

**ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΘΕΣΣΑΛΙΑΣ**  
**ΣΧΟΛΗ ΓΕΩΠΟΝΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ**  
**ΤΜΗΜΑ ΓΕΩΠΟΝΙΑΣ, ΙΧΘΥΟΛΟΓΙΑΣ ΚΑΙ ΥΔΑΤΙΝΟΥ**  
**ΠΕΡΙΒΑΛΛΟΝΤΟΣ**

**ΠΡΟΠΤΥΧΙΑΚΗ ΔΙΠΛΩΜΑΤΙΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ**

**«Φυλογενετική ανάλυση των μηστακοκητών με τη χρήση μιτοχονδριακού DNA»**

**Ρεκλείτη Ανθή**

**ΙΟΥΝΙΟΣ 2022**

**ΒΟΛΟΣ**

**«Φυλογενετική ανάλυση των μηστακοκητών με τη χρήση μιτοχονδριακού DNA »**

**Τριμελής Εξεταστική Επιτροπή**

**Γεώργιος Γκάφας:** Μόνιμος Επίκουρος Καθηγητής, Μοριακή Βιολογία της Διατήρησης Θαλάσσιων Θηλαστικών και Ιχθυοαποθεμάτων, Τμήμα Γεωπονίας Ιχθυολογίας και Υδάτινου Περιβάλλοντος, Σχολή Γεωπονικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, **Επιβλέπων.**

**Δημήτριος Βαφείδης:** Καθηγητής, Βιοποικιλότητα των Θαλάσσιων Βενθικών Ασπονδύλων και άμεση – έμμεση χρησιμότητά τους, Τμήμα Ιχθυολογίας και Υδάτινου Περιβάλλοντος, Σχολή Γεωτεχνικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας.

**Αθανάσιος Εξαδάκτυλος:** Καθηγητής, Γενετική Υδρόβιων Ζωϊκών Οργανισμών, Τμήμα Ιχθυολογίας και Υδάτινου Περιβάλλοντος, Σχολή Γεωτεχνικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας.

## ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΑ

ΠΕΡΙΛΗΨΗ.....	
1.ΕΙΣΑΓΩΓΗ.....	1
1.1.Κητώδη.....	1
1.2.Ποικιλομορφία Μυστακοκητών.....	2
1.3 Οικογένειες Μπαλενοφόρων Φαλαινών.....	3
1.3.1. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας <i>Balaenidae</i> .....	3
1.3.2. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας <i>Balaenopteridae</i> .....	4
1.3.3. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας <i>Eschrichtiidae</i> .....	7
1.3.4. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας <i>Neobalaenidae</i> .....	8
1.4. Συσχετισμός.....	8
1.5. Έρευνες.....	9
1.6. Περιγραφή Φυλογενετικών Δέντρων .....	11
1.6.1.Ανάλυση Φυλογενετικών δέντρων .....	11
1.7. COI- D-LOOP.....	12
1.8. Υπόθεση Εργασίας.....	13
2. ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ.....	14
2.1. Συλλογή Δειγμάτων (NCBI).....	14
2.2.Στατιστική Ανάλυση (MrBayes).....	14
2.3. Γενετικές Αποστάσεις των Ειδών .....	16
3. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ.....	16
3.1.Φυλογενετικά δέντρα .....	16
3.1.1. Φυλογενετικό δέντρο: COI.....	18
3.1.2. Φυλογενετικό δέντρο: D-loop .....	21
3.1.3. Φυλογενετικό δέντρο: COI & D-loop .....	23
3.2. Πίνακες γενετικών αποστάσεων .....	25
3.3. Ανάλυση των Γενετικών Αποστάσεων των ειδών .....	28
4.ΣΥΖΗΤΗΣΗ-ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ .....	29
4.1. Σύγκριση των φυλογενετικών δέντρων .....	30
4.1.1. Σύγκριση COI με D-loop .....	30
4.1.2. Σύγκριση COI με COI & D-loop .....	31
4.1.3. Σύγκριση D-loop με COI & D-loop.....	33

ABSTRACT .....	37
ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ .....	39

## ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Με βάση τις νουκλεοτιδικές αλληλουχίες των μιτοχονδριακών γονιδίων COI και D-loop, φυλογενετική ανάλυση των 8 μπαλενοφόρων φαλαινών των οικογενειών *Balaenidae* (*Balaena mysticetus* & *Eubalaena glacialis*) και *Balaenopteridae* (*Balaenoptera musculus*, *Balaenoptera acutorostrata*, *Balaenoptera bonaerensis*, *Balaenoptera borealis*, *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus*) καθώς και του είδους *Orcinus orca* το οποίο χρησιμοποιήθηκε σαν είδος εκτός ομάδας (outgroup), διεξήχθη για να διευκρινιστεί η ταξινομική τους κατάσταση, η γενετική διακύμανση, διαφοροποίηση αλλά και η συγγένεια τους. Η ανάλυση έδειξε ότι υπήρχαν διαφορές στα είδη ανάλογα τις αλληλουχίες των γονιδίων. Πιο συγκεκριμένα, έχοντας λάβει τα δεδομένα των νουκλεοτιδίων από το NCBI, δημιουργήθηκαν τρία φυλογενετικά δέντρα. Ένα δέντρο με βάση την περιοχή COI, ένα δεύτερο δέντρο με βάση την περιοχή D-loop και ένα για τα δύο μαζί (COI&D-loop). Στη συνέχεια πραγματοποιήθηκε ανάλυση μέσω του προγράμματος MEGA για την εύρεση των γενετικών αποστάσεων μεταξύ των ειδών που μελετήθηκαν. Τα αποτελέσματα λοιπόν που προέκυψαν, έδειξαν πως στο δέντρο COI, πιο στενά συνδεδεμένα είναι τα είδη *Balaena mysticetus* και *Eubalaena glacialis* καθώς αυτό ήταν το αναμενόμενο αφού ανήκουν και τα δύο στην οικογένεια *Balaenidae*. Επιπλέον, τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* βρίσκονταν στην ίδια μονοφυλετική ομάδα όπως και τα είδη *Balaenoptera acutorostrata* και *Balaenoptera bonaerensis*. Περίεργο όμως, είναι το γεγονός πως το είδος *Balaenoptera musculus* βρέθηκε να έχει περισσότερα κοινά γονίδια με το είδος *Balaenoptera acutorostrata* (2<sup>η</sup> αλληλουχία) από ότι το είδος αυτό με το ομόλογό του. Παρόλα αυτά, επιβεβαιώθηκε σύμφωνα με την ανάλυση των γενετικών αποστάσεων. Όσον αφορά το δέντρο D-loop, τα αποτελέσματα ήταν σχεδόν ίδια, με τις διαφορές πως το είδος της γαλάζιας φάλαινας ήταν εντελώς διαφορετικά κατανεμιμένο μέσα στο δέντρο αλλά και

ότι πλέον, τα είδη *Balaenoptera bonaerensis* και *Balaenoptera acutorostrata* βρίσκοντας στο ίδιο μονοφυλετικό γκρουπ, όπως ήταν αναμενόμενο εξ αρχής. Τέλος, στο τελευταίο δέντρο που δημιουργήθηκε με βάση και τις δύο περιοχές (COI & D-loop), τα αποτελέσματα ήταν σχεδόν ίδια με αυτά του πρώτου δέντρου με μόνη διαφορά τη διαφορετική τοποθέτηση του είδους *Balaenoptera borealis*. Όλα τα παραπάνω αποτελέσματα συσχετίστηκαν με όμοιες έρευνες και έδειξαν παρόμοια αποτελέσματα για τις γενετικές αποστάσεις αλλά και τις θέσεις των ειδών στα φυλογενετικά δέντρα.

**Λέξεις κλειδιά:** Φυλογενετικό, φάλαινα, μυστακοκύτος, *Balaenidae*, *Balaenopteridae*,

## 1.ΕΙΣΑΓΩΓΗ

### 1.1.Κητώδη

Τα **κητώδη** εξελίχθηκαν για να γίνουν η κυρίαρχη ομάδα θαλάσσιων θηλαστικών, με τα υψηλότερα επίπεδα ταξινομικής και οικολογικής ποικιλότητας, καθώς και το μεγαλύτερο γεωγραφικό εύρος. Εξελίχθηκαν από μια ομάδα χερσαίων προγόνων της τάξης των *Archaeoceti* πριν από περίπου 50 εκατομμύρια χρόνια (Beta, 2012) . Οι πλησιέστεροι εν ζωή συγγενείς τους είναι οι ιπποπόταμοι και τα μηρυκαστικά με τη μόνη διαφορά πως είναι σαρκοφάγα.

Τα κητώδη είναι η μεγαλύτερη ομάδα θαλάσσιων θηλαστικών που περιλαμβάνουν φάλαινες, δελφίνια και φώκαινες. Από όλα τα άλλα θαλάσσια θηλαστικά, τα κητώδη και οι μανάτοι, έχουν κάνει την πιο πλήρη μετάβαση στην υδρόβια ζωή, ενώ τα περισσότερα θαλάσσια θηλαστικά επιστρέφουν στην ξηρά για τουλάχιστον ένα μέρος της ζωής τους, τα κητώδη περνούν όλη τους τη ζωή μέσα στο νερό. Τα σώματά τους είναι υδροδυναμικά και μοιάζουν πολύ με αυτά των ψαριών. Αυτό είναι ένα εξαιρετικό παράδειγμα συγκλίνουσας εξέλιξης, κατά την οποία διαφορετικά είδη αποκτούν παρόμοιες δομές σώματος επειδή έχουν παρόμοιους τρόπους ζωής. Σε αντίθεση όμως με τα ψάρια, τα κητώδη αναπνέουν αέρα και πεθαίνουν από ασφυξία αν εγκλωβιστούν κάτω από το νερό. Όπως τα ψάρια, έτσι και τα κητώδη έχουν ραχιαίο πτερύγιο, καθώς η ουρά τους είναι αρκετά μυώδης και καταλήγει σε ουραίο λοβό. Όπως προαναφέρθηκε, διαθέτουν λιπόστρωμα το οποίο παρέχει μόνωση και πλευστότητα, ενώ το τριόχωμα του σώματος είναι πρακτικά ανύπαρκτο (Davies ,2016). Τα ρουθούνια των κητωδών διαφέρουν από των άλλων θηλαστικών, καθώς δεν βρίσκονται στο πρόσθιο μέρος της κεφαλής, αλλά στο επάνω μέρος της σχηματίζοντας μονό ή διπλό άνοιγμα το οποίο λέγεται οπή εκπνοής.

Παγκοσμίως υπολογίζεται πως υπάρχουν 86 είδη κητωδών, όπου περιλαμβάνουν πολλά είδη δελφινιών και φαλαινών (Perrin, 2022). Ο διαχωρισμός τους γίνεται σε δύο υφομοταξίες, τα Μυστακοκήτη και τα Οδοντοκήτη.

## 1.2.Ποικιλομορφία Μυστακοκητών

Η ποικιλομορφία που υπάρχει σήμερα τόσο στην πανίδα όσο και στη χλωρίδα του πλανήτη, είναι αξιοθαύμαστη καθώς δεν υπάρχουν άτομα ίδιου ή διαφορετικού είδους που να είναι ακριβώς όμοια. Υπάρχουν σημαντικές διαφορές σε όλους τους οργανισμούς, όπως είναι το μέγεθος, το χρώμα, η φυσιολογία, η συμπεριφορά και πολλές ακόμα (Hartl, D. L and A. G. Clark, 2007).

Τα μυστακοκήτη ή μπαλενοφόρες φάλαινες, είναι πολύ λιγότερες σε αριθμό σε σχέση με τα οδοντοκήτη, καθώς υπάρχουν μόνο 14 είδη φαλαινών, που ανήκουν σε 4 οικογένειες. Η οικογένεια των *Balaenopteridae* (γνωστή και ως rorquals), διαθέτει το μεγαλύτερο αριθμό ειδών συμπεριλαμβανομένης και της γαλάζιας φάλαινας (*Balaenoptera musculus*), το μεγαλύτερο σπονδυλωτό που έχει υπάρξει ποτέ. Η οικογένεια *Balaenidae* περιλαμβάνει μεταξύ άλλων και τις φάλαινες του Βόρειου Ατλαντικού (*Eubalaena glacialis*), τις φάλαινες του Βόρειου Ειρηνικού (*Eubalaena japonica*) και τις φάλαινες του Νότου (*Eubalaena australis*). Άλλες μπαλενοφόρες φάλαινες είναι οι πυγμαίες φάλαινες (*Caparea marginata*) και οι γκρι φάλαινες (*Eschrichtius robustus*).

