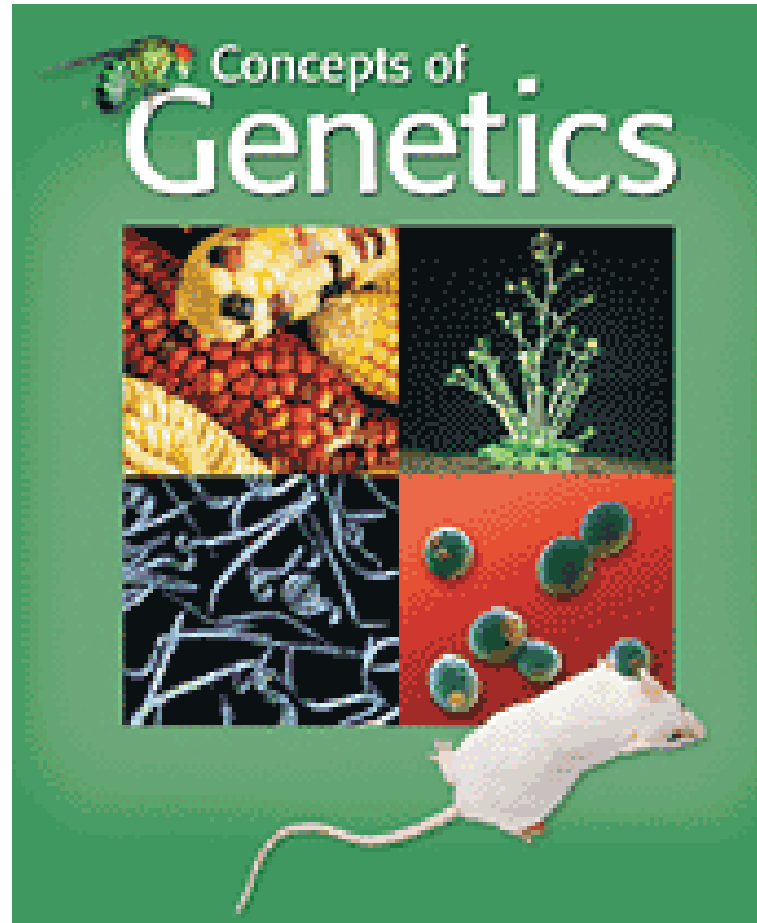


# GENETİK I

## BİY 301

### DERS 12-13



# İçerik

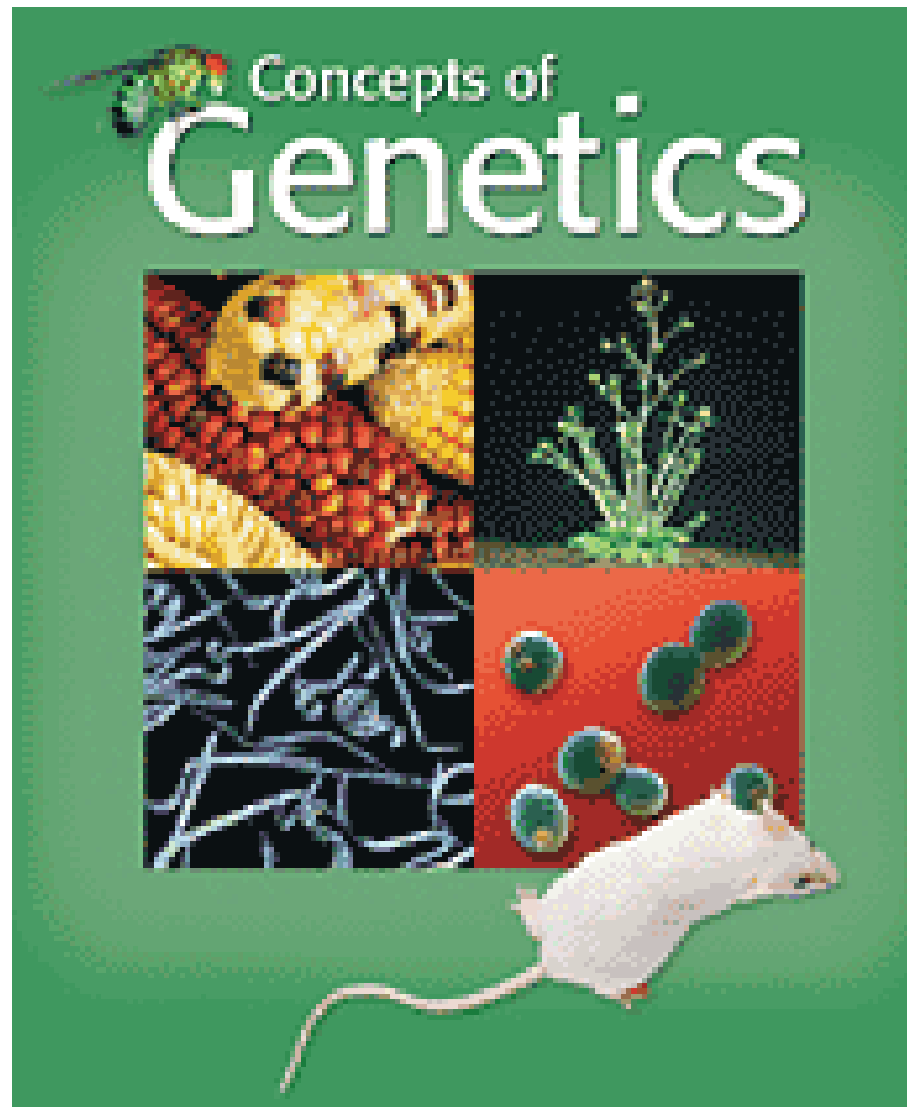
---

- Kısım 1: Genler, Kromozomlar ve Kalıtım
- Kısım 2: DNA-Yapısı, Replikasyonu ve Varyasyonu
- Kısım 3: Genetik bilginin ifadesi ve düzenlenmesi
- Kısım 4: Genomik Analiz
- **Kısım 5: Populasyon ve Organizma Genetiği**

# Kısım 5: Populasyon ve Organizma Genetiği

---

- Bölüm 23: Model Organizmaların Gelişimsel Genetiği
- Bölüm 24: Nicel Genetik ve Çok Faktörlü Özellikler
- Bölüm 25: Populasyon Genetiği
- **Bölüm 26: Evrimsel Genetik**
- Bölüm 27: Koruma Genetiği



**Bölüm 26**  
**Evrimsel Genetik**

# Bölüm 26

## Evrimsel Genetik

---

- 26.1** Türleşme gen havuzlarının deęişimi ya da bölünmesi ile ortaya çıkabilir.
- 26.2** Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir.
- 26.3** Populasyonların genetik yapıları zaman ve yere baęlı olarak deęişiklikler gösterir.
- 26.4** Türleşme evrimsel biyolojinin en önemli konularından birisidir.
- 26.5** Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçilim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir.
- 26.6** Evrimsel geçmişi ortaya çıkarmak için populasyonlar ya da türler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz.
- 26.7** Evrimsel geçmişin ortaya çıkarılması birçok soruya cevap bulmamızı sağlar.

# Bölüm 26

## Evrimsel Genetik

---

- Türleşme gen havuzlarının bölünmesi ya da değişmesi ile meydana gelir.
- Birçok populasyon ve tür önemli oranlarda genetik çeşitlilik gösterir.
- Populasyonların genetik yapıları zaman ve yere bağlı olarak değişiklikler gösterir.
- Tür tanımı evrimsel biyolojinin en önemli konularından birisidir.
- Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçilim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir.
- Populasyonlar ve türler arasındaki genetik farklılıklar evrimsel geçmişin ortaya çıkarılması için kullanılmaktadır.

# Bölüm 26

## Evrimsel Genetik

---

Birbirinden bağımsız olayları inceleyelim

-1986 yılında Florida'da bir dişçinin HIV için pozitif olması ve daha sonra AIDS tespiti ve akabinde bir çok müşterisinin de aynı hastalığa yakalanmaları. Bu hastaların AIDS'e yakalanmalarına doktor mu neden olmuştur yoksa virüsü başka bir yerden mi almışlardır?

-*Homo neanderthalis* ve *Homo sapiens* (300.000-30.000 öncesi)'in eski çağlarda beraber yaşadıklarına dair fosiller mevcuttur. Neandertal ve modern insan arasında hibritleşme oldu mu? Neandertallerin soyundan gelenler oldu mu? Yoksa türleri yok mu oldu?

