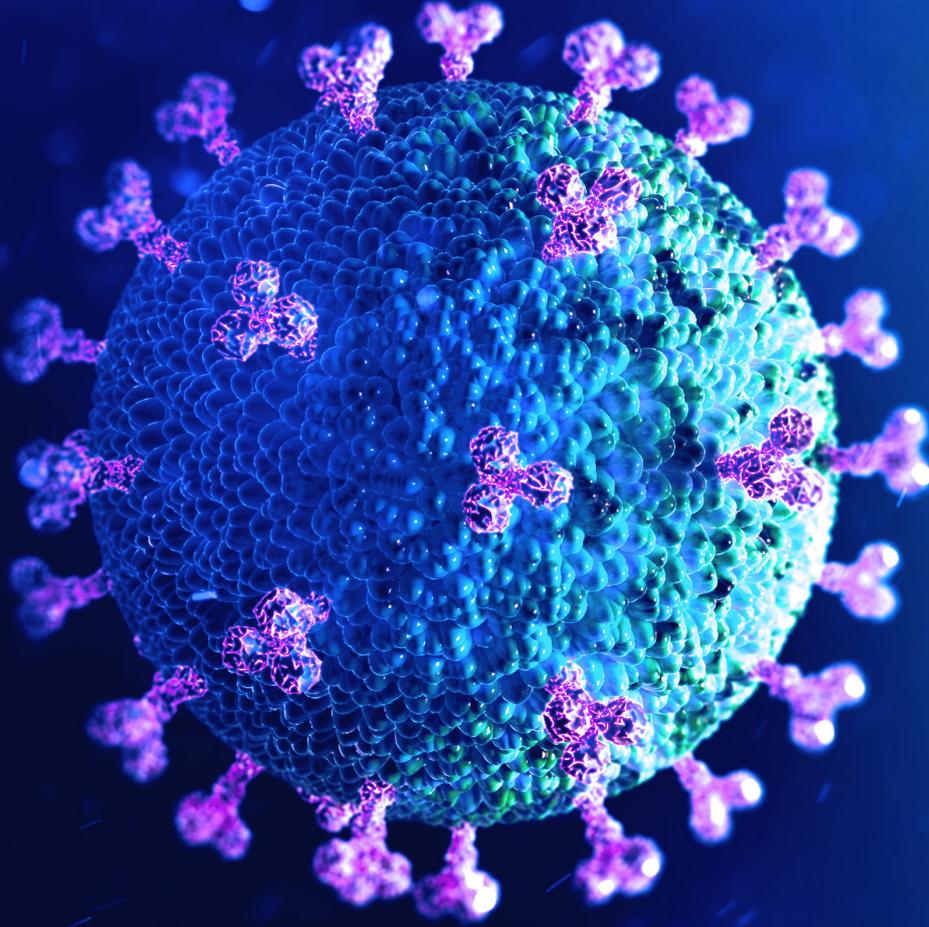


ekoEVO

Ekoloji ve Evrimsel Biyoloji Derneđi

E-BÜLTEN

2021 - SAYI 4



Üyelerimizi Tanıyalım
Özge Balkız

SARS-CoV-2'nin
Türkiye'deki yayılımının
filogenetik yöntemlerle
incelenmesi

ODTÜ Deniz Bilimleri
Enstitüsü Genetik
Laboratuvarı

Editörden

Zorlu günlerden geçtiğimiz bu dönemde derneğimizin yıllık bülteninin dördüncü sayısını sizlerle paylaşmaktan mutluluk duyuyoruz. Bu sayımızda, Doğa Koruma Merkezi'nde Biyolojik Çeşitlilik Koruma Programı Koordinatörü olarak çalışan Özge Balkız ile yaptığımız röportajı, üyelerimizin 2020 yılında ekoloji ve evrimsel biyoloji alanında yayımladığı makale özetlerini, dernek üyelerimizin desteklenen projelerini, derneğimizin düzenlediği etkinliklerden ve üyelerimizden kısa kısa haberleri bulabilirsiniz.

Bir yıldır hayatımızı büyük çapta etkileyen COVID-19 hakkında bir yazı hazırlamasak olmazdı elbette. Bu sayımızda Ogün Adebali ve ekibinin COVID-19'un Türkiye'deki yayılımı ve evrimsel geçmişini inceledikleri çalışma hakkındaki yazıyı bulabilirsiniz. Kapak fotoğrafı için ayrıca Ogün Adebali ve Bilim Akademisi'ne teşekkür ediyoruz.

Daha önce olduğu gibi ülkemizden bir araştırma grubunu bu sayımızda da sizlerle paylaşıyoruz. Bu sayıda yer verdiğimiz araştırma grubumuz ODTÜ Deniz Bilimleri Enstitüsü'nden Arzu Karahan liderliğindeki "Genetik Laboratuvarı".

Her sayıda biraz daha geliştirmeye çalıştığımız bültenimiz için eleştirileriniz ve önerileriniz bizler için ayrı bir önem içermekte. Bu nedenle, bülten hakkındaki düşüncelerinizi bilgi@evoeko.org adresine e-posta yoluyla iletmenizi bekliyoruz.

Bu sayıya yazılarıyla katkıda bulunan üyelerimize teşekkür ediyoruz. Bir sonraki sayıda tekrar buluşmak dileğiyle iyi okumalar...

Yayın ekibi

Bülten Çalışma Grubu

Dilek Koptekin
N. Dilşad Dağtaş
Zeynep Ersoy
Tuba Bucak
Esra Durmaz
Evrin Fer

Doktoraya yeni başlayan/ doktorayı tamamlayan üyelerimizden

Doktoraya yeni başlayan ve aramıza doktor olarak katılan üyelerimizin çalışmalarını sizin için kısa kısa derledik...

Doç. Dr. Hilal Özkılınç'ın danışmanlığında tamamlanan, devam eden ve yeni başlayan tez çalışmaları:

Gözde YILDIZ

"Next-Generation Sequencing of Mitochondrial (Mt) Genomes and Comparative Mt-Genomics of Fungal Plant Pathogens *Monilinia* and Closely Related Species" başlıklı yüksek lisans tez çalışmamı tamamlayarak Ağustos 2020'de mezun oldum. Fungal mitokondriyal genomlar tür içi ve türler arası evrimsel ilişkileri aydınlatmakta ve bitki hastalıklarıyla mücadelede önemli bilgiler vermektedir. Bitki patojeni olan *Monilinia fructicola* ve *M. laxa* türlerinin mitokondriyal genom verileri, yeni nesil dizileme teknolojileri ve biyoinformatik analizler ile ilk defa tanımlanmıştır. Yüksek lisans tezim, tür içi ve türler arası mitogenom varyasyonları, pan-mitogenomik yaklaşımlar ile esas ve aksesuar genom bölgelerinin tanımlanması, fungal hareketli intronların tanımlanması üzerinedir. Yaptığımız çalışmalar sonucunda, fungal mitogenomlarında, genler içindeki intron sayılarında ve tekrarlanan bölgelerinde oldukça önemli varyasyonlar tespit edilmiştir. Yakın türler ile yapılan kıyaslamalarda, *Monilinia* türlerinde oldukça zengin hareketli intron içeriği görülmüştür. Bu varyasyonlar filogenetik analizlere de yansımıştır. Mitogenomların tür içi ve türler arası farklılaşmaya sebep olduğu varyasyonlar ve hareketli yapılarının fungal patojenlerin evrimsel sürecinde önemli etkileri görülmüştür. Çalışmalarımıza ait yayımlanmış ve yayımlanacak olan makaleleri internet adresimizden takip edebilirsiniz. <https://ozkilinlab.wixsite.com/website>

Ece SILAN

İlgi alanım filogeni ve marker dizayndır. Yüksek lisans tez çalışmamda dünya üzerinde karantina patojeni olan ve seftali, elma, kiraz, erik gibi çekirdekli meyveleri enfekte eden *Monilinia fructicola* ve ona yakın bir tür olan *Monilinia laxa*'nın 5 farklı kıtadan alınan örneklerinin DNA verisi ile filogenilerini çıkarmaktayım. Bu gibi ciddi ekonomik kayıplara neden olan türlerde tür kökenlerinin belirlenmesi, tür içi ve türler arası çeşitlilik incelenmesi, yayılım yollarının tahmin edilmesi önemli olduğu gibi, filogenetik analizler bize morfolojik olarak ayırt edilemeyen olası kriptomik türlerin varlığını ortaya çıkarmada da yardımcı olacaktır. Tez çalışmamda kullanılacak gen bölgeleri hem nükleer hem de mitokondriyal genom içerisinden seçilmiştir. Bu gen seçimleri tür filogenisi dışında aynı zamanda bize mitokondriyal ve nükleer gen evrimi oran tahminleri yapmamızda yardımcı olacaktır.

Kübra ARSLAN

İlgi alanım fungal patosistemlerde konukçu-patojen ilişkileri ve bunları etkileyen faktörler üzerine olup, tez çalışmalarına Eylül 2020 itibarıyla başladım. Yüksek lisans tez çalışmamda, üzerinde çalıştığımız fungal organizmalarda kodlanan ve ifade edilen mikro-RNA'ların (miRNA) tespiti ve konukçu-patojen ilişkilerindeki rolü üzerine odaklanacağım. Çalışma kapsamında öncelikle *Monilinia laxa* türünün sentezlediği miRNA'ları genom üzerinden tahmin edip, sonrasında bitkiyi enfekte ederken sentezlediği miRNA'ları ortaya çıkarıp değerlendireceğim. Devamında bu miRNA'ların hedef bölgelerini bulup varsa bitki transkriptomunda etkilediği yerleri belirlemeye çalışacağım. Çalışmam, özellikle üzerinde çalıştığımız patosistemde fungal enfeksiyonlarda miRNA'ların rolü ve konukçu gen ifadelerindeki etkisinin ortaya çıkarılması adına önemli olup, konukçu-patojen ilişkilerinin yönlendirilmesinde bu miRNA'ların tür içi ve türler arası çeşitliliği ve dağılımı hakkında devam ettirilecek daha büyük sorular için önemli bir adımı oluşturacaktır.



Doktoraya yeni başlayan/ doktorayı tamamlayan üyelerimizden

Muhammed Raşit DURAK

Fungal evrimsel genetiği ve fungusit direnç mekanizmalarının aydınlatılması temel ilgi alanlarımdır. Karşılaştırmalı genomik yaklaşımlardaki gelişmeler, araştırmacıların adaptif evrim ve genom plastisitesinin evrimsel değişimlerdeki rolü hakkındaki soruları ele almalarını sağlamıştır. Mevcut genetik varyasyonların belirlenmesi, evrimsel sonuçların ve fenotipik farklılıkların anlamlandırılmasındaki önemli adımlarından biridir. Tek nükleotid polimorfizmleri ve yapısal varyasyonlar (kopya sayısı varyasyonları, mobil elementlerin varlığı-yokluğu, insersiyon ve delesyonlar, vb.) genomik varyasyonların ana kaynaklarıdır fakat yapısal varyasyonların fungal genomlardaki önemini vurgulayan ve etkisini gösteren çalışma sayısı kısıtlıdır. Bütün bunların ışığında tez çalışmamda *Monilinia* türlerinin genomlarında bulunan yapısal varyasyonları karşılaştırmalı genomik yaklaşımlar ile belirlemeyi ve bu varyasyonları fungal hastalıkların kontrolünde önem teşkil eden fungusit direnci ile ilişkilendirmeyi hedeflemekteyim. Yüksek lisans tez çalışmam Eylül 2020'de başlamıştır.



Özge SAHİN

MSc, PhD öğrencisi, Institute for Evolution and Biodiversity, University of Münster

Tribolium castaneum'da HSP90'dan Kaynaklı Küçük Göz Fenotipi İçin Bulk Segregasyon Analizi

Bir moleküler şaperon olarak ısı şok proteini 90 (HSP90), özellikle stres koşulları altında tüm organizmaların hayatta kalması için oldukça önemli bir moleküldür. Aynı zamanda evrim için de bir kapasitör olarak kabul edilmektedir, çünkü şifreli genetik varyasyonun normal koşullarda depolanmasına ve stres koşullarında serbest bırakılmasına izin vermektedir. HSP90'ın işlevinin bozulması, HSP90'ın çeşitli gelişimsel yollarla etkileşimine bağlı olarak organizmalarda çeşitli fenotipik varyasyonların ortaya çıkmasına yol açar. Seçilim de ortaya çıkan bu yeni fenotipler üzerinde etkili olabilir ve HSP90 işlevi tekrar yerine getirildiğinde bile bu tür fenotiplerin sürekli olarak ifadesine yol açabilir. Çalışma grubumuz *Tribolium castaneum*'da (Coleoptera: Tenebrionidae, red flour beetle), HSP90 işlevini yerine getirmediğinde tipik bir fenotipik varyasyon olarak "küçük göz" fenotipini tanımlamıştır. Bununla birlikte, bu fenotipin genetik temeli henüz tam olarak aydınlatılamamıştır. Bu nedenle doktora projemde *T. castaneum*'da küçük göz fenotipi ile normal göz fenotipi arasındaki genetik altyapı arasındaki farklılıkları araştırmayı planlıyorum. Son zamanlarda, bulk segregasyon analizi (BSA), yeni nesil dizileme teknolojileri ile birleştirilerek sıkça kullanılmaktadır ve bunların ortak kullanımının çok etkili olduğu kanıtlanmıştır. Bu nedenle, deneylerimde BSA yöntemini kullanarak bu fenotipi daha detaylı araştırmak için tüm genom dizileme yapmayı planlıyorum. Çalışmanın temel amacı, küçük göz fenotipinin genetik temelini belirlemek ve mutant böcekler ile normal böcekler arasındaki genetik farklılıkları tek nükleotid polimorfizmi yardımıyla karşılaştırmaktır. Ayrıca bu çalışmanın HSP90'ın evrim için potansiyel bir kapasitör olarak düşünülen rolüne daha fazla ışık tutacağına inanıyorum.



