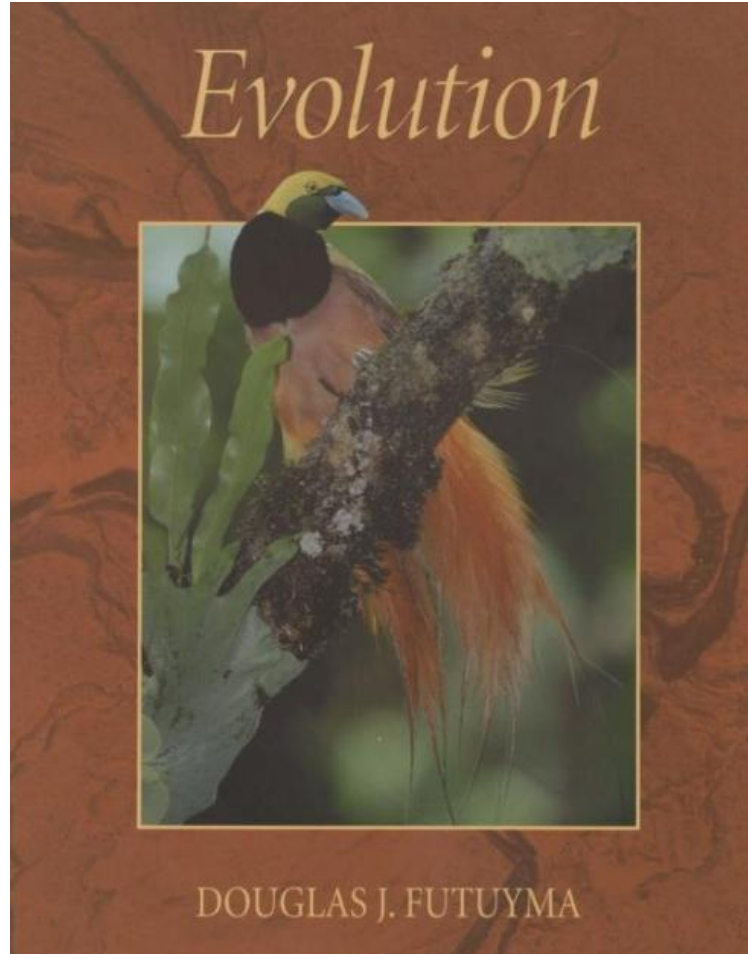


# Evrin

## Ders-2



# Bölüm 2-Özet

## Yaşam Ağacı:

## Sınıflandırma ve Filogeni

1. Bir filogeni, türlerin ya da diğer taksonların ortak atalarından ardışık olarak kök aldığı sürecin tarihidir. Her dalın çıktığı noktanın, atasal türün iki soy hattına bölünmesini temsil ettiği filogenetik bir ağaç olarak gösterilebilir. Yakın akraba türler, uzak akraba olan türlere göre daha yakın geçmişte yaşamış atalara sahiptirler. Belirli bir ortak atadan türeyen bir grup tür, monofiletik bir gruptur; filogenetik bir ağaç, iç içe geçmiş monofiletik gruplarla tanımlanır. Taksonların özelliklerinden hesaplanan filogenetik ağaçlar evrimsel ilişkileri temsil eder ve evrimin bir çok yanının analizi için bir çerçeve sağlar.
2. Canlılar arasındaki genel benzerlik, filogenetik ilişkilerin en iyi göstergesi değildir. İki tür birbirine, üçüncü bir tür farklılaşırken atasal özellik durumlarını korudukları için, iki türde de bağımsız olarak benzer özellik durumları (homoplasi) evrimleştiği için, ya da ortak atalarında evrimleşen türemiş özellik durumlarını paylaştıkları için üçüncü bir türden daha yakın olabilir. Yalnız eşsiz olan türemiş karakter durumları filogenetik ilişkinin kanıtıdır. O nedenle monofiletik bir grup, grup üyelerinin paylaştığı eşsiz olarak türemiş karakter durumlarıyla belirlenir.
3. Filogenetik ilişkiler, soy hatlarında farklı evrim hızlarıyla ve homoplasiyle karartılabilir. Bu yanıltıcı özelliklere karşı filogenetik ilişkileri belirlemek için çeşitli yöntemler kullanılır. En yalın ve yeğlenmesi yöntemi sık sık kullanılan bir yöntemdir. Buna göre filogeninin en doğru kestirimi, türler arasındaki farkları açıklamak için en az sayıda değişikliği varsaymamızı gerektiren ağaçtır. Diğer yöntemler bazen daha güvenilirdir.
4. Filogenetik bir ağaç, evrimsel ilişkiler hakkında bir açıklamadır ve bütün bilimsel açıklamalar gibi bir hipotezdir. Farklı özellikler gibi yeni veriler desteklediği zaman bu hipotezlerin geçerliliğine güvenimiz artar. Bir çok takson arasındaki filogenetik ilişkiler hakkında belirsizlikler sürmekle birlikte bir çok iyi desteklenen filogeni de vardır.
5. Hem morfolojik hem de moleküler veriler filogenetik analizlerde kullanılır. DNA dizilerinin evrim hızları oldukça sabittir (moleküler bir saate neden olur), öyle ki farklı soy hatlarındaki diziler kabaca sabit bir hızla farklılaşır. Dizi evriminin mutlak hızı, eğer bazı soy hatlarının taşınanları biliniyorsa ayarlanabilir. Bu hız daha sonra, diğer taksonların kökenleri gibi bazı evrimsel olayların mutlak tarihlerini kestirmede kullanılabilir.
6. Evrimsel süreçler filogenetik ilişkilerin belirlenmesini güçleştirebilir. Örneğin, DNA dizisinin aynı konumundaki ardışık baz çifti değişimlerinde olduğu gibi paylaşılan türemiş özellik durumları sonra devam eden evrim tarafından silinebilir. Eğer, kısa bir süre içinde ortak bir atadan çok sayıda soy hattı çıkmışsa, aralarındaki ilişkiler çözülmemiş olabilir, çünkü ardışık çatallanma olayları arasında paylaşılan özellik durumlarının evrimi için yeterli zaman yoktur. Farklı türlerden genlerin (DNA dizileri) doğru olarak hesaplanan bir filogenisi türlerin kendi filogenilerinden farklı olabilir. Yeterli miktardaki veriyle, bu güçlükler aşılabılır.
7. Eğer bazı türler değişik ortak atasal türlerin melezlenmesiyle ortaya çıktıysa ya da farklı soy hatları arasında bazı genlerin yatay gen aktarımı gerçekleştiyse, bir filogeni yalnız dallanma deseninden daha fazlasını dikkate alınmalıdır. Eğer farklı genler farklı şekilde çatallanan filogeniler veriyorsa, böyle olaylardan kuşkulabiliriz.