Γενικά τα μυστακοκήτη υπάρχουν σε όλους τους ωκεανούς και ονομάζονται έτσι διότι φέρουν πλάκες από κερατίνη στο άνω μέρος της γνάθου με τη βοήθεια των οποίων, φιλτράρουν την τροφή από μεγάλες ποσότητες νερού που έχουν λάβει (Fudge et al.. 2009).



Στην παρούσα οικογένεια, οι θηλυκές φάλαινες έχουν την τάση να είναι μεγαλύτερες από τις αρσενικές του ίδιου είδους, το οποίο αποτελεί παράδειγμα σεξουαλικού διμορφισμού.

### 1.3 Οικογένειες Μπαλενοφόρων Φαλαινών

Τα Μυστακοκήτη, όπως αναφέρθηκε παραπάνω, ανήκουν στην τάξη των Κητωδών.

Στη υπόταξη των Μυστακοκητών ανήκουν οι εξής οικογένειες:

- *Balaenidae*:
- *Balaenopteridae*:
- *Eschrichtiidae*:
- *Neobalaenidae*:

#### 1.3.1. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας *Balaenidae*

Στην παρούσα οικογένεια, τα ενήλικα άτομα φτάνουν περίπου τα 17 μέτρα και ζυγίζουν 50-80 τόνους. Το βασικό χαρακτηριστικό της οικογένειας είναι η στενή, τοξωτή άνω γνάθος, η οποία δίνει στο ζώο μια βαθιά κυρτή μορφή στη γνάθο. Επιπλέον, διαθέτουν εξαιρετικά μεγάλα κεφάλια σε σύγκριση με το υπόλοιπο σώμα τους, φτάνοντας το 40% του συνολικού μήκους τους καθώς επίσης, έχουν κοντά και φαρδιά πτερύγια, ενώ το ραχιαίο πτερύγιο απουσιάζει.

Οικογένεια: *Balaenidae*

Γένος: *Balaena*

- Τοξοκέφαλη Φάλαινα, *Balaena mysticetus*

Γένος: *Eubalaena*

- Φάλαινα του Βόρειου Ατλαντικού, *Eubalaena glacialis*

- Φάλαινα του βόρειου Ειρηνικού, *Eubalaena japonica*
- Μαύρη φάλαινα του νότου, *Eubalaena australis*

Η **τοξοκέφαλη φάλαινα**, είναι σκουρόχρωμη και διαθέτει λευκό πηγούνι (κάτω γνάθο) και ένα τριγωνικό κρανίο που τη βοηθάει να σπάει τον πάγο που διαπερνάει, διότι ο μόνιμος τόπος που κατοικεί είναι τα Αρκτικά και υποαρκτικά νερά. Επιπλέον, ζυγίζει περίπου 80-100 τόνους και το συνήθες μήκος της φτάνει περίπου έως 20 μέτρα (Foote A.D. et al., 2013).

Η **φάλαινα του Βόρειου Ατλαντικού**, έχει χρωματισμό γκρι και μαύρο και έχει μεγάλο κεφάλι και φαρδιά πλάτη. Το μέγεθός της κυμαίνεται από 13-16 μέτρα και το βάρος της 40.000-70.000 κιλά καθώς το μέγιστο μέγεθος κατάδυσής της είναι 16 μέτρα (Schmidly D.J. and Würsig B, 2009). Σύμφωνα με έρευνες οι δύο πληθυσμοί του είδους βρίσκονται στα Ανατολικά και Δυτικά του Βόρειου Ατλαντικού [Στενό της Δανίας, ΝΑ ΗΠΑ, μεγάλο νότιο κανάλι (Great South Channel), στον Όρμο στη Μασαχουσέτη(Cape Cod Bay), στον Κόλπο Φούντι (Bay of Fundi) και ΝΔ της Νέας Σκοτίας (Bay of Roseway Basin)] (Silva M.A. et al., 2012).

### 1.3.2. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας *Balaenopteridae*

Τα περισσότερα είδη της οικογένειας αυτής έχουν μια σειρά από διαμήκεις πτυχές δέρματος οι οποίες εκτείνονται κάτω από το στόμα έως και τον ομφαλό. Τα αυλάκια αυτά χρησιμεύουν στη διαστολή του στόματος για την ευκολία σύλληψης μεγάλης ποσότητας τροφής. Κάποια είδη της οικογένειας όπως οι γαλάζιες φάλαινες έχουν ένα πιο απλοποιημένο σχήμα και διαθέτουν στενά και επιμήκη πτερύγια. Επίσης φέρουν ραχιαίο πτερύγιο που βρίσκεται περίπου στα δύο τρίτα της πλάτης.

Οικογένεια: *Balaenopteridae*

Γένος: *Balaenoptera*

Είδη:

- Πτεροφάλαινα, *Balaenoptera physalus*
- Πτεροφάλαινα του βορρά, *Balaenoptera physalus physalus*
- Πτεροφάλαινα του νότου, *Balaenoptera physalus quoyi*
- Φάλαινα της ανταρκτικής, *Balaenoptera borealis*
- Φάλαινα του Μπράντ, *Balaenoptera edeni*
- Φάλαινα του Έντεν, *Balaenoptera edeni edeni*
- Φάλαινα του Ράις, *Balaenoptera ricei*
- Γαλάζια φάλαινα, *Balaenoptera musculus*
- Πυγμαία γαλάζια φάλαινα, *Balaenoptera musculus brevicauda*
- Ρυγχοφάλαινα, *Balaenoptera acutorostrata*
- Ρυγχοφάλαινα της Ανταρκτικής, *Balaenoptera bonaerensis*
- Φάλαινα του Ομούρα, *Balaenoptera omurai*

Γένος: *Eschrichtius*

Είδη:

- Γκρι φάλαινα, *Eschrichtius robustus*

Γένος: *Megaptera*

Είδη:

- Μεγάπτερη φάλαινα, *Megaptera novaeangliae*

Η **πτεροφάλαινα**, υπάρχει σε όλους τους ωκεανούς εκτός από τον Αρκτικό (Σβάλμπαρντ, Θάλασσα Μπάρεντς, Βόρεια Καρολίνα, Πορτογαλία, Θάλασσα Κανταβρίας,

Νέα Γη, Κόλπος του Μεξικού, Μεγάλες Αντίλλες, Νησιά Φερόες, Νορβηγία, Κανάρια Νησιά, Θάλασσα του Οχότσκ, Νήσοι Κουρίλ, Θάλασσα Βέρινγκ, Θάλασσα Τσούκτσι, Κόλπος της Αλάσκας, Θάλασσα της Ιαπωνίας, Ιαπωνία, Ταϊβάν, Ogasawara, Χαβάη, Καλιφόρνια) (Rice D.W., 1998). Το είδος αυτό φτάνει τα 27 μέτρα μήκος και τους 75 τόνους βάρος (Jefferson et al., 1993), ενώ η καταδυτική του ικανότητα φτάνει μέχρι τα 230 μέτρα βάθος (Nowak R.M., 2003).

Το είδος της **φάλαινας της Ανταρκτικής**, είναι επίσης σχεδόν παγόσμιο είδος καθώς βρίσκεται σε όλο το Βόρειο Ημισφαίριο και το υποείδος της (*Balaenoptera borealis schlegellii*) βρίσκεται και σε κάποιες περιοχές του Νότιου Ημισφαιρίου (Νέα Ζηλανδία, Αυστραλία, Βραζιλία κ.ά.). Το μέγιστο μήκος του είδους φτάνει περίπου τα 18 μέτρα και 30 τόνους σε βάρος (Jefferson et al., 1993). Επιπροσθέτως, θεωρείται τροπικό-πελαγικό και το μέγιστο βάθος κατάδυσης είναι 342 μέτρα (Schmidly and Würsig, 2009).

Το είδος της **Γαλάζιας Φάλαινας**, σύμφωνα με τον Εθνικό Οργανισμό Ωκεανών και Ατμόσφαιρας (NOAA), είναι κάτοικος όλων των ωκεανών του πλανήτη με μοναδική εξαίρεση την αρκτική ζώνη. Βρίσκεται κυρίως στον Βόρειο Ατλαντικό και Ειρηνικό, στον Νότιο Ωκεανό, στον Ινδικό και στον Νότιο Ειρηνικό Ωκεανό και ένα υποείδος το οποίο είναι υπό μελέτη βρίσκεται στη Χιλή. Η φάλαινα αυτή φτάνει περίπου τα 30 μέτρα μήκος και 199 τόνους βάρος και μπορεί να καταδυθεί από 80-500 μέτρα (Nowak, 2003). Ο χρωματισμός του είδους είναι γκρι-μπλε και διαθέτει ραχιαίο πτερύγιο.

Η **ρυγχοφάλαινα**, είναι από τα πιο μικρά είδη της οικογένειας, καθώς το μέγεθός της κυμαίνεται από 6-10 μέτρα και ζυγίζει περίπου 2-4 τόνους. Βρίσκεται κυρίως στο Βόρειο ημισφαίριο και πιο συγκεκριμένα στο Βόρειο Ειρηνικό και Ατλαντικό. Ιδιαίτερα, υπάρχουν πληθυσμοί στα Κανάρια νησιά, στη μαύρη θάλασσα, στη Μεσόγειο, στις Μπαχάμες και στα Δυτικά του Βόρειου Ειρηνικού. Το είδος αυτό διαθέτει πτερύγιο το οποίο το βοηθάει πολύ

στα ταξίδια του καθώς μεταναστεύει και ταξιδεύει χιλιάδες χιλιόμετρα. Επιπλέον σύμφωνα με το Sealife Base, το μέγιστο βάθος που μπορεί να καταδυθεί είναι 732 μετρα.

Το είδος της ρυγχοφάλαινας της Ανταρκτικής, βρίσκεται κυρίως στις πολικές της Ανταρκτικής και στις τροπικές περιοχές του Ατλαντικού Ωκεανού. Ανήκει στα είδη όπου το θηλυκό είναι μεγαλύτερο από το αρσενικό και κυμαίνεται από 8,5 και 8,9 μέτρα αντίστοιχα. Το βάρος του φτάνει τους 6,8 τόνους (Tamura & Konishi , 2005).

Η **μεγάπτερη φάλαινα**, είναι ένα από τα σχεδόν κοσμοπολίτικα είδη καθώς βρίσκεται παντού εκτός από κάποια σημεία του Αρκτικού Ωκεανού (το μεγαλύτερο μέρος του βόρειου Αρκτικού Αρχηγείου του Καναδά - από τα νησιά Queen Elizabeth που είναι πλησιέστερα στη Γροιλανδία στα βορειοανατολικά και κάτω από το κέντρο του νησιού Baffin). Σύμφωνα με τον Εθνικό Οργανισμό Ωκεανών και Ατμόσφαιρας (NOAA) στον Βόρειο Ατλαντικό υπάχουν 2 πληθυσμοί, στον Βόρειο Ειρηνικό υπάρχουν 4 και σε όλο το Νότιο ημισφαίριο έχουν βρεθεί 7 πληθυσμοί του είδους. Το μέγεθος του φτάνει τα 18,9 μέτρα και τους 35 τόνους σε βάρος (Tan,1995), ενώ το μέγιστο βάθος κατάδυσης είναι 616 μέτρα (Ketos Ecology, 2010).

### 1.3.3. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας *Eschrichtiidae*

Η οικογένεια αυτή περιλαμβάνει μόνο ένα είδος, *Eschrichtius robustus* και βρίσκεται ανατολικά και δυτικά του Βόρειου Ειρηνικού. Το μήκος του είδους κυμαίνεται από 11,1 – 15,2 μέτρα και ζυγίζει περίπου 36000 κιλά (Rice et al.,1984). Το μέγιστο βάθος που μπορεί να καταδυθεί είναι 60 μέτρα (Jones et al., 1984). Ως σημαντικές περιοχές τοκετού του είδους αυτού έχουν προσδιοριστεί 4 τοποθεσίες (Laguna Ojo de Liebre, Guerrero Negro, Bahia Magdalena και Laguna San Ignacio). Κατά τη διάρκεια της μετανάστευσής τους της άνοιξη, έχει παρατηρηθεί πως ένας μικρός πλυθησμός (περίπου 80 ατόμων) παραμένει στα

νότια ύδατα του Καναδά. Σε σύγκριση με τους ανατολικούς πλυθησμούς, οι φάλαινες του Ειρηνικού δεν είναι αρκετά κατανοητές. Παρόλα αυτά, οι περιοχές αναπαραγωγής και τροφής δεν έχουν εμπεριστατωθεί επαρκώς, αφού δεν έχουν επικεντρωθεί μελέτες στον συγκεκριμένο πληθυσμό (Reilly et al., 2008).