-Mitokondrilerimizin kendi DNA'sı vardır. İncelendiğinde mtDNA'sı bakteri DNA'sı ile benzerlik gösterir. Acaba mitokondri köken olarak konakçı olarak gelen bakteriden mi almıştır? Yoksa mitokondri genomu çekirdek kromozomlarından mı köken almıştır?

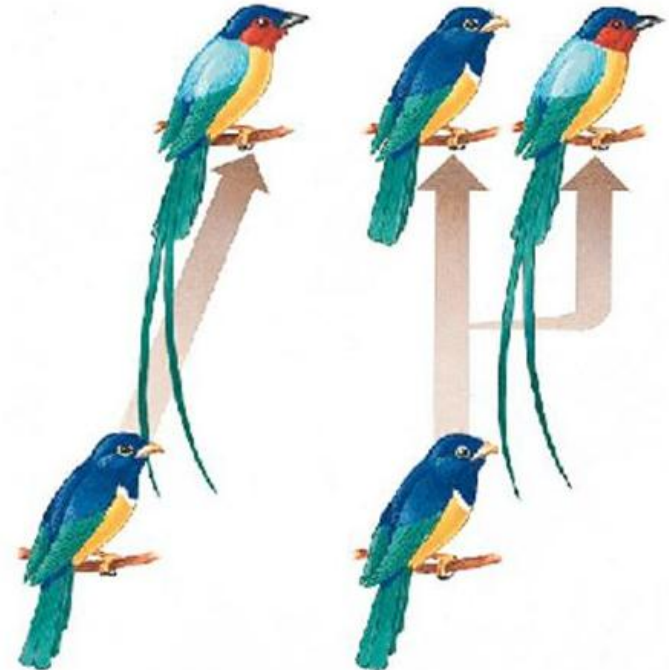
# Tree of Life



## 26.1 Türleşme gen havuzlarının değişimi ya da bölünmesi ile ortaya çıkabilir

### Evrimsel açıdan türler

- durağan (statis) (1. tür)
- filetik-anagenez: sürekli değişim (2.tür)
- kladogenez: tek türden yeni türlerin oluşumu (3 ve 4. tür)





## **26.1 Türleşme gen havuzlarının deęişimi ya da bölünmesi ile ortaya çıkabilir ---DOĞAL SEÇİLİM---**

---

Wallace-Darwin: Doğal seçim en önemli mekanizma:

- 1-**Bir türün bireyleri fenotipik çeşitlilik gösterebilir-örneğin boy, çeviklik, renk, düşmanlara karşı savunma, yiyecek sağlama, kur yapma, eşleşme davranışı, vb.
- 2-**Bu çeşitliliğin çoęu, küçük ve önemsiz gibi görünenleri bile kalıtsaldır ve yeni döllere aktarılır.
- 3-**Organizmalar üssel olarak çoęalma eğilimindedir. Hayatta kalabileceklerinden daha fazla sayıda yavru birey oluşturulur. Bu türün üyelerinin yaşam için mücadele etmesine, kıt kaynaklar için birbirleriyle yarışmasına neden olur. Ayrıca, yavrular yırtıcılardan kaçmak ve eşeyli üreyen türlerde erginler çiftleşme için rekabet etmek zorundadır.
- 4-**Yaşamak için verilen savaşta belirli özellikte fenotipi olan bireyler diğer bireylerden daha başarılıdır ve bu özellik onların hayatta kalmalarına ve daha yüksek oranda üremelerine neden olur

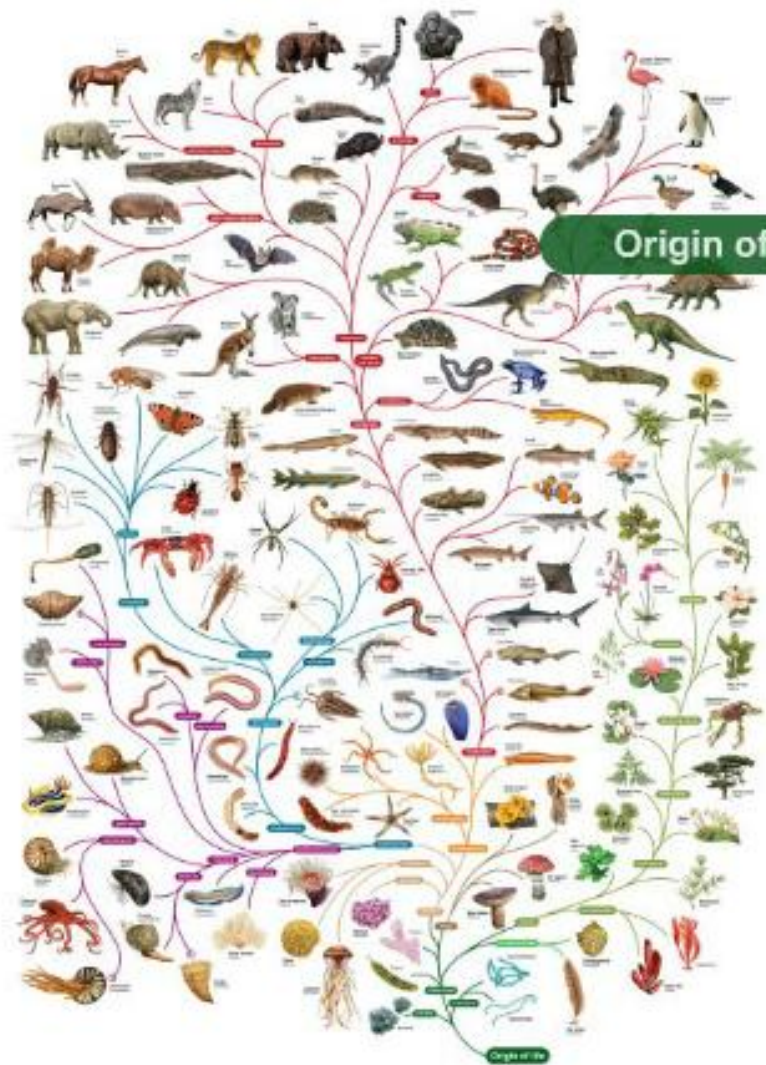


## Introduction

There is plenty of evidence to support the theory of evolution by natural selection, not least the discoveries of genetics. The unity of the genetic code, the DNA instructions that specify the make-up of the proteins that the bodies of organisms are built from, confirms that all life on earth had a common ancestry. Charles Darwin sketched the branches of a tree in one of his notebooks to illustrate the idea that all life forms branched out from a common ancestry. Since then the tree of life image has persisted as an aid to understanding evolution.

However, the analogy has its drawbacks. It reflects an outdated assumption that evolution involves progression from 'primitive' to 'developed', from 'simple' to 'complex' and hence from 'inferior' to 'superior', with the