# Bölüm 2

## Yaşam Ağacı:Sınıflandırma ve Filogeni

2 milyar yıl önce

-endosimbiont hipotezi

Çok hücreli dünyanın gelişmesi

-bir hat bitkileri

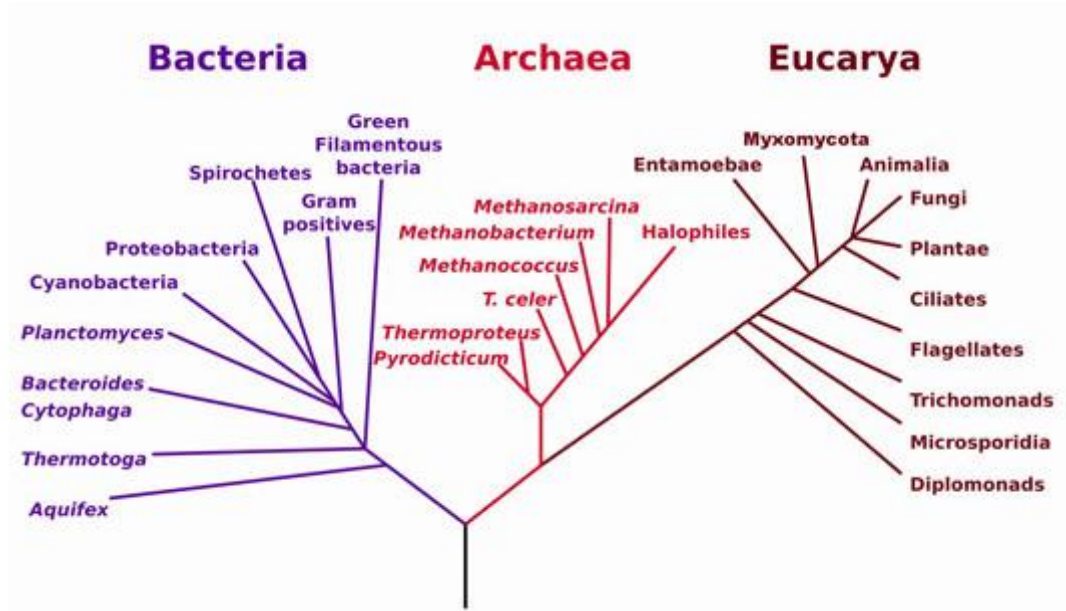
-diğer hat mantar ve hayvanları

600milyon-1 milyar yıl önce

Tek hayvan türü 2'ye bölünerek

-derisidikenlilere

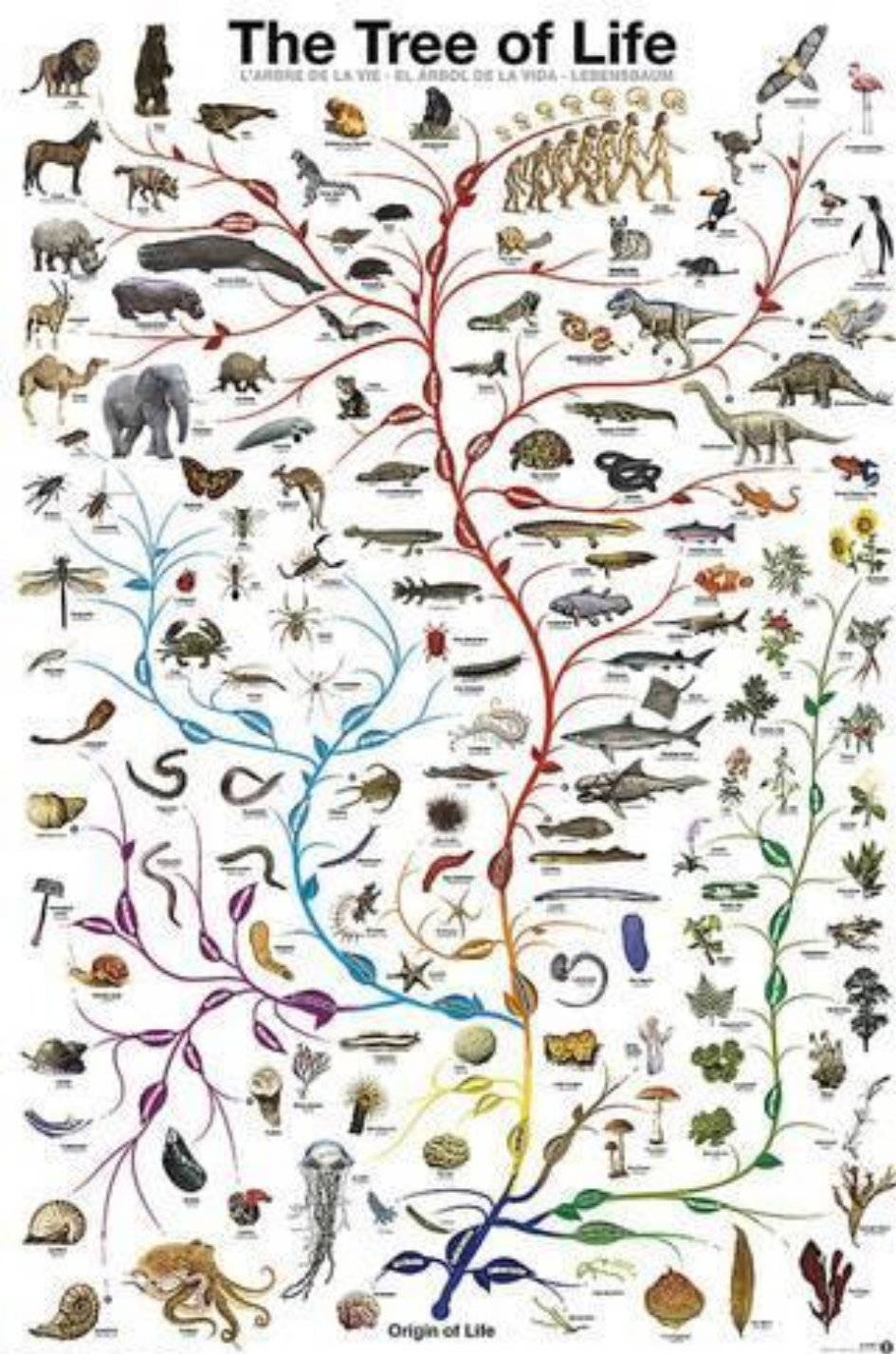
-kordalılara (omurgalılar)



Erken omurgalıların çoğu balıktı. Bunlardan biri tetrapodaya Yani dört ayaklılara dönüştü. İlk karasal dört bacaklı 150 milyon yıl sonra bazı türer memeli, 125 milyon yıl sonra ise bunlardan Bazıları ağaçlarda yaşamaya uyum sağlamış primatlara evrimleşti. 14 milyon yıl önce böyle bir insansı biri Asya diğeri ise Afrika soyuna evrimleşti. Ve insana doğru bir evrim başlamıştı.

# The Tree of Life

L'ARBRE DE LA VIE - EL ARBOL DE LA VIDA - LEBENSBAUM



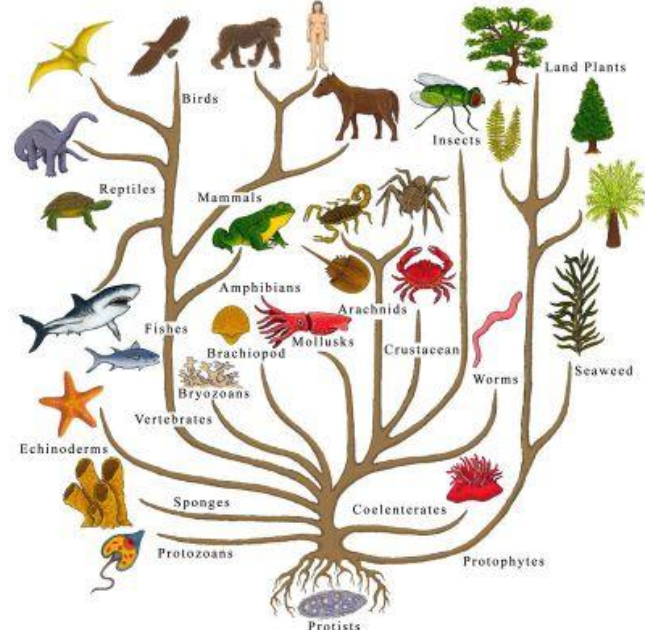
## Bölüm 2-Filogeni

Güncel olarak insan türünün Yaşam ağacındaki filizlendiği bazı dallar hakkındaki en iyi anlayış budur. Milyonlarca yıl süren bu çatallanmalar sonucunda tek kökten türemiş milyonlarca tür vardır

### Filogenetik

Yaşam ağacını

- Yeniden oluşturmak
- Yeniden kurmak



# Bölüm 2

## Sınıflandırma

Sınıflandırma: **KUTU2A**  
Carolus Lineus (1707-78)  
**İkili Adlandırma**  
**Taksonomik Kategoriler**  
*Alem-filum-sınıf-takım-*  
*Cins-tür*

*Kutu 2A dikkatlice okuyun*

İsimplendirme kuralları

Revizyon

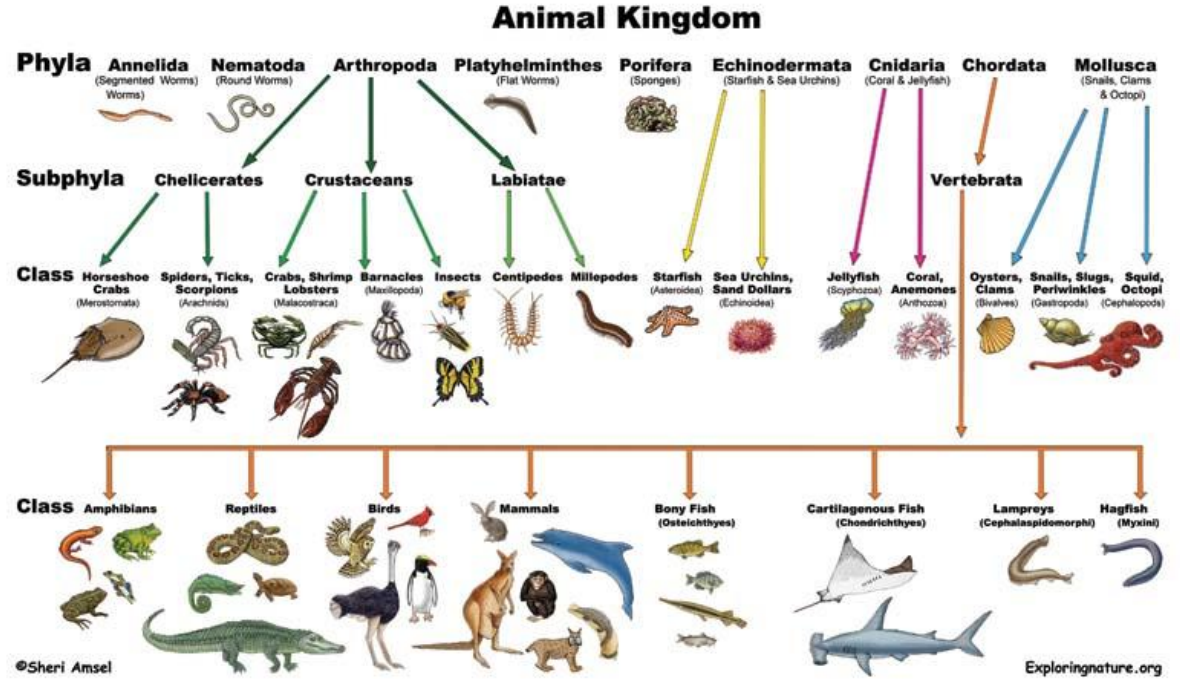
Epitet (türe özgü isim)

