Filogeni ve Yaşam Ağacı

Prof. Dr. Bektaş TEPE

Genel Biyoloji

Bölüm 26

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Yılan Gibi Görünen Bir Kertenkele

- Avrupa cam kertenkelesi (*Ophisaurus apodus*), dış görünüşü nedeniyle yılana benzeyen ancak aslında bacaksız bir kertenkele türüdür.
- Bu canlıda yılanlarda bulunan hareketli çene yapısı, çok sayıdaki omur ve anüsün arkasında yer alan kısa kuyruk gibi özellikler bulunmaz.
- Benzer görünüş her zaman yakın akrabalık anlamına gelmez; evrimsel ilişkileri belirlemek için ortak özelliklerin birlikte değerlendirilmesi gerekir.
- Yandaki figür, cam kertenkelesinin görünüşü ile sınıflandırılması arasındaki ilişkiyi sorgulayan başlangıç örneğini sunmaktadır.



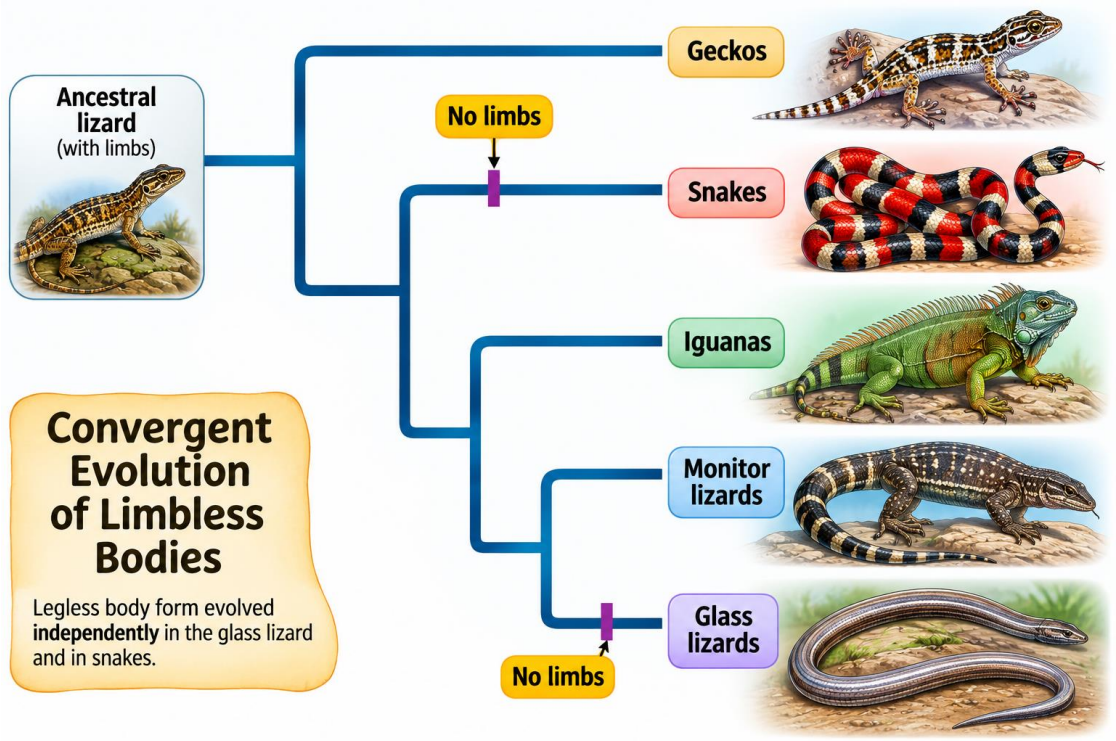
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Evrimsel İlişkileri İzlemek: Filogeni ve Sistematik

- Filogeni, bir türün veya türler grubunun evrimsel tarihini ve diğer canlılarla olan evrimsel ilişkilerini ifade eder.
- Canlı çeşitliliğini anlamak için yalnızca türlerin günümüzdeki özelliklerine değil, bu özelliklerin evrimsel geçmişine de bakılır.
- Yandaki figür, cam kertenkeleleri ve yılanlara giden evrimsel soylarda bacak kaybının bağımsız olarak gerçekleştiğini göstermektedir.
- Evrimsel ilişkilerin yeniden oluşturulmasıyla ilgilenen bilim dalına sistematik adı verilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Filogeniler Evrimsel Akrabalığı Nasıl Gösterir?

Bi Dünya Biyoloji

- Canlılar ortak bir atadan geldikleri için yakın akrabalar genellikle birçok ortak özelliği paylaşır.
- Yakın akraba türlerin genleri, metabolik yolları ve yapısal proteinleri arasında da önemli benzerlikler bulunabilir.
- Bu nedenle evrimsel tarih, bir organizmanın hangi canlılarla daha yakın ilişkili olduğunu anlamada önemli bir temel oluşturur.
- Filogenetik ilişkiler, canlıların adlandırılması ve sınıflandırılmasının yanı sıra evrimsel geçmişlerinin yorumlanmasını da sağlar.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bilimsel Adlandırma ve Binominal Sistem

Bi Dünya Biyoloji

- Yaygın adlar farklı türleri ifade edebildiği veya farklı dillerde değişebildiği için bilimsel iletişimde belirsizlik oluşturabilir.
- Bu belirsizliği azaltmak amacıyla canlılar iki bölümden oluşan bilimsel adlarıyla, yani binominal adlandırma sistemiyle, tanımlanır.
- Bilimsel adın ilk bölümü cins adına, ikinci bölümü ise aynı cins içindeki türü tanımlayan özgül epitete karşılık gelir.
- Örneğin *Panthera pardus* adında *Panthera* cins adıdır ve büyük harfle başlar; bilimsel adın tamamı italik yazılır.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Linnaeus ve Hiyerarşik Sınıflandırma

- Linnaeus, türlerin adlandırılmasının yanında canlıları giderek daha kapsayıcı kategoriler içerisinde sınıflandıran hiyerarşik bir sistem geliştirmiştir.
- Bu sistemde cinsler familyalarda, familyalar takımlarda, takımlar sınıflarda, sınıflar filumlarda ve filumlar âlemlerde bir araya getirilir.
- Daha sonra bu hiyerarşiye âlemlerin üzerinde yer alan domain düzeyi de eklenmiştir.
- Hiyerarşideki her adlandırılmış sınıflandırma birimine takson adı verilir.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Sınıflandırma Hiyerarşisini Anlamak

- Örneğin leoparın bilimsel adı *Panthera pardus* olup *Panthera* cinsinde yer alır ve bu cins aslan, kaplan ve jaguar gibi türleri de içerir.
- Cinslerin daha kapsayıcı gruplar altında birleştirilmesi, canlı çeşitliliğinin hiyerarşik biçimde düzenlenmesini sağlar.
- Yandaki figür, domain düzeyinden türe kadar uzanan Linnaean sınıflandırma hiyerarşisini göstermektedir.
- Bununla birlikte, sınıflandırma basamaklarının kapsamı farklı canlı gruplarında aynı düzeyde biyolojik çeşitliliği temsil etmek zorunda değildir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Linnaean Sınıflandırmasının Sınırları

Bi Dünya Biyoloji

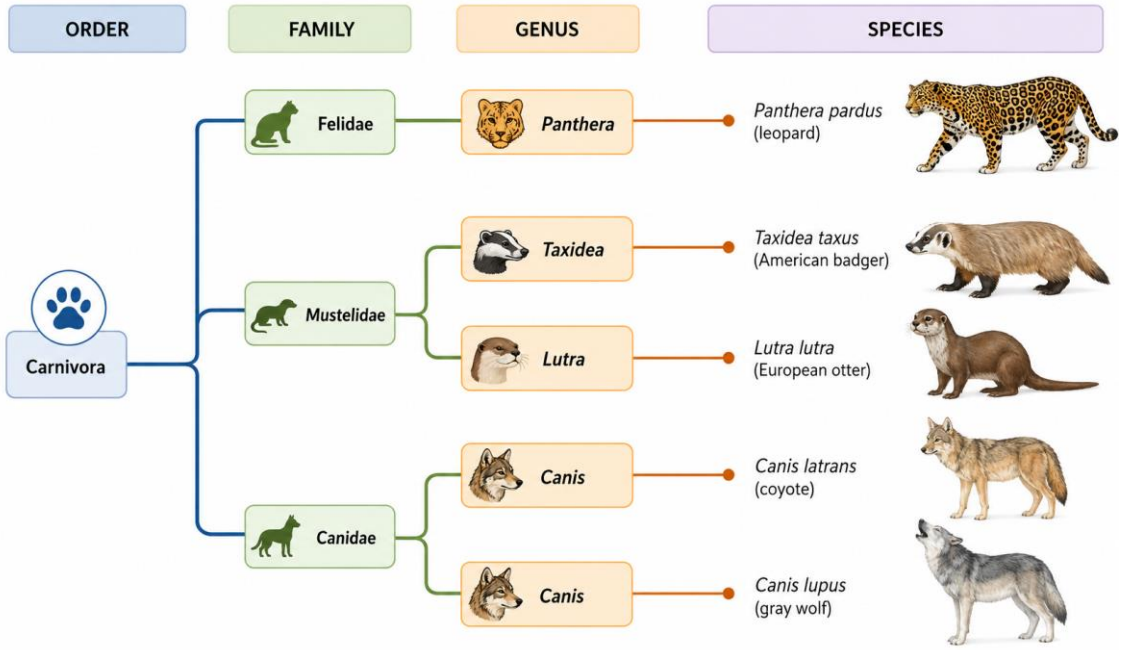
- Geleneksel sınıflandırmada grupların belirlenmesinde kullanılan özellikler, farklı organizma gruplarında aynı ölçüde anlamlı olmayabilir.
- Bu nedenle bir takımdaki morfolojik veya genetik çeşitlilik, başka bir takımdaki çeşitlilikle doğrudan karşılaştırılamaz.
- Daha önemlisi, bir türün belirli bir sınıflandırma grubunda bulunması her zaman onun gerçek evrimsel ilişkilerini tam olarak yansıtmayabilir.
- Yeni DNA verileri veya başka kanıtlar, daha önce yapılmış bir sınıflandırmanın değiştirilmesini gerektirebilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Sınıflandırma ile Filogeninin Birleştirilmesi

- Bir organizma grubunun evrimsel tarihi, dallanarak ilerleyen bir filogenetik ağaç ile görsel olarak ifade edilebilir.
- Filogenetik ağacın dallanma modeli, bazı durumlarda taksonomik sınıflandırmadaki grupların iç içe geçmiş yapısıyla örtüşür.
- Yandaki figür, Carnivora takımı içerisindeki bazı taksonların sınıflandırılması ile evrimsel ilişkileri arasındaki bağlantıyı göstermektedir.
- Evrimsel ilişkiler esas alındığında, grupların ortak bir atayı ve onun bütün torunlarını içerecek biçimde tanımlanması amaçlanabilir.



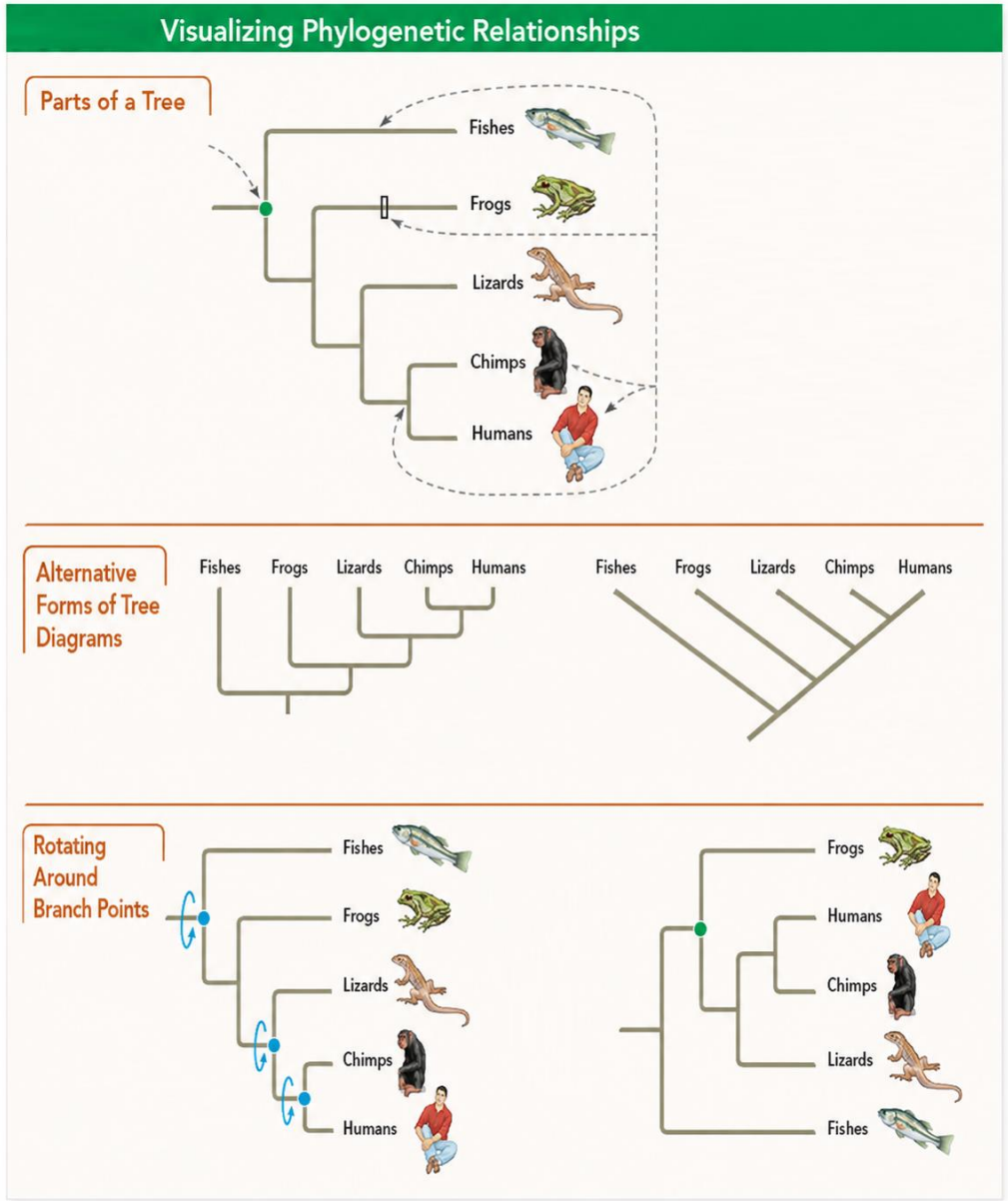
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaç Bir Evrimsel İlişki Hipotezidir

- Filogenetik ağaç, organizma gruplarının birbirleriyle olan evrimsel ilişkileri hakkındaki bir hipotezi görsel olarak temsil eder.
- Ağaç üzerindeki her dallanma noktası, buradan ayrılan iki evrimsel soyun ortak atasını temsil eder.
- Birbirine en yakın iki soy, başka hiçbir grubun paylaşmadığı yakın bir ortak atayı paylaşıyorsa bu gruplara kardeş taksonlar denir.
- Yandaki figür, filogenetik ağaçların dallanma yapısının evrimsel ilişkiler hakkında nasıl bilgi verdiğini göstermektedir.



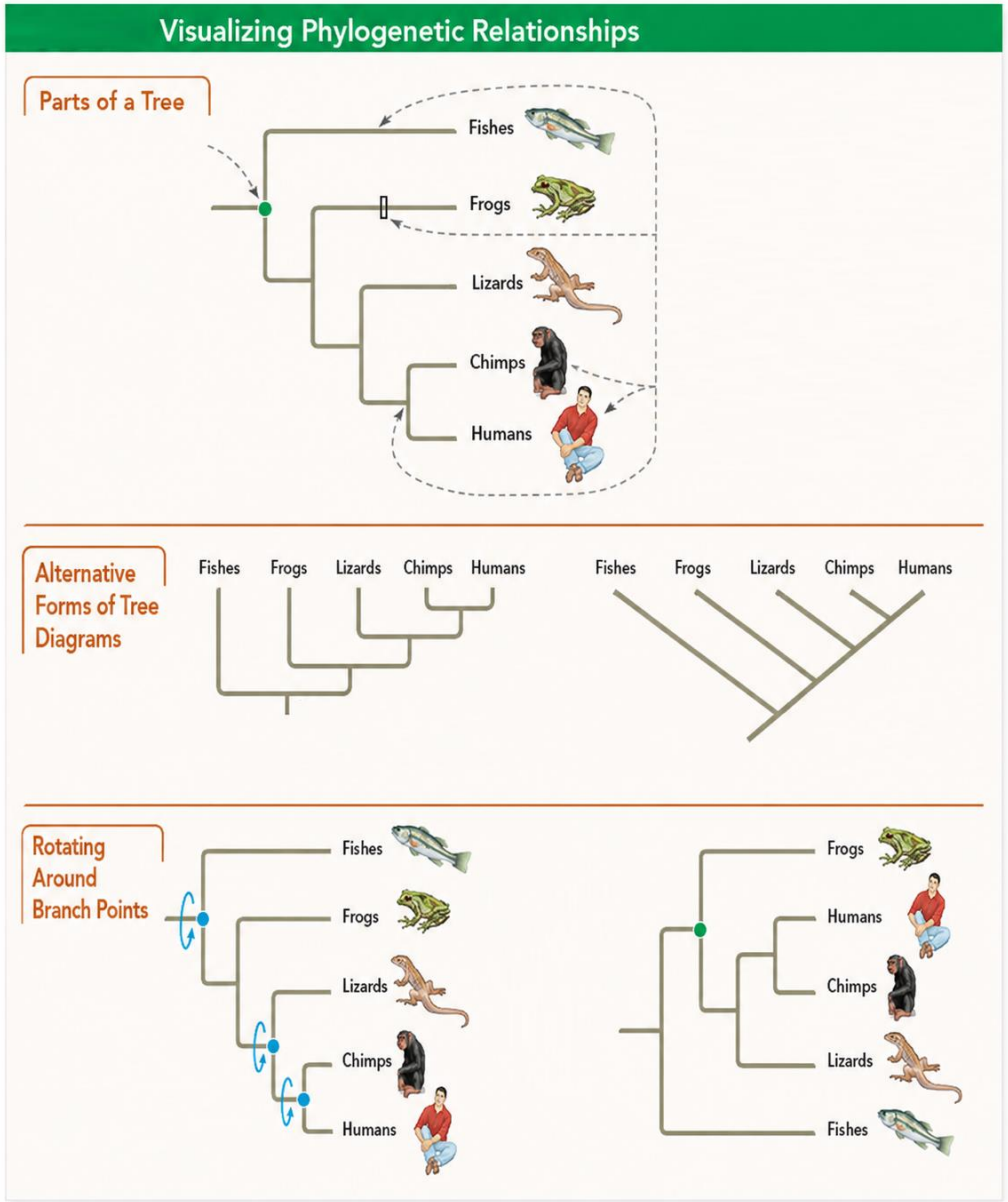
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağacın Temel Bölümleri

- Ağacın uçlarında bulunan taksonlar, dallanma noktalarından ayrılan evrimsel soyların günümüzdeki temsilcileridir.
- Dallanma noktaları, farklı soyların birbirinden ayrıldığı ortak ata noktalarını temsil eder.
- Bir dal üzerindeki yatay uzunluk, ayrıca belirtilmedikçe belirli bir zaman veya genetik değişim miktarı anlamına gelmez.
- Yandaki figür, dallanma noktaları, dallar ve uçlarda yer alan taksonlar arasındaki ilişkiyi ayrıntılı biçimde göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

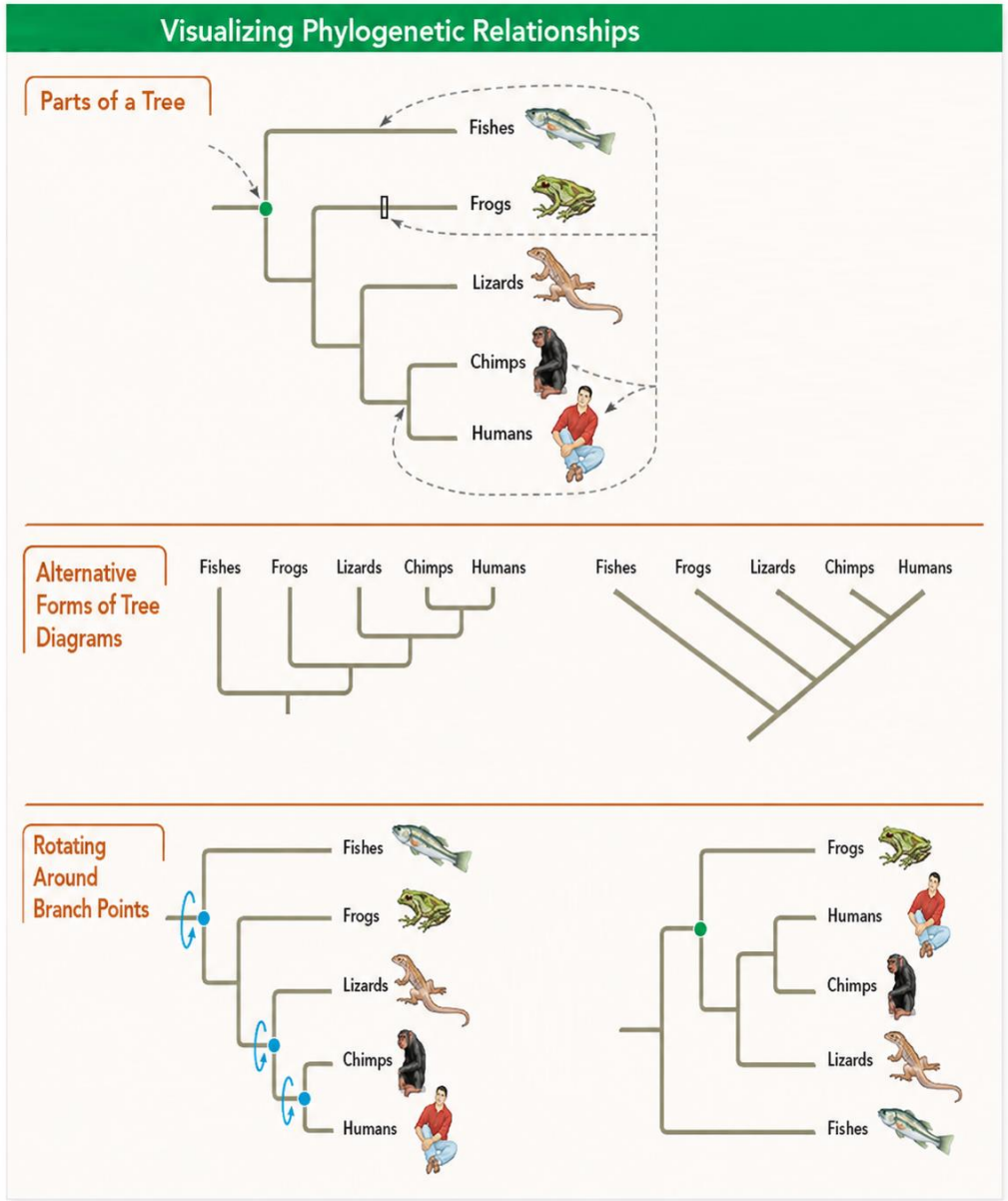
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Bir Filogenetik Ağacın Çiziliş Biçimi İlişkileri Değiştirmez

- Aynı filogenetik ilişki, yatay, dikey veya çapraz biçimde çizilmiş farklı ağaçlarla gösterilebilir.
- Yandaki figürde aynı ilişkiler alternatif ağaç biçimleriyle gösterilmektedir.
- Bir ağacın dallanma noktaları çevresinde döndürülmesi, taksonlar arasındaki evrimsel ilişkileri değiştirmez.
- Bu nedenle ağacın uçlarında taksonların hangi sırayla görünmesi değil, dallanma örüntüsü önem taşır.



