-141* lokusu alel ve alel sıklıkları



Şekil 4.15. Yuvalama kumsallarına ait Cc-7 lokusu alel ve alel sıklıkları



Şekil 4.16. Yuvalama kumsallarına ait Cc-176 lokusu alel ve alel sıklıkları

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak tüm yuvalama kumsallarının her bir lokus için Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları test edildi (Çizelge 4.17, Çizelge 4.18). Bütün lokuslar için yuvalama kumsallarının toplamında Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlemlendi (X^2 , $p < 0.0001$). Bütün lokusların toplamında Dalyan (X^2 , $p < 0.05$) ve Kumluca (X^2 , $p < 0.0001$) yuvalama kumsalında Hardy-Weinberg dengesinde sapma gözlemlendi (Çizelge 4.17). Yuvalama kumsallarının toplamında sadece Cm-84 (X^2 , $p < 0.0001$) lokusunun

Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlendi (Çizelge 4.17). *Cm-84* lokusunun Dalyan (X^2 , $p<0.05$) ve Kumluca (X^2 , $p<0.0001$) yuvalama kumsallarında, *Cc141* lokusunun Dalyan (X^2 , $p<0.05$) ve Belek (X^2 , $p<0.05$) yuvalama kumsallarında, *Ccar-176* lokusunun Çıralı (X^2 , $p<0.05$) yuvalama kumsalında Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlendi.

Çizelge 4.17. *C. caretta* yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (p , olasılık; ydö: yüksek derecede önemli)

| | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | <i>Cm-141</i> | <i>Cm-7</i> | <i>Ccar-176</i> | Toplam |
|---------------|---------------|--------------|---------------|---------------|-------------|-----------------|---------------|
| Dalyan | 0.0638 | 1.0000 | 0.0333 | 0.0052 | 0.3444 | 0.7215 | 0.0121 |
| Dalaman | 0.1999 | 0.1518 | 0.7161 | 0.9661 | 0.3135 | 0.5439 | 0.5063 |
| Fethiye | 0.3453 | 1.0000 | 0.0818 | 0.5427 | 0.2300 | 0.8784 | 0.4820 |
| Patara | 0.1489 | - | 0.5010 | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.8780 |
| Kale | 0.6571 | - | 0.3143 | 0.7714 | 1.0000 | 1.0000 | 0.9609 |
| Kumluca | 0.2736 | 1.0000 | 0.0000 | 0.8388 | 0.1788 | 0.9789 | ydö |
| Çıralı | 0.8489 | 1.0000 | 0.1085 | 0.8841 | 0.9912 | 0.0471 | 0.5165 |
| Tekirova | - | - | - | - | - | - | - |
| Belek | 0.0946 | 1.0000 | 0.0814 | 0.0423 | 0.5479 | 0.7839 | 0.1235 |
| Kızılot | 0.5358 | 0.1304 | 0.1041 | 0.9548 | 0.5824 | 0.7358 | 0.4756 |
| Gazipaşa | 0.5140 | - | 0.0648 | 0.7292 | 0.9355 | 0.7157 | 0.6057 |
| Anamur | 0.1885 | 1.0000 | 0.0556 | 0.4471 | 0.9465 | 0.5202 | 0.4342 |
| G. Deltası | 0.0348 | - | 0.1012 | 0.4624 | 0.3804 | 0.7276 | 0.1179 |
| Alata | 1.□000 | 0.0909 | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.2727 | 0.8305 |
| Akyatan | 0.7714 | - | 1.0000 | 0.3428 | 1.0000 | 1.0000 | 0.9883 |
| Ağyatan | - | - | - | - | - | - | - |
| Samandağ | 0.4301 | 1□0000 | 0.7714 | 0.6610 | 0.4527 | 1.0000 | 0.9695 |
| Toplam | 0.1505 | 0.8923 | ydö | 0.6694 | 0.9738 | 0.9918 | ydö |

Çizelge 4.18. *C. caretta* yuvalama kumsallarının gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G) (^{a,b,c}) Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (exact testlere dayalı. ^a $p<0.05$, ^b $p<0.01$ ve ^c $p<0.001$) (Ort^1 : Bir lokusun tüm yuvalama kumsallarındaki ortalama değerleri; Ort^2 : Bir yuvalama kumsalındaki tüm lokusların ortalama değerleri)

| | <i>Cc-117</i> | | <i>Cm-72</i> | | <i>Cm-84</i> | | <i>Cc-141</i> | | <i>Cc-7</i> | | <i>Ccar-176</i> | | Ort^2 | |
|---------------------------|---------------|---------------------------|--------------|--------|--------------|---------------------------|---------------|---------------------------|-------------|--------|-----------------|---------------------------|---------|---------------------------|
| | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B |
| Dalyan | 0.7522 | 0.6176 | 0.0865 | 0.0882 | 0.8084 | 0.6471^a | 0.8217 | 0.7941^a | 0.8807 | 0.8788 | 0.5561 | 0.5882 | 0.6498 | 0.6023^a |
| Dalaman | 0.6684 | 0.6000 | 0.2355 | 0.2000 | 0.8197 | 0.7000 | 0.8316 | 0.8500 | 0.8447 | 0.8500 | 0.6895 | 0.7000 | 0.6816 | 0.6500 |
| Fethiye | 0.7585 | 0.8462 | 0.0762 | 0.0769 | 0.8038 | 0.6538 | 0.8192 | 0.8846 | 0.8515 | 0.9231 | 0.5754 | 0.6923 | 0.6474 | 0.6795 |
| Patara | 0.6000 | 0.8750 | 0.0000 | 0.0000 | 0.7500 | 0.8000 | 0.6500 | 0.8000 | 0.9000 | 1.0000 | 0.3750 | 0.4000 | 0.5917 | 0.6000 |
| Kale | 0.7500 | 0.7500 | 0.2500 | 0.2500 | 0.6250 | 1.0000 | 0.7917 | 1.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.7500 | 0.7500 | 0.6528 | 0.7917 |
| Kumluca | 0.7596 | 0.7692 | 0.2179 | 0.2308 | 0.7981 | 0.3846^c | 0.8205 | 1.0000 | 0.8654 | 0.6923 | 0.6538 | 0.6923 | 0.6859 | 0.6282^c |
| Çıralı | 0.7900 | 0.8636 | 0.2500 | 0.2727 | 0.8452 | 0.7273 | 0.8539 | 0.9091 | 0.8950 | 0.9545 | 0.6558 | 0.5909^a | 0.7150 | 0.7197 |
| Tekirova | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | - | - |
| Belek | 0.8108 | 0.8400 | 0.0783 | 0.0800 | 0.7900 | 0.7200 | 0.7975 | 0.6400^a | 0.8808 | 0.8800 | 0.6850 | 0.7600 | 0.6737 | 0.6533 |
| Kızılot | 0.6212 | 0.7500 | 0.2424 | 0.1667 | 0.8750 | 0.6667 | 0.8030 | 0.9167 | 0.9129 | 1.0000 | 0.6439 | 0.5833 | 0.6831 | 0.6806 |
| Gazipaşa | 0.7262 | 0.7143 | 0.1429 | 0.1429 | 0.9048 | 0.7143 | 0.8929 | 1.0000 | 0.8452 | 1.0000 | 0.7619 | 0.8571 | 0.7123 | 0.7381 |
| Anamur | 0.6895 | 0.6667 | 0.1095 | 0.1111 | 0.800 | 0.5556 | 0.8219 | 0.7778 | 0.8905 | 1.0000 | 0.6487 | 0.6667 | 0.6601 | 0.6296 |
| G. Deltası | 0.6727 | 0.4545^a | 0.0909 | 0.0909 | 0.8136 | 0.5455 | 0.8318 | 0.8182 | 0.8909 | 1.0000 | 0.6727 | 0.9091 | 0.6621 | 0.6364 |
| Alata | 0.8500 | 1.0000 | 0.3333 | 0.0000 | 0.7500 | 0.8333 | 0.7500 | 0.8333 | 0.9167 | 1.0000 | 0.4333 | 0.1667 | 0.6722 | 0.6389 |
| Akyatan | 0.8333 | 0.7500 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8333 | 1.0000 | 0.9583 | 0.7500 | 0.8750 | 1.0000 | 0.4167 | 0.5000 | 0.6528 | 0.6667 |
| Ağyatan | 0.5000 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | - | - |
| Samandağ | 0.9167 | 0.7500 | 0.4167 | 0.5000 | 0.8333 | 0.7500 | 0.8333 | 1.0000 | 0.9167 | 0.7500 | 0.4583 | 0.5000 | 0.7292 | 0.7083 |
| Ort^1 | 0.704 | 0.704 | 0.149 | 0.130 | 0.768 | 0.747^c | 0.781 | 0.781 | 0.830 | 0.937 | 0.557 | 0.609 | 0.671 | 0.668^c |

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak yıllara göre tüm yuvalama kumsallarının her bir lokus için Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları test edildi (Çizelge 4.19, 4.20). Yıllara göre yapılan analizlerde de bütün lokuslar için yuvalama kumsallarının toplamında Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiği gözlemlendi (X^2 , $p < 0.0001$). Yuvalama kumsalların toplamında olduğu gibi yıllara göre de sadece *Cm-84* lokusunun Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı belirlendi. Bütün lokusların toplamında Dalyan 2008 (X^2 , $p < 0.05$), Kumluca 2008 (X^2 , $p < 0.0001$) örneklerinin Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiği tespit edildi.

Çizelge 4.19.C. *C. caretta* yuvalama kumsallarının yıllara göre Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı X^2 anlamlılığı p değerleri (ydö: yüksek derecede önemli)

| Yuvalama Kumsalı | Tarih | <i>Cc-117</i> | <i>Cm-72</i> | <i>Cm-84</i> | <i>Cc-141</i> | \square <i>Cc-7</i> | <i>Ccar-176</i> | Toplam |
|------------------|-------|---------------|--------------|---------------|---------------|-----------------------|-----------------|---------------|
| Dalyan | 2004 | 0.0526 | - | 0.4719 | 0.7813 | 0.5833 | 0.8836 | 0.5121 |
| Dalyan | 2005 | 0.7165 | 1.0000 | 0.0089 | 0.3299 | 0.1681 | 0.3820 | 0.1212 |
| Dalyan | 2008 | 0.1417 | - | 0.1518 | 0.0147 | 0.3031 | 1.0000 | 0.0470 |
| Dalaman | 2007 | 0.3797 | 0.2031 | 0.9806 | 0.9067 | 0.1283 | 1.0000 | 0.6626 |
| Dalaman | 2008 | 0.6952 | - | 0.0095 | 0.3293 | 1.0000 | 0.5004 | 0.1900 |
| Fethiye | 2003 | 0.7845 | - | 0.0981 | 0.7934 | 0.4300 | 0.7502 | 0.6431 |
| Fethiye | 2008 | 0.5593 | - | 0.4014 | 0.6443 | 0.4143 | 0.9114 | 0.8306 |
| Patara | 2007 | 0.3333 | - | - | 1.0000 | 1.0000 | - | 0.9007 |
| Patara | 2008 | 1.0000 | - | 0.4667 | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.9989 |
| Kale | 2007 | 0.6571 | - | 0.3143 | 0.7714 | 1.0000 | 1.0000 | 0.9609 |
| Kumluca | 2007 | 0.2759 | 1.0000 | 0.0000 | 0.8422 | 0.3735 | 0.9628 | ydö |
| Çıralı | 2007 | 0.2712 | 1.0000 | 0.0170 | 0.8166 | 0.9396 | 1.0000 | 0.5048 |
| Çıralı | 2008 | 0.9368 | 1.0000 | 0.7210 | 0.3509 | 1.0000 | 0.173 | 0.8954 |
| Tekirova | 2006 | - | - | - | - | - | - | - |
| Belek | 2007 | 0.2635 | - | 0.1640 | 0.3075 | 0.1793 | 0.9942 | 0.2791 |
| Belek | 2008 | 0.2658 | 1.0000 | 0.1109 | 0.005 | 0.8522 | 0.6332 | 0.0960 |
| Kızılot | 2007 | 1.0000 | 0.4286 | 0.6397 | 1.0000 | 1.0000 | - | 0.9895 |
| Kızılot | 2008 | 0.8265 | - | 0.1373 | 0.8746 | 0.6651 | 1.0000 | 0.8602 |
| Gazipaşa | 2007 | 0.4791 | - | 0.0760 | 0.7418 | 0.9344 | 0.7217 | 0.6277 |
| Anamur | 2007 | 0.2087 | 1.0000 | 0.0924 | 0.5504 | 0.9047 | 0.8171 | 0.6426 |
| Anamur | 2008 | 1.0000 | - | 0.0090 | 0.5053 | 1.0000 | 0.7785 | 0.3361 |
| Göksu Deltası | 2005 | 0.4565 | - | 0.1582 | 0.8553 | 0.1088 | 0.5338 | 0.3376 |
| Göksu Deltası | 2008 | 0.1429 | - | 0.3143 | 0.4574 | 1.0000 | 1.0000 | 0.6512 |

Çizelge 4.19 devamı

| | | | | | | | | |
|---------------|------|---------------|---------------|------------|---------------|---------------|----------|------------|
| Alata | 2007 | 1.0000 | 0.1429 | 1.0000 | 0.7714 | 1.0000 | 0.2000 | 0.8134 |
| Alata | 2008 | 1.0000 | - | 1.0000 | - | 1.0000 | - | 1 |
| Akyatan | 2006 | 0.3333 | - | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | - | 0.9744 |
| Akyatan | 20 | 1.0000 | - | 1.0000 | 0.3333 | 1.0000 | - | 0.9744 |
| Ağyatan | 2006 | - | - | - | - | - | - | - |
| Samandağ | 2007 | 0.4252 | 1.0000 | 0.7714 | 0.6651 | 0.4732 | 1.0000 | 0.971 |
| Toplam | | 0.8637 | 0.9854 | ydö | 0.8903 | 0.9990 | 1 | ydö |

Çizelge 4.20. *C. caretta* yuvalama kumsallarının yıllara göre gen çeşitliliği (H_B) ve her yuvalama kumsalında ve lokusta gözlenen heterozigotluk (H_G), (^{a,b,c}) Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (exact testlere dayalı, ^a $p < 0.05$, ^b $p < 0.01$ ve ^c $p < 0.001$) (Ort¹: Bir lokusun tüm yuvalama kumsallarındaki ortalama değerleri; Ort²: Bir yuvalama kumsalındaki tüm lokusların ortalama değerleri)

| | Tarih | Cc-117 | | Cm-72 | | Cm-84 | | Cc-141 | | Cc-7 | | Ccar-176 | | Ort ² | |
|------------|-------|--------|--------|--------|--------|--------|---------------------------|--------|---------------------------|--------|--------|----------|--------|------------------|---------------------------|
| | | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B | H_G | H_B |
| Dalyan | 2004 | 0.8045 | 0.6364 | 0.0000 | 0.0000 | 0.7500 | 0.7273 | 0.8864 | 0.9091 | 0.9136 | 0.8182 | 0.5909 | 0.6364 | 0.6576 | 0.6212 |
| Dalyan | 2005 | 0.6511 | 0.6429 | 0.1310 | 0.1333 | 0.8452 | 0.6000^b | 0.7214 | 0.7333 | 0.8738 | 0.8667 | 0.5405 | 0.4667 | 0.6269 | 0.5730 |
| Dalyan | 2008 | 0.8304 | 0.5000 | 0.1250 | 0.1250 | 0.8571 | 0.6250 | 0.8750 | 0.7500^a | 0.8929 | 1.0000 | 0.5893 | 0.7500 | 0.6907 | 0.6170^a |
| Dalaman | 2007 | 0.6119 | 0.6000 | 0.3071 | 0.2667 | 0.8310 | 0.8667 | 0.8333 | 0.9333 | 0.8405 | 0.8000 | 0.6071 | 0.6667 | 0.6718 | 0.6889 |
| Dalaman | 2008 | 0.8000 | 0.6000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8500 | 0.2000^b | 0.8500 | 0.6000 | 0.9000 | 1.0000 | 0.9250 | 0.8000 | 0.7208 | 0.5333 |
| Fethiye | 2003 | 0.7429 | 0.8000 | 0.0667 | 0.0667 | 0.7857 | 0.6667 | 0.8286 | 0.8667 | 0.8762 | 0.9333 | 0.5452 | 0.6000 | 0.6409 | 0.6556 |
| Fethiye | 2008 | 0.8000 | 0.9091 | 0.0909 | 0.0909 | 0.8409 | 0.6364 | 0.7909 | 0.9091 | 0.8273 | 0.9091 | 0.6273 | 0.8182 | 0.6629 | 0.7121 |
| Patara | 2007 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 0.5000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 0.4167 |
| Patara | 2008 | 0.9167 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8333 | 1.0000 | 0.5833 | 0.6667 | 0.8333 | 1.0000 | 0.5833 | 0.6667 | 0.6250 | 0.7222 |
| Kale | 2007 | 0.7500 | 0.7500 | 0.2500 | 0.2500 | 0.6250 | 1.0000 | 0.7917 | 1.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.7500 | 0.7500 | 0.6528 | 0.7917 |
| Kumluca | 2007 | 0.7596 | 0.7692 | 0.2179 | 0.2308 | 0.7981 | 0.3846^c | 0.8205 | 1.0000 | 0.8788 | 0.7500 | 0.6538 | 0.6923 | 0.6857 | 0.6364^c |
| Çıralı | 2007 | 0.8159 | 0.7857 | 0.2527 | 0.2857 | 0.8571 | 0.7143^a | 0.8489 | 0.9286 | 0.9148 | 1.0000 | 0.4936 | 0.6154 | 0.6996 | 0.7229 |
| Çıralı | 2008 | 0.7768 | 1.0000 | 0.2411 | 0.2500 | 0.8661 | 0.7500 | 0.7232 | 0.8750 | 0.7768 | 0.8750 | 0.7857 | 0.6250 | 0.6949 | 0.7292 |
| Tekirova | 2006 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.500 | 1.0000 | - | - |
| Belek | 2007 | 0.8071 | 0.8667 | 0.0000 | 0.0000 | 0.7452 | 0.7333 | 0.8071 | 0.8000 | 0.8881 | 0.8667 | 0.7724 | 0.9231 | 0.6677 | 0.6932 |
| Belek | 2008 | 0.8111 | 0.8000 | 0.1889 | 0.2000 | 0.8611 | 0.7000 | 0.7889 | 0.4000^b | 0.8611 | 0.9000 | 0.6333 | 0.7000 | 0.6907 | 0.6167 |
| Kızılot | 2007 | 0.4167 | 0.5000 | 0.6667 | 0.5000 | 0.8750 | 0.7500 | 0.7500 | 1.0000 | 0.9167 | 1.0000 | 0.2500 | 0.2500 | 0.6458 | 0.6667 |
| Kızılot | 2008 | 0.7143 | 0.8750 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8661 | 0.6250 | 0.8214 | 0.8750 | 0.9107 | 1.0000 | 0.6964 | 0.7500 | 0.6682 | 0.6875 |
| Gazipaşa | 2007 | 0.7262 | 0.7143 | 0.1429 | 0.1429 | 0.9048 | 0.7143 | 0.8929 | 1.0000 | 0.8452 | 1.0000 | 0.7619 | 0.8571 | 0.7123 | 0.7381 |
| Anamur | 2007 | 0.8056 | 0.7000 | 0.1944 | 0.2000 | 0.7278 | 0.5000 | 0.8056 | 0.6000 | 0.8500 | 1.0000 | 0.6056 | 0.6000 | 0.6648 | 0.6000 |
| Anamur | 2008 | 0.5000 | 0.6250 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8393 | 0.6250^b | 0.8125 | 1.0000 | 0.9286 | 1.0000 | 0.7232 | 0.7500 | 0.6339 | 0.6667 |
| G. Deltası | 2005 | 0.7738 | 0.5714 | 0.1429 | 0.1429 | 0.7738 | 0.4286 | 0.8095 | 0.8571 | 0.8690 | 1.0000 | 0.6429 | 0.8571 | 0.6687 | 0.6429 |

Çizelge 4.20 devamı

| | Tarih | Cc-117 | | Cm-72 | | Cm-84 | | Cc-141 | | Cc-7 | | Ccar-176 | | Ort | |
|------------------------|-------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| | | H _G | H _B | H _G | H _B | H _G | H _B | H _G | H _B | H _G | H _B | H _G | H _B | H _G | H _B |
| G. Deltası | 2008 | 0.5000 | 0.2500 | 0.0000 | 0.0000 | 0.8333 | 0.7500 | 0.9167 | 0.7500 | 0.8750 | 1.0000 | 0.7083 | 1.0000 | 0.6389 | 0.6250 |
| Alata | 2007 | 0.8333 | 1.0000 | 0.5000 | 0.0000 | 0.7500 | 0.7500 | 0.7917 | 1.0000 | 0.9167 | 1.0000 | 0.6667 | 0.0000 | 0.7464 | 0.6522 |
| Alata | 2008 | 0.7500 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.5000 | 0.5000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.5000 | 0.5000 | 0.5833 | 0.6667 |
| Akyatan | 2006 | 1.0000 | 0.5000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.7500 | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.5000 | 0.5000 | 0.6667 | 0.6667 |
| Akyatan | 2006 | 1.0000 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 1.0000 | 0.5000 | 0.7500 | 1.0000 | 0.5000 | 0.5000 | 0.7083 | 0.6667 |
| Ağyatan | 2008 | 0.5000 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.5000 | 1.0000 | 0.0000 | 0.0000 | - | - |
| Samandağ | 2007 | 0.9167 | 0.7500 | 0.4167 | 0.5000 | 0.8333 | 0.7500 | 0.8333 | 1.0000 | 0.9167 | 0.7500 | 0.4583 | 0.5000 | 0.7292 | 0.7083 |
| Ort^l | | 0.7466 | 0.7277 | 0.1474 | 0.1362 | 0.8148 | 0.6714^c | 0.8227 | 0.8404 | 0.8769 | 0.9151 | 0.6198 | 0.6526 | - | - |

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

Mikrosatelit lokus çiftlerinin tamamının bağlantı dengesizliğinde olmadığı belirlendi (X^2 , $p>0.05$).

