

TÜBİTAK

2008 - 206



**TÜRKİYE BİLİMSEL VE TEKNOLOJİK ARAŞTIRMA KURUMU**  
THE SCIENTIFIC AND TECHNOLOGICAL RESEARCH COUNCIL OF TURKEY

**Temel Bilimler Araştırma Grubu**  
Basic Sciences Research Grant Group

Q 94460

**Anadolu Yaban Koyununun (*Ovis gmelinii anatolica*)  
Yeniden Aşılanan Toplumlarının Radyo-Telemetri ve  
Genetik Örnekleme Yöntemleriyle İzlenmesiyle Elde Edilen  
Çevresel ve Genetik Verilerle Koruma Yaklaşımlarının  
Geliştirilmesi**

**Proje No: 106T182**

Prof. Dr. Aykut KENCE  
Yrd. Doç. Dr. Mehmet Ali KAYA  
Deniz ÖZÜT  
Lütfiye ÖZDİREK  
Mehmet KAYIM

Ağustos 2008  
ANKARA

## ÖNSÖZ

Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelinii anatolica*), Türkiye'ye endemik bir alttür olmasının yanısıra, Anadolu'nun sahip olduğu endemik bitki türlerinin büyük çoğunluğunu barındıran İç Anadolu stepinin tek büyük otçul memelisidir. Yapılan genetik araştırmalar *O. gmelinii* türünün, tüm evcil koyun ırklarının en yakın akrabası olduğuna işaret etmektedir. Dolayısıyla Anadolu yaban koyunu, hem step ekosisteminin önemli bir parçası hem de önemli bir gen kaynağıdır. Ancak tüm dünyadaki biyolojik çeşitliliği olumsuz etkileyen insan kaynaklı etmenlerden dolayı, Türkiye'de de Anadolu yaban koyunu özellikle 20. yüzyılın başlarından itibaren etkisini ve yoğunluğunu artıran insan faaliyetlerinden olumsuz etkilenmiş ve 1960'larda yok olmanın eşiğine gelmiştir. 1960'larda durumun anlaşılıp gereklili önlemerin alınmasıyla Anadolu yaban koyunun son kalan toplumu yok olmaktan kurtarılmış ve 2000'li yıllarda sayıları 1000'lere yaklaşmıştır. Koruma çalışmalarının ikinci adımı olarak, sayıca belirli bir büyüklüğe ulaşan toplumu kaynak toplum olarak kullanıp, İç Anadolu'da yeni toplumlar oluşturmak yoluna gidilmiştir. Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü, önceden belirlediği ve Anadolu yaban koyunun önceden yaşadığı bilinen iki yeni alanda yeni toplumlar oluşturmak için 2004 yılında yeniden aşılama (reintroduction) çalışmalarını başlatmıştır. 2005 yılında, Orta Doğu Teknik Üniversitesi Biyoloji Bölümü ile bu çalışmaları ortak yürütmeye başlamıştır. 2006 yılında TÜBİTAK-TBAG tarafından desteklenmeye başlanan bu çalışmanın ana eksenini, yeniden aşılanan toplumların genetik, demografik ve ekolojik olarak izlenmesidir. Nesli tehlike altında olan bu değerli tür hakkında edinilecek tüm bilgiler koruma çalışmalarına yön verecektir. Bu çalışmada bize destek olan TÜBİTAK'a, Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nün Ankara, Konya, Nallıhan, ve Karaman'daki tüm çalışanlarına, ODTÜ'den Doç. Dr. C. Can Bilgin, Alper Ertürk, Mustafa Durmuş, Dr. Tolga Kankılıç, Emre Çobanoğlu, Aytaç Emecen, Emel Durmaz, Cevza Altunkara, Mert Elverici ve Turhan Turist'e çok teşekkür ederiz.

## **İÇİNDEKİLER**

ÖNSÖZ .....	2
İÇİNDEKİLER .....	3
TABLO LİSTESİ .....	4
ŞEKİL LİSTESİ .....	5
ÖZET .....	6
ABSTRACT .....	7
GİRİŞ .....	8
GENEL BİLGİLER .....	8
GEREÇ ve YÖNTEM .....	10
GENETİK GEREÇLER ve YÖNTEMLER .....	10
DNA Özütleme .....	10
Mikrosatelit Çalışması .....	10
Elktroforez ve Görüntüleme .....	10
İstatistiksel Analiz .....	10
EKOLOJİK GEREÇLER ve YÖNTEMLER .....	10
BULGULAR .....	11
GENETİK BULGULAR .....	11
DNA ÖZÜLEME .....	11
FRAGMAN ANALİZİ & GENOTİPLEME .....	12
İSTATİSTİKSEL SONUÇLAR .....	13
Genetik Çeşitlilik .....	13
Genetik Yapı .....	16
Etkin Toplum Büyüklüğü .....	17
Karşılaştırma Testleri .....	18
EKOLOJİK BULGULAR .....	19
YAŞAMA BAŞARI .....	19
DOĞURGANLIK .....	20
DEMOGRAFİK YAŞAYABILIRLİK ANALİZLERİ .....	21
HABİTAT SEÇİMİ .....	23
YAŞAM ALANI KULLANIMI .....	25
TARTIŞMA .....	27
SONUÇ .....	27
REFERANSLAR .....	29

## **TABLO LİSTESİ**

<b>Tablo 1.</b> Bozdağ, Nallıhan ve Karadağ toplumlarındaki genetik çeşitlilik.....	15
<b>Tablo 2.</b> HWE testi sonuçları.....	16
<b>Tablo 3.</b> Bozdağ toplumu için $N_e$ (etkin toplum büyülüğu) tahminleri.....	17
<b>Tablo 4.</b> Çalışılan alanlardaki genetik çeşitlilik karşılaştırmaları için <i>P</i> -değerleri.....	18
<b>Tablo 5.</b> Kapanlar arasındaki genetik çeşitlilik karşılaştırmaları için <i>P</i> -değerleri.....	18
<b>Tablo 6.</b> Tasmalı dişilerin yaşama gözlemi verileri.....	19
<b>Tablo 7.</b> Yıllara göre yaş sınıflarının yaşama başarıları.....	20
<b>Tablo 8.</b> Yaş sınıflarına özgü parametreler ve hesaplanan doğurganlık değerleri.....	20
<b>Tablo 9.</b> RAMAS programında kullanılan yaş sınıfı matrisi.....	21
<b>Tablo 10.</b> Habitat seçiminde kullanılan parametreler ve kategorileri.....	23
<b>Tablo 11.</b> Eğim Analizi için Bonferroni istatistiği güven aralıkları.....	23
<b>Tablo 12.</b> Bakı Analizi için Bonferroni istatistiği güven aralıkları.....	24

## **ŞEKİL LİSTESİ**

<b>Şekil 1.</b> Agaroz jel elektroforezi sonuçlarına örnek.....	12
<b>Şekil 2.</b> Genescan® Analizi sonuçları örnekleri.....	13
<b>Şekil 3.</b> Çalışılan alanlardaki alel frekansı dağılımı histogramları.....	14
<b>Şekil 4.</b> 50 yıllık bir projeksiyonda toplumun beklenen sayısal değişimi.....	21
<b>Şekil 5.</b> Destekleyici birey senaryosunun projeksiyonu.....	22
<b>Şekil 6.</b> Yaşam alanı haritaları.....	26

## ÖZET

Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelinii anatolica*), türü tehdit altında olan ve Anadolu'ya endemik bir büyük otçul memeli türüdür. Eski yaşam alanlarının bir tanesi hariç tümünden yok olmuş ve 1960'lı yıllarda başlayan koruma çalışmaları sayesinde tek bir toplum olarak günümüze kadar gelmiştir. Koruma çalışmalarının zorunlu bir devamı olarak, Anadolu yaban koyununun eski yaşam alanlarına yeniden aşılanarak, türünün yok olması üzerindeki tehditler azaltılmaya çalışılmaktadır. Bu çalışmada Ankara-Nallıhan bölgесine yeniden aşılanan bir Anadolu yaban koyunu toplumunun yeni alana uyum süreci genetik ve ekolojik olarak izlenmeye başlamıştır. Elde edilen sonuçlar, yeniden aşılanan toplumun kaynak toplum olan Konya-Bozdağ toplumundaki genetik çeşitliliğin neredeyse tümüne sahip olduğunu göstermektedir. Dolayısıyla en azından kurucu toplum olarak, yeniden aşılanan toplumda genetik bir eksilme engellenmiştir. Ancak bunun yanında, yeniden aşılanan toplumun üzerinde alışık olmadığı bir avcı tür, avlanma ve evcil sürülerle rekabet baskısı olmasının yanı sıra, kaynak toplumdan getirilen paratüberküloz hastalığının etkileri, toplumun demografisini olumsuz etkilemektedir. Çalışmanın sonuçları, uyum dönemi olarak sayılabilen ilk on yıllık veya daha uzun bir süre boyunca, yeniden aşılanan toplumun Konya-Bozdağ'dan her yıl getirilecek belirli sayıda bireyle desteklenmesi gerektiğini; ve alandaki koruma çalışmalarının yoğunlaştırılmasının gerekliliğini ortaya koymaktadır. Ancak bu sayede Anadolu yaban koyununun yeni toplumu yaşama şansını artırabilecek ve kendi kendine yeter bir toplum haline gelebilecektir. Bunların yanı sıra, toplumun sürekli olarak izlenmesi, Anadolu yaban koyununun habitat seçimi ile ilgili değerli bilgiler sağlamıştır. Bu bilgiler ileride yapılacak olan yeniden aşılama çalışmalarında uygun bögelerin belirlenmesinde kullanılabilecektir.

**Keywords:** Anadolu  
yaban koyunu

**Anahtar Kelimeler:** Anadolu yaban koyunu, yeniden aşılama, genetik çeşitlilik, toplum yaşayabilirliği, habitat seçimi.

## **ABSTRACT**

Anatolian wild sheep (*Ovis gmelini anatolica*) is a large herbivore under extinction threat, endemic to Anatolia. It has lost all of its distribution except one, owing to the conservation efforts started in 1960s. A compulsory continuation of the conservation efforts has been reintroducing the Anatolian wild sheep to its historical ranges, in an effort to increase the viability of the species. In this study, the adaptation period of a reintroduced wild sheep population has been started to be monitored genetically and ecologically. The results obtained so far, suggests that the reintroduced population comprises almost all of the genetic diversity found in the source Konya-Bozdağ population. Therefore, being a founder population, an initial genetic drift has been avoided in the reintroduced population. However, due to cumulative pressures from predators, domestic livestock, and poaching, which the individuals from the source population are unfamiliar with; and due to the paratuberculosis disease carried from the source population, the viability of the reintroduced population is severely impaired. The results of ecological monitoring have shown that, during the adaptation period – of one or more decades – continuous stocking of the reintroduced population from the source population is required; and that the protection efforts in the field must be augmented. Only by these efforts that the reintroduced population can reach to a viability state, to be able to endure on its own. Additionally a continuous monitoring provided valuable data to quantify the habitat selection of Anatolian wild sheep, which can be used to determine well suited new localities for new reintroductions.

**Keywords:** Anatolian wild sheep, reintroduction, genetic diversity, population viability, habitat selection.

## GİRİŞ

Günümüzde biyolojik çeşitliliğin karşı karşıya olduğu en önemli tehditlerden birisi insanın doğrudan ve dolaylı etkileriyle neden olduğu geniş çaplı doğal yaşam alanı parçalanması ve bozulmasıdır. Anadolu yaban koyunu (*Ovis gmelini anatolica*) 20. yüzyıldan önce Anadolu'da geniş bir yayılım ve nüfusa sahipken, 20. yüzyılın ortalarında, artan insan etkisinden dolayı 50 bireyden oluşan tek bir topluma kadar gerilemiştir (KAYA, 1989; TURAN, 1990; KENCE ve TARHAN, 1997). Alınan koruma önlemleriyle bu tek toplumdaki bireylerin sayısı artmış ama yayılımı ve genetik çeşitliliği kısıtlı kalmıştır (ARIHAN, 2000; ÖZÜT, 2001). Bu nedenle 'yeniden aşılama' (reintroduction), Anadolu yaban koyununun korunmasında atılan ikinci adım olmuştur. Tehlike altındaki türlerin, özellikle dünya üzerinde tek bir topluma sahip olanlarının korunmasında ve uzun vadede yokolma risklerinin azaltılmasında kullanılan koruma yöntemlerinden en etkilişi yeniden aşılamadır (GRIFFITHS, 1989; KLEIMAN, 1989). Bundan dolayı, koruma çalışmalarının ikinci adımı olarak, 2004 ve 2005 yıllarında Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü Konya-Bozdağı'da bulunan kaynak toplumdan 50-100 bireyi Ankara-Nallıhan ve Karaman-Karadağ'a taşıyarak yeniden aşılama çalışmalarını başlatmıştır.

