



Türkiye'deki *Canis lupus* (Gri Kurt)'un Dağılımı ve Genetik Yapısı

Distribution and Genetic Structure of the *Canis lupus* (Gray Wolf) in Türkiye

Burak Ölmez¹ , Yasin Demirbaş^{1*} 

¹Kırıkkale Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 71450 Yahşihan/Kırıkkale, TÜRKİYE

Başvuru/Received: 09/01/2024

Kabul / Accepted: 08/02/2024

Çevrimiçi Basım / Published Online: 30/06/2024

Son Versiyon/Final Version: 30/06/2024

Öz

Biyolojik çeşitliliği incelemeye kullanılan gri kurt (*Canis lupus* L.), bulunduğu ekosistemde besin piramidinin en üst seviyesinde yer almakta ve yaşamını sürdürebilmek için çok geniş alanlara ve sağlıklı ekosistemlere ihtiyaç duymaktadır. Bu nedenle, şemsiye gösterge tür olarak değerlendirilen gri kurdun başarılı bir şekilde korunması tüm ekosistemin korunması için gereklidir. Bu çalışmanın amacı, Türkiye'de koruma altında olan yırtıcı memeli türü gri kurdun dağılımı ve popülasyonlarının genetik yapısı üzerine bugüne kadar gerçekleştirilen bilimsel araştırmaları değerlendirmek ve bu alandaki eksiklikleri ortaya koymaktır. Araştırmalara göre *C. lupus*'un Türkiye'deki dağılımının büyük ölçüde yükseklik, av kaynaklarının zenginliği ve insan etkisine bağlı olduğu belirtilmiştir. Gri kurdun Türkiye popülasyonlarının genetik özellikleri, küçük örneklemeler üzerinde standart moleküler belirteçlere dayalı olarak incelenmiş ve elde edilen sonuçlar Türkiye'de kurdun yüksek genetik varyasyon gösterdiğini ortaya koymuştur. Bununla beraber hâlâ türe ait biyolojik ve genetik bilgilerin çok sınırlı olduğu ve türün bugünkü ve gelecekteki durumunu göstermede ve izlemede yetersiz kaldığı belirlenmiştir. Dolayısıyla, bu uç yırtıcı türün sahada ve laboratuvarında kapsamlı olarak incelenmesini öneriyoruz.

Anahtar Kelimeler

"Gri kurt, *Canis lupus*, popülasyon, dağılım, genetik yapı, Türkiye"

Abstract

The gray wolf (*Canis lupus* L.), used to examine biodiversity, is at the top level of the food pyramid in its ecosystem and needs very large areas and healthy ecosystems to survive. Therefore, successful conservation of the gray wolf, which is considered an umbrella indicator species, is essential for the protection of the entire ecosystem. The aim of this study is to evaluate the scientific researches carried out to date on the distribution and genetic structure of the populations of the gray wolf, a predatory mammal species under protection in Türkiye, and to reveal the deficiencies in this field. According to researches, it has been stated that the distribution of *C. lupus* in Türkiye largely depends on altitude, richness of prey resources and human impact. The genetic characteristics of gray wolf populations in Türkiye were examined on small samples based on standard molecular markers, and the findings showed that the wolf in Türkiye has high genetic diversity. However, it has been determined that the biocological and genetic information about the species is still very limited and is insufficient to show and monitor the current and future status of the species. Therefore, we suggest that this apex predatory species should be comprehensively studied in the field and laboratory.

Key Words

"Gray wolf, *Canis lupus*, population, distribution, genetic structure, Türkiye"