Etkili populasyon büyüklüğü değerleri (N_e), IAM modeli altında 188 (Dalyan ve Patara) ile 470 (Kale) arasında değişirken, SMM modeli altında 328 (Dalyan) ile 1355 (Kale) arasında değişmektedir (Çizelge 4.21).

Çizelge 4.21.C. *caretta* yuvalama kumsallarının etkili populasyon büyüklüklerinin karşılaştırılması (H_B : Gen çeşitliliği, N_e : Etkili populasyon büyüklüğü, IAM: Kimura ve Crow, 1994; SMM: Ohta ve Kimura, 1973, ea: en az ve eç: en çok)

| Yuvalama Kumsalı | H_B | N_e IAM (ea.-eç.) | N_e SMM (ea.-eç.) |
|------------------|-------|---------------------|---------------------|
| Dalyan | 0.60 | 188(39-658) | 328(68-1151) |
| Dalaman | 0.65 | 232(48-815) | 448(93-1571) |
| Fethiye | 0.68 | 266(55-932) | 548(114-1922) |
| Patara | 0.60 | 188(39-658) | 328(68-1151) |
| Kale | 0.79 | 470(98-1650) | 1355(282-4753) |
| Kumluca | 0.63 | 213(44-747) | 394(82-1383) |
| Çıralı | 0.72 | 321(67-1128) | 735(153-2578) |
| Tekirova | 0.67 | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Belek | 0.65 | 232(48-815) | 448(93-1571) |
| Kızılot | 0.68 | 266(55-932) | 548(114-1922) |
| Gazipaşa | 0.74 | □56(74-1248) | 862(180-3025) |
| Anamur | 0.63 | 213(44-747) | 394(82-1383) |
| G. Deltası | 0.64 | 222(46-780) | 420(87-1473) |
| Alata | 0.64 | 222(46-780) | 420(87-1473) |
| Akyatan | 0.67 | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Ağyatan | 0.67 | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Samandağ | 0.71 | 306(64-1074) | 681(142-2388) |

Tüm yuvalama kumsallarının istatistiksel olarak anlamlı bir genetik yapılanma gösterdiği saptanmıştır ($F_{st}=0.0029$, $p<0.05$). Bununla birlikte, 136 tane olan yuvalama kumsallarının ikişerli karşılaştırılmalarının 6 tanesinde istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlendi (Çizelge 4.22).

Yıllara göre yapılan analizlerde tüm yuvalama kumsallarının aralarında istatistiksel olarak daha fazla anlamlı bir genetik yapılanma gösterdiği saptanmıştır ($F_{st}=0.0068$, $p<0.001$). Bununla birlikte, 232 tane olan yuvalama kumsallarının ikiyeşerli karşılaştırılmalarının 24 tanesinde istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlendi (Çizelge 4.23).

Çizelge 4.22. *C. caretta* yuvalama kumsallarının nDNA bakımından genetik yapı olarak ikiyeşerli karşılaştırılması (F_{st} : Yuvalama kumsalları arasındaki genetik uzaklık değerleri Yuvalama kumsallarının ikiyeşerli karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık dereceleri ^a $p<0.05$ ve ^b $p<0.01$)

| Yuvalama Kumsalları | F_{st} | Yuvalama Kumsalları | F_{st} |
|---------------------|---------------------------|---------------------|---------------------------|
| Dalyan-Dalaman | -0.0043 | Dalaman-Samandağ | -0.0050 |
| Dalyan-Fethiye | -0.0021 | Fethiye-Patara | 0.0612 |
| Dalyan-Patara | 0.0317 | Fethiye-Kale | 0.0394 |
| Dalyan-Kale | 0.0179 | Fethiye-Kumluca | -0.0073 |
| Dalyan-Kumluca | -0.0047 | Fethiye-Çıralı | 0.0006 |
| Dalyan-Çıralı | 0.0008 | Fethiye-Tekirova | 0.0539 |
| Dalyan-Tekirova | 0.0170 | Fethiye-Belek | 0.0120 |
| Dalyan-Belek | 0.0041^b | Fethiye-Kızılot | 0.0021 |
| Dalyan-Kızılot | 0.0040^a | Fethiye-Gazipaşa | 0.0163 |
| Dalyan-Gazipaşa | 0.0029 | Fethiye-Anamur | -0.0005 |
| Dalyan-Anamur | -0.0038 | Fethiye-G. Deltası | 0.0016 |
| Dalyan-G.Deltası | -0.0019 | Fethiye-Alata | 0.0251 |
| Dalyan-Alata | -0.0022 | Fethiye-Akyatan | -0.0315 |
| Dalyan-Akyatan | -0.0239 | Fethiye-Ağyatan | 0.0312 |
| Dalyan-Ağyatan | -0.0490 | Fethiye-Samandağ | 0.0612^a |
| Dalyan-Samandağ | -0.0043 | Patara-Kale | 0.0415 |
| Dalaman-Fethiye | 0.0002 | Patara-Kumluca | 0.0331 |
| Dalaman-Patara | 0.0391 | Patara-Çıralı | 0.0223 |
| Dalaman-Kale | 0.0129 | Patara-Tekirova | 0.1634 |
| Dalaman-Kumluca | -0.0041 | Patara-Belek | 0.0351 |
| Dalaman-Çıralı | -0.0049 | Patara-Kızılot | 0.0730 |
| Dalaman-Tekirova | -0.0129 | Patara-Gazipaşa | 0.0623 |
| Dalaman-Belek | 0.0008 | Patara-Anamur | 0.0486 |
| Dalaman-Kızılot | -0.0045 | Patara-G. Deltası | 0.0583 |
| Dalaman- Gazipaşa | -0.0025 | Patara-Alata | -0.0265 |
| Dalaman-Anamur | -0.0035 | Patara-Akyatan | 0.0285 |
| Dalaman-G. Deltası | -0.0050 | Patara-Ağyatan | -0.1436 |
| Dalaman-Alata | 0.0085 | Patara-Samandağ | 0.0193 |
| Dalaman-Akyatan | -0.0081 | Kale-Kumluca | 0.0257 |

Çizelge 4.22 devamı

| Yuvalama Kumsalları | F_{st} | Yuvalama Kumsalları | F_{st} |
|---------------------|----------|---------------------|---------------------------|
| Dalaman-Ağyatan | -0.0097 | Kale-Çıralı | 0.0206 |
| Kale-Tekirova | 0.0366 | Tekirova-Ağyatan | 0.5556 |
| Kale-Belek | 0.0053 | Tekirova-Samandağ | -0.0450 |
| Kale-Kızılot | 0.0342 | Belek-Kızılot | 0.0103 |
| Kale-Gazipaşa | 0.0019 | Belek-Gazipaşa | 0.0050 |
| Kale-Anamur | 0.0181 | Belek-Anamur | 0.0076 |
| Kale-G. Deltası | 0.0396 | Belek-G. Deltası | 0.0123 |
| Kale-Alata | 0.0047 | Belek-Alata | 0.0096^a |
| Kale-Akyatan | 0.0284 | Belek-Akyatan | 0.0055 |
| Kale-Ağyatan | -0.0279 | Belek-Ağyatan | -0.0527 |
| Kale-Samandağ | 0.0173 | Belek-Samandağ | -0.0007 |
| Kumluca-Çıralı | -0.0081 | Kızılot-Gazipaşa | -0.0149 |
| Kumluca-Tekirova | 0.0092 | Kızılot-Anamur | 0.0021 |
| Kumluca-Belek | 0.0023 | Kızılot-G. Deltası | -0.0004 |
| Kumluca-Kızılot | 0.0027 | Kızılot-Alata | 0.0247 |
| Kumluca-Gazipaşa | -0.0000 | Kızılot-Akyatan | -0.0128 |
| Kumluca-Anamur | -0.0067 | Kızılot-Ağyatan | 0.0014 |
| Kumluca-G. Deltası | -0.0140 | Kızılot-Samandağ | 0.0048 |
| Kumluca-Alata | 0.0024 | Gazipaşa-Anamur | -0.0121 |
| Kumluca-Akyatan | -0.0308 | Gazipaşa-G. Deltası | -0.0040 |
| Kumluca-Ağyatan | -0.0541 | Gazipaşa-Alata | 0.0255 |
| Kumluca-Samandağ | 0.0061 | Gazipaşa-Akyatan | 0.0072 |
| Çıralı-Tekirova | 0.0039 | Gazipaşa-Ağyatan | 0.0111 |
| Çıralı-Belek | 0.0033 | Gazipaşa-Samandağ | -0.0043 |
| Çıralı-Kızılot | 0.0025 | Anamur-G. Deltası | -0.0148 |
| Çıralı-Gazipaşa | -0.0034 | Anamur-Alata | 0.0312^a |
| Çıralı-Anamur | -0.0062 | Anamur-Akyatan | -0.0178 |
| Çıralı-G. Deltası | -0.0094 | Anamur-Ağyatan | -0.0041 |
| Çıralı-Alata | 0.0050 | Anamur-Samandağ | 0.0025 |
| Çıralı-Akyatan | -0.0159 | G. Deltası-Alata | 0.0310^a |
| Çıralı-Ağyatan | -0.0430 | G. Deltası-Akyatan | -0.0153 |
| Çıralı-Samandağ | -0.0077 | G. Deltası-Ağyatan | 0.0011 |
| Tekirova-Belek | 0.0188 | G. Deltası-Samandağ | 0.0086 |
| Tekirova-Kızılot | 0.0114 | Alata-Akyatan | -0.0066 |
| Tekirova-Gazipaşa | -0.0594 | Alata-Ağyatan | -0.1519 |
| Tekirova-Anamur | -0.0112 | Alata-Samandağ | -0.0050 |
| Tekirova-G. Deltası | -0.0046 | Akyatan-Ağyatan | -0.0108 |
| Tekirova-Alata | 0.0508 | Akyatan-Samandağ | 0.0062 |
| Tekirova-Akyatan | 0.0647 | Ağyatan-Samandağ | -0.0774 |

Çizelge 4.23. *C. caretta* yuvalama kumsallarının yıllara göre nDNA bakımından genetik yapı olarak ikiyeşerli karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık değerleri (**DL5:** Dalyan 2005, **DM7:** Dalaman 2007, **FT7:** Fethiye 2007, **FT8:** Fethiye 2008, **PT8:** Patara 2008, **KL7:** Kale 2007, **KM7:** Kumluca 2007, **ÇR7:** Çıralı 2007, **ÇR8:** Çıralı 2008, **BL7:** Belek 2007, **BL8:** Belek 2008, **KZ7:** Kızılot 2007, **KZ8:** Kızılot 2008, **AN7:** Anamur 2007, **GD7:** G.Deltası 2007, **AL7:** Alata 2007 ve **SM7:** Samandağ 2007, ^a $p < 0.05$, ^b $p < 0.01$ ve ^c $p < 0.001$; sadece farklı olan yuvalama kumsalları gösteriliyor)

| | ÇR7 | ÇR8 | BL7 | BL8 | KZ7 | KZ8 | AN7 | GD7 | AL7 | SM7 |
|------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| DL5 | a | b | c | - | - | - | - | - | - | - |
| DM7 | - | - | c | - | - | - | a | - | - | - |
| FT7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| FT8 | a | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PT8 | - | - | a | a | - | - | - | - | - | - |
| KL7 | - | - | - | - | a | - | - | - | - | - |
| KM7 | - | - | - | - | - | a | - | - | - | - |
| ÇR7 | - | c | a | - | - | c | - | - | - | - |
| ÇR8 | - | - | a | - | - | - | - | - | - | - |
| BL7 | - | - | - | a | a | b | a | - | - | a |
| BL8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| KZ7 | - | - | - | - | - | a | - | - | - | - |
| KZ8 | - | - | - | - | - | - | b | b | - | - |
| AN7 | - | - | - | - | - | - | - | - | a | - |

Yuvalama kumsalları arasındaki gen akışı tahminleri genetik uzaklık verilerine dayalı olarak ve Bayesian metodu kullanılarak hesaplandı. Yuvalama kumsalları arasındaki gen akışının yüksek derecede değişken olduğu belirlendi (Çizelge 4.24). Örnek sayısı az olan Tekirova ve Ağyatan değerlendirmeye katılmadığında genetik uzaklık verilerine dayalı hesaplanan gen akışı (Nm) en düşük Patara-Kızılot (3.17), Patara-Gazipaşa (3.76), Fethiye-Patara (3.83) ve Fethiye-Samandağ (3.83) en yüksek ise Dalaman-Fethiye (1249.75) kumsalları arasında tespit edildi. Bayesian metodu ile de yuvalama kumsalları arasındaki gen akışı (M) en düşük Dalyan-Akyatan (8.61) ve Belek-Akyatan (8.74), en yüksek Kumluca-Samandağ (52.05), Dalyan-Samandağ (47.01) ve Alata-Samandağ (41.86) arasında gözlemlendi.

Çizelge 4.24. *C. caretta* yuvalama kumsalları arası göç tahminleri (Nm : F_{st} değerlerine bağlı yuvalama kumsalları arasındaki göç oranı), (Bayesian metodu sonuçları; M_{1-2} : birinci ve ikinci yuvalama kumsalları arası, M_{2-1} : ikinci ve birinci yuvalama kumsalları arası ve M : toplam göç oranı)

| Yuvalama Kumsalları | F_{st} | Nm (nDNA) | M_{1-2} | M_{2-1} | M |
|----------------------------|----------|-------------|-----------|-----------|-------|
| Dalyan-Dalaman | -0.0043 | - | 11.41 | 14.94 | 26.35 |
| Dalyan-Fethiye | -0.0021 | - | 18.13 | 13.80 | 31.93 |
| Dalyan-Patara | 0.0317 | 7.64 | 27.18 | 5.84 | 33.02 |
| Dalyan-Kale | 0.0179 | 13.72 | 11.59 | 4.52 | 16.11 |
| Dalyan-Kumluca | -0.0047 | - | 33.22 | 5.59 | 38.81 |
| Dalyan-Çıralı | 0.0008 | 312.25 | 23.72 | 10.86 | 34.58 |
| Dalyan-Tekirova | 0.0170 | 14.46 | 10.35 | 3.52 | 13.87 |
| Dalyan-Belek | 0.0041 | 60.73 | 22.70 | 7.77 | 30.47 |
| Dalyan-Kızılot | 0.0040 | 62.25 | 16.26 | 3.71 | 19.97 |
| Dalyan-Gazipaşa | 0.0029 | 85.96 | 8.34 | 4.05 | 12.39 |
| Dalyan-Anamur | -0.0038 | - | 28.46 | 5.41 | 33.87 |
| Dalyan-G. Deltası | -0.0019 | - | 13.70 | 3.52 | 17.22 |
| Dalyan-Alata | -0.0022 | - | 10.49 | 4.27 | 14.76 |
| Dalyan-Akyatan | -0.0239 | - | 5.31 | 3.30 | 8.61 |
| Dalyan-Ağyatan | -0.0490 | - | 7.92 | 6.07 | 13.99 |
| Dalyan-Samandağ | -0.0043 | - | 41.78 | 5.23 | 47.01 |
| Dalaman-Fethiye | 0.0002 | 1249.75 | 8.17 | 17.62 | 25.79 |
| Dalaman-Patara | 0.0391 | 6.14 | 6.95 | 4.36 | 11.31 |
| Dalaman-Kale | 0.0129 | 19.13 | 5.33 | 6.89 | 12.22 |
| Dalaman-Kumluca | -0.0041 | - | 8.28 | 9.67 | 17.95 |
| Dalaman-Çıralı | -0.0049 | - | 7.35 | 12.17 | 19.52 |
| Dalaman-Tekirova | -0.0129 | - | 11.07 | 5.36 | 16.43 |
| Dalaman-Belek | 0.0008 | 312.25 | 25.17 | 9.58 | 34.75 |
| Dalaman-Kızılot | -0.0045 | - | 14.04 | 6.71 | 20.75 |
| Dalaman-Gazipaşa | -0.0025 | - | 7.24 | 21.75 | 28.99 |
| Dalaman-Anamur | -0.0035 | - | 10.62 | 20.38 | 31 |
| Dalaman-G. Deltası | -0.0050 | - | 17.00 | 4.77 | 21.77 |
| Dalaman-Alata | 0.0085 | 29.16 | 24.10 | 8.06 | 32.16 |
| Dalaman-Akyatan | -0.0081 | - | 7.99 | 3.58 | 11.57 |
| Dalaman-Ağyatan | -0.0097 | - | 6.52 | 3.82 | 10.34 |
| Dalaman-Samandağ | -0.0050 | - | 13.03 | 3.82 | 16.85 |
| Fethiye-Patara | 0.0612 | 3.83 | 28.51 | 5.52 | 34.03 |
| Fethiye-Kale | 0.0394 | 6.10 | 6.03 | 7.07 | 13.1 |
| Fethiye-Kumluca | -0.0073 | - | 8.84 | 3.78 | 12.62 |
| Fethiye-Çıralı | 0.0006 | 416.42 | 23.39 | 9.71 | 33.1 |
| Fethiye-Tekirova | 0.0539 | 4.39 | 5.10 | 5.03 | 10.13 |
| Fethiye-Belek | 0.0120 | 20.58 | 7.42 | 16.15 | 23.57 |
| Fethiye-Kızılot | 0.0021 | 118.80 | 8.48 | 6.83 | 15.31 |