Bu projede aşılanan her iki toplumun genetik yapısı çalışılmış ve Ankara-Nallıhan toplumunun 2007-2008 yıllarında radyo-vericili bireyler üzerinden demografik olarak izlenmesi ile yeniden aşılanan bir toplumun uyum süreci araştırılmıştır. 2007 yılında başlayan izleme çalışması ile yaban koyununun habitat kullanımı ve demografisinin yanı sıra, 2004'te başlayan yeniden aşılama çalışmaları sırasında örneklenen bireylerde genetik belirteçler (mikrosatelit) kullanılarak genetik veriler elde edilmiştir.

## GENEL BİLGİLER

Anadolu yaban koyununun 1950 ve öncesindeki bilinen dağılımı Turan (1990) tarafından çizartılmış ve haritalanmıştır. Literatürdeki bu en kapsamlı tarihi dağılımdan bugüne gelindiğinde Anadolu yaban koyunu Konya-Bozdağı'da 1960'larda koruma altına alınan tek bir topluma düşmüştür. Bu toplum üzerine yapılan çalışmalar (KAYA, 1989; ARIHAN, 2000) ve özellikle toplum yaşayabilirlik analizi ve genetik çeşitlilik çalışmaları (SEZEN, 2000; ÖZÜT, 2001) Anadolu yaban koyunun yokolma riskini azaltmak için yapılması gereken çalışmanın yeniden aşılama yoluyla kısa vadede yeni toplumlar oluşturarak coğrafi dağılımını artırmak ve uzun vadede, oluşacak bu yeni toplumlar arasındaki gen akışını tekrar sağlamak olduğunu göstermiştir (CUGNASSE, 1997).

Yeniden aşılama, kendine yetebilen yeni bir toplum oluşturulabilirse başarılı olmuş sayılır. Dünyadaki aşılama çalışmalarının bir değerlendirilmesi yapıldığında habitat uygunluğu, aşılanan toplumu oluşturan bireylerin toplam sayısı, yaş-eşey kompozisyonu ve genetik çeşitliliğinin bilinmesi (dolayısıyla bu kriterlere uyularak uygulama planlarının oluşturulması) ile çalışmaların % 81'i başarılı olmuştur (GRIFFITHS ve ark., 1989). Hein'in (1997) değerlendirmesinde, yapılmış olan aşılama çalışmalarının tüm aşamalarının empirik verilere dayanması gerektiği (örn. habitat uygunluğu ve toplum kompozisyonu) vurgulanmıştır. Yapılmış aşılama çalışmalarının vurguladığı diğer bir ortak nokta, aşılanan türün demografisi, sosyal yapılışması, üreme davranışları, uyum yeteneği ve arazi kullanımı özellikleri üzerine toplanan verilerin uygulama planları ve karar süreçlerinde kullanılmasının vazgeçilmezliğidir (SARRAZIN & Legendre, 2000; BURGMAN ve ark., 1995; BUSTAMANTE, 1998; GOGAN & BARRET, 1987; KLEIMAN ve ark., 1991; SALTZ & Rubenstein, 1995; SARRAZIN, 1998). Literatürde yer alan çoğu aşılama/yeniden aşılama/translokasyon çalışmaları Kuzey Amerika'da yapılmıştır. Bunlardan birçoğu tercih edilen bir av hayvanı olan *O. canadensis* üzerindeyken (örn. CREEDEN ve ark., 1983; IRBY & Andryk, 1987; KOPEC, 1982; RAVEY &

SCHMIDT, 1981; ROWLAND & Schmidt 1981), bazıları da Kuzey Amerika ve diğer coğrafyalarda kurt (*Canis lupus*) ve ceylan (*Gazella gazella*) gibi soyu tehlike altında olan diğer memeli türlerini konu almışlardır (FRITTS ve ark., 1997; DUNHAM, 1997; STANLEY PRICE, 1989; AKÇAKAYA, 1990; CARBYN ve ark., 1994; HARTMAN, 1994).

Toplum yaşayabilirliğini belirleyen çalışmaların tümünde, çalışmaya konu olan tür veya topluma ait önceki yıllarda derlenmiş veriler ve elde edilmiş parametreler kullanılmıştır (MILADENOFF ve ark., 1995; MACE ve ark., 1999; KOBLER ve ark., 2000; SOUTH ve ark., 2000; HOWELLS & Edwards-Jones, 1997; RADEOFF ve ark., 1999; RUSHTON ve ark., 1997). Bu tipte veriler, önerilen projeye konu olan Anadolu yaban koyunu için bulunmamaktadır. Bu çalışmanın sonuçları, Anadolu yaban koyununun özellikle yaniden aşılanan ve belirli bir uyum süreci içerisinde geçmesi gerekecek toplumlarının demografisi ile ileride yapılması planan yeniden aşılama çalışmalarında uygun sahaların belirlenmesinde kullanılacak habitat tercihinin belirli bir oranda ortaya çıkarılmasını sağlamıştır. TÜBİTAK projesinin sona ermesinden ötürü, bugüne kadar elde edilen veriler üzerinden yapılan ve bu sonuç raporunda ele alınan değerlendirmeler, izleme çalışmasının halen devam ettiği gözönünde bulundurulursa, daha da genişletilip daha uzun vadeyi kapsayacak bir hale getirilmektedir.

Daha önceki gelişme raporlarında da belirtildiği üzere, iki yıl olarak planlanan izleme çalışması yakalama çalışmalarının aksasından ötürü bir yıl ile sınırlı kalmıştır. Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nün sorumluluğu ve idaresinde gerçekleştirilen yakalama çalışmaları 2006 yılının yaz ya da kişinda yapılmak üzere programlanmıştır. TÜBİTAK projesi dahilinde alınan ve izleme çalışmasında kullanılacak olan radyo-vericili tasmaların 2006 sonbaharında elimize geçmesinden ötürü (TÜBİTAK bütçesinin 2006 Temmuz'unda kullanılır hale gelmesi ve yurtdışı siparişin bu zamanda verilmesinin ardından, aletlerin üretim, posta ve gümrük işlerinin aldığı zaman 3 aya yakın sürmüştür) yaz yakalama periyodu kaçırılmış (kapanla yapılan yakalamalarda, tüm arazide sadece kapan içerisinde bulunan su kaynaklarına ihtiyaç duyan yaban koyunlarını kapanla yakalamak bu dönemde mümkün olmaktadır) ve yakalama çalışması 2006 kiş periyoduna bırakılmıştır. Ancak 2006 kişinin Konya-Bozdağ'da çok az karlı geçmesinden ötürü (kişin arazideki bitki örtüsü karla kaplanınca yine sadece kapanlara bırakılan yonca ve yemler yaban koyunlarına çekici gelmekte ve yakalama yapılmamaktadır) yakalama yine gerçekleştirilememiştir. Bundan ötürü yakalamalar 2007 yazında gerçekleştirilememiştir. Bunun yanısıra, yeniden aşılama için belirlenen iki alan olan Karaman-Karadağ ve Ankara-Nallıhan'ın Sarıyar bölgesinden sadece Ankara-Nallıhan'a taşıma yapılmış ve izleme için kullanılacak tüm tasmalar buradaki bireylere takılmıştır. Taşınan bireyler bir ay boyunca 10 ha. büyüğünde tel ile çevrili uyum sahasında bekledildikten sonra (yumuşak aşılama – soft introduction) Ekim 2007'de doğaya bırakılmış ve izleme çalışmalarına başlanmıştır. Bu yüzden bu rapordaki demografik ve ekolojik çıktılar, Ekim 2007 – Temmuz 2008 tarihleri arasında yapılan izleme çalışmalarından elde edilen veriler kullanılarak ortaya çıkarılmıştır.

Çalışmanın genetik kısmında ise 2005 yılından bu yanayapılan yakalama çalışmalarından elde edilen doku örnekleri kullanılmıştır. Genetik çalışmaların ortaya çıkarmayı hedeflediği başlıca konular: i) kaynak toplum olan Konya-Bozdağ toplumunun genetik çeşitliliğinin ne kadarının yeniden aşılanan toplumlarda bulunduğu, ii) yakalama yöntemlerinden özellikle kapanla yakalamanın, örneklenen genetik çeşitliliği azaltıp azaltmadığı iii) yeniden aşılanan toplumda birey sayısının düşük olmasından dolayı (etkin toplum büyüğünün de bu nedenle düşük olmasından dolayı) yeniden aşılanan sahalarındaki yeni nesillerde kendileşme görülmeyeceği ve görülmeyeceğidir. Bu ana temalardan üçüncüsü, sahadaki yavruların genetik örnek alınamaması yüzünden gerçekleştirilememiştir. Ancak on yılla adlandırılabilen bir zaman sonra, yeniden aşılanan toplumdan genel bir dikkat örneklemesi yapılması, kendileşmenin boyutu hakkında aydınlatıcı bilgiler verecektir.

Genetik çalışmalarla ele alınan sorulara yanıt bulmak için nötr ve yüksek polimorfizme sahip işaretleyiciler olan mikrosatelit lokusları kullanılmıştır. Bu sayede kurucu toplum büyüğünün yarattığı genetik sürüklennenin izlerinin daha net bir şekilde sürüleceği düşünülmüştür.

## **GEREÇ ve YÖNTEM**

Çalışmanın genetik ve ekolojik olmak üzere iki ana kismı bulunmaktadır. Bu nedenle gereçler ve yöntemler bu iki ana başlık altında ayrı ayrı ele alınacaktır.

### **GENETİK GEREÇLER ve YÖNTEMLER**

Ankara-Nallıhan ve Karaman-Karadağ'a taşınan bireylerin çoğundan toplanan doku örnekleri % 95'lik etanol içerisinde saklanmıştır. Bu nedenle dışkı örneklemesi yapılmasına gerek duyulmamıştır. Yeni doğan yavrularдан alınması planlanan doku örnekleri ise yavruların kısa sürede – doğumdan 2-3 gün sonra – analarını takip eder hale gelmelerinden dolayı ve de bu 2-3 günlük süre içerisinde anaların ulaşılamaz tıpte mevkilerde yavrularını saklamasından ötürü gerçekleştirilememiştir.

#### **DNA Özütlemesi**

Doku örneklerinden DNA özütlemesi için ise Qiagen DNA Tissue Kit adındaki özütleme paketi kullanılarak yapılmıştır.

#### **Mikrosatellit Çalışması**

Çalışma ek olarak 200 cm² ve 400 cm² boyutlu örneklerden özütleme işlemi yapılmıştır. Genetik çeşitliliğin belirlenmesi için mikrosatellit polimorfizminden yararlanılmıştır. Bunun için 11 adet mikrosatellit lokusu çalışılmıştır. Bu lokuslar daha önceki çalışmalarımızda kullandığımız ve polimorfizm gösteren lokuslar olup adları şunlardır: OarFCB226, OarAE119, ILSTS011, SRCRSP8, ADCYAP1, CP20, FCB128, BM415, SRCRSP3, MAF214 (Özüt, 2001; Luikart ve ark. 1999; Crawford ve ark. 1994).

#### **Elktroforez ve Görüntüleme**

Elde edilen PCR çoğaltımı ürünlerini floresan işaretli nükleotidlerle işaretlenmiş ve poliakrilamid jel elektroforeziyle genotipler belirlenmiştir.

#### **İstatistiksel Analiz**

Elde edilen verilerin istatistiksel analizleri hakkında detaylı açıklamalar sonuç bölümünde ayrıntılı olarak verilmiştir.

