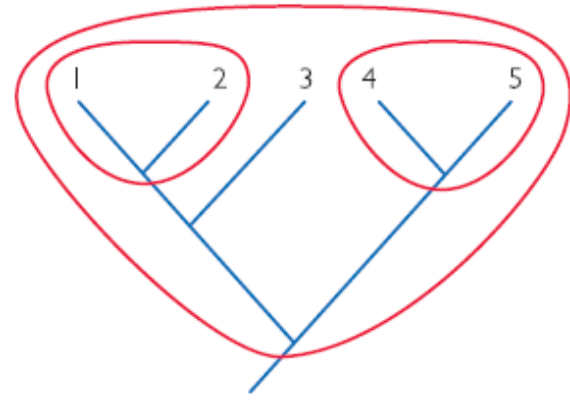




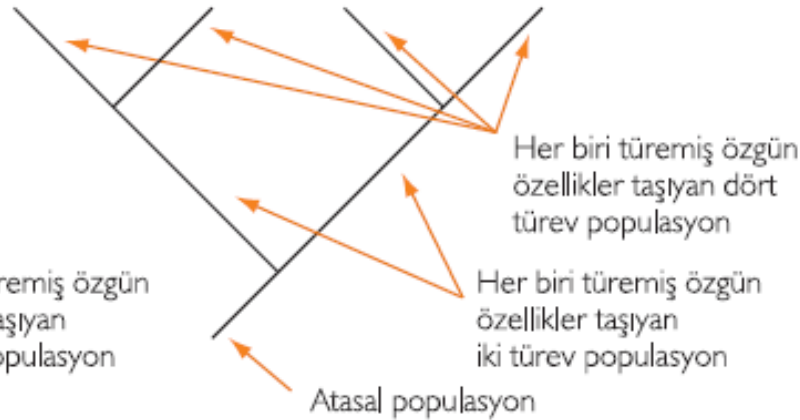
**Şekil 4.1** Monofiletik gruplar tek bir ata ve bütün türevlerinden meydana gelir. Monofiletik gruplar, klad veya soyhatları olarak da adlandırılırlar. Burada daire içine alınan bütün gruplar monofiletiktir. Tür 1, 2, 3 ve en yakın ortak atalarını içeren grup da monofiletiktir.



(a)



(b)



**Şekil 4.2** Sinaomorfiler atasal popülasyonlarda ortaya çıkarlar ve türevlerine geçerler (a) Türleşme iki bağımsız popülasyonun oluşmasına yol açar. Her biri genetik sürüklenme, seçilim ve mutasyon ile özgün özellikler kazanırlar, ancak ortak atalarından aldıkları özellikleri paylaşırlar. (b) Bir ağaçtan yukarı doğru gittiğinizde sinapomorfiler yuvalanmış bir hiyerarşi oluşturur. Her ardışık monofiletik grup, atalarında açığa çıkan sinapomorfiler aracılığı ile tanımlanabilir.