Çizelge 4.24. devamı

| | F_{st} | Nm (nDNA) | M_{1-2} | M_{2-1} | M |
|--------------------|----------|-------------|-----------|-----------|-------|
| Fethiye-Gazipaşa | 0.0163 | 15.09 | 4.90 | 9.33 | 14.23 |
| Fethiye-Anamur | -0.0005 | - | 6.48 | 4.94 | 11.42 |
| Fethiye-G. Deltası | 0.0016 | 156.00 | 16.14 | 5.56 | 21.7 |
| Fethiye-Alata | 0.0251 | 9.71 | 10.35 | 4.19 | 14.54 |
| Fethiye-Akyatan | -0.0315 | - | 12.63 | 5.39 | 18.02 |
| Fethiye-Ağyatan | 0.0312 | 7.76 | 6.08 | 4.65 | 10.73 |
| Fethiye-Samandağ | 0.0612 | 3.83 | 20.53 | 4.23 | 24.76 |
| Patara-Kale | 0.0415 | 5.77 | 7.08 | 10.96 | 18.04 |
| Patara-Kumluca | 0.0331 | 7.30 | 5.97 | 16.38 | 22.35 |
| Patara-Çıralı | 0.0223 | 10.96 | 7.21 | 6.48 | 13.69 |
| Patara-Tekirova | 0.1634 | 1.28 | 10.48 | 8.77 | 19.25 |
| Patara-Belek | 0.0351 | 6.87 | 5.64 | 13.77 | 19.41 |
| Patara-Kızılot | 0.0730 | 3.17 | 5.09 | 10.75 | 15.84 |
| Patara-Gazipaşa | 0.0623 | 3.76 | 11.84 | 9.69 | 21.53 |
| Patara-Anamur | 0.0486 | 4.89 | 9.44 | 13.40 | 22.84 |
| Patara-G. Deltası | 0.0583 | 4.04 | 4.79 | 20.48 | 25.27 |
| Patara- Alata | -0.0265 | - | 10.35 | 12.85 | 23.2 |
| Patara-Akyatan | 0.0285 | 8.52 | 11.67 | 19.82 | 31.49 |
| Patara-Ağyatan | -0.1436 | - | 14.91 | 7.44 | 22.35 |
| Patara-Samandağ | 0.0193 | 12.70 | 4.64 | 11.17 | 15.81 |
| Kale-Kumluca | 0.0257 | 9.48 | 10.81 | 14.54 | 25.35 |
| Kale-Çıralı | 0.0206 | 11.89 | 4.97 | 14.33 | 19.3 |
| Kale-Tekirova | 0.0366 | 6.58 | 15.44 | 7.79 | 23.23 |
| Kale-Belek | 0.0053 | 46.92 | 8.79 | 7.71 | 16.5 |
| Kale-Kızılot | 0.0342 | 7.06 | 5.18 | 14.18 | 19.36 |
| Kale-Gazipaşa | 0.0019 | 131.33 | 15.68 | 4.53 | 20.21 |
| Kale-Anamur | 0.0181 | 13.56 | 9.65 | 7.78 | 17.43 |
| Kale-G. Deltası | 0.0396 | 6.06 | 4.33 | 18.48 | 22.81 |
| Kale-Alata | 0.0047 | 52.94 | 7.24 | 5.72 | 12.96 |
| Kale-Akyatan | 0.0284 | 8.55 | 9.93 | 8.40 | 18.33 |
| Kale-Ağyatan | -0.0279 | - | 20.00 | 18.26 | 38.26 |
| Kale-Samandağ | 0.0173 | 14.20 | 10.09 | 9.15 | 19.24 |
| Kumluca-Çıralı | -0.0081 | - | 4.28 | 15.33 | 19.61 |
| Kumluca-Tekirova | 0.0092 | 26.92 | 11.73 | 5.60 | 17.33 |
| Kumluca-Belek | 0.0023 | 108.45 | 3.75 | 14.82 | 18.57 |
| Kumluca-Kızılot | 0.0027 | 92.34 | 4.82 | 12.95 | 17.77 |
| Kumluca-Gazipaşa | -0.0000 | - | 5.04 | 6.29 | 11.33 |
| Kumluca-Anamur | -0.0067 | - | 9.32 | 13.39 | 22.71 |
| Kumluca-G. Deltası | -0.0140 | - | 11.12 | 5.82 | 16.94 |
| Kumluca-Alata | 0.0024 | 103.92 | 11.50 | 7.93 | 19.43 |
| Kumluca-Akyatan | -0.0308 | - | 10.11 | 11.34 | 21.45 |

Çizelge4.24. devamı

| | F_{st} | Nm (nDNA) | M_{1-2} | M_{2-1} | M |
|---------------------|----------|-------------|-----------|-----------|-------|
| Kumluca-Ağyatan | -0.0541 | - | 11.06 | 11.59 | 22.65 |
| Kumluca-Samandağ | 0.0061 | 40.73 | 43.90 | 8.15 | 52.05 |
| Çıralı-Tekirova | 0.0039 | 63.85 | 26.74 | 3.62 | 30.36 |
| Çıralı-Belek | 0.0033 | 75.51 | 13.91 | 9.02 | 22.93 |
| Çıralı-Kızılot | 0.0025 | 99.75 | 14.47 | 8.94 | 23.41 |
| Çıralı-Gazipaşa | -0.0034 | - | 14.93 | 6.61 | 21.54 |
| Çıralı-Anamur | -0.0062 | - | 7.97 | 12.43 | 20.4 |
| Çıralı-G. Deltası | -0.0094 | - | 13.86 | 10.47 | 24.33 |
| Çıralı-Alata | 0.0050 | 49.75 | 18.36 | 7.55 | 25.91 |
| Çıralı-Akyatan | -0.0159 | - | 7.96 | 6.23 | 14.19 |
| Çıralı-Ağyatan | -0.0430 | - | 6.79 | 5.89 | 12.68 |
| Çıralı-Samandağ | -0.0077 | - | 29.37 | 8.02 | 37.39 |
| Tekirova-Belek | 0.0188 | 13.05 | 4.04 | 5.83 | 9.87 |
| Tekirova-Kızılot | 0.0114 | 21.68 | 3.77 | 8.53 | 12.3 |
| Tekirova-Gazipaşa | -0.0594 | - | 3.96 | 7.07 | 11.03 |
| Tekirova-Anamur | -0.0112 | - | 5.64 | 4.87 | 10.51 |
| Tekirova-G. Deltası | -0.0046 | - | 7.80 | 4.86 | 12.66 |
| Tekirova-Alata | 0.0508 | 4.67 | 7.34 | 5.95 | 13.29 |
| Tekirova-Akyatan | 0.0647 | 3.61 | 19.11 | 8.71 | 27.82 |
| Tekirova-Ağyatan | 0.5556 | 0.20 | 12.87 | 15.96 | 28.83 |
| Tekirova-Samandağ | -0.0450 | - | 9.18 | 13.19 | 22.37 |
| Belek-Kızılot | 0.0103 | 24.02 | 11.42 | 13.97 | 25.39 |
| Belek-Gazipaşa | 0.0050 | 49.75 | 13.00 | 4.47 | 17.47 |
| Belek-Anamur | 0.0076 | 32.64 | 18.38 | 7.72 | 26.1 |
| Belek-G. Deltası | 0.0123 | 20.08 | 9.36 | 6.96 | 16.32 |
| Belek-Alata | 0.0096 | 25.79 | 9.47 | 11.46 | 20.93 |
| Belek-Akyatan | 0.0055 | 45.20 | 3.89 | 4.85 | 8.74 |
| Belek-Ağyatan | -0.0527 | - | 15.92 | 6.49 | 22.41 |
| Belek-Samandağ | -0.0007 | - | 19.62 | 3.91 | 23.53 |
| Kızılot-Gazipaşa | -0.0149 | - | 19.35 | 7.11 | 26.46 |
| Kızılot-Anamur | 0.0021 | 118.80 | 10.40 | 13.44 | 23.84 |
| Kızılot-G. Deltası | -0.0004 | - | 4.54 | 15.67 | 20.21 |
| Kızılot-Alata | 0.0247 | 9.87 | 14.50 | 5.42 | 19.92 |
| Kızılot-Akyatan | -0.0128 | - | 11.08 | 12.72 | 23.8 |
| Kızılot-Ağyatan | 0.0014 | 178.32 | 25.09 | 10.02 | 35.11 |
| Kızılot-Samandağ | 0.0048 | 51.83 | 10.92 | 4.20 | 15.12 |
| Gazipaşa-Anamur | -0.0121 | - | 4.56 | 5.04 | 9.6 |
| Gazipaşa-G. Deltası | -0.0040 | - | 11.18 | 9.76 | 20.94 |
| Gazipaşa-Alata | 0.0255 | 9.55 | 12.14 | 14.62 | 26.76 |
| Gazipaşa-Akyatan | 0.0072 | 34.47 | 6.72 | 4.92 | 11.64 |
| Gazipaşa-Ağyatan | 0.0111 | 22.27 | 7.02 | 7.06 | 14.08 |

Çizelge 4.24. devamı

| | F_{st} | Nm (nDNA) | M_{1-2} | M_{2-1} | M |
|---------------------|----------|-------------|-----------|-----------|-------|
| Gazipaşa-Samandağ | -0.0043 | - | 14.50 | 10.20 | 24.7 |
| Anamur-G. Deltası | -0.0148 | - | 7.88 | 4.74 | 12.62 |
| Anamur-Alata | 0.0312 | 7.76 | 13.13 | 3.28 | 16.41 |
| Anamur-Akyatan | -0.0178 | - | 8.32 | 8.00 | 16.32 |
| Anamur-Ağyatan | -0.0041 | - | 10.52 | 4.99 | 15.51 |
| Anamur-Samandağ | 0.0025 | 99.75 | 4.85 | 4.19 | 9.04 |
| G. Deltası-Alata | 0.0310 | 7.81 | 13.79 | 10.01 | 23.8 |
| G. Deltası-Akyatan | -0.0153 | - | 12.74 | 5.68 | 18.42 |
| G. Deltası-Ağyatan | 0.0011 | 227.02 | 33.35 | 24.42 | 57.77 |
| G. Deltası-Samandağ | 0.0086 | 28.82 | 6.65 | 4.90 | 11.55 |
| Alata-Akyatan | -0.0066 | - | 26.74 | 10.05 | 36.79 |
| Alata-Ağyatan | -0.1519 | - | 11.24 | 7.08 | 18.32 |
| Alata-Samandağ | -0.0050 | - | 37.82 | 4.04 | 41.86 |
| Akyatan-Ağyatan | -0.0108 | - | 6.23 | 11.32 | 17.55 |
| Akyatan-Samandağ | 0.0062 | 40.07 | 28.39 | 7.89 | 36.28 |
| Ağyatan-Samandağ | -0.0774 | - | 7.92 | 5.28 | 13.2 |

Yuvalama kumsallarının ikili karşılaştırılmalarına ait mtDNA (γ_{st}) ve nDNA (F_{st}) genetik uzaklık değerlerine bağlı olarak kumsallar arası göç oranları karşılaştırıldı (Çizelge 4.25). Örnek sayısı az olan yuvalama kumsalları hariç (Tekirova ve Ağyatan), mikrosatellit lokuslarından elde edilen göç oranlarının (3.17-1249.75), mtDNA haplotip verilerinden elde edilenlerden yüksek olması (0.19-756), kumsallar arası gen akışının yüksek oranda erkek kaynaklı olduğunu gösterir.

mtDNA nükleotid çeşitliliği (π) ve nDNA gen çeşitliliği (H_B) değerlerine bağlı olarak yuvalama kumsallarının etkili populasyon büyüklükleri karşılaştırıldı (Çizelge 4.26). Haploit olan ve anasal kalıtılan mtDNA normalde diploit nDNA'ya nazaran dört kat küçük etkili populasyon büyüklüğüne sahiptir. Ek olarak mtDNA'ya oranla daha yüksek gen çeşitliliğine sahip olmasından dolayı mikrosatellit lokuslarında etkili populasyon büyüklüğü yüksek çıkmıştır.

Çizelge 4.25. *C. caretta* yuvalama kumsallarının mtDNA ve nDNA genetik yapılarının karşılaştırılması. mtDNA ve nDNA'ya (F_{st} değerleri) dayalı populasyonlar arasındaki genetik mesafeyi ve populasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık değerleri (^a $p < 0.05$, ^b $p < 0,01$ ve ^c $p < 0,001$) (mtDNA için sağdaki X^2 , soldaki Z^* testi değerlerini gösteriyor)

| Yuvalama Kumsalları | γ_{st} | Nm | F_{st} | Nm (nDNA) |
|----------------------------|---------------------------------------|-------------|----------------------------|-------------|
| Dalyan-Dalaman | ^b 0.125^a | 1.75 | -0.0043 | - |
| Dalyan-Fethiye | 0.023 | 10.71 | -0.0021 | - |
| Dalyan-Patara | 0.013 | 18.69 | 0.0317 | 7.64 |
| Dalyan-Kale | 0.005 | 45.65 | 0.0179 | 13.72 |
| Dalyan-Kumluca | 0.054 | 4.36 | -0.0047 | - |
| Dalyan-Çıralı | 0.040 | 5.97 | 0.0008 | 312.25 |
| Dalyan-Tekirova | 0.028 | 8.75 | 0.0170 | 14.46 |
| Dalyan-Belek | ^b 0.175^b | 1.18 | ^b 0.0041 | 60.73 |
| Dalyan-Kızılot | ^a 0.122^a | 1.81 | ^a 0.0040 | 62.25 |
| Dalyan-Gazipaşa | ^a 0.099^a | 2.28 | 0.0029 | 85.96 |
| Dalyan-Anamur | 0.069 | 3.39 | -0.0038 | - |
| Dalyan-G. Deltası | 0.053 | 4.49 | -0.0019 | - |
| Dalyan-Alata | 0.073 | 3.19 | -0.0022 | - |
| Dalyan-Akyatan | 0.006 | 44.55 | -0.0239 | - |
| Dalyan-Ağyatan | - | - | -0.0490 | - |
| Dalyan-Samandağ | ^a 0.013 | 18.74 | -0.0043 | - |
| Dalaman-Fethiye | ^c 0.260^c | 0.71 | 0.0002 | 1249.75 |
| Dalaman-Patara | ^a 0.004^a | 0.94 | 0.0391 | 6.14 |
| Dalaman-Kale | 0.042 | 5.70 | 0.0129 | 19.13 |
| Dalaman-Kumluca | ^c 0.373^c | 0.42 | -0.0041 | - |
| Dalaman-Çıralı | ^c 0.325^c | 0.52 | -0.0049 | - |
| Dalaman-Tekirova | ^a 0.100^a | 0.92 | -0.0129 | - |
| Dalaman-Belek | ^c 0.571^c | 0.19 | 0.0008 | 312.25 |
| Dalaman-Kızılot | ^c 0.529^c | 0.22 | -0.0045 | - |
| Dalaman-Gazipaşa | ^c 0.435^c | 0.33 | -0.0025 | - |
| Dalaman-Anamur | ^c 0.369^c | 0.43 | -0.0035 | - |
| Dalaman-G. Deltası | ^c 0.309^c | 0.56 | -0.0050 | - |
| Dalaman-Alata | ^b 0.409^b | 0.36 | 0.0085 | 29.16 |
| Dalaman-Akyatan | 0.156 | 1.35 | -0.0081 | - |
| Dalaman-Ağyatan | - | - | -0.0097 | - |
| Dalaman-Samandağ | 0.028 | 1.59 | -0.0050 | - |
| Fethiye-Patara | 0.001 | 323.75 | 0.0612 | 3.83 |
| Fethiye-Kale | 0.038 | 6.64 | 0.0394 | 6.10 |
| Fethiye-Kumluca | 0.014 | 17.75 | -0.0073 | - |
| Fethiye-Çıralı | 0.004 | 64.12 | 0.0006 | 416.42 |
| Fethiye-Tekirova | 0.019 | 13.14 | 0.0539 | 4.39 |
| Fethiye-Belek | ^a 0.108^a | 2.07 | 0.0120 | 20.58 |

Çizelge 4.25. devamı

| | γ_{st} | Nm | F_{st} | Nm (nDNA) |
|--------------------|---------------------------------------|------------|----------------------------|-------------|
| Fethiye-Kızılot | 0.080 | 2.88 | 0.0021 | 118.80 |
| Fethiye-Gazipaşa | 0.069 | 3.38 | 0.0163 | 15.09 |
| Fethiye-Anamur | 0.020 | 12.46 | -0.0005 | - |
| Fethiye-G. Deltası | 0.012 | 20.65 | 0.0016 | 156.00 |
| Fethiye-Alata | 0.048 | 4.93 | 0.0251 | 9.71 |
| Fethiye-Akyatan | 0.000 | - | -0.0315 | - |
| Fethiye-Ağyatan | - | - | 0.0312 | 7.76 |
| Fethiye-Samandağ | 0.024 | 9.97 | ^a 0.0612 | 3.83 |
| Patara-Kale | 0.100 | 2.25 | 0.0415 | 5.77 |
| Patara-Kumluca | 0.007 | 38 | 0.0331 | 7.30 |
| Patara-Çıralı | 0.000 | 756 | 0.0223 | 10.96 |
| Patara-Tekirova | 0.010 | 3.50 | 0.1634 | 1.28 |
| Patara-Belek | 0.090 | 2.54 | 0.0351 | 6.87 |
| Patara-Kızılot | 0.150 | 1.42 | 0.0730 | 3.17 |
| Patara-Gazipaşa | 0.091 | 2.51 | 0.0623 | 3.76 |
| Patara-Anamur | 0.007 | 35.98 | 0.0486 | 4.89 |
| Patara-G. Deltası | 0.091 | 71.55 | 0.0583 | 4.04 |
| Patara-Alata | 0.120 | 1.83 | -0.0265 | - |
| Patara-Akyatan | 0.040 | 69.75 | 0.0285 | 8.52 |
| Patara-Ağyatan | - | - | -0.1436 | - |
| Patara-Samandağ | 0.040 | 5.97 | 0.0193 | 12.70 |
| Kale-Kumluca | 0.134 | 1.61 | 0.0257 | 9.48 |
| Kale-Çıralı | 0.074 | 3.12 | 0.0206 | 11.89 |
| Kale-Tekirova | 0.250 | 0.75 | 0.0366 | 6.58 |
| Kale-Belek | ^a 0.307^a | 0.56 | 0.0053 | 46.92 |
| Kale-Kızılot | ^a 0.429^a | 0.33 | 0.0342 | 7.06 |
| Kale-Gazipaşa | 0.063 | 0.65 | 0.0019 | 131.33 |
| Kale-Anamur | 0.096 | 2.35 | 0.0181 | 13.56 |
| Kale-G. Deltası | 0.278 | 3.70 | 0.0396 | 6.06 |
| Kale-Alata | 0.375 | 0.42 | 0.0047 | 52.94 |
| Kale-Akyatan | 0.067 | 3.50 | 0.0284 | 8.55 |
| Kale-Ağyatan | - | - | -0.0279 | - |
| Kale-Samandağ | 0.040 | 5.94 | 0.0173 | 14.20 |
| Kumluca-Çıralı | 0.004 | 59.69 | -0.0081 | - |
| Kumluca-Tekirova | 0.018 | 13.81 | 0.0092 | 26.92 |
| Kumluca-Belek | 0.063 | 3.71 | 0.0023 | 108.45 |
| Kumluca-Kızılot | 0.064 | 3.66 | 0.0027 | 92.34 |
| Kumluca-Gazipaşa | 0.061 | 3.87 | -0.0000 | - |
| Kumluca-Anamur | 0.003 | 79.75 | -0.0067 | - |
| Kumluca-G. Deltası | 0.005 | 54.76 | -0.0140 | - |
| Kumluca-Alata | 0.042 | 5.69 | 0.0024 | 103.92 |

Çizelge 4.25. devamı

| | γ_{st} | Nm | F_{st} | Nm (nDNA) |
|---------------------|---------------------------------------|-------|----------------------------|-------------|
| Kumluca-Akyatan | 0.017 | 14.44 | -0.0308 | - |
| Kumluca-Ağyatan | - | - | -0.0541 | - |
| Kumluca-Samandağ | 0.069 | 3.36 | 0.0061 | 40.73 |
| Çıralı-Tekirova | 0.018 | 13.50 | 0.0039 | 63.85 |
| Çıralı-Belek | 0.087 | 2.61 | 0.0033 | 75.51 |
| Çıralı-Kızılot | 0.073 | 3.19 | 0.0025 | 99.75 |
| Çıralı-Gazipaşa | 0.065 | 3.59 | -0.0034 | - |
| Çıralı-Anamur | 0.008 | 30.80 | -0.0062 | - |
| Çıralı-G. Deltası | 0.005 | 48.12 | -0.0094 | - |
| Çıralı-Alata | 0.045 | 5.25 | 0.0050 | 49.75 |
| Çıralı-Akyatan | 0.004 | 63.92 | -0.0159 | - |
| Çıralı-Ağyatan | - | - | -0.0430 | - |
| Çıralı-Samandağ | 0.042 | 5.69 | -0.0077 | - |
| Tekirova-Belek | 0.003 | 81 | 0.0188 | 13.05 |
| Tekirova-Kızılot | 0.000 | - | 0.0114 | 21.68 |
| Tekirova-Gazipaşa | 0.022 | 11 | -0.0594 | - |
| Tekirova-Anamur | 0.009 | 27.95 | -0.0112 | - |
| Tekirova-G. Deltası | 0.009 | 26.23 | -0.0046 | - |
| Tekirova-Alata | 0.000 | - | 0.0508 | 4.67 |
| Tekirova-Akyatan | 0.100 | 2.25 | 0.0647 | 3.61 |
| Tekirova-Ağyatan | - | - | 0.5556 | 0.20 |
| Tekirova-Samandağ | 0.088 | 2.69 | -0.0450 | - |
| Belek-Kızılot | 0.013 | 18.50 | 0.0103 | 24.02 |
| Belek-Gazipaşa | 0.048 | 5.01 | 0.0050 | 49.75 |
| Belek-Anamur | 0.049 | 4.89 | 0.0076 | 32.64 |
| Belek-G. Deltası | 0.013 | 4.99 | 0.0123 | 20.08 |
| Belek-Alata | 0.008 | 31 | ^a 0.0096 | 25.79 |
| Belek-Akyatan | 0.114 | 1.93 | 0.0055 | 45.20 |
| Belek-Ağyatan | - | - | -0.0527 | - |
| Belek-Samandağ | ^b 0.179^a | 1.15 | -0.0007 | - |
| Kızılot-Gazipaşa | 0.067 | 3.50 | -0.0149 | - |
| Kızılot-Anamur | 0.037 | 6.45 | 0.0021 | 118.80 |
| Kızılot-G. Deltası | 0.040 | 6.07 | -0.0004 | - |
| Kızılot- Alata | 0.000 | - | 0.0247 | 9.87 |
| Kızılot-Akyatan | 0.200 | 1 | -0.0128 | - |
| Kızılot-Ağyatan | - | - | 0.0014 | 178.32 |
| Kızılot-Samandağ | ^a 0.204^a | 0.98 | 0.0048 | 51.83 |
| Gazipaşa-Anamur | 0.042 | 5.75 | -0.0121 | - |
| Gazipaşa-G. Deltası | 0.040 | 5.95 | -0.0040 | - |
| Gazipaşa-Alata | 0.048 | 5 | 0.0255 | 9.55 |
| Gazipaşa-Akyatan | 0.112 | 1.98 | 0.0072 | 34.47 |