Search



Key

Origin of life

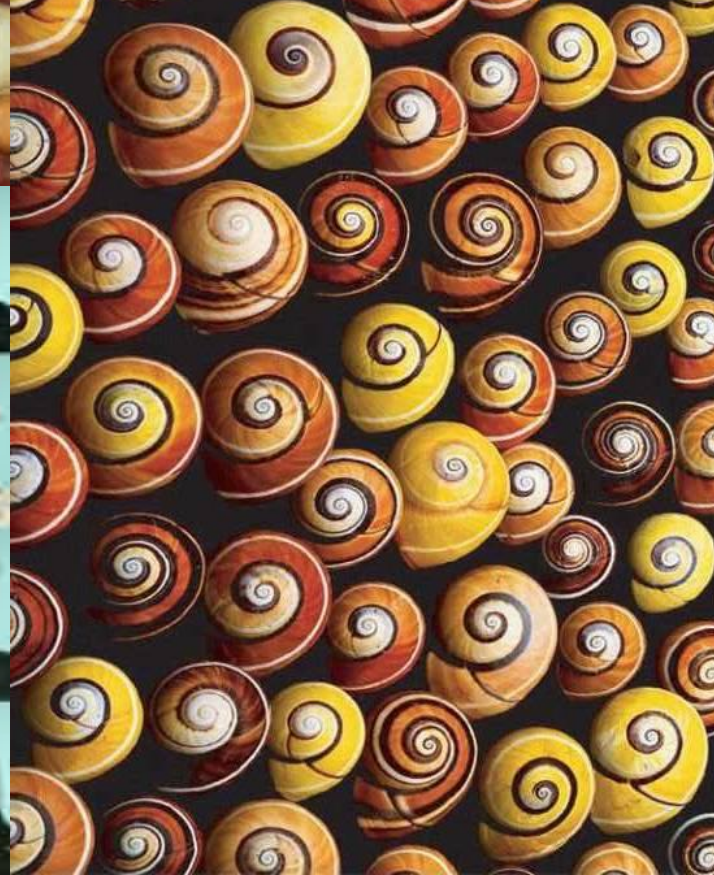


Full View





## 26.2 Birçok popülasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir





# 26.2 Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir-----YAPAY SEÇİLİM-----

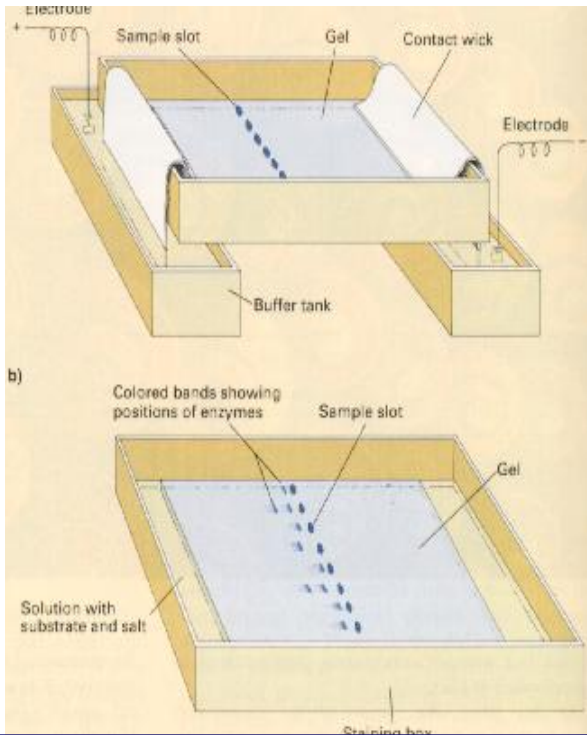
Canlılar çok fazla fenotipik benzerlik gösterdiği kadar bir o kadar da farklılıklara sahiptir. Her ne kadar homojen yapıya sahip olması düşünülse de genetik yapıya bakıldığında çok fazla farklılıklar gizli kalmıştır. Bu farklılıklar ya da varyasyonlar nasıl tespit edilebilir? **Yapay seçilim:** *seçilime cevap yoksa genetik varyasyon yoktur.*



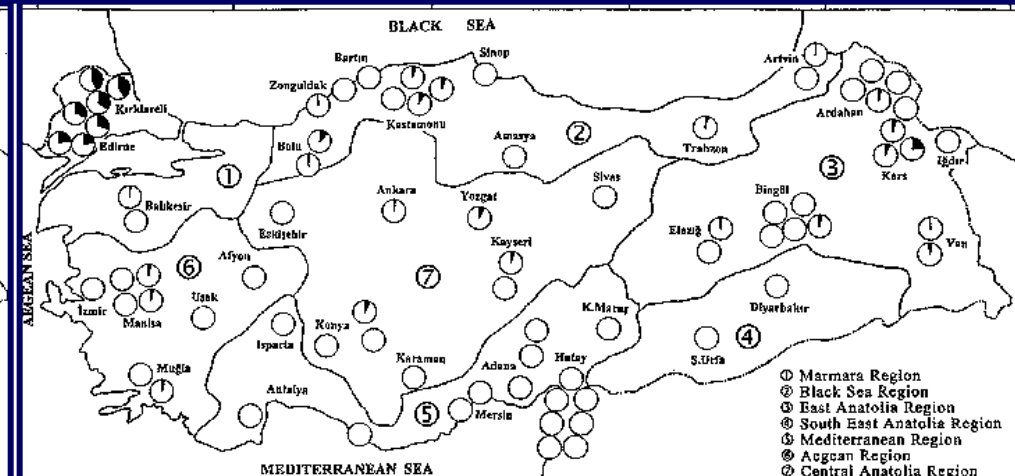
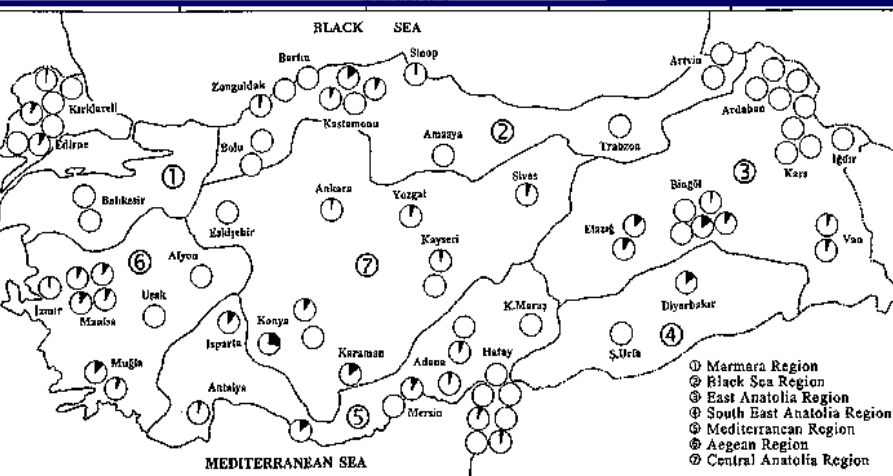
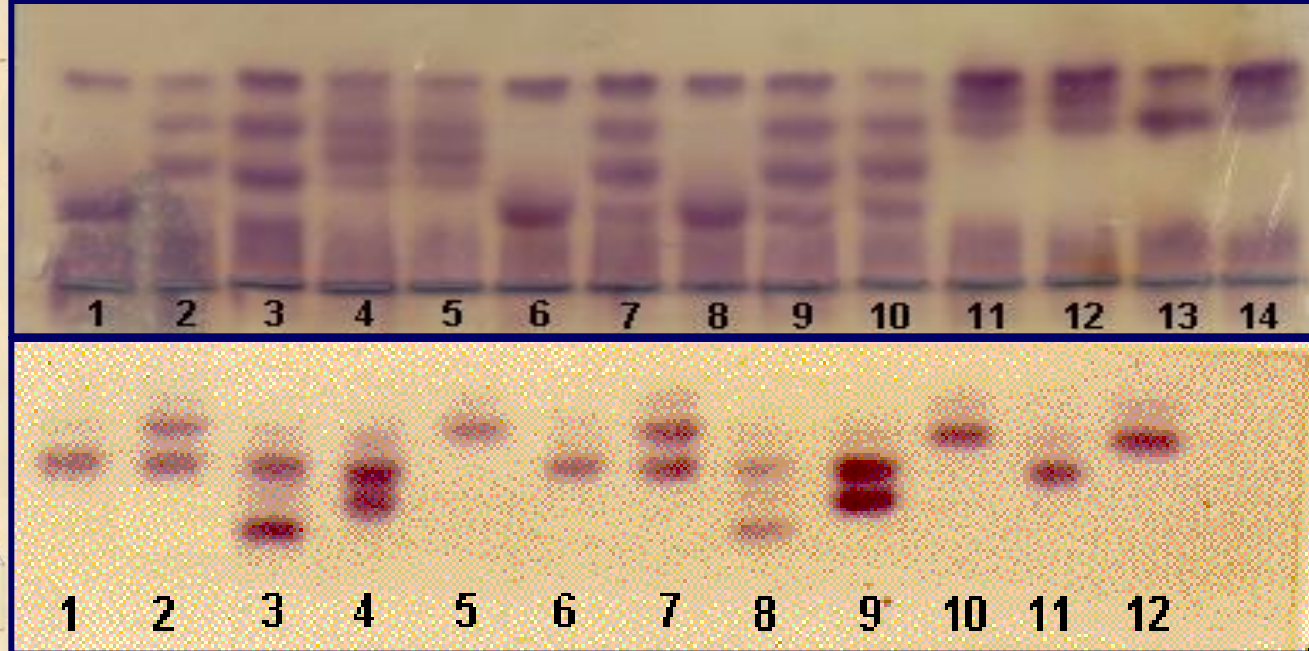
**Yapay seçilim sonuçları**



# 26.2 Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir-----PROTEİN POLİMORFİZMİ-----



## BALARILARINDA ENZİM VARYASYONU



## Genetic and morphometric variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) populations of Turkey

Irfan KANDEMİR, Meral KENCE, Aykut KENCE\*

Department of Biology, Middle East Technical University, 06531 Ankara, Turkey

(Received 18 December 1998; revised 8 October 1999; accepted 22 October 1999)

**Abstract** – Six enzyme systems were studied to determine the genetic variability in honeybee populations in Turkey. Ten morphometric characters were also measured to determine the extent of morphometric variation. Out of six enzyme systems, four were found to be polymorphic with 16 allozymes. The average heterozygosity was calculated as  $0.072 \pm 0.007$ . Morphometric and electrophoretic variables were equally effective in discriminating honeybee populations. European and Anatolian honeybees were separated on the first axis, and Anatolian honeybees were further separated along a second canonical axis. The observation of rare alleles in isoenzymes, detection of high genetic diversity and the presence of four known subspecies support the argument that Anatolia has been a genetic center for honeybee populations in the Near East.