### **EKOLOJİK GEREÇLER ve YÖNTEMLER**

Yeniden aşılanan toplumlarındaki demografik ve ekolojik veriler, radyo-vericili tasla taşıyan bireylerin haftalık olarak yapılan arazi çalışmalarında konumlarının belirlenmesi ve gözlenmeleri yoluyla elde edilen konumsal nokta verilerinin, çalışma alanının sayılaştırılan topografik haritalarından elde edilen eğim, baktı gibi parametrelerle birlikte analiz edilmesiyle elde edilmiştir. Bu analizler için ArcGIS 9.2 (ESRI) coğrafi bilgi sistemleri programı ile RAMAS toplum yaşayabilirlik analizi programlarından yararlanılmıştır. İzlenen bireylerin yaşam alanları Animal Movements (HOOG, 1999) programı ile analiz edilmiştir. Habitat kullanımı ile ilgili analizler ise RSW (LEBAN, 1999) programı ile analiz edilmiştir.

Radyo telemetri test çalışmaları sonunda, arazinin engebeliliğinden kaynaklanan sinyal yansımaları, üç açılı radyo telemetri ile düşük hata paylı konum verisi toplamanın neredeyse imkansız olduğunu ortaya koymuştur. Bu nedenle Ekim 2007'de başlayan izleme çalışmasında haftalık sıklıklarla arazi çalışmaları yapılmış ve tasmalı her birey en az bir kere gözlenmiş ve konum verisi arazi haritalarına düşük hata paylı olarak (10-50m dik uzaklık hata payı) kaydedilmiştir.

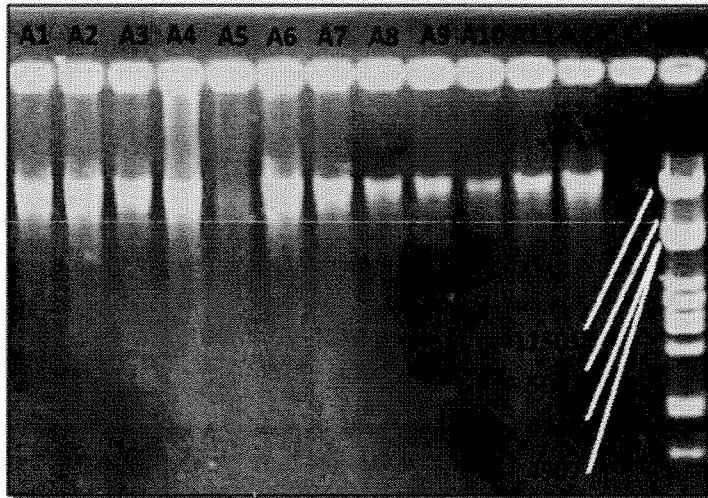
## BULGULAR

### GENETİK BULGULAR

Genetik çalışmalarının doku örneklemesini takip eden aşamaları, DNA özütlemesi, fragman analizi ve genotiplemeden oluşan laboratuvar çalışmalarının ardından elde edilen verilen istatistiksel analizlerinden oluşmaktadır.

### DNA ÖZÜTLEMESİ

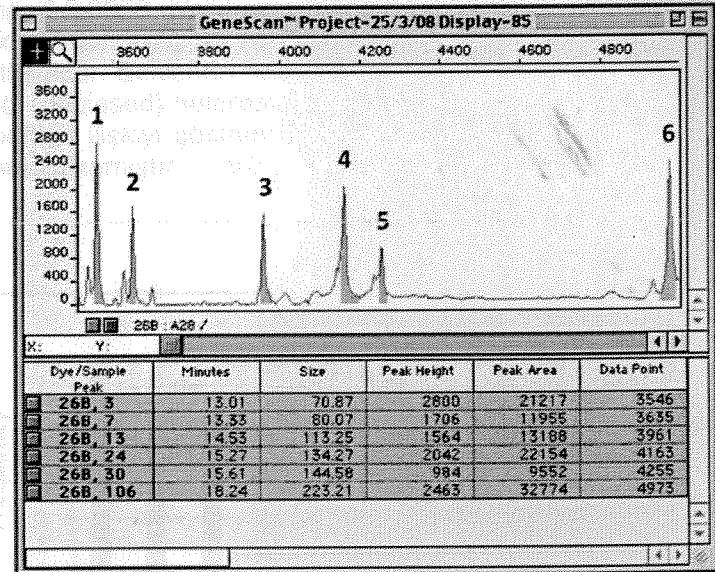
Toplam 172 birey için doku örneklerinden yapılan DNA özütlemesinin tamamı başarılı olmuştur. Örneklenen her birey tüm lokusları için analiz edilmiştir. Doku dışında herhangi bir türlü örneklemeye (örneğin dışkı) DNA özütlemesi için kullanılmamıştır. DNA özütleri %2 lik agarose jel ve ek olarak 260 nm ve 280 nmlik dalgaboyu olan spektrofotometre ile araştırılmıştır. Fakat, DNA içerikleri genelde 10 ila 100ng/ $\mu$  arasında değişen düşüklükte olduğundan özütleme işlemi için oldukça küçük örnek boyutları kullanılmıştır. Genellikle zincirleme polimeraz tepkimesi tübü için 50ng lik DNA önerilmesine rağmen, DNA seyreltme herhangi bir PCR araştırmasına uygun yapılmadı. Şekil 3.1 de 12 örnektenden elde edilen DNA özütlerinin jel elektroforezi sonucu gösterilmektedir. Jel kontrollerinde spektrofotometre sonuçlarına ek olarak örnekler arasındaki DNA miktarındaki değişim de incelenmiştir. Bununla birlikte, PCR amplifikasyonlarında (büyütme) düşük DNA içeren örnekler de oldukça iyi çalışmıştır. Tüm agarose jel denetimleri bir kontrol grubu ile işaret grubu içermekteydi. Jel elektroforezi için jel elektroforezi için kullanılan işaretleyici, Lambda DNA/PstI Marker<sup>®</sup> Fermentas isminde, 15-11501bp arasında bir aralığı bulunan bir işaretleyicidir. Agaros jel elektroforezi sırasındaki kontrol gruplarından hiç birinde kontaminasyon belirtisi bulunmamıştır, bu da DNA özütlemesindeki replikasyondan kaçınıldığını belirtir.



**Şekil 1. Agaroz jel elektroforezi sonuçlarına örnek.** 12 DNA özütlemesi gösterilmekte. Burada "C" kontrol grubunun şeridini göstermektedir ve kontaminasyon içermemektedir. "M" işaretleyiciyi (DNA/PstI Marker® Fermentas) belirtmektedir ve bantlar (arası 15-11501 arasında olan) baz çiftleri uzunluklarına göre işaretlenmiştir. A5 için DNA bandı çok düşük bir yoğunluğa sahip olmasına rağmen parça analizi ve genotipleme bu örnekte başarılı olmuştur.

## FRAGMAN ANALİZİ & GENOTİPLEME

Fragman analizi neredeyse tüm bireylerde, tüm lokuslarda başarılı olmuştur. Fragman analizi ABI PRISM® 310 Genetik Analizcisi kullanılarak ve genotipleme sonuçları Genescan® Analizi yazılım programı kullanılarak izlenmiştir. Şekil 2 tipik bir fragman analizi çıktısını ve örneklerin birinden alınan, aynı boyaya işaretlenen 3 lokusun geneotiplemesini örneklemektedir. Analiz edilen, toplamda 1892 (11\*172) PCR ürününden, sadece 24 ürün, zayıf amplifikasyon sebebi ile genetopilenmemiştir. Zayıf amplifikasyon çok düşük floresan tepecikleri oluşturabildiğinden geneotipleme için uygun değildir. Genelde, 200 fu dan düşük floresan tepecikleri doğru genotipleme için güvenilir bulunmazlar ve görmezden gelinirler. Özellikle, SRCRSP3 / ADCYAP1 / JMP29 lokusları için 1 birey; ILSTS011 lokusu için iki birey; SRCRSP8 lokusu için 4 birey; BM1443 lokusu için 15 birey genetopilenmemiştir. Fragman analizi az miktarda nonspesifik amplifikasyonlarla sonuçlanmasına rağmen neredeyse tamamen, oldukça açık sonuçlar ortaya çıkarmıştır. Ayrıca, amplifiye edilmiş lokuslar çoğunlukla başarısız genotipleme olasılığını azaltan, yüksek floresan tepecikleri elde etmektedir.



**Şekil 2. Genescan® Analizi sonuçları örnekleri.** Bu örnek A28 örneğinin 6-FAM ile işaretlenmiş 3 lokus için (OarCP20, OarFCB226, BM1443) fragman analizidir. Yüksek floresan tepecikleri 1 den 6 ya kadar işaretlenmiştir. İlk (70.87bp) ve ikinci (80.07bp) yüksek floresan tepecikleri, OarCP20 için heterozigotluk durumunu göstermektedir. Dördüncü (134.27bp) ve beşinci (144.58bp) yüksek floresan tepeciği OarFCB226 için heterozigotluk durumunu gösterirken, altıncı yüksek floresan tepeciği (223.21bp) BM1443 için homozigotluk durumunu belirtmektedir. Üçüncü yüksek floresan tepeciği (113.25bp) nonspesifik bir amplifikasyon belirtmekte olduğundan genotiplerde yok sayılılmıştır

## İSTATİSTİKSEL SONUÇLAR

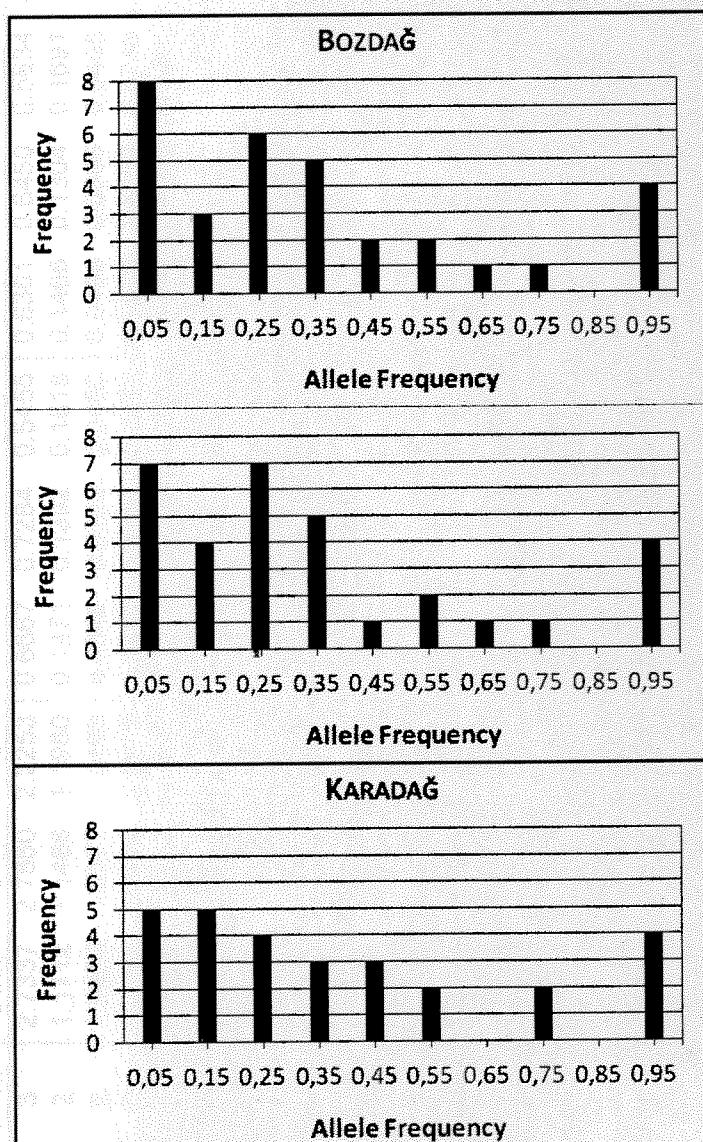
### Genetik Çeşitlilik

Temel genetik çeşitlilik ölçütleri GENEPOP, POPGENE, ARLEQUIN, ve FSTAT programları ile değerlendirilmiştir. Ana toplum olan Bozdağ toplumunda BM1443 harici tüm lokuslar polimorfiktir. Nallıhan toplumunda da benzer durum gözlenirken, Karadağ toplumunda 2 tane monomorfik lokus: BM1443 ve SRCRSP3, görülmüştür. Dolayısıyla, polimorfik lokusların ( $P$ , 99% criterion<sup>1</sup>; NEI ve ark., 1975) oranı sırasıyla Bozdağ ( $N = 172$ ) için 0.9091; Nallıhan ( $N = 81$ ) için 0.9091, ve Karadağ ( $N = 22$ ) için 0.8182 idir. Toplamda, 11 mikrosatalit lokus için 32 farklı alel tespit edilmiştir.