Bitki ve hayvan için özgü

Öncelik kuralı (en eski)

Sinonim-Homonim

Holotip-Paratip



*Musca domestica*  
*Apis mellifera*  
*Cedrus libani*  
*Pinus nigra*

# Bölüm 2

---

## Darwin'in sınıflandırma hakkındaki düşüncelerinin şiirsel anlatımı

Aynı sınıftaki tüm varlıkların ilişkileri bazen büyük bir ağaca benzetilebilir. Bu benzetmenin büyük ölçüde gerçeği yansıttığına inanıyorum. Yeşil ve tomucuklanan sürgünler günümüzde var olan türleri temsil edebilir ve önceki yıllarda oluşanlar ise birbirini izleyen uzun yok olmuş türler listesini sergileyebilir. Her büyüme döneminde, tıpkı yaşam için büyük savaşta, tür ya da tür gruplarının diğer türlere üstünlük sağladığı gibi gelişen her sürgün her yöne dallanmaya ve çevresindeki diğer sürgünleri ve dalları geçmeye ve onları öldürmeye çalışır. Ana gövdeden çıkan dallar büyük dallara ayrılır, ve bu dallar daha küçük dalları oluşturur. Bunların kendileri, bir zamanlar, ağaç gençken tomurcuklanan sürgünlerdir; ve önceki ve şimdiki dalların arasındaki bu bağlantı, dalların çatalanmasıyla grupların altında ikincil grupların oluşturduğu yaşayan ve yok olmuş tüm türlerin sınıflandırılmasını yansıtabilir. Ağaç sadece bir çalıdan ibaretken gelişen bir çok sürgünden, yalnız iki ya da üçü şimdi, yaşayan ve küçük dalları taşıyan ana dallar haline gelmiştir; bu nedenle geçmişteki uzun jeolojik devirlerde yaşamış olan pek çok türden pek azı bugün yaşayan ve değişikliğe uğramış soylar bırakmıştır. Ağacın ilk büyüme evrelerinden bir çok ana dal ve yan dallar çürümüş ve düşmüştür; ve bu düşmüş olan çeşitli büyüklükteki dallar, bugün yaşayan hiçbir örneği olmayan ve yalnız taşıl olarak bildiğimiz bütün takımları, familyaları, cinsleri temsil eder. Orda burda, şans eseri olarak korunmuş ve bir ağacın üzerinde hala yaşayan ve ağacın alt çatalından çıkan yolundan sapmış ince bir dal gördüğümüz gibi, ara sıra korunmuş bir bölgede yaşadığı için ölümcül çekişmeden kurtulmuş olduğu anlaşılan ve yaşam ağacının iki büyük dalı ile yakınlıkları nedeniyle az bir düzeyde bağlantılı bulunan Ornitorhyncus ya da Lepidosiren\* gibi bir hayvan görürüz. Sürgünler geliştikçe nasıl yeni sürgünler veriyorsa, bunlar, eğer güçlüyse her yönden dallanıp daha zayıf bir dala üstünlük sağlar, üreme yolu ile yeryüzünü kırık ve ölü dallarıyla dolduran ve yüzeyi sürekli dallalanarak harika filizlerle örten büyük yaşam ağacının böyle olduğuna inanıyorum.

# Bölüm 2

## Filogenetik Geçmişi Çıkarsamak

Benzerlik ve ortak atadan gelme:

Karakterler: bu örnekte 0-1 olarak

*Monomorfik*: tek soydan gelen

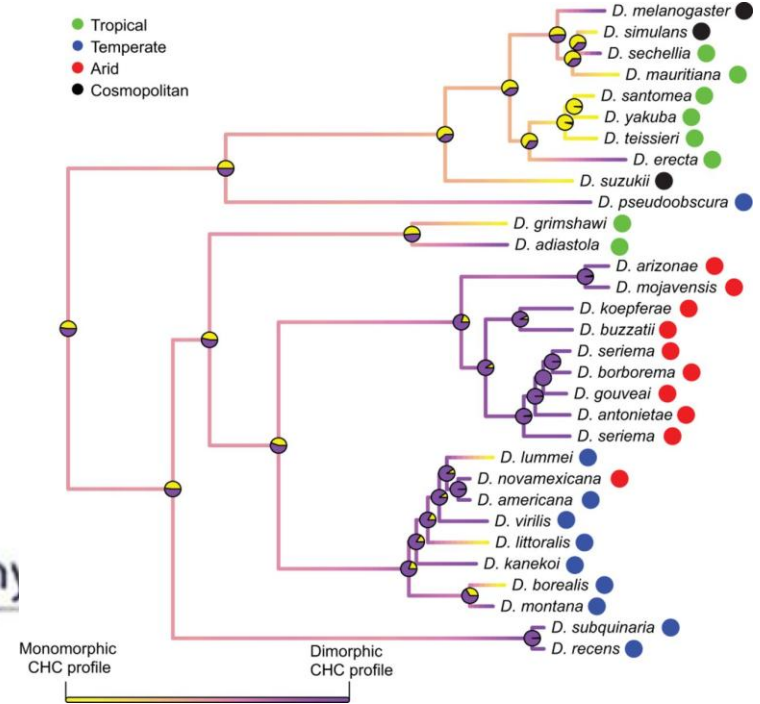
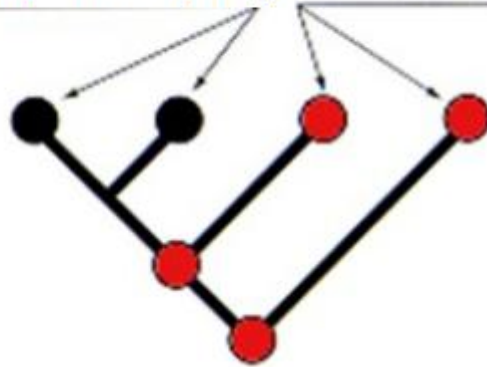
Atasal=Plesiomorfik

Türemiş=Apomorfik

paylaşılanlar sinapomorfiler olarak bilinir

Synapomorphy Plesiomorphy

- ancestral
- derived



# Bölüm 2

Filogeniyi bulmada güçlükler  
3 farklı durumda (A, B ve C)  
değişim

A=evrim hızı soy hatlarında  
eşit ancak böyle olması gerekmez.  
B=Ata3 ve tür 2 arasındaki evrim  
çok daha hızlı aynı zamanda Tür1  
ve Tür3 daha yakın (g1,h1,i1,j1)  
ancak gerçekte Tür2 ve Tür3 daha  
yakın akraba

**Otapomorfi: sadece tek hatta  
bağlı özellikler**

C=3 homoplazik özellik  
görülmemektedir (özelliğin 2 ya da  
daha fazla kere bağımsız  
evrimleşmiş)

## synapomorphy

*shared*

*derived*

*character*

## autapomorphy

*uniquely*

*derived*

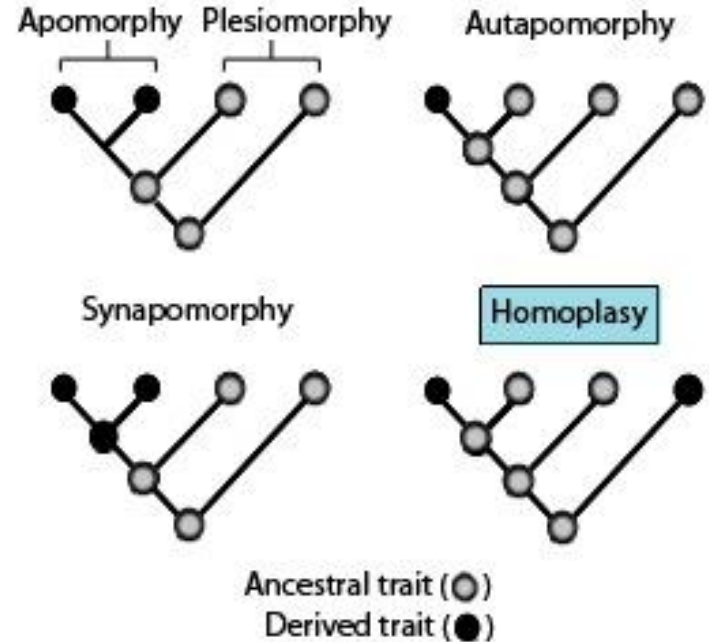
*character*

## symplesiomorphy

*shared*

*ancestral*

*character*





# Bölüm 2

Homoplazik karakterler: farklı zamanlarda bağımsız olarak türemiş olan karakterler filogeni hakkında yanıltıcı kanıt verir.