Çizelge 4.25. devamı

| | γ_{st} | Nm | F_{st} | Nm (nDNA) |
|---------------------|---------------|-------|---------------------------|-------------|
| Gazipaşa- Ağyatan | - | - | 0.0111 | 22.27 |
| Gazipaşa- Samandağ | 0.151 | 1.40 | -0.0043 | - |
| Anamur-G. Deltası | 0.008 | 32.23 | -0.0148 | - |
| Anamur-Alata | 0.023 | 10.75 | ^a0.0312 | 7.76 |
| Anamur-Akyatan | 0.014 | 18.20 | -0.0178 | - |
| Anamur-Ağyatan | - | - | -0.0041 | - |
| Anamur-Samandağ | 0.057 | 4.11 | 0.0025 | 99.75 |
| G. Deltası-Alata | 0.024 | 10.22 | ^a0.0310 | 7.81 |
| G. Deltası-Akyatan | 0.007 | 35.80 | -0.0153 | - |
| G. Deltası-Ağyatan | - | - | 0.0011 | 227.02 |
| G. Deltası-Samandağ | 0.039 | 6.09 | 0.0086 | 28.82 |
| Alata-Akyatan | 0.167 | 1.25 | -0.0066 | - |
| Alata-Ağyatan | - | - | -0.1519 | - |
| Alata-Samandağ | 0.161 | 1 | -0.0050 | - |
| Akyatan-Ağyatan | - | - | -0.0108 | - |
| Akyatan-Samandağ | 0.028 | 8.75 | 0.0062 | 40.07 |
| Ağyatan-Samandağ | - | - | -0.0774 | - |

Çizelge 4.26. *C. caretta* yuvalama kumsallarının, mtDNA ve nDNA verilerine dayalı, etkili popülasyonbüyüküklerinin (Ne) karşılaştırılması (h : haplotip çeşitliliği; π : nükleotid çeşitliliği; H_B : gen çeşitliliği; H_G : gözlenen heterozigotluk; IAM: Kimura ve Crow, 1994; SMM: Ohta ve Kimura, 1973; ea: en az; eç: en çok)

| | mtDNA | | | nDNA | | | |
|-----------------|---------------|----------------|----------|-------------|-------------|-------------------|-------------------|
| | h | π | Ne | H_B | H_G | $NeIAM$ (ea.-eç.) | $NeSMM$ (ea.-eç.) |
| Dalyan | 0.4808 | 0.000563 | 14.075 | 0.60 | 0.65 | 188(39-658) | 328(68-1151) |
| Dalaman | 0.3947 | 0.000462 | 11.550 | 0.65 | 0.68 | 232(48-815) | 448(93-1571) |
| Fethiye | 0.3492 | 0.000409 | 10.225 | 0.68 | 0.65 | 266(55-932) | 548(114-1922) |
| Patara | 0.4000 | 0.000468 | 11.700 | 0.60 | 0.59 | 188(39-658) | 328(68-1151) |
| Kale | 0.6667 | 0.000781 | 19.525 | 0.79 | 0.65 | 470(98-1650) | 1355(282-4753) |
| Kumluca | 0.2476 | 0.000290 | 7.250 | 0.63 | 0.69 | 213(44-747) | 394(82-1383) |
| Çıralı | 0.3368 | 0.000394 | 9.850 | 0.72 | 0.72 | 321(67-1128) | 735(153-2578) |
| Tekirova | - | - | - | 0.67 | - | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Belek | 0.0800 | 0.000094 | 2.350 | 0.65 | 0.67 | 232(48-815) | 448(93-1571) |
| Kızılot | - | - | - | 0.68 | 0.68 | 266(55-932) | 548(114-1922) |
| Gazipaşa | 0.3333 | 0.000390 | 9.750 | 0.74 | 0.71 | 356(74-1248) | 862(180-3025) |
| Anamur | 0.2667 | 0.000413 | 10.325 | 0.63 | 0.66 | 213(44-747) | 394(82-1383) |
| G. Deltası | 0.2789 | 0.000339 | 8.475 | 0.64 | 0.66 | 222(46-780) | 420(87-1473) |
| Alata | - | - | - | 0.64 | 0.67 | 222(46-780) | 420(87-1473) |
| Kazanlı | - | - | - | - | - | - | - |
| Akyatan | 0.3333 | 0.000390 | 9.750 | 0.67 | 0.65 | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Ağyatan | - | - | - | 0.67 | - | 254(53-890) | 511(107-1794) |
| Samandağ | 0.7333 | 0.001015 | 25.375 | 0.71 | 0.73 | 306(64-1074) | 681(142-2388) |
| Ortalama | 0.3728 | 0.00046 | - | 0.67 | 0.67 | - | - |

Yuvalama kumsalları arasındaki ikiyeşerli karşılaştırmalarına ait genetik uzaklık (γ_{st}) verileri kullanılarak elde edilen UPGMA ve Neighbor-Joining uzaklık ağaçları sonucu tespit edilen beş gruba göre alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak grupların her bir lokus için Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları test edildi (Çizelge 4.27).

Çizelge 4.27. Mikrosatellit lokuslarının beş gruba dayalı beklenen (H_B), gözlenen (H_G), alelik zenginlik (Ar), F_{IS} değerleri ve Hardy-Weinberg dengesine dayalı alel sıklığı anlamlılığı (p) değerleri (N:gen sayısı, NA: alel sayısı, BTR:Batı Türkiye, OTR:Orta Türkiye, DTR:Doğu Türkiye, $p < 0.05$ Bonferroni doğruluğu)

| Lokus | Dalyan | Dalaman | BTR | OTR | DTR | Toplam |
|---------------|-------------|---------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| Cc-117 | | | | | | |
| N | 66 | 40 | 140 | 90 | 88 | 424 |
| NA | 9 | 7 | 11 | 10 | 8 | 11 |
| Ar | 7.68 | 7.00 | 8.50 | 8.43 | 6.53 | 7.97 |
| H_B | 0.61 | 0.60 | 0.81 | 0.78 | 0.68 | 0.73 |
| H_G | 0.74 | 0.67 | 0.78 | 0.74 | 0.73 | 0.74 |
| F_{IS} | 0.18 | 0.10 | -0.04 | -0.05 | 0.06 | -0.004 |
| p | 0.07 | 0.23 | 0.14 | 0.09 | 0.07 | 0.26 |
| Cm-72 | | | | | | |
| N | 68 | 40 | 140 | 90 | 88 | 424 |
| NA | 3 | 4 | 4 | 5 | 6 | 8 |
| Ar | 2.42 | 4.00 | 2.92 | 3.17 | 3.77 | 3.30 |
| H_B | 0.09 | 0.20 | 0.17 | 0.11 | 0.11 | 0.14 |
| H_G | 0.09 | 0.24 | 0.16 | 0.13 | 0.15 | 0.15 |
| F_{IS} | -0.02 | 0.15 | -0.06 | 0.14 | 0.26 | 0.00004 |
| p | 1.00 | 0.15 | 1.00 | 0.04 | 0.05 | 0.08 |
| Cm-84 | | | | | | |
| N | 68 | 40 | 140 | 90 | 88 | 424 |
| NA | 9 | 9 | 11 | 10 | 9 | 11 |
| Ar | 8.22 | 9.00 | 7.95 | 8.72 | 7.98 | 8.58 |
| H_B | 0.65 | 0.70 | 0.66 | 0.71 | 0.66 | 0.68 |
| H_G | 0.81 | 0.82 | 0.81 | 0.84 | 0.82 | 0.82 |
| F_{IS} | 0.20 | 0.15 | 0.19 | 0.16 | 0.20 | 0.0016 |
| p | 0.04 | 0.68 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.01 |
| Cc-141 | | | | | | |
| N | 68 | 40 | 140 | 90 | 88 | 424 |
| NA | 10 | 8 | 11 | 10 | 10 | 14 |
| Ar | 9.01 | 8.00 | 8.63 | 9.07 | 8.65 | 8.82 |
| H_B | 0.79 | 0.85 | 0.91 | 0.78 | 0.82 | 0.84 |

Çizelge 4.27 devamı

| | | | | | | |
|-----------------|-------------|-------|-------|-------------|-------------|---------|
| H_G | 0.82 | 0.83 | 0.84 | 0.81 | 0.83 | 0.83 |
| F_{IS} | 0.03 | -0.02 | -0.09 | 0.04 | 0.02 | 0.00007 |
| p | 0.00 | 0.97 | 0.38 | 0.30 | 0.15 | 0.37 |
| Cc-7 | | | | | | |
| N | 66 | 40 | 138 | 90 | 88 | 420 |
| NA | 11 | 10 | 13 | 12 | 13 | 16 |
| A_r | 9.73 | 10.00 | 9.66 | 10.23 | 10.83 | 10.12 |
| H_B | 0.88 | 0.85 | 0.91 | 0.93 | 0.98 | 0.92 |
| H_G | 0.88 | 0.84 | 0.87 | 0.88 | 0.89 | 0.88 |
| F_{IS} | 0.00 | -0.01 | -0.05 | -0.06 | -0.10 | 0.00008 |
| p | 0.29 | 0.29 | 0.45 | 0.36 | 0.47 | 0.49 |
| Ccar-176 | | | | | | |
| N | 68 | 40 | 138 | 86 | 86 | 418 |
| NA | 9 | 10 | 13 | 11 | 7 | 17 |
| A_r | 7.24 | 10.00 | 8.29 | 8.45 | 5.63 | 7.85 |
| H_B | 0.59 | 0.70 | 0.65 | 0.77 | 0.63 | 0.67 |
| H_G | 0.56 | 0.69 | 0.60 | 0.72 | 0.59 | 0.63 |
| F_{IS} | -0.06 | -0.02 | -0.08 | -0.06 | -0.06 | 0.005 |
| p | 0.66 | 0.56 | 0.93 | 0.72 | 0.55 | 0.11 |
| Toplam | | | | | | |
| NA | 51 | 48 | 63 | 58 | 53 | 77 |
| A_r | 7.38 | 8.00 | 7.66 | 8.01 | 7.23 | - |
| H_B | 0.60 | 0.65 | 0.69 | 0.68 | 0.65 | - |
| H_G | 0.65 | 0.68 | 0.68 | 0.69 | 0.67 | - |
| F_{IS} | 0.08 | 0.05 | -0.01 | 0.01 | 0.04 | - |
| p | 0.01 | 0.51 | 0.07 | 0.00 | 0.00 | - |

Cm-72 lokusunda OTR, *Cm-84* lokusunda Dalyan, BTR, OTR ve DTR ve *Cc-141* lokusunda Dalyan'da Hardy-Weinberg dengesinde sapma gözlemlendi. Toplamda bütün lokuslarda Dalyan, OTR ve DTR'de Hardy-Weinberg dengesinde sapma gözlemlendi. Toplamda gen çeşitliliği OTR (0.69)'de en fazla olarak tespit edildi.

Yuvalama kumsalları arasında varyasyonu tespit edebilmek için moleküler varyans analizi (AMOVA) yapıldı (Çizelge 4.28). Bazı yuvalama kumsallarının örnek hacmi az olduğu için coğrafik olarak yakın olan yuvalama kumsalları içinde gruplandırılmıştır (Patara-Kale, Çıralı-Tekirova, Alata-Kazanlı).

Çizelge 4.28. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi (**Grup sayısı:14**; 1:Dalyan; 2:Dalaman; 3: Fethiye; 4: Patara-Kale; 5: Kumluca; 6: Çıralı-Tekirova; 7: Belek; 8: Kızılot; 9: Gazipaşa; 10: Anamur; 11: Göksu Deltası; 12; Alata; 13: Akyatan-Ağyatan ve 14: Samandağ)

| <i>Caretta caretta</i> | Varyasyon | Varyasyon Yüzdesi | Fiksasyon İndeksi | <i>p</i> |
|--|-----------|-------------------|-------------------------|-----------------|
| Gruplar Arasında | -0.01870 | -0.92455 | -0.00925F _{CT} | Anlamsız |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.02432 | 1.20282 | 0.01192F _{SC} | Anlamsız |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.04098 | 2.02663 | 0.02032F _{IS} | Anlamsız |
| Bireyler İçinde | 1.97546 | 97.69510 | 0.02305F _{IT} | <0.05 |
| Toplam | 2.02207 | | | |

Varyasyonun tamamı sadece bireyler içinde ($p<0.05$) tespit edildi.

Yuvalama kumsalları mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) verilerine göre yapılan gruplama nDNA verilerinde de yapılarak tekrar Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) yapılmıştır (Çizelge 4.29).

Çizelge 4.29. Gruplar ve yuvalama kumsalları arasında varyans analizi (**Grup sayısı:5**;1:Dalyan; 2:Dalaman; 3: Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı; 4: Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa; 5: Anamur, Göksu Deltası, Alata, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ).

| <i>Caretta caretta</i> | Varyasyon | Varyasyon Yüzdesi | Fiksasyon İndeksi | <i>p</i> |
|--|-----------|-------------------|-------------------------|-----------------|
| Gruplar Arasında | -0.00273 | -0.13486 | -0.00135F _{CT} | Anlamsız |
| Grup İçi Yuvalama Kumsalları Arasında | 0.00797 | 0.39423 | 0.00394 F _{SC} | Anlamsız |
| Yuvalama Kumsalları İçi Bireyler Arasında | 0.04098 | 2.02702 | 0.02032 F _{IS} | Anlamsız |
| Bireyler İçinde | 1.97546 | 97.71361 | 0.02286 F _{IT} | <0.05 |
| Toplam | 2.02168 | | | |

Yuvalama kumsallarını 14 grup yaparak yapılan moleküler varyans analizi sonuçlarında olduđu gibi varyasyonun tamamı bireyler içinde ($p<0.05$) gözlendi.

5. TARTIŞMA ve SONUÇ

Doğal populasyonların filocoğrafyası ve populasyon genetiği yaşam hikayesine çok yakından bağlıdır (Reece vd., 2005). Geniş yayılış alanı, farklı habitatlarda beslenme, çiftleşme ve de yuvalama bölgelerine sadakat gösteren deniz kaplumbağalarının karmaşık yaşam hikayeleri populasyon yapısını belirlemede önemli rol oynar (Formia vd., 2006). Moleküler teknikler deniz kaplumbağalarında gözlenmesi zor olan bu davranışları populasyon yapısındaki değişiklikleri izleyerek anlamada güçlü yöntemler sağlar (Meylan vd., 1990; Bowen vd., 1992; Karl vd., 1992; Allard vd., 1994; Norman vd., 1994; Bass vd., 1996; FitzSimmons vd., 1997a; Laurent vd., 1998; Roberts vd., 2004). Bu çalışmada Türkiye'nin Ege ve Akdeniz kumsallarında yumurtlayan deniz kaplumbağası türü olan *Caretta caretta* populasyonlarının genetik yapısı mitokondri DNA ve çekirdek DNA analizleri ile ortaya konulmuştur.

5.1 mtDNA Verilerinin Karşılaştırılması

Toplam 18 yuvalama kumsalından 256 örnekle yapılan mtDNA kontrol bölgesi analizinden yedi farklı haplotip tespit edilmiştir (Çizelge 4.1). Yuvalama kumsallarında genelde CC-A2.1 (% 76.6) haplotip sıklığı yüksek olarak gözlemlendi. Ancak batı yuvalama kumsallarında CC-A3.1 (% 21.1) haplotip sıklığı (özellikle Dalaman ve Dalyan) diğer yuvalama kumsallarına göre oldukça yüksektir. Şu ana kadar Atlantik ve Akdeniz'de *C.caretta* için Archie Carr envanter sitesinde toplam 55 haplotip rapor edilmiştir (<http://accstr.ufl.edu/ccmtDNA.html>). Bu haplotiplerin 31 (%56)'i Akdeniz'in beslenme ve yuvalama bölgelerinde tespit edilmiştir (Laurent vd., 1998; Carreras vd., 2006, 2007; Casale vd., 2008; Garofalo vd., 2009). Bu haplotiplerin de 14 tanesi sadece Akdeniz'in beslenme bölgelerinde tespit edilmiştir. Yapılan ilk çalışmalarda Türkiye'nin yuvalama bölgelerinde toplam iki tane (CC-A2 ve CC-A3) haplotip rapor edilmiştir (Laurent vd., 1998; Carreras vd., 2007). Bu çalışmayla haplotip sayısı 7'ye yükselmiştir. Böylelikle Türkiye populasyonu Akdeniz'de en fazla haplotip sayısına ulaşmıştır. Daha önceki yapılan çalışmada (Laurent vd., 1998) Türkiye'nin doğusunda CC-A3 haplotip sıklığı yüksek olarak tespit edilmişken bu çalışmada tam tersi olarak tespit edildi. Bunun nedeni de daha önceki yapılan çalışmada örnekleme büyüklüğünün az olmasından kaynaklanmış olabilir. Bizim sonuçlarla diğer çalışmaları (Schroth vd., 1996; Laurent vd., 1998; Carreras vd., 2007)

karşılaştırdığımız zaman Türkiye'nin doğusundan batısına doğru bir kline olduğu değil aksine batıdan doğuya doğru CC-A3 haplotipi sıklığının azaldığı görülmektedir.

C. caretta yumurtalarından yavru çıkması için 25°C'nin üzerinde ortalama 60 gün gereklidir. Yuva sıcaklığı arttıkça kuluçka süresi kısalmaktadır. Akdeniz'de buzul dönemde bu koşullar olanak dışı olabilir (18 000-12 000 yıllar önce) (Buckley vd., 1982). Aynı buzul dönemde *C.caretta*'lar Güney Florida'da yuva yapmış olabilir. Günümüzde ise Güney ve Kuzey Carolina ve Georgia'daki üreme bölgeleri oldukça soğuktur (Hedgpeth, 1954). Açıkça Batı Atlantik'deki yuvalama popülasyonları, aynı buzul dönem süresince Akdeniz'de kolonize olmuşlar (Karl ve Bowen 1999). mtDNA d-loop bölgesinde gözlenen düşük genetik çeşitliliğin sebebi yaklaşık 12 bin yıl önce Atlantik Popülasyonları'ndan birkaç bireyin göç etmesiyle Akdeniz'i kolonize etmelerinden kaynaklandığı ileri sürülmektedir (Bowen vd., 1993). Yapılan çalışmalar bu kolonide başlangıçta iki mitokondri haplotipin varlığına işaret etmektedir. Bu da Türkiye yuvalama kumsallarındaki CC-A2.1 ve CC-A3.1 haplotip sıklığının neden yüksek olduğunu açıklamaktadır. Ayrıca şu ana kadar yapılan çalışmalarda Akdeniz'de sadece Türkiye yuvalama kumsallarında CC-A3.1 haplotipinin bulunması dişilerin yüksek filopatrisinden (yuvalama bölgesine sadakat) kaynaklandığı ileri sürülebilir.