(a) Mutasyonlar sinapomorfiler üretebilirler

Türevlerde DNA dizileri

TGCTATT TGCTTTT TGCTTTT



(b) Geriye dönüşler ("geriye mutasyonlar") apomorfileri orkadan kaldırabilir

Türevlerde DNA dizileri

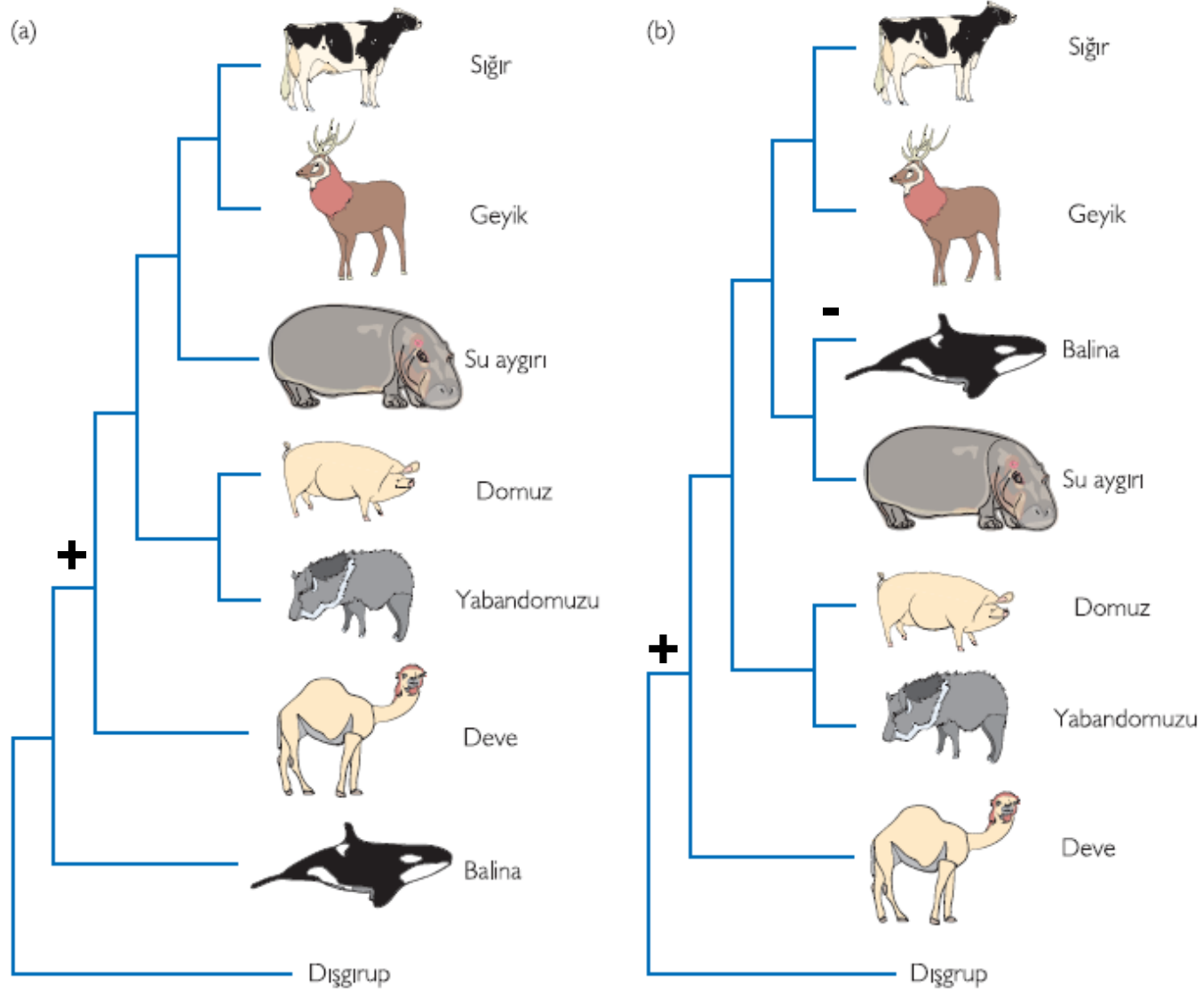
A B C D E  
TGCTATT TGCTTTT TGCTTTT TGCTTTT TGCTATT



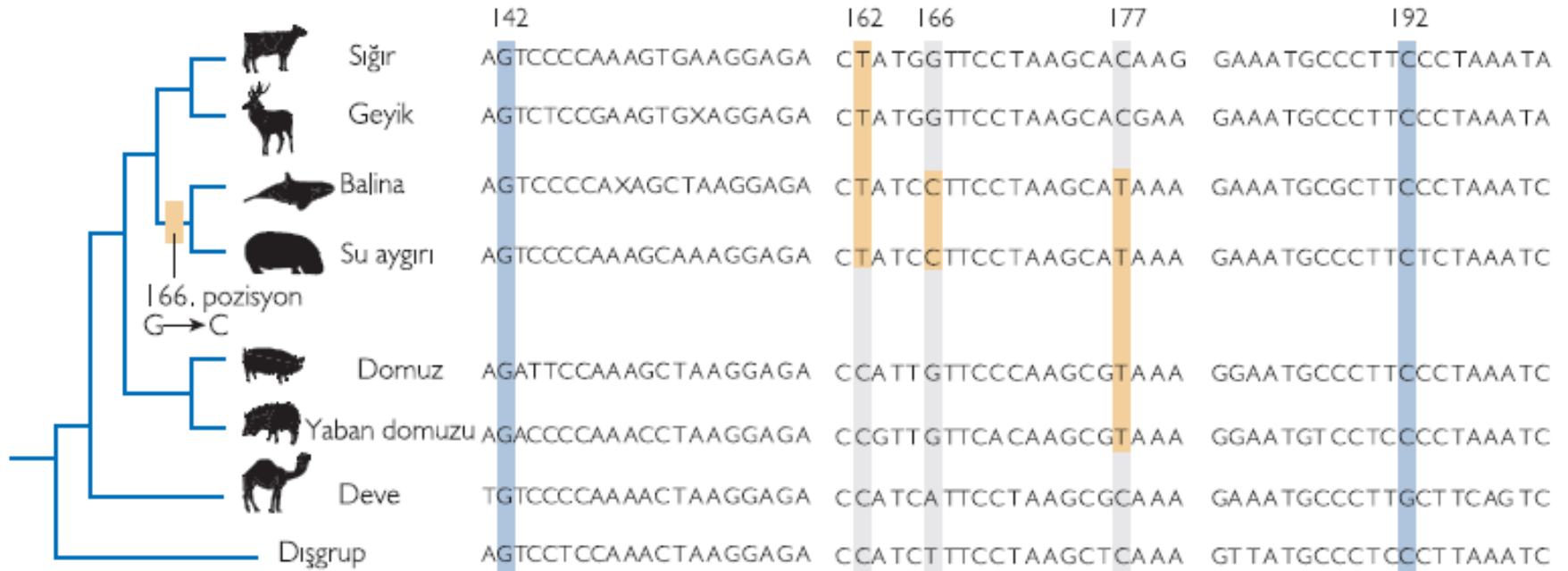
**Şekil 4.5** Geriye dönüşler filogeni çıkarsamasını karmaşılaştırır (a) Bu ağacı kökten yukarı doğru okuyunuz. Bu DNA dizisini beşinci pozisyondaki bir değişimin, türev popülasyonlarda paylaşılan türemiş bir karakter yarattığına dikkat ediniz. (b) Eğer bu grubun daha sonraki evriminde bir geriye dönüş, beşinci pozisyonu atasal duruma geri dönüştürürse, doğru filogeni çıkarımını çok daha karmaşık hale getirecektir.