Willi Hennig: taksonlar benzerdir

1-türemiş, 2-atasal, 3-homoplasi göstermeleri ve tek bir kez türemiş özelliklerden dolayı iç içe monofiletik gruplar için kanıt sağlar

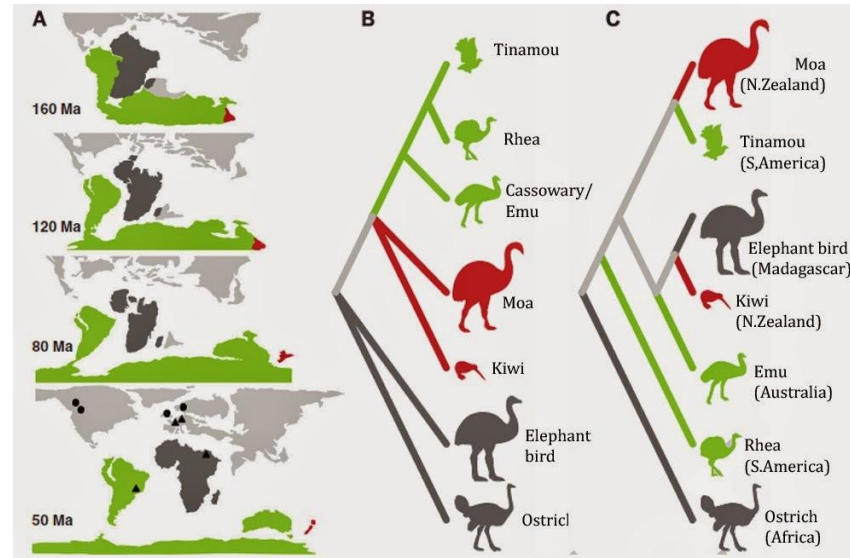
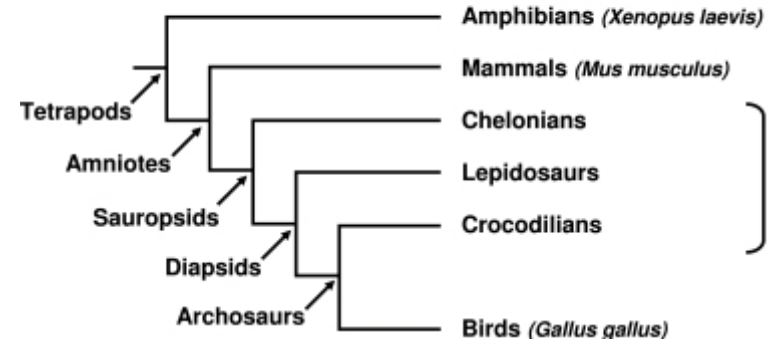
Şekil 2-5'te tetrapod, amniyon ve telek evrimi gösterilmektedir. Gerçekten bu böyle midir?

Hennig tek bir kez türemiş olan türemiş özellikler monofiletik grubu tanımladığını söyler ama

1-hangi durum türemiş durumdur

2-türemiş mi yoksa homoplasi midir?

Bu eski verilere dayalı bizim tarafımızdan belirlenir (Fosiller)



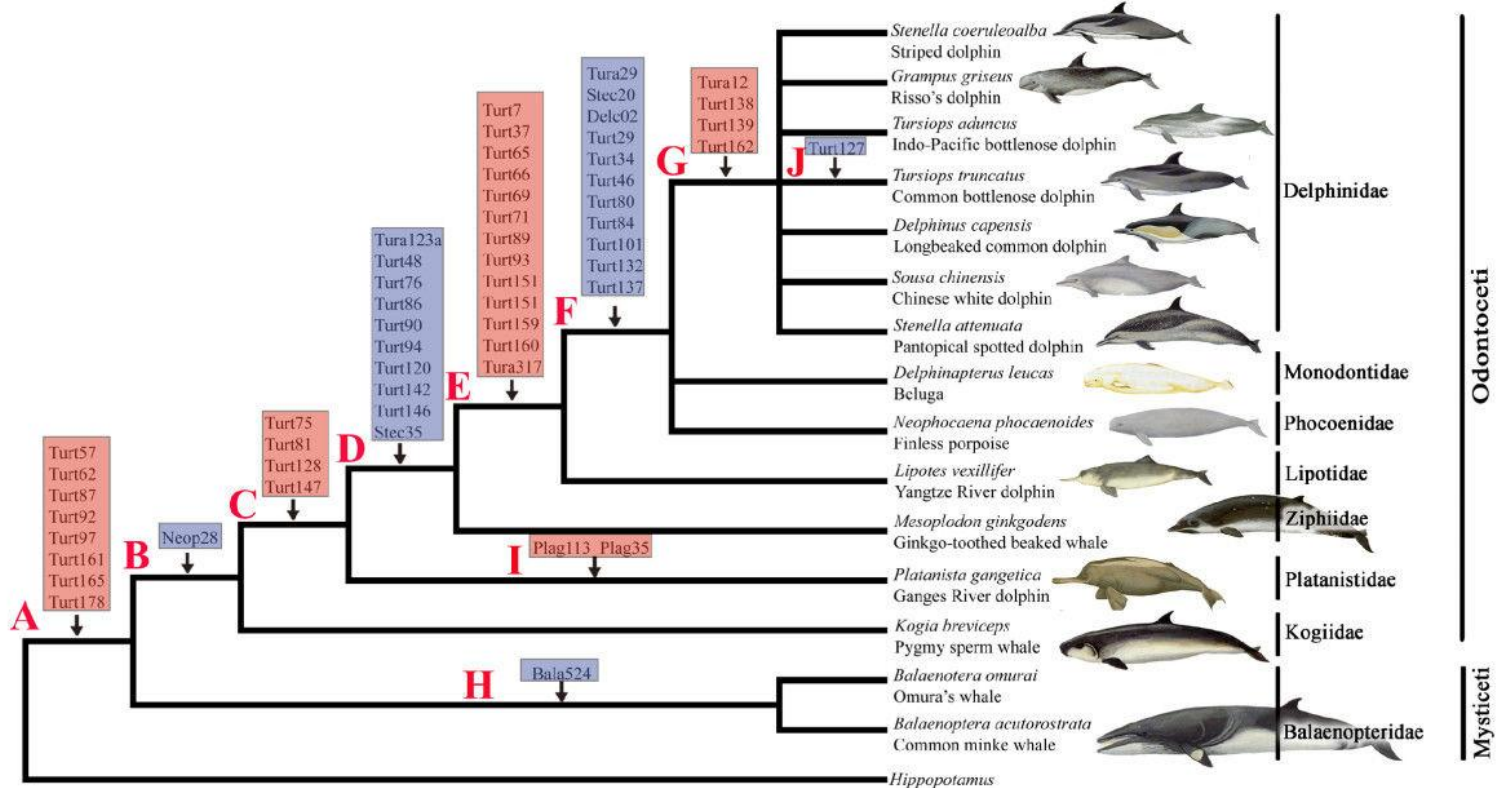
# Bölüm 2

## En yalının yeğlenmesi ilkesi

En iyi filogenetik ilişki en az sayıda homoplasik (iki ya da daha fazla bağımsız türemiş) değişim gerektirdiğini varsayar

A- hipotetik filogenide  
2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 ve 9  
homoplasiktir