Akdeniz'de daha önce beslenme bölgesinde tespit edilen (Carreras vd., 2006) CC-A13.1 haplotipi, bu çalışmada Gazipaşa yuvalama kumsalında tespit edildi. Samandağ yuvalama kumsalından tespit edilen CC-A43.1 haplotipi ise sadece Akdeniz'de Türkiye yuvalama kumsalında saptandı. Bu iki haplotip ilk olarak Atlantik yuvalama bölgelerinden (Florida) rapor edilmiştir. Kuzey Atlantik genç deniz kaplumbağalarının okyanus akıntılarıyla Akdeniz'e girdiği düşünülmektedir (Carr, 1987; Laurent, 1990). Bu haplotipler ya Atlantik'ten Akdeniz'e girmiş yada bağımsız olarak CC-A2 haplotipinden oluşmuştur. Bu çalışmada tespit edilen CC-A52.1 (Anamur, heteroplazmi), CC-A53.1 (Belek, G.Deltası) ve CC-A3.2 (G. Deltası) haplotipleri de Atlantik ve Akdeniz yuvalama bölgeleri için yeni haplotiplerdir. Bu çalışmada önceden rapor edilen haplotipler (CC-A3, CC-A13 ve CC-A43) ve ilk olarak bu çalışmada saptanan CC-A53.1 haplotipi CC-A2 haplotipinden köken aldığı ileri sürülebilir (Şekil 4.3). CC-A52.1 (Heteroplazmi) ve CC-A3.2 haplotipleri ise CC-A2.1 haplotipinden ya da bağımsız olarak CC-A3.1 haplotipinden köken almış olabilir (Şekil 4.3).

Toplamda yuvalama kumsallarında haplotip çeşitliliği (h) 0.3787 ve nükleotid çeşitliliği (π) 0.00046 olarak tespit edildi (Çizelge 4.4). Yuvalama kumsallarının haplotip ve nükleotid çeşitliliği örnek sayısı az olan yuvalama kumsalları (Kale ve Samandağ) dikkate alınmadığında en fazla Dalyan yuvalama kumsalında ($h=0.4808$, $\pi=0.000563$) tespit edildi. Nükleotid çeşitliliğine bağlı olarak etkili populasyon büyüklüğü en fazla Dalyan yuvalama kumsalında tespit edildi.

Toplamda yuvalama kumsalları mtDNA bakımından anlamlı bir genetik yapılanma göstermiştir ($\gamma_{st}:0.213$, $p<0.001$). mtDNA haplotip verilerine dayalı kumsallar arasındaki genetik uzaklık (γ_{st}) ve kumsalların ikişerli karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık derecelerine bakıldığında özellikle Dalaman yuvalama kumsalı Kale, Akyatan ve Samandağ yuvalama kumsalları hariç diğer yuvalama kumsallarından mtDNA bakımından genetik olarak farklıdır (Çizelge 4.5). Dalyan yuvalama kumsalı; Belek, Kızılot, Gazipaşa ve Samandağ yuvalama kumsallarından mtDNA bakımından genetik olarak farklıdır. Ayrıca Fethiye-Belek, Kale-Belek ve Kızılot, Belek- Samandağ ve Kızılot-Samandağ kumsalları arasında anlamlı olarak genetik farklar belirlenmiştir. Bu sonuçlar *Caretta caretta*'da daha önce tespit edilen yuva yeri sadakati davranışını destekleyen bulgulardır. mtDNA haplotip sıklığına dayalı olarak Kuzey Doğu Florida Populasyonları'nın 50-100 km'lik alanlarda yayılmış olduğu ve bu verilerle *C.caretta* dişilerinin 10 km'lik bir alanda yuvalama bölgesine sadakat gösterdiği tespit edilmiştir (Karl ve Bowen, 1999). İkişerli karşılaştırılmalarda çoğu yuvalama bölgeleri arasında anlamlı farkların çıkmamasının sebebi genelde yuvalama bölgelerinde CC-A2 haplotip sıklığının fazla olmasından (Dalaman hariç) kaynaklanmaktadır. Bu da yine yaklaşık 12 bin yıl önce Atlantik Populasyon'undan birkaç bireyin göç etmesiyle Akdeniz Populasyon'unu yeni oluşturmasından kaynaklandığı savını desteklemektedir.

mtDNA bakımından coğrafik olarak Dalyan, Dalaman, Batı (Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı), Orta (Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa) ve Doğu (Anamur, G. Deltası, Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ) olmak üzere toplam 5 grubun varlığı ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.2). Dalyan, Dalaman, Batı, Orta ve Doğu olarak yapılan beş gruplama mtDNA bakımından anlamlı bir genetik yapılanma gösterdi ($\gamma_{st}= 0.019$, $p<0.0001$). mtDNA haplotip verilerine dayalı gruplar arasındaki genetik uzaklık (γ_{st}) ve grupların ikişerli karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık derecelerine bakıldığında sadece Batı ve Doğu arasında anlamlı bir farklılık görünmüyor. Bu iki grup arasında

anlamli bir genetik farklıliđın olmamasının sebebi özellikle Dođu grubunda Alata (N=6), Kazanlı (N=2), Akyatan (N=6), Ağyatan (N=1) ve Samandađ (N=6) yuvalama kumsallarında örnekleme sayısının az olmasından kaynaklanmış olabilir. Yapılan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucu Dalyan, Dalaman, Batı, Orta ve Dođu olmak üzere beş grubu desteklemiştir ($p<0.001$) (Çizelge 4.8).

mtDNA bakımından yuvalama kumsalları arasındaki göç oranı (gen akışı) oldukça fazla deđişkendir. En az göç Dalaman-Belek (Nm=0.19), en fazla göç ise Patara-Çıralı (Nm=756) yuvalanma kumsalı arasında tespit edildi (Çizelge 4.7).

mtDNA haplotip tutumluluk ađı analiz sonuçları Klad 1-1 ve Klad 1-2 olmak üzere iki yuvalama kladı varlığını gösterdi (Şekil 4.3). Klad 1-1, CC-A2.1 ve ondan köken alan haplotipler (CC-A13.1, CC-A43.1 ve CCA53.1), Klad 1-2 ise CC-A3.1 ve ondan köken alan haplotipler (CC-A52 ve CC-A3.2) den oluşmaktadır. Klad 1-1'in cođrafik olarak yayılışı (Dc=158.1321) ve diđer klada cođrafik yakınlığı (Dn=156.6753) anlamli derecede küçük iken Klad 1-2'nin diđer klada cođrafik yakınlığı (Dc=227.8779) anlamli derecede büyük olarak tespit edildi (Şekil.4.3). CC-A3 haplotipinin oluşturduđu yuvalamakladının sadece Türkiye yuvalama kumsallarında bulunması Türkiye populasyonunun önemli olduğunu göstermektedir.

Akdeniz'de yapılan daha önceki çalışmalar ve bu çalışmada tespit edilen haplotipler Çizelge 5.1'de verilmiştir. Atlantik Populasyonları'na göre bu sayı oldukça düşüktür.

Akdeniz'deki *C. caretta* populasyonunun mtDNA d-loop bölgesinin çeşitliliđi Atlantik populasyonu ile karşılaştırıldığında daha düşüktür (Encalada vd., 1998; Pearce 2001). Akdeniz'deki diđer çalışmalar ve bu çalışmada tespit edilen 5 gruba ait haplotip ve nükleotid çeşitliliđi ve etkili populasyon büyüklüğü Çizelge 5.2 de verilmiştir.

Çizelge 5.1. Akdeniz’de tespit edilen *C. caretta* haplotiplerinin populasyonlara göre yüzde dağılımları (**ZAK:** Zakynthos, **KYP:** Kyparissia, **LAK:** Lakonikos, **YUN:** Yunanistan, **GRT:** Girit, **KBR:** Kıbrıs, **ISR:** İsrail, **LUB:** Lübnan, **DLY:** Dalyan, **DLM:** Dalaman, **B TR:** Batı Türkiye, **O TR:** Orta Türkiye, **D TR:** Doğu Türkiye, **Y.B:** Yuvalama Bölgeleri, **KY:** Kaynaklar, **a:** Carreras vd., 2007, **b:** Encalada vd., 1998, **c:** Laurent vd., 1998, **d:** Garafalo vd. 2009, **e:** Sunulan çalışma)

| | | (%) HAPLOTİPLER | | | | | | | | | | | | | |
|------|----|-----------------|-------|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|----|
| Y. B | N | CC-A2 | CC-A3 | CC-A6 | CC-A10 | CC-A13 | CC-A20 | CC-A29 | CC-A31 | CC-A32 | CC-A43 | CC-A52 | CC-A53 | CC-A3.2 | KY |
| ZAK | 20 | 85 | - | 5 | - | - | - | - | - | 10 | - | - | - | - | a |
| KYP | 21 | 90 | - | 10 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | b |
| LAK | 19 | 95 | - | 5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| YUN | 10 | 90 | - | - | 10 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | c |
| GRT | 19 | 100 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| KBR | 10 | 100 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| KBR | 35 | 100 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | b |
| LUB | 9 | 100 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| ISR | 19 | 84 | - | - | - | - | - | 16 | - | - | - | - | - | - | a |
| B TR | 16 | 94 | 6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | a |
| D TR | 32 | 59 | 41 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | c |
| KLB | 47 | 59.6 | - | - | - | - | 36.2 | - | 4.2 | - | - | - | - | - | d |
| DLY | 40 | 62.5 | 37.5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | e |
| DLM | 20 | 25 | 75 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | e |
| B TR | 76 | 78.95 | 21.05 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | e |
| O TR | 48 | 95.83 | - | - | - | 2.083 | - | - | - | - | - | - | 2.083 | - | e |
| D TR | 72 | 83.33 | 11.11 | - | - | - | - | - | - | - | 1.39 | 1.39 | 1.39 | 1.39 | e |

Çizelge 5.2. Akdeniz'deki *C. caretta* yuvalama popülasyonlarının haplotip ve nükleotid çeşitliliği ve etkili popülasyon büyüklüğü (h :haplotip çeşitliliği, π :nükleotidçeşitliliği ve N_e :Etkili popülasyon büyüklüğü, önceki yapılan çalışmalara ait veriler Carreras vd., 2007' ve Garafalo vd. 2009 dan alınarak mtDNA d-loop bölgesinin 380 bp bölgesi kullanılarak analiz yapılmıştır, CC-A3.2 haplotipi ve Laurent vd., 1998'deki Türkiye (Doğu) verileri analizlere dahil edilmemiştir)

| | h | π | N_e |
|---------------------|-------|---------|--------|
| Dalyan | 0.481 | 0.00127 | 31.750 |
| Dalaman | 0.395 | 0.00104 | 26.000 |
| Batı Türkiye | 0.305 | 0.00080 | 20.000 |
| Orta Türkiye | 0.083 | 0.00022 | 5.500 |
| Doğu Türkiye | 0.293 | 0.00086 | 21.500 |
| Yunanistan | 0.188 | 0.00064 | 16.00 |
| Girit | - | - | - |
| Kıbrıs | - | - | - |
| İsrail | 0.247 | 0.00065 | 16.250 |
| Lübnan | - | - | - |
| Kalabriya | 0.524 | 0.00146 | 36.500 |

Çizelgeye göre Türkiye yuvalama kumsallarında, Orta Türkiye (Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa) hariç diğer grupların haplotip ve nükleotid çeşitliliği diğer yuvalama bölgelerine göre (Kalabriya hariç) oldukça yüksektir. Buda Akdeniz Popülasyonları'nda Türkiye yuvalama kumsallarının oldukça önemli olduğunu göstermektedir.

Akdeniz'de daha önce yapılan ve bu çalışma verileri kullanılarak mtDNA haplotip verilerine dayalı popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık (γ_{st}) ve popülasyonların ikili karşılaştırılmalarına ait X^2 ve Z^* testi anlamlılık dereceleri karşılaştırıldı (Çizelge 5.3).

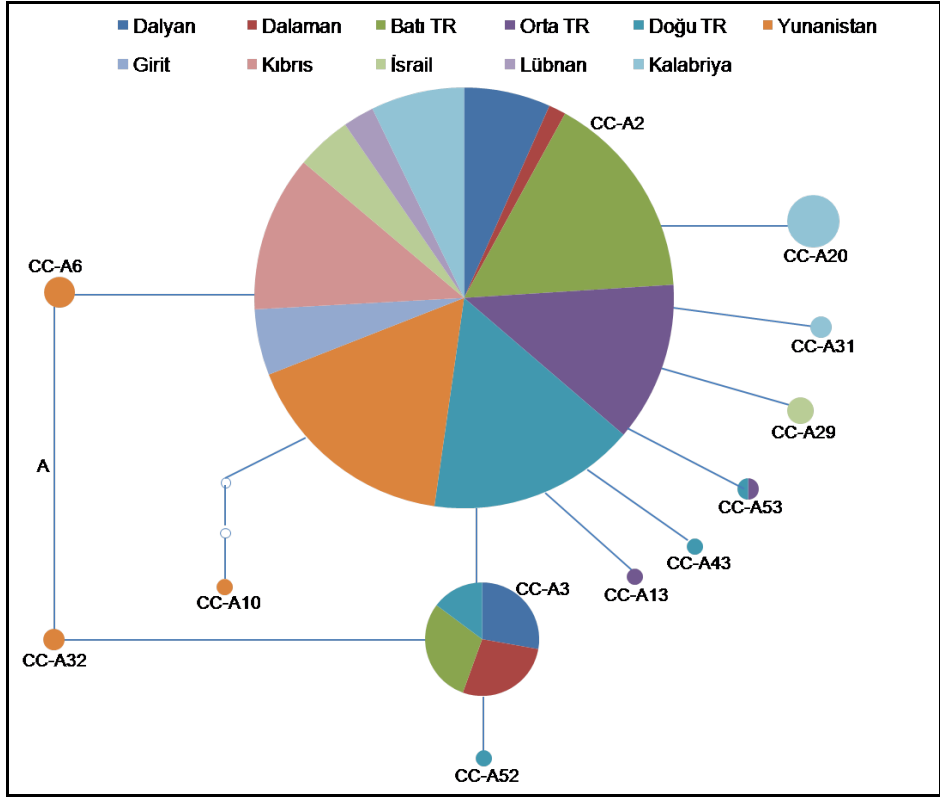
Schroth vd. (1996) hem nDNA hemde mtDNA belirteçleriyle yapmış oldukları çalışmada Türkiye yuvalama birliklerinin Akdeniz'deki popülasyonlardan farklı olduğunu ve doğudan batıya bir kline varlığını tespit etmişlerdir. Laurent vd. (1998) Türkiye yuvalama birliklerinin diğer Akdeniz yuvalama popülasyonlarından mtDNA haplotip frekansları bakımından farklı olduğunu ve

bu bakımdan ayrı bir yönetim birimi olarak değerlendirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir. Garofolo vd. (2009) Türkiye'nin batı ve doğu Akdeniz kıyılarında tespit edilen haplotiplerle Kalabriya (İtalya)'dan tespit edilen haplotipleri karşılaştırmış ve Kalabriya ile Türkiye popülasyonları arasında anlamlı olarak genetik farklılık tespit etmişlerdir. Bütün Akdeniz'de şu ana kadar yapılan çalışmalarla bu çalışmaya ait mtDNA verileri karşılaştırıldığında Dalyan ve Dalaman yuvalama kumsallarının mtDNA bakımından farklı olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 5.3). Özellikle genelde yapılan gruplamalarda Orta Türkiye (Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa) hariç diğer grupların Akdeniz'deki diğer yuvalama bölgelerinde genetik olarak farklı olması önceden yapılan çalışmalarında (Schroth vd., 1996; Laurent vd., 1998; Garofolo vd., 2009) desteklemektedir. Bu genetik farklılığında dişi *C. caretta* deniz kaplumbağalarının yuvalama bölgesine olan sadakat özelliğinin bir sonucu olduğu ileri sürülebilir.

Akdeniz'de yapılan daha önceki çalışmaların verileri ve bu çalışmanın verileri birlikte kullanılarak mtDNA haplotip tutumluluk ağı analizi yapıldı (Şekil 5.1). Toplamda da Akdeniz Popülasyonları'nda iki tane yuva kladı görülmektedir. Akdeniz Popülasyonları içerisinde CC-A3 ve CC-A52 nin oluşturduğu yuva kladı sadece Türkiye yuvalama kumsallarında bulunması Akdeniz Popülasyonları içerisinde Türkiye yuvalama kumsallarının oldukça önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 5.3. Akdeniz'deki yuvalama popülasyonlarının mtDNA bakımından ikişerli karşılaştırılması. Altta bölüm mtDNA'ya (γ_{st} değerleri) dayalı popülasyonlar arasındaki genetik mesafeyi gösteriyor. Üstteki bölüm mtDNA γ_{st} değerlerine bağlı yuvalama popülasyonları arasında göç oranları. İkili karşılaştırmalara ait sağ taraf X^2 , sol taraf Z^* testi anlamlılık dereceleri ^a $p < 0.05$, ^b $p < 0.01$, ^c $p < 0.001$. (B TR: Batı Türkiye, O TR: Orta Türkiye, E TR: Doğu Türkiye YUN: Yunanistan, GRT: Girit, KBR: Kıbrıs, LUB: Lübnan, ISR: İsrail, KLB: Kalabriya, önceki yapılan çalışmalara ait veriler Carreras vd., 2007 ve Garafalo vd. 2009 dan alınarak mtDNA d-loop bölgesinin 380 bp bölgesi kullanılarak analiz yapılmıştır, CC-A3.2 haplotipi ve Laurent vd. 1998'deki Türkiye (Doğu) verileri analizlere sokulmamıştır)

| | Dalyan | Dalaman | B TR | O TR | D TR | YUN | GRT | KBR | ISR | LUB | KLB |
|---------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------|------|
| Dalyan | | 1.75 | 5.76 | 0.92 | 3.62 | 1.37 | 1.29 | 0.73 | 1.32 | 2.27 | 0.94 |
| Dalaman | ^a 0.125^b | | 0.84 | 0.18 | 0.65 | 0.37 | 0.17 | 0.11 | 0.26 | 0.27 | 0.42 |
| B TR | ^a 0.042^a | ^c 0.230^c | | 3.58 | 58.62 | 4.38 | 6.44 | 2.98 | 4.39 | 12.38 | 1.28 |
| O TR | ^c 0.214^c | ^c 0.582^c | ^b 0.065^b | | 5.83 | 9.86 | 41.43 | 22.19 | 3.87 | 74.42 | 1.16 |
| D TR | ^b 0.065^a | ^c 0.276^c | 0.004 | ^a 0.041 | | 6.93 | 9.68 | 4.72 | 5.46 | 18.20 | 1.40 |
| YUN | ^c 0.154^c | ^c 0.403^c | ^b 0.054^c | 0.025 | ^a 0.035^b | | 16.82 | 8.25 | 6.10 | 31.53 | 1.34 |
| GRT | ^b 0.162^b | ^c 0.594^c | ^a 0.037^a | 0.006 | 0.025 | 0.015 | | - | 3.42 | - | 1.78 |
| KBR | ^c 0.256^c | ^c 0.686^c | ^c 0.077^c | 0.011 | ^b 0.050^a | ^a 0.029 | - | | 2.23 | - | 0.96 |
| ISR | ^c 0.159^c | ^c 0.490^c | 0.054 ^c | 0.061 | 0.044^a | 0.039^a | 0.068 | ^a 0.101^b | | 5.45 | 1.69 |
| LUB | ^a 0.099^a | ^c 0.482^c | 0.020 | 0.003 | 0.014 | 0.008 | - | | 0.044 | | 3.19 |
| KLB | ^c 0.211^c | ^c 0.371^c | ^c 0.163^c | ^c 0.177^c | ^c 0.151^c | ^c 0.158^c | ^b 0.123^b | ^c 0.207^c | ^b 0.129^c | ^a 0.073 | |



Şekil 5.1. Akdeniz'de tespit edilen mtDNA haplotiplerinin tahmini haplotip ağı. Her bir pay grafiği populasyondaki haplotip frekansını göstermektedir. Tam çizgiler haplotipleri % 95'ten daha yüksek bir olasılığa sahip olan tek bir mutasyonel değişimle bağlamaktadır. (A) çözümlenebilen belirsizliği sunmaktadır (TR: Türkiye, önceki çalışmalara ait olan veriler Carreras vd., 2007 Laurent vd., 1998 ve Garafalo vd., 2009' den alınmıştır, Doğu TR'de tespit edilen CC-A3.2 haplotipi bulunmamaktadır).

mtDNA bakımından Türkiye yuvalama kumsalları 5 bağımsız yönetim birimi olarak ortaya çıkmıştır. Bu birimler; Dalyan, Dalaman, Batı Türkiye (Fethiye, Patara, Kale, Kumluca ve Çıralı), Orta Türkiye (Tekirova, Belek, Kızılot ve Gazipaşa) ve Doğu Türkiye (Anamur, Göksu deltası, Alata, Kazanlı, Akyatan, Ağyatan ve Samandağ) yuvalama birlikleridir. Akdeniz Populasyonları'ndan Türkiye yuvalama kumsalları özellikle CC-A3 sıklığı bakımından ayrılmaktadır. Bu nedenle Akdeniz Populasyonu bazında Türkiye Populasyonu'na CC-A3 haplotipi katkısı fazla olan yuvalama kumsalları (Dalyan ve Dalaman) öncelikli korunması gereken kumsallardır. Türkiye yuvalama kumsallarının ikişerli

karşılaştırmalarının çoğunda anlamlı bir genetik farklılık çıkmaması ise yuvalama bölgesine sadakatin geniş bir alanda olduğunu göstermektedir. Akdeniz bazında Türkiye Populasyonu'nun diğerlerinden genetik olarak farklı olması yuvalayan dişilerin filopatrisinin (yuvalama bölgesine sadakat) yüksek olduğunu göstermektedir.