Bozdağ ve Nallıhan için ortalama alel sayısı ( $n_k$ ) 2.9091 iken, Karadağ toplumunda 4 alel eksik olduğundan dolayı Karadağ toplumundaki sayı, 2.5455, daha düşüktür. Esasen, bu 4 alelin 3 tanesi Bozdağ ve Nallıhan toplumlarda da nadir ( $f < 0.05$ ) alellerdir. Nadir allelelerin sayısı ( $A_R$ ) hem Nallıhan toplumları için 5 ( $\approx 16\%$ ) bulunmuştur; Karadağ toplumunda ise bu sayı 2 ( $\approx 7\%$ ) dir. Her lokus için ve ortalama etkin (ya da beklenen) alel sayısı ( $A_E$ ; KIMURA & CROW, 1964) ayriyeten hesaplanmıştır; Bozdağ, Nallıhan, ve Karadağ toplumları için sırasıyla

<sup>1</sup> Bir lokus, en yaygın alelin frekansı 0.99'dan küçük olduğunda polimorfik kabul edilmiştir.

2.0250, 2.0592, ve 1.8809 değerleri bulunmuştur. Aynı sırayla, ortalama gözlenen heterozigotluk ( $H_o$ ); 0.3830, 0.4086, 0.3388 dir. NEI'nin (1973) Bozdağ toplumu için beklenen heterozigotluk değeri 0.3956, Nallıhan toplumu için 0.4052 ve Karadağ toplumu için 0.3607 dir. Sonuç olarak, ortalama  $H_o$  ve  $H_e$  ölçümü Nallıhan toplumu için en yüksek, Karadağ toplumu için en düşüktür. Beklenen heterozigotluk LEVENE (1949) algoritmasına göre, ki NEI'nin (1978) bias-sız (unbiased) heterozigotluk değerlendirmesine eşit, ayrıca hesaplanmış ve toplumlar arası benzer ilişkisi göstermiştir. Polimorfizim bilgi içeriği (PIC), BOTSTEIN ve ark. (1980) na göre hesaplanmıştır. Tablo 1 lokusa özel ve tüm toplumlardaki ortalama değerler özetlenmiştir.



**Şekil 3. Çalışılan alanlardaki alel frekansı dağılımı histogramları.** Sınıf aralığı genişliği = 0.1. Toplam alel sayısı ( $A_T$ ) aynı sırada 32, 32, ve 28. Benzer alellerin sayısı ( $A_C$ ) 27, 27, and 26. Nadir alellerin sayısı ( $A_R$ ; %5 criterion) ise 5,5, and 2.

Tablo 1. Bozdağ, Nallıhan ve Karadağ toplumlarındaki genetik çeşitlilik.

LOCUS	Boz.	A	NAL.	KAR.	BOZ.	A <sub>E</sub> *	NAL.	KAR.	BOZ.	NAL.	KAR.	BOZ.	NAL.	KAR.	$H_e^{\dagger}$	$H_e^{\ddagger}$
OarJMP29	3	3	3	2.7337	2.7860	2.2253	0.6667	0.7284	0.5455	0.6361	0.6450	0.5634	0.6362	0.6411	0.5506	0.55911
ILSTS011	2	2	2	1.1712	1.1488	1.1980	0.1471	0.1392	0.1818	0.1466	0.1304	0.1691	0.1462	0.1295	0.1653	0.1355
OarFCB128	2	2	2	1.0476	1.0377	1.0465	0.0349	0.0123	0.0455	0.0456	0.0366	0.0455	0.0454	0.0364	0.0444	0.0445
SRCRSP8	3	3	3	2.2167	2.3636	2.2776	0.5119	0.5195	0.7273	0.5505	0.5807	0.5740	0.5489	0.5769	0.5610	0.4699
MAF214	5	5	5	3.9220	3.8380	3.7231	0.7442	0.8395	0.7273	0.7472	0.7440	0.7484	0.7450	0.7394	0.7314	0.7006
ADCYAP1	4	4	3	2.9074	2.9595	2.7816	0.6023	0.6125	0.5909	0.6580	0.6663	0.6554	0.6560	0.6621	0.6405	0.5829
OarCP20	2	2	2	1.8665	1.9156	1.5414	0.4186	0.4198	0.2727	0.4656	0.4809	0.3594	0.4642	0.4780	0.3512	0.3565
BM415	3	3	3	1.6133	1.7369	1.5292	0.3663	0.4321	0.2273	0.3813	0.4269	0.3541	0.3802	0.4242	0.3461	0.3485
SRCRSP3	3	3	1	1.1176	1.1623	1.0000	0.0994	0.1250	0.0000	0.1056	0.1405	0.0000	0.1052	0.1396	0.0000	0.1002
OarFCB226	4	4	3	2.6786	2.7028	2.3667	0.6221	0.6667	0.4091	0.6285	0.6339	0.5909	0.6267	0.6300	0.5775	0.5635
BM1443	1	1	1	1.0000	1.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
mean	2.9091	2.9091	2.5455	2.0250	2.0592	1.8809	0.3830	0.4086	0.3388	0.3968	0.4077	0.3691	0.3956	0.4052	0.3607	0.3510
st.dev.	1.1362	1.1362	1.1282	0.9537	0.9451	0.8758	0.2717	0.2977	0.2775	0.2755	0.2785	0.2779	0.2746	0.2767	0.2716	0.2460

<kısaltma/> A, alel çeşitliliği;  $A_E$ , etkin alel sayısı;  $H_o$ , görünen heterozigotluk;  $H_e$ , beklenen heterozigotluk;  $P/C$ , Polimorfizm Bilgi İçeriği; st.dev., standart sapma; BOZ., Bozdağ; NAL., Nallıhan; KAR., Karadağ.

\* KIMURA & CROW (1964).

† Computation by LEVENE's (1949) algoritması.

‡ NEI's (1973) algoritması.

\*\*  $H_o - H_e$  (örn. Bozdağ $H_e$  (Levene (1949) or NEI (1973))) Two-tailed paired t-test (çift taraflı eşli t test) ile karşılaştırımları tüm toplumlar içi anlamlı olmayan (nonsignificant) p- değerleri ortaya çıktı.

\*\*\* PIC <http://www.genomics.liv.ac.uk/animal/Pic1.html> deki ana toplumun verisi kullanılarak hesaplandı, BOTSTEIN ve ark. (1980).

## Genetik Yapı

Mes. Ercan

Dr. M. Nallıhan

### Hardy-Weinberg Dengesi

Hardy-Weinberg dengesi GENEPOP and ARLEQUIN programları ile test edildi. GENEPOP simülasyonları için, 5 alelden az alel içeren lokuslarda LOUIS & DEMPSTER (1987) in bütün numaralama algoritması kullanıldı. Bu, bu çalışma için çok faydalıydı, çünkü MAF214 dışında tüm lokuslar 5 den az alel içeriyordu. 4 ten fazla alel içeren lokuslar için, GUO & THOMPSON (1992) in Markov chain (MC) algoritması kullanıldı. Fakat, ARLEQUIN sadece sonraki algoritmayı kullanmaktadır. Analizler tüm veri kullanılarak (172 örnek) yapılmıştır. Nallıhan ve Karadağ toplumları tüm veri setinin iki ayrı altseti olduğundan, HWE testi Nallıhan ve Karadağ toplumları için ayrıca yeniden uygulanmamıştır.

Her iki metodla yapılan Hardy-Weinberg testleri sonuçları neredeyse eş ve birbirini destekler niteliktedir. BM1443 momomorfik bir lokus olduğundan tüm hesaplamalarda görmezden gelinmiştir. SRCRSP8 (GENEPOP,  $p = 0.0429$ ; ARLEQUIN,  $p = 0.0441$ , s.d. = 0.00063) dışında tüm lokuslar HW dengesine işaret etmiştir. Ek olarak, heterozigotluk eksikliği ve heterozigotluk fazlalığı ile ilgili  $p$ -değerleri GENEPOP programı ile hesaplanmıştır. Benzer şekilde, tüm veri seti analiz edilmiştir. SRCRSP8 yine, heterozigotluk eksikliği ( $p = 0.0117$ ) gösterdiği bulunan tek lokus olmuştur. Geri kalan lokusardan hiç biri heterozigotluk eksikliği göstermemiştir. Ayrıca, tüm lokuslar toplanarak yapılan global teste Bozdağ toplumu için güçlü bir heterozigotluk eksikliği ( $p = 0.0151$ , s.e. = 0.0017) ortaya çıkmıştır. Sonuçlar Tablo 2'de ayrıntılandırılmıştır.

**Tablo 2. HWE testi sonuçları**

LOCUS	HW Exact Test		
	CE	MC	MC <sup>†</sup>
OarJMP29	0.3484	0.3477	0.3414 (0.00146)
ILSTS011	1.0000	1.0000	1.0000 (0.00000)
OarFCB128	0.0798	0.0799	0.0793 (0.00083)
SRCRSP8	0.0423*	0.0429*	0.0441* (0.00063)
MAF214	0.9828	0.9830	0.9822 (0.00041)
ADCYAP1	0.2403	0.2424	0.2542 (0.00138)
OarCP20	0.1924	0.1913	0.2054 (0.00141)
BM415	0.5697	0.6113	0.6128 (0.00144)
SRCRSP3	0.4107	0.4119	0.3976 (0.00158)
OarFCB226	0.7371	0.7364	0.7346 (0.00124)
BM1443	-	-	-
mean	0.2798	0.2881	-

\* Örnek sayısızlığından kaynaklanan.

<sup>†</sup> Çift taraflı test.

LOCUS Toplular arası farklılıklar Genotiplerinlerin %'ları	Het. Excess		Het. Deficiency	
	CE	MC	CE	MC
OarJMP29	0.2154	0.2156	0.7866	0.7876
ILSTS011	0.3260	0.7232	0.6740	0.6739
OarFCB128	0.9982	0.9983	0.0798	0.0801
SRCRSP8	0.9884	0.9885	0.0118	0.0117
MAF214	0.4601	0.4554	0.5383	0.5400
ADCYAP1	0.9135	0.9139	0.0869	0.0874
OarCP20	0.9320	0.9314	0.1222	0.1217
BM415	0.6986	0.7011	0.3014	0.3058
SRCRSP3	0.9186	0.9183	0.3761	0.3763
OarFCB226	0.5641	0.5679	0.4381	0.4384
BM1443	-	-	-	-
GLOBAL TEST	Het. Excess		Het. Deficiency	
	MC	MC	MC	MC
	0.9850 (0.0019 <sup>#</sup> )		0.0151 (0.0017 <sup>#</sup> )	

<kısaltma> CE, toplu numaralandırma ; MC, Markov Chain.

† ARLEQUIN ile hesaplanmıştır (dememorization = 10000; MC steps= 100000).

Parantezdeki standart sapmalarıdır.

Tüm diğer hesaplamalar GENEPOP ile yapılmıştır.(dememorization = 1000; # diziler = 1000; dizi başı tekrarlama = 10000)

‡ Standart hata.

\* Belirgin değişiklik,  $p < 0.05$ .

### Etkin Toplum Büyüklüğü (Effective Population Size)

Etkin toplum büyülüğu hesaplamalarında NEESTIMATOR ve LDNE programları kullanılmıştır. İlk program bağıntı dengesizliği ve heterozigotluk fazlalığı metodlarını kullanırken, sonraki program sadece bağıntı dengesizliği metodunu kullanır. (Tablo 3).