İrem Tüfekcioğlu

2019 yılı Temmuz ayından beri Rufford Mütevelli Heyeti fonu ile Doğa Koruma Merkezi ve Hacettepe Fonksiyonel Ekoloji Laboratuvarı desteğiyle "Türkiye'de maki bitki örtüsünün öneminin belirlenmesi ve maki bitki örtüsüne yönelik koruma yaklaşımlarının geliştirilerek orman amenajman planlarına entegrasyonu" projesini yürütmekteyiz. Makilikler Türkiye'de Orman Kanunu'na göre orman alanı olarak sayılmamakta ve bu bitki tipine sahip alanlar kızılçam alanlarına dönüştürülerek ormancılık faaliyetleri yürütülmektedir. Projenin amacı, makiliklerdeki bitki çeşitliliği ve zenginliğinin ortaya konarak bu bitki tipinin öneminin vurgulanması ve koruma stratejilerinin geliştirilerek ormancılığa entegrasyonudur.

Çalışma alanımız olan Datça, Marmaris ve Köyceğiz'de içinde maki bitki örtüsünü barındıran, birbirinden farklı yapıya sahip 5 meşcere* tipinde (seyrek kapalı ve boşluklu kapalı kızılçam meşcereleri, tam kapalı ve boşluklu maki meşcereleri ve üzeri çıplak orman toprağı alanları) 100 günü aşan arazi çalışması gerçekleştirilmiştir. Her meşcere tipinden aynı sayıda örnekleme alanı seçmeye gayret ederek bu alanlarda 40 x 10 metrelik 3'er kesitte çalışmalar yürütülmüştür. Kesitlerde: 1) Bütün odunsu bitki bireyleri teşhis edilmiş, 2) Ergin bireylerin kesitlerdeki konumları hesaplanmış, 3) Ergin bireylerin boy ve 2 yönlü çapları ölçülmüş, 4) 10 x 5 metrelik alanlar içinde yer alan bütün fide bireyleri sayılmıştır.

Arazi çalışmaları 28 örnekleme alanında, başka bir deyişle 84 kesitte yürütülerek 57 odunsu bitki türü teşhis edilmiş, 19.000'den fazla ergin bireyin boyu, çapları ve konumları ölçülmüş ve 20.200 tane fide bireyi sayılmıştır. Arazi verilerinin değerlendirilmesine devam edilmekte olup proje sonucunda farklı meşcere tiplerindeki bitki yapısı ortaya konacak ve odunsu bitki türü zenginliği ve çeşitliliği karşılaştırılacaktır. Böylelikle farklı meşcere tiplerinin biyolojik çeşitlilik açısından önemleri vurgulanacak ve bu alanlarda yürütülen ormancılık faaliyetleri koruma yaklaşımıyla değerlendirilerek orman amenajman planlarına entegrasyonu için öneriler geliştirilecektir.

Proje linki:

https://www.rufford.org/projects/%C4%B0rem_t%C3%BCfekcio%C4%9Flu

Projeyi anlatan kısa video linki:

<https://www.youtube.com/watch?v=X4O8Mue9dzU>

*meşcere: Yaş, ağaç türü, ağaç türü karışımı vb. özellikleri bakımından çevresinden farklı ve en az bir hektar büyüklüğünde olan orman parçası

ÜYELERİMİZİ TANIYALIM

Her sayımızda dernek üyelerimizden birini sizlere tanıtmak istiyoruz. Bu sayımızda Doğa Koruma Merkezi'nde Biyolojik Çeşitlilik Koruma Programı Koordinatörü olarak çalışan **Özge Balkız** ile röportaj yaptık. Şimdi kendisine kulak verelim...



Bence doğa koruma, artık belirli kurum ve kişilerin çalıştığı bir alan olmaktan çıkmalı ve herkesin ortak sorumluluğu haline gelmeli. Covid-19 süreci de bunun özelleşmiş bir iş alanı olmadığını, doğayla ilgili yaşanacak olumsuzlukların toplumun her kesimini farklı şekillerde etkilediğini gösterdi. O yüzden bu konunun öneminin çok daha iyi iletişimi yapılmalı ve herkes asgari düzeyde de olsa elinden gelen katkıyı vermeye başlamalı.

Doğa koruma çalışmaya karar vermem herhalde birçok kişi gibi çocukluğumdan itibaren bolca izlediğim doğa belgeselleriyle ilgili. Her zaman doğada olmaktan inanılmaz zevk aldım. Üniversitede okurken beni kuş gözlem topluluğuna girmeye ikna eden arkadaşlarım sayesinde de bu yola bir anda girmiş oldum.

Çalıştığım konular farklı sektörlerin doğa korumayla ilgili yapabilecekleri ve koruma eylemlerinin bu sektörlerin planlarına nasıl entegre edilebileceği üzerine. Bu sektörlerin içinde tarım da var, belediyeçilik de.

İleride çalışmak istediğim konular da yine farklı sektörlerin doğa koruma ile ilişkisi üzerine. Örneğin son dönemde özellikle tozlaşma ve tarım uygulamaları üzerine bolca okuyor ve uygulamaya yönelik neler yapılabilir düşünüyorum.

Türkiye'de doğa koruma alanında çalışmanın iyi tarafı hala yaban olarak tanımlayabileceğimiz alanların mevcut olması. Bu alanlar gittikçe azalsa da hala doğallığını koruyan sığınaklar bulunuyor.

Türkiye'de doğa koruma alanında çalışmanın zorluğu ise kesinlikle değişim hızı. Sürekli daha kötüye doğru hızlı bir şekilde bozulmanın yaşandığı bir ülkede, yeni çözümleri çok hızlı bir şekilde bulmaya çalışmak ve çoğu zaman da başarısızlığa ve alanların bozulmasına tanık olmak inanılmaz kötü hissettiriyor.

Türkiye'de doğa korumanın geleceği umarım ki bugünden farklı ve daha umut verici olur. Ben özellikle yerel ölçekli girişimlerin daha hız kazanacağına ve başarılı olacağına inanıyorum. Ulusal ölçekte yapılamayan birçok şeyin, yerelde belirli açılardan daha kolay ve etkili şekilde uygulanabileceğini düşünüyorum.

Öğrencilik hayatımda en zorlandığım ders kesinlikle kimya ve fizikti. Hala da en zorladığım alanlar bunlar.

Öğrencilik hayatımda en keyif aldığım derslerden biri ekoloji dersiydi. Sargun Tont'un güzel anlatıcılığının payı çok büyük. Hala balinaların seslerini dinleyişimizi veya farklı adaptasyonu, farklı bisikletler ve bisiklet ayakkabıları üzerinden anlatışını unutmam.

Akademik hayatımda hiç unutamadığım anım galiba doktora savunmasıydı. Tezin gerçekten bittiğine inanmak çok zamanımı aldı.

Bence EkoEvo Türkiye'de çok önemli bir boşluğu dolduruyor. Umarım etkinliği ve yaygınlığı artan, ekoloji ve evrim alanında değişim yaratabilecek bir oluşum olacak. Biyoloji okumasaydım veterinerlik ya da arkeoloji okurdum galiba.

Çalışma hayatım dışında en çok zaman ayırdığım tek bir şey söyleyemedim. Kendi çapımda sportif faaliyetler, bolca dost sohbeti ve doğal alan ziyareti diyebilirim.

En son okuduğum kitap henüz bitmemiş olmakla birlikte Ayfer Tunç'un Bir Deliler Evinin Yalan Yanlış Anlatılan Kısa Tarihi.

Dernek üye adaylarına söylemek istediğim umudunuzu her yenilemek istediğinizde doğaya çıkın ve müziği dinleyin.

Türlerin Geçmiş Rekabeti

Emrah Çoraman

İstanbul Teknik Üniversitesi Avrasya Yer Bilimleri Enstitüsü
Ekoloji ve Evrim Anabilim Dalı Öğretim Üyesi

Dernek üyelerimizden Emrah Çoraman yarasalar üzerinde yaptığı türler arası rekabetle ilgili çalışmasını anlatıyor.



Görsel kaynağı: Emrah Çoraman

Birbirlerinden uzun süre ayrı kalan popülasyonların ikincil temasları, türlerin evrimsel tarihlerinde önemli bir rol oynar. Birçok takson coğrafi olarak farklı bölgelerde birbirlerinden farklılaşır ve daha sonra dağılımlarını genişlettikleri zamanlarda tekrar karşılaşılırlar. Bu ikincil karşılaşmalarda “aralarında ne geçeceği”, allopatrik dönemde oluşan ekolojik farklılaşma düzeyi ve üreme izolasyonlarının gücüne bağlıdır. Eğer farklılaşma fazlaysa, aralarında rekabet ve gen akışı olma ihtimali düşüktür; ama eğer farklılaşma fazla değilse, karşılaştıkları zaman birbirleriyle rekabete girebilir ve/veya çiftleşebilirler.

Türler arası rekabeti tespit edip etkilerini izlemek kolay değil. Türler arası rekabetin geçmişi hakkında bulgular elde etmek ise kuşkusuz daha zor. Ancak genetik veriler bazı durumlarda geçmişte türler arasında yaşananlar hakkında ipuçları verebilirler; en azından hibritleşmeleri hakkında. 2020 yılında Royal Society Open Science dergisinde yayınlanan “Patterns of mtDNA introgression suggest population replacement in Palaearctic whiskered bat species” adlı makalemizde[1] böyle bir durumu tespit ettiğimizi düşünüyoruz.

Bu makalede, iki kriptik bıyıklı yarasa türünün, *Myotis mystacinus* ve *M. davidii*'nin filoğrafyasını çeşitli genetik ayraçları kullanarak, özellikle varsayılan sempatrik bölgelerine odaklanarak inceledik. Bu yarasaları morfolojik olarak ayırt etmek zor. Bu iki türün dışında filogenetik olarak daha uzak ancak bu türlere benzeyen başka farekulaklı yarasa türleri (*Myotis sp.*) de var. Türlerin morfolojik benzerlikleri ekolojik olarak farklılaşmadıklarını düşündürüyor ve türler arasında rekabetin olabileceğine işaret ediyor. Genetik analizler sonucunda *M. mystacinus* ve *M. davidii* yarasalarının farklı coğrafi bölgelerde evrimleştiğini ve daha sonra dağılımlarını genişlerken tekrar temas kurduklarını tespit ettik. Anadolu ve Balkanlar'daki ikincil temas alanındaki bireylerin, mitokondriyal ve nükleer veri analizleri birbirleriyle uyumsuz sonuçlar verdi. Bu alandaki bireyler, mitokondriyal analizlerde *M. mystacinus* genetik soyunda yer alırken, nükleer analizlerde neredeyse tamamı *M. davidii* genetik soyunda çıktı.

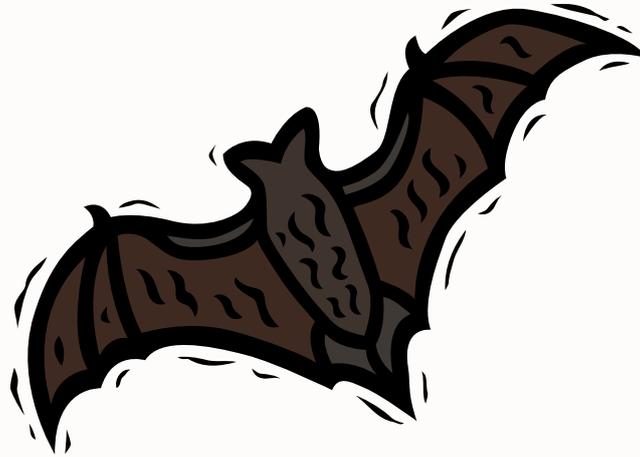
Bu sonuçlar, yerel *M. mystacinus* popülasyonlarının, dağılımını genişleten *M. davidii* popülasyonları ile melezleştiğini ve bu gen akışının sonucunda ilk gruptan ikincisine mitokondriyal introgresyon olduğuna işaret ediyor.