B- Kabul edilen filogenide  
Sadece 1 nolu karakter  
homoplasiktir

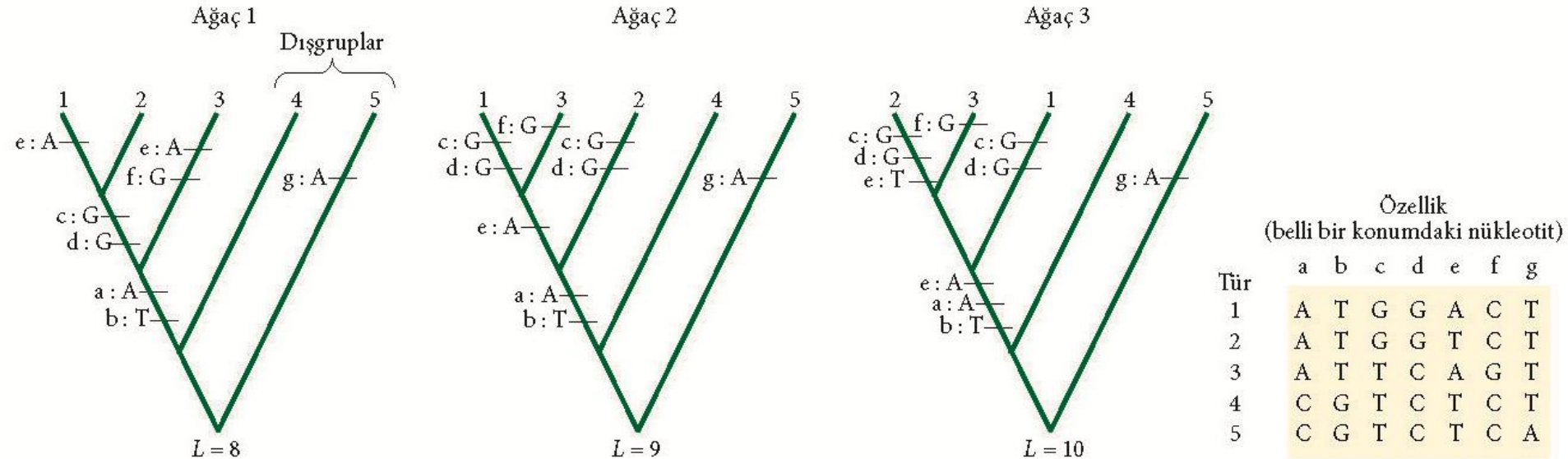


# Bölüm 2

## En yalının yeğlenmesi ilkesi

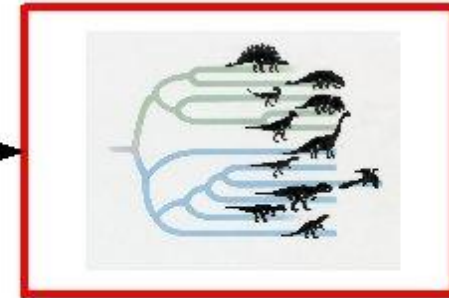
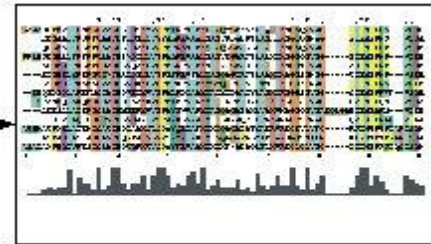
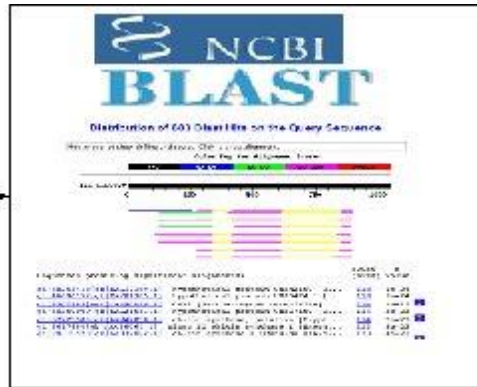
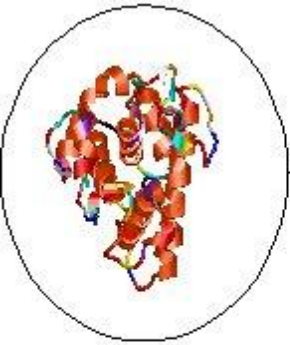
Örnek: 1., 2. ve 3. insansı türler, 4. kemirgen ve 5. tür kanguru olduğunu varsayalım. 1-2-3 monofiletik, 4-5 dış grup

*“bu çok sıkıcı işlemler tipik olarak daha çok tür ve çok daha fazla özellik içeren gerçek filogenetik analizler söz konusu olunca bilgisayar programları ile yapılır”*



# Bölüm 2

## Diğer filogenetik yöntemler



New Protein

Homology-Search

Alignment

Phylogenetic Tree

# Bölüm 2

## Bir filogenetik analiz örneği

Uzun kollu maymunlar

-Hylobatidae

İnsan ailesi

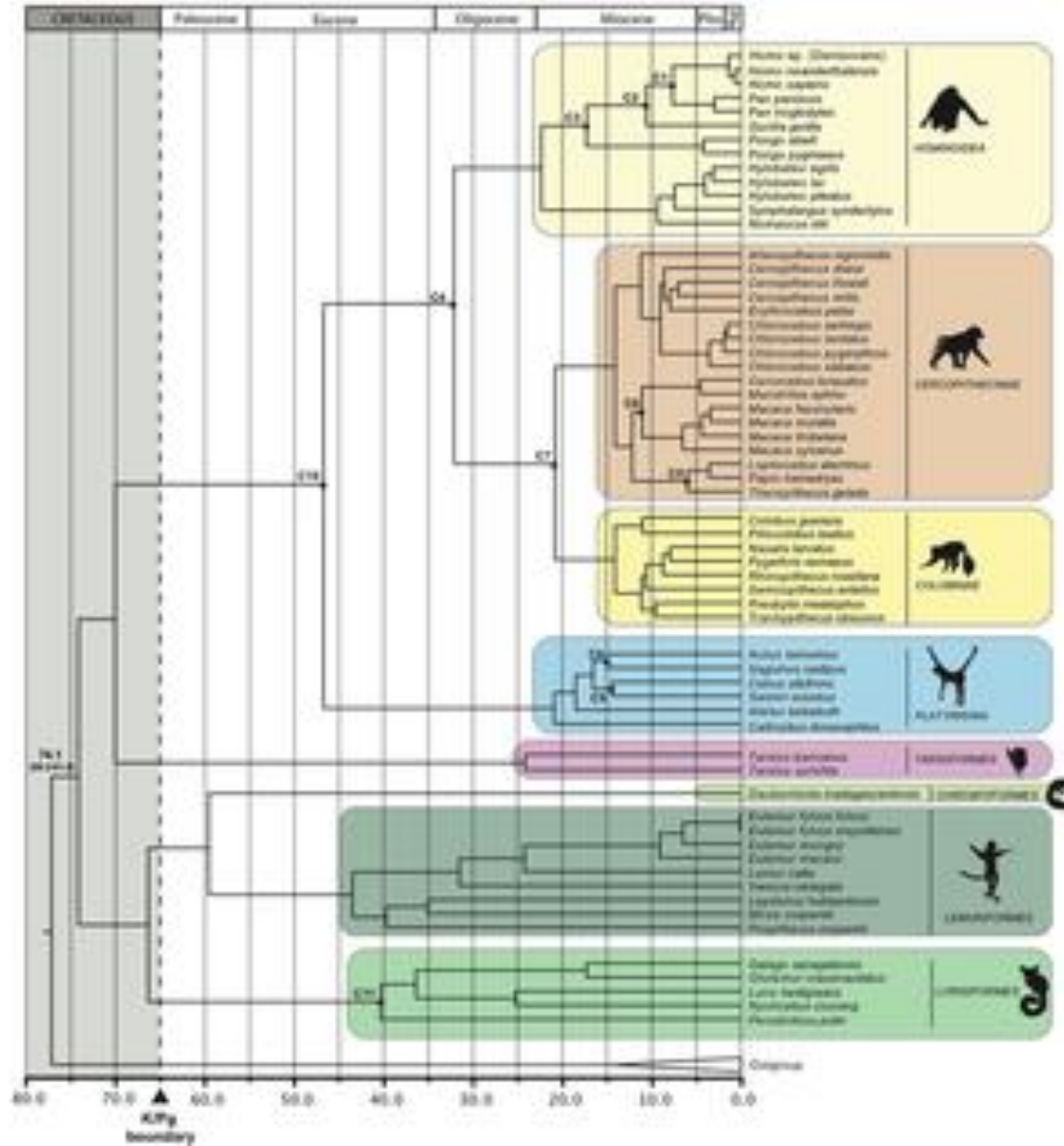
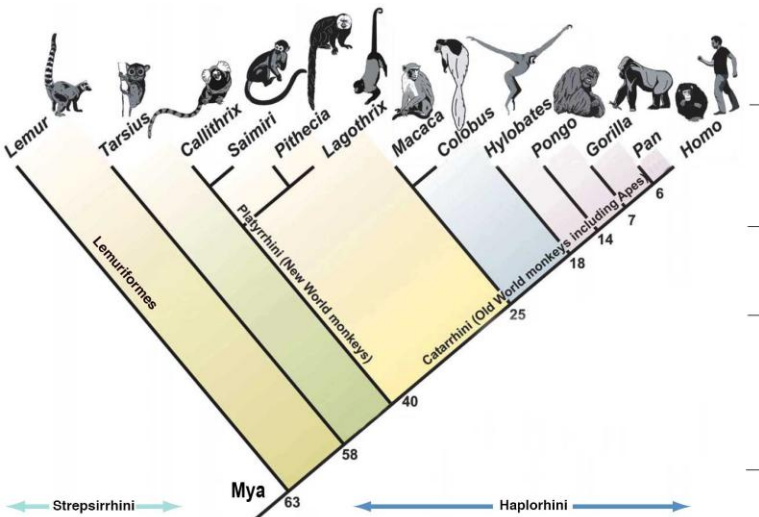
-Hominidae

Gerçek maymunlar

-Pongidae (*Pongo pygmeus*, *Gorilla gorilla* ve *Pan*)