1. Giriş

Memeliler sınıfı dünyada 6.611 tür ile temsil edilirken, Türkiye’de 175 memeli türü vardır (Özkurt & Bulut, 2020; Seyfi vd., 2021; Golenishchev vd., 2022; Gündüz vd., 2023; ASM, 2024). Carnivora (etçiller) takımına ait Canidae (köpekçiller) familyası 13 cins ve 35 türe sahiptir. *Canis lupus* Linnaeus 1758 (kurt), *Canis* cinsinin günümüzde dünyada yayılış gösteren yedi türünden biridir. Canidae familyasının en büyük ve en güçlü üyesi olan kurt, son derece yüksek uyum yeteneği sayesinde Kuzey Amerika, Avrupa, Orta Doğu ve Asya’nın orman, çalılık, otlak, sulak alanlar, kayalık alanlar (örn. iç kesimlerdeki kayalıklar, dağ zirveleri) ve çöl habitatlarını içeren Kuzey Yarım Küre’nin neredeyse tamamına yayılmıştır (Boitani vd., 2023). Ülkemizde de yaşayan aynı familyanın diğer bir mensubu altın çakal (*Canis aureus*)’a görünüş olarak çok benzerdir ve iki taksonun gençleri sıklıkla karıştırılmaktadır. *Canis lupus* gri kurt veya bozkurt olarak bilinir ve bazı alt türleri siyah, beyaz ve krem rengi tonlarla karakterize edilmektedir. Gri kurt, bölge ve eş bulmak için büyük mesafelere dağılan oldukça hareketli bir etoburdur. *C. lupus*, Bern Sözleşmesi kapsamında Avrupa’da olduğu gibi Türkiye’de de koruma altında olup, avı ülke genelinde yasaklanmış büyük memeli türleri arasındadır (Vila vd., 1999; Harrison & Bates, 1991; Ertürk, 2017; Ay, 2019; Özkurt & Bulut, 2020). Bu çalışmanın amacı, Türkiye’de koruma altında olan büyük memeli türü gri kurdun coğrafik dağılımı ve popülasyonlarının genetik yapısı üzerine bugüne kadar gerçekleştirilen bilimsel araştırmaları ve bu alandaki eksiklikleri ortaya koymaktır.

1.1. Türkiye’deki *Canis lupus* (gri kurt)’un mevcut durumu

Kurt (*Canis lupus*), ekosistemlerin sağlığı için omurgalı popülasyonlarını normal seviyelerde tutmakta oldukça önemli türlerdendir. Bu özelliğiyle kurt ekosistemler için kilit taşı ya da şemsiye gösterge tür olarak tanımlanmaktadır. Türkiye’de sağlıklı bir kurt popülasyonu olduğu bildirilse de doğal alanlarda, özellikle son yıllarda insan faaliyetlerinin artmasına bağlı olarak habitat parçalanması, habitat kaybı, azalan av kaynakları gibi faktörlere bağlı olarak yaşam alanlarının sınırlandırıldığı ve besin bulmalarının zorlaştığı kaydedilmiştir. Kurtların doğal besinlerine erişememeleri ise küçükbaş ve büyükbaş hayvanlara saldırma ve çöplüklere inme gibi insan ilişkili kolay besin kaynaklarına yönelmelerine neden olmaktadır. Kurt dağılımının büyük ölçüde yükseklik, av kaynaklarının zenginliği ve insan etkisine bağlı olduğu belirtilmektedir. Kurtların yüksek dispersal yeteneği sayesinde alan kullanımı ve dağılımının değişken bir yapıda olması türün dağılımının zaman içerisinde bazı bölgelerde farklılık göstermesinin temel nedeni olduğu ve dolayısıyla türün dağılım haritalarının belirli aralıklarla güncellenmesinin gerekliliği ifade edilmektedir. Örneğin türün Anadolu’daki tarihsel yayılışının batı bölümünden neslinin tükendiği biliniyordu. Son zamanlarda yapılan bir çalışma ile Türkiye’nin orta-batı Anadolu bölgesinde yer alan İzmir ili sınırları içerisinde bulunan Yamanlar Önemli Doğa Alanı’nda gerçekleştirilen fotokapan çalışmasında iki bireysel kurt kaydedilmiş ve bu bireylerin kurdun Batı Anadolu’ya yeniden yerleşmesinde çok önemli olabileceği bildirilmiştir (Can, 2001; Buzbaş, 2002; Ertürk, 2017; Arslan vd., 2021; Töke, 2023). *Canis lupus* genellikle 3 ila 5 bireyden oluşan sürüler halinde Türkiye’nin hemen her bölgesinde yayılış göstermektedir. Türkiye’de gri kurtlarla ilgili morfolojik/genetik çalışmalar az ve genellikle bölgeseldir (Aslan, 2016; İbiş vd., 2016; Aksöyek vd., 2017; Ertürk, 2017; Ay, 2019; Ay & Albayrak, 2019; Özkurt & Bulut, 2020; Ay vd., 2023). Özellikle Türkiye’nin kuzeybatı parçası olan Trakya bölgesi ve batı Anadolu’da kurt popülasyonlarına ait genetik bilgi bulunmamaktadır (İbiş vd., 2016; Ertürk, 2017; Ay, 2019). Yapılan çalışmalar türün Anadolu’daki yüksek mitokondriyal ve nükleer DNA çeşitliliğine işaret etmiş olup Kafkas ve Doğu Avrupa kurt popülasyonları ile mevcut ve/veya geçmiş gen akışını önermiştir (İbiş vd., 2016; Ertürk 2016). Ayrıca Ertürk (2016), genomik DNA mikrosatelit lokuslarına dayanarak Anadolu biyocoğrafyasını önemli ölçüde şekillendiren Anadolu Diyagonalı’nın birçok tür için olduğu gibi kurt popülasyon yapısını da düzenlediğini belirtmiştir. Kurtların kürk rengi bölgesel olarak boz, krem, kahve, sarımsı, kıvımsı, gri ve siyah olabilmektedir. Genç ve yetişkin bireylerin sırt rengi biraz farklı olsa da boyundan ve omuzlardan kuyruğa kadar dar bir şerit halinde uzanan yoğun siyah bir renge sahiptir. Karın bölgesi soluk sarı ya da kirli beyazdır (Aslan, 2016; Özkurt & Bulut, 2020; Ay vd., 2023). İlemin (2014) fotokapan çalışmasına dayalı olarak Türkiye’de ilk defa Anadolu’nun kuzeybatı parçasından bir melanistik kurt bireyi kaydetmiştir. Araştırmacı bu bireyin muhtemelen melanistik evcil bir köpekle hibritleşmenin sonucu değil kürk rengini belirleyen alellerinin doğal bir kombinasyonunun sonucu ortaya çıktığını belirtmiştir.