Türler arası gen akışının olduğunu saptadığımız bölgede, çok az sayıda *M. mystacinus* örneği tespit ettik; bu da buradaki yerel popülasyonların büyük ölçüde işgalci *M. davidii* tarafından yerinden edilmiş olabileceğini düşündürüyor. Türler arası rekabet ve değişen çevresel koşulları, bu değişimin nedeni olabilir. Türler arası gen akışına ait bulgular, Türkiye’de dağılım gösteren başka yarasa türlerinde de var [2,3]. Buna benzer örüntüler muhtemelen Türkiye’nin coğrafi konumundan kaynaklanıyor. Türkiye, Balkanlar ve Kafkaslar gibi iki önemli buzul çağı sığınağının arasında yer alıyor ve bunların yanı sıra muhtemelen Anadolu’nun bazı bölgeleri de buzul çağları boyunca sığınak özelliği göstermiş olabilir. Buzul çağlarının sona erdiği dönemlerde genetik olarak farklılaşmış popülasyonlar Anadolu’da bir araya gelmiş olmalıdır. Bu açılarından Anadolu türler arası gen akışını incelemek için doğal bir laboratuvar olabilir.

[1] Çoraman, E., Dundarova, H., Dietz, C., Mayer, F. (2020). Patterns of mtDNA introgression suggest population replacement in Palaearctic whiskered bat species. Royal Society Open Science, 7, 191805.

[2] Çoraman, E., Dietz, C., Hempel, E., Ghazaryan, A., Levin, E., Presetnik, P., Zigmajster, M., Mayer, F. (2019). Reticulate evolutionary history of a Western Palaearctic bat complex explained by multiple mtDNA introgressions in secondary contacts. Journal of Biogeography, 46, 343-354.

[3] Furman, A., Çoraman, E., Çelik, Y.E., Postawa, T., Bachanek, J., Ruedi, M. (2014). Cytonuclear discordance and the species status of *Myotis myotis* and *Myotis blythii* (Chiroptera). Zoologica Scripta, 43, 549-561.



SARS-CoV-2'nin Türkiye'deki yayılımının filogenetik yöntemlerle incelenmesi

Ogün Adebali

Sabancı Üniversitesi Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi Öğretim Üyesi

Dernek üyelerimizden Ogün Adebali, dünyayı kısa zamanda etkisi altına alan SARS-CoV-2 virüsünün neden olduğu COVID-19'un Türkiye'deki yayılımı ve evrimsel geçişini inceledikleri çalışmayı anlattı.

Dünya çapında dizilenen virüs genomları, araştırmacıların faydalanabilmesi için GISAID adlı bir veri tabanına yüklenmektedir. Türkiye'de de başta Sağlık Bakanlığı olmak üzere virüs izolasyonu yapan laboratuvarlar, diziledikleri SARS-CoV-2 izolatlarının dizi bilgilerini buraya yüklemiştir. Veri tabanına yüklenen bilgiler arasında virüsün izole edildiği tarih ve şehir bilgisi de yer almaktadır. Bu ek bilgiler virüsün tarihlendirilmiş yayılım rotalarını belirlemekte önemlidir. Virüsün hangi yolları takip ettiğini ve hangi mutasyonlara sahip olduğunu araştırdığımız çalışmamızda, 30'u Türkiye'de dizilenmiş dünya genelinden toplam 15 bin virüs genomu üzerinde filogenetik analizler yaptık.

Bu çalışmada kullanılan halka açık tüm SARS-CoV-2 genom dizilerini GISAID'den elde ettik. Çoklu dizi hizalaması yapıp dizi silinme ve eklenmeleri yüzünden oluşmuş dizi kaymalarını giderdik ve hizalama sonrası maksimum olabilirlik yöntemi ile filogenetik ağaç oluşturduk. Bu ağaç bilinen en erken tarihli virüs genomlarından biri kullanılarak köklendirildi ve genomlar bu filogenetik ağaç rehberliğinde sınıflandırıldı.

İlk virüs Mart 2020'den önce Türkiye'ye girmiş olabilir

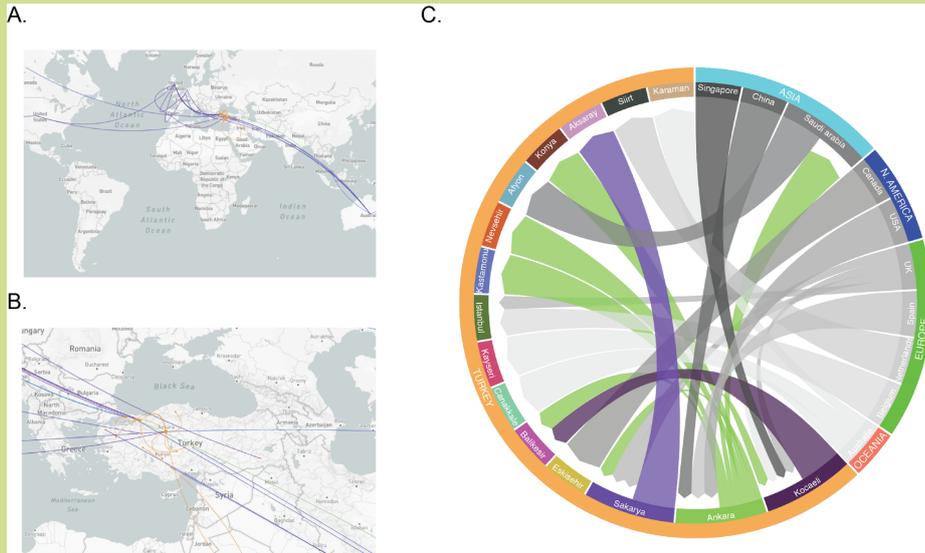
Yaptığımız analizler sonucunda SARS-CoV-2 virüsünün, açıklanan ilk resmi vaka tarihinden önce Türkiye'ye girmiş olabileceğini belirledik. Daha önce yapılan çalışmalarla L ve S tipi olarak sınıflandırılan virüsün Türkiye'deki yayılımında, 30 genomun 29'unun L tipi olduğu görülmüştü. İlk resmi vakadan bir hafta sonra izole edilen bir genomun, atasal olarak sınıflandırdığımız S tipi virüs kümesi ile daha sonra ortaya çıktığı düşünülen ve özellikle Avrupa'da yayılan L tipi virüs kümesi arasında bir geçiş formu olduğunu saptadık. S tipinden L tipine geçiş Çin'de salgının erken vakitlerinde gerçekleşti.

Öyle ki virüsün Avrupa yayılımı neredeyse tamamen bu geçiş sonrası gerçekleşti. Bu çalışmada S-L geçişinin ara formuna rastlamamız virüsün Türkiye'ye tespit edilenden daha erken giriş yapmış olabileceğine işaret ediyor. Yaptığımız modellerde bu izolatın Ocak ayı tarihli olabileceği çıkarımını yapabiliyoruz. Burada dikkat edilmesi gereken bir nokta, bu tarih çıkarımlarının öğrenilmiş mutasyon hızını esas alan bir algoritma ile yapılmış olmasıdır. Bu yöntemle net tarih çıkarımı yapmak mümkün olmasa da bir tarih aralığı belirlenebilmektedir.

Türkiye'ye giriş çıkışlar kısıtlanmayıp sıkı bir şekilde de denetlenmediğinden ülkedeki virüs genomlarının tek bir grupta kümelenmediği, dolayısıyla virüsün ülkeye birbirinden bağımsız çoklu girişlerle yayıldığı anlaşıldı. Buna rağmen iki genom kümesinin Türkiye'de daha fazla yayılım gösterdiği ortaya çıktı. Ülkelerin suş kümelerinin homojen olup olmadığının anlaşılması önemlidir; örneğin ilaç ve aşı etkinliği var olan suş dağılımı çerçevesinde değerlendirilmelidir.

Çoklu ve bağımsız virüs girişleri Kuzey Amerika, Avustralya ve Avrupa ilişkili

Aralık 2019'dan itibaren dizilenen genomlara baktığımızda, virüsün ayda ortalama 2 mutasyon geçirdiğini gözlemledik. Otuz genomun filogenetik dağılım tabanlı rota incelemeleri sonucunda virüs girişlerinin Çin, Kuzey Amerika, Avustralya ve Avrupa ilişkili olduğunu belirledik. Avrupa kaynaklı virüslerin Türkiye'de yoğun olduğu ilin İstanbul olduğunu, 5 farklı şehirden izole edilen genomların ise Ankara ile ilişkili olduğunu tespit ettik. Ek olarak, iki şehrin Suudi Arabistan'da dolaşımda olan virüs tipleri ile ilişkili olduğunu belirledik.



Türkiye'den elde edilen izolatların epidemiyolojik filogenetik ve yayılım analizi sonuçları (Adebali vd. 2020)

Çalışmamız sonrası sayıları artan virüs genomlarıyla elde ettiğimiz yeni veriler, diğer ülkelerde olduğu gibi Türkiye'de de D614G mutasyonuna sahip genomların oransal olarak arttığını gösterdi. Bu da daha önce çeşitli yöntemlerle gösterilen, başak (Spike) proteininin ACE2 reseptörüne daha iyi bağlanmasıyla [1] yayılımının arttığı [2,3] belirlenen mutasyonun Türkiye'de de diğer virüs suşlarına göre daha hızlı yayıldığına işaret etmektedir.

Mutasyonlar rastgele oluşmuyor

Mutasyonlar rastgele veya belirli mutajen mekanizmalarıyla oluşabilir. Yayım hazırladığımız bir başka çalışmamızda virüsün mutasyonlarının temel olarak insan antiviral savunma mekanizması ile oluştuğunu belirledik. Mutasyonları analiz ettiğimizde ortaya çıkan görüntü, insandaki bazı virüs savunma mekanizmalarının etkisiyle SARS-CoV-2 mutasyonlarının şekillendiğini gösterdi. Ayrıca bu savunma mekanizmalarından kaçmak üzere bir seçim etkisi izlerine de rastladık. Bu zamana kadar virüsün yayılımında herhangi bir çevresel değişiklik söz konusu olmadığından, mutasyonlar üzerindeki seçim etkisi düşük kaldı. Ancak ilerleyen zamanlarda, aşının yaygınlaşmasıyla edinilecek kitle bağışıklığı sayesinde virüsün seçim etkisinde olacağı ve oluşacak mutasyonların var olan antikordardan kaçmak üzere değişen çevreye ayak uydurabileceği olasılık dahilindedir.

Virüsün evrimi ve yayılımı hakkında daha kesin sonuçlar elde edebilmek için dizilenen genom sayısı arttırılmalı, analizler daha fazla genom üzerinde kapsamlı bir şekilde yapılmaya devam etmelidir. Bu çalışma EMBO ve TÜBİTAK tarafından desteklenmiş ve Turkish Journal of Biology dergisinin COVID-19 özel sayısında yayımlanmıştır. Çalışmaya katkı sunanlar arasında lisans öğrencileri Defne Çirci, Zeynep Kılınç, Berk Turhan, yüksek lisans öğrencisi Berkay Selçuk ve doktora öğrencileri Aylin Bircan ve Burak İşlek yer almaktadır.

Özgün makale: Adebali O, Bircan A, Circi D, İşlek B, Kılınç Z, Selçuk B, Turhan B (2020) Phylogenetic analysis of SARS-CoV-2 genomes in Turkey. Turk J. Biol, 44(3): 146–156, doi:10.3906/biy-2005-35.

[1] Hou, Y. J. et al. SARS-CoV-2 D614G variant exhibits enhanced replication ex vivo and earlier transmission in vivo. bioRxiv Prepr. Serv. Biol. (2020) doi:10.1101/2020.09.28.317685.

[2] Shi, P.-Y. et al. Spike mutation D614G alters SARS-CoV-2 fitness and neutralization susceptibility. Res. Sq. (2020) doi:10.21203/rs.3.rs-70482/v1.

[3] Tang, J. et al. The genomic landscapes of individual melanocytes from human skin. Nature 586, (2020) doi:https://doi.org/10.1038/s41586-020-2785-8.