#### 1.3.4. Χαρακτηριστικά της Οικογένειας *Neobalaenidae*

Στην οικογένεια αυτή, μόνο ένα είδος έχει κατανεμηθεί (*Caperea marginata*). Το μέγεθός του φτάνει τα 6,5 μέτρα και ζυγίζει περίπου 3.000 κιλά. Διαθέτει ένα ψευδοπτερύγιο στη ράχη του που βρίσκεται περίπου στα τρία τέταρτα αυτής. Το είδος αυτό βρίσκεται σε κρύα νερά στο νότιο ημισφαίριο ( Fordyce, Marx, 2013).

#### 1.4. Συσχετισμός

Η ποικιλομορφία καθώς και η γεωγραφική κατανομή των μπαλενοφόρων φαλαινών σε συνδυασμό με τα αβιοτικά χαρακτηριστικά (θερμοκρασία, αλατότητα κλπ.) σχετίζονται με τα εξελικτικά χαρακτηριστικά (μορφολογία, αναπαραγωγή και συμπεριφορά). Γενικότερα τα είδη της οικογένειας *Balaenidae* που βρίσκονται τον περισσότερο καιρό σε κρύα νερά με πάγους διαθέτουν αρκετά μεγάλο κεφάλι και πολύ λίπος. Για παράδειγμα, όπως αναφέρουν οι Baird και Bickhman το 2021, οι τοξοκέφαλες φάλαινες (*Balaena mysticetus*) διαθέτουν πολύ λίπος, διότι είναι το μοναδικό είδος που ζει όλο το χρόνο σε πολικές περιοχές. Επιπροσθέτως, το σχήμα του κεφαλιού τους όπως έχει αναφερθεί παραπάνω, είναι έτσι φτιαγμένο έτσι ώστε να μπορεί το ζώο να σπάει τα μεγάλα κομμάτια πάγου για να αναπνεύσει (Finley, 2001; Thewissen et al., 2009; George et al., 2016). Το λίπος επίσης είναι ένας παράγοντας, για τη κατακράτηση της θερμοκρασίας του σώματος, και στην περίπτωση της

φάλαινας αυτής το πάχος του λίπους μπορεί να φτάσει και τα 50 εκατοστά. Επιπλέον, οι ακραίες περιβαλλοντικές συνθήκες στις οποίες εξελίχθηκε το είδος αυτό, συνέβαλλαν στη δημιουργία των εξειδικευμένων συμπεριφορικών, οικολογικών και φυσιολογικών χαρακτηριστικών.

Τα περισσότερα είδη της οικογένειας *Balaenopteridae* είναι αρκετά μεγάλα σε μέγεθος και φαίνεται πως αυτό σχετίζεται είτε με την καταδυτική τους ικανότητα, καθώς μπορούν να φτάσουν πολύ βαθιά μέσα στη θάλασσα, είτε με τις αποστάσεις που πρέπει να διανύσουν κατά τη διάρκεια της μετανάστευσης. Χαρακτηριστικό της μεγάπτερης φάλαινας (*Megaptera novaeangliae*) που σχετίζεται με το περιβάλλον που διαβιεί, είναι τα μεγάλα πτερύγια. Οι καμπουροφάλαινες έχουν μακριά πτερύγια, που ονομάζονται θωρακικά, τα οποία αυξάνουν την ικανότητα ελιγμών, βοηθώντας τις να πλοηγούνται σε ρηχά νερά όπου και τρέφονται και να επιταχύνουν γρήγορα, καθώς είναι από τα λίγα είδη που πηδάνε έξω από το νερό.

Επιπλέον, η θερμοκρασία του σώματος των περισσότερων φαλαινών είναι σχεδόν όμοια με των ανθρώπων (37°C). Η απώλεια θερμότητας μέσα στη θάλασσα είναι περίπου 27 φορές ταχύτερη από ότι στον αέρα. Το μεγάλο μέγεθος των φαλαινών βοηθά στην ελαχιστοποίηση της απώλειας θερμότητας. Όσο πιο μεγάλο είναι το ζώο, τόσο μειώνεται η επιφάνειά του σε σχέση με τον όγκο. Το ατρακτοειδές σχήμα σώματος και το μειωμένο μέγεθος των άκρων βοηθούν το ζώο να διατηρήσει τη θερμότητά του στις διάφορες ενέργειες που πραγματοποιεί.

### 1.5. Έρευνες

Αρκετές έρευνες έχουν πραγματοποιηθεί για την ανάλυση φυλογενετικών δέντρων αλλά και για την εύρεση σχέσεων μεταξύ των ειδών της οικογενείας *Mysticeti* (υβριδισμός,

σύνδεση χαρακτηριστικών κλπ), καθώς και για την προσαρμογή διαφόρων πληθυσμών στις διάφορες περιοχές όπου ζουν και αναπαράγονται οι συγκεκριμένες φάλαινες.

Σύμφωνα με έρευνα που πραγματοποιήθηκε από τους Zhou et al., το 2015 που αφορούσε τη συγκλίνουσα εξέλιξη των θαλάσσιων θηλαστικών η οποία σχετίζεται με διακριτές υποκαταστάσεις σε κοινά γονίδια, βρέθηκε πως η ευθυγράμμιση ολόκληρου του γονιδιώματος των κωδικοποιητικών αλληλουχιών εντόπισε διαδεδομένες παράλληλες υποκαταστάσεις αμινοξέων στα ζώα. Ωστόσο, η πλειονότητα αυτών των αλλαγών δεν ήταν μοναδική σε αυτά. Τα υποψήφια γονίδια υδρόβιας προσαρμογής, που προσδιορίζονταν από υπογραφές πιθανότητας σύγκλισης και/ή αυξημένη αναλογία μη συνωνύμου προς συνώνυμο ρυθμού υποκατάστασης νουκλεοτιδίου, χαρακτηρίστηκαν από πολύ λίγες παράλληλες υποκαταστάσεις εμφανίζοντας διακριτές αλλαγές αλληλουχίας σε κάθε ομάδα. Επιπλέον, δεν βρέθηκε σημαντική θετική συσχέτιση μεταξύ της σύγκλισης πιθανότητας και της θετικής επιλογής. Αυτά τα αποτελέσματα δήλωσαν ότι η σύγκλιση σε γονίδια που κωδικοποιούν πρωτεΐνες που σχετίζονται με τον υδρόβιο τρόπο ζωής χαρακτηρίζεται κυρίως από ανεξάρτητες υποκαταστάσεις και χαλαρή αρνητική επιλογή.

Επιπλέον, οι Foote et al., το 2015, πάνω στην έρευνά τους για τη συγκλίνουσα εξέλιξη των γονιδιωμάτων των θαλάσσιων θηλαστικών, αναφέρθηκαν στον προσδιορισμό της ακολουθίας των νουκλεοτιδίων με την πραγματοποίηση de novo συναρμολόγησης των γονιδιωμάτων των μελετούμενων ειδών (φάλαινα όρκα, θαλάσσιος ίππος, manate). Διαπίστωσαν λοιπόν, πως συγκλίνουσες υποκαταστάσεις αμινοξέων ήταν διαδεδομένες σε όλο το γονιδίωμα και ότι ένα υποσύνολο αυτών των αντικαταστάσεων ήταν σε γονίδια που εξελίσσονταν υπό θετική επιλογή και πιθανώς σχετίζεται με θαλάσσιο φαινότυπο. Ωστόσο, βρέθηκαν υψηλότερα επίπεδα σύγκλισης αμινοξέων υποκαταστάσεων οξέος σε ένα σύνολο ελέγχου επίγειων αδελφών ταξινομικών ομάδων στα θαλάσσια θηλαστικά. Τα αποτελέσματά



φανέρωσαν πως ενώ η συγκλίνουσα μοριακή εξέλιξη ήταν σχετικά συχνή, η προσαρμοστική μοριακή σύγκλιση, συνδεδεμένη με τη φαινοτυπική σύγκλιση είναι σχετικά σπάνιο.

## 1.6. Περιγραφή Φυλογενετικών Δέντρων

Τα φυλογενετικά δέντρα αποτελούνται από τρία βασικά στοιχεία: διακλαδώσεις, κόμβους και κορυφές. Οι διακλαδώσεις αντιπροσωπεύουν την εξέλιξη σύμφωνα με την πάροδο του χρόνου. Οι κόμβοι, που είναι τα σημεία όπου συνδέονται πολλαπλές διακλαδώσεις, αντιπροσωπεύουν το διαχωρισμό μίας γενεαλογικής γραμμής σε πολλές διακριτές γενεαλογικές γραμμές. Αντιπροσωπεύουν επίσης υποτιθέμενους κοινούς προγόνους των ειδών διαφορετικών διακλαδώσεων που απόκλιναν από το συγκεκριμένο σημείο. Οι κορυφές ή λειτουργικές ταξινομικές μονάδες είναι τα άκρα συγκεκριμένων διακλαδώσεων, δηλαδή τα είδη που βρίσκονται στα άκρα αυτών (Barton et al., 2013). Ένα φυλογενετικό δέντρο είναι μια αναπαράσταση που συμβολίζει την εξελικτική διαδικασία. Όταν έχουμε κάποιες αλληλουχίες και θέλουμε να εκτιμήσουμε τις φυλογενετικές τους σχέσεις, μια αναπαράσταση σε μορφή δέντρου μας δείχνει πόσο κοντά βρίσκεται η μια αλληλουχία στην άλλη, δηλαδή με ποια σειρά οι αλληλουχίες εξελίχθηκαν η μια από την άλλη, έτσι ώστε, γυρνώντας πίσω στο χρόνο να εντοπίσουμε τελικά τον κοινό τους πρόγονο. Οι ακμές αυτού του δέντρου, είναι οι αλληλουχίες ή γενικότερα, οι ταξινομικές βαθμίδες (taxa) οι οποίες συγκρίνονται.

### 1.6.1. Ανάλυση Φυλογενετικών δέντρων

Η ανάλυση των Φυλογενετικών δέντρων αφορά στο πόσο κοντά συγγενικά είναι μεταξύ τους τα είδη του εκάστοτε φυλογενετικού δέντρου. Για την πραγματοποίηση της ανάλυσης θα πρέπει να ληφθεί υπόψη ότι για κάθε δέντρο, ο χρόνος κυμαίνεται από τα αριστερά προς

τα δεξιά (δηλαδή πιο παλιά έως και πιο πρόσφατα), ή αλλιώς από τον κοινό πρόγονο προς τα τάξα. Όσο πιο πρόσφατος είναι ο κοινός πρόγονος που μοιράζονται δύο είδη, τόσο πιο κοντά συγγενικά είναι.

Η άλλη μέθοδος ανάλυσης και σύγκρισης της συγγένειας των ειδών είναι να παρατηρηθεί πόσες μονοφυλετικές ομάδες μοιράζονται τα διάφορα είδη. Όσο πιο πολλές τέτοιες ομάδες μοιράζεται ένα είδος με ένα άλλο, τόσο πιο κοντά συγγενικά βρίσκονται.

Η εγκυρότητα των αποτελεσμάτων, φαίνεται από τους αριθμούς που εμφανίζονται στους κόμβους των φυλογενετικών δέντρων και ονομάζονται τιμές bootstrap. Πιο συγκεκριμένα, οι τιμές bootstrap σε ένα φυλογενετικό δέντρο υποδεικνύουν ότι από τις 100 , πόσες φορές παρατηρείται ο ίδιος κλάδος κατά την επανάληψη της δημιουργίας ενός φυλογενετικού δέντρου σε ένα σύνολο δεδομένων αναδειγματοληψίας και μας δείχνει ότι με 100 τοις εκατό πιθανότητα γνωρίζουμε τις σχέσεις όλων των διαφορετικών ειδών μεταξύ τους. Εάν λάβουμε αυτήν την παρατήρηση 100 φορές στις 100, τότε αυτό υποστηρίζει το αποτέλεσμά μας. Στην περίπτωση μας, έχει γίνει μετατροπή σε ποσοστό για διευκόλυνση. Όσο πιο κοντά στη μονάδα είναι η τιμή bootstrap τόσο πιο έγκυρο είναι το αποτέλεσμα της θέσης του συγκεκριμένου είδους.

