

YEŞİL DENİZ KAPLUMBAĞASI VE İRİBAŞ DENİZ KAPLUMBAĞASININ KUZEYDOĞU AKDENİZ POPULASYONLARININ GENETİK ANALİZİ

Fatma Nur Oğul^{a*}, Arzu Karahan^a, Damla Beton^b, Ali Fuat Canbolat^d, Bektaş Sönmez^e, Robin Snape^{b,c}, Ahmet E. Kideys^a, Korhan Özkan^a

^aDeniz Bilimleri Enstitüsü, Orta Doğu ve Teknik Üniversitesi, Mersin, Türkiye

^bKuzey Kıbrıs Kaplumbağaları Koruma Cemiyeti, Kyrenia, Kuzey Kıbrıs

^cCentre for Ecology and Conservation, University of Exeter, Penryn Campus, Cornwall, UK

^dBiyoloji Bölümü, Hacettepe Üniversitesi, Ankara, Türkiye

^eBalıkçılık Bölümü, Cumhuriyet Üniversitesi, Sivas, Türkiye

(nur.ogul@ims.metu.edu.tr)

ÖZET

Akdeniz, küresel olarak nesli tehlike altında olan *Chelonia mydas* (yeşil) ve *Caretta caretta* (iribaş) deniz kaplumbağaları için önemli bir üreme ve kışlama alanıdır. Özellikle Türkiye sahilleri yeşil kaplumbağalar için Akdeniz'deki en önemli, iribaş kaplumbağalar için üçüncü önemli yuvalama alanı olarak bilinmektedir. Bu nedenle Doğu Akdeniz kıyılarındaki üreme bölgelerinde bulunan popülasyonların akrabalık ilişkilerini, aralarındaki gen akışını anlamak bu türler için etkili koruma ve yönetim stratejilerini üretmek için son derece önemlidir. Her iki türün de Doğu Akdeniz'deki popülasyonlarının genetik yapısını açığa çıkarmak için ODTÜ Erdemli Kampüsü, Belek, Samandağ ve Kuzey Kıbrıs üreme bölgelerinden 2015 yılı üreme döneminde örneklemeler yapılmıştır. Örnekler yuva kontrol açışlarında bulunan ölü yavrulardan ve 3. evre yumurtalardan alınmıştır. Saha araştırması gerçekleştirilen dört üreme bölgesinde toplam 108 İribaş Kaplumbağa yuvasından 170 birey ve 87 Yeşil Kaplumbağa yuvasından 154 birey örneklenmiştir. Genetik analizler için deniz kaplumbağalarının üreme biyolojileride dikkate alınarak hem mitokondrial DNA (D-loop bölgesi) hem de nüklear DNA (R35 intron) gen bölgeleri seçilmiştir. Bu iki gen bölgesi sayesinde, hem her bir türün Kuzey-Doğu Akdeniz'deki yuvalama alanları arasındaki genetik farklılıklar, hem de tür arasındaki filogenetik yakınlık dereceleri belirlenecektir. Çalışma ile yuvalama alanlarındaki tür içi, popülasyonlar arası ve türler arası çeşitliliğin belirlenmesi amaçlanmakta ve elde edilecek bu verilerin daha etkin koruma çalışmaları için gerekli olan bilgi birikimini sağlaması öngörülmektedir. Bu çalışma hem her iki deniz kaplumbağası türüne hem de *Trionyx triunguis* (Nil kaplumbağası) ev sahipliği yapan ODTÜ Erdemli Kampüsü sahili deniz kaplumbağaları izleme ve koruma çalışmaları kapsamında Kuzey Kıbrıs Kaplumbağaları Koruma Cemiyeti, Hacettepe ve Cumhuriyet Üniversiteleri ortaklığında yürütülmektedir. Sunum da ayrıca 2012 yılından beri yürütülmekte olan bu izleme ve koruma çalışmaları hakkında da bilgi verilecektir.

Anahtar Kelimeler: Nüklear intron R35, *Chelonia mydas*, *Caretta caretta*, Mitokondrial DNA D-loop, Koruma genetiği

GENETIC ANALYSIS OF NORTH-EASTERN MEDITERRANEAN POPULATIONS OF GREEN SEA TURTLE AND LOGGERHEAD SEA TURTLE

Fatma Nur Oğul^{a*}, Arzu Karahan^a, Damla Beton^b, Ali Fuat Canbolat^d, Bektaş Sönmez^e, Robin Snape^{b,c}, Ahmet E. Kıdeys^a, Korhan Özkan^a

^a*Institute of Marine Sciences, Middle East Technical University, Mersin, Turkey*

^b*Society for Protection of Sea Turtles, Kyrenia, North Cyprus*

^c*Centre for Ecology and Conservation, University of Exeter, Penryn Campus, Cornwall, UK*

^d*Biology Department, Hacettepe University, Ankara, Turkey*

^e*Fishery Department, Cumhuriyet University, Sivas, Turkey*

(nur.ogul@ims.metu.edu.tr)

ABSTRACT

Globally threatened species *Chelonia mydas* (Green turtle) and *Caretta caretta* (Loggerhead turtle) nest in the Mediterranean. Beaches in Turkey are recognised as the most important nesting areas for Mediterranean Green turtles and the second most important for Mediterranean Loggerhead turtles. It is important to understand the genetic relationships and gene flow between nesting populations along the Northeastern Mediterranean in order to determine efficient conservation and management strategies. To achieve this, we sampled from dead and live hatchling turtles and late embryos obtained during nest excavations from the nesting beaches of Erdemli, Belek, Samandağ and North Cyprus. From the sampling areas 170 individuals from 108 Loggerhead nests and 154 individuals from 87 Green turtle nests were sampled in total during the 2015-nesting season. The mitochondrial D-loop and nuclear intron R35 finger protein were chosen as markers, considering the reproductive biology of both species. By means of these two markers, it is possible to compare nesting populations in the Northeastern Mediterranean and indicate phylogenetic relations between the two species. Thus, intraspecific, interspecific and inter nesting population diversity can be defined regardless of the number of individuals along the nesting beaches leading to more effective conservation studies. This study is carried out through monitoring and conservation studies by the METU Institute of Marine Sciences at the Erdemli Campus beach host nesting of both species in addition of *Trionyx triunguis* (Nile softshell turtle) in collaboration with the North Cyprus Society for Protection of Turtles, Hacettepe and Cumhuriyet Universities. More information will be given about this study conducted since 2012.

Keywords: *Caretta caretta*, *Chelonia mydas*, conservation, genetic, mitochondrial DNA D-loop, nuclear intron R35