5.2 Nükleer DNA Verilerinin Karşılaştırılması

Bu çalışmada Türkiye kumsallarındaki 17 *C. caretta* yuvalama kumsalından 213 örnekten altı farklı mikrosatellit lokusu araştırıldı. Lokuslar polimorfik olup, alel sayısı 8 (*Cm-72*) ile 17 (*Ccar-176*) arasında değişmektedir. Altı lokus için toplam 78 olan alel sayısı, ortalamada 12.83 olarak belirlendi (Çizelge 4.9).

Populasyon içi varyasyonu tespit edebilmek için incelenen lokuslara göre gözlenen heterozigotluk değerleri belirlendi (Çizelge 4.11, 4.12, 4.13, 4.14, 4.15). Örnek hacmi az olan Tekirova (N=2) ve Ağyatan (N=1) kumsalları dikkate alınmadığında gözlenen heterozigotluk en yüksek *Cc-117* ve *Cc-7* lokuslarında Samandağ ($H_G=0.917$) yuvalama kumsalında, en düşük ise *Cm-72* lokusunda Patara ve Akyatan ($H_G=0.00$) yuvalama kumsallarında gözlemlendi. İncelenen lokuslarda yuvalama kumsallarının toplamında gözlenen heterozigotluk değerlerinden en yüksek *Cc-7* ($H_G=0.830$) en düşük ise *Cm-72* ($H_G=0.149$) lokuslarında saptandı (Çizelge 4.14 ve Çizelge 4.11). İncelenen lokusların toplamında Tekirova ve Ağyatan kumsalları dikkate alınmadığında gözlenen heterozigotluk değerleri $H_G=0.651$ ile $H_G=0.729$ arasında değişmektedir (Çizelge 4.16)

Çizelge 5.4'te bu çalışmada ve Akdeniz'de daha önce yapılan araştırmalarda kullanılan lokusların gözlenen ve beklenen heterozigotluk değerleri verilmiştir.

Çizelge 5.4. Akdeniz Populasyonları'nın *Cc-117*, *Cm-72*, *Cm-84*, *Cc-141*, *Cc-7* ve *Ccar-176* lokusları bakımından karşılaştırılması (**N**: Gen sayısı; **k**: Alel sayısı; **H_G**: Gözlenen heterozigotluk; **H_B**: Beklenen heterozigotluk; **YUN**: Yunanistan; **GRT**: Girit; **BTR**: Batı Türkiye; **KBR**: Kıbrıs; **ISR**: İsrail; **LUB**: Lübnan ve **TR***: Bu çalışma. Akdeniz'deki diğer yuvalama kumsallarına ait veriler Carreras vd., 2007'den alınmıştır)

| | | YUN | GRT | B TR | KBR | ISR | LUB | TR* |
|-----------------|----------------|------|------|------|------|------|------|------|
| <i>Cc-141</i> | N | 56 | 30 | 28 | 18 | 24 | 16 | 426 |
| | k | 7 | 6 | 6 | 6 | 9 | 9 | 14 |
| | H _G | 0.64 | 0.6 | 0.86 | 0.78 | 0.92 | 0.74 | 0.78 |
| | H _B | 0.78 | 0.80 | 0.76 | 0.83 | 0.86 | 0.81 | 0.88 |
| <i>Cm-72</i> | N | 74 | 36 | 30 | 20 | 38 | 16 | 426 |
| | k | 2 | 2 | 2 | 3 | 3 | 3 | 8 |
| | H _G | 0.03 | 0.06 | 0.20 | 0.40 | 0.11 | 0.36 | 0.15 |
| | H _B | 0.03 | 0.06 | 0.17 | 0.35 | 0.10 | 0.34 | 0.13 |
| <i>Cm-84</i> | N | 68 | 36 | 28 | 20 | 34 | 18 | 426 |
| | k | 6 | 6 | 5 | 5 | 7 | 8 | 11 |
| | H _G | 0.62 | 0.56 | 0.86 | 0.70 | 0.77 | 0.67 | 0.77 |
| | H _B | 0.66 | 0.73 | 0.70 | 0.70 | 0.82 | 0.84 | 0.75 |
| <i>Cc-7</i> | N | 78 | 36 | 32 | 20 | 32 | 18 | 426 |
| | k | 12 | 8 | 7 | 9 | 11 | 8 | 16 |
| | H _G | 0.82 | 0.72 | 0.75 | 0.90 | 0.94 | 0.78 | 0.83 |
| | H _B | 0.85 | 0.83 | 0.83 | 0.86 | 0.87 | 0.82 | 0.94 |
| <i>Ccar-176</i> | N | 56 | 32 | 28 | 20 | 32 | 16 | 426 |
| | k | 8 | 8 | 4 | 7 | 6 | 6 | 17 |
| | H _G | 0.50 | 0.81 | 0.64 | 0.70 | 0.69 | 0.56 | 0.56 |
| | H _B | 0.59 | 0.66 | 0.59 | 0.73 | 0.66 | 0.56 | 0.61 |
| <i>Cc-117</i> | N | 76 | 36 | 26 | 20 | 38 | 18 | 426 |
| | k | 7 | 8 | 8 | 5 | 8 | 5 | 11 |
| | H _G | 0.61 | 0.78 | 0.62 | 0.60 | 0.79 | 0.67 | 0.70 |
| | H _B | 0.71 | 0.68 | 0.73 | 0.70 | 0.77 | 0.79 | 0.70 |

Buna göre Türkiye yuvalama Populasyonu'nda bütün lokuslarda alel sayıları diğer yuvalama populasyonlarına göre daha yüksek çıkmıştır. Bunun nedeni bu çalışmanın diğer çalışmalara göre oldukça fazla örnekleme hacmi ile yapılmasıdır. Gözlenen heterozigotluk değerlerinde önemli farklar görülmemiştir.

Alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak yuvalama kumsalları için her bir lokusun Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı test edildi (Çizelge 4.17, 4.18). Lokus çiftlerinin tamamının bağlantı dengesizliğinde olmadığı tespit edildi

($p > 0.05$). Yani incelenen lokuslar birbirinden bağımsız olarak yer almaktadırlar. Tüm lokuslarda yuvalama kumsallarına bakıldığında Dalyan ($p = 0.0121$) ve Kumluca ($p = 0.000$) hariç diğer yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesinde olduğu belirlendi ($p > 0.05$). Bütün lokuslar için yuvalama kumsallarının toplamında Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlemlendi (X^2 $p < 0.0001$) Yuvalama kumsallarının Hardy-Weinberg dengesinden sapmasının nedeni erkek kaplumbağaların çiftleşme bölgelerine sadakat göstermemesi veya beslenme bölgelerinden çiftleşme bölgelerine olan göçler sırasında farklı yuvalama bölgelerinden dişilerle olan çiftleşme şanslarını değerlendirmiş olmalarından kaynaklanıyor olabilir.

Yıllara göre alel sıklıklarına dayalı X^2 testi kullanılarak yuvalama kumsalları için her bir lokusun Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadığı test edildi (Çizelge 4.19, 4.20). Yıllara göre yapılan analizlerde de aynı sonuçlar elde edildi.

Carreras vd., (2007)'e göre Akdeniz'de Kıbrıs ve Girit adaları erkek geçişli gen akışında önemli bir rol oynar ve bu iki adadan elde edilen nDNA sonuçları, Batı Türkiye'den elde edilen sonuçlar hariç, diğer popülasyonlardan elde edilen sonuçlara benzerdir. Bu durum Girit ve Kıbrıs popülasyonlarında bulunan dişilerin Doğu Akdeniz'in popülasyonlarından gelen erkeklerle çiftleştiğini desteklemektedir. Bu yüzden Girit ve Kıbrıs adalarının Doğu Akdeniz içinde popülasyonlar arasında nDNA'nın genişçe yayılmasını sağladığını ve mesafeyle izolasyonun oluşumunu engellediği ileri sürülebilir.

Etkili popülasyon büyüklüğü değerleri (N_e) mtDNA verileri ile hesaplanandan oldukça yüksek çıkmıştır (Çizelge 4.21). Bunun nedeni haploit olan ve anasal kalıtılan mtDNA, normalde diploit nDNA'ya nazaran dört kat küçük etkili popülasyon büyüklüğüne sahiptir. Ayrıca nDNA'nın mtDNA'ya oranla daha yüksek gen çeşitliliğine sahip olmasından dolayı mikrosatellit lokuslarında etkili popülasyon büyüklüğü yüksek çıkmıştır.

Mikrosatellit verilerine dayalı popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık (F_{st}) ve popülasyonların ikiyeşerli karşılaştırılmalarına ait X^2 anlamlılık dereceleri karşılaştırıldı (Çizelge 4.22). Toplamda yuvalama kumsalları istatistiksel olarak anlamlı bir genetik yapılanma gösterdiği tespit edildi ($F_{st} = 0.0029$, $p < 0.05$). Bununla birlikte, yuvalama kumsallarında 136 ikiyeşerli karşılaştırmadan sadece 6'sında istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar bulundu (Çizelge 4.22). Yuvalama

kumsallarının ikeşerli karşılaştırmalarına ait nDNA belirteçleri ile tespit edilen genetik uzaklık(F_{st}) değerleri, mtDNA d-loop bölgesine dayalı genetik uzaklık(γ_{st}) değerleri ile karşılaştırıldığında daha az anlamlı farklılıklar gözlemlendi. Bu durumda mtDNA ile tanımlanan farklı yuvalama kumsalları arasında erkek geçişli gen akışına işaret etmektedir. Bu da erkeklerin filopatrisinin (yuvalama bölgesine sadakat) dişilerinkinden daha az olduğunu ya da erkeklerin beslenme bölgelerinde rastgele çiftleştiklerinin delili olarak gösterebilir. Bu tespit edilen sonuçlar Kuzey Atlantik yuvalama kumsallarında rapor edilen sonuçlarla uyumaktadır (Pearce 2001). Erkek geçişli gen akışı daha önce *C. caretta* (Pearce 2001) ve *C. mydas*'ın (FitzSimmons vd., 1996, 1997a ve Roberts vd., 2004) diğer coğrafik bölgelerdeki yuvalama kumsallarında yapılan çalışmalarda da rapor edilmiştir.

Tüm yuvalama kumsalları aralarında yıllara göre ikeşerli karşılaştırıldıklarında istatistiksel daha fazla olarak anlamlı bir genetik yapılanma gösterdiği saptandı ($F_{st}=0.0068$, $p<0.001$). Bununla birlikte, toplam 232 ikeşerli karşılaştırmadan, 24'ünde istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlendi (Çizelge 4.23). Yıllara göre bu farklılığın sebebi ardışık yuvalama sezonlarında farklı dişilerin aynı kumsala üremek için gelmelerinden veya Akdeniz'de birden fazla beslenme bölgesinde farklı erkeklerle çiftleşmelerinden kaynaklanmış olabilir.

Yuvalama kumsalları arasındaki gen akışı tahminleri genetik uzaklık verilerine dayalı olarak ve Bayesian metodu kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.24). Örnek sayısı az olan Tekirova ve Ağyatan değerlendirmeye katılmadığında gen akışı (M) en düşük Dalyan-Akyatan (8.61) ve Belek-Akyatan (8.74) yuvalama kumsalları arasında tespit edilirken, en yüksek Kumluca-Samandağ (52.05), Dalyan-Samandağ (47.01) ve Alata-Samandağ (41.86) yuvalama kumsalları arasında gözlemlendi. mtDNA bakımından Dalyan, Kumluca (Batı Türkiye) ve Samandağ (Doğu Türkiye) farklı üreme gruplarında bulunmasına rağmen nDNA bakımından Dalyan-Samandağ ve Kumluca-Samandağ yuvalama kumsalları çiftleri arasında en fazla gen akışı bulunması yine erkek geçişli gen akışını göstermektedir.

Yuvalama kumsalları arasında varyasyonu tespit edebilmek için moleküler varyans analizi (AMOVA) yapıldı (Çizelge 4.27). Varyasyonun tamamının bireyler arasında olduğu tespit edildi ($p<0.05$). Yuvalama kumsalları mtDNA genetik uzaklık (γ_{st}) verilerine göre yapılan gruplama nDNA verilerinde de yapılarak tekrar Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) yapıldı (Çizelge 4.28). Bu gruplama sonucunda da varyasyonun tamamı bireyler arasında olduğu gözlemlendi ($p<0.05$).

Bu sonuçlarda yuvalama kumsallarının nDNA bakımından mtDNA’da olduğu gibi bir genetik yapılanma göstermediğini ortaya koymaktadır.

Sonuç olarak,

- Tehdit altındaki türlerin korunması için hem mtDNA hem de nDNA verisine ihtiyaç vardır.
- Bu çalışma örnekleme ve sonuçları açısından şu an itibarıyla Akdeniz’de yapılmış en ayrıntılı çalışmadır.
- Şu an itibarıyla ülkemizin Akdeniz kıyıları *Caretta caretta* için Calabria’dan sonra en yüksek genetik çeşitliliğe sahip olan yerdir.
- Daha önce belirtildiği üzere CC-A3 haplotip açısından doğudan batıya bir kline mevcut değildir.
- Şu an itibarıyla CC-A3, CC-A52, CC-A53 ve CC-A3.2 haplotipleri diğer Akdeniz ülkeleri içinde sadece ülkemiz yuvalama kumsallarında tespit edilmiştir.
- Ülkemizde bu türün korunması için 5 yönetim birimi tanımlanmıştır.
- Türkiye popülasyonu CC-A3 haplotipi ve sıklığı bakımından Akdeniz popülasyonlarından ayrılmaktadır. Bu yüzden Türkiye popülasyonuna CC-A3 haplotipi katkısı bulunan yuvalama kumsalları öncelikli olarak korunması gereken kumsallardır.
- nDNA bakımından yuvalama kumsalları arasında anlamlı farklılıklar tespit edilmemiştir. Bunun da yuvalama kumsalları arasında erkek geçişli gen akışının bir sonucu olduğu düşünülmektedir.
- Yuvalama kumsalları arasında erkek geçişli gen akışı devam ettiği sürece, bu kumsallar arasında gen akışı kesilmediği için izole olamayacaklar. Bunun sonucunda da bu yuvalama kumsallarında soy içi üreme ve genetik sürüklenme beklenmeyecektir.

KAYNAKLAR

- Abreu-Grobois F. A., Horrocks, J. A., Formia, A., Dutton, P., LeRoux, R., Vélez-Zuazo, X., Soares, L., Meylan, P. 2006. New mtDNA dloop primers which work for a variety of marine turtle species may increase the resolution capacity of mixed stock analyses. **Poster presented at the 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation**, Crete, Greece, 2-8 April 2006.
- Allard, M., Miyamoto, M.M., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Bowen, B.W. 1994. Support for natal homing in green turtles from mitochondrial DNA sequences. **Copeia**, 34-41.
- Argano, R., Baldari, F. 1983. Status of western Mediterranean sea turtles. **Rapp P-V Reun Comm Int Explor Sci Mer Mediterr** 28: 233–235.
- Aureggi, M., Rizk, C., Venizelos, L. 2005. Survey on sea turtle nesting activity, South Lebanon 2004. MEDASSET and MEDWETCOAST 35 pp.
- Avise, J.C. 1994. Molecular markers, natural history and evolution. Chapman and Hall, New York.
- Avise, J.C. 2004. Molecular Markers, Natural History and Evolution (Second Edition). Sinauer, Sunderland, MA.
- Avise, J.C., Bowen, B.W., Bermingham, E., Meylan, A.B., Lamb, T. 1992. Mitochondrial DNA evolution at a turtle's pace: evidence for low genetic variability and reduced microevolutionary rate in the Testudines. **Molecular Biology and Evolution**, 9: 457–473.
- Baran, I., Kasperek, M. 1989. Marine Turtles in Turkey: Status Survey 1988 and Recommendations for Conservation and Management. World Wide Fund for Nature, Heidelberg.
- Bass, A.L., Good, D.A., Bjorndal, K.A., Richardson, J.I., Hillis, Z.M., Horrocks, J.A., Bowen, B.W. 1996. Testing models of female reproductive migratory behaviour and population structure in the Caribbean hawksbill turtle, *Eretmochelys imbricata*, with mtDNA sequences. **Mol. Ecol.**, 5: 321–328.
- Bass, A.L., Epperly, S.P., Braun-McNeill, J. 2004. Multi-year analysis of stock composition of a loggerhead turtle (*Caretta caretta*) foraging habitat using maximum likelihood and Bayesian methods. **Conservation Genetics**, 5: 783–796.

- Baverstock, P.R., Moritz, C. 1996. Project design, p.17-27. In: D. M. Hillis, C. Moritz, and B. K. Mable (Editors), *Molecular Systematics*, Second edition. Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts.
- Beerli, P. 2002. MIGRATE Ver. 1.7.6.1– **Documentation and Program**[Electronic Journal], Erişim [http://evolution.genetics.washington.edu/lamark.html.]
- Beerli P., Felsenstein, J. 1999. Maximum likelihood estimation of migration rates and effective population numbers in two populations using a coalescent approach. **Genetics**, 152:763–773.
- Bolten AB, Bjorndal K.A., Martins, H.R. Dellinger, T., Biscoito, M.J., Encalada, S.E., Bowen, B.W.1998. Transatlantic developmental migrations of loggerhead sea turtles demonstrated by mtDNA sequence analysis. **Ecological Applications**,8: 1–7.
- Bolten, AB. 2003a. Variation in sea turtle life history patterns: neritic vs. oceanic developmental stages. In: Lutz PL, Musick JA (eds) *The biology of sea turtles*. CRC Press, Boca Raton, pp 243–257.
- Bolten, AB. 2003b. Active swimmers-passive drifters: the oceanic juvenile stage of loggerheads in the Atlantic system. In: Bolten AB, Witherington BE (eds) *Loggerhead sea turtles*. Smithsonian Books, Washington, pp 63–78.
- Boore, J.L. 1999. Animal mitochondrial genomes. **Nucleic Acids Research**, 27: 1767-1780.
- Bowen, B.W., Meylan, A.B., Avise, J.C. 1991. Evolutionary distinctiveness of the endangered Kemp's ridley sea turtle. **Nature**, 352: 709–711.
- Bowen, B.W., Meylan, A.B., Ross, J.P., Limpus, C.J., Balazs, G.H., Avise, J.C.1992. Global population structure and natural history of the green turtle (*Chelonia mydas*) in terms of matriarchal phylogeny. **Evolution**,46: 865–881.
- Bowen, B.W., Nelson, W.S., Avise, J.C.1993. A molecular phylogeny for marine turtles: trait mapping, rate assessment , and conservation relevance. **Proc. Natl. Acad. Sci., USA**, 90: 5574.
- Bowen, B.W., Avise, J.C., Rihardson, J.I., Meylan, A.B., Margaritoulis, D., Hopkins-Murpy, S.R. 1993. Population structure of loggerhead turtles (*Caretta caretta*) in the northwestern Atlantic Ocean and Mediterranean Sea. **Conservation Biology**, 7: 834-844.