### 1.7. COI- D-LOOP

Οι μοριακοί δείκτες έχουν πλέον μεγάλη σημασία σε πολλούς επιστημονικούς τομείς (Marwal et al.,2014). Επιτρέπουν την ενίσχυση συγκεκριμένης αλληλουχίας εντός του γονιδιώματος για σύγκριση και ανάλυση. Οι μοριακοί δείκτες είναι αποτελεσματικοί επειδή προσδιορίζουν μια αφθονία γενετικής σύνδεσης μεταξύ αναγνωρίσιμων θέσεων μέσα σε ένα χρωμόσωμα και μπορούν να επαναληφθούν για επαλήθευση.

Το COI είναι η οξειδάση I του κυτοχρώματος γ (COX1) επίσης γνωστή ως μιτοχονδριακά κωδικοποιημένη οξειδάση I του κυτοχρώματος c (MT-CO1). Είναι μια πρωτεΐνη που σε ευκαρυωτικούς οργανισμούς όπως οι φάλαινες, το γονίδιο ονομάζεται COX1, CO1 ή COI. Η οξειδάση I του κυτοχρώματος c είναι η κύρια υπομονάδα του συμπλόκου της οξειδάσης του κυτοχρώματος c (Kosakyan et al., May 2012). Πλέον το γονίδιο COI είναι μοριακός δείκτης ταξινομικής αναγνώρισης (Dawen et al., 2006).

Το D-loop είναι το μόνο σημαντικό μη κωδικοποιημένο τμήμα του ζωικού μιτοχονδριακού DNA. Περιέχει τη θέση έναρξης για αντιγραφή σε βαριές βάσεις και τους προαγωγείς (On) για μεταγραφή βαριάς και υψηλής ποιότητας (Clayton, 1982, 1984). Παρά τη λειτουργική της σημασία, αυτή η περιοχή πιστεύεται ότι είναι το πιο ταχέων εξελισσόμενο μέρος ενός μορίου (I-pholt & Dawid, 1977), το οποίο στο σύνολο του συσσωρεύει υποκατάστατες βάσεις με πολύ ταχύτερο ρυθμό από αυτόν του πυρηνικού DNA ενός αντιγράφου (DacGid. 1972: Brown et al., 1979: Lanave et al., 1984). Το πως διατηρείται η λειτουργία αυτής της περιοχής παρά αυτή την ποικιλότητα της πρωτογενούς δομής μένει υπό διευκρίνιση.

### 1.8. Υπόθεση Εργασίας

Ως εκ τούτου, οι στόχοι της παρούσας προσέγγισης ήταν: (α) η εκτίμηση των συνολικών φυλογενετικών αλληλεπιδράσεων, εκδίδοντας μια υποτιθέμενη μονοφυλία μεταξύ των μπαλενοφόρων φαλαινών με συμπέρασμα, με βάση τους δείκτες COI και D-loop και (β) για την αξιολόγηση της συγγένειας ή όχι των ειδών αυτών μεταξύ τους.

## 2. ΥΛΙΚΑ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΙ

### 2.1. Συλλογή Δειγμάτων (NCBI)

Για τη δημιουργία φυλογενετικών δέντρων των μπαλενοφόρων φαλαινών, έγινε συλλογή αλληλουχιών μιτοχondριακού DNA (COI & D-loop) από τη βάση δεδομένων NCBI (17/3/22) για το κάθε είδος ξεχωριστά. Τα είδη για τα οποία συλλέχθηκαν οι αλληλουχίες είναι τα εξής:

- *Orcinus orca* (είδος εκτός ομάδας- outgroup)
- *Balaena mysticetus*
- *Eubalaena glacialis*
- *Balaenoptera borealis*
- *Balaenoptera musculus*
- *Balaenoptera acutorostrata*
- *Balaenoptea bonaerensis*
- *Megaptera novaeangliae*
- *Balaenoptera physalus*

### 2.2. Στατιστική Ανάλυση (MrBayes)

Για τη δημιουργία των φυλογενετικών δέντρων εκτελέστηκε η φυλογενετική ανάλυση των ειδών χρησιμοποιώντας το λογισμικό MrBayes (Bayesian MCMC ανάλυση φυλογένεσης). Η Markov Chain Monte Carlo (MCMC, Metropolis et al., 1953; Hastings, 1970) έχει χρησιμοποιηθεί επιτυχώς για να προσεγγίσει την οπίσθια κατανομή πιθανοτήτων των δέντρων (Yang and Rannala, 1997; Larget και Simon, 1999; Huelsenbeck and Ronquist, 2001). Το MCMC χρησιμοποιεί στοχαστική προσομοίωση για τη λήψη δείγματος από την οπίσθια κατανομή των δέντρων. Τα συμπεράσματα στη συνέχεια βασίζονται στο δείγμα

MCMC. Το πρόγραμμα αυτό χρησιμοποιήθηκε για να αναλύσει της εξελικτικές σχέσεις χρησιμοποιώντας αλληλουχίες νουκλεοτιδίων μέσω της Μπαεϋζιανής Συμπερσματολογίας.

Για την κατασκευή των μονοφυλετικών δέντρων πραγματοποιήθηκαν τα εξής βήματα:

1. Εξαγωγή ακολουθιών fasta
2. Ευθυγράμμιση εξαγόμενων ακολουθιών (alignment)
3. Επιθεώρηση ευθυγράμμισης
4. Περικοπή των περίσσιων ακολουθιών
5. Αποθήκευση της ευθυγράμμισης (alignment)
6. Δημιουργία κλαδογράμματος- φυλογενετικού δέντρου

Πιο συγκεκριμένα η ανάλυση ξεκινά με την έκδοση της εντολής mcmc και αφού βεβαιωθήκαμε πως η ανάλυση λειτουργεί σωστά, με βάση τις εξισώσεις της φυλογενετικής ανάλυσης, δημιουργούνται τα φυλογενετικά δέντρα καθώς κάθε φορά που εκτελείται, τρέχει λίγο διαφορετικά. Έγινε εκτέλεση αυτής της φυλογενετικής ανάλυσης 1000000 φορές (δηλαδή για 1000000 γενιές). Κάθε 100 φορές που εκτελείται δειγματίζονται τα αποτελέσματα και βγαίνει η μεταγενέστερη πιθανότητα. Αυτές οι παλιότερες πιθανότητες μας δείχνουν πόση εμπιστοσύνη έχουμε στις φυλογενετικές σχέσεις στο φυλογενετικό μας δέντρο. Η μέση τυπική απόκλιση των διαχωρισμών των συχνοτήτων της ανάλυσης έπρεπε να έχει τιμή κάτω από 0,01 για να μας δώσει σωστά αποτελέσματα. Όταν πραγματοποιήθηκε η δειγματοληψία της αλυσίδας, οι τρέχουσες τιμές των παραμέτρων του μοντέλου αντικατάστασης εκτυπώθηκαν σε ένα αρχείο .p., ένα αρχείο κειμένου οριοθετημένο με καρτέλες που εισήχθη τελικά στο πρόγραμμα FigTree (Rambaut and Drummond, 2012), με στόχο την τροποποίηση των φυλογενετικών δέντρων που δημιουργήθηκαν.

### 2.3. Γενετικές Αποστάσεις των Ειδών

Η γενετική απόσταση αναφέρεται στη γενετική απόκλιση μεταξύ των ειδών ή μεταξύ των πληθυσμών ενός είδους. Μικρότερες γενετικές αποστάσεις υποδεικνύουν ότι οι πληθυσμοί έχουν περισσότερα παρόμοια γονίδια, γεγονός που δείχνει ότι συνδέονται στενά. Έχουν έναν πρόσφατο κοινό πρόγονο ή έχει γίνει πρόσφατη διασταύρωση. Η γενετική απόσταση είναι χρήσιμη για την αναδόμηση της ιστορίας των πληθυσμών. Εξετάζοντας τη διαφορά μεταξύ των συχνοτήτων αλληλόμορφων μεταξύ των πληθυσμών, η γενετική απόσταση μπορεί να υπολογίσει πόσο καιρό πριν δύο ή περισσότεροι πληθυσμοί ήταν μαζί. Ο υπολογισμός αυτός πραγματοποιήθηκε με το πρόγραμμα MEGA11 (Tamura et al.,2021). για κάθε φυλογενετικό δέντρο ξεχωριστά και δείχνει, όπως προαναφέρθηκε, πόσα περισσότερα κοινά γονίδια έχουν τα είδη μεταξύ τους, καθώς όσο πιο κοντά στο 0 κυμαίνονται οι τιμές, τόσο πιο στενά συνδέονται.

## 3. ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

### 3.1. Φυλογενετικά δέντρα

Σύμφωνα με τις αλληλουχίες αυτές βγήκαν 3 διαφορετικά φυλογενετικά δέντρα για COI, D-loop και ένα για τα δύο μαζί τα οποία αφορούν όλα τα είδη των παραπάνω φαλαινών. Χρησιμοποιήσαμε τα δεδομένα που αφορούν τα νουκλεοτίδια της περιοχής της υπομονάδας 1 του κυτοχρώματος οξειδάσης (COI) για να αξιολογήσουμε τις φυλογενετικές σχέσεις και την ταξινόμηση των ειδών της οικογένειας των Μυστακτηωδών προκειμένου να διευκρινιστεί η ταξινομική εγκυρότητα μορφολογικών και γενετικών χαρακτήρων. Βρέθηκε όμως πως δεν είχαν όλα τα είδη και τα δύο δείγματα των περιοχών COI και D-loop, παρόλα αυτά δεν αποτέλεσε πρόβλημα στην παραγωγή και τη σύγκριση των δέντρων.

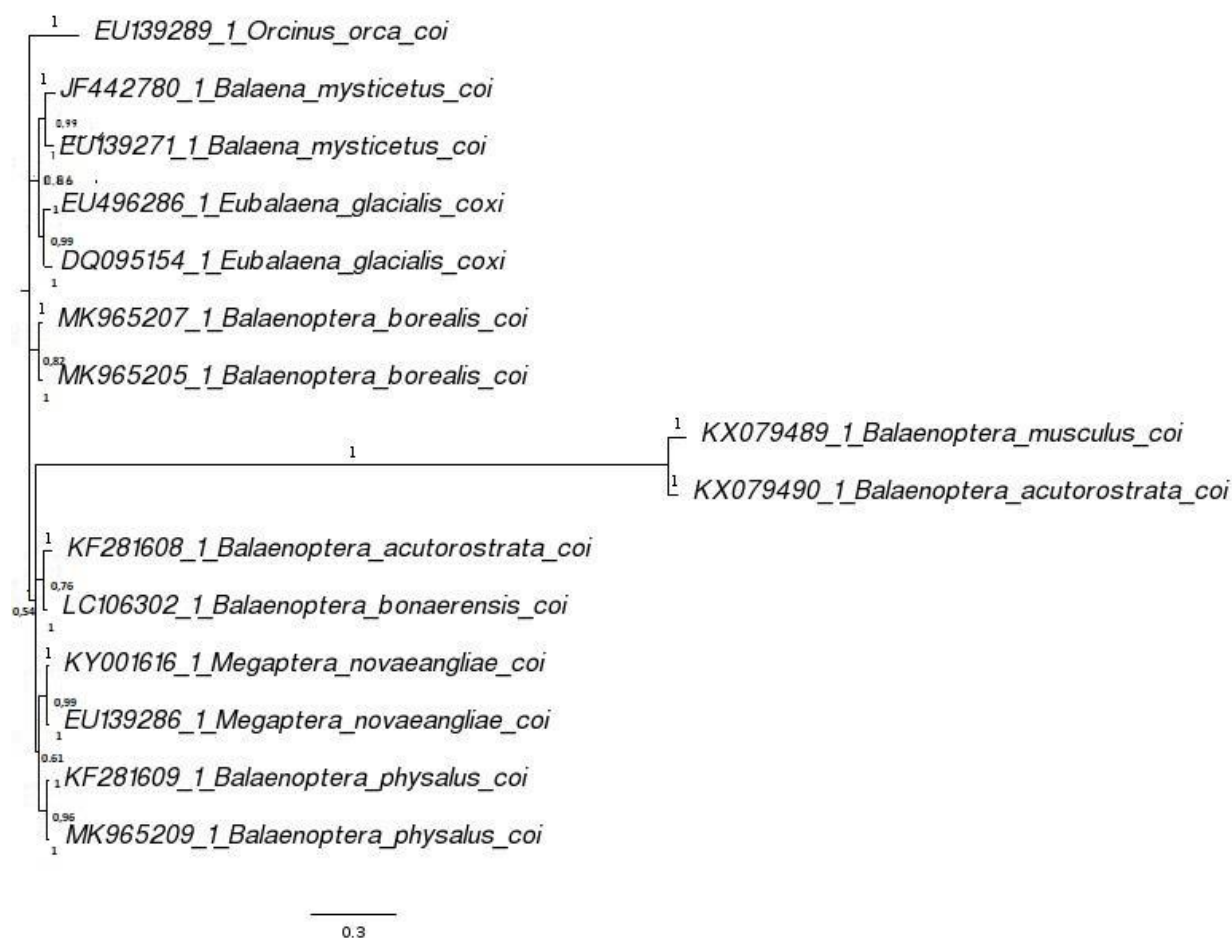
Το COI αλλά και το D-loop διαχώρισαν αποτελεσματικά τα διαφορετικά είδη, συμπεριλαμβανομένων των στενά συγγενών. Τα αποτελέσματα στις φυλογενετικές ανακατασκευές φαίνονται στις εικόνες 1,2 και 3. Τα αποτελέσματα του D-loop, του δέντρου COI όσο και του δέντρου που ελέγχθηκαν και τα δύο μαζί, παρόλο που φαίνονται παρόμοια, είχαν αρκετές διαφορές οι οποίες θα αναλυθούν παρακάτω.