1.2. Genetik yapı

Literatürde Türkiye’deki *Canis lupus* (kurt)’un genetik yapısı üzerine sadece standart moleküler belirteçler kullanılarak gerçekleştirilen çalışmalar bulunmaktadır.

1.2.1. Mitokondriyal COI geni barkodu yoluyla genetik ayrımın tespiti

Bu moleküler belirteçle gerçekleştirilen iki çalışma mevcuttur.

Aksöyek vd. (2017) tarafından yapılan çalışmada mitokondriyal sitokrom oksidaz alt birim I (COI) geninin dizileri DNA barkodlaması ve memeli türlerinin genetik çeşitliliğinin belirlenmesi için kullanılmıştır. Araştırmanın amacı, genetik farklılığı tespit etmek için COI barkodlarının geçerliliğini test etmek ve köpekçiller (altın çakal, gri kurt, kıvımsı tilki) içinde bu belirteçte genetik bir varyasyon olup olmadığını ortaya çıkarmaktır. Türkiye’den toplanan 10 kurt örneğine ait COI barkod dizisi elde edilen çalışmaya göre her üç türün de benzersiz barkod dizilerinin olduğu ve dizilerin hiçbirinin bu türler arasında paylaşılmadığı belirlenmiştir. Ayrıca türler içindeki ve türler arasındaki ortalama dizi farklılıkları sırasıyla %0,61 ve %12,32 olarak tespit edilmiş ve bu sonucunda bazı memeli gruplarında bulunan ortalama farklılık aralıklarına denk geldiği belirtilmiştir. Bu çalışmada bulunan genetik çeşitliliğin daha önceki çalışmalarda bildirilenlerden nispeten daha yüksek olduğu ifade edilmiştir (haplotip çeşitliliği: 0.8333 (%83,33) ve nükleotid çeşitliliği: 0.00154). Ay (2016), Türkiye’deki gri kurtların filogenisinin belirlenmesinde COI geni barkodunun kullanılabilirliğini Orta ve Doğu Anadolu’dan 16 örnekten elde edilen 1400 bp uzunluğundaki sekanslar ile araştırmıştır. Araştırmacı, Türk kurduna ait COI sekans polimorfizmi tespit

etmesine rağmen filogenetik bir çıkarımda bulunmamıştır. Bunun yerine kurt örneklerinin baş iskeletlerine ait lineer metrik ölçümlere dayalı olarak Türkiye'deki *C. lupus*'un farklı coğrafyalardaki popülasyonlarla karşılaştırılması sonucu kurtların aynı genetik kaynaktan köken aldıklarını ve bu anlamda büyük benzerlik gösterdiklerini ifade etmiştir.