- Bowen, B.W., Avise, J.C. 1995. Conservation genetics of marine turtles. Pp. 190-237 In: *Conservation Genetics: Case Histories from Nature*, J.C. Avise and J.L. Hamrick (eds). Chapman and Hall, NY.
- Bowen, B.W., Abreu-Grobois, F.A., Balazs, G.H., Kamezaki, N., Limpus, C.J., Ferl, R.J. 1995. Trans-Pacific migrations of the loggerhead sea turtle demonstrated with mitochondrial DNA markers. **Proceedings of the National Academy of Sciences, USA**, 92: 3731–3734.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Rocha, L.A., Grant, W.S., Robertson, D.R. 2001. Phylogeography of the trumpetfishes (*Aulostomus*): ring species complex on a global scale. **Evolution**, 55: 1029–1039.
- Bowen, B.W. 2003. What is a loggerhead turtle? The genetic perspective. In: Bolten, A.B., Witherington, B.E. (Eds.), *Loggerhead Sea Turtles*. Smithsonian Institution, pp. 7–25.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Chow, S., Bostrom, M., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Okuyama, T., Bolker, B.M., Epperly, S., Lacasella, E., Shaver, D., Dodd, M., Hopkins-Murphy, S.R., Musick, J.A., Swingle, M., Rankin-Baransky, K., Teas, W., Witzell, W.N., Dutton, P.H. 2004. Natal homing in juvenile loggerhead turtles (*Caretta caretta*). **Molecular Ecology**, 13: 3797–3808.
- Bowen, B.W., Karl, A. 1996. Population genetics, phylogeography, and molecular evolution. *The Biology of Sea Turtles* (eds Lutz PL, Musick JA), pp. 29–50. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- Bowen, B.W., Bass, A.L., Soares, L., Toonen, R.J.; 2005. Conservation implications of complex population structure: lessons from the loggerhead turtle (*Caretta caretta*). **Mol. Ecol.**, 14: 2389–2402.
- Bowen, B.W., Karl, A. 2007. Population genetics and phylogeography of sea turtles. **Molecular Ecology**, 16: 4886-4907.
- Broderick, A.C., Godley, B.J. 1996. Population and nesting ecology of the Green Turtle, *Chelonia mydas*, and the Loggerhead Turtle, *Caretta caretta*, in Northern Cyprus. **Zoology in the Middle East**, 13: 27-46.
- Broderick, A.C., Glen, F., Godley, B.J., Hays G.C. 2002. Estimating the Size of Nesting Populations of Green and Loggerhead Turtles in the Mediterranean. **Oryx**, 36: 227-236.
- Brown, W.M., M. George JR., Wilson, A.C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, 76: 1967-1971.

- Bruford, M.W. and Wayne, R.K. 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies. **Current Opinions in Genetic Development**, 3: 939-43.
- Buckley, H.A., Johnson, L.R., Shackleton, N.J., Blow, R.A. 1982. Late glacial to recent cores from the eastern Mediterranean. **Deep Sea Research**, 29: 739-766.
- Canbolat, A.F.; 2004. A review of sea turtle nesting activity along the Mediterranean coast of Turkey. **Biological Conservation**, 116: 81-91.
- Carr, A.F. 1986. Rips, FADS, and little loggerheads. **Bioscience**, 36(2): 92-100.
- Carr, A.F. 1987. New perspectives on the pelagic stage of sea turtle development. **Conservation Biology**, 1: 103-121.
- Carreras, C., Pont, S., Maffucci, F., Pascual, M., Barcelo, A., Bentivegna, F., Cardona, L., Alegre, F., SanFelix, M., Fernandez, G., Aguilar, A. 2006. Genetic structure of immature loggerhead sea turtles (*Caretta caretta*) in the Mediterranean reflects water circulation patterns. **Marine Biology**, 149: 1269-1279.
- Carreras, C., Pascual, M., Cardona, L., Aguilar, A., Margaritoulis, D., Rees, A., Turkozan, O., Levy, Y., Gasith, A., Aureggi, M., Khalil, M. 2007. The genetic structure of the loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) in the Mediterranean as revealed by nuclear and mitochondrial DNA and its conservation implications. **Conserv. Genet.**, 8: 761-775.
- Casale, P., Abbate, G., Freggi, D., Conte, N., Oliverio, M., Argano, R. (2008). Foraging ecology of loggerhead sea turtles *Caretta caretta* in the central Mediterranean: evidence for a relaxed life history model. **Marine Ecology Progress Series**, 372: 265-276.
- Casale, P., Margaritoulis, D. 2010. Sea turtles in the Mediterranean Distribution, threats and conservation priorities. IUCN/SSC Marine Turtle Specialist Group, Gland, Switzerland.
- Chen, J.Z., Hebert, P.D.N. 1999. Intraindividual sequence diversity and a hierarchical approach to the study of mitochondrial DNA mutations. **Mutation Research**, 434: 205-217.
- Clarke, M., Campbell, A.C., Hameid, W.S., Ghoneim, S. 2000. Preliminary report on the status of marine turtle nesting populations on the Mediterranean coast of Egypt. **Biological Conservation**, 94: 363-371.
- Clement, M., Posada, D., Crandall, K. A. 2000. TCS: A computer program to estimate gene genealogies. **Molecular Ecology**, 9(10): 1657-1659.

- Cornuet, J.M., Luikart, G.; 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics**, 144: 2001–2014.
- Cornuet, JM., Piry, S., Luikart, G., Estoup, A., Solignac, M. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. **Genetics**, 153:1989.
- Cross, H., Bell, S. 2006. Sea turtle monitoring and public awareness in South Lebanon 2005. **BCG Testudo** 6: 13-27.
- Cuadras, C.M. 1983. Problemas de probabilidad y estadística. PPU, Barcelona.
- Delaugerre, M., Cesarini, C. 2004. Confirmed nesting of the loggerhead turtle in Corsica. **Mar Turtl Newslett**, 104: 12.
- Di Rienzo, A.D., Peterson, A.C., Garza, J.C., Valdes, A.M., Slatkin, M., Freimer, N.B. 1994. Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 91: 3166–3170.
- Dutton, P.H., Davis, S.K., Guerra, T., Owens, D. 1996. Molecular phylogeny for marine turtles based on sequences of the ND4-Leucine tRNA and control region of mitochondrial DNA. **Mol. Phylogenet. Evol.**, 5: 511–521.
- Ellegren, H. 2000. Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. **Trend in Genetics**, 16 (112): 551-558.
- Encalada, S.E., Eckert, S.A., Bowen, B.W. 1994. Forensic applications of mitochondrial DNA markers: origin of a confiscated green turtle. **Marine Turtle Newsletter**, 66: 1-3.
- Encalada, S.E., Lahanas, P.N., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B., Miyamoto, M.M., Bowen, B.W. 1996. Phylogeography and population structure of the Atlantic and Mediterranean green turtle *Chelonia mydas*: a mitochondrial DNA control region sequence assessment. **Molecular Ecology**, 5: 473–483.
- Encalada, SE., Bjorndal, KA., Bolten, AB., Zurita, JC., Schroeder, B., Possardt, E., Sears, CJ., Bowen, BW. 1998. Population structure of loggerhead turtle (*Caretta caretta*) nesting colonies in the Atlantic and Mediterranean as inferred from mitochondrial DNA control region sequences. **Mar Biol**, 130:567–575.
- Engstrom, T.N., Edwards, T., Osentoski, M.F., Myers, E.M. 2007. A compendium of PCR primers for mtDNA, microsatellite, and other nuclear loci for

- freshwater turtles and tortoises. **Chelonian Research Monograph**, 4: 124-141.
- Engstrom, T.N., Shaffer, H.B., McCord, W.P. 2002. Phylogenetic diversity of endangered and critically endangered southeast Asian softshell turtles (Trionychidae: Chitra). **Biological Conservation**, 104:173-179.
- Ehrhart, L.M., Bagley, D.A., Redfoot, W.E. 2003. Loggerhead turtles in the Atlantic Ocean: Geographic distribution, abundance, and population status. In: *Loggerhead Sea Turtles* (eds. Bolten AB, Witherington BE), pp. 157–174. Smithsonian Institution, Washington, DC.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S. 2006. Arlequin ver 3.1. **An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis** [Electronic Journal], Erişim, [<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>]
- Excoffier, L., Smouse, P., Quattro, J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, 131:479-491.
- Feldman, C.C., Parham, J.F., 2002. Molecular phylogenetics of Emydine turtles: taxonomic revision and the evolution of shell kinesis. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 22: 388-398.
- Ferris, S.D., Sage, R.D., Huang, C.M., Nielsen, J.T., Ritte, U., Wilson, A.C. 1983. Flow of mitochondrial DNA across a species boundary. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 80: 2290-2294.
- FitzSimmons, N.N. 1998. Single paternity of clutches and sperm storage in the promiscuous green turtle (*Chelonia mydas*). **Molecular Ecology**, 7: 575-584.
- FitzSimmons, N.N., Limpus, C.J., Norman, J.A., Goldizen, A.R., Miller, J.D., Moritz, C. 1997b. Philopatry of male marine turtles inferred from mitochondrial DNA markers. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 94: 8912–8917.
- FitzSimmons, N., Moritz, C., Bowen, B.W. 1999. Population Identification. **IUCN/SSC Marine Turtle Specialist Group Publication No**, 4: 1-8.
- FitzSimmons, N.N., Moritz, C., Limpus, C. J. J., Miller, D., Parmenter, C. J., Prince R. 1996. Comparative genetic structure of green, loggerhead and flatback populations in Australia based on variable mt DNA and nDNA regions, p.25-32. In: B. Bowen and W. Witzell (Editors.), **Proceedings of the International Symposium on Sea Turtle Conservation**

Genetics. NOAA Technical Memorandum NMFSSSEFSC-396. U. S. Department of Commerce.

- FitzSimmons, N.N., Moritz, C., Limpus, C.J., Pope, L., Prince, R. 1997a. Geographic structure of mitochondrial and nuclear gene polymorphisms in Australian green turtle populations and male-biased gene flow. **Genetics**, 147: 1843–1854.
- Formia, A., Godley, B.J., Dontaine, J.F., Bruford, M.W. 2006. Mitochondrial DNA diversity and phylogeography of endangered green turtle (*Chelonia mydas*) populations in Africa. **Conservation Genetics**, 7: 353–369.
- Frazer, NB., Ehrhart, LM. 1985. Preliminary growth models for green, *Chelonia mydas*, and loggerhead, *Caretta caretta*, turtles in the wild. **Copeia**, 1: 73-79.
- Gaffney, ES., Meylan. PA. 1988. A phylogeny of turtles: Pp. 157– 291. In M. J. Benton (ed.), *The Phylogeny and Classification of the Tetrapods. Volume.1. Amphibians.Reptiles, Birds. Systematics Association Special Volume No 35A*, Clarendon Press, Oxford.
- Garofalo, L., Mingozi, T., Mico, A., Novelletto, A. 2009. Loggerhead turtle (*Caretta caretta*) matrilineages in the Mediterranean: further evidence of genetic diversity and connectivity. **Marine Biology**, 156: 2085–2095.
- Groombridge, B. 1990. *Marine Turtles in the Mediterranean; Distribution, Population Status, Conservation. A Report to the Council of Europe, World Conservation Monitoring Centre, Cambridge, UK.*
- Goudet, J., Perrin, N., Wasser, P. 2002. Tests for sex-biased dispersal using biparentally inherited genetic markers. **Molecular Ecology**, 11: 1103–1114.
- Guo, S.W., Thompson, E.A. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. **Biometrics**, 48: 361–372.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucl. Acids. Symp. Ser.**, 41: 95-98.
- Hamza, A., Ghmati, H. 2006. Conservation of marine turtles nesting at three sites west of Sirte, Libya. Final report. The Regional Activity Centre for Specially Protected Areas (UNEP-MAP-RAC/SPA), Tunis. 35pp.
- Hatase, H., Takai. N., Matsuzawa. Y., Sakamoto. W., Omuta, K., Goto, K., Arai, N., Fujiwara, T. 2002. Size-related differences in feeding habitat use of

- adult female loggerhead turtles *Caretta caretta* around Japan determined by stable isotope analyses and satellite telemetry. **Mar. Ecol. Prog. Ser.**, 233:273–281.
- Hedgpeth, J.W. 1954. An introduction to the zoogeography of the northern Gulf of Mexico with reference to the invertebrate fauna. **Publication of the Institute of Marine Science at University of Texas**, 3: 111–211.
- Hillis, D.M., Moritz, C. Eds. 1990. Molecular systematics. Sinauer, Sunderland, Mass.
- Hillis, D.M., Moritz, C. 1996. Molecular systematics. Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Hilton-Taylor, C. 2000. IUCN Red List of Threatened Species. IUCN, Gland and Cambridge.
- Hirayama, R. 1998. Oldest known sea turtle. **Nature**, 392: 705–708.
- Hopkins-Murphy, S.R., Owens, D.W., Morphy, T.M. 2003. In: Bolten AB, Witherington BE (eds) Loggerhead sea turtles. Smithsonian Books, Washington DC, pp 79–92.
- Hudson, R.R., Boos, D.D., Kaplan, N.L. 1992. A statistical test for detecting geographic subdivision. **Mol. Biol. Evol.**, 9: 138–151.
- Hudson, R.R., Turelli, M. 2003. Stochasticity overrules the 'three-times rule': Genetic drift, genetic draft, and coalescent times for nuclear loci versus 4 s mitochondrial DNA. **Evolution**, 57: 182–190.
- Ireland, J.S., Broderick, A.C., Glen, F., Godley, B.J., Hays, G.C., Lee, P.L.M., Skibinski, D.O.F. 2003. Multiple paternity assessed using microsatellite markers, in green turtles *Chelonia mydas* (Linnaeus, 1758) of Ascension Island, South Atlantic. **J. Exp. Mar. Biol. Ecol.**, 291: 149–160.
- Karl, S.A., Bowen, B.W. 1999. Evolutionary significant units versus geopolitical taxonomy: molecular systematics of an endangered sea turtle (genus *Chelonia*). **Conserv. Biol.**, 13: 990–999.
- Karl, S.A., Bowen, B.W. and Avise, J.C. 1992. Global population structure and male-mediated gene flow in the green turtle (*Chelonia mydas*): RFLP analysis of anonymous nuclear DNA regions. **Genetics**, 131: 163–173.
- Kaska, Y., Baskale, E., Katılmıs, Y., Urhan, R. 2005a. The nesting population and spatial distribution of loggerhead sea turtle nest on Dalaman beach. **Second Mediterranean Conference on Marine Turtle**, 4-7 May 2005 Antalya Turkey.

- Kasperek, M. 1993. Survey of the Mediterranean coast between Alexandria and El-Salum, Egypt. **Marine Turtle Newsletter**, 63: 8-9.
- Kasperek, M. 1995. The nesting of marine turtles on the coast of Syria. **Zoology in the Middle East**, 11: 51-62.
- Kasperek, M. 2004. The Mediterranean Coast of Lebanon: Habitat for endangered fauna and flora. Joint effort by the MSC Project funded by the UE, the MEDWESTCOAST Project funded by the French GEF, and MEDASSET. 35pp
- Kichler, K. 1996. Microsatellites and conservation genetics: genetic variability and mating behavior of the Kemp's ridley sea turtle, *Lepidochelys kempii*. M.S. Thesis, Texas A&M University, College Station.
- Kichler, K., Holder, M.T., Davis, S.R., Marquez-M., Owens, D.W. 1999. Detection of multiple paternity in the Kemp's ridley sea turtle with limited sampling. **Molecular Ecology**, 8: 819-830.
- Kimura, M., Crow, J.F. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. **Genetics**, 49: 725-738.
- Kimura, M., Ohta, T. 1978. Stepwise mutation model and distribution of allelic frequencies in a finite population. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, 75: 2868-2872.
- Klinger, R.C., Musick, J.A. 1992. Annular growth layers in juvenile loggerhead turtles (*Caretta caretta*). **Bulletin of Marine Science**, 51 (2): 224-230.
- Kuller, Z. 1999. Current status and conservation of marine turtles on the Mediterranean coast for Israel. **Marine Turtle Newsletter**, 86: 3-5.
- LaCasella, EL., Dutton, PH., Epperly, SP. 2005. Genetic stock composition of loggerheads (*Caretta caretta*) encountered in the northeast Atlantic distant (NED) longline fishery using mtDNA analysis. NOAA-NMFS-SEFSC Tech Memo. National Technical Information Service, Springfield, Virginia.
- Lahanas, P.N., Miyamoto, M.M., Bjorndal, K.A., Bolten, A.B. 1994. Molecular evolution and population genetics of Greater Caribbean green turtles (*Chelonia mydas*) as inferred from mitochondrial DNA control region sequences. **Genetica**, 94: 57-67.
- Laurent, L. 1990. L'origine des tortues caouannes, *Caretta caretta* (Linnaeus, 1758) de Méditerranée Occidentale. Rapports et Procès-Verbaux des

- Reunions de la Commission Internationale pour l'Exploration Scientifique de la Mer Méditerranée, 32: 240.
- Laurent, L. 1990a. Les tortues marines en Algérie et au Maroc (Méditerranée). **Bulletin de la Société Herpétologique de France**, 55: 1-23.
- Laurent, L. 1990b. L'origine des tortues caouannes, *Caretta caretta* (Linnaeus 1758) de Méditerranée Occidentale. **Rapports de Commission Internationale de la Mer Méditerranée**, 32: 240.
- Laurent, L., Navira, S., Grissac, D.J., Bradai, M.N. 1990. Les tortues marines des Tunisie: Premiers données. **Bulletin de la Société Herpétologique de France**, 53: 1-17.
- Laurent, L., Lescure, J., Excoffier, L., Bowen, B., Domingo, M., Hadjichristophorou, M., Kornaraki, L., Trabuchet, G. 1993. Genetic studies of relationships between Mediterranean and Atlantic populations of loggerhead turtle *Caretta caretta* with a mitochondrial marker. **Compte Rendu de l'Académie des Sciences Paris**, 316: 1233-1239.
- Laurent, L., Bradai, M.N., Hadoud, D.A., Gomati, H.M. 1995. Marine turtle nesting activity assessment on Libyan coast. Phase I: Survey of the coast between Egyptian border and Sirte- RAC/SPA (MAP-UNEP), Tunis.
- Laurent, L., Casale, P., Bradai, M.N., Godley, B.J., Gerosa, G., Broderick, A.C., Schroth, W., Schierwater, B., Levy, A.M., Freggi, D., Abd El-Mawla, E.M., Hadoud, D.A., Gomati, H.E., Domingo, M., Hadjichristophorou, M., Kornaraki, L., Demirayak, F., Gautier, CH. 1998. Molecular resolution of marine turtle stock composition in fishery bycatch: a case study in the Mediterranean. **Mol. Ecol.**, 7: 1529–1542.
- Laurent, L., Bradai, M.N., Hadoud, D.H., El Gomatai, H.M., Hamza, A.A. 1999. Marine Turtle nesting Activity Assessment on Libyan Coast, Phase 3: Survey of the Coast to the west of Misratah., SPA/RAC and UNEP, Tunis (1999).
- Levinson, G., Gutman, G.A. 1987 High frequency of short frame shifts in poly-CA/GT tandem repeats borne by bacteriophage M13 in *Escherichia coli* K-12. **Nucleic Acids Res.**, 15: 5323–5338.
- Levy, Y. 2005. Selected aspects in the biology and ecology of populations of the loggerhead sea turtle (*Caretta caretta*) and green sea turtle (*Chelonia mydas*) along the Israeli Mediterranean Coastline. MSc, Tel Aviv University, George S. Wise Faculty of Life Science.