Σε όλα τα δέντρα που αναλύθηκαν διακρίνονται μονοφυλετικές ομάδες οι οποίες προέρχονται από έναν κοινό πρόγονο. Επομένως, για παράδειγμα στην Εικόνα 1, μπορούμε να πούμε πως τα είδη *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata* αποτελούν ένα μονοφυλετικό κλάδο. Επίσης μπορούμε να πούμε πως ολόκληρο το δέντρο αποτελεί ένα μονοφυλετικό κλάδο, συμπεριλαμβανομένων των απόγονων που διακρίνονται αλλά και αυτών που δεν διακρίνονται, δηλαδή των ειδών που βρίσκονται στα διαστήματα ανάμεσα στους κόμβους και στις διακλαδώσεις. Κάτω από τα φυλογενετικά δέντρα υπάρχει μία γραμμή κλίμακας η οποία υποδεικνύει τον αριθμό των αντικαταστάσεων ανά περιοχή και ονομάζεται **απόκλιση ακολουθίας**. Όσο πιο μακρές είναι οι γραμμές στο φυλογενετικό δέντρο τόσο πιο μεγάλη είναι η απόκλιση ακολουθίας και υπάρχουν πολλά διαφορετικά γονίδια. Παρακάτω αναφέρεται αναλυτικά η δομή κάθε φυλογενετικού δέντρου των επιλεγμένων μπαλενοφόρων φαλαινών ξεχωριστά, καθώς στη συνέχεια συγκρίνονται και οι διαφορές μεταξύ τους.

**Πίνακας 1:** Αποσαφήνιση τιμών Bootstrap

Τιμή Bootstrap	
Υποστηρίζεται Σθεναρά	>90% (0,9)
Υποστηρίζεται Καλώς	70%-90% (0,7-0,9)
Υποστηρίζεται Αδύναμα	50%-70% (0,5-0,7)
Δεν Υποστηρίζεται	<50% (0,5)

## 3.1.1. Φυλογενετικό δέντρο: COI



**Εικόνα 1:** Φυλογενετικό δέντρο γειτονικής ένωσης που δείχνει τη σχέση των ειδών της οικογένειας των Μυστακυτωδών με βάση την ταξινόμηση COI.

Στην *Εικόνα 1*, παρατηρείται το φυλογενετικό δέντρο σύμφωνα με την ανάλυση που πραγματοποιήθηκε με βάση την ταξινόμηση COI. Από το δέντρο φαίνεται πως όλα τα είδη έχουν έναν κοινό πρόγονο. Επιπλέον, παρατηρείται πως η γραμμής κλίμακας που υπάρχει κάτω από το δέντρο είναι ίση με 0,3. Αυτό σημαίνει πως για κάθε 100 βάσεις υπάρχουν 30 αντικατεστημένες.

Έχοντας βάλει ως είδος εκτός ομάδας (outgroup) το είδος *Orcinus orca* και έχοντας πραγματοποιηθεί το φυλογενετικό δέντρο, παρατηρούμε πόσο κοντά συγγενικά βρίσκονται τα είδη μεταξύ τους. Φαίνεται λοιπόν, πως αρχικά τα της μονοφυλετικής ομάδας *Balaena*



*mysticetus* και *Eubalaena glacialis* έχουν μεταξύ τους έναν πιο πρόσφατο κοινό πρόγονο και βρίσκονται πιο κοντά συγγενικά μεταξύ τους.

Το είδος *Balaenoptera borealis* συγγενεύει περισσότερο με τα είδη που βρίσκονται στη μονοφυλετική ομάδα που αποτελείται από τα είδη *Balaenoptera acutorostrata*, *Balaenoptera bonaerensis*, *Megaptera novaeangliae*, *Balaenoptera physalus* και *Balaenoptera musculus* για το λόγο ότι έχουν έναν πιο πρόσφατο κοινό πρόγονο αν και βρίσκονται σε διαφορετικά μονοφυλετικά γκρουπ. Παρόλα αυτά, παρατηρείται στο φυλογενετικό δέντρο πως η γαλάζια φάλαινα (*Balaenoptera musculus*) είναι αρκετά πιο απομακρυσμένη από τα άλλα είδη, το οποίο σημαίνει πως γενετικά διαφέρει κατά πολύ από τα υπόλοιπα είδη γενετικά.

Σε γενικά πλαίσια, το φυλογενετικό δέντρο αυτό θεωρείται καλώς – σθεναρά υποστηριζόμενο με βάζει τον πίνακα 1. Παρόλα αυτά υπάρχουν δύο σημεία τα οποία θεωρούνται αδύναμα υποστηριζόμενα καθώς το ποσοστό απόκλισης ακολουθίας κυμαίνεται από 50%- 70%.

Τέλος, συγκρίνοντας τις γραμμές με τη γραμμής κλίμακας ακολουθίας, φαίνεται πως η όρκα, αν και είναι το είδος εκτός ομάδας, έχει πολύ λιγότερες αποκλίσεις ακολουθίας από ότι έχει η γαλάζια φάλαινα (*Balaenoptera musculus*), όπως και όλα τα υπόλοιπα είδη. Δηλαδή η πρώτη έχει λιγότερες αντικατεστημένες βάσεις άρα και μικρότερη γενετική απόσταση.

### 3.1.1.1 Μορφολογικές διαφορές των ειδών ίδιων μονοφυλετικών ομάδων

#### ***Eubalaena glacialis* - *Balaena mysticetus***

Σύμφωνα με το παραπάνω φυλογενετικό δέντρο παρατηρούνται και κάποιες μορφολογικές διαφορές μεταξύ των ειδών την ίδιας μονοφυλετικής ομάδας διότι μέσα σε αυτό βρίσκονται κάποια είδη διαφορετικής οικογένειας αλλά και διαφορετικού γένους. Στην

παρούσα όμως έρευνα φαίνεται πιο πολύ διαφορετικότητα στα γένη των φαλαινών που μελετήθηκαν.

Στην πρώτη μονοφυλετική ομάδα η οποία περιέχει τα είδη, *Balaena mysticetus* και *Eubalaena glacialis* τα οποία ανήκουν σε διαφορετικά γένη αλλά στην ίδια οικογένεια. Τα είδη αυτά ανήκουν στην οικογένεια *Balaenidae*, παρόλα αυτά τα γένη διαφέρουν καθώς το πρώτο ανήκει στο γένος *Balaena* ενώ το δεύτερο στο γένος *Eubalaena*. Τα δύο είδη διαφέρουν γενικά μορφολογικά στο χρωματισμό, στο σχήμα του σώματος στο μέγεθος, βάρος και στον βióτοπο.

#### ***Balaenoptera musculus – Balaenoptera acutorostrata***

Στο μονοφυλετικό γκρουπ που περιέχει τα είδη *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata*, παρατηρείται επίσης ότι τα δύο είδη ανήκουν στην ίδια οικογένεια και στο ίδιο γένος. Παρόλα αυτά, τα δύο είδη διαφέρουν μεταξύ τους πάρα πολύ ως προς το μέγεθος το χρωματισμό αλλά όχι τόσο ως προς τους οικότοπούς τους. Το είδος της γαλάζιας φάλαινας είναι το μεγαλύτερο ζώο στον πλανήτη (29,9m), ενώ η ρυγχοφάλαινα είναι αρκετά μικρότερη (6-10 m). Επιπλέον, και οι δύο φάλαινες ζουν στο βόρειο ημισφαίριο και διαθέτουν ραχιαίο πτερύγιο.

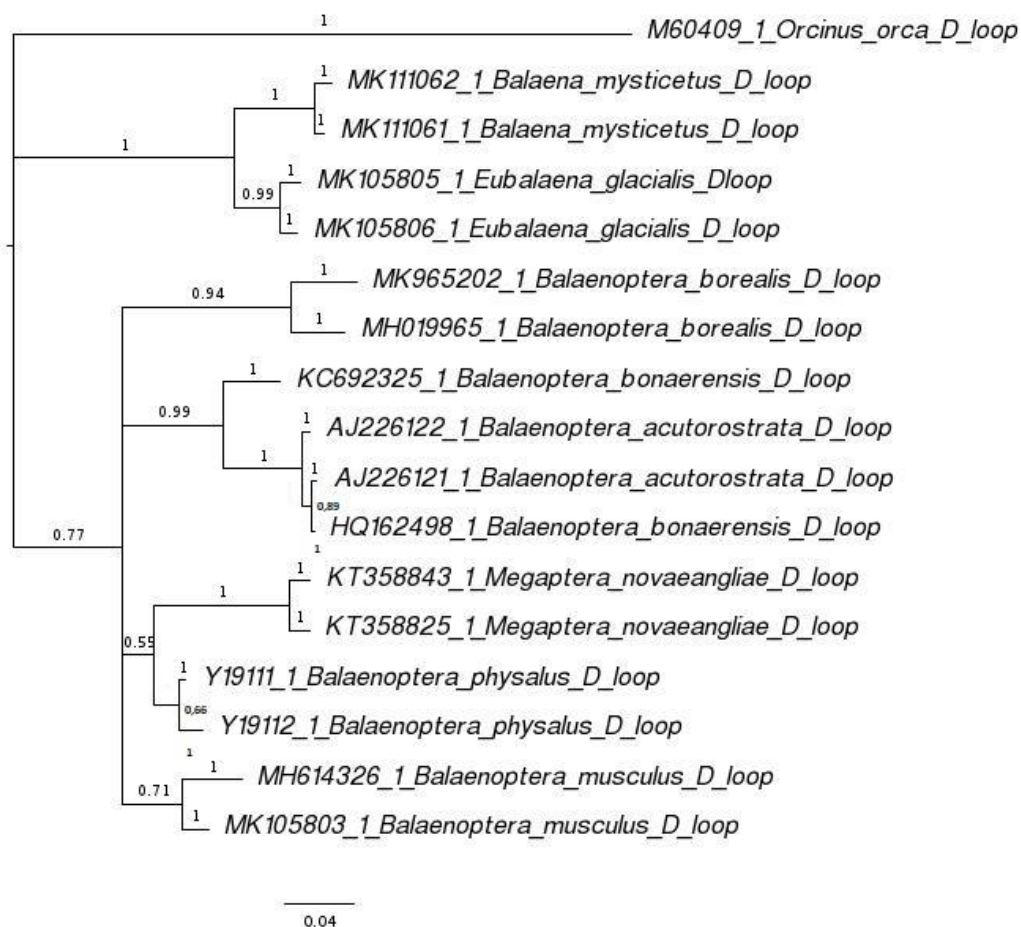
#### ***Balaenoptera acutorostrata – Balaenoptera bonaerensis***

Τα είδη *Balaenoptera acutorostrata* και *Balaenoptera bonaerensis* βρίσκονται στην ίδια μονοφυλετική ομάδα καθώς όπως και στο γκρουπ που αναφέρθηκε παραπάνω ανήκουν στην ίδια οικογένεια αλλά και γένος. Τα δύο είδη έχουν παρόμοιο μέγεθος και βάρος αλλά διαφέρουν λίγο στη γεωγραφική τους κατανομή. Το είδος της ρυγχοφάλαινας της Ανταρκτικής (*Balaenoptera bonaerensis*) βρίσκεται περισσότερο στις πολικές περιοχές της Ανταρκτικής και στον Ατλαντικό Ωκεανό ενώ το είδος της ρυγχοφάλαινας (*Balaenoptera acutorostrata*) κατανέμεται και στον Ειρηνικό Ωκεανό.