**Tablo 3.** Bozdağ toplumu için  $N_e$  (etkin toplum büyülüğu) tahminleri

Program	Method	Est. $N_e$	95% CI
LDNE *	Linkage	226.9	[108.2, 1250.1] <sup>†</sup>
NEESTIMATO	Disequilibrium	207.7	[122.4, 481.4]
NEESTIMATO	Heterozygote Excess	infinity	[infinity, infinity]

\* Üreme modeli rasgelemdir. En düşük alel frekansı kullanılmıştır.  $\geq 0.00$ .

† CI according to Jackknife on loci. Parametric 95% CI = [102.4, 1931.6].

## Karşılaştırma Testleri

### Toplumlar arası karşılaştırma

Karşılaştırmalar 3 toplum arasında yapılmıştır: Bozdağ ( $N = 172$ ), Nallıhan ( $N = 81$ ) ve Karadağ ( $N = 22$ ). Gözlenen ( $H_o$ ) ve beklenen ( $H_e$ ) heterozigotluk seviyeleri, ve alel çeşitliliği ( $A$ ) eşli t testi ile karşılaştırılmıştır.

Karadağ toplumu ile yapılanlar dışında  $A$  ve  $H_o$  arasındaki karşılaştırmaların tamamı anlamlı sonuçlar ortaya çıkarmıştır. Bu durumun, Karadağ'a giden bireylerden yalnız üçte birinin ömeklenmiş olmasından kaynaklanan bir yanlış yönlendirmeden kaynaklanması oldukça olasıdır. Eğer Karadağ bölgesinde Nallıhan gibi tüm bireyler ömeklenmiş olsaydı, karşılaştırmada Karadağ'ın belirgin farklılık göstermesi beklenmezdi.

**Tablo 4.** Çalışılan alanlardaki genetik çeşitlilik karşılaştırmaları için  $P$ -değerleri.

İkili	$A$	$H_o$	$H_e^†$	$H_e^‡$
B <sub>1</sub> -N	◊	0.0428*	0.0875	0.1315
B <sub>1</sub> -K	0.1039	0.2393	0.0814	0.0329*
N-K	0.1039	0.1193	0.0516	0.0280*

<kısaltma/>  $A$ , alel çeşitliliği;  $H_o$ , gözlenen heterozigotluk;  $H_e$ , beklenen heterozigotluk;  $B$ , Bozdağ;  $N$ , Nallıhan;  $K$ , Karadağ.

† LEVENE'nin (1949) beklenen heterozigotluğu.

‡ NEI'nin (1973) beklenen heterozigotluğu.

◊ Karşılaştırma çıkartılmış.

\*  $p < 0.05$ .

### Kapanlar arası karşılaştırma

Kapanlar arasındaki genetik çeşitlilik karşılaştırmaları için  $p$ -değerlerine bakıldığından B<sub>1</sub>-K ( $p = 0.0816$ ) çifti haricinde alel çeşitliliği ( $A$ ) karşılaştırmalarında yüksek  $p$ -değerleri ortaya çıkmış, bu da farklı kapanlarda yakalanan gurupların genetik çeşitliliği arasında anlamlı bir farklılığın bulunmadığını göstermiştir.

**Tablo 5.** Kapanlar arasındaki genetik çeşitlilik karşılaştırmaları için  $P$ -değerleri

İkili	$A$	$H_o$	$H_e^†$	$H_e^‡$
K-B	0.5884	0.6385	0.3098	0.3030
K-G	0.1669	0.5671	0.7822	0.4909
B-G	0.5884	0.8875	0.3510	0.5244
B <sub>1</sub> -K	0.0816	0.5782	0.5600	0.2734
B <sub>1</sub> -B	0.1669	0.7971	0.3295	0.5798
B <sub>1</sub> -G	0.3409	0.6587	0.4944	0.4070

<kısaltma/>  $A$ , alel çeşitliliği;  $H_o$ , gözlenen heterozigotluk;  $H_e$ , beklenen heterozigotluk; KAPANLAR K., Karanlıdere; B., Bağderesi; G., Gölet; TOPLUM B, Bozdağ.

† LEVENE'nin (1949) beklenen heterozigotluğu

‡ NEI's (1973) beklenen heterozigotluğu

Yeniden taşınmış toplumlarda yapılan genetic çeşitlilik analizleri kaynak toplumdaki çeşitlilikle benzer sonuçlar vermektedir.

## EKOLOJİK BULGULAR

Demografik analizler için dişilere ait veriler kullanılarak yaşayabilirlik modeli kurulmuştur. Bu modelde dişiler altı yaş sınıflına ayrılmıştır: yenidoğan kuzular, daha yaşlı kuzular, 1 yaşılılar, 2 yaşılılar, 3 yaşılılar, ve a 3+ yaş kompozit yaş sınıfı. Yakalama sırasında çekilen kesici diş fotoğrafları dişilerin 3 yaşına kadar yaş tayininin yapılmasına olanak vermiştir (Kaya, 1989). Bu modeli oluştururken, proje dönemi öncesindeki yıllarda da elde edilen veriler, modelin bütünlüğünü sağlamak amacıyla kullanılmıştır.

## YAŞAMA BAŞARISSI

Dişilerin yaşama başarısı Mayfield yöntemi ile belirlenmiştir. Buna göre aşağıdaki formülden yararlanılmıştır.

$$Sy = \left[ 1 - \frac{\text{Ölülerin sayısı}}{\text{Toplam gözlem günü}} \right] 365 *$$

\* Bu sayılar genel olup, her yıl değişebilmektedir.  
(Büyük bir sayıya sahip olanlar 365'ye bölündükten sonra 1'e yakın bir sayı elde edilecektir.)

\* Tüm bireyler için 365 gün kullanılmamıştır.

2007 salımı için: 300 gün

2006 salımı için: 90 gün

2005 salımı için: 365 gün

Yaşama başarısının gözlem süresi boyunca sabit olduğu varsayılmıştır. Tasmalı dişiler ve bunlara ait yaşadıkları gözlem günü sayısı Tablo 6'da verilmiştir. Gözlemler haftalık olmakla beraber, hesaplama kolaylığı açısından günlük olarak alınmıştır. Yaş sınıflarına ait yaşama başarıları Tablo 6'da verilmiştir.

## DOKÜMENTASYON

Dosyaların hazırlanması, 2007 yılından itibaren başlamıştır. Bu dosyaların hazırlanması, 2007 yılından itibaren başlamıştır.

Tablo 6. Yaş sınıfları ve yaşam başarıları	2007	2006	2005
Yıl Etkisi	0.99	0.99	0.99
Yaşamı Değerlendirme	0.99	0.99	0.99
Gözlemler Değerlendirme	0.99	0.99	0.99
İşaretlenen Yüzde	0.99	0.99	0.99
İşaretlenen Günde Sayı	0.99	0.99	0.99
Toplam Günde Sayı	0.99	0.99	0.99

**Tablo 6.** Tasmalı dişilerin yaşama gözleme verileri

Birey	Yaş	Başlangıç	Bitiş	Gün Adedi	Durumu <sup>1</sup>
624*	1	15.09.2007	27.06.2008	286	1
955	1	15.09.2007	25.09.2007	10	0
895	1	15.09.2007	25.09.2007	10	0
836	2	15.12.2006	01.02.2007	48	0
505*	2	15.09.2007	27.06.2008	286	1
585	2	15.09.2007	27.06.2008	286	1
606	2	15.09.2007	27.06.2008	286	1
836*	2	15.09.2007	27.06.2008	286	1
445	2	27.10.2005	01.02.2006	97	0
645	3	15.12.2006	05.02.2007	52	0
666	3	15.09.2007	27.06.2008	286	1
694	3	15.09.2007	27.06.2008	286	1
855	3	15.09.2007	24.05.2008	252	0
624	3	27.10.2005	30.10.2006	368	0
505	3+	15.12.2006	01.02.2007	48	0
345	3+	15.09.2007	27.06.2008	286	1
466	3+	15.09.2007	27.06.2008	286	1
566	3+	15.09.2007	27.06.2008	286	1
715	3+	15.09.2007	27.06.2008	286	1
786	3+	15.09.2007	20.06.2008	279	0
486	3+	27.10.2005	01.11.2006	370	0

<sup>1</sup> 0: ölü, 1: canlı

\* Bu bireyler için aynı tasmalar kullanılmıştır (ölü olanlardan alınıp canlı olanlara takılarak)

**Tablo 7.** Yıllara göre yaş sınıflarının yaşama başarıları

YILLAR	YAŞ SINIFLARI					
	00	0	1	2	3	3+
2005	-	-	-	0,3660	0,3704	0,3724
2006	-	1,0000	0,7500	0,1503	0,1742	0,1503
2007	0,2222	0,5714	0,1398	1,0000	0,6947	0,8099
Ortalama	0,2222	0,7857	0,4449	0,5054	0,4131	0,4442

00 yaş sınıfı is yeni doğmuş kuzuları (0-20 günlük) belirtmektedir

## DOĞURGANLIK

Doğurganlık, Sezen, 2000'deki gibi hesaplanmış ve Tablo 8'de verilmiştir.

**Tablo 8.** Yaş sınıflarına özgü parametreler ve hesaplanan doğurganlık değerleri

Yaş Sınıfı	00	0	1	2	3	3+
Yaşama Başarısı	0,2222	0,7857	0,1398	1,0000	0,6947	0,8099
Üreyen diş başına yavru adedi	0,0000	0,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
Dişilerin yüzdesi	0,0000	0,0000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000
Üreyen dişilerin yüzdesi	0,0000	0,0000	0,0000	0,7500	0,6666	0,8000
Doğurganlık	0,0000	0,0000	0,0000	0,3750	0,2315	0,3239

Ardından, belirlenen yaş sınıflarına göre oluşturulan yaş sınıfı matrisi Tablo 9'da verilmiştir.

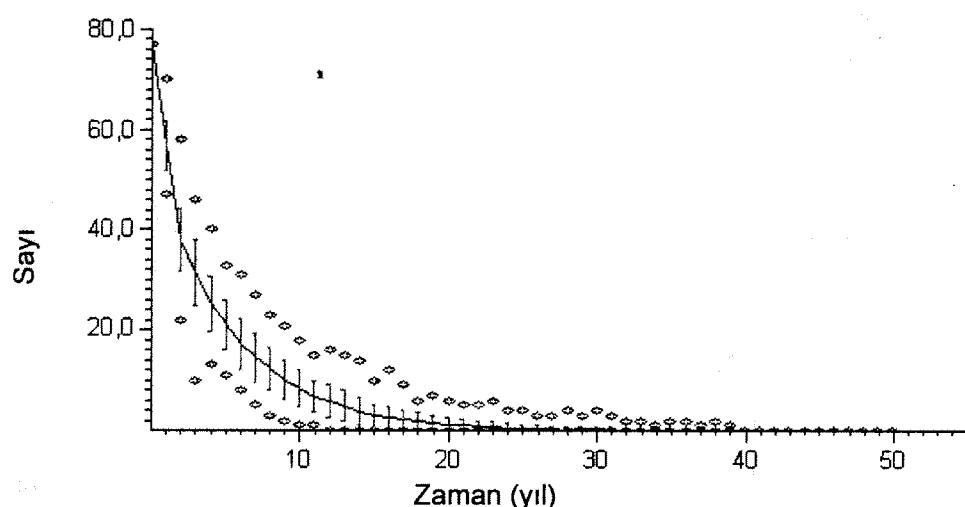
**Tablo 9. RAMAS programında kullanılan yaş sınıfı matrisi**

	00	0	1	2	3	3+
00	0	0	0	0,3750	0,2315	0,3239
0	0,2222	0	0	0	0	0
1	0	0,7857	0	0	0	0
2	0	0	0,1398	0	0	0
3	0	0	0	1	0	0
3+	0	0	0	0	0,4131	0,4442

## DEMOGRAFİK YAŞAYABİLİRLİK ANALİZLERİ

Modelde kullanılacak başlangıç toplum büyülüklüğü ve yaş sınıfı dağılımı için gözlem ve izeme kayıtlarından yararlanılmıştır. Mayıs 2008 itibariyle alanda 70-80 birey olduğu tahmin edilmektedir. Her yaş sınıfına giren birey sayısını tahmin etmek için tasmalı ve küpeli bireylerin yaş sınıfı dağılımları baz alınmış ve toplam toplum için şu sonuca varılmıştır: 00: 21, 0: 16, 1:7, 2:12, 3:10, 3+:11 toplam 77 birey.