1.2.2. Eşey kromozomu genlerine bağlı genetik varyasyon ve eşey tayini belirleme

Gürkan vd. (2023) üç kanid türüne (Türkiye'den altın çakal, kurt ve tilki ve İran'dan tilki) ait örneklerin cinsiyetini belirlemek ve Y-kromozomu üzerindeki Zfy final intron bölgesi dizilerini karşılaştırarak üç tür içinde ve arasında genetik varyasyon olup olmadığını ortaya çıkarmak için Türkiye'den 8 kurt örneğini bu araştırmaya dahil etmişlerdir. Zfx ve Zfy genlerine dayalı cinsiyet belirleme testi sonucunda erkeklerde iki spesifik DNA bandı, dişilerde ise bir DNA bandı tespit edilmiştir. Bant desenleri açısından dişiler ve erkekler arasında açıkça farklılıklar olduğu ifade edilmiştir. Üç kanid türüne ait elde edilen kısmi Zfy gen dizileri birlikte analiz edildiğinde, her kanid türünün dizileri arasında herhangi bir varyasyon bulunmadığı ve üç tür arasında hiçbir haplotipin paylaşılmadığı belirtilmiştir. Kısmi dizilenen Zfy final intron bölgesi yüksek oranda korunan bir bölge olduğu için türlerin örnekleme alanları boyunca her bir tür için filocoğrafik yapı gözlenmemiştir. Bu sonucun, kanid türlerinin dağılım alanları boyunca Y-kromozomu'ndaki genetik varyasyonu muhtemelen homojenleştiren erkek birey dağılımının neden olduğu gen akışından kaynaklanmış olabileceğine işaret edilmiştir.

1.2.3. Mitokondriyal DNA D-Loop bölgesi (ya da kontrol bölgesi) sekanslarına dayalı genetik analizler

Bu belirteçle ilgili literatürde iki çalışma mevcuttur.

Vila vd. (1999) dünya çapındaki gri kurt örnekleminde elde ettikleri mitokondriyal kontrol bölgesi dizi verilerine dayanarak türün filocoğrafyasını ve popülasyon tarihini analiz etmişlerdir. Bu çalışmaya orijini bilinmeyen 2 Türk kurdu dahil edilmiş ve Türk örneklerden bir haplotip edildiği bildirilmiştir. Bununla beraber Türkiye'deki haplotipin en geniş dağılımlı haplotip olduğu ve Portekiz, Hırvatistan, Yunanistan, İsveç ve Batı Rusya ile paylaşıldığı belirtilmiştir. Türk kurdunun Asya, Avrupa ve Orta Doğu örnekleri ile aynı filogenetik grupta yer aldığı ifade edilmiştir. İbiş vd. (2016) Türkiye'deki bozkurtların genetik çeşitliliğini belirlemek ve filogenetik ilişkilerini ortaya koymak için Anadolu'nun orta ve doğu bölgelerinden 12 kurt örneği kullanmıştır. Araştırmacılar kurtlar arasında yedi D-loop haplotipi (332 bç) bulduklarını ve dizileri Avrasya'dan GenBank'ta kayıtlı dizilerle karşılaştırdıklarında ise beş Türk haplotipinin türün yayılış aralığındaki Avrasya'nın diğer bölgelerinden belirli dizilerle paylaşıldığını, iki haplotipin ise Türkiye kurtları için eşsiz olduğunu ifade etmişlerdir. Paylaşılan haplotiplerin Türkiye ve diğer bölgelerdeki gri kurtların aynı gen havuzundan orijinlendiğini işaret edebileceğini belirtmişlerdir. Ayrıca Türkiye'deki kurtlarda genetik varyasyonun yüksek olduğu bildirilmiştir (haplotip çeşitliliği: 0.8788 ve nükleotit çeşitliliği 0.01392). Filogenetik ağaç ve haplotip networkünün Türk kurtları için açık bir coğrafik model önermediğini, paylaşılan haplotiplerin ortaya koyduğu farklı dağılım alanlarından kurtların mevcut ve/veya geçmiş gen akışlarına sahip oldukları ve aynı gen havuzundan ortaya çıktıkları hipotezine paralel olarak, Türk kurtları ile Avrupa, Asya ve Orta Doğu kurtları arasında kökenleştiği işaret ettiğini bildirmişlerdir. Bu çalışma ile Türk kurtlarının yüksek genetik çeşitliliğini doğrulamak ve filocoğrafyasını aydınlatmak için mitokondriyal ve nükleer DNA belirteçleri birlikte kullanılarak yürütülecek çok lokuslu bir çalışma gerekliliği ifade edilmiştir.