Su içi bitkilerinin ve su seviyesinin sığ göllerde kışlayan su kuşu komünitelerinin fonksiyonel yapısı ve çeşitliliğine etkisi

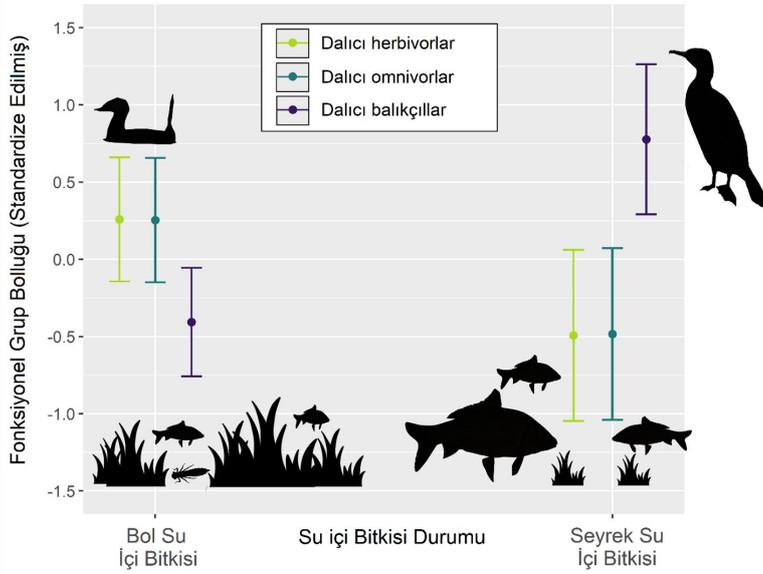
Dernek üyelerimizden Kaan Özgencil, Freshwater Biology dergisinde yayımlanan makalelerinin sonuçlarını anlattı.

Sığ göller aralarında su kuşlarının da olduğu birçok canlı için önemli yaşam alanıdır [1]. Bizim de içinde bulunduğumuz Akdeniz Havzası gibi ılıman iklimli ve orta enlemlerde yer alan bölgelerdeki sığ göller Kuzey Yarımküre’de yaşayan su kuşları için özellikle çok önemli kışlama alanlarına sahiptir [2]. Çalışmamızın odağı olan su kuşları çok çeşitli ve büyüleyici bir canlı grubu fakat ne yazık ki görece yüksek bir nesli tükenme tehlikesiyle karşı karşıya [3]. Bu sebeple onların çevrelerinde yaşanan yaygın değişimlere, örneğin su seviyesi azalması ve ötrofikasyon (besin tuzu artması) gibi, nasıl tepkiler verdiğini anlamak çok önemli hale gelmektedir. Biz de çalışmamızda ötrofikasyona çok hassas olan su içi bitkilerinin [4] bolluk ve çeşitliliğinin ve su seviyesindeki değişimlerin kışlayan su kuşu komünitelerinin büyüklüğünü, fonksiyonel yapısını, fonksiyonel çeşitliliğini ve komünitelerin bir araya gelmesindeki dominant güçleri nasıl etkilediğini inceledik.

Çalışmamızda Türkiye’deki büyük tatlısu göllerinden Uluabat ve Beyşehir’e odaklandık. Bu göller için 51 yıllık bir zaman penceresini kapsayan kış ortası su kuşu sayımlarını (KOSKS) temel verimiz olarak kullandık. Bu sayımlarda nokta sayım metodu [5] kullanılarak göllerdeki tüm su kuşları tanımlanıp sayılmaya çalışılıyor. Su seviyesi verisi için Devlet Su İşleri’nin ve ODTÜ Limnoloji Laboratuvarı’nın ölçüm verilerini, su içi bitkisi verisi olarak da geçmişte yapılmış detaylı su içi bitkisi çalışmalarını temel kaynak olarak kullandık. Buna ek olarak, Levi vd. [6] çalışmasında sunulan verilerden yola çıkarak, su içi bitkisi makrofosil verisi başta olmak üzere, göllerin geçmişteki su içi bitki durumlarını tahmin ettik ve bunu da detaylı verimizin olmadığı yıllar için su içi bitkisi verisi olarak kullandık. Çalışmamızın “fonksiyonel” kısmı içinse, kuşların kullandıkları kaynakları, kaynaklara erişimlerini, onları tüketimlerini, rekabet kapasitelerini ve yaşam alanı kullanımlarını etkileyen [7] 14 fonksiyonel özellik seçtik.

Bu özellikler arasında kış diyeti, beslenme alanı, göçmenlik durumu gibi özellikler vardı. Daha sonra bu özelliklerine göre 61 su kuşu türünü fonksiyonel olarak 11 gruba sınıfladık. Bunlar, dalıcı otçullar, dalıcı balıkçılar ve sazlarda yaşayan hepçiller gibi gruplardı. Daha sonra bu 14 fonksiyonel özelliği kullanarak her sayım yılı için kışlayan su kuşu komünitelerinin fonksiyonel çeşitliliklerini [8] hesapladık. En son olarak da komünitelerdeki beklenen fonksiyonel çeşitlilik değerlerini hesaplamak ve dolayısıyla bir araya gelmelerinde etkili faktörleri çalışabilmek için rastlantısal bir şekilde komünite oluşumunu simüle ettik ve fonksiyonel çeşitlilik için nötral dağılımları hesapladık [9]. Hipotezlerimizi test edebilmek için de genelleştirilmiş doğrusal modeller kullandık [10].

Çalışmamızın sonuçları, Beyşehir Gölü’nde su seviyesinin düşük ve su içi bitkilerinin dominant olduğu yıllarda kışlayan su kuşu sayısının fazla olduğunu gösterdi. Bunun sebebinin su seviyesindeki azalmaya bağlı olarak artan su içi bitkilerinin, birçok su kuşunun beslenme alanlarını arttırması ve özellikle hepçil ve otçul su kuşları için bol miktarda besin sağlaması olduğunu düşünüyoruz. Su içi bitkilerinin dip omurgasızlarının bolluk ve çeşitliliğini arttırabildiği geçmiş çalışmalarda gösterilmiştir [11, 12]. Fonksiyonel gruplardaki bolluk değişimlerine baktığımızda ise su seviyesinin hiçbir grup için önemli bir belirleyici olmadığını gördük. Bunun aksine, her iki çalışma gölündeki su içi bitkisi durumunun dalıcı otçullar, dalıcı hepçiller ve dalıcı balıkçıl su kuşlarının bolluklarını etkilediğini gördük (Şekil 1). Bol bitkili ve daha berrak su yıllarına tekabül eden yıllar hem bitkisel besinlere hem de onların sayesinde çeşitliliği ve miktarı artan dip omurgasızlarına bağlı olarak daha yüksek sayıda dalıcı otçul ve hepçil su kuşuna ev sahipliği yaptılar. Su içi bitkisinin az olduğu ve daha çok ötrofik veya ötrofik olmaya yaklaşan yıllarda ise yaşanan dipçil balık biyokütlesindeki artışa bağlı olarak dalıcı balıkçılların sayısında bir artış yaşandığını gördük.



Şekil 1: Çalışma göllerindeki su içi bitkisi durumunun bazı fonksiyonel grupların bolluğuna etkisi

Çalışma komünitelerimizdeki fonksiyonel çeşitlilik örüntülerini ve onların beklenen fonksiyonel çeşitlilik değerlerini kıyaslağımızda neredeyse tamamının fonksiyonel çeşitlilik değerlerinin rastlantısal olarak bir araya gelmiş komünitelerinkinden istikrarlı bir şekilde düşük olduğunu gördük. Bir diğer deyişle, komünitelerimizin rastlantısal olarak bir araya getirilmiş komünitelere göre daha düşük fonksiyonel çeşitliliği vardı ve bunun en yaygın nedeni de çevresel filtrelemelerdi [13]. Yani kışlayan su kuşu komünitelerinin bir araya gelmesinde en büyük rolü çevresel ya da abiyotik filtreleme oynuyor olabilir. Zorlu çevresel koşulların hüküm sürdüğü zamanlarda su kuşu komünitelerinde bunun olduğu başka çalışmalarda da görülmüştür [14].

Su içi bitkisi durumunun ve su seviyesinin komünitelerin bir araya gelmesindeki kuvvetleri nasıl etkilediğine baktığımızda bir kere daha gördük ki su seviyesinin herhangi bir etkisi yok. Çalışmamızda su seviyesinin genel olarak çok etkili bir faktör olarak çıkmamasının sebebi, su seviyesine bağlı başka birçok faktör olması olabilir. Örneğin göllerin yüzey alanı su seviyesine direkt olarak bağlı ve su kuşları için çok önemli başka bir değişkendir [15]. Su içi bitkisi durumu ise bir kere daha önemli bir faktör olarak karşımıza çıktı. Göllerin bol bitkili yıllardan seyrek bitkili yıllara geçtiklerinde, komünitelerin daha çok rastlantısal bir şekilde birleşmiş komünitelerin fonksiyonel çeşitlilik değerlerine yaklaştıklarını gördük. Başka bir deyişle, komünitelerin bir araya gelmesinde çevresel filtrelemenin gücü azalıyor veya rekabetle alakalı kuvvetler artıyor gibi görünüyor. Fakat elimizdeki veri setiyle ne yazık ki tam olarak sebebinin neler olduğunu cevaplamak mümkün olmadı.

Belli ki su içi bitkisi veya trofik spektrumu daha çok kapsayan göllerin de çalışılması gerekiyor. Bu da sonraki çalışmalarımız için motivasyon olacak. Çalışmamızda su içi bitkilerinin su kuşu komünitelerinin fonksiyonel çeşitliliğine ve yapısına etkisini araştırdık ve su içi bitkilerinin durumunun sadece sığ göl kosistemlerinin kendisi için değil, aynı zamanda orada yaşayan su kuşu komüniteleri için de önemli bir belirleyici olduğunu gördük. Çalışmamız, su içi bitkilerinin günümüzde çok korkunç bir problem halini alan ötrofikasyondan ciddi bir şekilde etkilendiğini düşününce bazı önemli sonuçlar sunuyor. Bunlardan ilki sığ göllerin, aralarında nesli tehlike altında olan Dikkuyruk (*Oxyura leucocephala*) ve Elmabaş Patka (*Aythya ferina*) gibi kışlayan dalıcı hepçillerin de olduğu türler için, taşıma kapasitesini arttırmak için onları ötrofikasyondan korumamız ve bol su içi bitkili durumda tutmaya çalışmamız faydalı olabilir. Bir diğer önemli çıkarımımız ise, çoğu zaman ötrofikasyona bağlı yaşanan su içi bitkisi kaybının su kuşu komünitelerinin fonksiyonel çeşitliliği ve komünite birleşmesindeki rolünü anlamak için trofik spektrumun daha geniş bir kısmına yayılmış göllerde çalışmalar yapılması gerektiğidir.

Özgün makale: Özgencil, İ. K., Beklioğlu, M., Özkan, K., Tavşanoğlu, Ç., & Fattorini, N. (2020). Changes in functional composition and diversity of waterbirds: The roles of water level and submerged macrophytes. *Freshwater Biology*, 65(11), 1845-1857.

- [1] Hoverman J.T. & Johnson P.T.J. (2012). Ponds and lakes: A journey through the life aquatic. *Nature Education Knowledge* 3, 17
- [2] Weller M.W. & Batt B.D. (1988). *Waterfowl in winter*.
- [3] IUCN (2019). The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2019.
- [4] Jeppesen E., Søndergaard M., Søndergaard M. & Christofferson K. (2012). The structuring role of submerged macrophytes in lakes. *Springer Science & Business Media*.
- [5] Bibby C.J., Burgess N.D., Hill D.A. & Mustoe S. (2000). *Bird census techniques*. Elsevier.
- [6] Levi E.E., Bezirci G., Çakiroğlu A.I., Turner S., Bennion H., Kernan M., et al. (2016). Multi-proxy palaeoecological responses to water-level fluctuations in three shallow Turkish lakes. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 449, 553-566. <https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2016.02.052>
- [7] Luck G.W., Lavorel S., McIntyre S. & Lumb K. (2012). Improving the application of vertebrate trait-based frameworks to the study of ecosystem services: Vertebrate trait-based frameworks. *Journal of Animal Ecology* 81, 1065-1076. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2012.01974.x>
- [8] Laliberté E. & Legendre P. (2010). A distance-based framework for measuring functional diversity from multiple traits. *Ecology* 91, 299-305. <https://doi.org/10.1890/08-2244.1>
- [9] Swenson N.G. (2014). *Functional and Phylogenetic Ecology in R*. Springer New York, New York, NY.
- [10] Zuur A., Ieno E.N., Walker N., Saveliev A.A. & Smith G.M. (2009). *Mixed effects models and extensions in ecology with R*. Springer Science & Business Media.
- [11] Lillie R.A. & Budd J. (1992). Habitat architecture of *Myriophyllum spicatum* L. as an index to habitat quality for fish and macroinvertebrates. *Journal of Freshwater Ecology* 7, 113-125. <https://doi.org/10.1080/02705060.1992.9664677>
- [12] Diehl S. & Kornijów R. (1998). Influence of submerged macrophytes on trophic interactions among fish and macroinvertebrates. In: *The Structuring Role of Submerged Macrophytes in Lakes*. Ecological Studies, (Eds E. Jeppesen, M. Søndergaard, M. Søndergaard & K. Christofferson), pp. 24-46. Springer New York, New York, NY.
- [13] Liu X., Swenson N.G., Zhang J. & Ma K. (2013). The environment and space, not phylogeny, determine trait dispersion in a subtropical forest. *Functional Ecology* 27, 264-272. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12018>
- [14] Che X., Zhang M., Zhao Y., Zhang Q., Quan Q., Möller A., et al. (2018). Phylogenetic and Functional Structure of Wintering Waterbird Communities Associated with Ecological Differences. *Scientific Reports* 8. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-19686-3>
- [15] Ma Z., Cai Y., Li B. & Chen J. (2010). Managing Wetland Habitats for Waterbirds: An International Perspective. *Wetlands* 30, 15-27. <https://doi.org/10.1007/s13157-009-0001-6>

Erkeklerde yaşlandıkça infertilite neden artıyor ve bu artışı yavaşlatmak mümkün mü?