10,000 baz

Hemoglobin sözdegeni



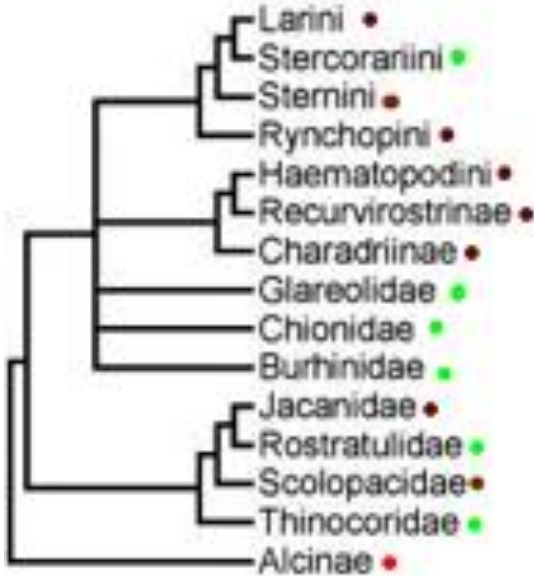
# Bölüm 2

## Filogenetik hipotezlerin değerlendirilmesi

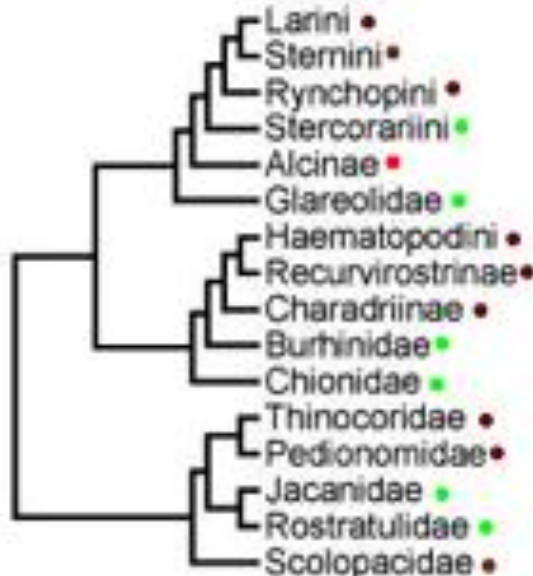
Filogenetik analizlerimizin geçerliliğine nasıl karar vereceğiz?  
-elde edilen soy ağacı geçici kabul edilen bir filogenetik hipotezdir

***Filogenetik bir hipotezi doğrulamanın başlıca yolu, onun bağımsız veriler ile ilişkili olup olmadığını görmektir***

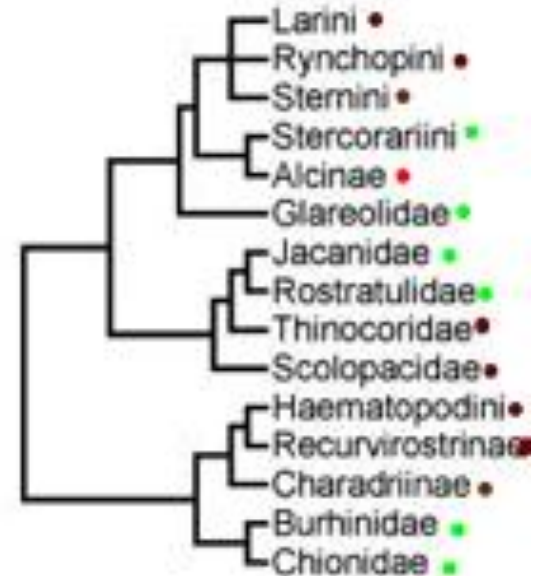
Örneğin Morfolojik veriler: yandaki örnekte omurgalı taksonları arasındaki filogenetik ilişkiler DNA ile benzerdir.



a) Morphology



b) DNA-DNA hybridisation

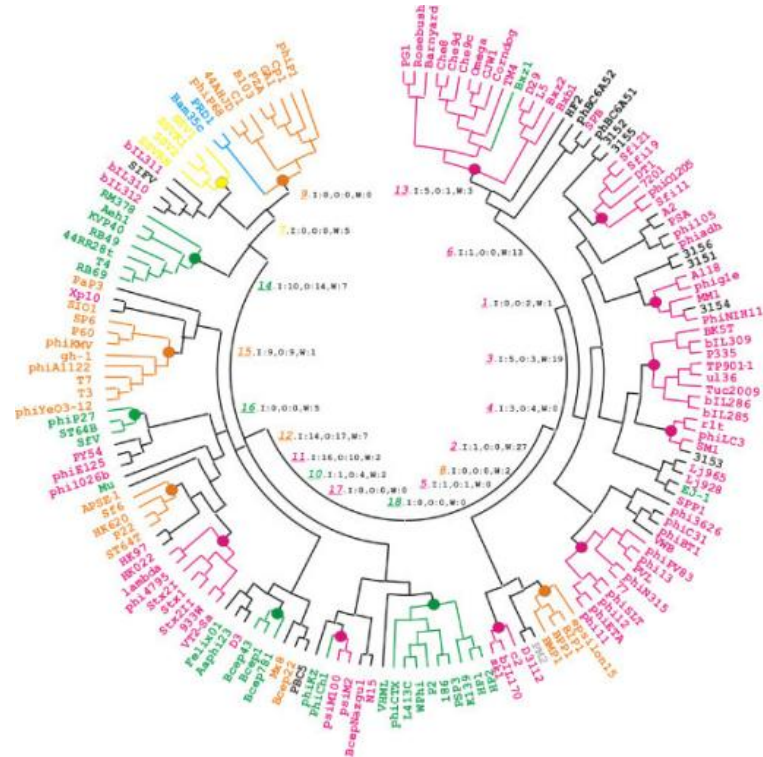
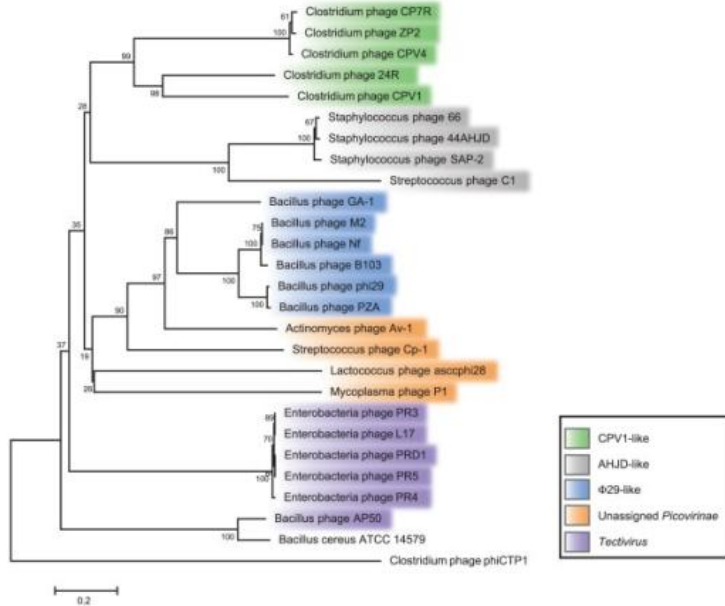


c) New molecular data

# Bölüm 2

## Filogenetik geçerliliğin bilinen filogenilere uygulanması

T17 bakterifajının soyhatlarını ardı ardına bölerek yaklaşık 300 nesil boyunca bunlarda DNA dizi farklılıklarının birikmesine neden olan mutasyon oluşturan bir kimyasala maruz bırakıp meydana gelen 8 soydaki dizi farklılıklarını belirledi ve filogenetik analizini yaptı



# Bölüm 2

## Moleküler Saatler

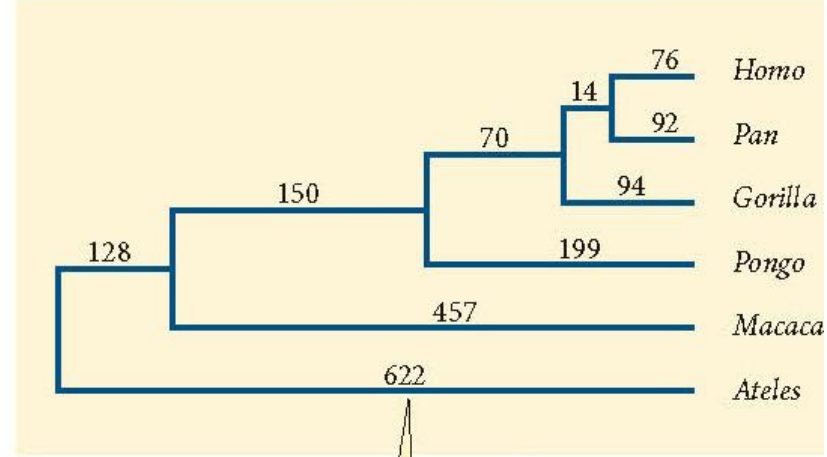
DNA dizilerinin sabit bir hızda evrimleşmesi kavramı morfolojik özellikler için doğru değildir.