1.2.4. Türkiye geneline dağılmış popülasyonların genetik yapılarının mikrosatellit DNA işaretleri kullanılarak araştırılması

Ertürk (2017), kurt genetikleri üzerine Türkiye genelini nispeten temsil eder nitelikteki yegâne çalışmadır. Bu araştırma ile mevcut kurt popülasyonlarını nispeten temsil edebilecek sayı ve nitelikte farklı bölgelerdeki kurtlardan elde edilen 35 farklı DNA örneğinin 12 mikrosatellit lokusu üzerinde genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri gerçekleştirilmiştir. Anadolu'yu diyagonal olarak kuzey ve güney olmak üzere iki parçaya bölen ve böylece Anadolu biyocoğrafyasını önemli ölçüde şekillendiren Anadolu Diyagonalı'nın birçok omurgasız ve omurgalı tür için olduğu gibi kurt popülasyon yapısı üzerinde de etkili olduğu çeşitli popülasyon genetiği analizleri ile gösterilmiştir. Genetik farklılığın sadece kuzey ve güney popülasyonları arasında olmadığı, aynı zamanda kuzey popülasyonunun kendi içinde de bir genetik farklılaşma olduğu belirtilmiştir. Araştırmacı kuzey ve güney popülasyonlarının alel zenginliği bakımından benzer olduğunu, bu durumun ise Türkiye'de yeterli miktarda gen akışına sahip popülasyon veya popülasyonların bulunduğu göstergesi olduğunu ifade etmiştir. Ayrıca kuzey popülasyonunda bulunan bazı özel alellerin güney popülasyonundan elde edilen örneklerde bulunmadığı ve bu durumun da iki popülasyon arasında gen akışını bir miktar sınırladığı belirtilmiştir. Araştırmacı bulunan özgün alel frekanslarına göre Anadolu Diyagonalı'nın kuzeyinde ve güneyinde bulunan popülasyonlar arasındaki gen akışının devam ettiğini ancak diyagonalin burada gen akışını sınırlayıcı bir rol üstlendiğini ifade etmiştir. Varsayımsal bu iki popülasyonun heterozigotluk değerleri incelendiğinde beklenen (He) ve gözlenen (Ho) heterozigotluk değerleri arasında önemli bir fark gözlenmediği ve bu durumun Türkiye'de geniş bir dağılıma sahip olan türün mevcut popülasyonları arasında yeterli düzeyde gen akışının gerçekleştiğine işaret edildiği belirtilmiştir. Bu sonucun ise kurtların geniş alan kullanımı ve sürekli dinamik bir yapıdaki dağılımından ileri geldiği ifade edilmiştir. Her iki popülasyonun mevcut genetik farklılaşmaları uygulanan F istatistiği ile test edilmiş ve Hardy Weinberg dengesinden olası sapmalar incelenmiştir. Popülasyonlar FIS değeri üzerinden kendi içlerinde sorgulandıklarında güney popülasyonunda anlamlı bir sapma görülmezken, kuzey popülasyonunun kendi içinde farklılaştığı gözlenmiştir. Bu durum varsayımsal bir bariyer olarak nitelendirilen Anadolu Diyagonalı'nın dışında kuzey popülasyonunda başka mekanizmaların da devrede olduğuna bir işaret olabileceği ifade edilmiştir. FST değeri analizleri sonucunda kuzey ve güney popülasyonları arasında istatistiksel olarak yüksek derecede anlamlı bir farklılık olduğu bildirilmiş, Faktöriyel Birleşim Analizi sonucuna göre ise güney ve kuzey popülasyonlarından gelen bireylerden alınan örneklerin belirgin bir şekilde ayrıştığı, kuzey popülasyonunda yer alan ve İç Anadolu bölgesinden elde edilen üç bireyin ayrıca kendi içinde konumlandığı belirtilmiştir. Bu durum F istatistiği analizlerinde ortaya çıkan kuzey popülasyonundaki görünümü destekler niteliktedir. Yine bu analizde Ankara'dan gelen bir örneğin gösterdiği büyük farklılaşmadan dolayı bu örneğin büyük olasılıkla hibrit bir bireye ait olduğu, sapma gösteren bir İstanbul ve bir Gaziantep örneğinin