RAMAS programına yüklenen veriler ile elde edilen nüfus projeksiyonu Şekil 4'te verilmiştir.

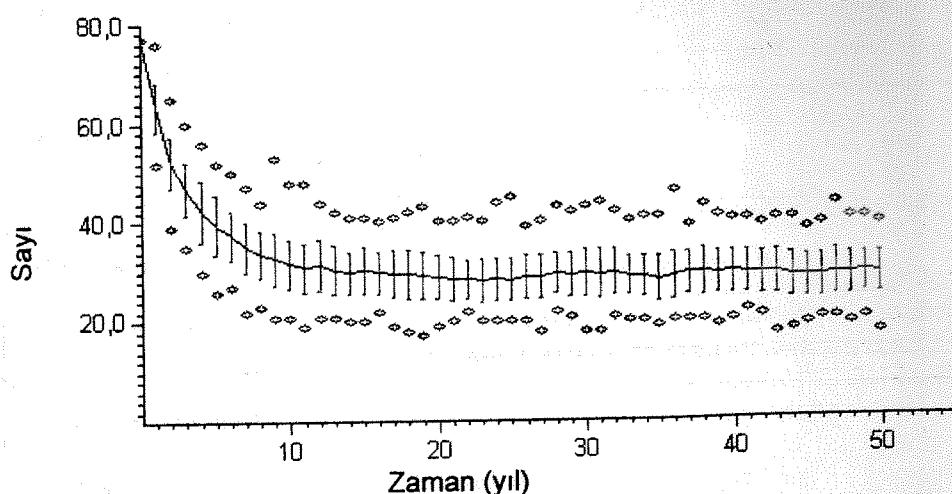


**Şekil 4. 50 yıllık bir projeksiyonda toplumun beklenen sayısal değişimi**

Buna göre, özellikle yavru yaşama başarısının düşüklüğü, düşük erişkin yaşama başarısı toplumun 20-30 yıllık bir süre içinde yokolacağını göstermektedir. Projenin amaçlarından biri olan koruma stratejileri oluşturmanın ilk önce dikkate alınması gereken konu bu parametreleri yükseltmek olmalıdır. Arazi gölzemelerinden elde edilen bilgiler ışığında düşük yavru yaşama başarısının en önemli iki sebebi özellikle kurt predasyonu ve yüksek yoğunluktaki evcil sürülerin yaban koynlarını özellikle doğum döneminde – ortak alan kullanımından dolayı – sıkıştırmalarıdır. Bu gözlemler ve sonuçlar, çözüm önerileri ile birlikte korumadan

sorumlu olan Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'ne yazılı raporlar halinde iletilmiştir.

Alınacak diğer bir önlem ise yine yapılan ek yaşayabilirlik senaryoları ile belirlenmiştir. Buna göre yılda toplam 6 bireyin (3 ve 3+ yaş sınıflarına dahil olan dişiler) her yıl Konya-Bozdağ kaynak toplumundan Ankara-Nallıhan'a taşınması ile, orta vadede, toplum büyülüğu belirli bir oranda sabitlenebilmektedir.



Şekil 5. Destekleyici birey senaryosunun projeksiyonu. 6 bireyin her yıl eklenmesiyle toplum büyülüğu 30-40 birey arasında sabitlenmektedir.

Yeni doğan yaşama başarısının, zamanla bu yeni alandaki tehditleri tanıယacak olan ergin dişilerin yenidoğmuş yavrularını daha güvenli alanlarda saklamaları ve evcil sürülerin kullanmadığı alanlarda yavrulamaları ile artması beklenir. Ergin bireylerin yaşama başarısının düşük olmasının en önde gelen nedeni ise kaynak toplumda yaygın olan paratüberküloz hastalığıdır. 2007 salımından sonar doğal nedenlerle ölen 5 bireyin tümü paratüberküloz testlerinde pozitif sonuçlara sahip olan bireylerdir (bu testler taşıma sırasında yapılmıştır). Fisher'in kesin testi, bu ölümlerin bu hastalıkla ilişkili olma olasılığı için istatistiksel olarak anlamlı sonuç vermiştir ( $p < 0,05$ ). Hastalığın yeniden aşılan toplumda, kaynak toplumda olduğu kadar bir yaygınlık şansı olmadığından (düşük nüfus yoğunluğundan dolayı) zaman içerisinde taşıyıcı bireylerin azalması ile toplumdaki hasta birey sıklığının azalması beklenir. Bu da hastalıkın Sariyar toplumu üzerindeki etkisinin Konya-Bozdağ toplumu üzerindeki etkisinden çok daha az olmasına neden olacaktır. Sariyar toplumu paratüberküloz hastalığından tamamen arınaması da yabani bir toplumun beslenme ve hareketliliğine takviyesi uygulaması sonlandırılabilicektir.

Bu nedenlerden dolayı, 5-10 yıllık bir süreç içerisinde yavru ölümleri ve paratüberkülozun baskın etkilerinin çok azalması beklenmektedir. Bunun sonucunda toplum doğal üretkenliğine ve yaşama başarısına kavuşacağından, her yıl ek birey takviyesi uygulaması sonlandırılabilicektir.

## HABİTAT SEÇİMİ

Anadolu yaban koyununun yeniden aşıldığı alandaki habitat tercihini belirli parametreler üzerinden belirlemek için, sayısal verilerin ve tasmalı birey konum noktası verilirini ArcGIS 9.2 (ESRI) yazılımı kullanarak yapılan analizlerle elde edilen kullanım-kullanılabilirlik (use-availability) sonuçları RWS (Resource Selection for Windows) (LEBAN, 1999) yazılımı ile istatistiksel olarak değerlendirildi. Bu değerlendirmelerde topografik unsurlar olarak eğim ve baktı, insan kaynaklı etkiler olarak yerleşim yerleri ve yollara olan uzaklık ile vejetasyonun etkilerini belirlemek üzere yer örtü tipi ve kapalılık parametreleri kullanıldı. Bu parametrelerin tümü sürekli değişkenler (continuous variables) olmalarına rağmen, habitat seçimi analizlerinde kategorik hale getirilerek kullanıldılar (Tablo 10).

**Tablo 10.** Habitat seçiminde kullanılan parametreler ve kategorileri

Değişken	Kategoriler
Eğim (derece)	0-5 (sıfır eğim), 5-15 (az eğim), 15-30 (Orta eğim), 30-45 (Yüksek eğim), > 45 (Çok yüksek eğim)
Baktı (360 derece)	0-90, 91-180, 181-270, 271-359
Görüş açılığı	0 (açık), 1 (az kapalı), 2 (orta kapalı), 3 (yoğun kapalı)
Uzaklıklar	100m, 500m, 1000m, >1000m

Habitat tercihi analizlerinden elde edilen sonuçlar aşağıda sıralanmış ve açıklanmıştır.

Eğim analizi anlamlı sonuçlar vermiş (Tablo 11) ve yaban koyunun düşük eğimli alanlardan kaçındığını, orta üstü eğimli alanları kullandığını göstermiştir. Bu beklenen sonucun yaban koyunlarının avcı türlere karşı korunma stratejisinden kaynaklandığı söylenebilir. Yokuş yukarı koşma yeteneği ve eğimli alanlarda uzak mesafelerin - ve genel olarak çevrenin - daha iyi görülebilmesi, yaban koyununun daha rahat bir şekilde kendini savunmasına olanak tanır. Ayrıca özellikle doğum döneminde dişi bireyler yavrulama ve yavru koruma için yüksek eğimli kayalık alanları tercih ederler.

**Tablo 11.** Eğim Analizi için Bonferroni istatistiği güven aralıkları

### Oran Verileri

Kaynak	Alt Limit	Üst Limit	Kullanılabilirlik	df	P değeri
sifir_egim	0.0334	0.0410	0.5440	Sakin	4 (P < 0.0001)
az_egim	0.1516	0.1664	0.2139	Sakin	4 (P < 0.0001)
orta_egim	0.3020	0.3207	0.1523	Tercih	4 (P < 0.0001)
yuksek_egim	0.4141	0.4341	0.0860	Tercih	4 (P < 0.0001)
cok_yuk_egim	0.0634	0.0736	0.0038	Tercih	4 (P < 0.0001)

Derece olarak: Sıfır eğim=0-5, Az eğim=5-15, Orta eğim=15-30, Yüksek eğim=30-45, Çok yüksek eğim > 45.

Bağı analizi de anlamlı sonuçlar ortaya koymuştur. Tablo 12'de de görüldüğü üzere anadolu yaban koyunları güney bakıları kuzey bakıları tercih etmiştir. Bunun bir nedeni izlemenin yapıldığı 9 aylık dönem olan Ekim 2007 – Temmuz 2008 periyodunda 6 aylık kişbaşı ve kişi dönemi olması daha sıcak olan güney bakıların tercih edilme nedeni olabilir. Ancak bunun yanında, alandaki en önemli su kaynağı olan Sarıyar baraj gölünün de alanın güneyini kaplıyor oluşu da ikinci önemli neden olabilir.

**Tablo 12.** Bağı Analizi için Bonferroni istatistiği güven aralıkları

Oran Verileri

Kaynak	Alt Limit	Üst Limit	Kullanılabilirlik	df	P değeri
0-90	0.0644	0.0744	0.2939 Sakın	3	(P < 0.0001)
91-180	0.2924	0.3104	0.2220 Tercih	3	(P < 0.0001)
181-270	0.4811	0.5007	0.2378 Tercih	3	(P < 0.0001)
271-359	0.1316	0.1451	0.2463 Sakın	3	(P < 0.0001)

Kaynak derece cinsinden yönü belirmektedir. Azimut (bir doğrultunun Kuzey ile saat yönünde yaptığı açı) değeri olarak da alınabilir.

Görüş açıklığı analizi sonuçları, yaban koyununun belirgin bir tercih ortaya koyduğu (tercih) ya da koymadığı (sakın) yönünde anlamlı bir sonuç vermedi. Bunun en önemli nedeni saha genelinde 0 ve 1 açıklığa sahip (görüş açıklığı yüksek olan) kesimlerin oranın çok yüksek olması ve kaynak/kullanılabilirlik analizinin bir tercihi ortaya çıkartmada bir handikap göstermesidir.