# Moleküler Filogeni

## Örnek

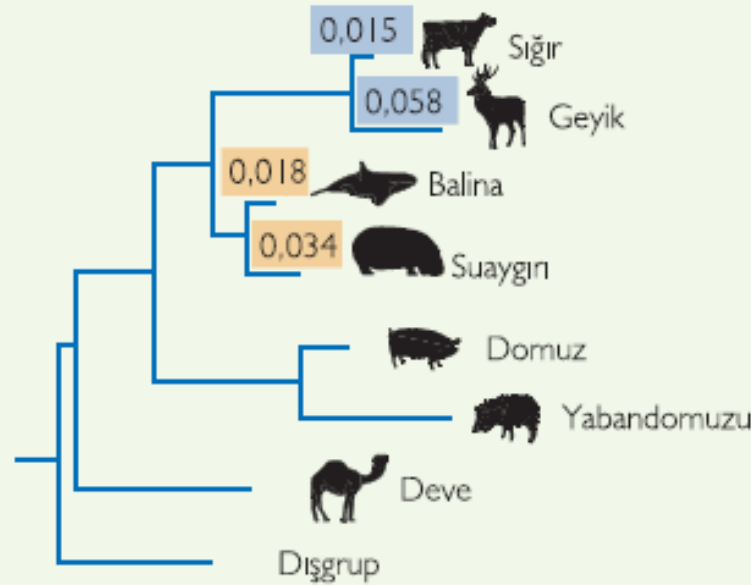


**Şekil 4.8** Balina ve diğer memeliler için filogenetik hipotezler Artiodactyla Hipotezi (a)'daki ağaçta gösterilmiştir: Balinalar ve yunus muhtemelen (siğirler, geyikler, suaygırları, domuzlar, yaban domuzları ve develer tarafından temsil edilen) çift tırnaklıların kardeş grubu olarak toynaklılara (Ungulata) akrabadır. Bu türlere dışgrup olarak Ungulata'nın Perissiodactyla (atlar ve gergedanlar) olarak bilinen grubu seçilmiştir. (b)'de gösterilen ağaç balina+suaygırı hipotezidir. Bir istisna ile (a)'da gösterilen ile aynıdır: Balinalara giden dal suaygırlarına kardeş grup olacak şekilde yukarı taşınmıştır.



**Şekil 4.9** Parsimoni analizi için dizi verisi Bu veri altı çift tınaklı, bir balina (yunus balığı, *Lagenorhynchus obscurus*) ve dışgrup olarak bir tek toynaklının bir süt proteini geninin hizalanmış 60 nükleotid dizisidir. Bir pozisyonda verilen X şüpheli olarak tanımlanan nükleotidi temsil etmektedir. Değişken ya da bilgi verici olmayan pozisyonlardan bazıları mavi ile taranmıştır; sinapomorfiler sağlayan pozisyonlar turuncu ile gölgelenmiştir. Filogeni bu nükleotid sinapomorfilerinin parsimoni analizinden elde edilmiştir.

	Sığır	Geyik	Balina	Suaygırı	Domuz	Yabam domuzu	Deve
Geyik	0,073						
Balina	0,150	0,197					
Suaygırı	0,148	0,197	0,053				
Domuz	0,264	0,270	0,197	0,217			
Yabandomuzu	0,340	0,412	0,266	0,287	0,129		
Deve	0,284	0,347	0,216	0,236	0,291	0,340	
Dışgrup	0,306	0,340	0,241	0,261	0,311	0,306	0,210



**Şekil 4.10 Kümeleme analizi için genetik uzaklıklar** Bu tablodaki her bir öge Şekil 4.9'daki dizi verisinden hesaplanan takson çiftleri arasındaki bir genetik uzaklıktır. Buradaki filogeni bu genetik uzaklıkların kümeleme analizinden elde edilmiştir. Sığır ve geyik (mavi) ya da balina ve suaygırı (turuncu) gibi düşük genetik uzaklığa sahip takson çiftlerinin kardeş taksonlar olarak gruplandırıldığına dikkat ediniz. Taksonlar arasında beklenen nükleotid farklılığı yüzdesine oranlanmıştır ve birkaç dal üzerinde sayısal olarak gösterilmiştir.



Lokus	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Sığır	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
Geyik	0	0	0	0	0	0	0	1	?	1	1	1	1	1	1	?	1	1	0	0
Balina	1	1	1	1	1	1	1	0	?	1	0	1	1	0	0	0	?	1	0	0
Suaygırı	0	?	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	?	1	0	0
Domuz	0	0	0	?	0	0	0	0	?	0	0	0	?	?	0	0	0	1	1	1
Yabandomuzu	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	1	1
Deve	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

**Şekil 4.11** Neredeyse mükemmel filogenetik karakterler Bu tablo altı çifttoynaklı ve bir balina (bir tür gagalıbalina, *Berardius bairdii*) genomundaki 20 lokusta bir SINE ya da LINE'nin varlığını (1) veya yokluğunu (0) göstermektedir. Soru işaretleri (?) bazı taksonlarda bulunamayan lokusları göstermektedir. Veri seti Nikaido vd. (1999)'dan alınmıştır. Filogenetik ağaç bu 20 karakterin parsimoni analizinden elde edilmiştir. Lokus 4–7'deki SINE veya LINE'lerin varlığı balina ve suaygırları kladını tanımlar.