de hibrit olabileceği bildirilmiştir. Ancak, bu bireylerde hibritlik işareti olabilecek fenotipik bir farklılıktan bahsedilmemiştir. Gerçekleştirilen popülasyon genetiği çalışmalarının sonuçları genel olarak değerlendirildiğinde, bu kapsamda daha detaylı bilgiler elde etmek için daha fazla kurt örneği üzerinde farklı genetik işaretlerin de analize katılarak mevcut farklılaşmanın farklı açılardan analiz edilmesi gerekliliği bildirilmiştir.

2. Sonuç

Küresel sıcaklık artışı ve yoğun habitat kaybı/daralması karşısında Türkiye kurt popülasyonlarının korunmasına katkı sağlayacak genetik yapı ve dağılım modelleme çalışmaları yeterli değildir. Diğer taraftan yukarıda belirttiğimiz olumsuz faktörlerle birlikte son zamanlarda çakal ve serbest dolaşan köpekler gibi akraba taksonların popülasyonlarındaki artış ve yayılış alanlarının genişlemesi nedeniyle bu üç takson arasında daha sık görülen introgresyonlar (hibritleşmeler) kurtların genetik bütünlüğünü tehdit eder niteliktedir.

Türkiye'deki gri kurdun nispeten yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu ortaya çıkarılmasına rağmen filocoğrafyası kapsamlı olarak çalışılmamıştır. Küçük örneklerle gerçekleştirilen mtDNA çalışmalarına göre Türkiye'den farklı haplotipler bildirilmiş ve Avrasya'nın diğer coğrafik bölgeleri ile karşılaştırıldığında iki eşsiz haplotip tespit edilmiştir. Haplotipler arasındaki mutasyon oranlarının fazlalığının (kontrol bölgesinin korunumlu olmaması nedeniyle) filogenetik ağaçların çözücü gücünü azalttığı belirtilmiştir (İbiş vd., 2016). Açık bir filogenetik ilişki ya da model ortaya koymak için ilave analizlere ve Türk kurt popülasyonlarına ait daha büyük örneklem ihtiyacı vardır. Bu bağlamda tüm genom sekanslama yöntemleri kullanarak güçlü filogenetik ağaçlar oluşturulabilir.

Ertürk (2017) tarafından yapılan çalışma kurtlar üzerine Türkiye genelini temsil eder nitelikteki yegâne genetik çalışma olmasına rağmen, kullanılan örneklem büyüklüğü ve yapılan analizler bakımından karşılaştırmalar yapmak ve gerektiğinde koruma önlemleri alabilmek için gerekli bilgileri sağlama konusunda yeterli değildir. Araştırmada Ankara, İstanbul ve Gaziantep'ten birer adet örneğin gösterdiği büyük farklılaşma bu örneklerin muhtemelen hibrit bireyler olduğunu düşündürmüştür. Bu tür çıkarımların yapılabilmesi için ya da hibrit bireylerin açık genetik yapısını öğrenebilmek için genom çapında bir genotiplendirmeye imkân tanıyan modern moleküler belirteçlerin kullanılması daha yararlı olacaktır. Hibrit bireylerin bu yaklaşımla tespiti kurtların genetik bütünlüğünü koruma ve gelecekteki adaptasyonlarını değerlendirmeye yönelik çalışmalarda etkili şekilde kullanılabilir. Bununla beraber hibrit bireyleri belirleme konusunda hayvanların sıra dışı fenotipik farklılıklarının tespit edilmesi de çok önemlidir.