### *Megaptera novaeangliae* – *Balaenoptera physalus*

Τα είδη αυτά όπως φαίνεται, ανήκουν στην οικογένεια *Balaenopteridae* αλλά διαφέρουν ως προς το γένος. Οι διαφορές τους εκτίνονται στο μέγεθος, στο βάρος και στο βάθος που μπορούν να καταδυθούν. Το πρώτο είναι αρκετά πιο μικρό από το δεύτερο, παρόλα αυτά η μεγαλύτερη φάλαινα καταδύεται σχεδόν 400 μέτρα πιο βαθιά από την περοφάλαινα. Η γεωγραφική τους κατανομή είναι παρόμοια καθώς και τα δύο βρίσκονται σε όλους τους ωκεανούς εκτός από τον Αρκτικό.

#### 3.1.2. Φυλογενετικό δέντρο: D-loop



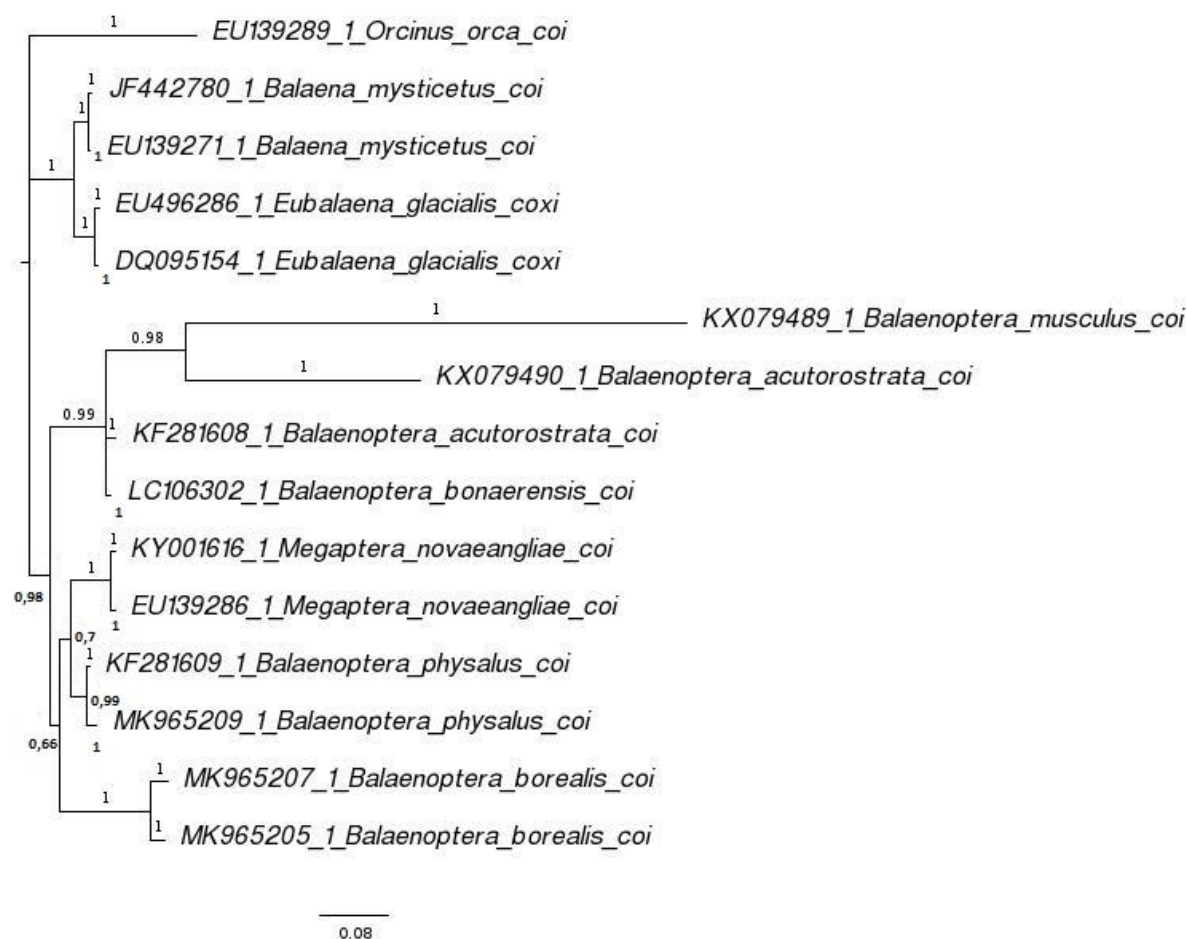
**Εικόνα 2:** Φυλογενετικό δέντρο γειτονικής ένωσης που δείχνει τη σχέση των ειδών της οικογένειας των Μυστακυτωδών με βάση την περιοχή D-loop mtDNA.

Στο παραπάνω δέντρο φαίνεται πως σύμφωνα με την περιοχή D-loop, έχοντας συγκρίνει τις γραμμές του δέντρου με τη γραμμής κλίμακας ακολουθίας (4 αντικατεστημένες βάσεις στις 100) το είδος της όρκας έχει τη μεγαλύτερη γραμμή απόκλισης ακολουθίας σε σύγκριση με τα υπόλοιπα είδη, δηλαδή διαφέρει κατά πολύ γενετικά. Παρόλα αυτά, τα είδη *Balaena mysticetus* και *Eubalaena glacialis*, όπως φαίνεται και στο φυλογενετικό δέντρο που πραγματοποιήθηκε με βάση την ταξινόμηση COI συγγενεύουν αρκετά, διότι όπως αναφέρθηκε και παραπάνω, υπάρχει ένας πιο πρόσφατος κοινός απόγονος από ότι υπάρχει μεταξύ των άλλων ειδών και των ειδών αυτών. Επιπλέον φαίνεται είναι στενά συνδεδεμένα (*B. mysticetus* & *E. glacialis*) καθώς είναι αναμενόμενο αφού ανήκουν στην ίδια οικογένεια.

Η *Balaenoptera musculus* πλησιάζει γενετικά την μονοφυλετική ομάδα στην οποία περιέχονται η *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* αν και τα δύο αυτά είδη βρίσκονται πιο κοντά μεταξύ τους, ενώ τα είδη *Balaenoptera acutorostrata*, *Balaenoptera bonaerensis* συγγενεύουν μεταξύ τους αλλά και περισσότερο με το είδος *Balaenoptera borealis* από ότι με άλλα είδη. Παρόλα αυτά, δεν φαίνεται η γαλάζια φάλαινα να είναι στενά συνδεδεμένη συγγενικά με κάποιο είδος.

Τέλος, σύμφωνα με τον Πίνακα 1, οι ομάδες που περιέχουν τα είδη *Balaena mysticetus* *Eubalaena glacialis*, καθώς και το είδος εκτός ομάδας (*Orcinus orca*), θεωρούνται σθεναρά υποστηριζόμενες αφού έχουν εγκυρότητα πάνω από 90%. Οι υπόλοιπες ομάδες του παραπάνω δέντρου θεωρούνται καλώς ως και αδύναμα υποστηριζόμενες.

## 3.1.3. Φυλογενετικό δέντρο: COI &amp; D-loop



**Εικόνα 3:** Φυλογενετικό δέντρο γειτονικής ένωσης που δείχνει τη σχέση των ειδών της οικογένειας των Μυστακυτωδών με βάση την περιοχή D-loop mtDNA και COI.

Από το δέντρο της Εικόνας 3, παρατηρείται πως αν συγκρίνουμε τις γραμμές του παρόντος φυλογενετικού δέντρου με τη γραμμή κλίμακας ακολουθίας που μας δόθηκε (8 βάσεις αντικατεστημένες στις 100), το πιο γενετικά διαφοροποιημένο είδος είναι η *Balaenoptera musculus* και η *Balaenoptera acutorostrata*.

Τα είδη *Balaena mysticetus* και *Eubalaena glacialis* είναι πιο κοντά συγγενικά μεταξύ τους όπως αναφέρθηκε και παραοάνω. Τα είδη *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata* (πρώτη αλληλουχία), βρίσκονται πιο κοντά στα είδη *Balaenoptera*

*acutorostrata* (δεύτερη αλληλουχία) και *Balaenoptera bonaerensis* από ότι τα υπόλοιπα είδη παρόλο που το είδος *Balaenoptera musculus* είναι αρκετά πιο απομακρισμένο γενετικά από όλα τα άλλα είδη. Τέλος, τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* θα μπορούσαμε να πούμε πως είναι πιο κοντά με το είδος *Balaenoptera borealis*.

Τα αποτελέσματα του προγράμματος για το παρόν δέντρο δείχνουν πως είναι έγκυρα διότι συνολικά φαίνεται να είναι στην κατηγορία σθεναρά υποστηριζόμενο (Πίνακας 1), με μικρές εξαιρέσεις στην ομάδα ειδών που περιέχει τα *Megaptera novaeangliae*, *Balaenoptera physalus* και *Balaenoptera borealis* που η τιμή bootstrap (0,66) δείχνει πως είναι αδύναμα υποστηριζόμενη ομάδα.

### 3.2. Πίνακες γενετικών αποστάσεων

**Πίνακας 2:** Γενετικές αποστάσεις των ειδών με βάση την περιοχή D-loop.

	<i>B. mysticetus</i>	<i>B. mysticetus</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. musculus</i>	<i>B. musculus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>B. bonaerensis</i>	<i>B. bonaerensis</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>O. orca</i>
<i>B. mysticetus</i>																	
<i>B. mysticetus</i>	2,32																
<i>E. glacialis</i>	3,13	5,54															
<i>E. glacialis</i>	3,45	5,58	<b>0,01</b>														
<i>B. acutorostrata</i>	4,62	5,83	4,11	3,94													
<i>B. acutorostrata</i>	4,79	2,93	4,17	4,30	4,46												
<i>B. borealis</i>	<b>6,13</b>	5,52	1,36	1,33	1,69	2,32											
<i>B. borealis</i>	4,40	1,61	4,06	3,77	2,17	5,58	2,29										
<i>B. musculus</i>	4,54	4,56	3,27	3,30	1,90	3,47	5,09	4,39									
<i>B. musculus</i>	5,48	2,68	2,88	2,81	3,50	3,17	<b>0,00</b>	<b>0,00</b>	2,89								
<i>B. physalus</i>	3,52	4,02	3,36	3,26	3,45	4,42	4,38	5,18	5,78	3,45							
<i>B. physalus</i>	2,09	2,76	3,94	4,03	3,17	3,12	1,91	2,16	6,04	2,78	4,46						
<i>B. bonaerensis</i>	2,27	1,91	4,08	4,17	4,20	3,22	5,39	1,95	4,11	2,89	3,34	3,85					
<i>B. bonaerensis</i>	4,30	2,55	5,37	4,31	2,49	5,49	5,73	2,57	2,37	4,21	3,77	4,68	4,17				
<i>M. novaeangliae</i>	4,06	4,46	2,77	2,66	3,16	2,41	1,53	2,24	2,50	2,90	3,13	4,52	3,37	3,81			
<i>M. novaeangliae</i>	4,10	4,39	2,93	2,81	3,24	2,28	1,58	2,11	2,56	2,92	3,14	4,45	3,46	3,76	<b>0,01</b>		
<i>O. orca</i>	2,31	4,22	3,00	3,49	2,69	4,01	<b>6,18</b>	5,69	2,98	2,78	4,03	2,86	3,78	3,98	5,71	5,74	

Απεικονίζεται ο αριθμός των υποκαταστάσεων βάσεων ανά θέση μεταξύ των αλληλουχιών. Οι αναλύσεις διεξήχθησαν χρησιμοποιώντας το μοντέλο Maximum Composite Likelihood. Αυτή η ανάλυση περιλάμβανε 17 αλληλουχίες νουκλεοτιδίων. Οι θέσεις κωδικονίων που περιλαμβάνονται ήταν 1η+2η+3η+Μη κωδικοποιημένες περιοχές. Όλες οι διαφορούμενες θέσεις αφαιρέθηκαν για κάθε ζεύγος ακολουθιών (επιλογή διαγραφής κατά ζεύγη). Υπήρχαν συνολικά 918 θέσεις στο τελικό σύνολο δεδομένων. Οι εξελικτικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν στο MEGA11.