Derneğimiz üyelerinden **İrem Sepil** PNAS dergisinde yayımlanan, erkek meyve sineklerinde yaşlanmanın üreme üzerindeki etkilerini araştırdıkları çalışmalarını anlattı.

Dişilerde yaşlanmanın doğurganlık üzerindeki olumsuz etkileri uzun süredir biliniyor ve kabul ediliyor. Erkeklerde ise yaşlanmanın fertilitite üzerindeki etkileri dişilere oranla çok daha az araştırılmış ve bu konu hakkında hala bir sürü bilinmeyen var. Mesela insanlarda erkeklerin kadınlara oranla çok daha geç yaşlara kadar baba olabildiğini biliyoruz. Ama sadece insanlara ve çocuk sahibi olma yaşlarına bakarak erkeklerde yaşlanma fertilititeyi etkilemiyor demek mümkün değil.

Biz bu çalışmamızda erkeklerde yaşlanma ile birlikte fertilitide ciddi bir düşüş görülüyor mu, görülüyorsa sebepleri nedir ve bu düşüşü yavaşlatmak mümkün mü diye araştırmak istedik. Son yıllarda yapılan birkaç çalışma farklı hayvan türlerinde yaşlı erkeklerin fertilitelerinde bir düşüş olduğunu saptadı. Bu çalışmalardan bazıları bu düşüş ile birlikte sperm sayısında, sperm kalitesinde ya da sperm canlılık oranında da bir azalma olabildiğini gösterdi. Yalnız üreme sırasında erkeklerden dişilere aktarılan meninin içinde sadece sperm bulunmuyor; spermin yanında seminal sıvı da çiftleşme sırasında dişilere aktarılıyor.

Seminal sıvı içinde bakteriden karbohidrata, tuzdan vitamine, proteinden hormona bir sürü bileşen içeriyor. Özellikle seminal sıvı proteinlerinin birçok işlevi var. Bu proteinler sadece spermi korumakla ve sperm kullanımını belirlemekle kalmayıp, dişilerde çiftleşme ile birlikte bir sürü fizyolojik değişikliklere yol açıyor. Dişiler daha çok yemek yemeye, çiftleşmek için daha az istekli olmaya, hatta daha agresif olmaya başlıyor. Seminal sıvı proteinlerinin üreme üzerindeki etkisi ve önemi iyi bilinmesine rağmen, erkeklerde yaşlanma ile birlikte gösterdiği değişimler hiç araştırılmamış.

Çalışmalarımızda meyve sineklerini kendimize model olarak alarak, yaşlanmanın üreme, sperm ve seminal sıvı proteinleri üzerindeki etkisini araştırdık. Çiftleşme miktarının da bu değerleri etkileyeceğini düşündüğümüzden erkek sinekleri ya sürekli çiftleşme olanağına sahip oldukları bir ortamda yaşlandırdık ya da bakir olarak tuttuk. Öncelikle çok çiftleşen erkeklerde yaşlanmanın fertilititeyi ciddi oranda düşürdüğünü saptadık. Yaşlandıkça sperm üretme kapasitesinde ciddi bir azalma oluyor ve çok çiftleşen erkekler ileri yaşlarda spermsiz kalıyor.

Buna bağlı olarak da dişilere çiftleşme anında çok az sperm aktarabiliyorlar. Sperm üretimindeki bu düşüğe rağmen çok çiftleşen yaşlı erkekler genç erkeklere benzer miktarda seminal sıvı proteinleri üretiyor ve aktarıyor. Ama bu proteinlerin miktarları yerine yapılarına baktığımızda yaşlı erkeklerde bazı proteinlerin yapısal farklılıklar gösterdiğini bulduk. Bu da kalitelerinde bir düşüşün göstergesi olabilir.

Bakir olarak yaşlanan erkeklere baktığımızda ise çok farklı sonuçlarla karşılaştık. Yaşlanma bakir erkeklerin fertilitelerini etkilemiyor. Sadece dişinin birden çok erkekle çiftleştiği durumlarda yaşlı bakir erkeklerin yavru sayısı genç erkeklere oranla azalıyor. Buna benzer şekilde yaşlı bakir erkeklerin testislerinde yüksek miktarda sperm olduğunu ve dişilere yüksek miktarda sperm aktardıklarını gösterdik. Yaşlanmak ve çiftleşmemek erkek üreme organlarındaki seminal sıvı protein miktarını da arttırmış ama enteresan bir şekilde çiftleşme sırasında dişiyeye aktarılan protein miktarını azaltmış.



Bu verilere bakarak yaşlanmanın sperm ve seminal sıvı proteinlerini farklı etkilediği sonucunu çıkarabiliriz. Yaşlanma sürecinde, üreme organları birbirlerine paralellik göstermeden değişiyor ve çiftleşme miktarı da bu sonuçları bir hayli etkiliyor. Fertilitedeki düşüşe yol açan ana etmen ise çiftleşme ve yaşlanma sonucu görülen sperm sayısındaki azalış.

Peki fertilitedeki bu düşüşü yavaşlatmak mümkün mü? Birçok hayvan türünde insülin salgılanmasının baskılanması özellikle dişilerde ömrü uzatıyor. Biz bir genetik modifikasyon kullanarak insülin salgılanmasını bastırmamız halinde erkeklerde fertilitenin yaşla nasıl değiştiğini araştırdık. İnsülin salgılanması baskılanmış yaşlı erkeklerin fertilitesi kontrol sineklerden daha yüksek çıktı. İnsülin salgılanması bastırılmış yaşlı erkeklerle çiftleşen dişiler yeniden çiftleşmek için daha az isteklidirler. Bu sonuçlara bakarak insülin salgılanmasını baskılayarak yaşa bağlı fertilitedeki düşüşü yavaşlatabileceğimizi gösterdik.

Model organizmalarda yapılan bu tip çalışmalar bize yaşlanmanın etkileri ve fizyolojisi hakkında bilinmeyen birçok soruyu cevaplama olanağı veriyor. Bu araştırmadaki bir sonraki aşama yaşlanmayı geciktiren ilaçların kullanımının fertilitayı nasıl etkilediğine bakmak ve erkeklerin yaşlanmasının yavruları üzerindeki etkilerini sebepleri ile birlikte incelemek.

Özgün makale: Sepil I, Hopkins BR, Dean R, Bath E, Friedman S, Swanson B, Ostridge HJ, Harper L, Buehner NA, Wolfner MF, Konietzny R, Thezenas ML, Sandham E, Charles PD, Fischer R, Steinhauer J, Kessler BM & Wigby S (2020) Male reproductive ageing arises via multifaceted mating-dependent sperm and seminal proteome declines, but is postponable in *Drosophila*. PNAS, 117:17094-17103.

PAHA BİÇİLEMEZ Mİ YOKSA DEĞERSİZ Mİ? 100 HARİKA TÜRDEN BİRİ OLAN *PSORODONOTUS EBNERİ*'Yİ KORUMAK

Proje Koordinatörü: Dr. Battal Çıplak*, Proje Asistanları: Onur Uluar*, Özgül Yahyaoğlu*

*Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Lab., Antalya, Türkiye

Mitolojiye göre, Nuh peygamber Büyük Tufan'dan canlıları kurtarmak için bir gemi inşa eder ve tufan sona erdiğinde bu gemi Orta Doğu'da bulunan bir dağın tepesine iner. Kafkaslar'daki Ağrı Dağı ve Zagros Dağları'nın kuzey sonunda yer alan Cilo Dağları, Nuh'un Gemisi'nin indiği yerler olarak düşünülmektedir. Nuh'un Gemisi mitolojisi, Orta Doğu ve Kafkasya'daki bazı dağlık bölgelere endemik, soğuk seven türlerin korunmasında dağlık alanların mevcut rolünü tanımlamak için harika bir metafor sağlamaktadır. Bu çalışma kapsamında biz de Beydağları'nı (Antalya) kritik derecede tehdit altında olan ikonik tür *Psorodonotus ebneri* (100 harika türden biri - <https://portals.iucn.org/library/node/29199>) için Nuh'un Gemisi olarak ele alacağız.

Anadolu, dünyadaki 34 biyolojik çeşitlilik sıcak noktasından biridir. Biyoçeşitliliğinin önemli bir kısmı ise dağ silsileleri ile ilişkilidir. Dağ çeşitliliği, bazı gruplarda oranı % 80'e kadar erişebilen Anadolu endemik çeşitliliğini barındıran ana kaynaklardan birisini oluşturmaktadır. Bu türlerden bir tanesi olan *P. ebneri*, Beydağları üzerinde çok dar bir alanla sınırlı bir türdür.

Tür, dağ sırası üzerinde biri 1500 m ile Tahtalıdağ, diğeri ise 1800 m ile Çalbalıdağ, İmecik Yayla olan iki komşu lokaliteden kaydedilmiştir. Tahtalıdağ'da bulunan düşük rakım popülasyonu iklim değişikliği ve insan faaliyetleri nedeniyle çoktan tükenmiştir ve tür, dağ içerisinde yalnızca çok nadir bulunan sulak alan çayırlarında ve yüksek rakımda dağılışı göstermektedir (İmecik Yayla).

İklim değişikliğinin etkisinin, özellikle sıcaklık artışı ve kuraklığa neden olarak Akdeniz'de daha şiddetli görülmesi beklenmektedir. Yağış rejimindeki değişiklik özellikle dağ çayırlarını etkileyecek ve bu durum endemik çeşitliliğin sahip olduğu habitatın ortadan kalkmasına sebep olacaktır. *P. ebneri* gibi küçük popülasyonlara sahip (yaklaşık 5 km²) türler için yok olma tehlikesi daha yüksektir ve iklimsel değişiklikler bu sığınmacılar için büyük tehdit oluşturmaktadır. Aynı zamanda, su kullanımı, ot biçme, hayvan gütmeye ve otlatma gibi insan kaynaklı aktivitelerin *P. ebneri* için yoğun tehdit oluşturduğu düşünülmektedir. Bu proje kapsamında *P. ebneri*'nin dağılım alanı, habitat tercihleri, popülasyon büyüklüğü, demografik durumu,



Şekil 1. İmecik Yayla, Korkuteli, Antalya (Fotoğraf: H. Çıplak)

hayat döngüsü özellikleri (yumurta bırakma, embriyonik gelişim, yumurtadan çıkma ve deri değişirme dönemi) vb. bilgilerin edinilmesi amaçlanmaktadır.

2 yıl sürecek olan (2020-2021) proje boyunca elde edilen kapsamlı bilgiler ışığında türün IUCN tehlike kategorisi yeniden değerlendirilecektir. Dahası, veriler devlet yetkilileriyle paylaşılacak ve P. ebneri'nin korunması için gerekli düzenlemelerin yapılması ve kararların alınması amacıyla kullanılacaktır. "Mohammed Bin Zayed Tür Koruma Fonu - <https://www.speciesconservation.org/>" tarafından verilen mali destek, bu ikonik tür için koruma planlarını hayata geçirmek için harika bir fırsat sağlamaktadır.



Şekil 2. *Psorodonotus ebneri* (Fotoğraf: Ö. Yahyaoğlu)

KİTAP TANITIMI

KÜRESEL İKLİM DEĞİŞİMİ, BİYOÇEŞİTLİLİK KRİZİ VE GEZEGENİMİZDE ÇIKMAZA GİREN YAŞAM...

Utku PERKTAŞ

Hacettepe Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Ankara, Türkiye.
Amerikan Doğa Tarihi Müzesi, Ornitoloji Bölümü, New York, USA.