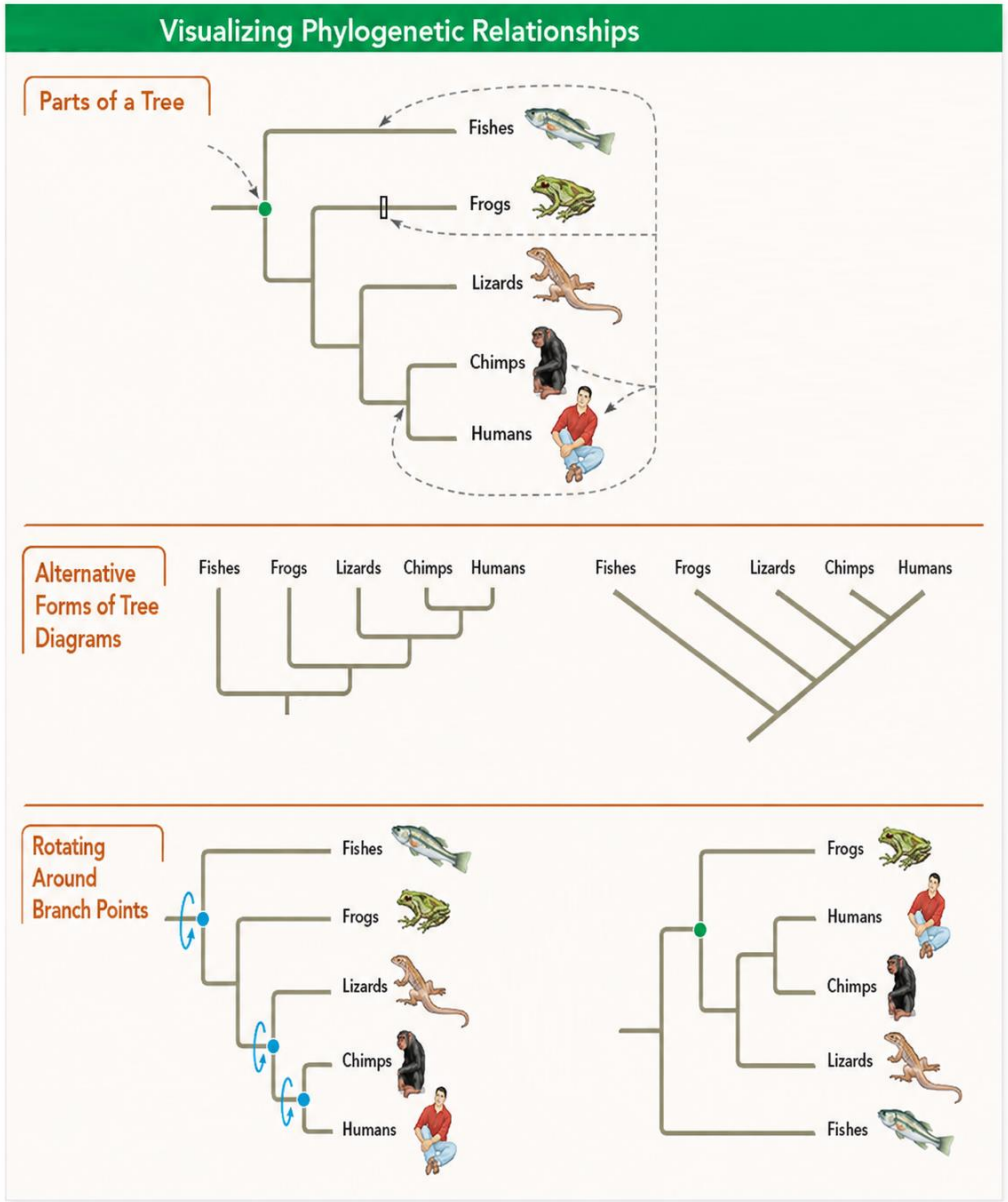
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Kardeş Taksonlar ve Bazal Takson

- Kardeş taksonlar, başka hiçbir grubun paylaşmadığı en yakın ortak atayı paylaşan gruplardır.
- Yandaki figürde şempanzeler ve insanlar kardeş taksonlar olarak gösterilmektedir.
- Kertenkelelerin oluşturduğu soy, şempanze ve insan soylarının oluşturduğu grupla ortak bir atayı paylaşmaktadır.
- Ortak atadan grubun diğer üyelerinden daha erken ayrılan soy ise bazal takson olarak adlandırılır.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaçlar Ne Söyler?

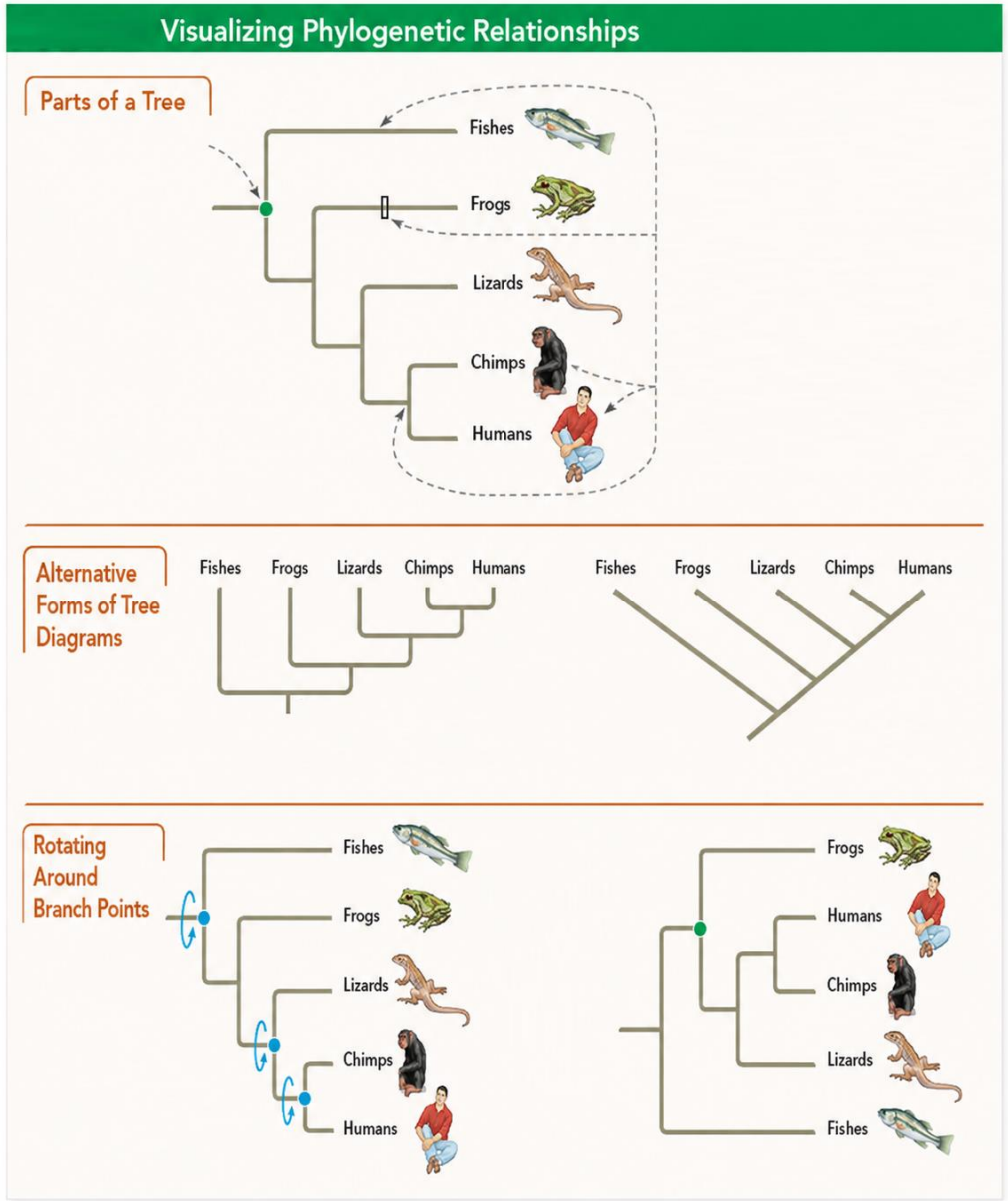
- Filogenetik ağaçlar temel olarak organizmaların ortak atalardan türeyen soylarını ve bu soyların birbirinden ayrılma örüntüsünü gösterir.
- Yakın akraba organizmalar çoğu zaman benzer özelliklere sahip olsa da evrimsel değişim hızlarının farklı olması bu benzerliği azaltabilir.
- Bu nedenle filogenetik ilişkiler yalnızca dış görünüşe veya fenotipik benzerliğe dayanarak değerlendirilmemelidir.
- Örneğin timsahlar kuşlara kertenkelelerden daha yakın akraba olmalarına rağmen görünüş açısından kertenkelelere daha fazla benzeyebilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaçlar Zamanı Her Zaman Göstermez

- Bir filogenetik ağaçtaki taksonların veya dallanma noktalarının yaşları, ayrıca belirtilmedikçe ağaçtan çıkarılamaz.
- Yandaki figür, şempanzelerin insanlardan önce evrimleştiğini göstermemektedir.
- Ağaç yalnızca insan ve şempanze soylarının yakın bir ortak atadan ayrıldığını göstermektedir.
- Dal uzunluklarının zamanla orantılı olduğu açıkça belirtilmediği sürece, ağaç yalnızca evrimsel soyların dallanma örüntüsü açısından yorumlanmalıdır.



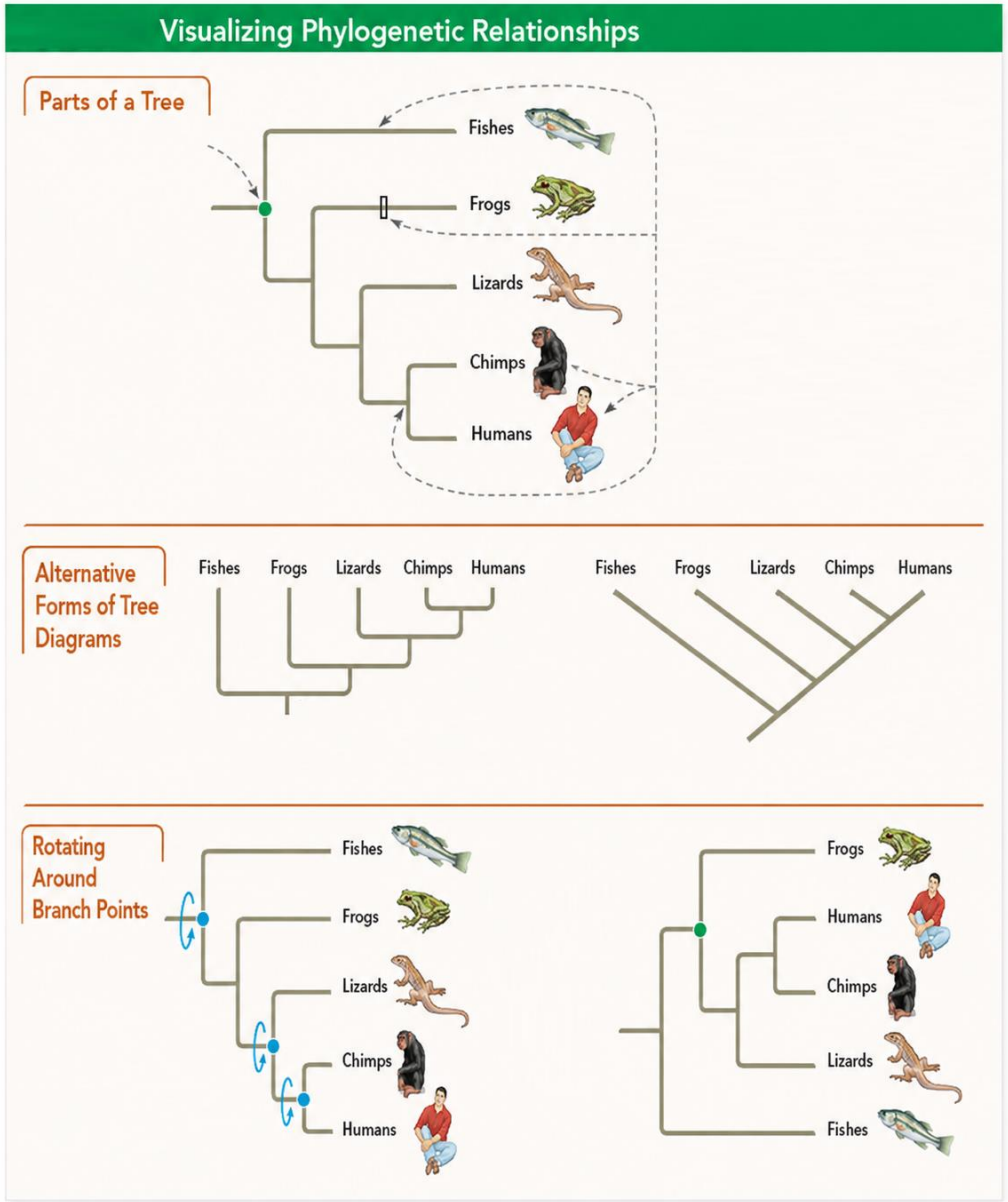
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

İnsanlar Şempanzelerden Evrimleşmemiştir

- Bir filogenetik ağaçta yan yana bulunan iki taksondan birinin diğerinden evrimleştiği sonucuna varılamaz.
- İnsan ve şempanze soyları, geçmişte yaşamış ortak bir atadan ayrılan iki farklı evrimsel soy oluşturur.
- Bu ortak ata günümüzde yaşamamaktadır ve ne insan ne de şempanze olarak tanımlanabilir.
- Dolayısıyla yandaki figür, insanın şempanzeden veya şempanzenin insandan evrimleştiğini değil, iki soyun ortak bir ataya sahip olduğunu göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Filogeninin Uygulaması: Mısırın Yabani Akrabaları

Bi Dünya Biyoloji

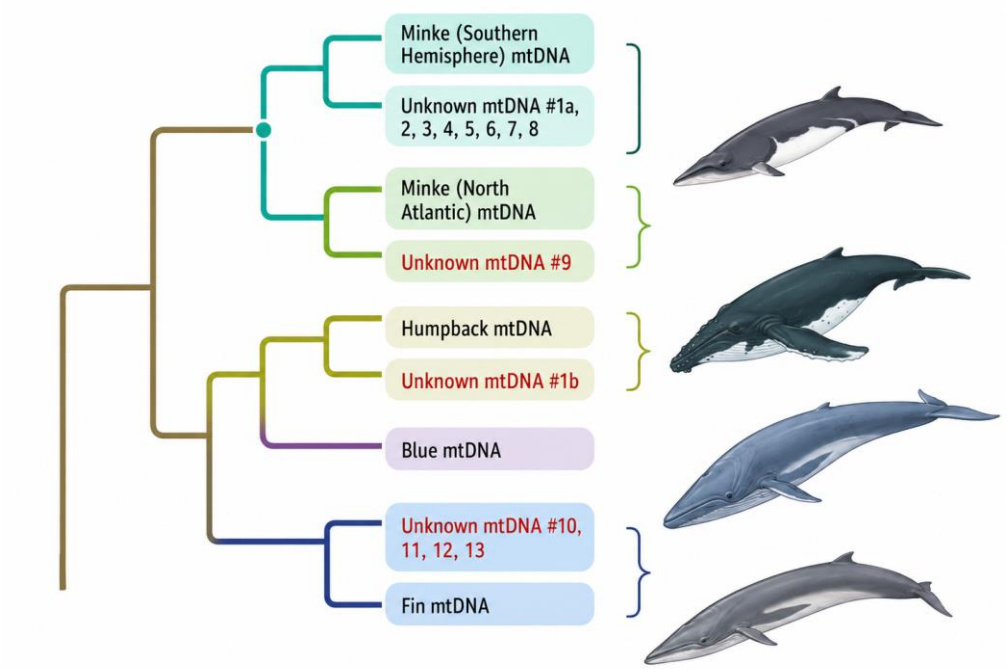
- Filogenetik analizler yalnızca evrimsel ilişkileri açıklamak için değil, tarımsal açıdan önemli uygulamalar için de kullanılabilir.
- DNA verilerine dayalı mısır filogenileri, mısırın yaşayan en yakın akrabaları olabilecek iki yabani ot türünün belirlenmesine yardımcı olmuştur.
- Bu yakın akrabalar, kültür bitkilerine aktarılabilecek yararlı alleller için potansiyel bir genetik kaynak oluşturabilir.
- Yararlı alleller, melezleme veya genetik mühendislik yoluyla kültür mısırına aktarılabilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

DNA Dizileriyle Tür Kimliğinin Belirlenmesi

- Filogenetik ağaçlar, farklı organizmalardan elde edilen DNA dizilerinin akrabalık ilişkilerini karşılaştırarak tür kimliğinin belirlenmesinde kullanılabilir.
- Bu yaklaşım, piyasada satılan bir gıda ürününün hangi türe ait olduğunu araştırmak için de uygulanabilir.
- Yandaki figür, Japonya'da satılan balina eti örneklerinin mitokondriyal DNA dizileri kullanılarak incelendiği çalışmayı göstermektedir.
- Analiz sonucunda bazı bilinmeyen örneklerin, avlanması yasal olmayan balina türleriyle yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogeniden Yeni Verilere

- Filogenetik ağaçlar, canlıların sınıflandırılmasını yalnızca mevcut görünüşlerine göre değil, ortak atalarına ve evrimsel ilişkilerine göre değerlendirmeye yardımcı olur.
- Morfolojik özellikler, DNA dizileri ve diğer biyolojik veriler birlikte kullanıldığında evrimsel ilişkiler daha ayrıntılı biçimde araştırılabilir.
- Yeni veriler elde edildikçe daha önce oluşturulmuş filogenetik hipotezler yeniden değerlendirilebilir.
- Böylece yaşam ağacına ilişkin anlayış, yeni kanıtlarla birlikte sürekli olarak geliştirilebilir.

İZLE

Filogenileri Oluşturmada Morfolojik ve Moleküler Veriler

Bi Dünya Biyoloji

- Filogenilerin oluşturulmasında morfolojik özelliklerin yanı sıra genetik, biyokimyasal ve diğer moleküler veriler de değerlendirilir.
- Ortak atadan kaynaklanan benzer özellikler homoloji olarak adlandırılır ve evrimsel akrabalıkların belirlenmesinde önem taşır.
- Hem morfolojik hem de moleküler özelliklerin birlikte incelenmesi, organizmalar arasındaki evrimsel ilişkilerin daha kapsamlı biçimde değerlendirilmesini sağlar.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Homolog Özellikler Ortak Atadan Miras Alınır

- Ortak atadan kaynaklanan fenotipik ve genetik benzerlikler homolog özellikler olarak tanımlanır.
- Örneğin memelilerin ön üyelerindeki kemiklerin sayı ve dizilişindeki benzerlikler, ortak bir atadan miras kalan temel yapıyla ilişkilidir.
- Benzer şekilde, farklı organizmalardaki aynı gen veya DNA dizileri de ortak bir atadan kalıtılmışsa homolog kabul edilir.
- Bir özelliğin homolog olarak değerlendirilmesi, onun ortak bir atadan türemiş olmasına dayanır.