Πίνακας 3: Γενετικές αποστάσεις των ειδών με βάση την περιοχή D-loop &amp; COI.

	<i>B. mysticetus</i>	<i>B. mysticetus</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. bonaerensis</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. musculus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>O. orca</i>
<i>B. mysticetus</i>															
<i>B. mysticetus</i>	4,93														
<i>B. acutorostrata</i>	3,43	2,84													
<i>B. acutorostrata</i>	4,46	2,94	2,38												
<i>B. bonaerensis</i>	3,52	2,59	3,17	2,45											
<i>B. borealis</i>	<b>5,82</b>	1,39	3,01	1,90	2,57										
<i>B. borealis</i>	5,68	1,80	2,47	3,68	2,52	0,53									
<i>B. musculus</i>	3,04	2,94	2,39	<b>0,28</b>	4,43	1,96	4,71								
<i>B. physalus</i>	3,75	4,56	4,92	4,34	5,05	4,46	2,16	4,66							
<i>B. physalus</i>	5,21	2,19	2,91	2,61	2,59	0,59	0,86	2,90	4,81						
<i>M. novaeangliae</i>	5,04	3,49	3,30	2,86	2,67	1,58	3,38	2,44	3,22	4,60					
<i>M. novaeangliae</i>	5,14	<b>0,49</b>	2,56	3,14	2,60	1,32	1,61	2,95	4,51	2,20	2,99				
<i>E. glacialis</i>	3,02	4,80	3,72	3,42	4,43	5,52	<b>5,69</b>	4,66	4,78	5,10	4,80	4,54			
<i>E. glacialis</i>	4,88	3,18	3,09	3,29	2,22	2,09	3,85	3,16	4,45	4,06	3,57	2,82	4,36		
<i>O. orca</i>	4,93	0,56	2,98	2,22	3,46	1,44	1,58	2,71	4,90	2,09	3,02	0,59	3,64	2,91	

Απεικονίζεται ο αριθμός των υποκαταστάσεων βάσεων ανά θέση μεταξύ των αλληλουχιών. Οι αναλύσεις διεξήχθησαν χρησιμοποιώντας το μοντέλο Maximum Composite Likelihood. Αυτή η ανάλυση περιελάμβανε 15 αλληλουχίες νουκλεοτιδίων. Οι θέσεις κωδικονίων που περιλαμβάνονται ήταν 1η+2η+3η+Μη κωδικοποιημένη περιοχή. Όλες οι διαφορούμενες θέσεις αφαιρέθηκαν για κάθε ζεύγος ακολουθιών (επιλογή διαγραφής κατά ζεύγη). Υπήρχαν συνολικά 2029 θέσεις στο τελικό σύνολο δεδομένων. Οι εξελικτικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν στο MEGA11.



**Πίνακας 4:** Γενετικές αποστάσεις των ειδών με βάση την περιοχή COI.

	<i>B. mysticetus</i>	<i>B. mysticetus</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. acutorostrata</i>	<i>B. bonaerensis</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. borealis</i>	<i>B. musculus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>B. physalus</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>M. novaeangliae</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>E. glacialis</i>	<i>O. orca</i>
<i>B. mysticetus</i>															
<i>B. mysticetus</i>	19,33														
<i>B. acutorostrata</i>	17,27	8,73													
<i>B. acutorostrata</i>	11,83	8,41	7,30												
<i>B. bonaerensis</i>	13,67	10,15	10,07	14,10											
<i>B. borealis</i>	<b>21,21</b>	4,77	5,91	8,90	12,70										
<i>B. borealis</i>	<b>21,21</b>	4,77	5,91	8,90	12,70	<b>0,00</b>									
<i>B. musculus</i>	11,70	8,17	7,52	0,08	13,12	9,26	9,26								
<i>B. physalus</i>	13,56	17,74	18,72	13,78	18,92	8,57	8,57	13,53							
<i>B. physalus</i>	20,65	5,52	6,79	10,42	10,85	<b>0,06</b>	<b>0,06</b>	10,98	10,18						
<i>M. novaeangliae</i>	19,10	12,78	12,19	10,10	9,20	13,44	13,44	9,83	17,47	12,07					
<i>M. novaeangliae</i>	19,75	0,10	10,05	8,25	10,96	4,91	4,91	7,93	17,32	5,69	12,17				
<i>E. glacialis</i>	10,89	14,34	13,56	17,15	18,92	<b>21,68</b>	21,68	17,05	12,58	20,96	18,34	13,75			
<i>E. glacialis</i>	18,98	8,61	8,38	12,45	6,64	8,23	8,23	12,66	13,34	7,59	11,41	7,46	18,52		
<i>O. orca</i>	18,63	0,20	10,50	8,59	11,91	4,86	4,86	8,32	17,51	5,51	16,21	0,18	14,00	8,37	

Απεικονίζεται ο αριθμός των υποκαταστάσεων βάσεων ανά θέση μεταξύ των αλληλουχιών. Οι αναλύσεις διεξήχθησαν χρησιμοποιώντας το μοντέλο Maximum Composite Likelihood. Αυτή η ανάλυση περιελάμβανε 15 αλληλουχίες νουκλεοτιδίων. Οι θέσεις κωδικονίων που περιλαμβάνονται ήταν 1η+2η+3η+Μη κωδικοποιημένη περιοχή. Όλες οι διαφορούμενες θέσεις αφαιρέθηκαν για κάθε ζεύγος ακολουθιών (επιλογή διαγραφής κατά ζεύγη). Υπήρχαν συνολικά 1551 θέσεις στο τελικό σύνολο δεδομένων. Οι εξελικτικές αναλύσεις πραγματοποιήθηκαν στο MEGA11.

### 3.3. Ανάλυση των Γενετικών Αποστάσεων των ειδών

Χρησιμοποιήθηκε το πρόγραμμα MEGA11 για τον καθορισμό του επιπέδου γενετικής απόκλισης μεταξύ των ειδών και των τριών φυλογενετικών δέντρων. Με βάση τα πρώτα αποτελέσματα (Πίνακας 2) που πραγματοποιήθηκαν για τα δεδομένα της περιοχής D-loop, παρατηρήθηκε πως η μικρότερη γενετική απόσταση που φαίνεται είναι μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Balaenoptera musculus* (0,00), ενώ η αμέσως επόμενη είναι μεταξύ του είδους *Megaptera novaeangliae* (δεδομένα 1 και 2) (0,01) υποδεικνύοντας ότι υπάρχουν στενές γενετικές σχέσεις μεταξύ των ειδών αυτών. Οι μεγαλύτερες γενετικές αποστάσεις στον Πίνακα 2 είναι μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Orcinus orca* (6,18), ενώ η αμέσως επόμενη μεγαλύτερη τιμή βρίσκεται μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Balaena mysticetus* (6,13). Παρόλα αυτά, φαίνεται πως τα περισσότερα αλλά και ακόμα και τα ίδια είδη μεταξύ τους, εμφανίζουν μικρές γενετικές αποστάσεις που σημαίνει πως διαφέρουν.

Στην ανάλυση που έγινε για τις αλληλουχίες των ειδών με βάση τις περιοχές D-loop και COI (πίνακας 3), υπήρχαν εξίσου αρκετές διαφορές στις γενετικές αποστάσεις. Η μικρότερη γενετική απόσταση ήταν μεταξύ των ειδών *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata* (0,28), ενώ αμέσως επόμενη μικρότερη γενετική απόσταση έχουν μεταξύ τους τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaena mysticetus* (0,49). Οι μεγαλύτερες γενετικές αποστάσεις στον Πίνακα 3 διακρίνονται μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Balaena mysticetus* (5,82) και η επόμενη μεταξύ των ειδών *Eubalaena glacialis* και *Balaenoptera borealis* (5,69). Γενικά στον πίνακα αυτόν παρατηρούνται διαφορές στις γενετικές αποστάσεις μεταξύ διαφορετικών αλλά και ίδιων ειδών.

Όσον αφορά τον πίνακα που δημιουργήθηκε με βάση τα νουκλεοτίδια της COI περιοχής (Πίνακας 4) παρατηρείται πως αρχικά σε σύγκριση με τους δύο παραπάνω πίνακες, υπήρχαν πολύ μεγαλύτερες γενετικές αποστάσεις ανάμεσα στα είδη. Η μικρότερη γενετική απόσταση

φαίνεται να είναι μεταξύ του ίδιου είδους *Balaenoptera borealis* (0,00), ενώ η αμέσως μικρότερη είναι μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Balaenoptera physalus* (0,06). Οι μεγαλύτερες γενετικές αποστάσεις είναι αρκετά μεγάλες το οποίο σημαίνει ότι δεν είναι καθόλου στενά συνδεδεμένα τα συγκεκριμένα είδη. Τα είδη αυτά είναι *Balaenoptera borealis* και *Eubalaena glacialis* (21,68), ενώ η αμέσως επόμενη μεγαλύτερη απόσταση είναι μεταξύ των ειδών *Balaenoptera borealis* και *Balaena mysticetus* (21,21).

Γενικά, φαίνεται πως πολύ λίγα είδη μεταξύ τους είναι στενά συνδεδεμένα και πολλά, παρόλο που μπορεί να είναι ακόμα και του ίδιου είδους, φαίνεται πως, αν και όχι πολύ, διαφέρουν. Αυτό επιβεβαιώνεται και από τα αποτελέσματα που βρέθηκαν στα φυλογενετικά δέντρα.

#### 4.ΣΥΖΗΤΗΣΗ-ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

Παρατηρήθηκε τελικά γενετική διακύμανση, διαφοροποίηση και συγγένεια μεταξύ των ειδών. Χρησιμοποιώντας λοιπόν τα νουκλεοτίδια των ειδών από το NCBI και μετατρέποντάς τα σε φυλογενετικά δέντρα μέσω του προγράμματος MrBayes, φάνηκε πως υπάρχουν πολλά κοινά αλλά και διαφορές ανάμεσα στα είδη που μελετήθηκαν. Επιπλέον, αν και είδος εκτός ομάδας, φάνηκε πως τελικά οι γενετικές αποστάσεις του είδους *Orcinus orca* δεν ήταν εντελώς απομακρυσμένες με συγκεκριμένα είδη. Για παράδειγμα στο δέντρο COI& D-loop φαίνεται πως η Όρκα έχει μικρότερη γενετική απόσταση με τα είδη της οικογένειας *Balaenidae* (*Balaena mysticetus* & *Eubalaena glacialis*) από ότι έχει η γαλάζια φάλαινα (*Balaenoptera musculus*) με τα ίδια είδη. Στο δέντρο όμως COI, τα ίδια είδη φαίνεται να κυμαίνονται εντελώς διαφορετικά με την *Balaenoptera musculus* να είναι πιο στενά συνδεδεμένη με τα *Balaenidae*.

#### 4.1. Σύγκριση των φυλογενετικών δέντρων

Στα δέντρα που αναλύθηκαν παραπάνω, υπάρχουν εμφανής διαφορές όσον αφορά την κατανομή των ειδών, τις τιμές στις αποκλίσεις ακολουθίας αλλά και στις τιμές bootstrap στο εκάστοτε δέντρο. Στα τρία δέντρα όπου τοποθετήθηκε το είδος της Όρκας σαν είδος εκτός ομάδας, φαίνεται πως δεν είναι καθόλου στενά συνδεδεμένο με κανένα είδος σε κανένα από τα τρία δέντρα. Παρόλα αυτά όπως προαναφέρθηκε, ήταν υποχρεωτική η παρουσία του για τη δημιουργία της ανάλυσης. Στη συνέχεια, φαίνεται πως τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* είναι επίσης στενά συνδεδεμένα και στα τρία δέντρα αν και η καταδυτική τους ικανότητα της πρώτης είναι αρκετά μεγαλύτερη όπως και το μέγιστο βάθος που μπορεί να καταδυθεί.

Οι διαφορές που παρατηρούνται κυρίως στα δέντρα είναι μεταξύ των θέσεων των ειδών *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata*, αφού στα δέντρα COI και COI & D-loop βρίσκονται πολύ κοντά συγγενικά και στο D-loop βρίσκονται σε εντελώς άλλη θέση. Επιπλέον, το περίεργο γεγονός είναι πως τα δύο αυτά είδη διαφέρουν κατά πολύ στον χρωματισμό αλλά και στο μέγεθός αφού το πρώτο φτάνει τα 30 μέτρα ενώ το δεύτερο τα 6-10 μέτρα.