*Apis mellifera anatoliaca* / *A. m. caucasica* / *A. m. meda* / *A. m. syriaca* / population genetics / genetic variability / morphometry / electrophoresis / Turkey



## 26.2 Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir-----PROTEİN POLİMORFİZMİ-----

Locus	<i>N</i>		<i>A</i>		<i>A<sub>e</sub></i>			<i>H<sub>o</sub></i>		<i>F</i>			
	Behl.	Stein.	Behl.	Stein.	Behl.	Stein.	Prob. Dif	Behl.	Stein.	Behl.	Prob. <i>F</i>	Stein.	Prob. <i>F</i>
<i>Aap-b</i>	223	83	4	4	2.85	2.98	0.876	0.574	0.566	+0.117	0.987	+0.149	0.966
<i>Pgi-b</i>	228	84	4	2	1.28	1.15	0.971	0.206	0.119	+0.081	0.899	+0.098	0.790
<i>Mnr</i>	228	85	4	4	1.21	1.18	0.650	0.180	0.165	-0.049	0.851	-0.061	0.825
<i>6pgdh-b</i>	224	85	3	2	1.07	1.07	0.448	0.063	0.071	+0.095	0.870	-0.037	0.738
<i>Idh-b</i>	222	85	2	2	1.64	1.63	0.530	0.338	0.412	+0.139	0.967	-0.058	0.704
<i>Pgm</i>	207	83	3	4	2.08	2.03	0.673	0.319	0.506	+0.387	1.000	+0.004	0.515
<i>Acp-c</i>	201	85	3	2	1.54	1.54	0.528	0.313	0.341	+0.108	0.893	+0.035	0.655
ssrQpZAG36	213	85	17	13	7.90	7.85	0.313	0.878	0.882	-0.005	0.634	-0.011	0.664
ssrQpZAG1/5	219	80	15	12	7.25	6.57	0.675	0.895	0.938	-0.038	0.948	-0.106	0.995
ssrQpZAG9	210	83	14	11	7.62	6.65	0.797	0.876	0.843	-0.009	0.681	+0.007	0.507
ssrQpZAG104	214	81	33	28	13.40	12.64	0.394	0.944	0.921	-0.020	0.906	+0.008	0.523
Mean (allozymes)			3.28	2.85	1.66	1.65	0.880	0.285	0.311	+0.125	1.000	+0.019	0.677
Mean (microsatellites)			19.75	16	9.04	8.42	0.836	0.898	0.894	-0.018	0.960	-0.025	0.941
Mean (total)			9.25	7.63	2.16	2.10	0.814	0.509	0.523	+0.073	1.000	+0.003	0.483
CV (allozymes)			0.21	0.34	0.34	0.37		0.52	0.58	0.96		4.02	
CV (microsatellites)			0.39	0.43	0.27	0.29		0.03	0.04	0.71		1.84	





# 26.2 Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir-----DİZİ ÇEŞİTLİLİĞİ-----

5' ATG GGG AAT AC AGG GTA AT 3'

natural TAGGGATAACAGGGTAAT

CFTR TATCATTGGTGTTTCCTA

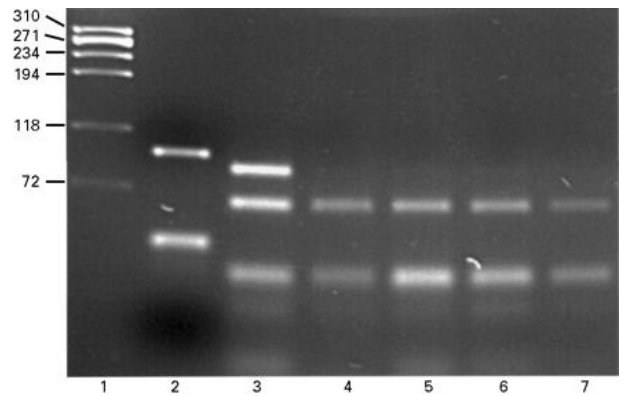
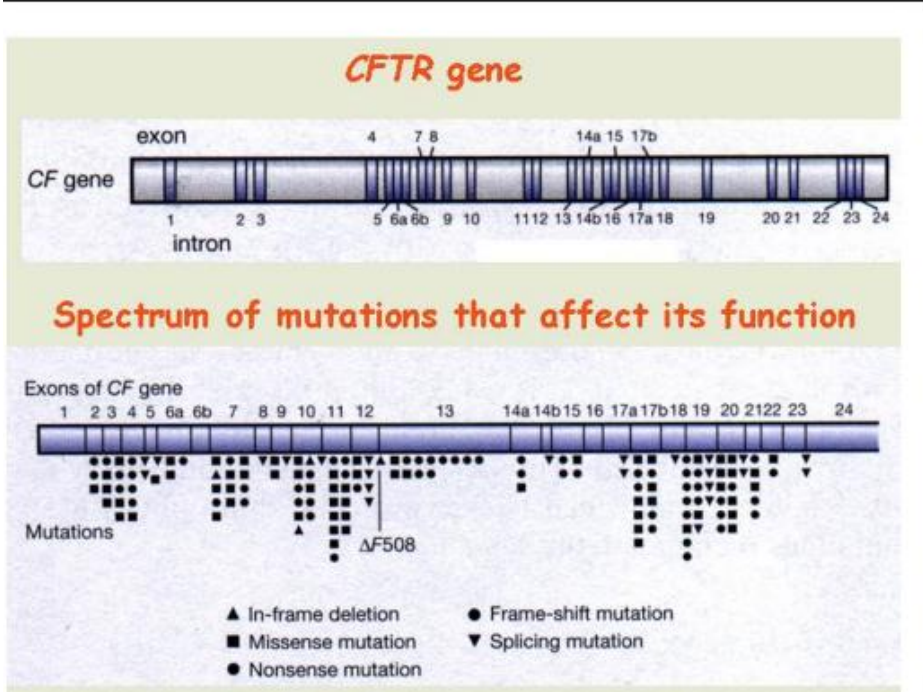
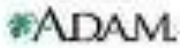
TS1 TAGGGATAACAGGGCCTA

TS2 TAGGGATAACGTTTCCTA

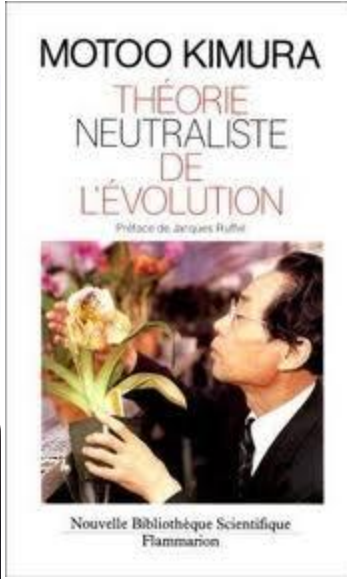
TS3 TATCATTAACAGGGTAAT



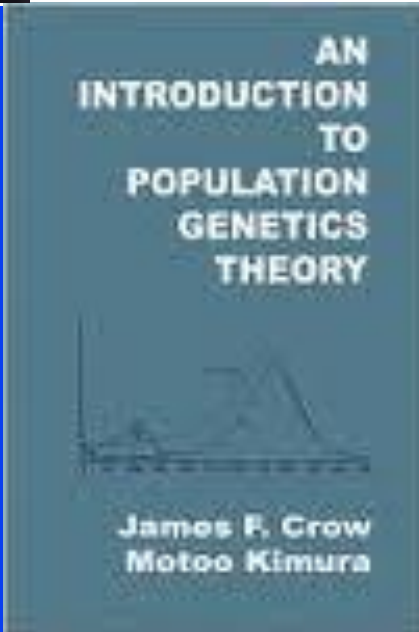
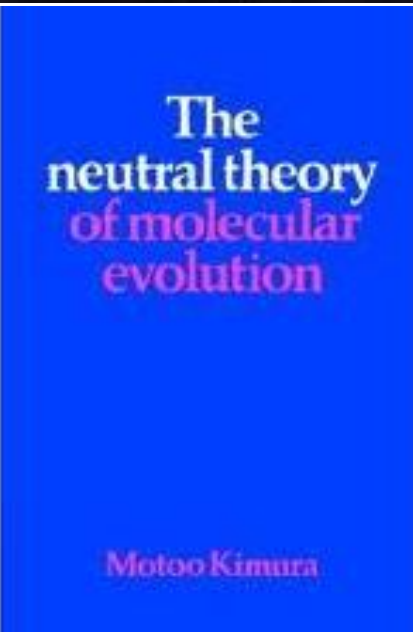
Cystic fibrosis is a hereditary disorder characterized by lung congestion and infection and malabsorption of nutrients by the pancreas



## 26.2 Birçok populasyon ve tür önemli miktarda genetik çeşitlilik gösterir --NEDEN YÜKSEK ÇEŞİTLİLİK --



**Nötral teori:** amino asit değişikliğine neden olan mutasyonların çok az oranda yararlı genellikle zararlı olduğunu öne sürer. Bazı mutasyonlar nötraldir yani oluşan yeni alel eskisi ile işlevsel olarak eşdeğerdir.