İZLE

Morfolojik Benzerlikler Evrimsel Yakınlığı Her Zaman Göstermez

Bi Dünya Biyoloji

- Yakın akraba organizmalar genellikle birbirine benzeyen morfolojik özelliklere veya DNA dizilerine sahip olur.
- Bununla birlikte, yakın akraba türler zaman içinde önemli morfolojik farklılıklar geliştirebilir.
- Örneğin Hawaii gümüş kılıç bitkileri, farklı büyüme biçimlerine ve yapısal özelliklere sahip olmasına rağmen genomlarındaki benzerlikler yakın akrabalıklarını ortaya koymaktadır.
- Bu nedenle belirgin morfolojik farklılıklar, tek başına uzak evrimsel akrabalık anlamına gelmez.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Genetik Veriler Evrimsel Uzaklığı Ortaya Çıkarabilir

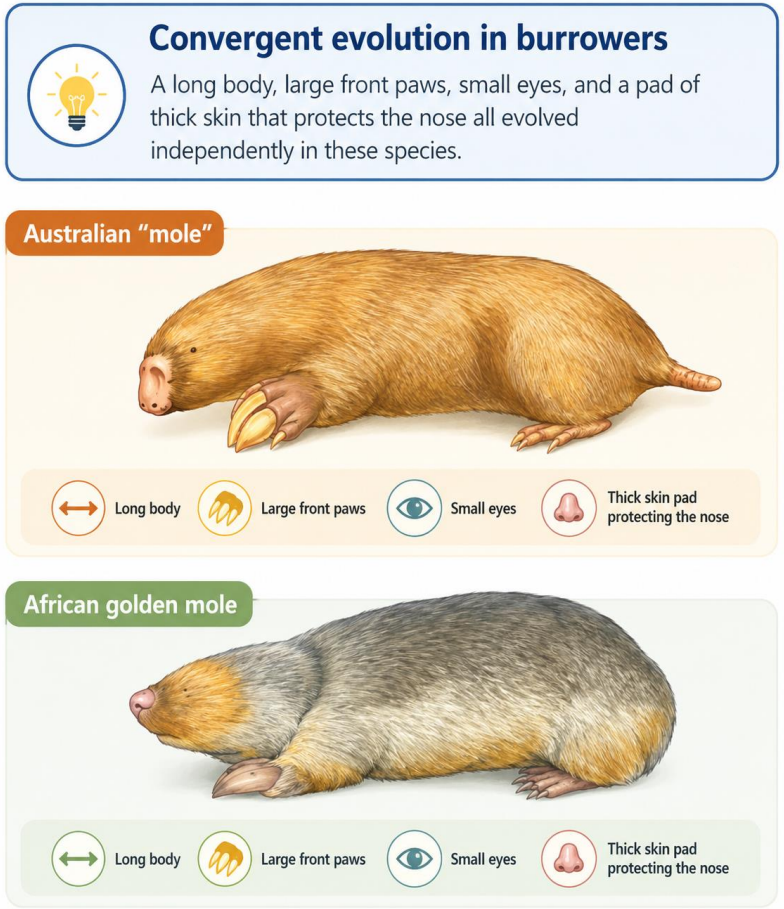
- Gümüş kılıç bitkilerindeki morfolojik farklılıklara rağmen genetik benzerliklerin yüksek olması, bu türlerin yakın bir ortak atadan türediğini desteklemektedir.
- Moleküler veriler, görünüşleri oldukça farklı olan organizmalar arasındaki evrimsel ilişkilerin belirlenmesine yardımcı olabilir.
- Benzer şekilde, genetik farklılıkların birikimi türlerin ortak atalarından ne ölçüde ayrıştığını araştırmak için kullanılabilir.
- Böylece morfolojik ve moleküler kanıtlar birbirini tamamlayan bilgiler sağlar.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Homoloji ve Analoji Birbirinden Ayrılmalıdır

- Ortak atadan kaynaklanan benzerlikler homoloji, farklı atalardan gelen soyların benzer çevresel koşullara uyum sağlamasıyla ortaya çıkan benzerlikler ise analoji olarak adlandırılır.
- Benzer çevresel baskılar, akraba olmayan organizmalarda benzer özelliklerin bağımsız olarak evrimleşmesine yol açabilir.
- Bu süreç yakınsak evrim olarak adlandırılır ve ortaya çıkan benzer özellikler filogenetik analizlerde homolog özelliklerle karıştırılmamalıdır.
- Yandaki figür, Avustralya köstebeği ile Afrika altın köstebeğinde benzer yaşam biçimine bağlı olarak ortaya çıkan yakınsak özellikleri göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

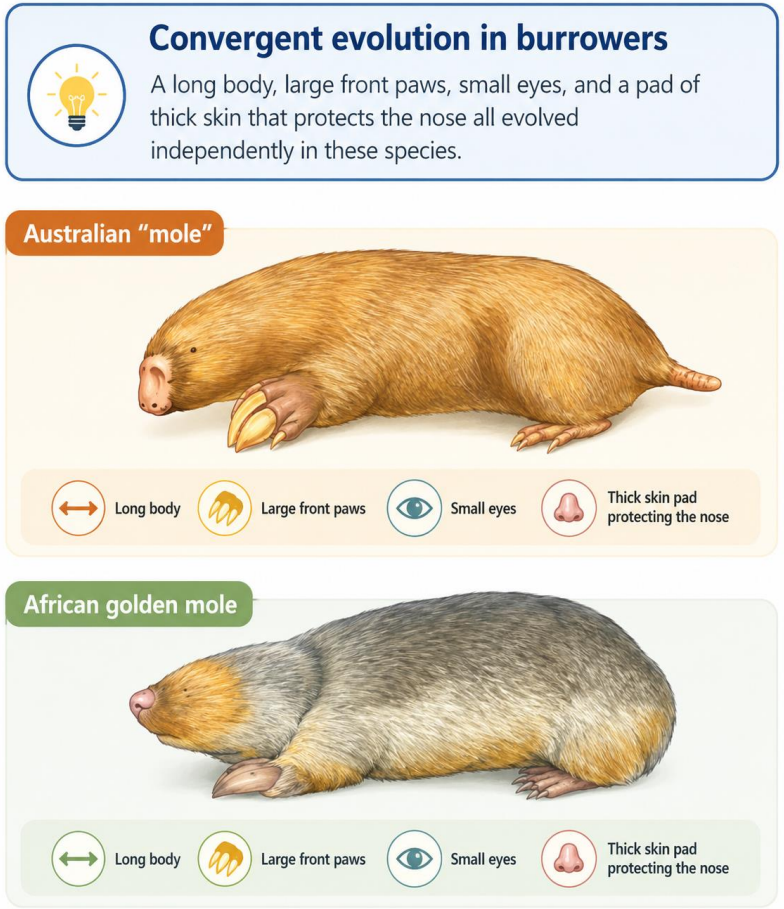
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Yakınsak Evrim Ortak Atalık Kanıtı Değildir

- Avustralya köstebeği ile Afrika altın köstebeği dış görünüş açısından birbirine benzese de iç anatomileri, fizyolojileri, üreme sistemleri ve gelişimleri birbirinden farklıdır.
- Genetik ve fosil kanıtlar, bu iki hayvanın yaklaşık 100 milyon yıl önce yaşamış ortak atasının köstebek benzeri olmadığını göstermektedir.
- Benzer özellikler, her iki soyda da benzer çevresel koşullara uyum sağlama sonucunda bağımsız olarak ortaya çıkmıştır.
- Bu nedenle benzer yaşam biçimleri veya benzer görünüşler, tek başına yakın evrimsel akrabalık kanıtı olarak kabul edilmez.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Karmaşık Yapılar Homolojiyi Destekleyebilir

Bi Dünya Biyoloji

- İki organizmadaki karmaşık yapıların çok sayıda ayrıntıda benzer olması, bu yapıların ortak bir atadan miras kalmış olma olasılığını güçlendirir.
- İnsan ve şempanze kafataslarında çok sayıda kemiğin birbirine kaynaşması gibi ayrıntılı benzerlikler, ortak bir kökene işaret eden güçlü özellikler oluşturur.
- Bu tür karmaşık yapıların çok sayıda ayrıntısının bağımsız olarak aynı biçimde ortaya çıkması daha düşük olasılıklıdır.
- Bu nedenle karmaşık yapıların ayrıntılı karşılaştırılması, homoloji ile analojinin ayırt edilmesine yardımcı olur.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Gen Düzeyinde Homoloji

- Homoloji yalnızca morfolojik özellikler için değil, genler ve DNA dizileri için de değerlendirilebilir.
- Genler, dört bazdan oluşan binlerce nükleotidin belirli bir sırayla dizilmesiyle oluşur ve bu diziler proteinlerin yapısını belirleyen kalıtsal bilgiyi taşır.
- İki organizmadaki bir genin nükleotid dizilerinin büyük bölümü benzerse, bu genlerin homolog olma olasılığı yüksektir.
- Moleküler homolojinin değerlendirilmesinde DNA dizilerindeki benzerliklerin rastlantısal olarak ortaya çıkma olasılığı da dikkate alınır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Homolojileri Karşılaştırmanın Zorluğu

- DNA moleküllerinin karşılaştırılması, özellikle farklı uzunluklara sahip diziler söz konusu olduğunda teknik güçlükler içerir.
- Türler evrimleştikçe DNA dizilerinde insersiyonlar, delesyonlar ve baz değişimleri birikir.
- Bu değişiklikler homolog DNA bölgelerinin doğrudan karşılaştırılmasını zorlaştırabilir.
- Bu nedenle farklı uzunluktaki DNA dizilerini uygun biçimde hizalamak için bilgisayar programlarından yararlanılır.

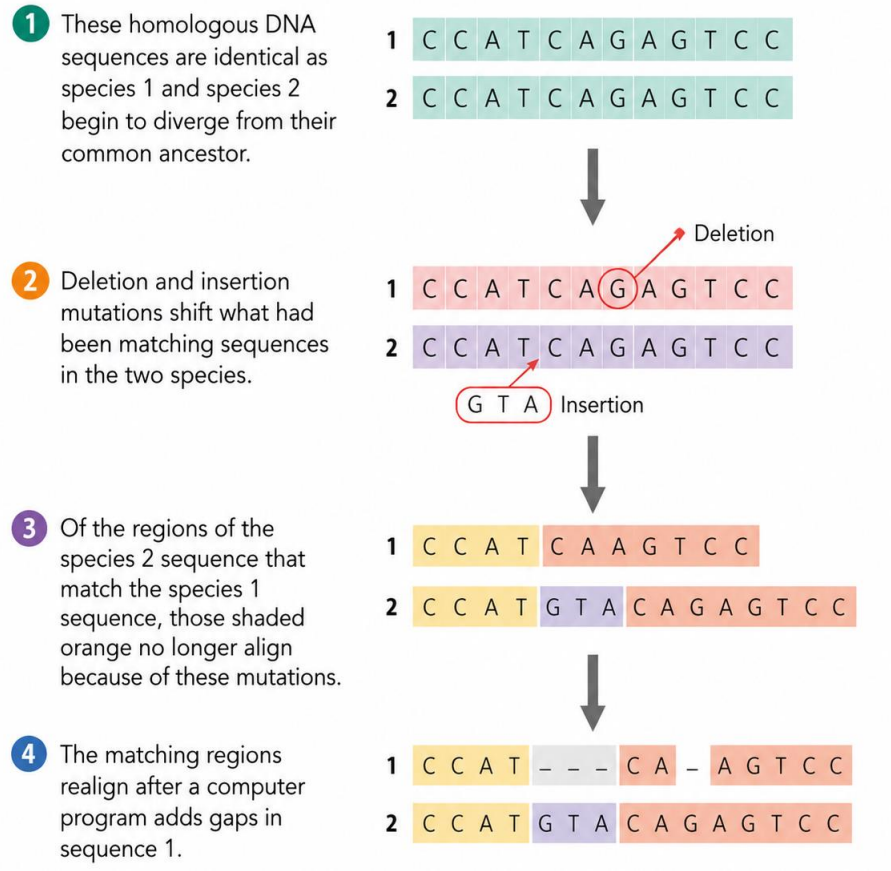
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

DNA Dizilerinin Hizalanması

- Yandaki figür, iki türdeki homolog DNA dizilerinin hizalanması sırasında insersiyon ve delesyonların nasıl dikkate alındığını göstermektedir.
- Öncelikle iki türdeki homolog dizilerin başlangıç bölgeleri ortak atadan gelen dizilerle eşleştirilir.
- Bir türdeki DNA dizisinde meydana gelen delesyon veya insersiyonlar nedeniyle diziler aynı konumlarda eşleşmeyebilir.
- Eşleşen bölgeler bilgisayar programlarıyla hizalandığında, iki dizinin evrimsel olarak karşılaştırılabilecek bölgeleri belirlenebilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

DNA Dizilerindeki Farklılıklar Evrimsel Ayrışmayı Yansıtır

Bi Dünya Biyoloji

- Moleküler karşılaştırmalar, Avustralya köstebeği ile Afrika altın köstebeğinin karşılık gelen genlerinde çok sayıda baz değişikliği bulunduğunu ortaya koymaktadır.
- Bu farklılıkların birikmesi, iki soyun ortak atalarından ayrılmasından sonra gerçekleşen evrimsel değişimleri yansıtır.
- Buna karşılık gümüş kılıç bitkilerinde morfolojik farklılıklar belirgin olmasına rağmen genetik benzerliklerin yüksek olması yakın akrabalığı desteklemektedir.
- Böylece moleküler veriler, yalnızca görünüşe dayanarak yapılamayacak evrimsel karşılaştırmaların yapılmasını sağlar.

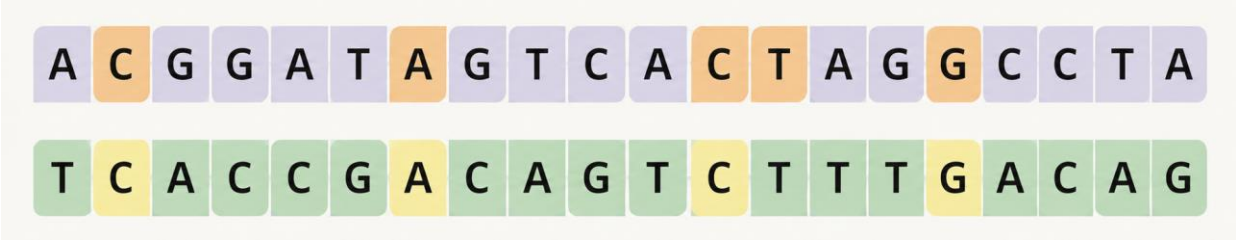
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Homoplazi: Benzerlik Her Zaman Homoloji Değildir

- Bir DNA dizisindeki bazı benzerlikler ortak atadan miras kalmak yerine bağımsız olarak ortaya çıkabilir.
- Farklı organizmalara ait diziler, aralarında evrimsel homoloji bulunmasa bile bazı nükleotidleri rastlantısal olarak aynı konumlarda taşıyabilir.
- Aşağıdaki figür, farklı organizmalardan gelen DNA dizilerinde rastlantısal benzerliklerin nasıl moleküler homoplazi oluşturabileceğini göstermektedir.
- Bu nedenle yalnızca birkaç ortak bazın bulunması, iki DNA dizisinin homolog olduğunu göstermek için yeterli değildir.



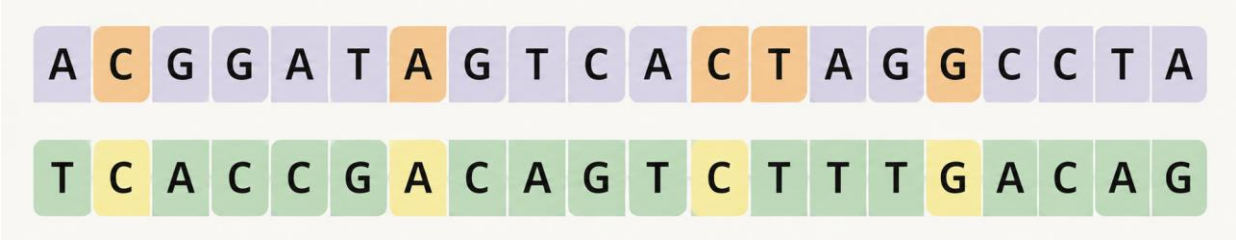
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

DNA Benzerliğinin Anlamlı Olup Olmadığı Nasıl Değerlendirilir?

Bi Dünya Biyoloji

- İki DNA dizisi çok sayıda nükleotid konumunda benzerlik gösteriyorsa, bu benzerliğin yalnızca rastlantı sonucu ortaya çıkmış olma olasılığı değerlendirilmelidir.
- Aşağıdaki figürde verilen örnekte, iki DNA dizisindeki bazların yaklaşık yüzde 23'ünün rastlantısal olarak eşleşebileceği hesaplanmaktadır.
- İstatistiksel araçlar, gözlenen DNA benzerliğinin rastlantısal olarak beklenenden daha yüksek olup olmadığını belirlemek için kullanılabilir.
- Böylece DNA dizileri arasındaki benzerliğin gerçek bir evrimsel ilişkiyi yansıtıp yansıtmadığı araştırılabilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Homoloji ve Analoji Moleküler Verilerde de Önemlidir

Bi Dünya Biyoloji

- Morfolojik özelliklerde olduğu gibi moleküler özelliklerde de homoloji ile bağımsız olarak ortaya çıkan benzerliklerin birbirinden ayrılması gerekir.
- Uzun DNA dizilerinin çok sayıda konumda birbirine benzemesi, homolog bir kökene ilişkin güçlü kanıt sağlayabilir.
- Buna karşılık yalnızca birkaç ortak bazın bulunması, özellikle farklı türlerde rastlantısal benzerlik olasılığı nedeniyle dikkatli yorumlanmalıdır.
- Bu nedenle filogenetik analizlerde DNA dizilerinin uzunluğu, dizilim örüntüsü ve benzerliklerin istatistiksel anlamlılığı birlikte değerlendirilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Morfolojik ve Moleküler Kanıtları Birlikte Değerlendirmek

- Filogenilerin oluşturulmasında morfolojik özellikler ile moleküler veriler birbirini tamamlayan kanıtlar sağlar.
- Morfolojik benzerliklerin homolog mu yoksa yakınsak evrim sonucu oluşmuş analog özellikler mi olduğu dikkatle belirlenmelidir.
- Moleküler verilerde de benzer dizilerin gerçekten ortak atadan mı miras kaldığı, yoksa rastlantısal benzerliklerden mi kaynaklandığı araştırılmalıdır.
- Bu ayrımlar doğru yapıldığında filogenetik ağaçlar, organizmalar arasındaki evrimsel ilişkileri daha güvenilir biçimde yansıtabilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaçların Temelinde Paylaşılan Karakterler

- Filogenetik ağaçların oluşturulmasında ilk adımlardan biri, homolog özellikleri analog özelliklerden ayırmaktır.
- Homolog özellikler ortak evrimsel geçmişi yansıtırken, analog özellikler farklı soyların benzer çevresel koşullara uyum sağlamasıyla bağımsız olarak ortaya çıkabilir.
- Kladistik, homolog özelliklerden yararlanarak organizmaların evrimsel ilişkilerini ortaya çıkarmaya yönelik sistematik bir yaklaşımdır.
- Kladistikte temel amaç, canlıları ortak ataları ve bu atalardan türeyen tüm soyları temelinde gruplandırmaktır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Kladlar ve Ortak Atalar

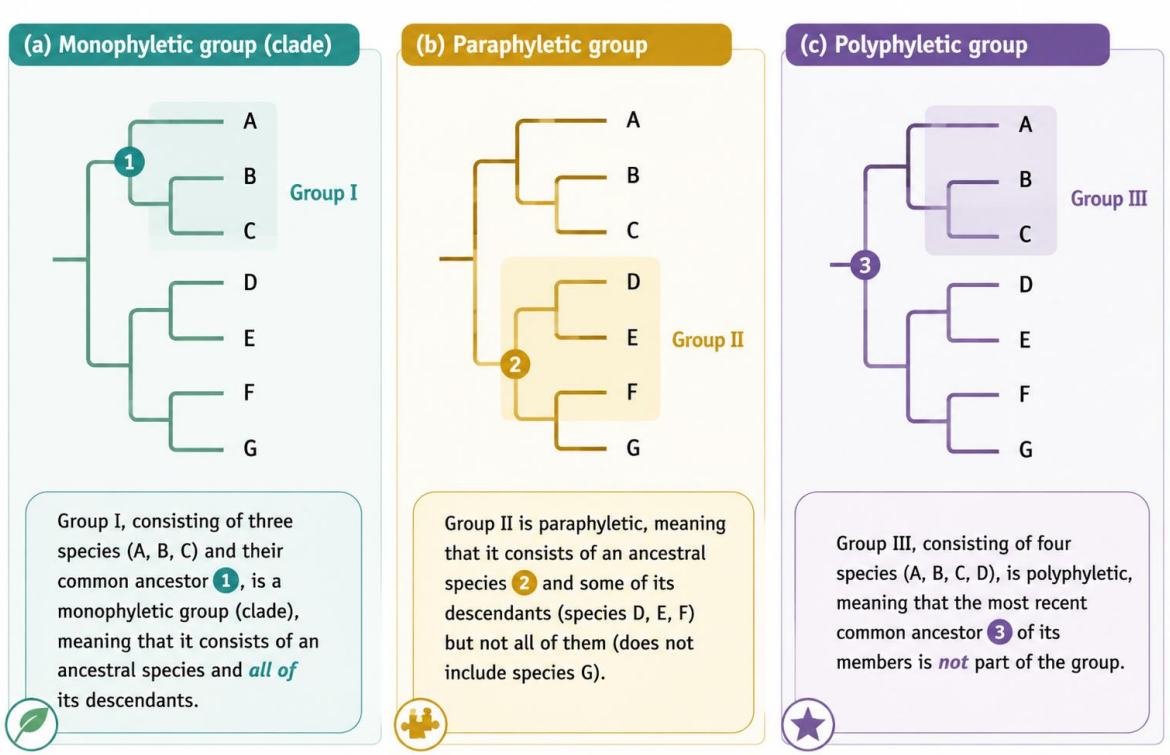
- Kladistik yaklaşımda klad, bir ata tür ile bu atadan türeyen bütün soyları içeren bir organizma grubudur.
- Kladlar, daha büyük kladların içerisinde yer alabilen iç içe geçmiş gruplar oluşturur.
- Örneğin kedigiller, Carnivora takımı içerisinde yer alan ve ortak bir atadan türeyen türleri kapsayan bir klad oluşturur.
- Bu yaklaşımda bir grubun evrimsel bütünlüğü, ortak atasının ve onun tüm torunlarının birlikte değerlendirilmesine dayanır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Monofiletik, Parafiletik ve Polifiletik Gruplar