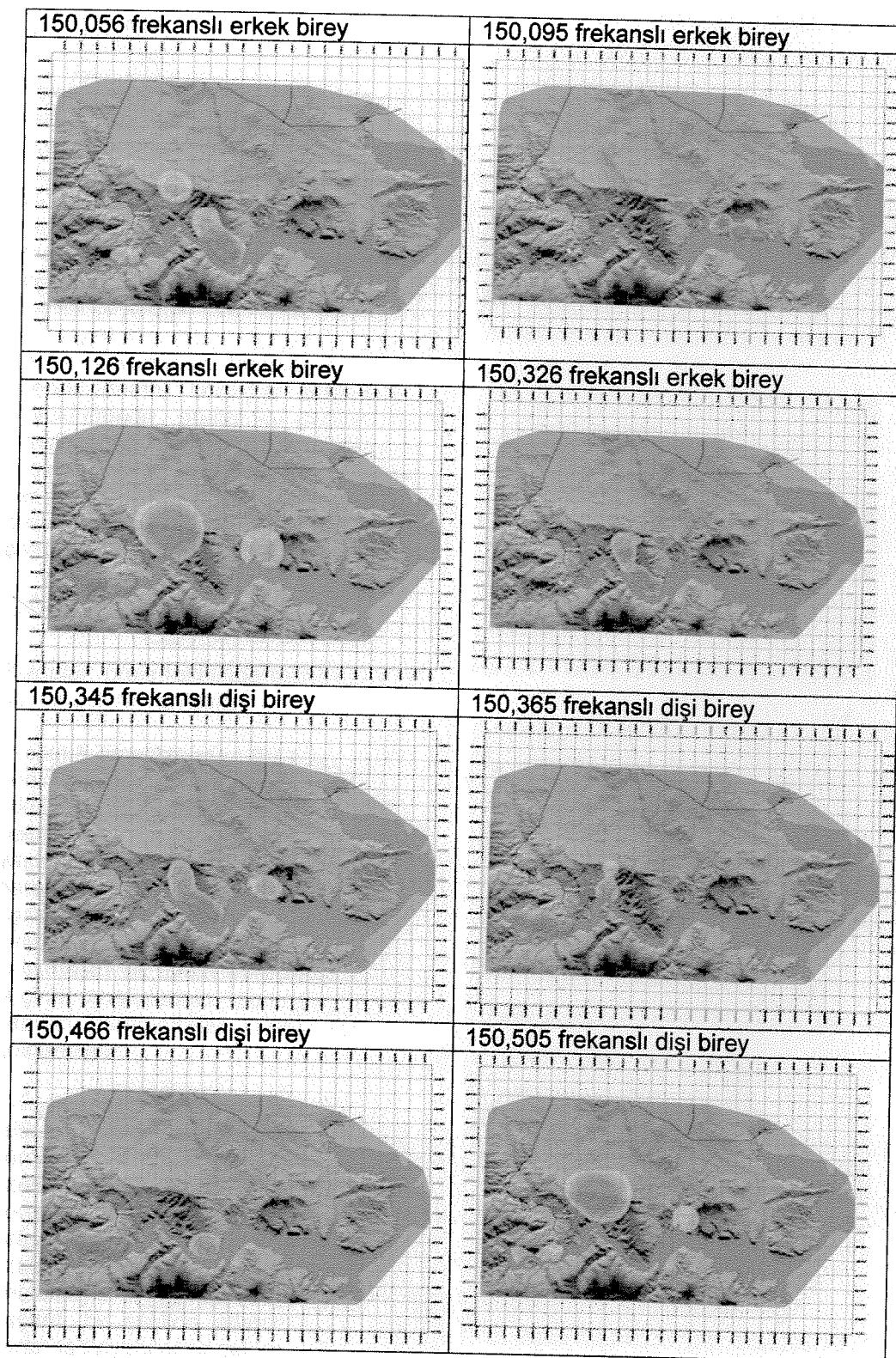
Uzaklıların analizinde yollara olan uzaklıklar anlamlı sonuç vermemiş ancak yerleşim yerlerine uzaklıklar 1000m ve üstü için anlamlı sonuç vermiştir ( $p<0.05$ ). Anadolu yaban koyunları yerleşim yerleri (köy, baraj tesisi, mesire yeri gibi) ile aralarına belirli mesafe koymaktadırlar.

Yer örtü tiplerinin dağılımı üzerine veriler kayalık ve ziraat alanları için sayısalştırılmış ancak kayalık, otluk ve taşlıkların dağılımı eldeki haritalar ve hava fotoğrafları kullanılarak saptanmadığından analize sokulamamıştır. Bunların dağılımini ortaya çıkartabilmek için alçaktan uçan bir araç ile yukarıdan fotoğraflama yapılması planlanmış ancak gerçekleştirilememiştir. Bu yüzden bu değişken sınıfı çalışma dışı bırakılmıştır.

## YAŞAM ALANI KULLANIMI

2007 yılı Ekiminde gerçekleştirilen doğaya salımdan sonra izlenmesine başlanan 26 tasmalı bireyden elde edilen konum verileri ArcGIS 9.2 (ESRI) yazılımının Animal Movements (HOOGE, 1999) uzantısı kullanılarak analiz edilmiştir. Bu analizlerde, varolan birçok yaşam alanı hesaplam yaklaşımının arasından Kernel tipi yaşam alanı yaklaşımı tercih edilmiştir. Bunun başlıca nedenleri arasında, yapılan çalışmaların ve karşılaştırmaların sonucunda Kernel hesaplamasının özellikle 50'den küçük örneklem büyülüklüklerinden olumsuz etkilenmemesi, otokorelasyonun sonuçları etkilememesi ve uç veriler (outliers) tarafından olumsuz etkilenmemesi gösterilmektedir (Millspaugh ve Marzluff, 2001).

Yaşam alanı hesaplamasına Kernel yaşam alanının en dış halkası olarak %90'lık dağılım kullanılmıştır. Yaşam alanı analizlerinin sonucunda yeniden aşılanan bir toplumdaki anadolu yaban koyunu bireyinin ortalama yaşam alanı  $2108 \pm 432$  (ortalama ± standart hata) ha. olarak hesaplanmıştır. Yaşam alanı büyülüğu 500 – 4700 ha. arasında değiştiği görülmüştür. Yaşam alanları birçok bireyde birbirinden ayrık 2-3 parça halinde ortaya çıkmıştır. Bunun başlıca nedeni, bireylerin, salımdan sonra mevsim geçişlerini takip eder şekilde yayılım alanlarını değiştirmeleridir. Yaşam alanı belirlenen tasmalı bireylerden bazılarının yaşam alanı haritaları Şekil 6'da verilmiştir.



**Şekil 6.** Yaşam alanı haritaları. 8 bireye ait (4 erkek, 4 dişi) yaşam alanlarının yeniden aşılama sahasındaki yerleri ve kapsamları. Yaşam alanları %50, %60, %70, %80 ve %90'lık konturlarla, kırmızıdan (yoğun kullanım) sarıya (daire seyrek kullanım) doğru renklendirilmiştir.

## TARTIŞMA

Projenin ana eksenini oluşturan genetik ve ekolojik çalışmaların sonuçlarına ulaşılmıştır. Yaban koyunun uyum sürecini etkileyen demografik değişimler ortaya konmuş ve alınması gereken önlemler belirlenmiştir. Yeniden aşılama çalışmasının genetik olarak başarılı olduğu gösterilmiştir. Yakalama yöntemleri ve taşınan birey sayısı, kurucu toplumun genetik çeşitliliğine olumlu etkide bulunmuştur. Ancak uyum sürecinin genetik olarak izlenmesine yararlardan örnek alınamaması dolayısıyla başlanamamıştır. Fakat ileriki yıllarda, toplumun genelinde yapılacak bir díşki örneklemesi çalışmasıyla, uyum aşamasında genetik çeşitliliğin nasıl etkilendiği ortaya çıkartılabilir.

Yaban koyunun tanınan bireylerinin düzenli olarak izlenmesiyle, ekolojisi üzerine önemli sonuçlar elde edilmiştir. Yaban koyunun yaşam alanının büyülüğünün gösterdiği değişkenlik ve kimi zaman büyük bir alanı içermesi, ihtiyaçlarının çeşitliliği ve gereksinim duyduğu habitatın özellikleri hakkında bilgiler vermiştir. Özellikle ilk defa geldiği ve tanımak zorunda olduğu alanlar olan yeniden aşılama alanlarında, daha da geniş bir dolaşım gösterebileceği ortaya çıkarılmıştır. Yeniden aşılama alanlarının seçiminde dikkate alınması gereken bazı önemli parametrelerin tercih değerleri saptanmıştır.

## SONUÇ

Bulgular, proje teklifinde beirlenen amaçlarla ilişkilendirilerek değerlendirildiğinde şu sonuçlara varılabilir:

Projenin amaçlarından ilki olan 'Anadolu yaban koyunun yaşayabilirliğinden ve yeni aşılandığı alanlara uyum sürecinde etkili olan parametreleri ve bunların etkilerinin göreceli büyülüklülerini demografik ve genetik izleme yöntemleriyle belirleme' amacıyla ulaşıldığı söylenebilir. Demografik olarak yeni doğan ve kuzu yaşama başarısı, toplumun yaşayabilirliğini etkileyen en önemli demografik parametre olduğu ortaya çıkmıştır. Genetik olarak, kurucu toplum olan yeniden aşılanan toplumun kaynak toplumdaki neredeyse tüm çeşitlilik sahip olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçların üzerine ilerde yapılacak olan genetik örneklemeye çalışmaları ile uyum sürecindeki genetik değişiklikler belirlenebilecektir. Habitat seçimi analizlerinin sonuçları, Ankara-Nallıhan sahasının, değerlendirmesi yapılan parametreler kapsamında, yeterli miktarda uygun ortam sağladığını göstermiştir.

Çalışmanın amaçlarından bir diğeri olan 'Elde edilen verileri kullanarak bilimsel kriterler çerçevesinde koruma stratejileri oluşturularak yaban koyunundan sürdürülebilir yararlanmanın uygunluğunu test edip, yaban koyunu toplumu üzerindeki etkilerini en aza indirmenin koşullarını belirleme' nin ilk kısmı gerçekleştirilmiştir. Yapılan toplum yaşayabilirlik analizleri ile koruma çalışmalarının, özellikle doğum dönemindeki evcil sürü ve avcı türleri sahadan uzak tutmaya yöneltmesi gereği; ve belirli yıllar boyunca kaynak toplumdan destekleyici birey taşınması gerekliliği belirlenmiştir. Ancak uyum sürecinin başarılı bir şekilde atlatılmasından sonra, yaban koyunlarından sürdürülebilir yarar sağlayabilecek çalışmalara gidilmesi doğrudır.

Amaçlardan bir diğeri olan 'Yaban koyunu (*Ovis gmelini*) üzerine bugüne kadar yapılmış araştırma ve uygulama çalışmalarının çoğunu gerçekleştirmiş olan Fransız araştırmacılar (INRA-Büyük Memeliler Laboratuvarı) ile ortak çalışarak Anadolu yaban koyunu üzerine literatürdeki boşluğu doldurmak' için, bu çalışmada ele alınan çalışmalar, kullanılan yöntemler ve yapılan değerlendirmeler, Fransa'daki Paul Sabatier Üniversitesi'nde (Toulouse) ikili

doktorasını sürdürmekte olan ve bu projede araştırcı olarak görev yapan Deniz Özüt'ün, Fransız araştırmacılarla birlikte çalışarak oluşturulmuştur. Elde edilen sonuçları kullanarak şu anda hazırlanmakta olan bilimsel yaynlarda Fransız araştırmacıların uzun yıllardır üzerinde çalışmakta oldukları yaban koyunu toplumları için elde ettikleri sonuçlar birlikte değerlendirilecek ve yaban koyununun koruma biyolojisine daha kapsamlı bir bakış sağlanmış olacaktır. Bu proje sonuç raporu hazırlanırken ikili çalışmalarдан ortaya çıkacak olan yayınlar da hazırlık aşamasında olduğundan burada referans olarak gösterilememektedir.