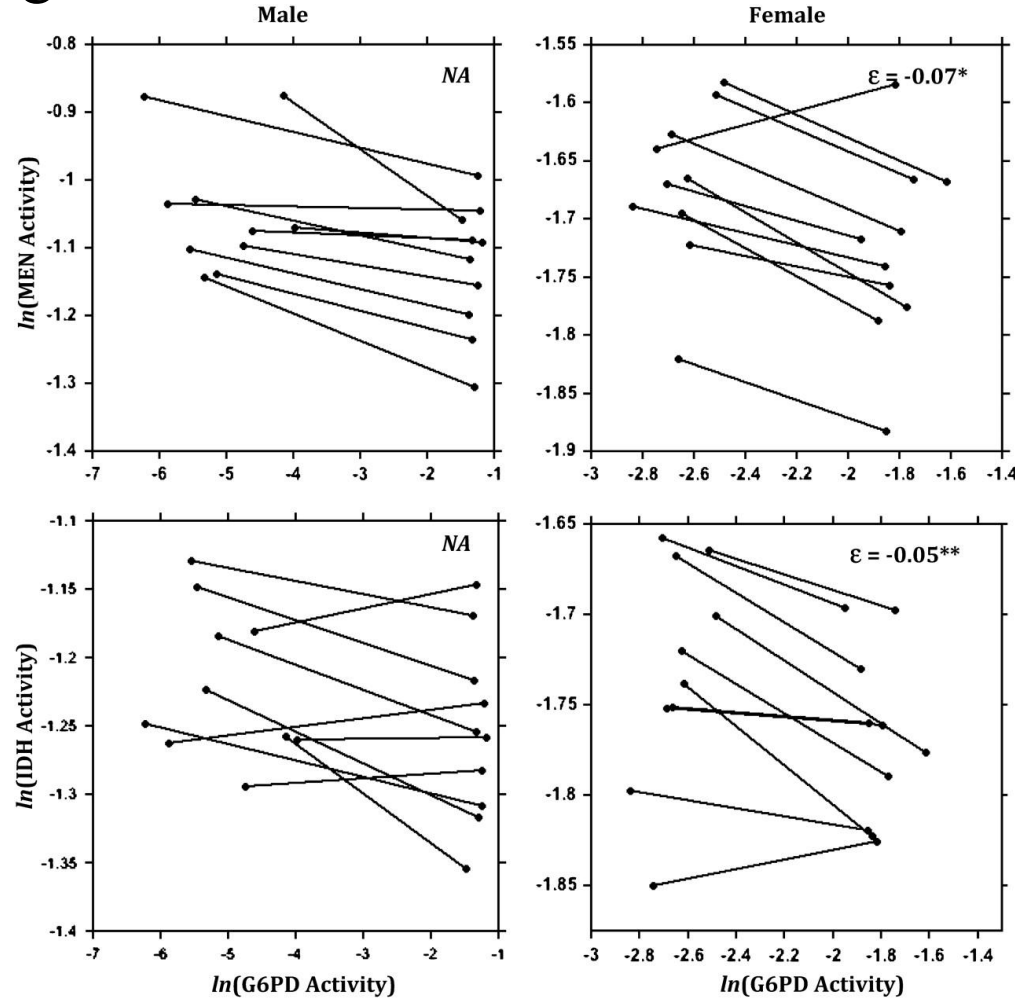
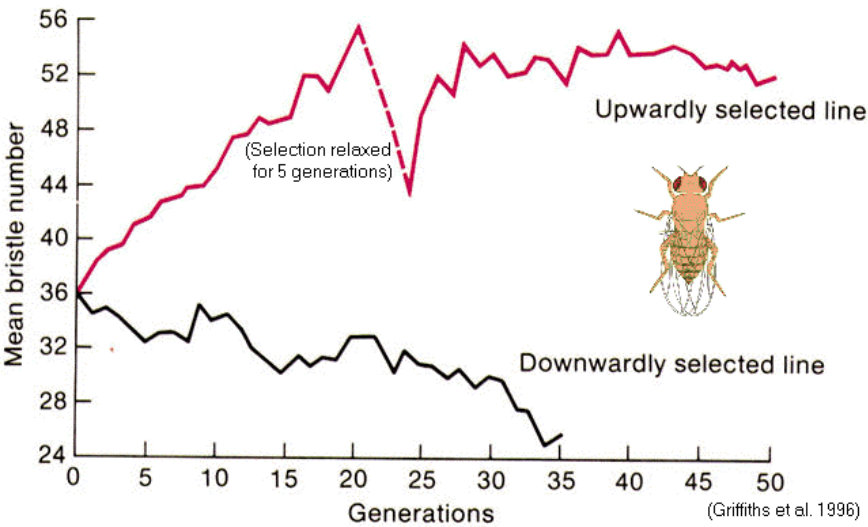
**Doğal seçim:** çevre koşullarına uyum sonucunda ortaya çıkan enzim ya da protein polimorfizminin bir çok örneği vardır.

-orak hücre anemisi & malarya paraziti  
-CFTR-tifoya uyumluluk

# 26.3 Populasyonların genetik yapıları zaman ve yere bağlı olarak değişir

Populasyonlar çok önemli oranda genetik çeşitliliğe sahip olmasının yanında, bu populasyonların genetik yapısı zaman içerisinde ve buldukları yere göre değişiklik gösterir.

**Theodosius Dobzhansky**  
Meyve sineği-  
*Drosophila pseudoobscura*



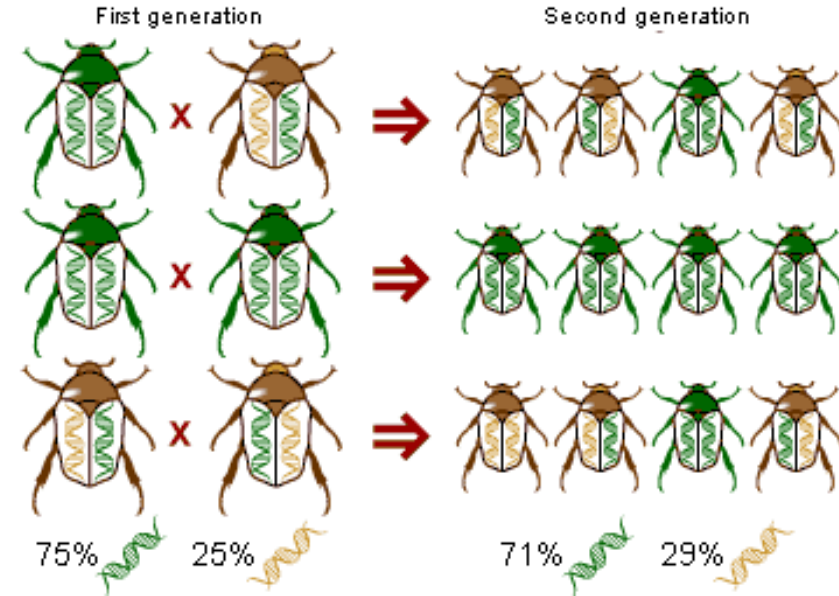
## 26.3 Populasyonların genetik yapıları zaman ve yere bağlı olarak değişir

Dennis A. Powers ve Patricia Schulte

Mummichog-dişli sazancıklar  
failyasından bir balık türü

Laktat dehidrogenaz enzimi

LDH-B,  $Ldh-B^a$  ve  $Ldh-B^b$  alellerinin frekansları su sıcaklığına bağlı olarak değişmektedir.