- Monofiletik grup, ortak bir atayı ve o atadan türeyen bütün torunları içerir; bu tür gruplara klad da denir.
- Parafiletik grup, ortak atayı ve bazı torunları içerirken o atadan türeyen bütün torunları kapsamaz.
- Polifiletik grup, ortak bir atayı ve onun bütün torunlarını birlikte içermeyen, farklı soyların bir araya getirilmesiyle oluşan gruptur.
- Yandaki figür, monofiletik, parafiletik ve polifiletik gruplar arasındaki farkları karşılaştırmalı olarak göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

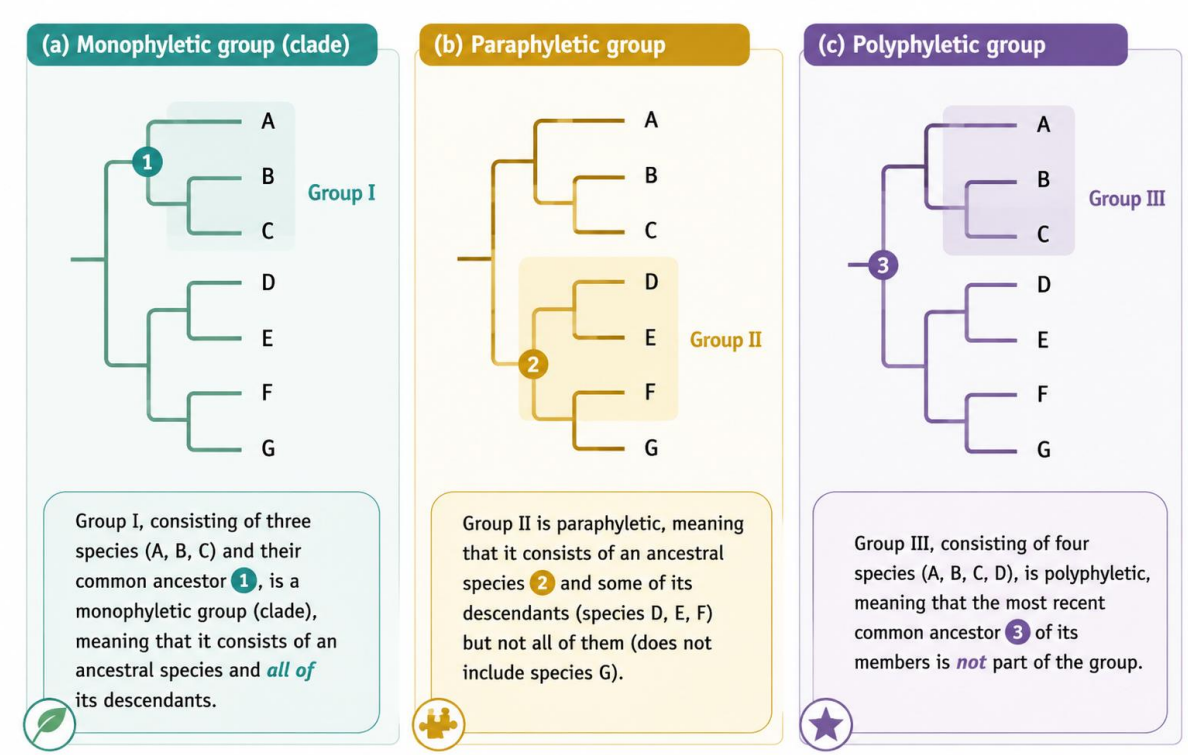
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Monofiletik Grup Nasıl Tanımlanır?

- Figür a'daki Grup I; A, B ve C türlerini ve bunların ortak atasını içermektedir.
- Bu grup aynı zamanda ortak atadan türeyen bütün torunları kapsadığı için monofiletik bir grup, yani bir klad oluşturur.
- Monofiletik gruplarda ortak ata grubun içinde bulunur ve bu atadan türeyen bütün üyeler gruba dahildir.
- Bu özellik, monofiletik grupları evrimsel soyların bütününü temsil eden gruplar haline getirir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

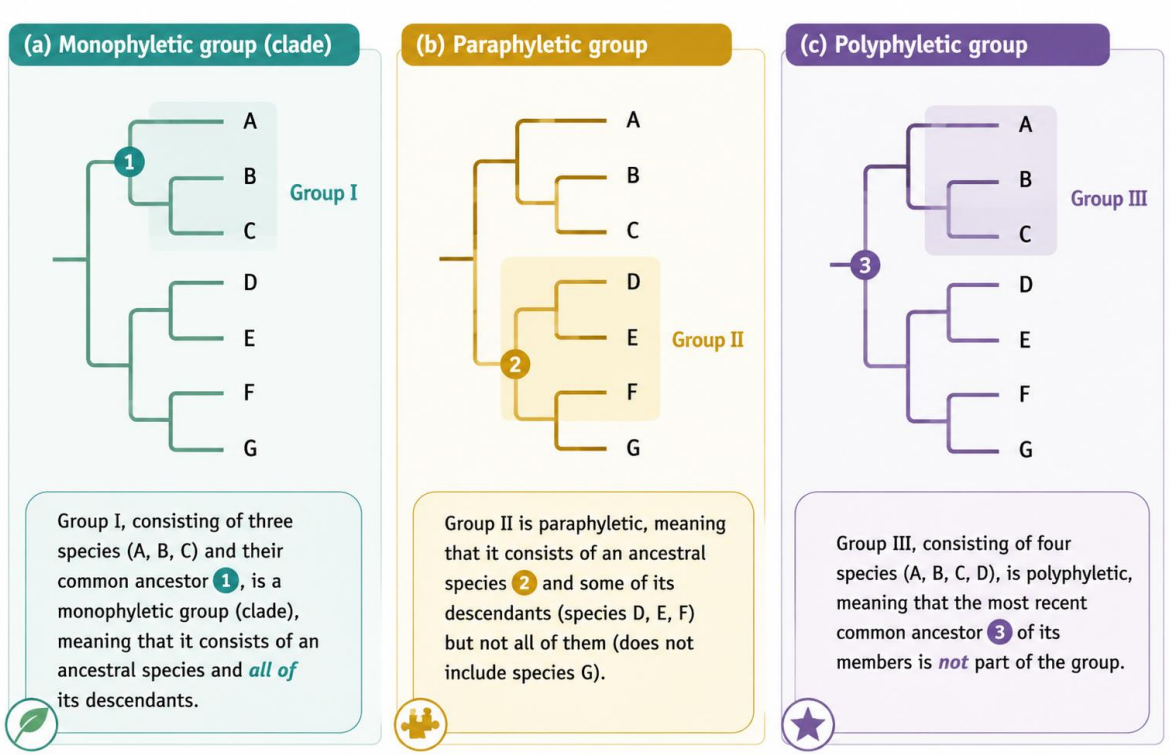
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Parafiletik ve Polifiletik Gruplar

- Figür b'deki Grup II, ortak atayı ve bazı torunları içerir ancak bu atadan türeyen bütün türleri kapsamadığı için parafiletiktir.
- Figür c'deki Grup III ise ortak atanın bütün torunlarını içermediği gibi, grup üyelerinin en yakın ortak atasını da grubun dışında bırakmaktadır.
- Bu nedenle Grup III polifiletik bir gruptur ve farklı evrimsel soyları ortak bir grup altında birleştirir.
- Filogenetik sınıflandırmada bu üç grup tipinin ayırt edilmesi, evrimsel ilişkilerin doğru yorumlanması açısından önemlidir.



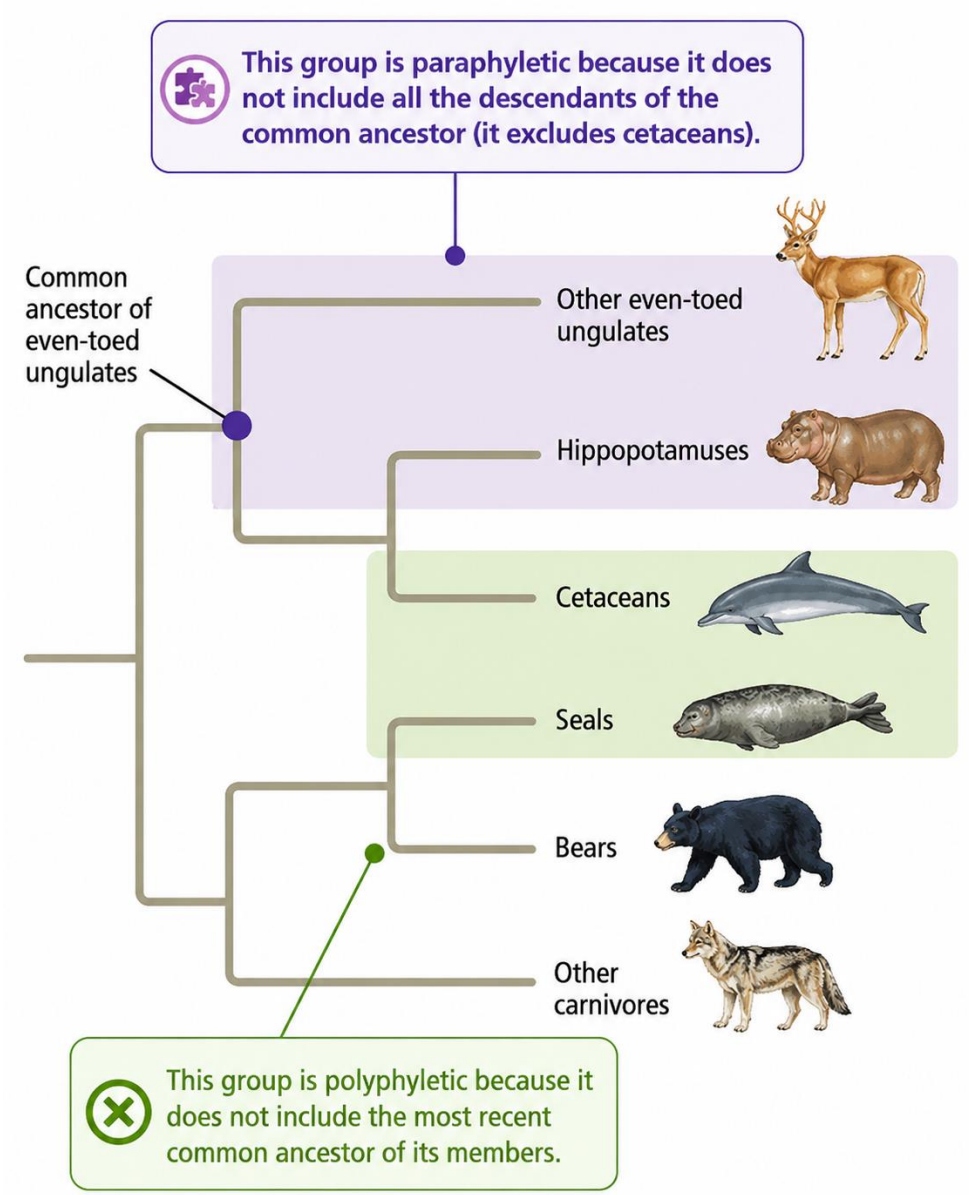
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Parafiletik ve Polifiletik Gruplara Örnekler

- Yandaki figür, parafiletik ve polifiletik grupların gerçek organizmalar üzerinden nasıl tanımlandığını göstermektedir.
- Su aygırları ve akrabalarını içeren ancak balinaları dışarıda bırakan grup, ortak atanın bütün torunlarını kapsamadığı için parafiletiktir.
- Foklar ve balinaları bir araya getiren grup ise bu canlıların en yakın ortak atasını içermediği için polifiletiktir.
- Bu örnekler, canlıların yalnızca benzer özelliklerine göre gruplandırılmasının evrimsel ilişkileri her zaman doğru yansıtmayabileceğini göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Paylaşılan Atasal ve Türetilmiş Karakterler

Bi Dünya Biyoloji

- Organizmalar değişerek evrimleştiği için bazı özellikler hem günümüzdeki canlılarda hem de onların atalarında bulunabilir.
- Bir grubun ortak atasında bulunan ve grubun üyeleri tarafından paylaşılan özellik paylaşılan atasal karakter olarak adlandırılır.
- Örneğin omurga, omurgalıların ortak atasında bulunmuş ve daha sonra bu grubun üyelerine aktarılmış bir karakterdir.
- Buna karşılık yalnızca belirli bir soyda ortaya çıkan yeni bir özellik, o soy açısından paylaşılan türetilmiş karakter olarak değerlendirilir.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Türetilmiş Karakterler Filogeniyi Ayırt Etmeye Yardımcı Olur

Bi Dünya Biyoloji

- Paylaşılan türetilmiş karakterler, belirli bir organizma grubunu diğer gruplardan ayırt etmek için kullanılabilir.
- Bir karakterin yalnızca grubun bazı üyelerinde bulunması, o karakterin grubun daha sonraki bir bölümünde ortaya çıktığını gösterebilir.
- Bir karakterin kaybı da evrimsel ilişkilerin değerlendirilmesinde dikkate alınabilir; örneğin bazı soylar atasal bir özelliği daha sonra kaybedebilir.
- Bu nedenle bir karakterin yalnızca bulunup bulunmadığı değil, evrimsel soy ağacının hangi noktasında ortaya çıktığı da önem taşır.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Türetilmiş Karakterlerle Filogeni Çıkarmak

Bi Dünya Biyoloji

- Paylaşılan türetilmiş karakterler belirli taksonlara özgü oldukları için filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde özellikle kullanışlıdır.
- Bu yöntemde incelenen grubun üyeleri birbirleriyle karşılaştırılır ve hangi karakterlerin hangi dallanma noktalarında ortaya çıktığı belirlenir.
- İncelenen organizma grubuna ingroup, bu grupla yakın ilişkili ancak grubun dışında bulunan karşılaştırma grubuna ise outgroup adı verilir.
- Outgroup, karakterlerin atasal mı yoksa türetilmiş mi olduğunu belirlemeye yardımcı olur.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Ingroup ve Outgroup Karşılaştırması

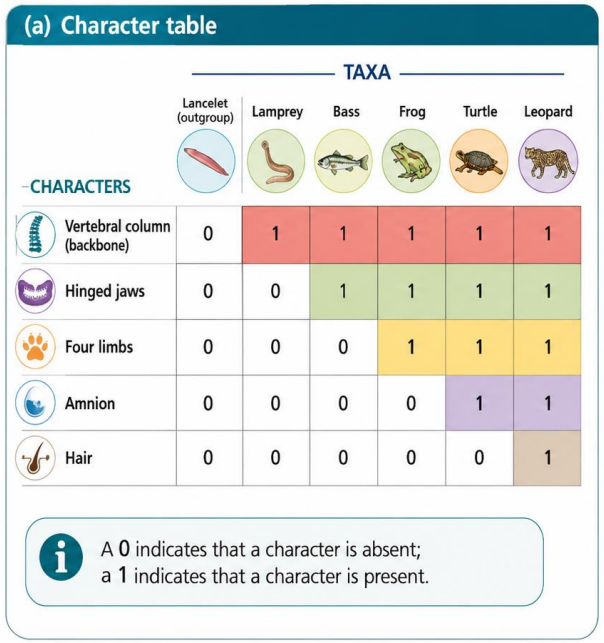
- Bir filogenetik analizde outgroup, incelenen gruptan daha geniş bir akrabalık grubunun üyesi olan ancak doğrudan ingroup içinde yer almayan bir organizmadır.
- Örneğin omurgalılar ingroup olarak inceleniyorsa, mızrak balığı uygun bir outgroup olarak kullanılabilir.
- Outgroup'ta bulunan bir karakterin ingroup üyelerinde de bulunması, bu karakterin daha eski ve atasal olabileceğini düşündürür.
- Buna karşılık karakter yalnızca ingroup'un belirli bir bölümünde bulunuyorsa, bu karakterin ilgili soyda türemiş olabileceği değerlendirilir.

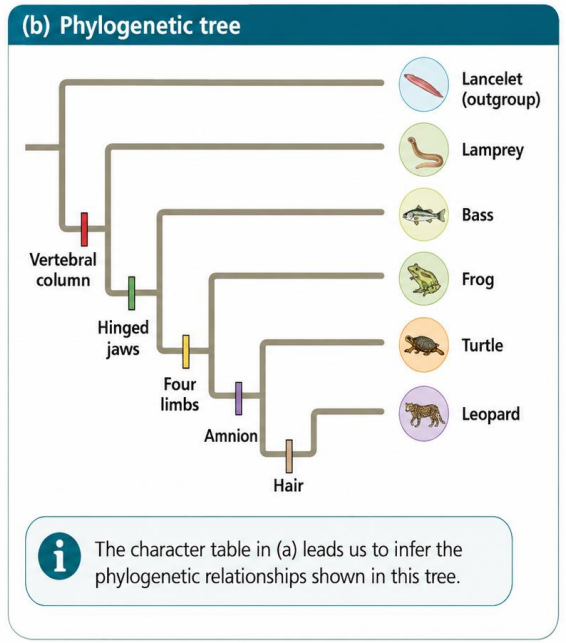
İZLE

Karakter Tablosundan Filogenetik Ağaca

Bi Dünya Biyoloji

- Figür a, mızrak balığı, taşemen, levrek, kurbağa, kaplumbağa ve leoparı farklı karakterlerin varlığı veya yokluğuna göre karşılaştırmaktadır.
- Karakter tablosunda 0, karakterin bulunmadığını; 1 ise karakterin bulunduğunu ifade etmektedir.
- Omurga, çeneler, dört üye, amniyon ve kıl gibi karakterlerin farklı taksonlarda dağılımı karşılaştırılarak evrimsel ilişkiler çıkarılabilir.
- Bu karakterlerin evrimsel dağılımı kullanılarak Figür b'deki filogenetik ağaç oluşturulmaktadır.





Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

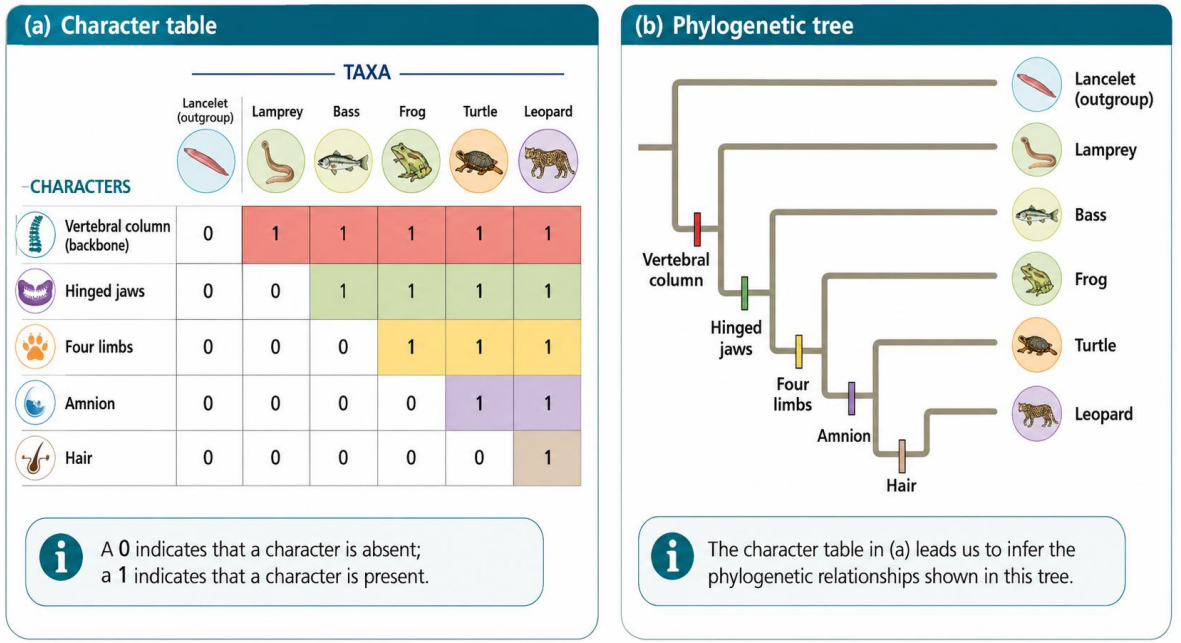
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Karakterlerin Evrimsel Sırası

- Omurga, çeneler, dört üye, amniyon ve kıl gibi karakterler filogenetik ağaç üzerinde farklı dallanma noktalarıyla ilişkilendirilebilir.
- Örneğin omurga karakteri omurgalıların ortak atasından itibaren bulunurken, kıl daha sonra memelilere giden soyda ortaya çıkmıştır.
- Bu yaklaşım, organizmaların hangi özellikleri hangi evrimsel aşamada kazandığını görselleştirmeye yardımcı olur.
- Yandaki figür, karakterlerin dağılımından yararlanarak türler arasındaki evrimsel ilişkilerin nasıl çıkarıldığını göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bir Karakter Birden Fazla Kez Ortaya Çıkabilir

Bi Dünya Biyoloji

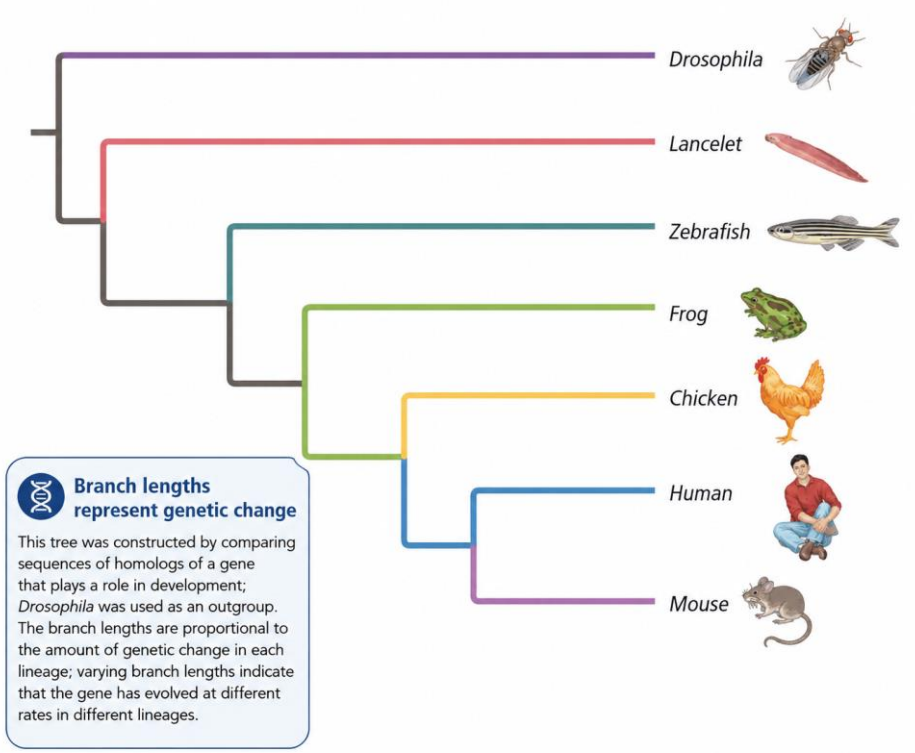
- Bir karakterin belirli bir soyda bulunması, onun mutlaka tek bir kez ortaya çıktığı anlamına gelmez.
- Aynı karakter farklı evrimsel soyların bağımsız evrimi sonucunda birden fazla kez ortaya çıkabilir.
- Benzer şekilde bir karakter atasal durumda bulunurken bazı soylar tarafından daha sonra kaybedilebilir.
- Bu nedenle filogenetik analizlerde karakterlerin dağılımını açıklayabilecek farklı evrimsel senaryolar karşılaştırılır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaçlarda Dal Uzunlukları

- Şimdiye kadar kullanılan filogenetik ağaçlarda dal uzunlukları, çoğunlukla yalnızca dallanma ilişkilerini göstermek amacıyla çizilmiştir.
- Ancak bazı filogenetik ağaçlarda dal uzunlukları, her soyda gerçekleşen evrimsel değişim miktarını temsil edebilir.
- Yandaki figür, bir genin farklı soylarındaki genetik değişim miktarlarının dal uzunluklarıyla nasıl ifade edilebildiğini göstermektedir.
- Bu tür ağaçlarda daha uzun bir dal, ilgili soyda daha fazla genetik değişim gerçekleştiğini ifade edebilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

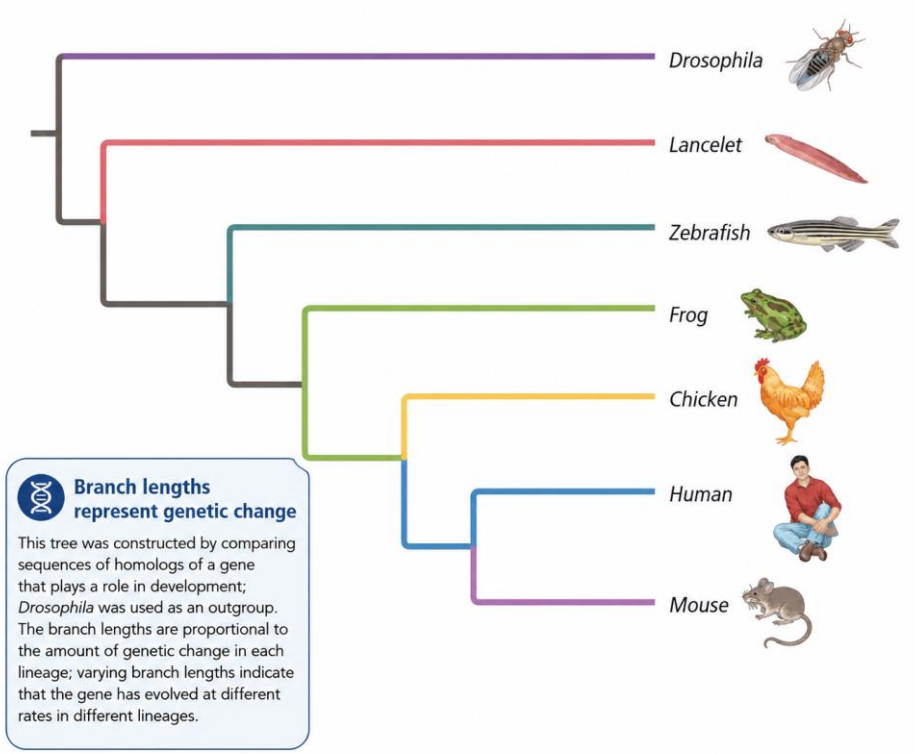
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Dal Uzunluğu ve Evrimsel Değişim

- Yandaki figürde farklı organizmaların soylarında incelenen DNA dizisindeki değişim miktarları farklı dal uzunluklarıyla gösterilmektedir.
- Örneğin ağacın tabanından fareye ulaşan yatay toplam mesafe, meyve sineğine ulaşan mesafeden daha kısadır.
- Bu durum, incelenen gen bakımından fare soyunda daha az, *Drosophila* soyunda ise daha fazla genetik değişim gerçekleştiğini göstermektedir.
- Dolayısıyla dal uzunlukları, yalnızca ağacın görsel biçimini değil, ölçülen evrimsel değişimin miktarını da yansıtabilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

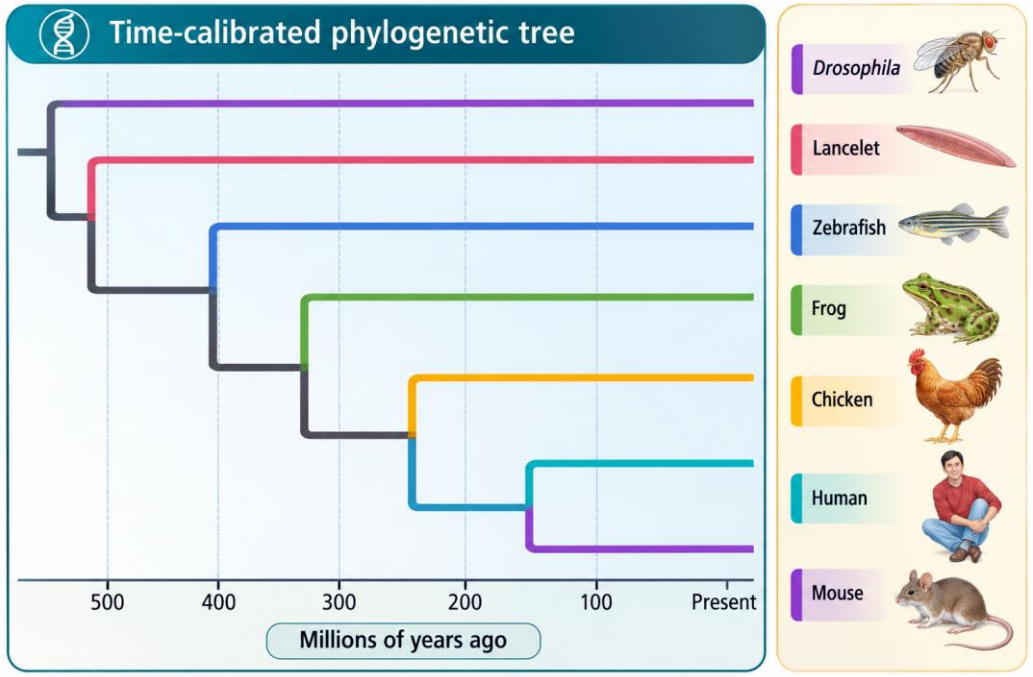
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Evrimsel Zaman Ölçeği

- Farklı soylar aynı yaşta ortak atalardan ayrılmış olsa bile, zaman içerisinde biriken genetik değişim miktarı aynı olmak zorunda değildir.
- Milyarlarca yıl boyunca evrimleşen organizmalarda morfolojik değişimin miktarı da soylar arasında farklılık gösterebilir.
- Fosil kayıtlar ve genetik kanıtlar, dallanma noktalarının jeolojik zaman içerisindeki konumlarının belirlenmesine yardımcı olabilir.
- Yandaki figür, dallanma noktalarının zaman ekseni üzerine yerleştirildiği ve dal uzunluklarının zamana göre ölçeklendirildiği bir filogenetik ağacı göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE



Bi Dünya Biyoloji

Maksimum Parsimoni İlkesi

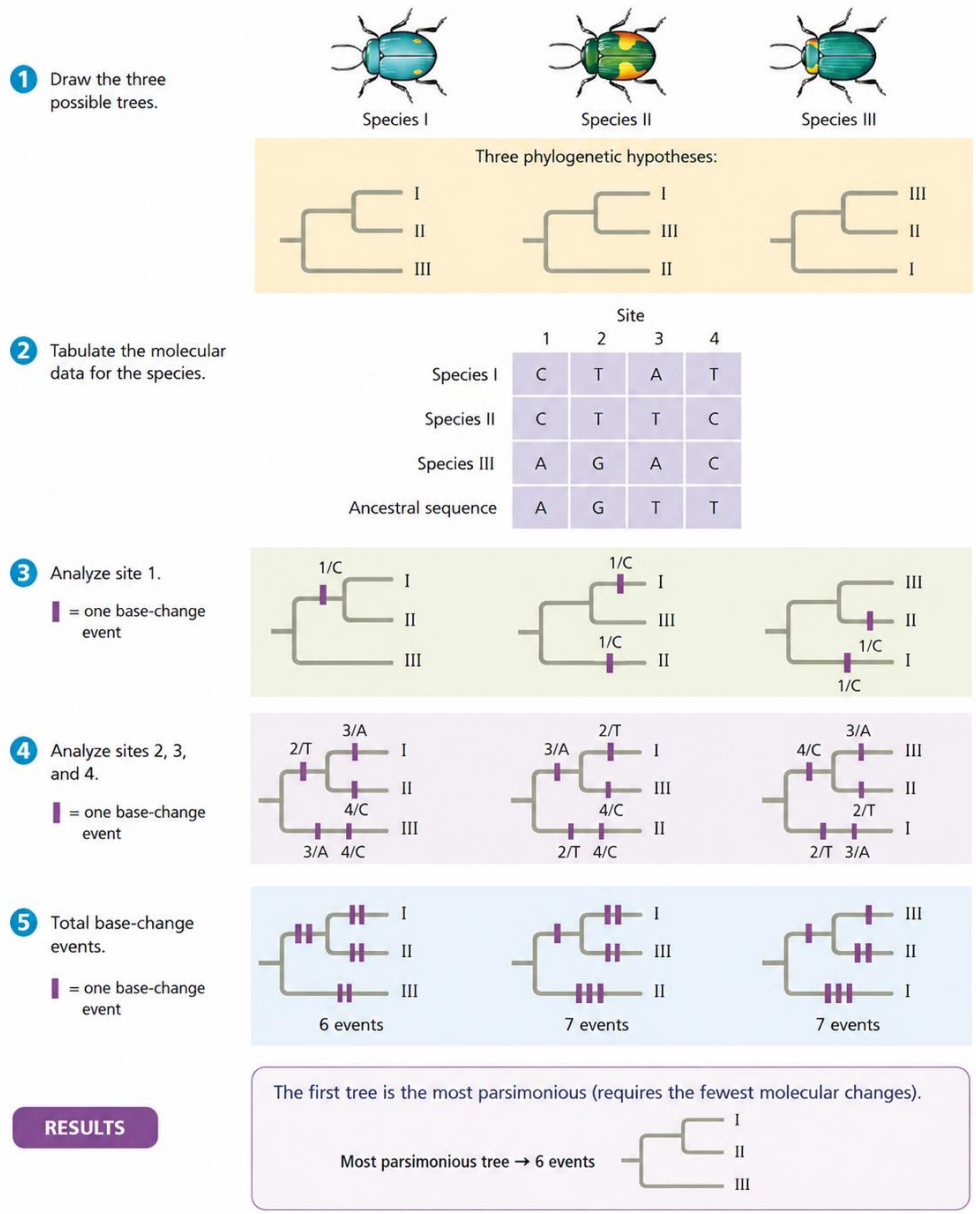
- Birden fazla olası filogenetik ağaç aynı verilerle uyumlu olduğunda, olası açıklamalar karşılaştırılabilir.
- Maksimum parsimoni, gözlenen özellik farklılıklarını açıklamak için en az sayıda evrimsel değişiklik gerektiren ağacın tercih edilmesine dayanan yaklaşımdır.
- Bu yaklaşım, daha az varsayım gerektiren açıklamayı tercih eden Occam'ın usturası ilkesiyle ilişkilidir.
- Morfolojik verilere dayalı filogenilerde en parsimonik ağaç, gözlenen özellikleri açıklamak için en az sayıda evrimsel değişiklik gerektiren ağaçtır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Maksimum Parsimoni ile Moleküler Verilerin Analizi

- DNA dizilerinde de farklı filogenetik ağaçlar aynı verilerle uyumlu olabilir ve bunlar içinden en az sayıda baz değişikliği gerektiren ağaç araştırılabilir.
- Yandaki figür, üç türden oluşan basitleştirilmiş bir moleküler filogenetik problemde maksimum parsimoni yaklaşımının nasıl uygulandığını göstermektedir.
- İlk olarak olası filogenetik ağaçlar oluşturulur ve türlere ait DNA dizileri karşılaştırılır.
- Daha sonra her ağacı açıklamak için gereken toplam baz değişikliği sayısı hesaplanır.



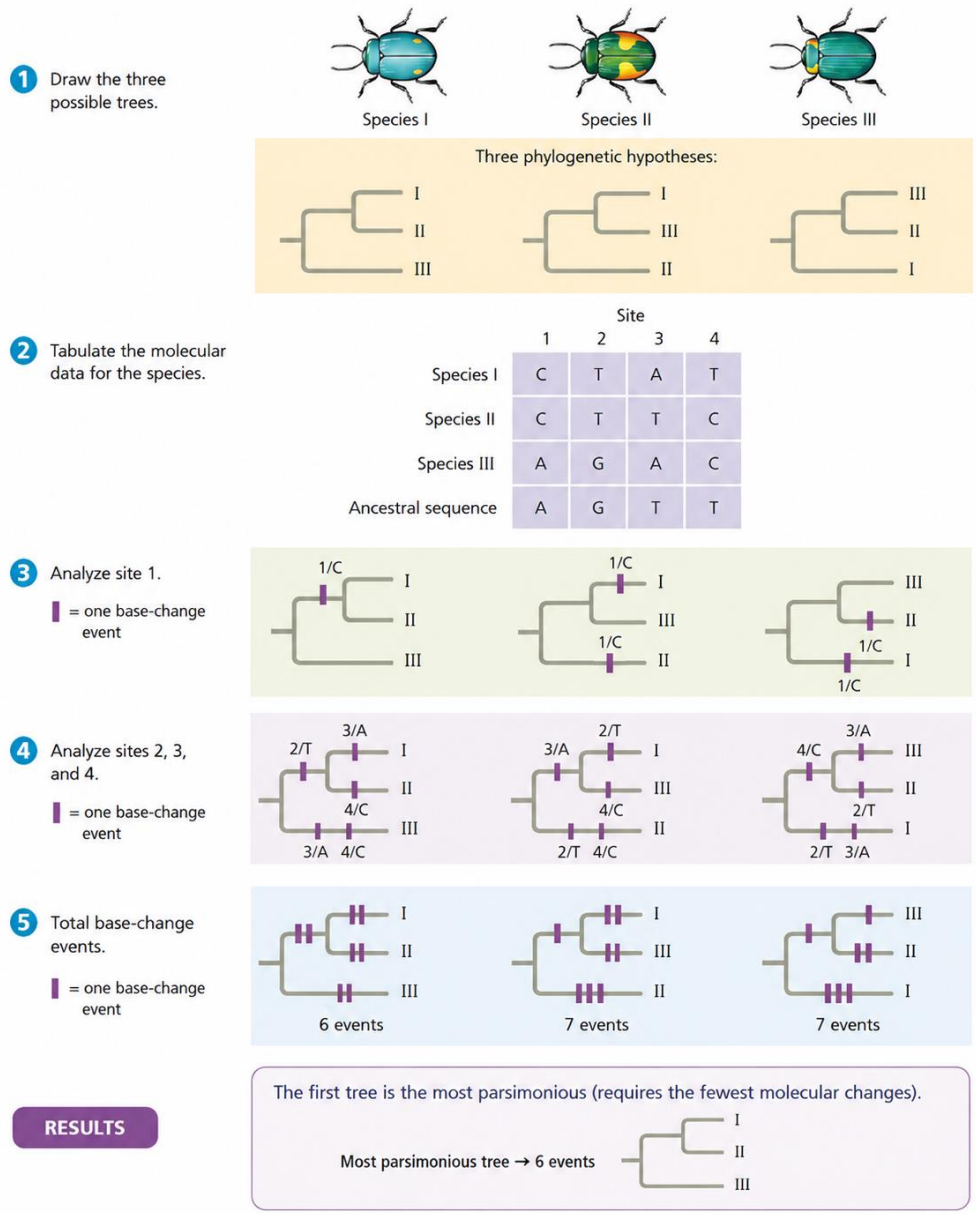
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Parsimoni ile Olası Ağaçları Karşılaştırmak

- Yandaki figürde ilk olarak üç tür için mümkün olan üç farklı filogenetik hipotez oluşturulmaktadır.
- Daha sonra DNA dizisinin her konumundaki bazlar, her bir ağaç üzerinde ortaya çıkması gereken değişiklikler açısından değerlendirilir.
- Birinci bölgede tek bir baz değişikliği yeterli olabilirken, diğer bölgelerde ek değişiklikler gerekebilmektedir.
- Son aşamada her ağaç için toplam evrimsel değişiklik sayısı karşılaştırılarak en az değişiklik gerektiren ağaç belirlenmektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Maksimum Parsimoni ve Maksimum Olasılık

Bi Dünya Biyoloji

- Maksimum parsimoni, evrimsel değişikliklerin en az sayıda gerçekleştiği açıklamayı araştırır.
- Maksimum olasılık yaklaşımı ise belirli bir evrimsel model altında gözlenen DNA dizilerinin ortaya çıkma olasılığını en yüksek düzeyde açıklayan ağacı belirlemeye çalışır.
- Maksimum olasılık yönteminde farklı nükleotid değişimlerinin eşit olasılıklı olması gibi varsayımlar kullanılabilir.
- Ancak bu varsayımların uygun olmadığı durumlarda, farklı nükleotid değişim hızlarını dikkate alan daha karmaşık modeller kullanılabilir.

İZLE

Bilgisayarlar Çok Sayıda Filogenetik Ağacı Karşılaştırabilir

Bi Dünya Biyoloji

- Tür sayısı arttıkça mümkün olan filogenetik ağaçların sayısı çok hızlı biçimde artar.
- Örneğin 50 tür için yaklaşık 3×10^{76} farklı ağaç oluşturulabilir.
- Bu kadar büyük bir olasılık uzayının tamamını elle incelemek mümkün olmadığından filogenetik analizlerde bilgisayar programlarından yararlanılır.
- Bu programlar çok sayıda olası ağacı değerlendirerek verileri en iyi açıklayan filogenetik hipotezlerin belirlenmesine yardımcı olur.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Ağaçlar Birer Hipotezdir

- Her filogenetik ağaç, incelenen organizmaların evrimsel ilişkileri hakkında bir hipotezi temsil eder.
- En iyi filogenetik hipotez, mevcut verilerin tamamıyla en iyi uyumu sağlayan hipotezdir.
- Yeni morfolojik veya moleküler kanıtlar elde edildiğinde daha önce oluşturulmuş filogenetik ağaçlar yeniden değerlendirilebilir.
- Bu nedenle filogenetik ağaçlar değişmez şemalar değil, yeni kanıtlarla test edilebilen ve geliştirilebilen bilimsel hipotezlerdir.