## REFERANSLAR

- AKÇAKAYA R.H., Bald Ibis (*Geronticus eremite*) population in Turkey: an evaluation of the captive breeding project for re-introduction, *Biological Conservation*, 51: 225-237, (1990).
- ARIHAN, O., Population biology, spatial distribution and grouping patterns of the Anatolian mouflon *Ovis gmelinii anatolica*, (M.Sc. Thesis), Middle East Technical University, Ankara,(2000).
- AVCI, M., İç Anadolu Bölgesi Ormanlarının Son Sığınakları: Karacadağ ve Karadağ Volkanlarının Bitki Örtüsü, (1999).
- BOTSTEIN D., White R. L., Skolnick M., Davis R. W., Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *American Journal of Human Genetics*, 32: 314-331, (1980).
- BOOM, R., Sol, C.J.A., and Salimans, M.M.M., Rapid and simple method for purification of nucleic acids, *Journal of Clinical Microbiology*, 28: 495-503, (1990).
- BURGMAN M. S., Lindenmayer D., The effect of the initial age-class distribution on extinction risks: implication for the re-introduction of Leadbeater's possum of Australian and New Zealand fauna, Surrey Beatty and Sons, Chipping Norton, New South Wales, Australia, (1995).
- BUSTAMANTE J., Use of simulation models to plan species re-introductions: the case of the Bearded Vulture in southern Spain, *Animal Conservation*, 1: 229-238, (1998).
- CARBYN L. N., Armbuster H. J., Mamo C., The swift fox re-introduction program in Canada from 1983 to 1992, Restoration of endangered species: conceptual issues, planning and implementation, ed: Bowles M. L. and Whelan C. J., Cambridge UP, Cambridge, UK, (1994). Pp: 247-269
- CREEDEN P. J., and Schmidt J. L., The Colorado desert bighorn reintroduction project: a status report, *Desert Bighorn Council Transactions*, 27: 14-19, (1983).
- CUGNASSE J. M., Development de nouvelles populations sauvages de moutons de Corse (*Ovis gmelinii musimon* var. *corsicana*) en Corse, a partie de sujets issus d'elevage, *Bulletin Mensuel de ONC*, 219: February 14-29, (1997).
- DUNHAM K. M., Population growth of mountain gazelles, *Gazella gazella*, re-introduced to central Arabia, *Biological Conservation*, 81: 205-214, (1997).
- FRITTS S. H., Bangs E. E., Fontaine J. A., Johnson M. R., Philips M. K., Koch E. D., Gunson J. R., Planning and implementing a re-introduction of wolves to Yellowstone National Park and central Idaho, *Restoration Ecology*, 5: 7-27, (1997).
- GOGAN P. J. P., and Barret R. H., Comparative dynamics of introduced Tule elks populations, *Journal of Wildlife Management*, 51: 20-27, (1987).
- GOLDSTEIN D. B., Roemer G.W., Smith D.A., Reich D.E., Bergman A., Wayne R.K., The use of microsatellite variation to infer population structure and demographic history in a natural model system, *Genetics*, 151: 797-801, (1999).
- GRIFFITHS B., Scott J. M., Carpenter J. W., Reed C., Translocation as a system conservation tool: status and strategy, *Science*, 245: 477-480, (1989).
- GUO S. W. & Thompson E. A., Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles, *Biometrics*, 48:361-372,(1992).
- HARTMAN G., Long-term population development of a re-introduced beaver (*Castor fiber*) population in Sweden, *Conservation Biology*, 8: 713-717, (1994).
- HEIN E. W., Improving translocation programs, *Conservation Biology*, 11: 1270-1274, (1997).

- HOOGE, P. N., Eichenlaub, W., Solomon, E., The animal movement program, USGS Alaska Biological Science Center (1999).
- HOWELLS O., and Edwards-Jones G., A feasibility study of re-introducing wild boar (*Sus scrofa*) to Scotland: are existing woodlands large enough to support minimum viable populations, *Biological Conservation*, 81: 77-89, (1997).
- HÖSS M., Kohn M., Knauer F., Schröder W., Paabo S., Excrement analysis by PCR, *Nature*, 359: 199, (1992).
- IRBY L. R., and Andryk T. A., Evaluation of mountain sheep transplant in north-central Montana, *Journal of Environmental Management*, 24: 337-346, (1987).
- KAYA M. A., Bozdağ (Konya)'da yaşayan Anadolu yaban koyunu *Ovis gmelinii anatolica* (Mammalia: Artiodactyla)'nın biyolojisi, (PhD. Thesis), Selçuk University, Konya, (1989).
- KENCE A., Tarhan S., Turkey, Wild Sheep and Goats and Their Relatives: Status Survey and Conservation Action Plan for Caprinae, ed: Shackleton D. M., IUCN, Gland, Switzerland, (1997). Pp: 137-138.
- KIMURA M. & Crow J. F., The number of alleles that can be maintained in a finite population, *Genetics*, 49: 725-738, (1964).
- KLEIMAN D. G., Reintroduction of captive mammals for conservation, *BioScience*, 39: 152-161, (1989).
- KOBLER A., Adamic M., Identifying brown bear habitat by a combined GIS and machine learning method, *Ecological Modelling*, 135: 291-300, (2000).
- KOHN M., Knauer F., Stoffella A., Schroder W., Paabo S., Conservation genetics of the European brown bear—a study using excremental PCR of nuclear and mitochondrial sequences, *Molecular Ecology*, 4(1): 95-103, (1995).
- KOPEC L. L., Cutoff bighorn transplant: the first two years, Biennial Symposium of the North Wild Sheep and Goat Council, 3: 92-105, (1982).
- LEBAN, F., Resource selection for Windows, Version 1.00 (1999).
- LEVENE H., On a matching problem arising in genetics, *Annals of Mathematical Statistics*, 20:91-94, (1949).
- LOUIS E. J. & Dempster E. R., An exact test for Hardy-Weinberg and multiple alleles, *Biometrics*, 43: 805-811, (1987).
- LUIKART G., Biju-Duval M. P., Ertugrul O., Zagdsuren Y., Maudet C., Taberlet P., Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*), *Animal Genetics*, 30: 431-438, (1999).
- MACE R.D., Waller J.S., Manley T.L., Ake K., Witterer W.T., Landscape evaluation of grizzly bear habitat in Western Montana, *Conservation Biology*, 13(2): 367-377, (1999).
- MAUDET C., Bassano B., Breitenmoser-Würsten C., Gauthier D., Miller C., Giacometti M., Obexer-Ruff G., Ormea P., Toigo C., Taberlet P., and Luikart G., Microsatellite DNA and recent Statistical methods in Wildlife Conservation Management: Applications in Alpine ibex (*Capra ibex* [ibex]), (2000).
- MILLSPAUGH J., Radio Tracking and Animal Populations, ed: Marzluff J.A., Academic Press, (2001).
- MLADENOFF D. J., Sickley T. A., Haight R.G., Wydeven A. P., A regional landscape analysis and prediction of favorable gray wolf habitat in the Northern Great Lakes region, *Conservation Biology*, 9(2): 279-294, (1995).
- NEI M., Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proceedings of National Academy of Science*, USA, 70:3321-3323,(1973).
- NEI M., Maruyama T., Chakraborty R., The bottleneck effect and genetic variability in populations, *Evolution*, 29:1-10, (1975).
- NEI M., Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics*, 89: 583-590, (1978).
- OPINION 2027 (Case 3010), Usage of 17 specific names based on wild species which are pre-dated by or contemporary with those based on domestic

- animals: conserved. *Bulletin Zoological (Bull. Zool.) Nomenclature*, 60: 81-84, (2003).
- ÖZÜT D., Conservation genetics of Anatolian mouflon (*Ovis gmelinii anatolica*), (M.Sc. Thesis, Middle East Technical University, Ankara, Turkey, (2001).
- ÖZÜT, D., Kence A., Anadolu Yaban Koyununun (*Ovis gmelinii anatolica*) Yeniden Aşılanması: Toplum Yaşayabilirliğinde Etkili Olan Değişkenlerin Belirlenmesi ve Uyum Süreci ile İlişkilendirilmesi, 18. Ulusal Biyoloji Kongresi, Kuşadası, Aydın, (2006).
- PAETKAU D., Amstrup S.C., Born E.W., Calvert W., Derocher A.E., Garner G.W., Messier F., Stirling I., Taylor M.K., Wiig O., and Strobeck C., Genetic structure of the world's polar bear populations, *Molecular Ecology*, 8: 1571-1584, (1995).
- PAZARCIKÇI B.B., Sarıyar Baraj Gölü çevresinin floristik yönünden araştırılması, (Yüksek Lisans Tezi), Gazi Üniversitesi, Ankara, Türkiye, (1998).
- RADELOFF V. C., Pidgeon A. M., Hostert P., Habitat and population modeling of roe deer using an interactive geographic information system, *Ecological Modelling*, 114: 287-304, (1999).
- RAVEY R. R., and Schmidt J. L., Re-introduction of desert bighorn sheep into Colorado National Monument, *Desert Bighorn Council Transactions*, 25: 38-42, (1981).
- RAYMOND M. and Rousset F., GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism, *Journal of Heredity*, 86: 248-249, (1995)
- ROWLAND M. M. and Schmidt J. L., Transplanting desert bighorn sheep: a review, *Desert Bighorn Council Transactions*, 25: 25-28, (1981).
- RUSHTON S. P., Lurz P. W. W., Fuller R., Garson P. J., Modelling the distribution of the red and the grey squirrel at the landscape scale: a combined GIS and population dynamics approach, *The Journal of Applied Ecology*, 34(5): 1137-1154, (1997).
- SALTZ D. and Rubinstein D. L., Population dynamics of a re-introduced asiatic wild ass (*Equus hemionus*) herd, *Ecological Applications*, 5: 327-335, (1995).
- SARRAZIN F., Modelling establishment of a re-introduced population of Griffon Vultures (*Gyps fulvus*) in Southern France, Holarctic birds of prey, Asociacion para la Defensa de la Naturaleza y los Recursos de Extremadura-World Working Group on Birds of Prey and Owls, ed: Chancellor R. D., Meyburg B. U., Ferrero J. J., Calamonte, Spain, (1998). pg. 405-416
- SEZEN, Z., Population viability analysis for re-introduction and harvesting of Turkish mouflon, *Ovis gmelinii anatolica* Valenciennes, 1858, (M.Sc. Thesis), Middle East Technical University, Ankara, Turkey, (2000).
- SOUTH A, Rushton S., Macdonald D., Simulating the proposed reintroduction of the European beaver (*Castor fiber*) to Scotland, *Biological Conservation*, 93:103-116, (2000).
- STANLEY-PRICE M., Animal re-introductions: the Arabian oryx in Oman, Cambridge UP, Cambridge, UK, (1989).
- TURAN N., "Memeliler", Türkiye'nin Biyolojik Zenginlikleri, ed: Kence A., Türkiye Çevre Sorunları Vakfı, Önder Matbaası, (1990). Pp. 219-220.
- WHITE G.C., and Garrot R.A., Analysis of wildlife radio-tracking data, Academic Press, (1990).
- WILSON I. J., and Balding D.J., Genealogical inference from microsatellite data, *Genetics*, 150: 499-510, (1998).

## PROJE ÖZET BİLGİ FORMU

<b>Proje No:</b> 106T182
<b>Proje Başlığı:</b> Anadolu Yaban Koyununun ( <i>Ovis gmelinii anatolica</i> ) Yeniden Aşılanan Toplumlarının Radyo-Telemetri ve Genetik Ömekleme Yöntemleriyle İzlenmesiyle Elde Edilen Çevresel ve Genetik Verilerle Koruma Yaklaşımlarının Geliştirilmesi
<b>Proje Yürütucusu ve Araştırmacılar:</b> Prof. Dr. Aykut Kence
<b>Projenin Yürüttüğü Kuruluş ve Adresi:</b> Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Ankara
<b>Destekleyen Kuruluş(ların) Adı ve Adresi:</b> Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü, Çevre ve Orman Bakanlığı, Söğütözü Cad. No: 14/E – ANKARA
<b>Projenin Başlangıç ve Bitiş Tarihleri:</b> Temmuz 2006 – Temmuz 2008
<b>Öz (en çok 70 kelime)</b> <p>Tehlike altında ve Anadolu'ya endemik bir alttür olan Anadolu yaban koyununun geçmiş yaşamları alanlara yerleştirilen yeni toplumlarının yaşayabilirliğinin ölçülmesi, genetik çeşitliliklerinin belirlenmesi ve uzun vadede korunmasının sağlanmasına yönelik sürdürülebilir yaban hayatı yönetimi için gerekli olan ekolojik ve genetik izleme çalışmaları yapılmıştır. Çalışmalar sonucunda, eski yaşama alanlarına yeniden aşılanan yaban koyunlarının oluşturduğu kurucu toplumun genetik çeşitliliği belirlenmiş, yaş ve eşeşe bağlı hayatı kalma başarıları hesaplanmış ve habitat tercihleri birçok parametreye göre tespit edilmiştir. Bu sonuçlar ilgili devlet kurumu ile paylaşılırak yaban hayatı yönetimi planlarına katkı sağlamıştır.</p>
<b>Anahtar Kelimeler:</b> Anadolu yaban koyunu, yeniden-aşılama, radyo-telemetri, genetik çeşitlilik, toplum yaşayabilirliği, sürdürülebilir kaynak yönetimi
<b>Projeden Yapılan Yayınlar:</b> ÖZÜT, D., Kence, A. Anadolu Yaban Koyununun ( <i>Ovis gmelinii anatolica</i> ) Yeniden Aşlanması: Toplum Yaşayabilirliğinde Etkili Olan Değişkenlerin Belirlenmesi ve Uyum Süreci ile İlişkilendirilmesi, 18. Ulusal Biyoloji Kongresi, Kuşadası, Aydın (2006).