## 26.4 Türleşme tanımı evrimsel biyolojinin en önemli konularından birisidir.

---

Tür kendi aralarında çiftleşen ya da çiftleşme potansiyeli olan doğada benzeri diğer gruplardan üreme bakımından izole olan bir grup olarak tanımlanır. **Buna benzer toplam 26 farklı tür tanımı bulunmaktadır:**

1. Agamospecies
2. Autapomorphic species
3. Biospecies
4. Cladospecies
5. Cohesion species
6. Compilospecies
7. Composite Species
8. Ecospecies
9. Evolutionary species
10. Evolutionary significant unit
11. Genealogical concordance species
12. Genic species
13. Genetic species
14. Genotypic cluster
15. Hennigian species
16. Internodal species
17. Least Inclusive Taxonomic Unit (LITUs)
18. Morphospecies
19. Non-dimensional species
20. Nothospecies
21. Phylospecies Phylogenetic Taxon species
22. Phenospecies
23. Recognition species
24. Reproductive competition species
25. Successional species
26. Taxonomic species



**26.5** Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir.

---

**Göç** populasyonların birbirlerinden ayrılma eğilimini engeller.

Türleşme ancak gen akışının kesilmesi sonucu meydana gelmeye başlar. Bir populasyonun bireyleri diğer populasyon üyeleri ile artık başarılı bir şekilde çiftleşemedikleri noktada birbirlerinden ayrılır.

Populasyonlar bu noktaya ulaştıklarında birbirlerinden üreme açısından yalıtılmış-izole olmuş olurlar –biyolojik tür kavramına göre farklı türler haline gelir.

Çiftleşmeyi önleyen **biyolojik bariyerler**:

**Prezigotik Yalıtım Mekanizması-Postzigotik Yalıtım Mekanizması**

**26.5** Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir.

---

### **Prezigotik mekanizmalar**

- coğrafik ya da ekolojik
- mevsimsel ya da dönemsel
- davranışsal
- mekanik
- fizyolojik

### **Postzigotik mekanizmalar**

- melezlerin ölümü ya da zayıflığı
- gelişimsel melez kısırlılığı
- dağılıma bağlı melez kısırlılığı
- F2 yıkımı

## 26.5 Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**TÜRLEŞME ÖRNEKLERİ-**

---

Diana Todd ve grubu

Meyve sineklerini farklı besin ortamında Maltoz ve Nişastada yetiştirdiler. Besin stres yaratmakta idi ve bu durum aylarca devam etti ve doğal seçim ile her iki besine uyum sağlandı. Daha sonra 48 sinek populasyonununun 24 (12 ♀♂)'ü maltoz ve diğer 24 (12 ♀♂)'ü nişasta uyumlu idi. Test ettikleri hipotez acaba türleşme gerçekleşmiş miydi? 900 çiftleşmeden 600 kendi beyin uyumlu çiftler arasında olmuş, tam anlamı ile türleşme tamamlanmamıştı.



## 26.5 Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**GENETİK FARKLILAŞMA-**

---

Panama kıstağı 3 milyon yıl önce meydana gelmiş ve buradaki populasyonlar birbirinden ayrılmıştır.

Allozim ve mtDNA ile yapılan çalışma sonucunda kıstak kapandıktan sonra Her 7 tür Karayip ve Pasifik olmak üzere 2 gruba ayrılmıştır.

Bunlardan 3'ü hiç çiftleşmez iken 4'ü farklı oranda çiftleşmiştir.

## 26.5 Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**GENETİK FARKLILAŞMA-**

---

İki populasyonun farklı türler haline gelmesi için ne kadar farklılaşma olmalıdır? Bazen sanıldığından çok daha az. *Drosophila planitibia* kompleksinde *D. heteoneura* ve *D. silvestris* arasında son derece az farklılık vardır.

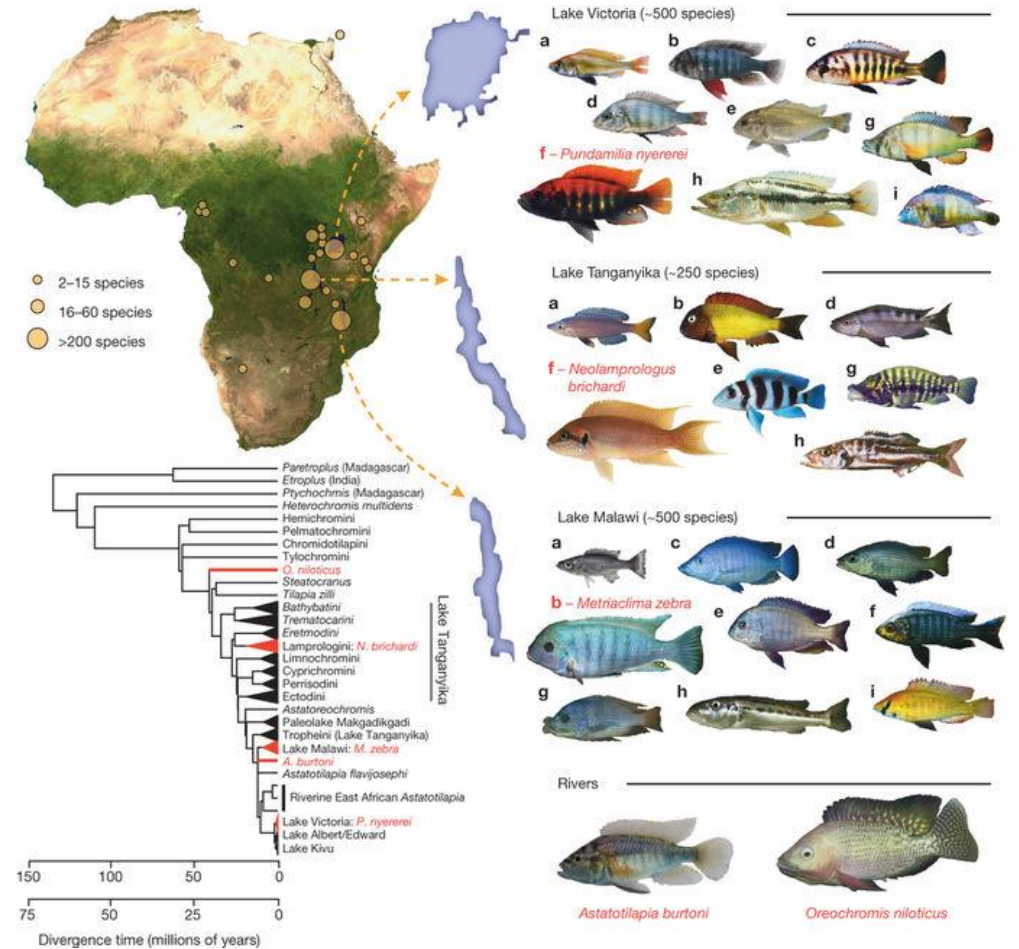
**26.5** Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**GENETİK FARKLILAŞMA-**

---

Türler arasındaki az farklılık bu kez Rocky Dağlarında ve batıda bulunan Maymun çiçeğinde gözlenmektedir. *Mimulus cardinalis* kardial kuşu ile döllenir ve bombus arısı tarafından döllen *M. lewisii* ile eşleşmez. Laboratuardaki melezlerdeki **tek gen farklılığı** %25 lik bir varyasyona neden olmaktadır.

# 26.5 Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**TÜRLEŞME HIZLI OLABİLİR.**

Tanganyika gölünde 400'den fazla Cichlid bulunur. Kısa serpiştirilmiş DNA dizileri çalışılarak bu türlerin hepsinin tek bir ortak atadan geldiği bulunmuştur. 14,000 yıldan kısa zaman içerisinde evrimleşmiştir.



## 26.5 Populasyonlar arasındaki gen akışındaki bir azalma dallandırıcı (divergent) seçim veya sürüklenme ile birlikte türleşmeye neden olabilir-**TÜRLEŞME HIZLI OLABİLİR-**

Poliploidi bitkilerde türleşmeyi hızlandırabilir. Çiçekli bitkilerin yarısının bu şekilde evrimleştiği düşünülmektedir. Poliploidinin bir çeşiti olan Allopoliploidi yolu ile *Nicotiana tabacum* ( $2n=48$ ) *Nicotiana otophora* ( $2n=24$ ) ve *Nicotiana silvestris* arasındaki melezlenmesi sonucunda kromozom sayısını iki katına çıkarılmasıyla meydana gelmiş bir türdür..