İZLE

Filogenetik Braketing ile Öngörü Yapmak

Bi Dünya Biyoloji

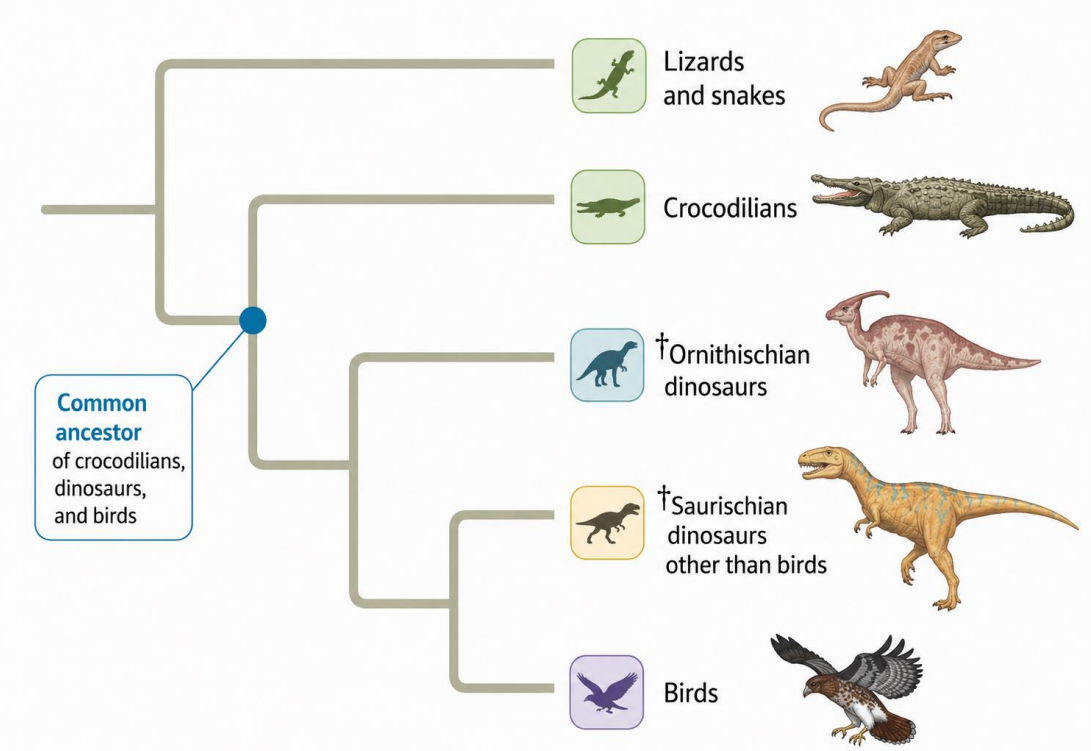
- Bir filogenetik hipotez yalnızca geçmişteki evrimsel ilişkileri açıklamak için değil, bilinmeyen özellikler hakkında öngörü oluşturmak için de kullanılabilir.
- Filogenetik braketing, yakın akraba organizmalarda ortak bulunan bir özelliğin onların ortak atasında da bulunmuş olabileceği varsayımına dayanır.
- Bu yaklaşım, fosil veya yaşayan organizmalarda doğrudan gözlenemeyen özellikler hakkında test edilebilir öngörüler oluşturabilir.
- Öngörü, daha sonra yeni fosil veya anatomik kanıtlarla sınanabilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Kuşlar ve Timsahlar Arasındaki Yakın İlişki

- Yandaki figür, kuşların timsahlarla olan evrimsel ilişkisini diğer sürüngen gruplarıyla karşılaştırmaktadır.
- Kuşlar ve timsahlar, kertenkele ve yılanlara göre birbirlerine daha yakın bir evrimsel ilişki paylaşmaktadır.
- Her iki grup da dört odacıklı kalp, ses üretimi ve yuva yapımı gibi bazı özellikleri paylaşmaktadır.
- Bu özelliklerin ortak atada bulunmuş olabileceği düşüncesi, filogenetik ilişkiler temelinde yeni öngörülerin oluşturulmasına olanak sağlar.



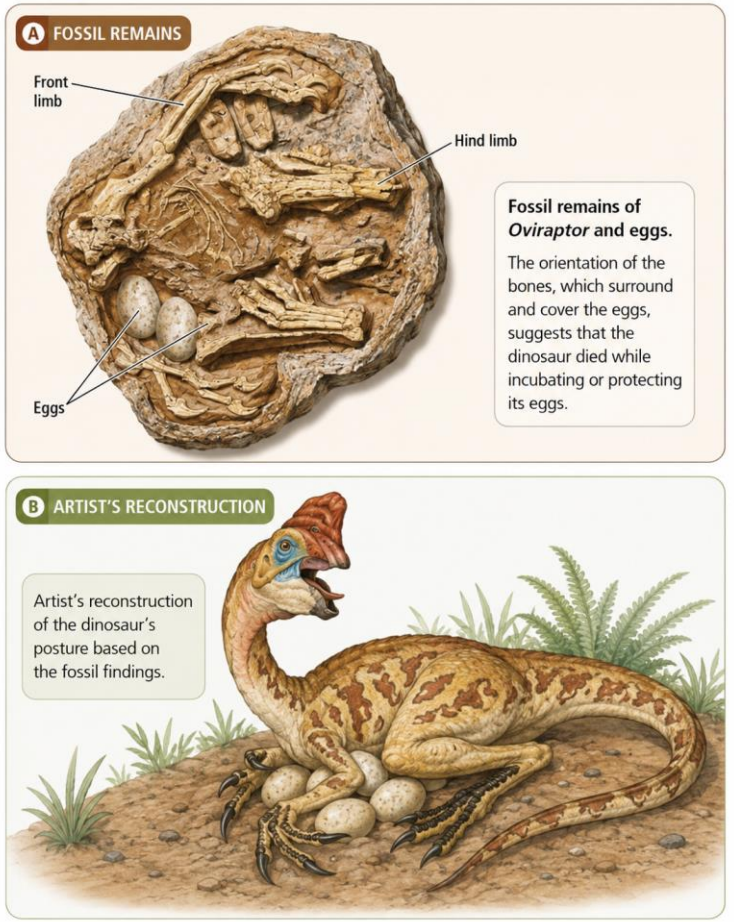
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Filogenetik Öngörü Fosillerle Test Edilebilir

- Kuşlar ve timsahlar arasındaki evrimsel ilişkiye dayanarak, bu iki grubun ortak atasının belirli özelliklere sahip olmuş olabileceği öngörülebilir.
- Bu yaklaşıma göre bazı dinozorların da kuşlara ve timsahlara benzer biçimde dört odacıklı kalbe, yuva yapma davranışına ve yumurtalarını korumaya sahip olması beklenebilir.
- Fosilleşmiş yuvalar ve yumurtalar, bu tür öngörüleri test etmek için bağımsız kanıtlar sağlayabilir.
- Yandaki figür, yumurtaları üzerinde kuluçkaya yattığı düşünülen *Oviraptor* fosilini ve fosile dayanarak yapılan canlandırmayı göstermektedir.



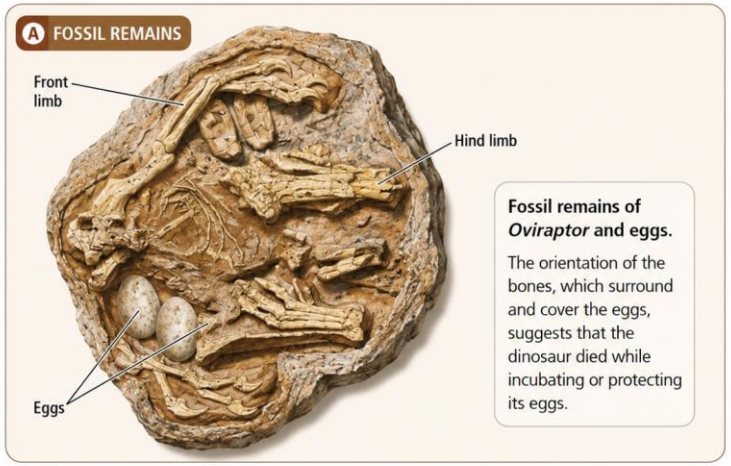
Bektaş Tepe
gezimania_tr

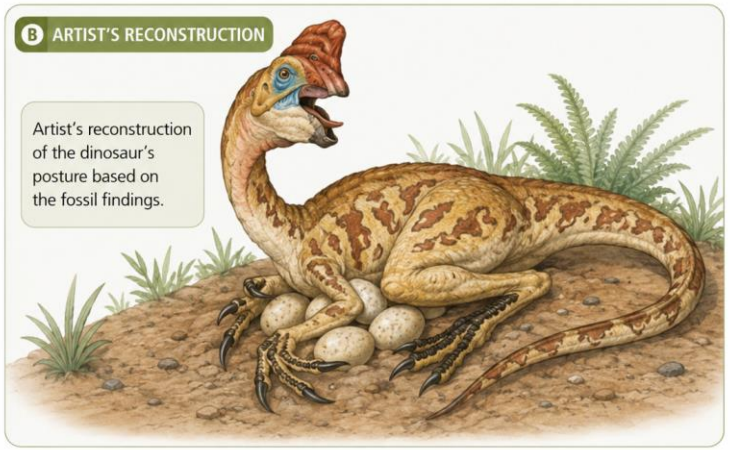
İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Oviraptor Fosili Filogenetik Öngörüyü Destekler

- Figür a, bir *Oviraptor* fosili ile ilişkili yumurtaların ve hayvanın vücut konumunun korunmuş olduğunu göstermektedir.
- Fosilin yumurtaları örten bir pozisyonda bulunması, hayvanın yumurtalarının üzerinde kuluçkaya yatmış olabileceğini düşündürmektedir.
- Bu bulgu, kuşlarla yakın akraba olan bazı dinozorların da yumurtalarını koruyarak kuluçkaya yatmış olabileceği öngörüsünü desteklemektedir.
- Figür b, fosil bulgularına dayanarak oluşturulan *Oviraptor* canlandırmasını göstermektedir.





Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Filogenetik Hipotezler Bağımsız Kanıtlarla Sınanabilir

Bi Dünya Biyoloji

- Filogenetik bir hipoteze dayanarak oluşturulan öngörüler, daha sonra fosil, morfolojik veya başka bağımsız verilerle test edilebilir.
- Dinozor yuvaları ve kuluçkaya yatma davranışına ilişkin fosil bulguları, kuşlarla olan evrimsel ilişkiden türetilen öngörüler için bağımsız kanıt sağlamaktadır.
- Böylece filogenetik analiz yalnızca geçmişteki ilişkileri açıklayan bir yöntem olmaktan çıkar ve yeni bilimsel soruların test edilmesine de olanak verir.
- Bu yaklaşım, evrimsel biyolojide hipotez → öngörü → bağımsız kanıt bağlantısının kurulmasını sağlar.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Genom, Evrimsel Tarihin Bir Kaydıdır

- Bir organizmanın evrimsel geçmişi yalnızca morfolojik özelliklerden değil, genomunda bulunan nükleik asit dizilerinden de araştırılabilir.
- Moleküler karşılaştırmalar, anatomik özelliklerle belirlenemeyen bazı filogenetik ilişkilerin ortaya çıkarılmasını sağlar.
- Özellikle fosil kayıtların yetersiz olduğu veya tamamen bulunmadığı gruplarda genomik veriler önemli bir evrimsel kanıt oluşturur.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Farklı Genler Farklı Hızlarda Evrimleşir

- Aynı evrimsel soy içerisinde bulunan farklı genler, zaman içinde aynı hızda değişmek zorunda değildir.
- Bazı genler çok yavaş değiştiği için yüz milyonlarca yıl önce ayrılmış canlıların ilişkilerini araştırmada kullanılabilir.
- Örneğin ribozomal RNA'yı kodlayan DNA dizileri oldukça yavaş evrimleşir ve çok eski soyların karşılaştırılmasına olanak sağlar.
- Buna karşılık mitokondriyal DNA daha hızlı evrimleştiği için daha yakın dönemlerde gerçekleşen evrimsel olayların araştırılmasında kullanılabilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Farklı Moleküler Saatler Farklı Sorulara Yanıt Verir

- Yavaş evrimleşen genler, çok uzun zaman önce birbirinden ayrılmış organizmalar arasındaki ilişkilerin araştırılmasında daha kullanışlı olabilir.
- Hızlı evrimleşen DNA bölgeleri ise daha yakın zamanda gerçekleşen ayrışmalar arasındaki farklılıkların belirlenmesinde daha fazla bilgi sağlayabilir.
- Bu nedenle filogenetik analizlerde kullanılacak gen veya DNA bölgesi, araştırılan evrimsel zaman ölçeğine göre seçilir.
- Mitokondriyal DNA kullanılarak Amerika kıtasındaki farklı insan topluluklarının evrimsel ilişkileri gibi daha yakın dönemli ilişkiler de araştırılabilir.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Gen Duplikasyonları Yeni Genlerin Kaynağıdır

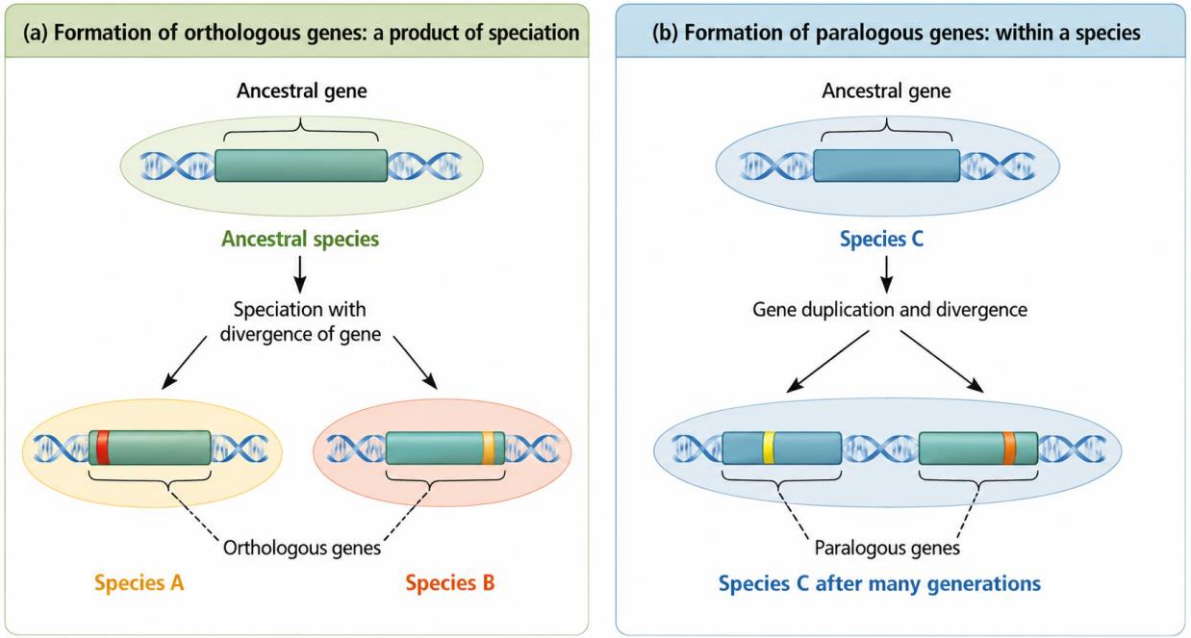
- Gen duplikasyonu, bir genin genom içerisinde birden fazla kopyasının oluşmasıdır ve evrimsel çeşitliliğin önemli kaynaklarından biridir.
- Gen kopyalarının oluşması, kopyalardan birinin başlangıçtaki işlevini korurken diğer kopyanın yeni değişiklikler biriktirmesine olanak sağlayabilir.
- Bu nedenle gen duplikasyonları, genomdaki gen sayısının artmasına ve yeni evrimsel olanakların ortaya çıkmasına katkıda bulunur.
- Tekrarlanan gen duplikasyonları sonucunda aynı kökenden gelen gen grupları gen aileleri oluşturabilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Ortolog ve Paralog Genler

- Gen duplikasyonlarının dikkate alınması, homolog genlerin iki farklı biçimde sınıflandırılmasını sağlar.
- Ortolog genler, bir atasal türdeki genin türleşme olayı sonucunda farklı türlerde bulunan karşılıklarıdır.
- Paralog genler ise bir türün genomunda gerçekleşen gen duplikasyonu sonucunda ortaya çıkan homolog genlerdir.
- Yandaki figür, türleşme ile oluşan ortolog genler ile gen duplikasyonu sonucunda oluşan paralog genlerin oluşumunu karşılaştırmaktadır.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

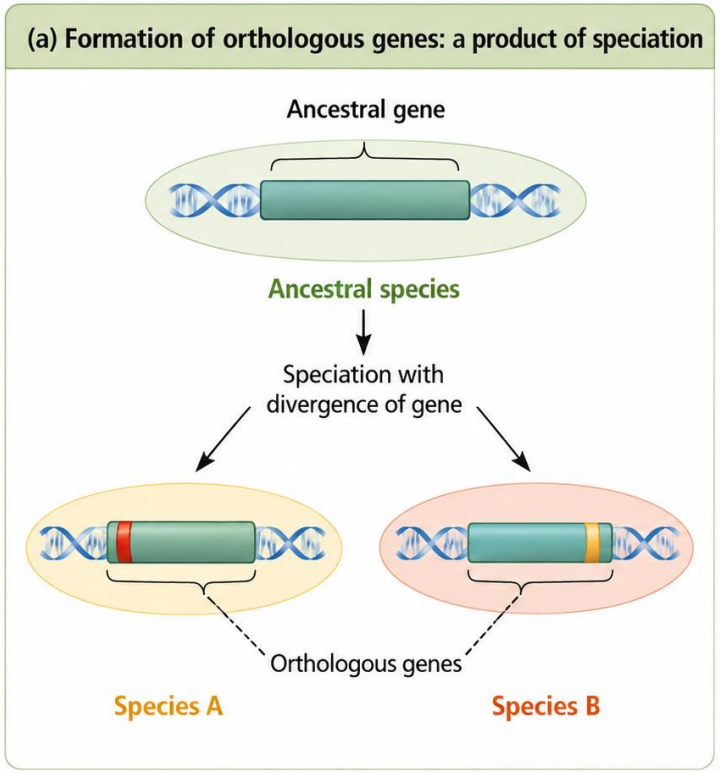
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Ortolog Genler Türleşmeyle Ayrılır

- Yandaki figürde atasal türde bulunan bir gen, türleşme sonrasında iki farklı türde karşılık gelen genlere ayrılmaktadır.
- Bu iki gen ortak bir atasal genden türediği için homologdur ve farklı türlerde bulundukları için ortolog genler olarak adlandırılır.
- Ortolog genler türleşme sonrasında farklı soyların genomlarında bağımsız olarak değişmeye devam eder.
- Örneğin sitokrom c geninin insan ve köpekte bulunan kopyaları ortolog genlerdir.



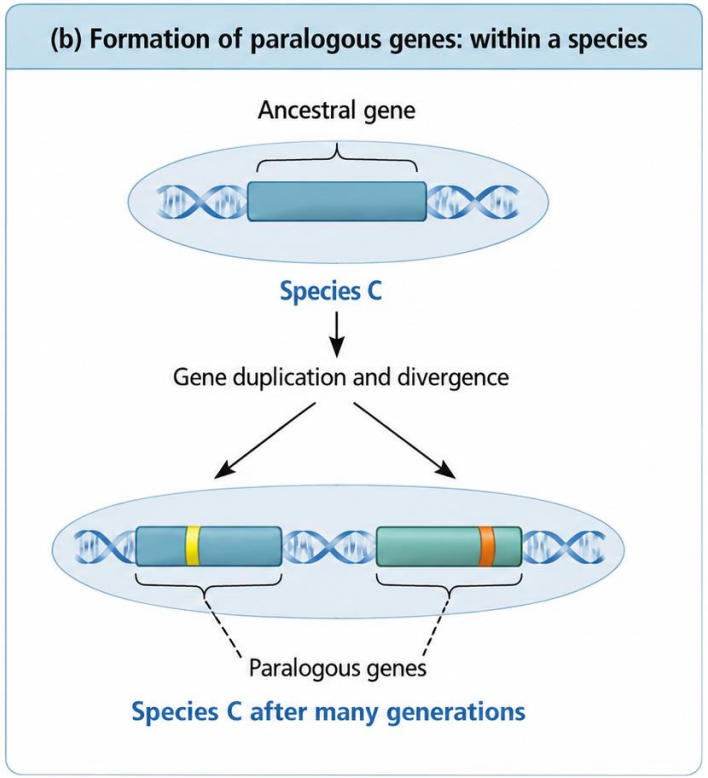
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Paralog Genler Duplikasyonla Oluşur

Bi Dünya Biyoloji

- Yandaki figürde tek bir atasal gen, aynı tür içerisinde gerçekleşen gen duplikasyonu sonucunda iki kopyaya ayrılmaktadır.
- Bu kopyalar daha sonra birbirlerinden bağımsız olarak evrimleşerek paralog genleri oluşturur.
- Paralog genler aynı genom içerisinde birden fazla kopya halinde bulunabilir ve zaman içinde farklı işlevler kazanabilir.
- Örneğin omurgalılarda çok sayıda gen duplikasyonu gerçekleşmiş ve bazı gen aileleri çok sayıda paralog gen içerecek şekilde genişlemiştir.



İZLE

Ortolog ve Paralog Genlerin Evrimsel Farkı

Bi Dünya Biyoloji

- Ortolog genlerde farklılaşmanın temelinde türleşme, paralog genlerde ise gen duplikasyonu bulunur.
- Ortolog genler farklı türlerde yer alırken, paralog genler aynı türün genomunda birden fazla kopya halinde bulunabilir.
- Ortolog genlerin farklı türlerdeki dizileri karşılaştırılarak bu türler arasındaki evrimsel ilişkiler araştırılabilir.
- Paralog genler ise aynı genom içerisindeki gen ailesinin oluşumunu ve genlerin zaman içinde farklı işlevler kazanmasını anlamada önem taşır.