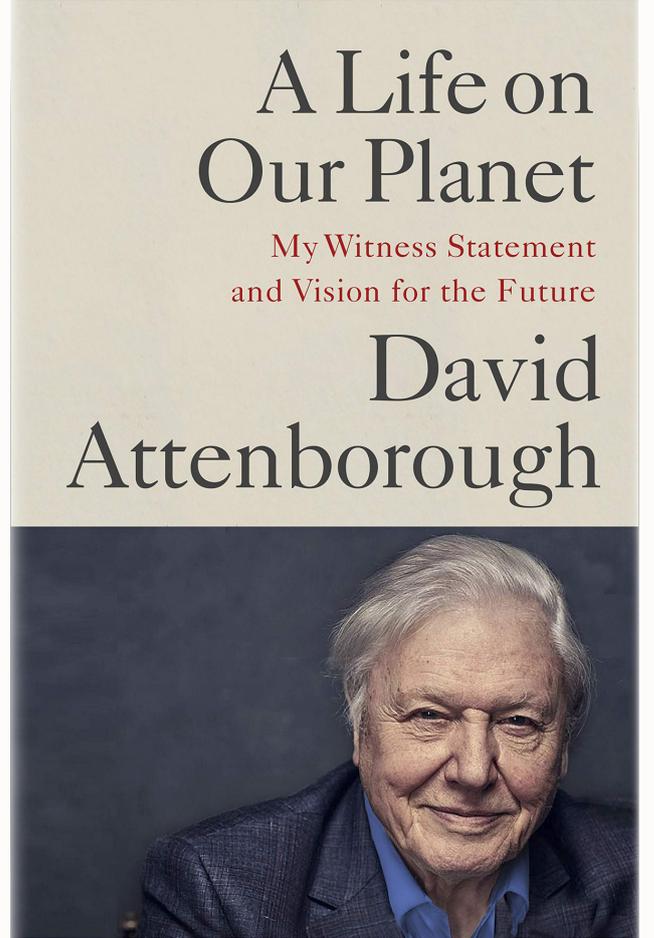
İçinden geçtiğimiz günler COVID-19 hastalığının neden olduğu salgının gölgesinde sürüp gidiyor. Çoğumuz sessiz sedasız bir şekilde evlerimizdeyiz. Hep birlikte doğaya bile çıkamıyoruz. Bu durumu fazlasıyla hak ettik esasında, çünkü doğayı koruma ve verdiğimiz hasardan kurtarma görevinde başarısız olduk. Yaşadığımız pandemi bugüne kadar insanlığın gördüğü salgın serilerinden sadece biriydi ama bu sefer çok etkili oldu ve olmaya da devam ediyor. Doğayı koruyup kollamayı başarabilseydik, COVID-19 salgınına neden olan sonuncu hastalık da çıkmayabilirdi. Hastalıklara neden olan bu patojenler doğaya yaptığımız müdahaleler neticesinde bizlere bulaşıyor, böylece çoğalıp çeşitleniyorlar. Sonuç bugünlerde yaşadığımız gibi üzücü bir maliyet olarak önümüze geliyor.

Peki, ne yaptık da bu böyle oldu?

İlk olarak toplu yaşama geçmeyle birlikte şehirleri keşfettik ve kurduk. Buraları doldurmak için çoğaldık. Dünya nüfusunu özellikle son 200 yıl içinde yaklaşık sekiz kat arttırdık. Bu artışa damgasını vuran dönem ise sanayi devrimi sonrasında gelen kısa zaman dilimi oldu. Bir de geride bıraktığımız 40 yıllık süreci dikkatle analiz etmemiz gerek. Altmışların başından günümüze dünyadaki nüfus büyümesi beş milyarlık bir artışa karşılık geliyor. Dünya insanın evrimleştiği dönemden günümüze böylesine bir artışı hiçbir zaman deneyimlemedi.

Bu artışın faturası nedir?

Bugüne kadar hep altını çizdiğim bir konu var. Kesinlikle unutmamız gereken bir konu ve önümüze konan faturadaki en önemli maliyet kalemi: küresel ısınmaya bağlı iklim değişikliği. Küresel ısınmanın etkileri çok yönlü. Biyolojik çeşitliliğe verdiği zararların yanı sıra insan toplulukları üzerinde de etkili sosyolojik problemlere neden oluyor. Mesela, politikacılar su kıtlığının yol açacağı iklim savaşlarından bahsediyor. Yine çok uzağa gitmemize gerek yok, Orta Doğu'da yaşadığımız Arap Baharı ayaklanmalarını hatırlayalım.



Temeldeki sorun küresel ısınmaya bağlı olarak kırsal çevrede üretimin düşmesi, bunun neden olduğu insan göçleri ve artan işsizlik hadiseleri oldu. Sorunun bilimsel altyapısı akademik çalışmalarda da tartışıldı.

İşte, David Attenborough, son yazdığı kitabında (A Life on Our Planet) dünyayı paylaştığımız biyolojik çeşitliliğe dikkat çekiyor. Kitabın içinde yapılan vurgu ise dünyayı çevremizde var olan milyarlarca yıl süresince inşa edilmiş olağanüstü bir canlı çeşitliliğe paylaşıyor olmamız. Bu çeşitliliğin bugün hayal edilebilecek en dikkat çekici yaşam destek sistemi olduğu da aşikar. Biyoçeşitlilik azaldıkça gezegenin istikrarı da dalgalanıyor, çünkü bu iki nokta birbirine tamamen bağlı.

David Attenborough, gezegenimizdeki istikrarı geri kazanmak istiyorsak, biyolojik çeşitliliği, yani bugün krizde olan dünyanın olağanüstü zenginliğini şiddetle korumamız gerektiğini söylüyor. Gelecek için tek çıkış yolunun da bu olduğunun altını çiziyor. Kitap toplam üç ana bölüm halinde karşımıza çıkan faturanın maliyetini azaltmak için neler yapabileceğimizi geçmişten örneklerle işliyor. Son olarak da dünyayı yeniden canlandırmalıyız mottosunu tartışarak kapanıyor.

Kitabın sonunda popüler bilim kitaplarında görmeye pek alışık olmadığımız kapsamlı bir sözlükle karşılaşıyoruz. Kitlesele yok oluşlardan Antroposen'e, deniz koruma alanlarından yenilenebilir enerjiye ve daha birçok konuya açıklama getiren kavramları bu sözlükte görebiliyoruz.

David Attenborough, çizdiği çerçevenin sınırlarıyla tarihi iyi anlamamız gerektiğinin altını çizerek doğayı doğru anlayabilmemiz için etkin bir perspektif sunuyor. Parçalanan doğayı bir araya getirmek için farkındalığımızı artıran bu kitap, evde kaldığımız bugünlerde güzel bir okuma deneyimi olabilir.



Başarı Ödülleri

Halil Mert Solak - Makale Ödülü

Altitudinal Effects on Innate Immune Response of a Subterranean Rodent

Yazarlar: Solak, Halil Mert; Yanchukov, Alexey; Çolak, Faruk; Matur, Ferhat; Sözen, Mustafa; Ayanoğlu, İhsan Cihan; Winternitz, Jamie

Bağışıklık yanıtını sürekli aktif tutmak ve bunu sürdürmek canlılar için çok fazla enerjiye mal olmaktadır ve bağışıklık yanıtına yapılacak olan ideal enerji yatırımı enfeksiyon riskine bağlıdır. Yükseklik ise parazit bolluğunu etkileyen doğal bir çevresel faktördür; yüksek rakımda zorlu çevre koşullarının parazit transmisyonunu azaltmasına bağlı olarak parazit bolluğunu düşürdüğü tahmin edilmektedir. Bu çalışmada Anadolu Körfaresi'nin yüksek ve alçak rakımdaki popülasyonları kullanılarak, yüksekliğin doğuştan gelen özgül olmayan bağışıklık sistemine olan etkileri test edildi. Devam eden iki yıl boyunca (2017 ve 2018) Niğde, Konya ve çevresindeki üç farklı popülasyondan (iki alçak rakım ve bir yüksek rakım) 19 örnek toplandı. Popülasyonların rakımları sırasıyla denizden 1010, 1115 ve 2900 m yüksekliktedir.



Görsel 1. Medetsiztepe, yüksek rakım popülasyonu (~2900 m).



Görsel 2. Medetsiztepe’de yakalanan bir *Nannospalax xanthodon* örneği.

İlk olarak farklı yükseklikteki popülasyonlardan alınan kan plazmasının bakteri öldürme yeteneği ölçülerek doğuştan gelen özgül olmayan bağışıklık sistemi karşılaştırıldı. Sonrasında yükseltiye bağlı olarak stresli koşullar bağışıklık sistemini etkileyebileceği için, kortikosteron (stres) hormonunun seviyeleri karşılaştırıldı. Son olarak ise mide-bağırsak parazitlerinin yaygınlık ve yoğunluğu karşılaştırıldı. Yüksek rakımdan alınan örneklerle ait plazmaların bakteri öldürme yeteneklerinin alçak rakımdakilere oranla daha yüksek olduğu gözlenirken, kortikosteron seviyelerinde ve mide-bağırsak parazitlerinin yaygınlığı ve yoğunluğunda yükseltiye bağlı anlamlı bir fark görülmedi. Bu çalışma yüksek rakımda yaşayan hayvanların doğuştan gelen özgül olmayan bağışıklık sistemine daha fazla yatırım yaptığına dair öncül sonuçlar göstermektedir.

Özgün makale: Solak, H. M., Yanchukov, A., Çolak, F., Matur, F., Sözen, M., Ayanoğlu, İ. C., & Winternitz, J. C. (2020). Altitudinal Effects on Innate Immune Response of a Subterranean Rodent. *Zoological science*, 37(1), 1-11.

Başarı Ödülleri

Metin Silsüpür - Yüksek Lisans Tezi Ödülü

Hibrit Bölge, Koruma ve Filocoğrafya Bağlamında Türkiye'deki İki Kirpi Türünün (*Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus concolor*) Evrimsel Genetiği: Batı, Doğu ile Karşılaşıyor

Pleistosen Buzul Çağı'nda meydana gelen başlıca iklimsel dalgalanmalar, türler arası genetik çeşitlilik üzerinde izler bırakmış ve türlerin dağılımını büyük ölçüde etkilemiştir. Geçmişte meydana gelen dağılım değişimleri filogenetik ve filocoğrafik analizler yardımıyla yeniden yapılandırılabilir. Bu çalışma, iki kardeş kirpi türü, *Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus concolor* için yürütülen detaylı bir filocoğrafik araştırmanın sonucunu sunmakta ve bu türler arasında ilk defa tanımlanan bir hibrit bölgeyi ortaya koymaktadır.

Tez kapsamında çalışılan kirpi örnekleri mitokondriyal DNA (mtDNA, 193 birey), Y kromozomu (93 birey), ve bir nükleer belirteç (bfibr intron 7, 175 birey) için analiz edilerek, temas bölgesinde gen akışının yönünü ve derecesini karakterize etmek hedeflenmiştir. Geniş bir örnekleme ve çoklu lokus yaklaşımı temel alınarak yürütülen bu çalışma, Türkiye'de biri yerli (*E. concolor*) diğeri de işgalci (*E. roumanicus*) iki kirpi türünün varlığını net bir biçimde göstermiştir. Çalışılan genetik belirteçlerin coğrafik dağılımı ve analizleri iki türün doğada karşı karşıya geldikleri ve aralarında gen alışverişinin olduğu bir ikincil hibrit bölgenin varlığını ortaya koymuştur. Bu bölgenin coğrafik konumu Kuzeybatı Anadolu'da Bartın'dan başlayıp güneyde Ankara-Beypazarı'na kadar uzanan 160 km'lik bir Kuzey-Güney hattının sağ ve solunda olup, yaklaşık olarak 15.500 km²'lik bir alana denk gelmektedir.

Bu alanda *E. concolor*'dan *E. roumanicus*'a mtDNA'nın asimetric bir şekilde sızması geniş bir coğrafik alanı içermekte olup bu karışım alanındaki otozomal belirteçlerdeki genetik sızıntıların varlığı türler arasında seçici olarak nötral hibridizasyonun varlığını göstermiştir. Y kromozomundaki genetik sızıntıların neredeyse yokluğu ve belirteç klinlerdeki kaymalar hareketli bir hibrit bölge olgusunu desteklemiş ve türler arasında erkek hibrit bireylere karşı tek yönlü seçilimin varlığını ortaya koymuştur. Bu alanda iki türün parapatric olarak beraber bulunduğu lokalitelerde belirgin bir ekolojik karakter değişiminin olmadığı gözlenmiş olup, türleşme sürecinin allopatric ile başlayıp türlerin ikincil teması ile tamamlanma sürecinde olduğu gözlenmiştir. Hibrit bölge içinde tespit edilen hibrit bireylerin çoğunun geri çapraz sonucu meydana gelmiş bireyler olduğu bulgusu, zigot sonrası izolasyonun tam tamamlanmış olmasa bile iki türe ait genetik bütünlüğün büyük oranda korunduğunu, üreme karakter değişimi veya soya yönelimin türler arası hibridizasyonu sınırlamada önemli faktörler olarak ele alınması gerektiğini göstermektedir.