Ambarlı vd. (2016) ve Mengüllüoğlu vd. (2019) tarafından yaban domuzlarının ve toynaklı hayvanların kurdun ana avı olduğu belirtilmiştir. Özellikle son yıllarda yaban domuzlarının dağılımlarını önemli derecede genişlettikleri üzerine bilgiler (Demirbaş vd., 2016) kurtların nispeten yaban domuzu popülasyonlarının denetimi üzerinde (sayılarını düzenleyerek) görev yapamadıklarının bir göstergesi olarak düşünülebilir. Ayrıca Ambarlı vd. (2016) bitişik kurt sürüleri arasında sürekli olarak gen akışlarının gerçekleştiğini, bu açıdan bakıldığında bitişik sürüler arasındaki habitat sürekliliğinin devam eden gen akışını sağlamak için çok önemli bir faktör olduğunu belirtmişlerdir. Özellikle orman habitatlarının parçalanmasının Türkiye'deki kurt popülasyonunun azalmasına yol açan en büyük tehditlerden biri olduğu araştırmacılar tarafından vurgulanmaktadır. Dolayısıyla kurtlara yönelik koruma eylemlerinin diğer bir yönü de bu bağlantı koridorlarının tespiti ve kurulması üzerine yapılacak biyoekolojik çalışmaların ele alınması olmalıdır. Ayrıca kapsamlı arazi ve tür dağılım modelleme çalışmaları ile kurdun Trakya ve Anadolu dağılımları güncel olarak yeniden belirlenmelidir.

Teşekkür

Bu çalışma Burak Ölmez'in Yüksek Lisans tezinin bir parçasıdır ve Kırıkkale Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon birimi tarafından desteklenmiştir (Proje No: BAP-2022/114).

Referanslar

Aksöyek, E., İbiş, O., Özcan, S., Moradi, M. & Tez, C. (2017). DNA barcoding of three species (*Canis aureus*, *Canis lupus* and *Vulpes vulpes*) of Canidae. *Mitochondrial DNA Part A*, 28 (5), 747–755.

Ambarlı, H., Ertürk, A., & Soyumert, A. (2016). Current status, distribution, and conservation of brown bear (Ursidae) and wild canids (gray wolf, golden jackal, and red fox; Canidae) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 40 (6), 944-956.

Arslan, Ş., Akyol, A., & Mengüllüoğlu, D. (2021). The comeback of wolves in mid-western Anatolia. *Canid Biology & Conservation*, 23 (5), 18-19.

Aslan, İ. (2016). Elâzığ, Erzincan ve Tunceli illerinde yayılış gösteren *Canis lupus* (Linnaeus, 1758) popülasyonlarının kafatası kemiklerinin taksonomik açıdan incelenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Fırat Üniversitesi, Elâzığ.

ASM, Mammal Diversity Database. <https://www.mammaldiversity.org>. doi 10.5281/zenodo.4139722. Son erişim tarihi: 5 Ocak 2024.