İZLE

Genom Evrimi Ortak Biyolojik Özellikleri Açıklar

Bi Dünya Biyoloji

- Farklı organizmaların genomları karşılaştırıldığında, çok uzak akraba canlıların bile önemli sayıda homolog gene sahip olduğu görülmektedir.
- Örneğin insan ve fare soylarındaki çok sayıda gen ortak bir atadan türemiştir ve bu genlerin büyük bölümü farklı türlerde benzer işlevler üstlenir.
- İnsan ve maya gibi oldukça farklı organizmalar arasında bile çok sayıda ortak gen bulunması, bazı biyokimyasal ve gelişimsel yolların evrim boyunca korunabildiğini göstermektedir.
- Bu ortaklıklar, farklı organizmalarda benzer temel hücresel süreçlerin bulunmasını açıklamaya yardımcı olur.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

İnsan Genomunun Evrimsel Karmaşıklığı

- Genomlar arasındaki karşılaştırmalar, organizmanın karmaşıklığının yalnızca sahip olduğu gen sayısıyla açıklanamayacağını göstermektedir.
- İnsan genomunda yaklaşık dört kat daha fazla gen bulunmasına rağmen, gen sayısı bakımından insan ile maya arasındaki fark beklenenden daha büyük değildir.
- İnsanların daha karmaşık yapısının açıklanmasında genlerin düzenlenme biçimleri, gen ürünlerinin çeşitliliği ve genlerin farklı dokularda farklı biçimlerde kullanılması önem taşır.
- Bu nedenle genom evriminin anlaşılması, yalnızca genlerin sayısını değil, genlerin nasıl işlediğini ve birbirleriyle nasıl etkileştiğini de incelemeyi gerektirir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Aynı Gen Farklı Proteinler Üretebilir

- İnsan genlerinin önemli bir bölümü, tek bir genin birden fazla protein ürünü oluşturmasına olanak sağlayan mekanizmalara sahiptir.
- Böylece sınırlı sayıdaki gen, farklı hücre ve dokularda çok daha geniş bir protein çeşitliliğinin oluşmasına katkıda bulunabilir.
- Bu durum, organizmalar arasındaki biyolojik karmaşıklığın yalnızca genomdaki toplam gen sayısıyla açıklanamayacağını gösterir.
- Genlerin farklı biçimlerde kullanılması, aynı genomun farklı hücre tiplerinde farklı işlevsel sonuçlar oluşturmasına olanak sağlar.

İZLE

Genom Karşılaştırmaları Evrimsel İlişkileri Ortaya Çıkarır

Bi Dünya Biyoloji

- Farklı organizmaların genomlarının karşılaştırılması, ortak atadan miras kalan genleri ve zaman içinde meydana gelen genetik değişimleri ortaya çıkarabilir.
- Yavaş veya hızlı evrimleşen genlerin farklı amaçlarla kullanılması, farklı zaman ölçeklerindeki evrimsel ilişkilerin araştırılmasına olanak sağlar.
- Gen duplikasyonları yeni gen kopyalarının ortaya çıkmasını sağlarken, bu kopyaların farklılaşması gen ailelerinin oluşmasına katkıda bulunur.
- Böylece genom, hem geçmişteki türleşme olaylarının hem de genlerin evrimsel değişiminin izlerini taşıyan önemli bir kayıt niteliği kazanır.

İZLE

Moleküler Saatler Evrimsel Zamanı İzler

Bi Dünya Biyoloji

- Evrimsel biyolojinin önemli amaçlarından biri, organizmaların ne zaman birbirlerinden ayrıldığını ve aralarındaki evrimsel ilişkilerin ne kadar eski olduğunu belirlemektir.
- Fosil kayıtlar bazı evrimsel ayrışmaların zamanını belirlemeye yardımcı olsa da birçok soy için yeterli fosil kanıt bulunmayabilir.
- Moleküler saat, belirli DNA veya protein değişikliklerinin zaman içerisinde yaklaşık olarak belirli hızlarda birikmesi ilkesine dayanarak evrimsel zamanı tahmin etmeyi sağlar.

Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Saatin Temel Mantığı

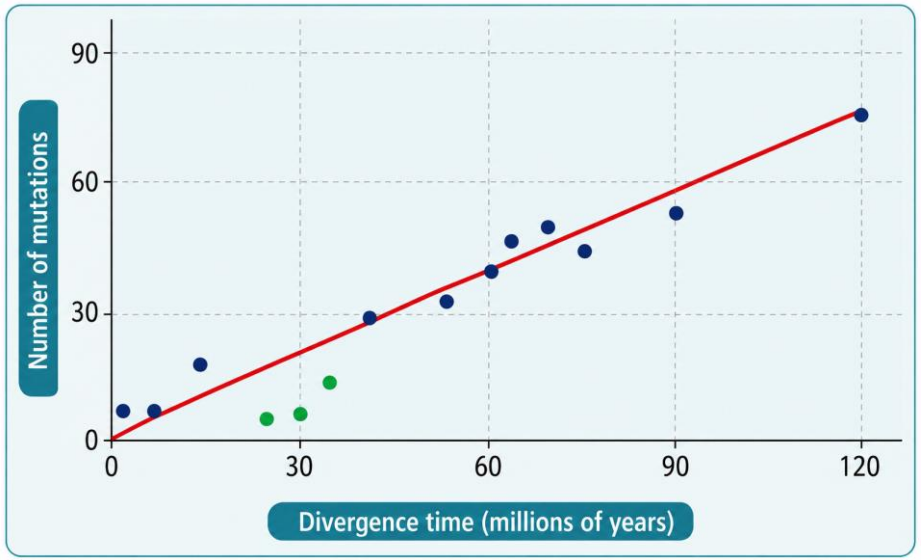
- Moleküler saat yaklaşımında, homolog genlerde zaman içinde biriken nükleotid değişikliklerinin miktarı ile ortak atadan ayrılma zamanı arasında ilişki kurulmaktadır.
- Eğer bir gen yaklaşık olarak sabit bir hızda evrimleşiyorsa, diziler arasındaki farklılıkların miktarı iki soyun ne kadar önce ayrıldığı hakkında bilgi sağlayabilir.
- Bir moleküler saatin oluşturulabilmesi için öncelikle genetik değişim miktarının bilinen evrimsel ayrılma tarihleriyle karşılaştırılması gerekir.
- Bu ilişki kullanılarak fosil kayıtlarda doğrudan gözlenemeyen evrimsel olayların zamanları tahmin edilebilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Saat Nasıl Kalibre Edilir?

- Moleküler saat oluşturmak için genetik farklılıkların miktarı, fosil kayıtlardan bilinen evrimsel dallanma noktalarının tarihleriyle karşılaştırılır.
- Bu karşılaştırmadan elde edilen ortalama değişim hızı, daha sonra zamanı bilinmeyen evrimsel olayların tarihlendirilmesinde kullanılabilir.
- Yandaki figür, memelilerde protein dizisinde biriken mutasyon sayısı ile iki soyun ayrılma zamanı arasındaki ilişkiyi göstermektedir.
- Grafikteki ilişki, genetik farklılıkların miktarından yararlanarak evrimsel ayrışma zamanının tahmin edilebileceğini göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Moleküler Saat Kesin Bir Kronometre Değildir

Bi Dünya Biyoloji

- Moleküler saatler, evrimsel değişimin tamamen düzenli ve kusursuz bir hızda gerçekleştiği varsayımına dayanmaz.
- Genetik değişim oranları zaman içinde dalgalanabilir ve farklı organizma gruplarında aynı olmayabilir.
- Bu nedenle moleküler saatlerden elde edilen tarihler, kesin zaman noktaları yerine istatistiksel olarak tahmin edilen ortalama değişim hızlarına dayanır.
- Özellikle çok farklı genler veya organizma grupları karşılaştırıldığında, kullanılan moleküler saatin hızının değişebileceği dikkate alınmalıdır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Saatlerin Çalışma Hızı Neden Farklıdır?

- Genlerin farklı hızlarda evrimleşmesinin önemli nedenlerinden biri, genlerin işlevsel önemlerinin birbirinden farklı olmasıdır.
- Bir proteinin amino asit dizisinin belirli bölümleri yaşamsal açıdan kritikse, bu bölgelerde meydana gelen zararlı değişiklikler doğal seçilim tarafından elenebilir.
- Buna karşılık seçilim açısından daha az önemli bölgelerdeki nötr değişiklikler daha kolay korunabilir ve zaman içerisinde birikebilir.
- Bu nedenle bir genin evrimsel değişim hızı, taşıdığı bilginin organizma açısından ne kadar önemli olduğuyla ilişkili olabilir.

İZLE

Doğal Seçilim Moleküler Saat Hızını Değiştirebilir

Bi Dünya Biyoloji

- Bir proteinin belirli amino asitlerinin işlev açısından kritik olması, bu bölgelerdeki değişikliklerin güçlü doğal seçilimle elenmesine neden olabilir.
- Böyle durumlarda ilgili gen daha yavaş evrimleşir ve moleküler saat olarak kullanıldığında daha az değişiklik biriktirir.
- İşlevsel açıdan daha az kısıtlı bölgelerde ise değişiklikler daha kolay birikebilir ve evrimsel değişim hızı daha yüksek olabilir.
- Bu nedenle farklı genlerin moleküler saat olarak aynı hızda çalıştığı varsayılmamalıdır.

İZLE

Moleküler Saatlerde Doğal Seçilimin Etkisi

Bi Dünya Biyoloji

- Bazı DNA değişiklikleri zararlı olduğu için doğal seçilim tarafından zaman içerisinde ortadan kaldırılırken, bazı değişiklikler seçilim açısından nötr kalabilir.
- Nötr değişiklikler uzun zaman boyunca birikebildiği için moleküler saatlerin oluşturulmasında özellikle yararlı olabilir.
- Ancak doğal seçilim bazı genlerdeki değişikliklerin birikme hızını değiştirebildiğinden, bütün genler aynı güvenilirlikte moleküler saat olarak kullanılamaz.
- Bazı çalışmalarda farklı genlerin evrimsel hızlarının karşılaştırılması, moleküler saatlerin uygun biçimde kalibre edilmesinin önemini ortaya koymaktadır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Saatlerin Zaman Sınırları

- Fosil kayıtlar yaklaşık 550 milyon yıl öncesine kadar uzanabilse de moleküler saatler daha eski evrimsel olayların zamanını tahmin etmek için de kullanılabilir.
- Ancak bu tür tahminler, moleküler saatin geçmiş boyunca sabit bir hızda çalıştığı varsayımına daha fazla bağımlıdır.
- Evrimsel değişim hızının zaman içerisinde veya farklı soylar arasında değişmesi, özellikle çok eski olayların tarihlendirilmesinde belirsizliği artırabilir.
- Bu nedenle fosil veriler ile moleküler saat tahminleri mümkün olduğunda birlikte değerlendirilir.

İZLE

Moleküler Saatler Farklı Verilerle Kalibre Edilebilir

Bi Dünya Biyoloji

- Moleküler saatlerin güvenilirliğini artırmak için farklı genlerin veya farklı organizma gruplarının evrimsel değişim hızları ayrı ayrı değerlendirilebilir.
- Bazı problemlerde tek bir gen yerine daha fazla gen kullanılması, evrimsel değişim hızlarındaki farklılıkların etkisini azaltabilir.
- Omurgalıların evrimini inceleyen çalışmalarda yüzlerce gen üzerinden oluşturulan moleküler saatler, yüz milyonlarca yıllık zaman aralıklarını kapsayabilir.
- Ancak doğal seçilim gibi faktörlerin bazı genlerin değişim hızlarını etkilemesi, bu tahminlerin yorumlanmasında dikkatli olunmasını gerektirir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Moleküler Saatlerin Uygulaması: HIV'in Kökenini Tarihlendirmek

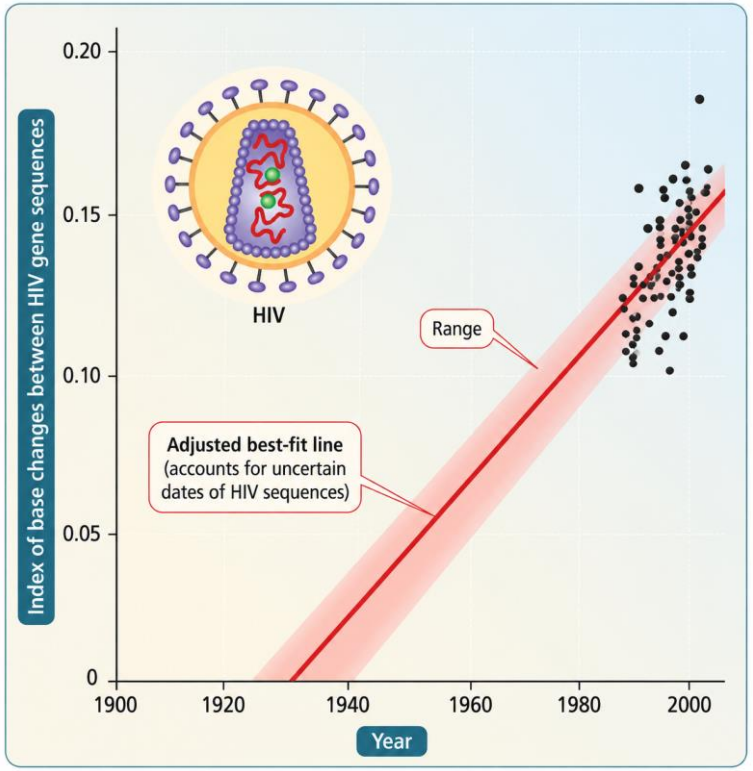
- Moleküler saat yaklaşımı, yalnızca çok eski evrimsel olayların değil, yakın geçmişte meydana gelen evrimsel olayların tarihlendirilmesinde de kullanılabilir.
- HIV'in insanlara ne zaman geçtiği ve insan popülasyonlarında ne zaman yayılmaya başladığı, viral DNA dizilerinin karşılaştırılmasıyla araştırılmıştır.
- HIV'in insanlardaki kökeni tek bir olayla açıklanmaz; virüsün farklı suşlarında birden fazla köken bulunması, farklı geçiş olaylarının gerçekleştiğini göstermektedir.
- HIV'in genetik materyali RNA olduğundan, virüslerin evrimsel ilişkilerinin araştırılmasında RNA virüslerine özgü moleküler verilerden yararlanılır.

İZLE

HIV-1 M'nin İnsanlara Yayılım Zamanı

Bi Dünya Biyoloji

- HIV-1 M'nin insanlara ne zaman yayıldığını belirlemek amacıyla farklı dönemlerde hastalardan alınan virüs örneklerinin gen dizileri karşılaştırılmıştır.
- Bu örnekler arasında 1959 yılına ait bir örnek de bulunmaktadır ve dizilerde zaman içerisinde meydana gelen değişimler izlenebilmektedir.
- Moleküler saat yaklaşımı, gözlenen genetik değişimlerin geçmişe doğru ekstrapolasyonu yoluyla virüsün daha erken dönemlerdeki evrimsel durumunun tahmin edilmesini sağlar.
- Yandaki figür, HIV-1 M'nin kökeninin tarihlendirilmesinde kullanılan genetik veriler ile zaman arasındaki ilişkiyi göstermektedir.



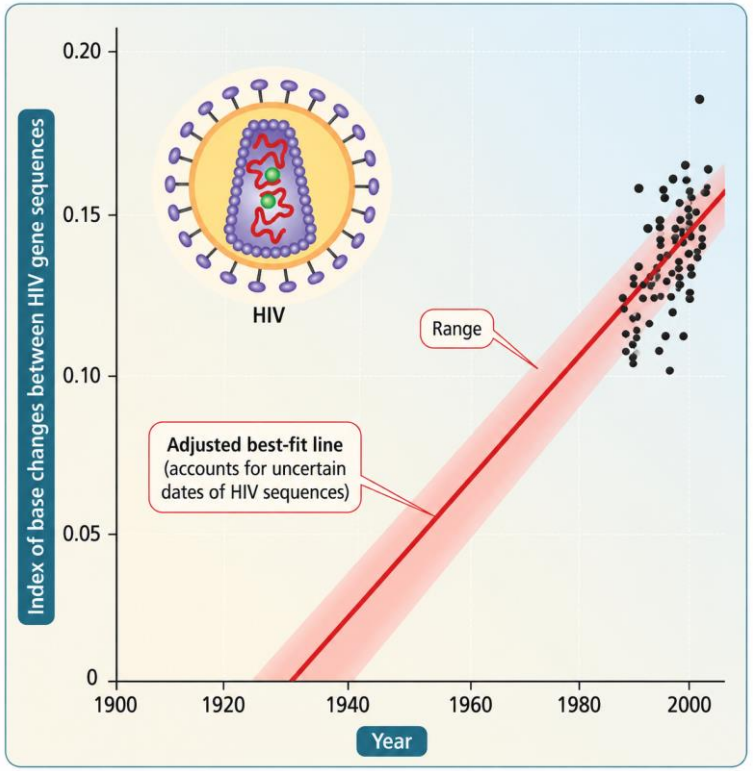
Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

HIV-1 M İçin Moleküler Saat Tahmini

Bi Dünya Biyoloji

- Yandaki figürde siyah noktalar, hastaların kan örneklerinden elde edilen HIV gen dizilerindeki baz değişikliklerini göstermektedir.
- Günümüzdeki HIV dizilerinin değişim hızından geriye doğru yapılan hesaplama, HIV-1 M'nin insanlara yayılımının yaklaşık 1930 civarında başladığını göstermektedir.
- Daha gelişmiş bir moleküler saat yaklaşımıyla yapılan sonraki bir çalışma ise HIV-1 M'nin insanlara yayılımını yaklaşık 1912 yılına tarihlendirmiştir.
- Bu farklı tahminler, moleküler saat sonuçlarının kullanılan model ve varsayımlara bağlı olarak değişebileceğini de göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Moleküler Saatlerin Gücü ve Sınırları

Bi Dünya Biyoloji

- Moleküler saatler, fosil kaydında doğrudan belgelenmeyen evrimsel olayların yaklaşık zamanlarını araştırmak için güçlü bir araçtır.
- Ancak genlerin farklı hızlarda evrimleşmesi, doğal seçilim ve zaman içerisindeki hız değişimleri moleküler saatlerin doğruluğunu etkileyebilir.
- Bu nedenle moleküler saatlerden elde edilen tarihler, kullanılan genetik veriler, fosil kalibrasyonları ve evrimsel modeller dikkate alınarak yorumlanmalıdır.
- Moleküler ve fosil kanıtların birlikte değerlendirilmesi, evrimsel zaman çizelgesinin daha kapsamlı biçimde oluşturulmasına yardımcı olur.

İZLE

Yaşam Ağacına Bakışımız Yeni Verilerle Değişir

Bi Dünya Biyoloji

- Yeni moleküler veriler, canlıların evrimsel ilişkilerine ilişkin daha önceki görüşlerin yeniden değerlendirilmesini sağlayabilir.
- Özellikle DNA dizilerinin karşılaştırılması, yaşam ağacının çok eski dalları hakkında önemli bilgiler ortaya koymaktadır.
- Günümüzde kullanılan sınıflandırma sistemleri, yeni genetik kanıtlar elde edildikçe değişebilir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

İki Âlemden Üç Domain Sistemine

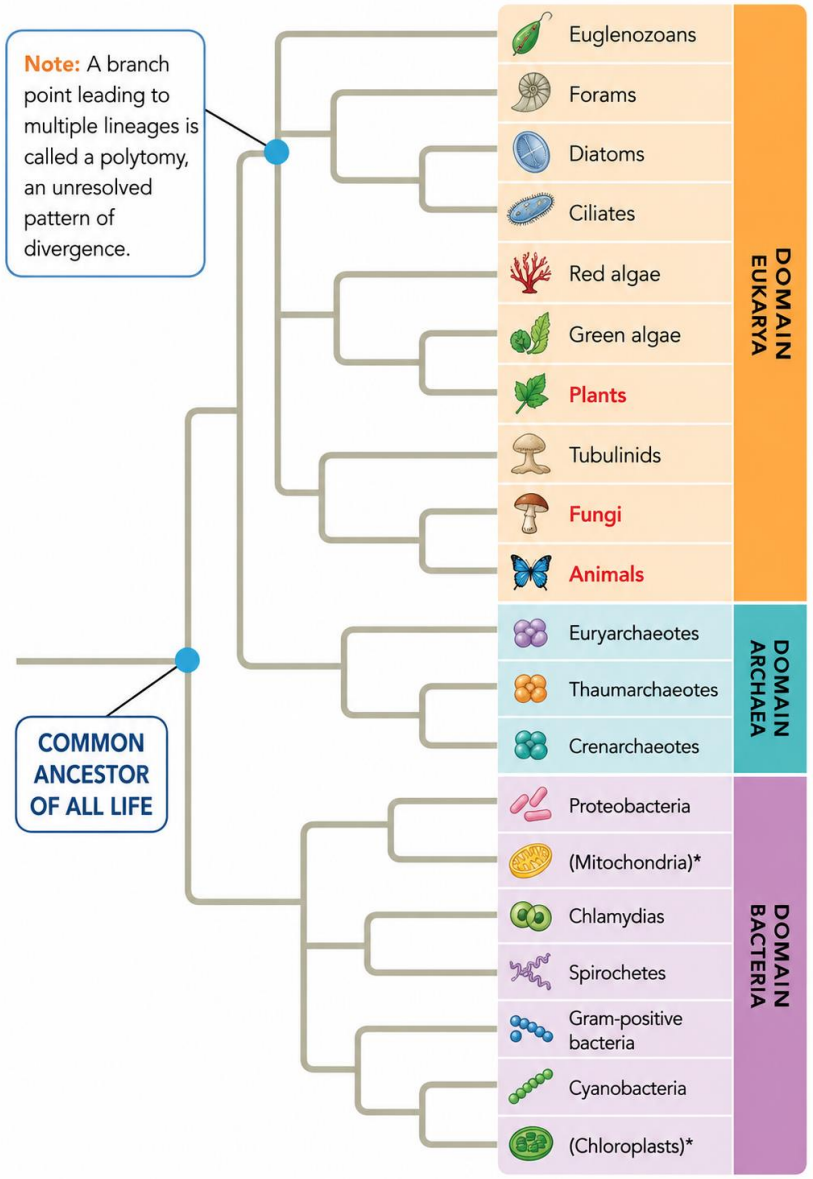
- Canlılar geçmişte temel olarak bitkiler ve hayvanlar olmak üzere iki âlem altında sınıflandırılmıştır.
- Daha sonra prokaryot ve ökaryot hücreler arasındaki temel farklılıklar dikkate alınarak beş âlemli sınıflandırma sistemi yaygınlaşmıştır.
- Genetik veriler, prokaryotların tamamının birbirine yakın akraba olmadığını ve bazı prokaryot gruplarının ökaryotlarla daha yakın ilişkili olduğunu ortaya koymuştur.
- Bu bulgular sonucunda Bacteria, Archaea ve Eukarya olmak üzere üç domainli sistem benimsenmiştir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Üç Domain Sistemi

- Bacteria domaini, çok çeşitli prokaryotik organizmaları kapsar.
- Archaea domaini de prokaryotlardan oluşur ancak Bacteria'dan farklı birçok özellik taşıyan geniş bir organizma grubunu içerir.
- Eukarya domaini, çekirdek içeren tüm organizmaları kapsar ve tek hücreli ökaryotların yanı sıra bitkileri, mantarları ve hayvanları da içerir.
- Yandaki figür, üç domain arasındaki olası filogenetik ilişkileri ve bu domainlerde yer alan başlıca grupları göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Üç Domain Sistemi Beş Âlem Sistemini Nasıl Değiştirdi?