ODTÜ Deniz Bilimleri Enstitüsü Genetik Laboratuvarı

Her sayımızda üyelerimizin dahil olduğu bir araştırma grubunu tanıtıyoruz. Bu sayıda Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Deniz Bilimleri Enstitüsü'nde araştırmalarını yürüten **Arzu Karahan**'ın ODTÜ, Deniz Bilimleri Enstitüsü Genetik Laboratuvarı'nı sizlere tanıtmak istiyoruz.

Orta Doğu Teknik Üniversitesi (ODTÜ), Deniz Bilimleri Enstitüsü (DBE) bünyesinde yer alan genetik laboratuvarında bakteriden memeliye kadar neredeyse tüm denizel canlılar ile çalışmalar yapmaktayız. Çalışma alanlarının genel başlıkları; popülasyon genetiği, filoğrafya, DNA barkodlama, metagenomik olarak verilebilir. Ayrıca genetik laboratuvarı altında bulunan tunikat laboratuvarında, model organizma olarak kullandığımız botryllid asidianlar üzerinde kök hücre, yaşlanma ve onarım çalışmaları sürdürmekteyiz. ODTÜ-DBE'de yapılan çalışmalar biyoçeşitlilik tespiti, farklı denizel popülasyonlar arasındaki etkileşimlerin belirlenmesi, türleşme mekanizmaları, uyumsal evrim ve tüm vücut onarımı yapabilen, kök hücre potansiyeli yüksek olan ve yaşlanma görülmeyen organizmaların sırlarının moleküler ve histolojik teknikler kullanılarak araştırılması şeklindedir.

Kısaca kendimden bahsedersen; lisansımı Atatürk Üniversitesi Eğitim Fakültesi Biyoloji Bölümü'nde tamamladıktan sonra Milli Eğitim Bakanlığı'na bağlı olarak doğu illerinde iki yıl kadar öğretmenlik yaptım. Ardından bu görevimden istifa ederek Mersin Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nde yüksek lisans ve doktora yaptım. Bu dönemdeki çalışmalarım çoğunlukla sitogenetik ağırlıklıydı. Doktora sonrası çalışmalarında moleküler genetiğe yöneldim. İlk olarak ODTÜ Biyolojik Bilimler'den Prof. Dr. İnci Togan ile popülasyon genetiği, ardından İsrail Oşinografik ve Limnolojik Araştırma Enstitüsü (IOLR) Deniz Biyolojisi ve Biyoteknolojisi Bölümü'nde Prof. Dr. Baruch Rinkevich ile DNA barkodlama ve popülasyon genetiği üzerine çalıştım. 2017 yılından itibaren ODTÜ-DBE'de öğretim üyesi olarak çalışmaktayım.

Tunikat laboratuvarı

Dünyanın %70'ten fazlasını oluşturan ve insanlığın ilk döneminden itibaren medeniyetlerin şekillenmesini sağlayan okyanuslar, gezegende en fazla gıda ve enerji üretiminin olduğu ekosistemleri barındırmaktadır. Aynı zamanda ilaç üretimi, endüstriyel süreç geliştirme, ekosistem yönetimi ve diğer sayısız yeniliğin potansiyel kaynağını oluşturmaktadır. Deniz (Mavi) Biyoteknolojisi, denize dayalı yeni bilgi, ürün ve hizmetler sunarak küresel çapta karşılaşılan problemlere çözüm önerileri getirmektedir. Mavi Biyoteknolojik ürünler bir süredir hayatın her aşamasında kullanılmaktadır. Denizel canlılardan elde edilen medikal ürünlerin yanı sıra, bazı canlılar insan vücudunu daha iyi anlamak için model organizma olarak kullanılmaktadır. Tulumlulardan iki botryllid asidian türü (*Botrylloides leachii* ve *Botryllus schlosseri*) kanser, onarım, yaşlanma, doku uyumu vb. araştırmalarda model olarak kullanılmaktadır. Omurgalılar şubesi, Tulumlular alt şubesi ve Botryllidae familyasında yer alan botryllid asidianlar Vertebrata'nın en yakın akrabasıdır ve omurgalılar içinde kan damarından tüm vücut onarımı yapabilen tek canlı grubudur.

Tunikat çalışmaları ile ilk tanışıklığım 2012 yılında, doktora sonrası araştırmacı olarak çalıştığım IOLR'da oldu. IOLR'da DNA barkodlama çalışması için bulunuyordum, fakat laboratuvar kaynağının neredeyse %80'inin tunikat çalışmalarına ayrılması dikkatimi çekti ve çalışmalara dahil olmak istedim. Böylece balık, sert ve yumuşak zeminden toplanan denizel omurgasızların DNA barkodlarını yapmanın yanı sıra Amerika'nın doğu kıyılarında toplanmış ve mutasyon hızı çok yüksek olan *Botryllus schlosseri* isimli bir tulumlu türünün



popülasyon genetiği çalışmalarını da yapmaya başladım. Ardından IOLR'daki rejeneratif biyoloji ve kök hücre çalışmalarına katıldım. Bu çalışmaların bir kısmını IOLR işbirliği ile ODTÜ-DBE'de devam ettiriyoruz.

Bunun yanısıra araziden aldığımız farklı türlere ait bireyleri ODTÜ-DBE akuakültür ortamında çoğaltarak hayat döngülerini takip ediyor, üzerlerinde morfolojik ve histolojik çalışmalar yapıyoruz. Uzun süreli izleme çalışmamız sonucunda ODTÜ-DBE akuakültür ortamına en uygun, sıcaklık değişimlerine toleransı yüksek olan *Botrylloides anceps* türü üzerinde yaşlanma ve onarım çalışmalarının yapılabileceğini, türün yeni bir model organizma olma potansiyeline sahip olduğu belirledik. Bu kapsamda bir doktora öğrencim (**Fatma Nur Oğul**) akuakültür ortamında çoğalttığımız Botrylloid türleri üzerinde S1PR geni ve Wnt kalsiyum yolağının tüm vücut onarımı sırasındaki rolleri ve etkileşimlerini çalışmaktadır.

Ayrıca İsrail ve İsviçre ile ortak çalışmalarımız devam etmektedir. IOLR'den Dr. Amali Rosner ve Prof. Baruch Rinkevich ile yürüttüğümüz proje kapsamında inhibitör apoptosis gen ailelerinin (IAPs) *Botryllus schlosseri* türünün tüm vücut onarımındaki rolünü araştırmaktayız. Proje kapsamında hem morfolojik hem de immüno-histokimyasal çalışma yapmakta, canlıların ilgili genlerini bölgeye özel olarak ürettiğimiz siRNA'lar ile susturarak IAPs'ların görevlerini belirlemekteyiz. Çalışma kapsamında Piwi, Vasa, PL10, IAP28 ve H3 antikörlerini kullanarak bu inhibisyonların *B. schlosseri*'nin tüm vücut onarımını ve blastogenik döngüsünü nasıl etkilediğini anlamaya çalışıyoruz. İsviçre Fribourg Üniversitesi'nde Dr. Simon Blanchoud'un başında olduğu Rejeneratif Biyoloji Grubu ile yaptığımız ortak çalışma ile *B. anceps* türünün tüm vücut onarım evreleri ve blastogenik döngüsünün immüno-histokimyasal analizlerini yapmaktayız.

"Kök hücre" disiplini, biyoloji ve biyotipteki en dinamik alanlardan biridir ve denizel/sucul omurgasızların kök hücre biyolojisi çalışmaları son yıllarda bu alanların ilgi odağı olmaya başlamıştır. Şu ana kadar sayılı araştırma grubunun dikkatini çekmiş olsa da yüksek kök hücre potansiyelleri, tüm vücut onarımı yapabilmeleri ve yaşlanmanın görülmemesi bu canlılara olan ilginin artmasını sağlamaktadır. Başkan yardımcılığını [AK1] doktora sonrası danışmanım Prof. Dr. Baruch Rinkevich'in yaptığı ve yönetim komitesi üyesi olduğum bir COST aksiyonu (MARISTEM-CA16203) ile diğer ülkelerde denizel kök hücre çalışan gruplarla iletişim halindeyiz ve aşağıda özetlediğim bazı çalışmalarını ortak yürütmekteyiz.

ODTÜ-DBE'deki Tunikat çalışmalarına 'Yeni Öğretim Üyesi-YÖP-701-2018-266' kodlu BAP projesi ve DEKOSİM (BAP-08-11-DPT2012K120880) projesi desteği ile 2017 yılında başladık. Proje kapsamında iki yüksek lisans öğrencim ile birlikte (**Berivan Temiz** ve **Esra Öztürk**) Türkiye'nin Akdeniz kıyıları botryllid asidian çeşitliliğini ilk defa araştırdık. Bu kapsamda öğrencilerimden biri *Botrylloides aff. leachii* türünün hem zaman serisi (2012-2019) hem de mekânsal (Hatay-Antalya arası 8 istasyon) filocoğrafik analizlerini yaptı. Diğer yüksek lisans öğrencim ise benzer çalışmayı *Botrylloides anceps*, *Botrylloides israeliense* ve *Botrylloides sp.* türleri üzerinde yaptı. Bu çalışmalar sırasında totalde 6 belirteç kullanarak (COI, CytB, ANT, 18s, 28s, H3) taranılan alanda biri yeni olmak üzere 8 farklı asidian türü tespit ettik. Bölge botryllid asidianlar açısından eşine ender rastlanır bir çeşitliliği barındırmaktadır ve bu yüzden her yıl düzenli olarak belirli istasyonlardan örnek toplamaya ve çeşitliliği takip etmeye devam etmekteyiz.



Biyçeşitlilik-DNA barkodlama, eDNA, Filocoğrafya ve Popülasyon genetiği çalışmaları

Biyçeşitlilik çalışmalarımızı türlerin DNA barkodlarını yaptıktan sonra veri tabanına (BOLD sistem) yükleyerek yapıyoruz. Arazi çalışmalarından topladığımız bazı örnekleri ODTÜ-DBE bünyesinde bulunan uzman taksonomistler ile işbirliği halinde DNA barkodlarını yaptıktan sonra veri tabanına yüklerken, bazı örneklerin tür atamalarını BLAST analizi ile yapmaktayız. Bunu yaparken BLAST analizi sırasında referans alınan dizinin uzman taksonomist onayı ile sisteme yüklenmiş olduğundan emin oluyoruz. Üzerinde farklı çalışmalar yapmayı planladığımız bir canlının türünden emin olmak için de öncelikle barkodlama yapıyoruz. Şu ana kadar ODTÜ-DBE bünyesinde 100'den fazla türün (omurgalı, omurgasız ve bitki) DNA barkodlarını hazırladık ve çalışmalarımız rutin olarak devam etmektedir. Barkodladığımız türlerin büyük bir kısmı ise bir yüksek lisans öğrencimizin (**Ozan Çiftçi**) tez çalışması olarak yapılmıştır.

Ayrıca üyesi olduğum CA18134 kodlu diğer COST aksiyonu (Genomic Biodiversity Knowledge for Resilient Ecosystems- G-BIKE) kapsamında yabancı ve evcilleştirilmiş popülasyonların genetik direncini ve uyumlarını izlemek ve yönetmek için standart ve rutin araçlara karar verilmesine ve yaygınlaştırılmasına katkı vermekteyim. Her ne kadar, birçok organizma için genetik veri mevcut olsa da türlerin genetik çeşitliliğini ve adaptasyon potansiyellerini tespit etmek ve izlemek için kullanılan protokollerin standardizasyonundaki uyumsuzluklar, verilerin bütünleşik olarak ele alınmasına engel olmaktadır. İklim değişikliğinin önümüzdeki yıllarda yaşanacak olan sert etkileri göz önüne alındığında bu tarz aksiyonların önemi artmaktadır.

Filocoğrafya çalışmaları kapsamında farklı alanlardan topladığımız canlıları COI dışında başka kodlanan gen bölgelerini de (CytB, ANT, 18s, 28s, H3) kullanarak karşılaştırıp, popülasyonların adaptif evrimleri ve Kızıldeniz kökenli türlerin istilacı tür olup olmama potansiyelini araştırıyoruz. Türün tanıtımın hangi evresinde olduğunu (yeni coğrafyaya ulaşmak, hayatta kalmak, yerleşmek, yayılmak ve yerel türlerin yerini almak) genetik belirteçler kullanarak belirlemeye çalışıyoruz.