*Homo-Macaca* ortak ata=76+14+70+150=310

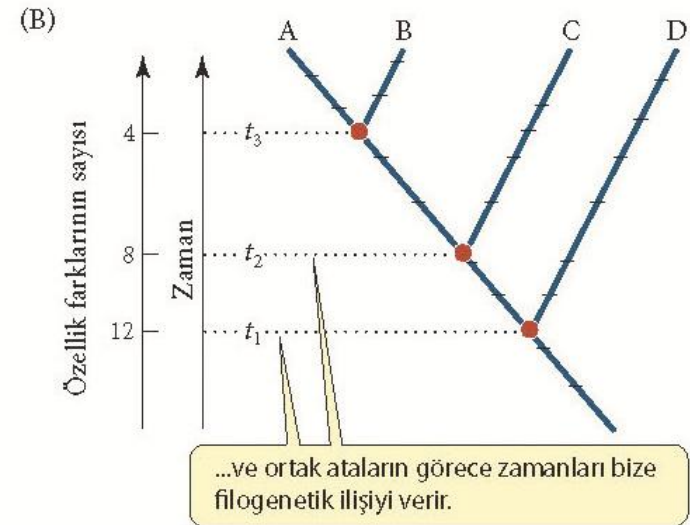
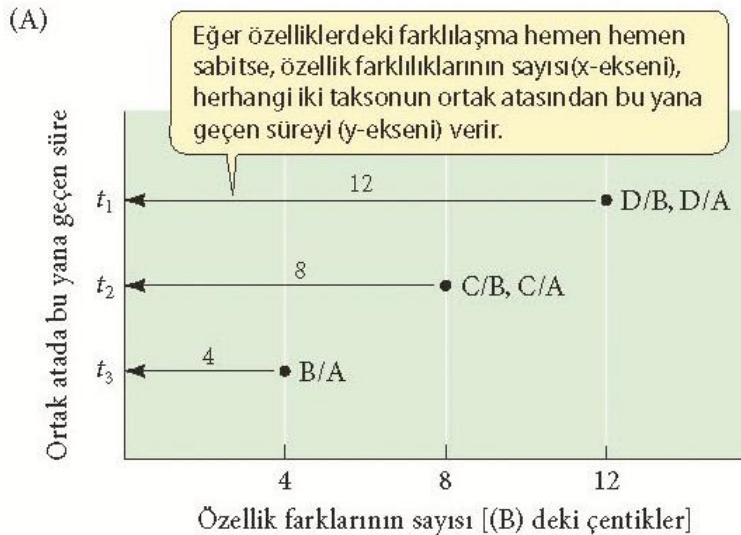
*Macaca-Homo* ortak ata=457

Ortalama=(310+457)/2=385

Milyon yılda değişim=385/10000/25 =  $1.53 \times 10^{-3}$



Sayılar, en yalın soyağacını oluşturan olası en az nükleotit yerleştirmelerini veriyor





# Bölüm 2

## Moleküler Saatler

$$D=2rt$$

$D$ , baz çifti farklılığı oranı

$r$ , baz çifti başına milyon yıldaki ayılma hızı

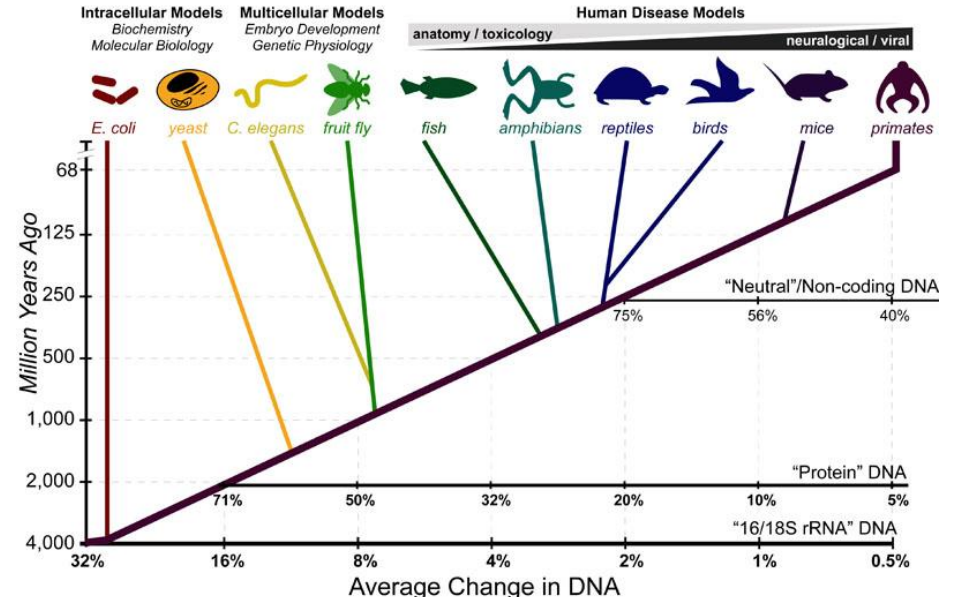
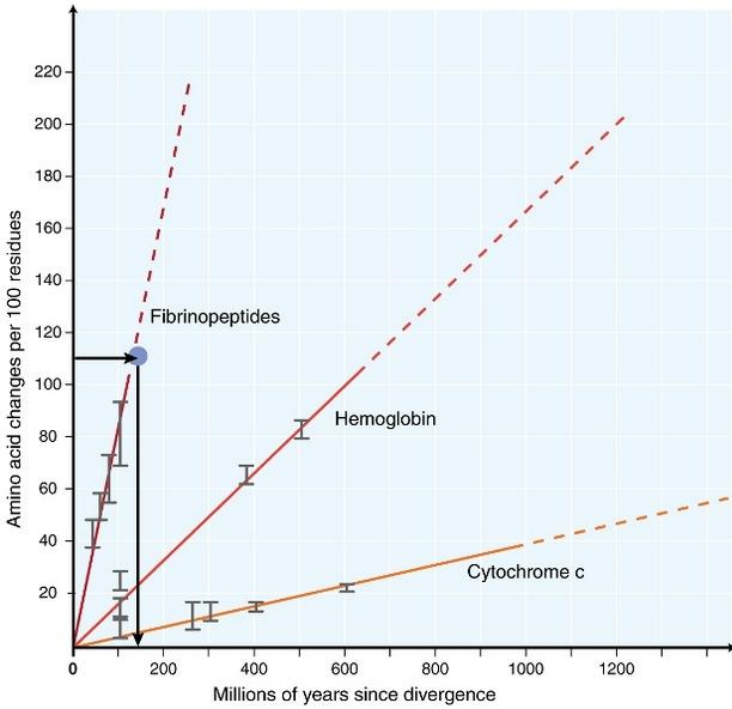
$t$ , türlerin ortak atadan bu yana geçen zaman

ve 2 iki farklı soy hattı

$$D=0.00256 \text{ ve } r=0.001534$$

ise

$$t=D/2r = 8,3 \text{ milyon yıldır}$$



# Bölüm 2

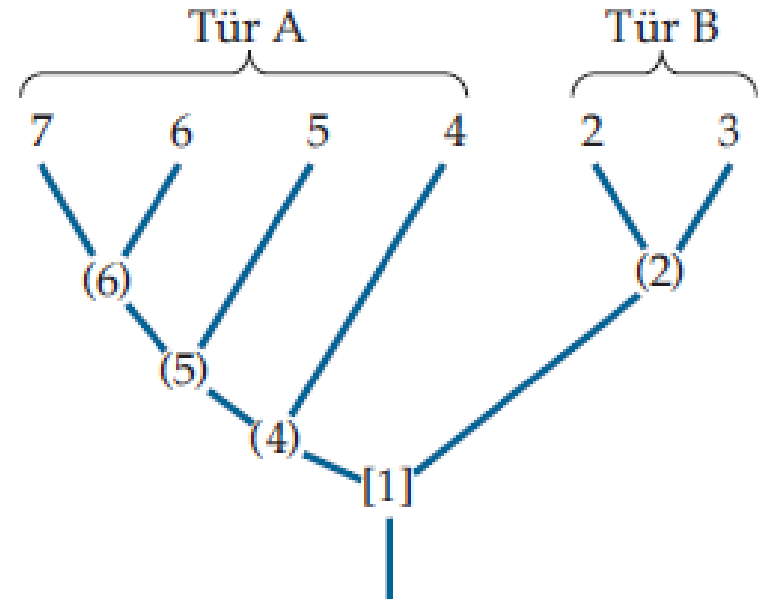
## Gen Ağaçları

Şimdiye kadar yaptığımız filogenetik analizlerde türlerin arasındaki ilişkiler ortaya çıkarmaya çalıştık. Aynı şekilde tek bir genin dizileri (haplotip) arasındaki tarihsel ilişkileri de ortaya koyabiliriz.