- Llorente, G.A., Carretero, M.A., Pascual, X., and Perez, A. 1992. New record of a nesting loggerhead turtle *Caretta caretta* in western Mediterranean. **Br. Herp. Soc. Bull.**, 42: 14–17
- Luke, K., Horrocks, J.A., Leroux, R.A., Dutton, P.H. 2004. Origins of green turtle (*Chelonia mydas*) feeding aggregations around Barbados, West Indies. **Marine Biology**, 144: 799–805.
- Mallia, A., Briguglio, M., Ellul, A.E., Formosa, S. 2002. Physical background, demography, tourism, mineral resources and land-use. State of the Environment Report for Malta, 2002. Malta: Ministry for Home Affairs and the Environment, pp. 43–169.
- Margaritoulis, D. 2000. An estimation of the overall nesting activity of the Loggerhead Turtle in Greece. **In proceeding of the 18th International Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation**, 3-7 March 1998, Mazatlan, Mexico.
- Margaritoulis, D., Argano, R., Baran, I., Bentivegna, F., Bradai, M.N., Caminas, J.A., Casale, P., De Metrio, G., Demetropoulos, A., Gerosa, G., Godley, B.J., Haddoud, D.A., Houghton, J.D., Laurent, L., Lazar, B. 2003. Loggerhead turtles in the Mediterranean Sea. In: Bolten, A.B., Witherington, B.E. (Eds.), *Loggerhead Sea Turtles*. Smithsonian Institution, pp. 175–198.
- Marquez, R.J. 1990. Sea turtles of the world. An annotated and illustrated catalogue of sea turtle species known to date. FAO Fisheries Synopsis, 125 (11), Rome, FAO.
- Martin, A.P., Palumbi, S.R. 1993. Body size, metabolic rate, generation time, and the molecular clock. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, 90: 4087–4091.
- McGaugh, S.E., Alacs, E.A., Edwards, S.V., Feldman, C.R., George, A., Sites, JR. J.W., Valenzuela, N. 2007. From Molecules to Organisms: Research Applications of Modern Genetic Tools for Turtle Biology and Conservation. **Chelonian Research Monographs**, 4: 47–72.
- Meylan, A.B., Bowen, B.W., Avise, J.C. 1990. A genetic test of the natal homing versus social facilitation models for green turtle migration. **Science**, 248: 724–727.
- Mills, L.S., Allendorf, F.W. 1996. The one-migrant-per-generation rule in conservation and management. **Conserv. Biol.**, 10: 1509–1518.

- Mingozzi, T., Masciari, G., Paolillo, G., Pisani, B., Russo, M., Massolo, A. 2007. Discovery of a regular nesting area of loggerhead turtle *Caretta caretta* in southern Italy: a new perspective for national conservation. **Biodiversity and Conservation**, 16:3519–3541.
- Moore, W.S. 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variation: mitochondrial-gene trees versus nuclear-gene trees. **Evolution**, 49: 718-726.
- Naro-Maciel, E., Le, M., FitzSimmons, N.N., Amato, G. 2008. Evolutionary relationships of marine turtles: A molecular phylogeny based on nuclear and mitochondrial genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 49: 659–662.
- Nei, M. 1982. Evolution of human races at the gene level. In: Bone-Tamir B, Cohen T, Goodman RM (eds) Human genetics part A: the unfolding genome. Alan R Liss, New York, 167–181.
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia Univ. Press, New York.
- Newbury, N., Khalil, M., Venizelos, L. 2002. Population status and conservation of marine turtles at El-Mansuri, Lebanon. **Zoology in the Middle East**, 27: 47-60.
- Norman, J.A., Moritz, C., Limpus, C. 1994. Mitochondrial DNA control region polymorphisms: genetic markers for ecological studies of marine turtles. **Molecular Ecology**, 3: 363–373.
- Ohta, T., Kimura, M. 1973. A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population. **Genetics Research**, 22: 201-204.
- Owens, DW., Grassman, MA., Hendrickson, JR. 1982. The imprinting hypothesis and sea turtle reproduction. **Herpetologica**, 38: 124–135.
- Page, R.D.M., Holmes, E.C. 1998. Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach. Blackwell Science, Oxford.
- Pearce, A.F. 2001. Contrasting population structure of the loggerhead turtle (*Caretta caretta*) using mitochondrial and nuclear DNA markers. (Thesis). University of Florida, Gainesville.
- Pearse, D.E., Arndt, A.D., Valenzuela, N., Miller, B.A., Cantarelli, V., Sites JR. J.W. 2006. Estimating population structure under nonequilibrium conditions in a conservation context: continent-wide population genetics

- of the giant Amazon river turtle, *Podocnemis expansa* (Chelonia; Podocnemididae). **Molecular Ecology**, 15: 985–1006.
- Posada, D., Crandall, K. A., Templeton, A. R. 2000. GeoDis: A program for the cladistic nested analysis of the geographical distribution of genetic haplotypes. **Molecular Ecology**, 9(4): 487-488.
- Rannala, B., Mountain, J.L. 1997. Detecting immigrants by using multilocus genotypes. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, 94: 9197–9201.
- Reece, J.S., Castoe, T.A., Parkinson, C.L. 2005. Historical perspectives on population genetics and conservation of three marine turtle species. **Conservation Genetics**, 6: 235–251.
- Roberts, M.A., Schwartz, T.S., Karl, S.A. 2004. Global population genetic structure and male-mediated gene flow in the green sea turtle (*Chelonia mydas*): analysis of microsatellite loci. **Genetics**, 166: 1857–1870.
- Rousset, F. 2008. GENEPOP'007: a complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. **Molecular Ecology Resources**, 8.1: 103-106. Erişim, [<http://kimura.univ-montp2.fr/~rousset/Genepop.htm>]
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X., Rozas, R. 2003. DnaSP version 4.0. **Bioinformatics**, 19: 2496-2497, Erişim, [www.ub.edu/dnasp/]
- Sanger, F., Coulson, A.R. 1975. A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. **Journal of Molecular Biology**, 94(3):441–448.
- Schlötterer, C., Tautz, D. 1992. Slippage synthesis of simple sequence DNA. **Nucleic Acids Res.**, 20:211-215.
- Schroeder, B.A., Foley, A.M., Bagley, D.A. 2003. Nesting patterns, reproductive migrations, and adult foraging areas of loggerhead turtles. In A. B. Bolten and B. E. Witherington (eds.), *Loggerhead Sea Turtles*, pp. 114–124. Smithsonian Books, Washington, D.C.
- Schroth, W., Streit, B., Schierwater, B. 1996. Evolutionary handicap for turtles. **Nature**, 384:521–522
- Shaffer, H.B., Meylan, P.A., McKnight, M.L. 1997. Tests of turtle phylogeny: molecular, morphological, and paleontological approaches. **Systematic Biology**, 46: 235-268.

- Shriver, M.D., Jin, L., Chakraborty, R., Boerwinkle, E. 1993. VNTR allele frequency distributions under the stepwise mutation model: a computer simulation approach. **Genetics**, 134: 983–993.
- Smith, M.H., Hillstad, H.O., Manlove, M.N., Straney, D.O., Dean, J.M. 1977. Management implications of genetic variability in loggerhead and green sea turtles. **Proceedings of the 13th International Congress of Game Biologists**, 13: 302–312.
- Spinks, P.Q., Shaffer, H.B. 2005. Range-wide molecular analysis of the western pond turtle (*Emys marmorata*): cryptic variation, isolation by distance, and their conservation implications. **Molecular Ecology**, 14: 2047–2064.
- Spinks, P.Q., Shaffer, H.B., Iverson, J.B., Mccord, W.P. 2004. Phylogenetic hypotheses for the turtle family Geoemydidae. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 32: 164–182.
- Starkey, D.E., Shaffer, H.B., Burke, R.L., Forstner, M.R.J., Iverson, J.B., Janzen, F.J., Rhodin, A.G.J., Ultsch, G.R. 2003. Molecular systematics, phylogeography, and the effects of Pleistocene glaciation in the painted turtle (*Chrysemys picta*) complex. **Evolution**, 57: 119–128.
- Stephan, W.; 1989. Tandem-repetitive noncoding DNA: forms and forces. **Mol. Biol. Evol.**, 6: 198–212.
- St John, F., Khalil, M., Venizelos, L. 2004. Marine turtle Conservation in the Mediterranean. Marine turtle nesting in South Lebanon 2003. MEDASSET report 18pp.
- Sunnucks, P.; 2000. Efficient genetic markers for population biology. **Trends in Ecology and Evolution**, 15: 199–203.
- Takahata, N., Palumbi, S.R. 1985. Extranuclear differentiation and gene flow in the finite island model. **Genetics**, 109:441–457.
- Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acids Research**, 17: 6463–6471.
- Tautz, D., Rentz, M. 1984. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. **Nucleic Acids Res.**, 17: 4127–4138.
- Tegelstrom, H. 1987. Transfer of mitochondrial DNA from the northern red-backed vole (*Clethrionomys rutilus*) to bank vole (*C. glareolus*). **Journal of Molecular Evolution**, 24: 218–227.

- Templeton, A.R. 1998. Nested clade analysis of phylogeographic data: testing hypothesis about gene flow and population history. **Molecular Ecology**, 7: 381-397.
- Templeton, A.R. 2001. Using phylogeographic analysis of gene trees to test species status and processes. **Molecular Ecology**, 10: 779-791.
- Templeton, A.R., Crandall, K.A., Sing, C.F. 1992. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III cladogram estimation. **Genetics**, 132: 619-633.
- Türkozan, O., Ilgaz, Ç., Kavak, E., Özdemir, A. 2003. Hatch rates of loggerhead turtles and physical characteristics of the beach at Fethiye, Turkey. **J. Mar. Biol. Ass. U.K.** 83: 231-232.
- Tomas, J., Mons, J.L., Martin, J.J., Bellido, J.J., Castillo, J.J. 2002. Study of the first reported nest of loggerhead sea turtle, *Caretta caretta*, in the Spanish Mediterranean coast. **J. Mar. Biol. Assoc. UK**, 82: 1005-1007
- Valdes, A.M., Slatkin, M., Freimer, N.B. 1993. Allele frequencies at microsatellite loci: the stepwise mutation model revisited. **Genetics**, 133: 737-749.
- Weber, J.L. 1990. Informativeness of human (dC-dA)_n. (dG-dT)_n polymorphisms. **Genomics**, 7: 8-27.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of populations. **Ann Eug.**, 15: 323-354.
- Zanger, U.M., Hauri, H.P., Loeper, J., Homberg, J.C., Meyer, U.A. 1988. Absence of hepatic cytochrome P450bufI causes genetically deficient debrisoquine oxidation in man. **Biochemistry**, 27: 5447-5454.
- Zaykin, D.V., Pudovkin A.I. 1993. Two programs to estimate significance of X^2 values using pseudo-probability tests. **J. Hered.**, 84: 152.
- Zug, G.R., Wynn, A.H., Ruckdeschel, C. 1986. Age determination of loggerhead sea turtles, *Caretta caretta*, by incremental growth marks in the skeleton. **Smithson. Contrib. Zool.**, 427: 1-34.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Can YILMAZ
Doğum Yeri ve Tarihi : Kula/1977

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : Adnan Menderes Üniversitesi
Yüksek Lisans Öğrenimi : Adnan Menderes Üniversitesi
Bildiği Yabancı Diller : İngilizce (72,5)

BİLİMSEL FAALİYETLERİ

A) YAYINLAR

a) *Sci*

Olgun, K., Avcı, A., Ilgaz, Ç., Üzümlü N., **Yılmaz, C.** 2007. A new species of *Rhynchocalamus* (Reptilia: Serpentes: Colubridae) from Turkey, Zootaxa, 1399: 57-68.

Türkozan, O., **Yılmaz C.** 2008. Loggerhead Turtle, *Caretta caretta*, Nesting on Dalyan Beach, Turkey: Results of 2004-2005 Nesting Seasons and Nesting Trend in the Last 19 years, Chelonian Conservation and Biology.

Yılmaz, C. Türkozan, O., Bardakçı, F.2011. Genetic structure of loggerhead turtle (*Caretta caretta*) populations in Turkey. Biochemical Systematics and Ecology 39 (2011) 266–276

Türkozan, O. Yamamoto, K. **Yılmaz, C.** 2011. Nest site preference and density dependent hatching success in green (*Chelonia mydas*) and loggerhead (*Caretta caretta*) sea turtle nests. Chelonian Conservation and Biology, 10(2):270-275. 2011.

Yılmaz, C., Türkozan, O., Bardakçı, F., White, M., Kararaj, E. (Baskıda). Loggerhead turtles (*Caretta caretta*) foraging at Drini Bay in Northern Albania: Genetic characterisation revealed two new haplotypes. Acta Herpetologica (2012).

b) Diğer

Türkozan, O., Ilgaz, Ç., **Yılmaz, C.** 2006. Reproductive ecology and hatchling morphology of the Nile soft shell Turtle, *Trionyx triunguis* (Forsskål 1775), at Dalyan beach, Turkey. Russian Journal of Herpetology vol.13, No.1, 2006, pp.47-52.

Türkozan, O., **Yılmaz, C.** 2007. Nest relocation as a conservation strategy: looking from a different perspective. Marine Turtle Newsletter, 118:6-8.

Türkozan, O., **Yılmaz C.** 2010. Post-hatchling loggerhead sea turtles, *Caretta caretta*, from the eastern Mediterranean. Marine Turtle Newsletter, 128: 24-25.

B)BİLDİRİLER**a) Uluslar arası**

Yılmaz, C., Türkozan, O. 2005. Comparison of the hatchlings of natural and hatchery nests of loggerhead turtles (*Caretta caretta*) on Dalyan Beach, Turkey. The Second Mediterranean Conference on the Marine Turtles. 4-7 May 2005 Antalya-Turkey.

Taskavak, E, Türkozan, O, Kiremit, F, Türkecan, O, Güçlü, Ö, Akçınar, C, **Yılmaz, C.**, Tuncay, D. 2006. A Review of 2005 Marine Turtle Nesting Season on Five Beaches (Dalyan, Fethiye, Patara, Belek, Göksu delta) in Turkey. 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, 3-8 April 2006, Island of Crete, Greece.

Türkozan, O., **Yılmaz, C.**, Taskavak, E. 2006. Reproductive Ecology and Status of *Trionyx triunguis* in Dalyan, Turkey. 26th Annual Symposium on Sea Turtle Biology and Conservation, 3-8 April 2006, Island of Crete, Greece.

Türkozan, O., **Yılmaz, C.**, Oruç, A. 2007. Green Turtle (*Chelonia mydas*) Nesting on Akyatan Beach, Turkey. 27th Annual Sea Turtle Symposium, Myrtle Beach, South Carolina, USA, 22-28 Şubat 2007.

Yılmaz, C., Türkozan, O., Bardakcı, F. 2008. Population Genetic structure of Loggerhead Turtles, *Caretta caretta* in Turkey Based on mtDNA Sequences. Third Mediterrenan Conference on Marine Turtles, Yasmine Hammamet, Tunisa, 20-23 October 2008.

Yamamoto, K., **Yılmaz, C.**, Türkozan, O. 2008. Using GIS in green turtle, *Chelonia mydas*, nests. Third Mediterrenan Conference on Marine Turtles, Yasmine Hammamet, Tunisa, 20-23 October 2008.

Akkaya, A., Kindap, T., Oruç, A., **Yılmaz, C.**, Türkozan, O. 2008. The Effect of Climate Conditions on Green Turtle Nesting Success in Akyatan, Turkey. Third Mediterrenan Conference on Marine Turtles, Yasmine Hammamet, Tunisa, 20-23 October 2008.

Yılmaz, C., Bardakçı F. Türkozan, O. 2009. Population genetic structure of loggerhead turtle (*Caretta caretta*) in the Mediterranean revised based on mtDNA sequences. Participant at the ESF Conservation Genetics Conference in Trondheim, Norway, 23-26 May 2009.

Yılmaz, N., Bardakçı, F., Avcı, A., **Yılmaz, C.**, Bagda, E., Üzümlü, N., Olgun, K. 2009. Reevaluation of taxonomic status of genus *Rhynchocalamus* using mitochondrial cyt b gene. 15th European Congress of Herpetology, Scientific Program, Kuşadası, AYDIN 2009.

Türkozan O., **Yılmaz C.** 2010. The African soft shell turtle, *Trionyx triunguis*, in Seyhan River, Turkey, 8th Annual Symposium on Conservation and Biology of Tortoises and Freshwater turtles 17/08/2010.

Yılmaz, C., Türkozan, O., Bardakçı, F., White, M., Kararaj, E. 2011. Loggerhead turtles (*Caretta caretta*) foraging at Drini Bay in Northern Albania: Genetic characterisation revealed two new haplotypes. 4th Mediteranean Conference on Marine Turtles, Napoli, 7-10 November 2011.

Kaska, Y., Sarı, F., **Yılmaz, C.**, Türkozan, O., Divrikli, Ü., Höl, A., Kartal, A., Elci, L. 2011. Maternal Transfer of Metals to The Eggs of Loggerhead Turtles and Green Turtles in Turkey. 4th Mediteranean Conference on Marine Turtles, Napoli, 7-10 November 2011.

b) Ulusal

Yılmaz, C., Türkozan, O., Kiremit, F. 2006. Dalyan (Muğla) Kumsalı'nda Yuva Yapan *Trionyx triunguis* Populasyonunun Genel Durumu. 18. Ulusal Biyoloji Kongresi 26-30 Haziran 2006, Kuşadası-Aydın.

Türkozan, O., **Yılmaz, C.** 2007. Ülkemizdeki Deniz Kaplumbağası Koruma Çalışmaları. 2. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu 26-28 Ekim 2007 Dalyan-Muğla.

Yılmaz, C., Türkozan, O., Oruç, A., Bacık, T., Cevirgen, M., Türkecan, O., Yerli, S. 2007. 2006 Üreme Sezonunda Akyatan Kumsalı'nda *Chelonia mydas* ve *Caretta caretta* Populasyonlarının İncelenmesi. 2. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu 26-28 Ekim 2007 Dalyan-Muğla.

Türkozan, O., **Yılmaz, C.**, Oruç, A., Demirayak, F. 2009. Deniz Kaplumbağası Araştırmalarında Uzun Dönem Çalışmanın Önemi: Akyatan Örneği III. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu-Mersin03-05.12.2009.

Yılmaz, C., Türkozan, O., Bardakcı, F. 2009. Türkiye'nin Akdeniz Kumsallarında Yuvalayan *Caretta caretta*'nın Mitokondrial ve Çekirdek DNA ile Genetik Yapısının İncelenmesi.III. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu-Mersin03-05.12.2009.

Yılmaz, C., Üzümlü, N., Avcı, A., Ilgaz, C., Başbüyük, H.H., Olgun, O. 2010. *Ophisops elegans* (REPTILIA: LACERTIDAE) Populasyonlarında mtDNA (*16S rRNA*) Yardımıyla Genetik Çeşitliliğin Saptanması. 20. Ulusal Biyoloji Kongresi 21-25 Haziran 2010, Denizli.

C) KATILDIĞI PROJELER

Özel Çevre Koruma Bölgeleri'ndeki [Belek, Dalyan, Fethiye-Çalış (Yanıklar, Akgöl), Göksu Deltası, Patara] Deniz Kaplumbağası (*Caretta caretta*, *Chelonia mydas*) ve Nil Kaplumbağası (*Trionyx triunguis*) Populasyonlarının Araştırılması Projesi2004.

Özel Çevre Koruma Bölgeleri'ndeki [Belek, Dalyan, Fethiye-Çalış (Yanıklar, Akgöl), Göksu Deltası, Patara] Deniz Kaplumbağası (*Caretta caretta*, *Chelonia mydas*) ve Nil Kaplumbağası (*Trionyx triunguis*) Populasyonlarının Araştırılması Projesi 2005.

Doğu Akdeniz (Hatay, Osmaniye, Adana, Mersin, Kilis ve Gaziantep)'deki *Eirenis* (Reptilia: Serpentes) Türlerinin Taksonomik Durumu **TÜBİTAK Proje No: 104T294** (2005-2008).

Türkiye'deki Deniz Kaplumbağalarının (*Caretta caretta* ve *Chelonia mydas*) Populasyonlarının Genetik Yapısı. **TÜBİTAK Proje No: 106T248** (2006-2009).

Adana Akyatan Av Yaban Hayatı Koruma Sahası, Yumurtalık Tabiatı Koruma Alanı ve Tuzla Deniz Kaplumbağası ve Yumuşak Kabuklu Nil Kaplumbağası Popülasyonlarını Araştırma, İzleme ve Koruma Çalışması. 2006- 2012 WWF Türkiye, **Adana Çevre ve Orman İl Müdürlüğü Projesi.**

Türkiye Anakarası ve Adalarında Yaşayan *Ophisops* (Reptilia: Sauria) Cinsinin Sistemetiği ve Filogenisi. **TÜBİTAK Proje No 108T162.** (2008-2010).

Türkiye'nin Akdeniz ve Ege Kıyılarında *Ochlerotatus mariae* Grubunun (Diptera: Culicidae) Dağılım Örüntüsünün ve Genetik Yapısının Belirlenmesi. **TÜBİTAK Proje No 110T593** (2011-2012).

İLETİŞİM

E-posta Adresi

: canyilmaz@adu.edu.tr

Tarih