Örneğin bir yüksek lisans öğrencimin tezi kapsamında çalıştığı *B. anceps* isimli İndo-Pasifik kökenli türün 'lag süresinin' (kolonileşme ile hızlı popülasyon büyümesi ve alan genişletilmesi arasındaki süre) hangi evresinde olduğunu anlamaya çalışıyoruz. Şu ana kadar elde ettiğimiz veriler türün henüz kolonileşme sürecinde olduğunu ve hızlı popülasyon büyümesine girmediğini göstermiştir. Burada vurgulanması gereken önemli bir nokta her yeni gelen türün istilacı olmayacağını bilmesidir. Şöyle ki, Kızıldeniz'den Akdeniz'e geçen türlerin yalnızca %1'i istilacı olmaktadır.

Çevresel DNA (eDNA) çalışmalarımız da küçük ölçeklerde devam etmektedir. Bir zaman serisi istasyonumuzun 0-200 m arası 4 farklı derinliğinden aldığımız örneklerle ITS belirteci kullanarak protozoa, mantar, zooplankton, knidaria tür çeşitliliği belirledik ve su kolonu örneklerini birbirleri ile karşılaştırdık.

Popülasyon genetiği çalışmalarımızdan birinde Akdeniz'deki kıyı ve açık hamsi popülasyonlarını hem geometrik morfometrik teknikler hem de moleküler belirteçler (mikrosatellit ve intron) kullanarak karşılaştırdık ve bu popülasyonların tür kompozisyonlarını anlamaya çalıştık. Çalışma kapsamında iki popülasyonun hem morfolojik hem de kullanılan genetik belirteçler yönünden farklı olduklarını belirledik. IOLR'da yürüttüğüm diğer bir çalışmada ise Amerika'nın batı kıyılarındaki *Botrylloides schlosseri* türünün hem Kaliforniya ve Seattle arasındaki 6 istasyondan alınan örnekleri mekansal olarak hem de Kaliforniya'da bir istasyondan (Elkhorn Yacht Club) alınan zaman serisi örneklerini (1996-2008) zamana bağlı olarak karşılaştırarak uzun dönemde popülasyonda bir farklılaşma olup olmadığını ve de 2005 yılında yaşanan sel felaketinden sonra bölgede tamamen yok olan *B. schlosseri* popülasyonunun hangi kaynaktan yeniden şekillendiği sorularının cevaplarını aradık. Bunun yanı sıra bir yüksek lisans öğrencimizin (**Fatıma Nur Oğul**) tezi kapsamında Akdeniz ve Kıbrıs kıyılarındaki deniz kaplumbağalarının filogenetik analizlerini yaptık. Doktoraya yeni başlayan bir öğrencim ile (**Begüm Ece Tohumcu**) botryllid asidianlar üzerine tüm Türkiye'yi kapsayan popülasyon genetiği çalışması yapmayı planlamaktayız.

Metagenomik çalışmalar

Bir doktora öğrencimiz (**Selin Küçükavşar**) 'Denizel mikrobiyal reaksiyonların yeni yaklaşımlar kullanılarak araştırılması: biyojeokimya ve genetik' başlıklı doktora tezinde 'Erdemli Zaman Serisi' istasyonunun oligotrofik gözlem istasyonundaki 6 farklı su kolonu derinliğinden bir yıl boyunca aylık aralıklarla örnekler almış (toplam 65) ve bu örneklerden izole edilen DNA'lar 16S rDNA metagenomik yaklaşımı kullanılarak Yeni Nesil Dizileme platformu ile dizilenmiş, bölge mikrobiyal çeşitliliği belirlenmiştir. Türlerin alfa ve beta dağılımları incelenmiş, tür dağılımları üzerine ekolojik faktörlerin etkisi araştırılmıştır. Bir yüksek lisans öğrencimiz (Mertcan Esti) ise Karadeniz bentozunda yine 16S rDNA metagenomik yaklaşımını kullanarak mikrobiyal çeşitlilik çalışması yapmaktadır.

Son olarak kariyerinin başında olan veya geleceğine yön vermeye çalışan gençlere şunları söylemek isterim; yeni şeyler denemekten korkmayın. Hem çok spesifik hem de geniş boyutlu düşünün ve 'yapamazsın' diyenlerden uzak durun. O zamana kadar hiçbir kız öğrencinin üniversiteyi kazanmadığı ve üniversite sınavına hazırlığın ders kitaplarından yapıldığı bir yerde 'kazanamazsın' diyenlere üniversite sınavını kazanarak cevap verdim ve 16 yaşında üniversiteye başladım.

Hayatta yapamayacağınız şey yoktur, yeter ki vazgeçmeyin.



KISA KISA...

Çanakale OMÜ Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü Fungal Evrimsel Genetik Laboratuvarı (Özkılınç Lab) üyelerinin makaleleri Scientific Reports ve European Journal of Plant Pathology dergilerinde yayınlandı.

Yildiz, G. et al., 2020, First characterization of the complete mitochondrial genome of fungal plant-pathogen *Monilinia laxa* which represents the mobile intron rich structure. Scientific Reports, 10, 13644.

Ozkilinc, H. et al., 2020, Species diversity, mating type assays and aggressiveness patterns of *Monilinia* pathogens causing brown rot of peach fruit in Turkey. European Journal of Plant Pathology, 157, 799–814.

Hacettepe Üniversitesi Biyoinformatik Bölümü'nden **İdil Yet**, Çevre ve Yaşam Bilimleri alanında L'Oréal-UNESCO Ulusal Genç Bilim Kadınlarına Destek Bursu'nu kazandı.

Çankırı Karatekin Üniversitesi'nden **Nihan Tavşanoğlu**'nun "Tatlısu ekosistemlerinde mikroplastiklerin ekotoksikolojik yönden değerlendirilmesi" başlıklı TÜBİTAK 1001 projesi kapsamında arazi ve laboratuvar çalışmaları devam ediyor. Ayrıca ekibin "Mikroplastiklerin biyofilm patojenitelerinin araştırılması: hidrodinamik taşınım modelleri ile çevresel risk analizi" başlıklı projesi TÜBİTAK-CAYDAG tarafından desteklenmeye hak kazandı.



ODTÜ Deniz Bilimleri Enstitüsü'nden **Mustafa Yücel**, ODTÜ Prof. Dr. Mustafa N. Parlar Eğitim ve Araştırma Vakfı teşvik ödülüne layık görüldü.

Çağan Şekercioğlu'nun Türkiye yaban hayatı belgesel serisi Yok Olmadan Keşfet'in yeni sezonu TRT Belgesel kanalında başladı. Her bölümde farklı bir türe/türlere odaklanan yapımın gösterim saatlerini burada bulabilirsiniz:

<https://www.trt.net.tr/televizyon/akis.aspx?kanal=trt-belgesel&gun=0>

KISA KISA...

Hacettepe Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nden **Çağatay Tavşanoğlu**'nun iklim değişikliğinin İç Anadolu bozkır bitkilerinin çimlenmesi ve fide büyümesi üzerine olası etkilerini konu alan projesi, TÜBİTAK tarafından desteklenmeye hak kazandı.



Fatma Gözde Çilingir, University of Zurich Alumni doktora sonrası araştırmacı bursu aldı. Bu sayede, bir yıl daha Zürih'te kalıp Aldabra dev tosağalarının popülasyon ve koruma genomu üzerine çalışacak.



Ayrıca UCL ve Oxford Üniversitesi'nden iki bilim insanıyla beraber Jamaika'ya endemik iki papağan türünün korunmasına dair çok-disiplinli bir proje yazarak National Geographic Society Collaboration Grant'ini aldılar.

ODTÜ Deniz Bilimleri Enstitüsü'nden **Korhan Özkan**, TÜBA Üstün Başarılı Genç Bilim İnsanı (GEBİP) ödülüne, Toros Dağ Gölleri çökellerinde saklanan kronolojik kayıtları kullanarak yakın geçmişte geniş coğrafyada yaşanan iklimsel ve ekolojik değişimleri anlamayı hedeflediği paleoekolojik araştırmaları sebebiyle layık görüldü. Topluluk ekolojisi alanında araştırmalarını sürdüren Dr. Özkan, özellikle iç su ve deniz ekosistemlerinde canlı topluluklarının ve içinde yaşadıkları çevresel koşulların zaman ve mekanda yaşadığı değişimleri ve bunlara sebep olan etkenleri anlamaya çalışmaktadır.

KISA KISA...

ODTÜ Biyoloji Bölümü'nden **Meryem Beklioğlu**'nun AB-H2020 LC-CLA-2019-2 PONDERFUL, AB-H2020 INFRAIA-2019-1 AQUACOSM-PLUS ve TÜBİTAK 2232 Saline Lakes Project projeleri başladı. Ekibin geçtiğimiz sene yayımlanan önemli makaleleri aşağıdadır:

Birk, S., et al. (2020) Impacts of multiple stressors on freshwater biota across spatial scales and ecosystems. *Nat Ecol Evol* 4, 1060-1068.

Stanković, J., et al. (2020) Exposure to a microplastic mixture is altering the life traits and is causing deformities in the non-biting midge *Chironomus riparius* Meigen (1804). *Environmental Pollution*, 262, 114248.

Özgencil, İ.K., et al. (2020) Changes in functional composition and diversity of waterbirds: The roles of water level and submerged macrophytes. *Freshwater Biology*, 65, 11, 1845-2022.

Bartrons, M., et al. (2020) Energy-based top-down and bottom-up relationships between fish community energy demand or production and phytoplankton across lakes at a continental scale. *Limnology and Oceanography*, 65, 4, 892-902.

Ersoy, Z., et al. (2020) Impact of nutrients and water level changes on submerged macrophytes along a temperature gradient: A pan-European mesocosm experiment. *Global Change Biology*, 26, 12, 6831-6851.

İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü tarafından organize edilen, dernek üyelerimizden Mustafa Yücel, Arzu Karahan, Çağatay Tavşanoğlu, İsmail Kudret Sağlam, Emre Keskin, Mehmet Somel, Gülşah Merve Kılınc, Çağlar Akçay, Ogün Adebali, Korhan Özkan ve Erol Akçay'ın eğitmen olarak katılacağı **Hesaplamalı Ekoloji ve Evrimsel Biyoloji Ege Seminerleri 24 Nisan-28 Nisan** tarihleri arasında çevrimiçi olarak gerçekleştirilecek.

Başvuru tarihi: 15 Nisan

Başvuru için:
için:<https://aegeancompecoevo.wixsite.com/home/application>

TRUBA <http://egenombilim.wixsite.com/home> **ekoevo**

EVİRİMSSEL GENOMBİLİM
YAZ OKULU
28-30 MAYIS 2021
UZAKTAN ÇEVİRİMİÇİ GERÇEKLEŞTİRİLECEKTİR

TUĞÇE BİLGİN SONAY
COLUMBIA UNIVERSITY

ÖZAN G. BOZDAĞ
GEORGIA INSTITUTE OF TECHNOLOGY

EYREK KOBAN BAŞTANLAR
EĞE ÜNİVERSİTESİ

EMRAH KIRDOĞ
MERSİN ÜNİVERSİTESİ

SİBEL KÜÇÜKYILDIRIM
HACETTEPE ÜNİVERSİTESİ

İSMAIL K. SAĞLAM
KOC ÜNİVERSİTESİ

M. KURŞAT SAĞIN
KARAMANOĞLU MEHMETREY ÜNİVERSİTESİ

REYHAN YAKA
ODTÜ

Derneğimizin düzenli etkinliklerinden, Tübitak ve Truba destekli **Evrimsel Genombilim Kış Okulu 1-5 Şubat 2021** tarihlerinde çevrimiçi olarak düzenlendi.

28-30 Mayıs 2021 tarihlerinde yine çevrimiçi olarak düzenlenecek olan **Evrimsel Genombilim Yaz Okulu** başvuruları açıldı.

Başvuru son tarihi: 23 Nisan.

Başvuru için:
<https://egenombilim.wixsite.com/home/basvuru>

NASIL ÜYE OLURUM?

Ekoloji ve evrimsel biyoloji alanlarında araştırma yapan veya yapmış olan bilim insanları, bu alanlarda çalışan veya çalışmayı planlayan öğrenciler, ayrıca bu bilim dallarının ilerlemesi ile doğrudan ilgili kişiler, kurumlar ve kuruluşlar dernek üyesi olabilir. Üyeler yıllık aidat ödemek ve dernek faaliyetlerine katılmakla sorumludur.

Üye olmak için “ekoevo.org” sitesinden indirilecek üyelik formunun doldurulması ve üyelik aidatının dernek banka hesabına yatırılıp dekontunun pdf/taranmış haliyle birlikte uyelik@ekoevo.org adresine gönderilmesi gerekmektedir.

Üyelik aidatı, Dernekler Kanunu gereği tüm bireysel üyeler için sabittir. Yıllık 250 TL (öğrenciler için 50 TL) olarak belirlenmiştir.

Detaylı bilgi için [ekoevo](http://ekoevo.org) web sitesini inceleyebilirsiniz.

**Artık dernek aidatlarınızı
çevrimiçi olarak ödeyebilirsiniz!**