*N. otophora* ( $2n=24$ ) *N. silvestris* ( $2n=24$ )

## 26.6 Evrimsel gemiři ortaya ıkarmak iin populasyonlar ya da trler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz

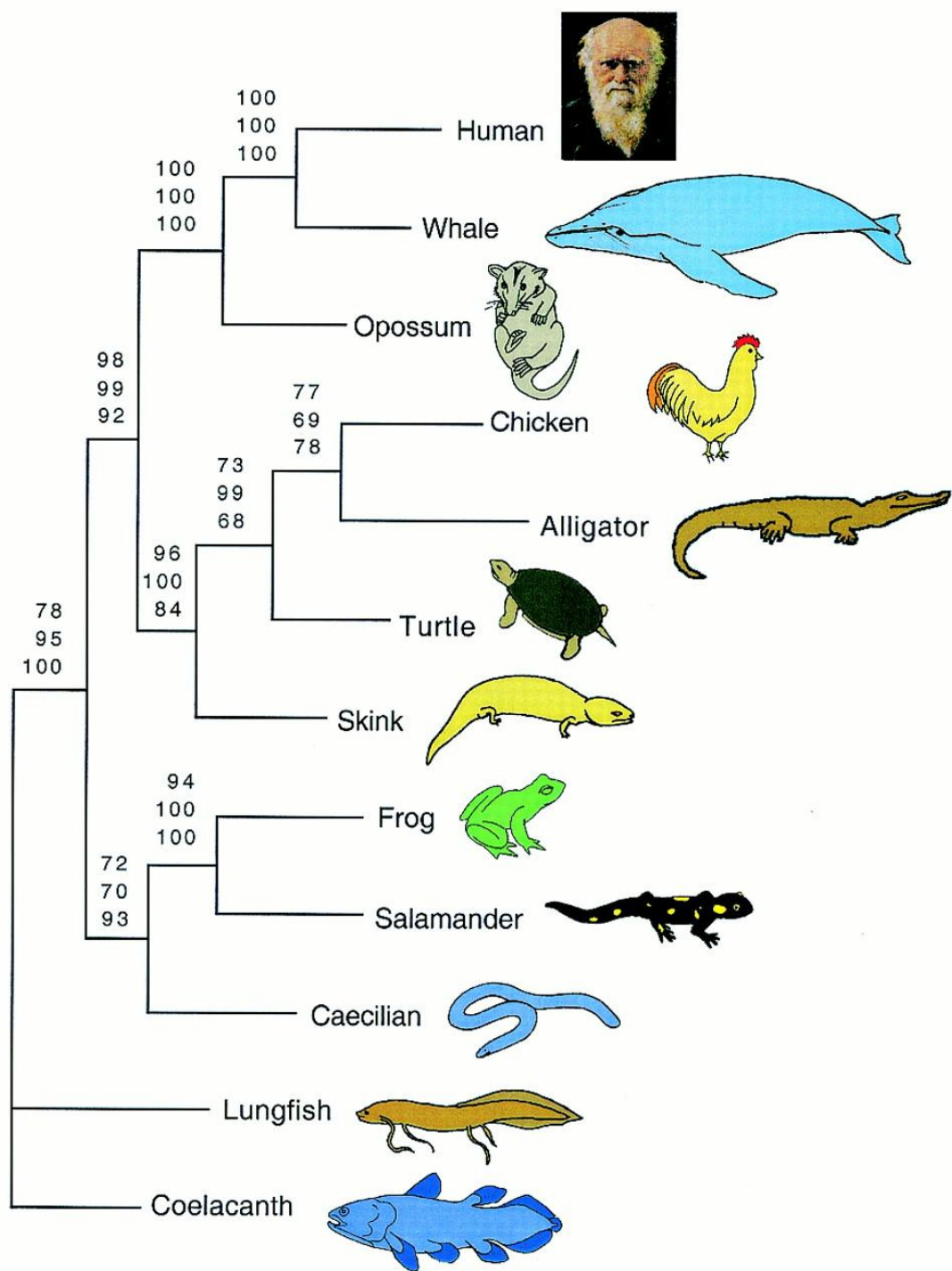
---

Fitch ve Margoliash ilk filogeni alıřmasını mtDNA sitokrom c geni ile yapmıřlardır.

İřlevi uyum iin gerekli olan bir proteinde evrimin ok az olmasını bekleriz. Yandaki tabloda diđer canlılara olan benzerliđimiz sezgilerimizle uyuřtuđunu grebiliriz.

**En az mutasyon uzaklıđı:** bir amino asit deđiřikliđi iin birden fazla nkleotit deđiřikliđi gerekebilir, bir proteindeki tm amino asitlerin farklı olması iin gerekli nkleotit deđiřikliđidir.

# 26.6 Evrimsel geçmişi ortaya çıkarmak için populasyonlar ya da türler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz





## 26.6 Evrimsel geçmişi ortaya çıkarmak için populasyonlar ya da türler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz

Reprinted from *Science*, January 20, 1967, Vol. 155, No. 3760, pages 279-284

### Construction of Phylogenetic Trees

A method based on mutation distances as estimated from cytochrome *c* sequences is of general applicability.

Walter M. Fitch and Emanuel Margoliash

Biochemists have attempted to use quantitative estimates of variance between substances obtained from different species to construct phylogenetic trees. Examples of this approach include studies of the degree of interspecific hybridization of DNA (1), the degree of cross reactivity of antisera to purified proteins (2), the number of differences in the peptides from enzymic digests of purified homol-

ogous proteins, both as estimated by paper electrophoresis-chromatography or column chromatography and as estimated from the amino acid compositions of the proteins (3), and the number of amino acid replacements between homologous proteins whose complete primary structures had been determined (4). These methods have not been completely satisfactory because (i) the portion of the genome examined

was often very restricted, (ii) the variable measured did not reflect with sufficient accuracy the mutation distance between the genes examined, and (iii) no adequate mathematical treatment for data from large numbers of species was available. In this paper we suggest several improvements under categories (ii) and (iii) and, using cytochrome *c*, for which much precise information on amino acid sequences is available, construct a tree which, despite our examining but a single gene, is remarkably like the classical phylogenetic tree that has been obtained from purely biological data (5). We also show that the analytical method employed has general applicability, as exemplified by the derivation of appropriate relationships among ethnic groups from data on their physical characteristics (6, 7).

Dr. Fitch is an assistant professor of physiological chemistry at the University of Wisconsin Medical School in Madison. Dr. Margoliash is head of the Protein Section in the Department of Molecular Biology, Abbott Laboratories, North Chicago, Illinois.



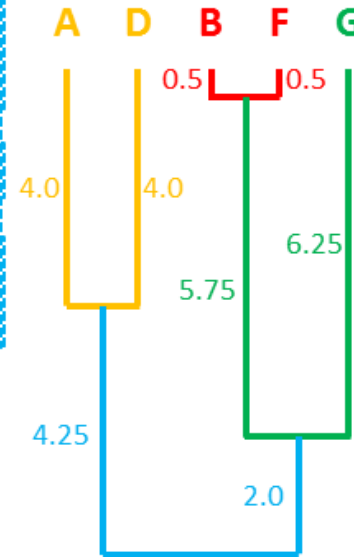
# 26.6 Evrimsel geçmişi ortaya çıkarmak için populasyonlar ya da türler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz

	A	B	C	D	E	F	G
A							
B	19.00						
C	27.00	31.00					
D	8.00	18.00	26.00				
E	33.00	36.00	41.00	31.00			
F	18.00	1.00	32.00	17.00	35.00		
G	13.00	13.00	29.00	14.00	28.00	12.00	