Bi Dünya Biyoloji

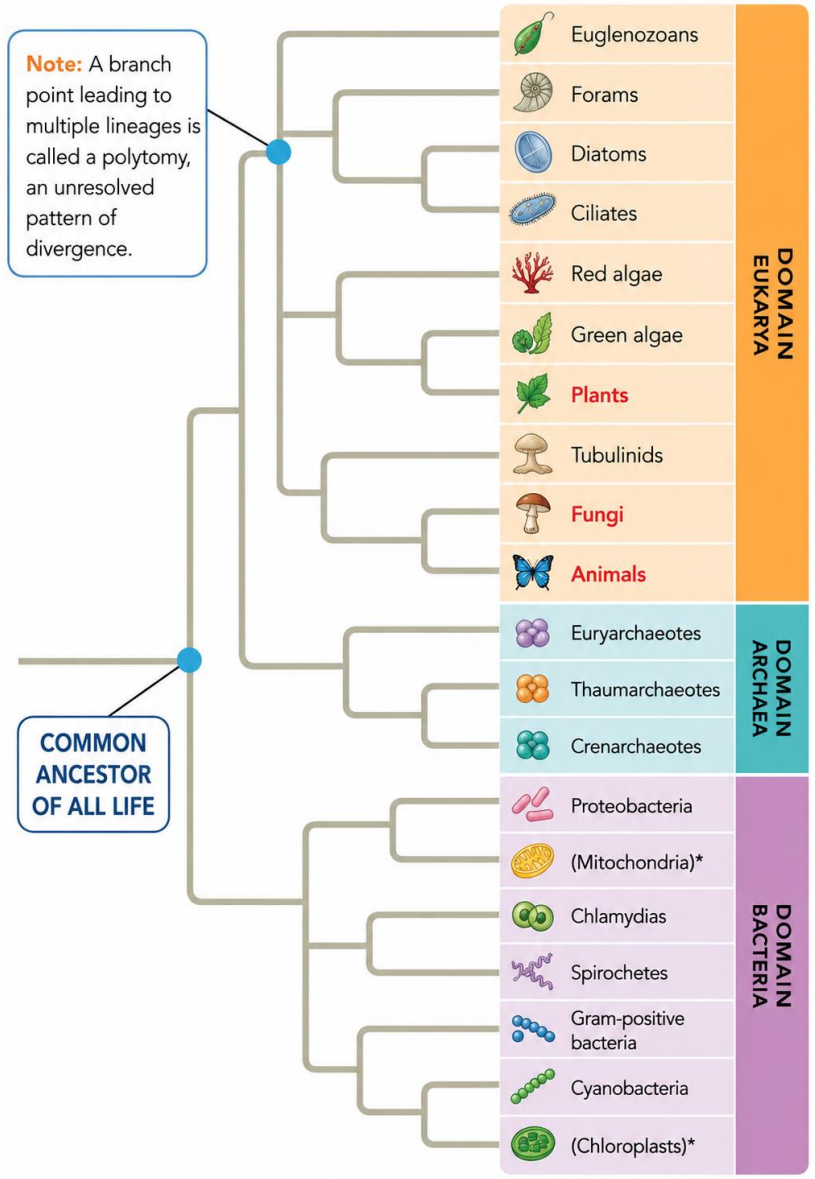
- Üç domainli sınıflandırma, daha önce kullanılan beş âlemin bazı gruplarının evrimsel açıdan aynı düzeyde olmadığını ortaya koymuştur.
- Eski sistemde yer alan Monera grubu, üyelerinin iki farklı domain olan Bacteria ve Archaea içerisinde bulunması nedeniyle tek bir evrimsel grup olarak değerlendirilemez.
- Protista âlemi de birbirinden oldukça farklı ökaryotik soyları bir araya getirdiği için evrimsel açıdan tek bir bütün oluşturmamaktadır.
- Bu nedenle yeni genetik veriler, sınıflandırmanın yalnızca hücresel özelliklere değil, evrimsel ilişkilere de dayanması gerektiğini göstermektedir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Üç Domain İçindeki Büyük Gruplar

- Yandaki figürde Eukarya domaini içerisinde Euglenozoa, foraminiferler, diyatomlar, siliatlar, kırmızı algler, yeşil algler, bitkiler, tübülinidler, mantarlar ve hayvanlar gibi farklı soylar gösterilmektedir.
- Archaea domaininde Euryarchaeota, Thaumarchaeota ve Crenarchaeota gibi başlıca gruplar yer almaktadır.
- Bacteria domaini ise Proteobacteria, klamidyalar, spiroketler, Gram-pozitif bakteriler ve siyanobakteriler gibi çeşitli soyları kapsamaktadır.
- Mitokondri ve kloroplastların kökenleri de bu evrimsel ilişkiler içerisinde bakteriyel soylarla bağlantılı olarak gösterilmektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

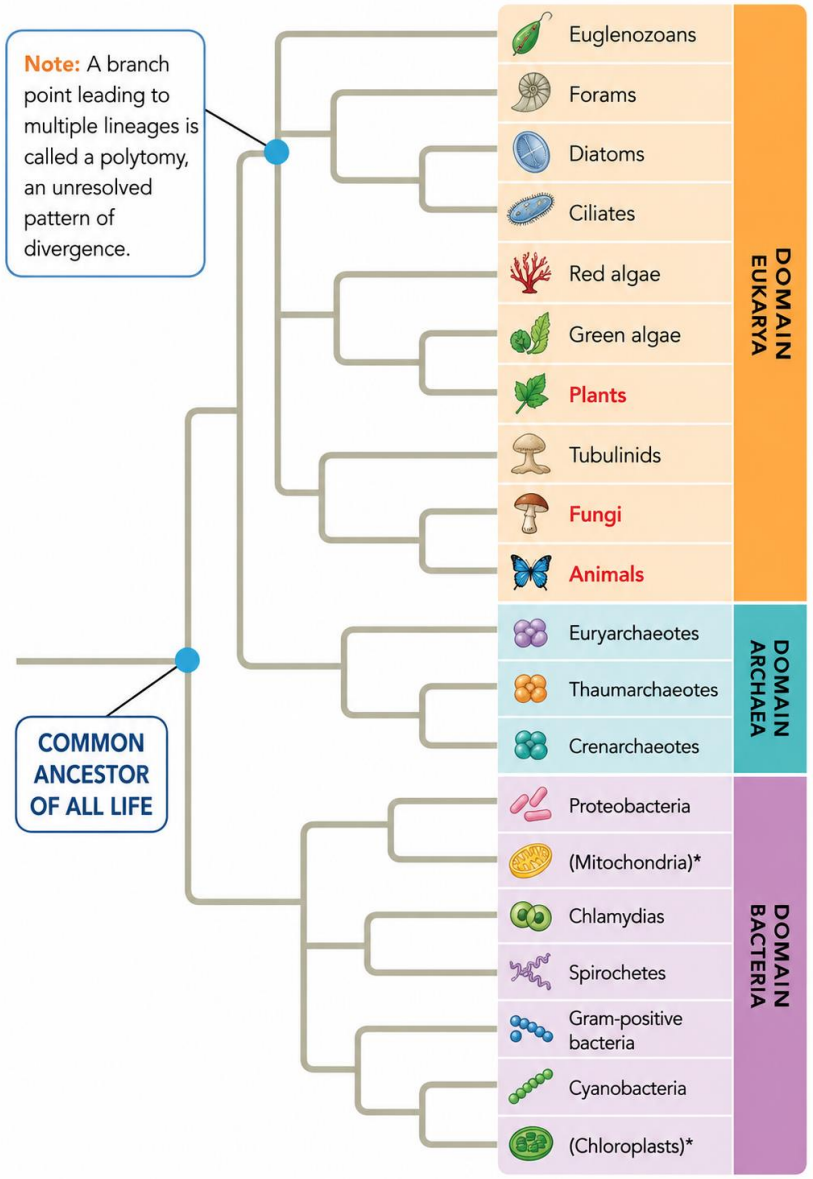
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Ökaryotlar Archaea ile Yakın İlişkili Olabilir

- Yandaki figürde yer alan filogenetik ağaç, Eukarya ile Archaea'nın birbirine Bacteria'dan daha yakın olabileceğini göstermektedir.
- Bu sonuçlar, farklı domainlerdeki organizmaların ribozomal RNA genlerini kodlayan DNA dizilerinin karşılaştırılmasına dayanan çalışmalardan elde edilmiştir.
- Daha kapsamlı genom karşılaştırmaları da ökaryotların Archaea ile bakterilerden daha yakın ilişkili olabileceğini destekleyen sonuçlar sağlamıştır.
- Bu tür bulgular, yaşam ağacındaki çok eski dallanma noktalarının yeniden değerlendirilmesine yol açmaktadır.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Genomlar Arasındaki Beklenmedik Benzerlikler

- Farklı domainlerde bulunan organizmaların tüm genomlarının karşılaştırılması, genlerin organizmalar arasında sanıldığından daha fazla hareket edebildiğini ortaya koymaktadır.
- Bazı genler, bir organizmanın genomunda başka bir domainin üyelerinde bulunan genlere daha fazla benzeyebilir.
- Bu durum, genlerin yalnızca ebeveynden yavruya aktarıldığı dikey gen aktarımı ile açıklanamayabilir.
- Genlerin organizmalar arasında doğrudan aktarılması, yaşam ağacının bazı bölümlerindeki karmaşık örüntülerin açıklanmasına yardımcı olmaktadır.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Yatay Gen Transferi

- Yatay gen transferi, genetik materyalin bir organizmadan başka bir organizmaya, nesiller arasındaki normal aktarımın dışında taşınmasıdır.
- Bu süreç, farklı organizmaların genomlarına yeni genlerin eklenmesine ve daha önce sahip olmadıkları özelliklerin kazanılmasına yol açabilir.
- Yatay gen transferi; transpozonlar, plazmitler, viral enfeksiyonlar ve bazı durumlarda organizmalar arasındaki simbiyotik ilişkiler gibi mekanizmalarla gerçekleşebilir.
- Günümüzde yatay gen transferinin evrimsel tarihte önemli bir rol oynadığı kabul edilmektedir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Yatay Gen Transferi Yaşam Ağacını Karmaşıklaştırır

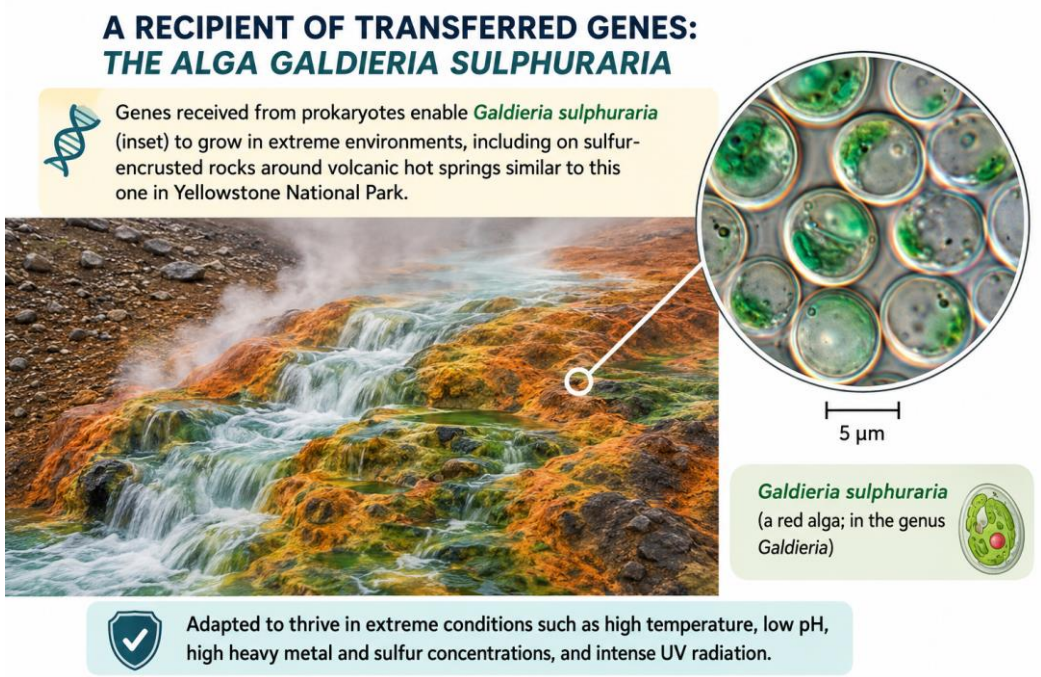
- Geleneksel bir filogenetik ağaç, genlerin temel olarak bir nesilden sonraki nesle dikey olarak aktarıldığı varsayımına dayanır.
- Ancak yatay gen transferi gerçekleştiğinde bir genin evrimsel geçmişi, onu taşıyan organizmanın evrimsel geçmişinden farklı olabilir.
- Örneğin bir bakteride bulunan bir genin başka bir bakteriden yatay olarak aktarılması, yalnızca türlerin ortak atalarına dayanan basit bir soy ilişkisi oluşturmaz.
- Bu nedenle bazı genlerin farklı organizmalardaki dağılımını açıklamak için yatay gen transferinin de dikkate alınması gerekir.

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Ökaryotlarda da Yatay Gen Transferi Görülür

- Yatay gen transferi yalnızca bakteriler ve arkelerde gerçekleşen bir süreç değildir; ökaryotlar arasında da meydana gelebilir.
- Örneğin bazı transpozonların ökaryotik organizmalar arasında yatay olarak aktarıldığına ilişkin kanıtlar bulunmaktadır.
- Bu tür gen transferleri, farklı ökaryotik soyların genomlarında benzer genetik dizilerin ortaya çıkmasına neden olabilir.
- Yandaki figür, gen transferi sonucunda ekstrem koşullarda yaşayabilme özelliği kazanan bir alg örneğini göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

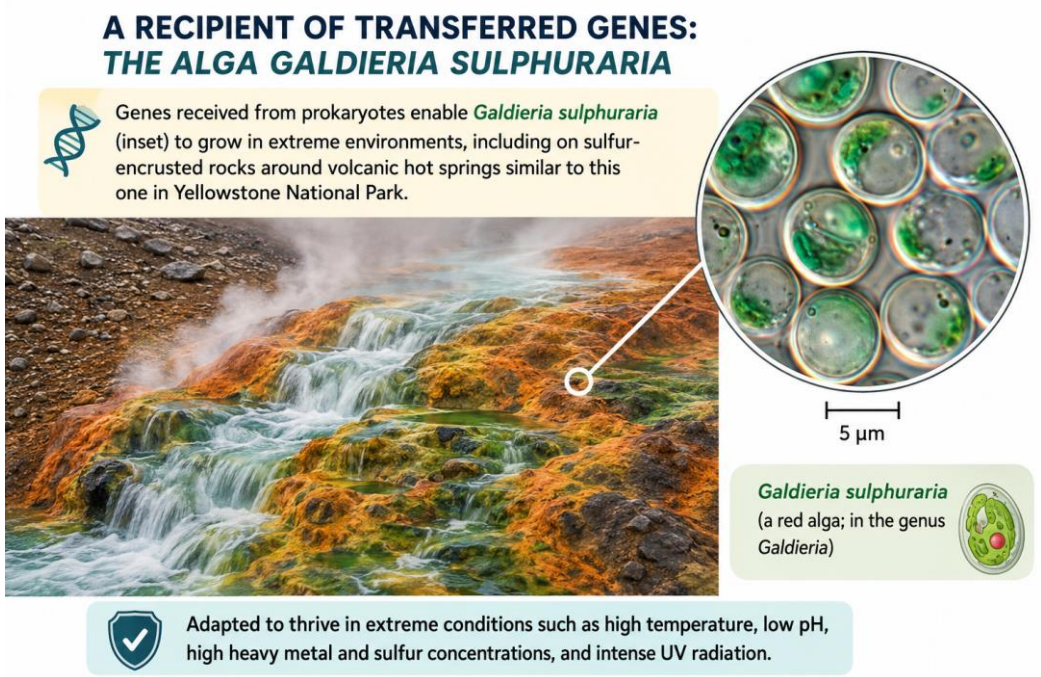
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Bi Dünya Biyoloji

Galdieria sulphuraria ve Gen Transferi

- Kırmızı alg *Galdieria sulphuraria*, yüksek sıcaklık ve yüksek asitlik gibi ekstrem koşullarda yaşayabilmektedir.
- Genom analizleri, bu algın genomunda bakterilerden ve arkealardan gelen bazı genlerin bulunduğunu ortaya koymuştur.
- Bu genlerden bazıları, *G. sulphuraria*'nın aşırı sıcak, asidik ve ağır metal içeren ortamlarda yaşamını sürdürmesine katkı sağlayan özelliklerle ilişkilendirilmiştir.
- Yandaki figür, *G. sulphuraria*'nın Yellowstone Millî Parkı'ndaki sıcak ve asidik ortamını ve alg hücrelerini göstermektedir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

(Campbell Biology, 11. Ed.)

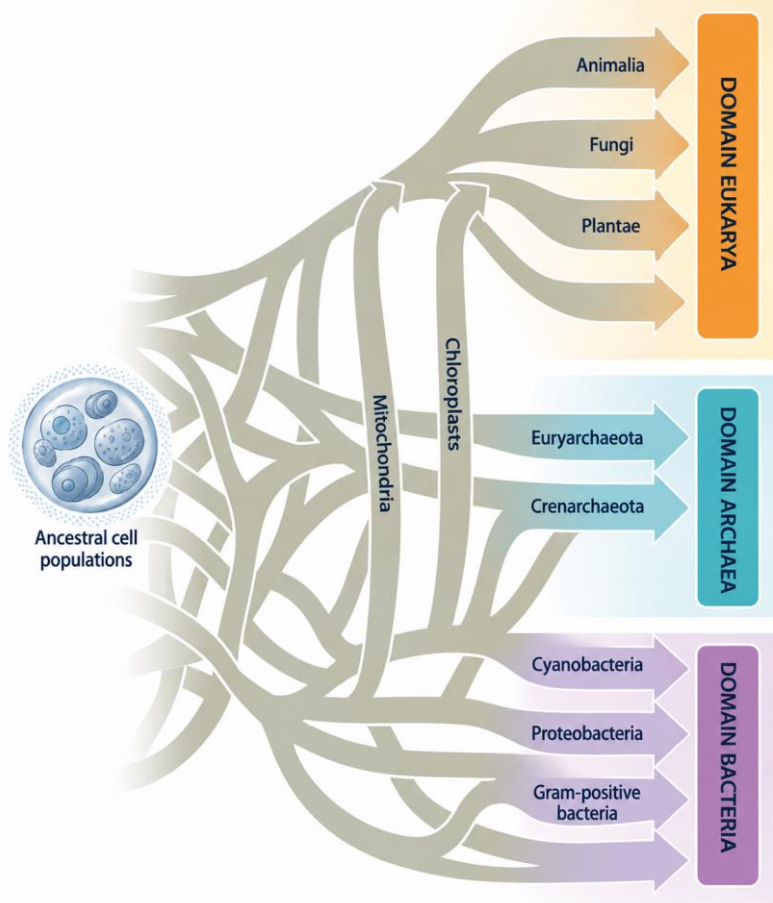
Prof. Dr. Bektaş TEPE

İZLE

Yatay Gen Transferinin Evrimsel Önemi

Bi Dünya Biyoloji

- Yatay gen transferi, yaşamın evrimsel tarihi boyunca genetik özelliklerin farklı organizmalar arasında yayılmasına katkıda bulunmuş olabilir.
- Bu süreç, farklı domainlerde bulunan organizmalar arasında beklenmedik genetik benzerliklerin ortaya çıkmasını açıklayabilir.
- Yatay gen transferinin yaygın olması, yaşamın erken dönemlerini yalnızca dallanarak ayrılan basit bir ağaç biçiminde temsil etmenin bazı durumlarda yetersiz kalabileceğini düşündürmektedir.
- Bu nedenle yeni genomik veriler, yaşam ağacının bazı bölümlerinin dallardan çok genetik alışverişlerin oluşturduğu karmaşık ilişkiler ağı şeklinde değerlendirilmesini gerektirebilir.



Bektaş Tepe
gezimania_tr

Teşekkür ederim

Prof. Dr. Bektaş TEPE