- Ay, E.Y. (2019). Türkiye'deki *Canis lupus*'un (L., 1758) (Mammalia: Carnivora) Taksonomisi ve Biyoekolojisi. Doktora Tezi. Kırıkkale Üniversitesi, Kırıkkale.
- Ay, E.Y., & Albayrak, İ. (2019). On tooth anomalies and the loss of *Canis lupus* (Mammalia: Carnivora) in Turkey. Turkish Journal of Zoology, 43, 592-597.
- Ay, E.Y., Albayrak, İ., & Kitchener, A.C. (2023). Pelage coloration and hair structure of the grey wolf (*Canis lupus*) in Turkey. Acta Biologica Turcica, 36 (1), 1-6.
- Boitani, L., Phillips, M., & Jhala, Y. (2023). *Canis lupus* (amended version of 2018 assessment). The IUCN Red List of Threatened Species 2023: e.T3746A247624660. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2023-1.RLTS.T3746A247624660.en>. Accessed on 04 January 2024.
- Buzbaş, E.Ö. (2002). Gri kurtun (*Canis lupus*) Doğu Trakya yöresindeki aktivitesi, yoğunluğu ve diyeti. Yüksek Lisans Tezi. Boğaziçi Üniversitesi, İstanbul.
- Can, Ö.E. (2001). Kurt (*Canis lupus* L. 1758) ayı (*Ursus arctos* L. 1758) ve vaşak (*Lynx lynx* L. 1758) türlerinin Türkiye'deki son durumları ve etkili koruma programları için öneri. Yüksek Lisans Tezi. Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Ankara.
- Demirbaş, Y., Koca, A. Ö., Pamukoğlu, N., Sert, H., & Suchentrunk, F. (2016). Mitochondrial DNA control region variability of wild boar *Sus scrofa* with various external phenotypes in Turkey. Turkish Journal of Zoology, 40 (6), 957-971.
- Ertürk, A. (2017). Anadolu *Canis lupus* L.1758 (kurt) türünün alansal ekolojisi ve populasyon yapısının araştırılması. Doktora Tezi. Hacettepe Üniversitesi, Ankara.
- Gündüz, İ., Demirtaş, S., Silsüpür, M., Özmen, M., Polly P.D., & Bilton, D.T. (2023). Notes from the Anatolian underground: two new mole taxa from Eastern Turkey, together with a revised phylogeny of the genus *Talpa* (Mammalia: Eulipotyphla: Talpidae). Zoological Journal of the Linnean Society, 199 (3), 567-593. <https://doi.org/10.1093/zoolinnea/zlad049>
- Gürkan, O.F., Ibis, O., Ozcan, S., Tez, D.C., Gharakhloo, M.M., & Tez, C. (2023). Genetic variation in Zfy final intron region on Y-chromosome of *Canis aureus*, *Canis lupus* and *Vulpes vulpes* and sex determination for samples of three canid species. Turkish Journal of Biodiversity, 6 (1), 1-13. <https://doi.org/10.38059/biodiversity.1253563>.
- Golenishchev, F. N., Malikov, V. G., Bannikova, A. A., Zykov, A. E., Yiğit, N., & Çolak, E. (2022). Diversity of snow voles of the "nivalis" group (*Chionomys*, Arvicolinae, Rodentia) in the eastern part of the range with a description of a new species. Russian Journal of Theriology, 21(1), 1-12.
- Harrison, D.L., & Bates, P.J.J. (1991) The Mammals of Arabia. Harrison Zoological Museum, England.
- İbiş, O., Aksöyek, E., Özcan, S., Keten, A., Yorulmaz, T., & Tez, C. (2016). Genetic analysis of the Turkish gray wolf (*Canis lupus*) based on partial mitochondrial DNA sequences. Vertebrate Zoology, 66 (3), 427-435.
- İlemin, Y. (2014). A camera trapping survey reveals a melanistic grey wolf (*Canis lupus*) in an unusual habitat in Turkey (Mammalia: Carnivora). Zoology in the Middle East, 60 (1), 1-5. <https://doi.org/10.1080/09397140.2014.892299>
- Mengüllüoğlu, D., İlaslan, E., Emir, H., & Berger, A. (2019). Diet and wild ungulate preferences of wolves in northwestern Anatolia during winter. PeerJ, 7: e7446 <http://doi.org/10.7717/peerj.7446>
- Özkurt, Ö. & Bulut Ş. (2020). Türkiye Memelileri. Panama Yayıncılık, Ankara.
- Seyfi, E., Bulut, Ş., & Karataş, A. (2021). Türkiye'nin Tehlike Altındaki memeli Türleri. Doğanın Sesi, 4 (7), 54-72.
- Töke, M. (2023). Bozayı (*Ursus arctos*) ve kurt (*Canis lupus*)'un Sakarya'daki populasyonlarının aktivite örüntüsü ve habitat kullanımı. Yüksek Lisans Tezi. İstanbul Üniversitesi, İstanbul.
- Vilà, C., Amorim, I. R., Leonard, J. A., Posada, D., Castroviejo, J., Petrucci-Fonseca, F., ... & Wayne, R. K. (1999). Mitochondrial DNA phylogeography and population history of the grey wolf *Canis lupus*. Molecular Ecology, 8 (12), 2089-2103. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00825.x>