$$(27 + 31 + 26 + 32 + 29) / 5 = 29.00$$

	ADBFG	C	E
ADBFG			
C	29.00		
E	32.60	41.00	

$$(33 + 36 + 31 + 35 + 28) / 5 = 32.60$$

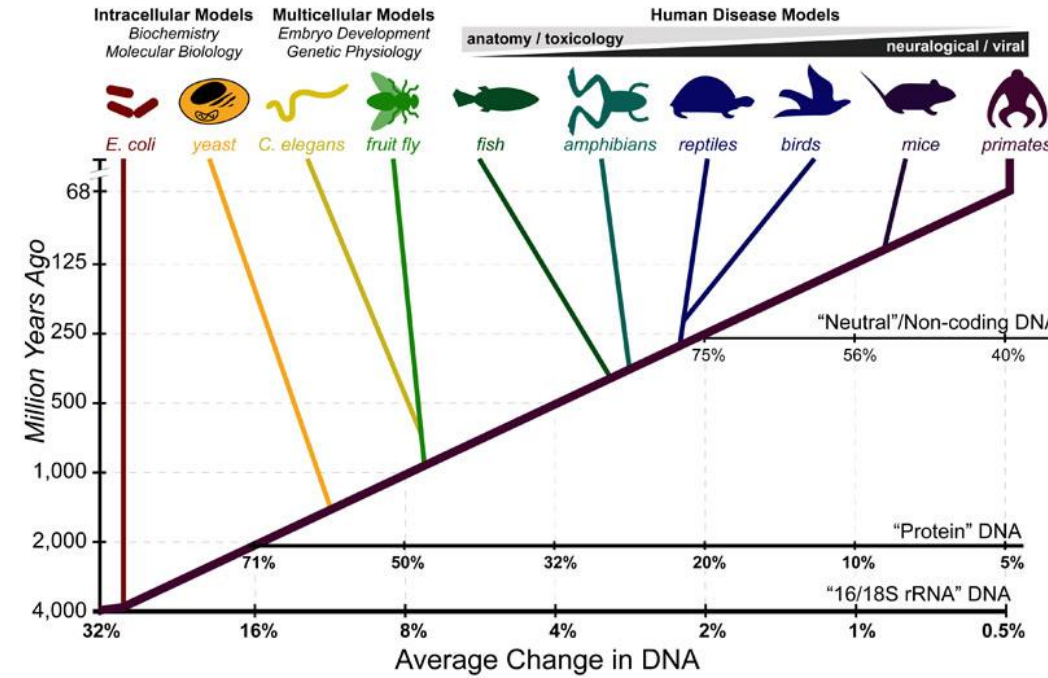
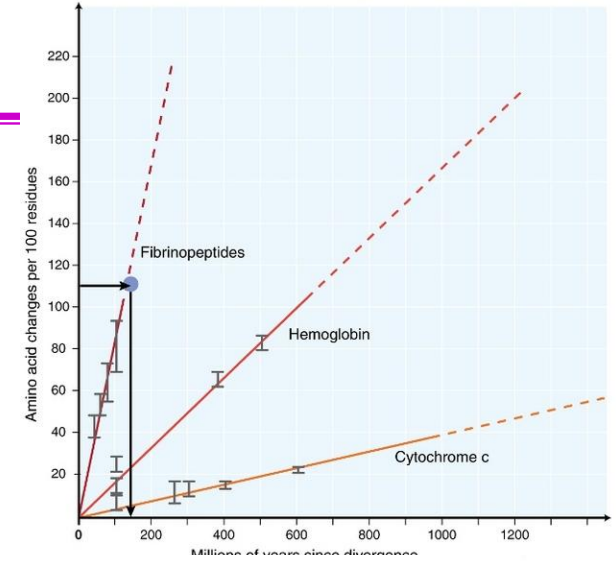


# 26.6 Evrimsel geçmişi ortaya çıkarmak için populasyonlar ya da türler arasındaki genetik farklılıklardan yararlanabiliriz

## --Moleküler Saat--

Türlerin sadece birbirlerine ne kadar yakın olduğunu değil, aynı zamanda onların ortak atalarının yaşadığı zamanı da tahmin edebiliriz.

**Moleküler Saat:** zaman içinde üzerinde belirli bir hızla evrimsel değişikliklerin biriktiği nükleotid ya da amino asit dizileridir.



## 26.7 Evrimsel geçmişin ortaya çıkarılması birçok soruya cevap bulmamızı sağlar Diş Doktorundan hastalarına HIV geçişi

---

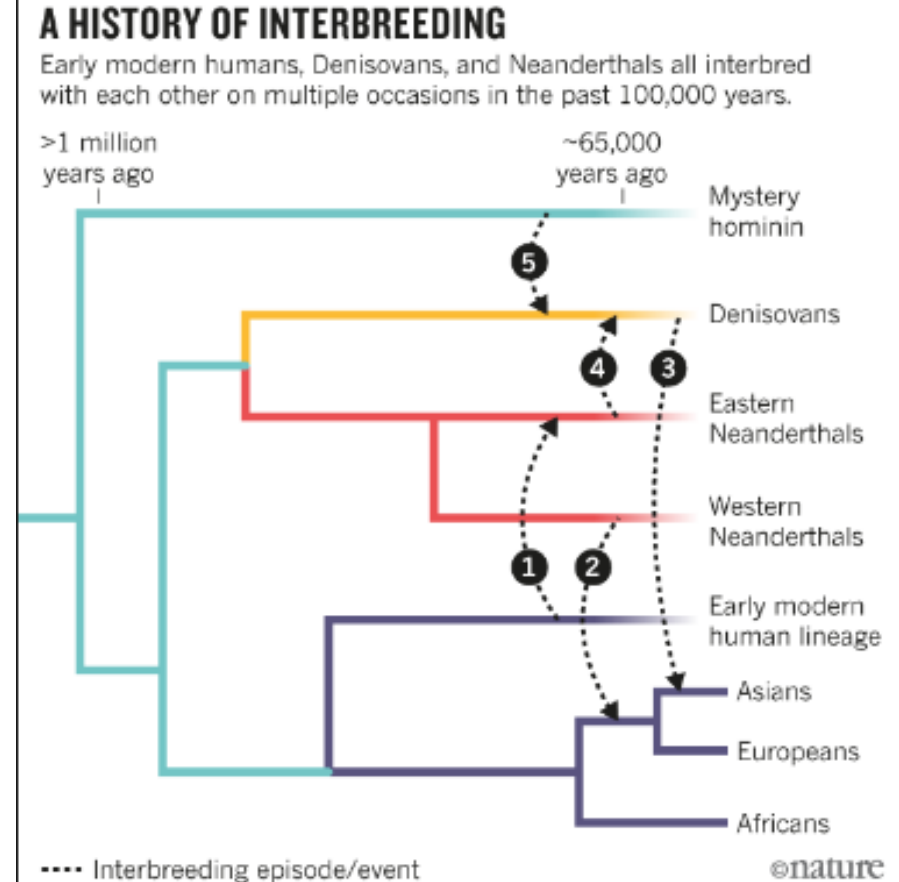
1986 yılında Florida'da bir dişçinin HIV için pozitif olması ve daha sonra AIDS tespiti ve akabinde bir çok müşterisinin de aynı hastalığa yakalanmaları. Bu hastaların AIDS'e yakalanmalarına doktor mu neden olmuştur yoksa virüsü başka bir yerden mi almışlardır?

Benzer kökenden gelen birbirine daha çok benzeyecektir düşüncesinden yola çıkarak HIV zarf proteini dizileri hasta, doktor ve diğer örneklerde çalışılmıştır. Diş doktoru ve ABCEGI aynı atadan köken almıştır. DFHJ hasta ve diş doktorundan çok diğer kontroller ile beraber gruplaşmıştır.

## 26.7 Evrimsel geçmişin ortaya çıkarılması birçok soruya cevap bulmamızı sağlar-Neanderthal ve Modern İnsan-

-*Homo neanderthalis* ve *Homo sapiens* (300.000-30.000 öncesi)'in eski çağlarda beraber yaşadıklarına dair fosiller mevcuttur. Neandertal ve modern insan arasında hibritleşme oldu mu? Neandertallerin soyundan gelenler oldu mu? Yoksa türleri yok mu oldu? 1997 yılında Almanya Feldhofer mağarasındaki Neanderthal mtDNA sı çalışılmış ve 2000 modern insan ile karşılaştırılmıştır. Ayrıca moleküler saat yöntemi ile ortak atalarının 600.000 yıl önce yaşadığını buldular.

Daha sonra kafkaslarda elde edilen başka bir neanderthal örneğinin DNA çalışması Benzer sonuçları ortaya koymuş ve neanderthalin ayrı bir hominid soyu olduğu filogenide açıkça gösterilmiştir. Modern İnsana gen aktarımı olmadığı ve neanderthallerin yok olmasıyla soyları da Tükenmiştir.



## 26.7 Evrimsel geçmişin ortaya çıkarılması birçok soruya cevap bulmamızı sağlar-Mitokondrinin kökeni-

Mitokondrilerimizin kendi DNA'sı vardır. İncelendiğinde mtDNA'sı bakteri DNA'sı ile benzerlik gösterir. Acaba mitokondri köken olarak konakçı olarak gelen bakteriden mi almıştır? Yoksa mitokondri genomu çekirdek kromozomlarından mı köken almıştır?

Bu durumu araştırmak için küçük ribozomal altbirimine ait SSU rRNA molekülü dizi analizi yapılmıştır. Bu analiz sonucuna göre mitokondrielerin yaşayan en yakın akrabalarının  $\alpha$ -proteobakter (mor bakteri) olduğu bulunmuştur. Bunlar içinden de en yakın grubun riketsiya bakterileri olduğudur. İlginç olanı riketsiyalar da mitokondriler gibi ökaryot canlılar içinde yaşamaktadır.