**Köksüz Gen Ağacı:** tam olarak kimin atasal olduğunu bilmediğimizden köksüz ağaç oluştururuz.

Haplotip	Konumlar														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3	A	T	A	C	T	A	T	A	T	G	T	T	G	C	C
2	A	T	A	C	T	A	C	A	T	G	T	T	G	C	C
1	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	G	C	C
4	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	A	C	C
5	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	A	C	T
6	A	T	A	C	T	G	C	A	C	G	T	T	A	C	T
7	A	T	G	C	T	G	C	A	C	G	T	T	A	C	T

7—6—5—4—1—2—3



# Bölüm 2

## Filogenetik analizde sorunlar

---

- 1. Özellikleri ölçmek zordur:** Birçok farklı karakter söz konusudur. Örneğin memelilerde diş yapısına (2 kesici, 1 köpek, 3 küçük azı, 4 büyük azı) göre bazıları gruptaştırabilir ama karınca yiyen gibi dişsiz bir memelide bu tek özellik kaybı mı yoksa 4 farklılık (diş) mı yoksa 10 farklı diş olarak mı kabul edilmelidir? Aynı durum DNA dizilerinde de bulunmaktadır.
- 2. Homoplasi çok yaygındır:** Bir çok farklı ağaç meydana gelebilir bu durumlarda daha fazla veri toplamaya çalışmak önemlidir.

# Bölüm 2

## Filogenetik analizde sorunlar

---

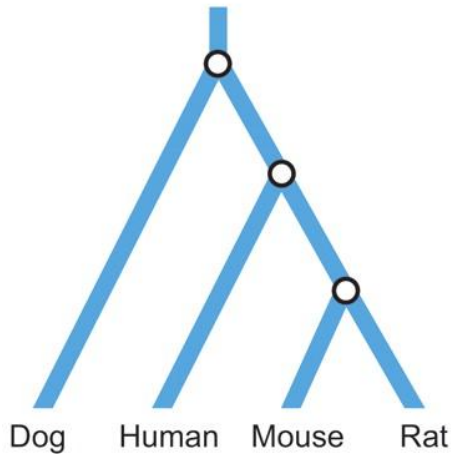
3. Evrim süreci çoğu zaman önceki evrimsel tarihe ait izleri siler. Bir canlıda yararlı olan özellik diğerinde olmayabilir, var olan sinapomorfiler yok olabilir, hızlı ve yavaş evrimleşen diziler olabilir.

4. Bazı soy hatları o kadar hızlı ayrılırlar ki her monofiletik grubun atasının ayırt edici sinapomorfilere evrimleşmesi için çok az fırsat vardır.

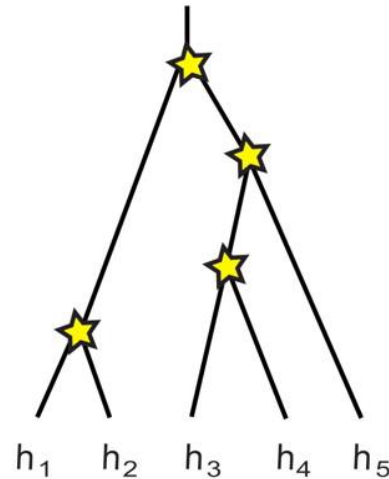
# Bölüm 2

5. Doğru olarak tespit edilen gen ağacı yanlış tür filogenisi anlamına gelebilir. Genetik sürüklenme filogeniyi büyük ölçüde etkileyebilir ve yakın akrabalar bir araya gelemeyebilir

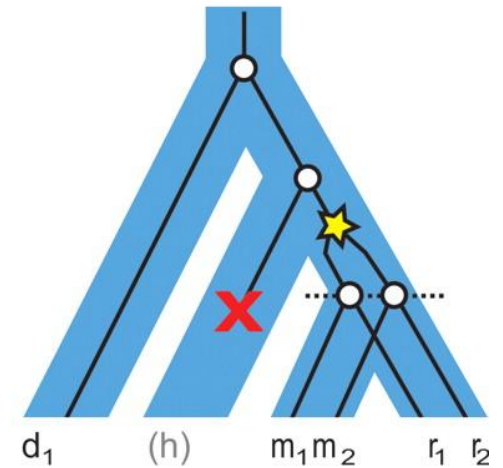
**A** Ortholog Tree



**B** Paralog Tree



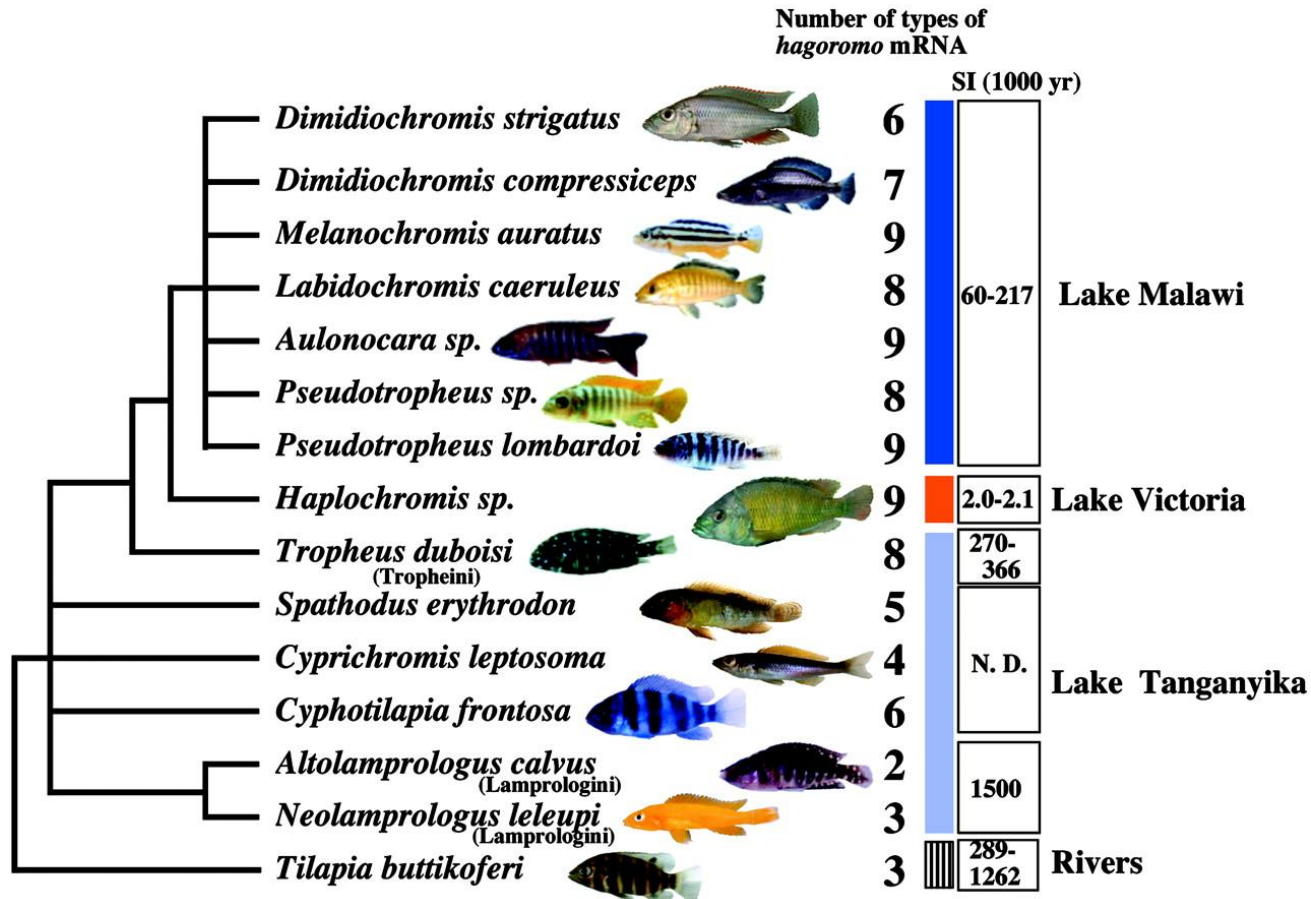
**C** General Gene Tree



# Bölüm 2

## Filogenetik analizde sorunlar

Bu duruma gerçek bir örnek Cichlid balıkları verilebilir. Yandaki filogenetik ağaç incelendiğinde mtDNA haplotiplerine göre ortak türden çeşitli gen hatlarını kalıttığını gösterir.



# Bölüm 2

## Melezleme ve yatay gen aktarımı

---

Birçok bitki ve hayvan türü iki atasal türün melezlenmesiyle ortaya çıkmıştır. Bu tür durumlarda *ağsı filogeni* ortaya çıkabilir.

Farklı genler farklı ağaçlar üretebilir bu durumlar farklı nedenlerden kaynaklanabileceği gibi geçici olarak *ağsı evrimde* denilen *melezlenme yoluyla evrime* birer kanıttır.

# Bölüm 2

---

*Dikey gen aktarımı:* Anne babadan yavrulara aktarım

*Yatay gen aktarımı:* bir türün birkaç genini diğer türün genomuna ekleme

Bir virogen eski dünya maymunlarında ve çok yakın akraba kedi türlerinde bulundu. Bu gen bu kedilerin diğer kedilere olduğundan maymunlara daha yakın olduğu anlamına gelir. Nasıl taşınmış olabilir? Virüsler aracılığı en mantıklı cevaptır. Yatay gen aktarımı bakterilerin evriminde son derece önemlidir.