##### 4.1.1. Σύγκριση COI με D-loop

Αρχικά, η πρώτη μεγάλη διαφορά που παρατηρείται στα δέντρα των εικόνων 1 και 2, είναι οι τιμές στις γραμμές απόκλισης ακολουθίας. Στο δέντρο με την ταξινόμηση COI (Εικόνα 1), η τιμή απόκλισης ακολουθίας είναι 0,3, ενώ στο δέντρο D-loop (Εικόνα 2) είναι 0,04. Όπως έχει αναφερθεί και παραπάνω, αυτό σημαίνει πως στο πρώτο, για κάθε 100 βάσεις υπάρχουν 30 αντικατεστημένες βάσεις, ενώ αντίστοιχα στο δεύτερο δέντρο, στις 100 βάσεις, οι αντικατεστημένες είναι 4.

Συγκρίνοντας λοιπόν, το δέντρο που δημιουργήθηκε σύμφωνα με τη βάση COI (Εικόνα 1) με το δέντρο που δημιουργήθηκε σύμφωνα με την περιοχή D-loop (Εικόνα 2), παρατηρήθηκε πως και στα δύο δέντρα η πρώτη μονοφυλετική ομάδα έχει σχεδόν ίδια αποτελέσματα, με τη μόνη μικρή διαφορά στις τιμές bootstrap που βρίσκονται στον κοινό πρόγονο τους είδους *Balaena mysticetus* και στον κοινό πρόγονο που συνδέει το προαναφερόμενο είδος με το είδος *Eubalaena glacialis*. Παρόλα αυτά και στα δύο δέντρα οι τιμές αυτές δείχνουν πως οι ομάδες είναι σθεναρά υποστηριζόμενες. Το ίδιο ισχύει και για το είδος *Balaenoptera borealis* το οποίο και στα δύο δέντρα βρίσκεται στην ίδια θέση με μόνη διαφορά την τιμή bootstrap στον κοινό τους πρόγονο.

Στη μονοφυλετική ομάδα που βρίσκονται όλα τα υπόλοιπα είδη, διακρίνονται αρκετές διαφορές και στις τιμές bootstrap αλλά και στις θέσεις που έχουν κατανεμηθεί τα είδη. Φαίνεται πως στο πρώτο δέντρο αρχικά υπάρχει μόνο μία νουκλεοτιδική αλληλουχία για την *Balaenoptera musculus*, ενώ στο δεύτερο δέντρο υπάρχουν δύο. Επιπλέον, το συγκεκριμένο είδος βρίσκεται σε εντελώς διαφορετική θέση μέσα στη φυλογενετική ομάδα καθώς σύμφωνα με τη βάση COI το είδος δείχνει να βρίσκεται πιο κοντά συγγενικά με το είδος *Balaenoptera acutorostrata*, ενώ με βάση την περιοχή D-loop το είδος φαίνεται να συνδέεται πιο πολύ με τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* σε σχέση με τα υπόλοιπα. Τέλος, στο πρώτο δέντρο όπως και στο δεύτερο, φαίνεται πως το είδος *Balaenoptera bonaerensis* βρίσκεται πιο κοντά συγγενικά με το είδος *Balaenoptera acutorostrata*.

#### 4.1.2. Σύγκριση COI με COI & D-loop

Στα δέντρα των εικόνων 1 και 3, παρατηρήθηκαν όπως στην παραπάνω σύγκριση, οι διαφορές στις τιμές των γραμμών απόκλισης ακολουθίας. Στο δέντρο με την ταξινόμηση COI (Εικόνα 1), η τιμή απόκλισης ακολουθίας είναι 0,3, ενώ στο δέντρο D-loop & COI (Εικόνα 3) είναι 0,08. Αυτό σημαίνει πως στο πρώτο δέντρο, για κάθε 100 βάσεις υπάρχουν 30

αντικατεστημένες βάσεις, ενώ αντίστοιχα στο δεύτερο δέντρο, στις 100 βάσεις, οι αντικατεστημένες είναι 8.

Επιπλέον, οι διαφορές των τιμών bootstrap ανάμεσα στα δύο δέντρα είναι εμφανείς. Το δέντρο D-loop & COI (Εικόνα 3) γενικά, φαίνεται να κατανέμεται στην κατηγορία "Σθεναρά Υποστηριζόμενο" σύμφωνα με τον Πίνακα 1, καθώς οι τιμές αυτές κυμαίνονται κυρίως κοντά στο 1 (100%). Υπάρχει μια μικρή απόκλιση στους κόμβους κοντά στη βάση του δέντρου, που βρίσκεται η μονοφυλετική ομάδα που περιέχει τα είδη *Megaptera novaeangliae*, *Balaenoptera physalus* και *Balaenoptera borealis*. Τα δύο πρώτα είδη δεν φαίνεται να έχουν μεγάλες διαφορές στα νουκλεοτίδια, αλλά διακρίνεται η διαφορά της θέσης του είδους *Balaenoptera borealis* αφού στο πρώτο δέντρο βρίσκεται πιο κοντά στα είδη της οικογένειας Balaenidae ενώ στο τελευταίο δέντρο βρίσκεται πιο κοντά στα είδη της οικογένειας Balaenopteridae. Παρόλα αυτά, ασχέτως με τη θέση που έχει κατανεμηθεί, φαίνεται να μην είναι πολύ στενά συνδεδεμένο με κάποιο από τα προαναφερόμενα είδη. Ο κόμβος που είναι κοινός και για τα τρία είδη, φαίνεται να είναι αδύναμα υποστηριζόμενα τα αποτελέσματά του (Πίνακας 1), όπως και τα αποτελέσματα του κόμβου που συνδέει τα είδη *Megaptera novaeangliae* και *Balaenoptera physalus* καθώς είναι οριακά καλώς υποστηριζόμενα.

Στο δέντρο COI τα αποτελέσματα φαίνονται επίσης γενικά, να είναι σθεναρά με καλώς υποστηριζόμενα. Συγκρίνοντας τα δύο δέντρα, παρατηρείται πως το είδος εκτός ομάδας, όπως και τα είδη *Balaena mysticetus* και *Eubalaena glacialis* έχουν σχεδόν τις ίδιες τιμές bootstrap αλλά και τις ίδιες θέσεις μέσα στο δέντρο. Η διαφορά που φαίνεται όσον αφορά το συγκεκριμένο κομμάτι του δέντρου είναι στη γραμμή του είδους της όρκας, η οποία δείχνει πως στο δέντρο D-loop & COI είναι μεγαλύτερη, δηλαδή έχει περισσότερες αντικατεστημένες βάσεις. Το είδος *Balaenoptera borealis* βρίσκεται σε διαφορετική θέση στα δύο δέντρα ενώ ταυτόχρονα φαίνεται πως στο δέντρο της εικόνα έχει διαφορετικές γονιδιακές διαφορές με τα άλλα είδη.

Όσον αφορά τα είδη *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata*, φαίνεται και στα δύο δέντρα να είναι πολύ πιο απομακρυσμένα από όλα τα υπόλοιπα είδη, δηλαδή διαφέρουν πάρα πολύ από τα άλλα είδη και να είναι πιο στενά συνδεδεμένα μεταξύ τους παρόλο που υπάρχει 2η αλληλουχία του δεύτερου είδους.

#### 4.1.3. Σύγκριση D-loop με COI & D-loop

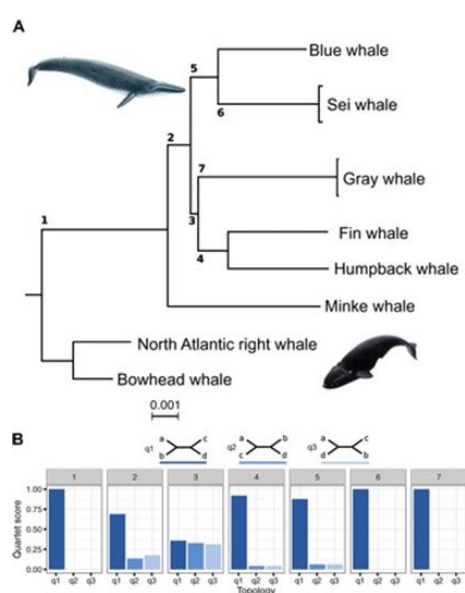
Στο δέντρο που δημιουργήθηκε σύμφωνα με την περιοχή D-loop (Εικόνα 2), σε σύγκριση με το δέντρο που δημιουργήθηκε με βάση το συνδυασμό της περιοχής D-loop και της ταξινόμησης COI (Εικόνα 3), υπάρχουν επίσης ομοιότητες αλλά και διαφορές. Όπως και στις συγκρίσεις που έγιναν παραπάνω, έτσι και σε αυτά τα δέντρα υπάρχει διαφορά στη τιμή της γραμμής απόκλισης ακολουθίας. Στο δέντρο της εικόνας 2 (D-loop), η τιμή αυτή είναι ίση με 0,04 το οποίο σημαίνει πως 4 βάσεις είναι αντικατεστημένες στις 100. Όσον αφορά το δέντρο της εικόνας 3 (COI& D-loop), η τιμή αυτή ισούται με 0,08, άρα η αναλογία αντικατάστασης στις βάσεις είναι 8 στις 100. Παρόλα αυτά η διαφορά τους δεν φαίνεται να είναι τόσο μεγάλη όσο είναι μεταξύ των δέντρων που συγκρίθηκαν προηγουμένως.

Όσον αφορά την πρώτη μονοφυλετική ομάδα αλλά και το είδος εκτός ομάδας (outgroup) και στα δύο δέντρα, δείχνει να διαφέρει ελάχιστα ως προς τις τιμές bootstrap και με βάση τον Πίνακα 1 η εγκυρότητά τους είναι μεγάλη (σθεναρά υποστηριζόμενη).

Επιπλέον, παρατηρείται πως το είδος *Balaenoptera borealis* στα δύο αυτά δέντρα, βρίσκεται επίσης σε διαφορετικές θέσεις ενώ σύμφωνα με την τιμή bootstrap στη συγκεκριμένη μονοφυλετική ομάδα που το περιέχει το δέντρο της εικόνας 2, βρίσκεται στην κατηγορία "Καλώς Υποστηριζόμενο" (0,77) (Πίνακας 1), ενώ στο δέντρο της εικόνας 3, βρίσκεται στην κατηγορία "Σθεναρά Υποστηριζόμενο"(0,98). Αν παρατηρήσουμε όμως, στην μονοφυλετική ομάδα που βρίσκεται το παραπάνω είδος στην εικόνα 3, φαίνεται πως είναι "Αδύναμα Υποστηριζόμενο" (0,66). Παρόλα αυτά, φαίνεται πως γενικά το δέντρο d-loop (εικόνα 2) αποτελείται από

μεγαλύτερες γραμμές ακολουθίας από ότι το δέντρο COI & D-loop (Εικόνα 3) με εξαίρεση τα είδη *Balaenoptera musculus* και *Balaenoptera acutorostrata* τα οποία δείχνουν να διαφέρουν αρκετά περισσότερο από τα άλλα είδη, καθώς έχουν και περισσότερες αντικατεστημένες βάσεις και φαίνεται να είναι πιο στενά συνδεδεμένα.

Σύμφωνα με παρόμοιες έρευνες που πραγματοποιήθηκαν από τους Arnason et al., τον Απρίλιο του 2018, βρέθηκε πως η αλληλουχία ολόκληρου του γονιδιώματος υποδηλώνει ότι οι μπλε φάλαινες (*Balaenoptera musculus*) σχετίζονται στενότερα με τις φάλαινες sei (*Balaenoptera borealis*) με τις γκριζες φάλαινες (*Eschrichtius robustus*) ως αδελφή ομάδα. Αυτή η μελέτη βρήκε επίσης σημαντική ροή γονιδίων μεταξύ των φαλαινών minke (*Balaenoptera bonaerensis* & *Balaenoptera acutorostrata*) και των προγόνων της μπλε και της φάλαινας sei. Οι μπλε φάλαινες εμφάνισαν επίσης υψηλό βαθμό γενετικής μεταβλητότητας (δηλαδή ετεροζυγωτία). Σε σύγκριση με τα αποτελέσματά μας, αυτή η έρευνα συνδέεται καθώς ακριβώς τα ίδια έδειξαν και τα φυλογενετικά δέντρα αλλά και οι αναλύσεις για τις γενετικές αποστάσεις.



**Εικόνα 4:** Ένα δέντρο ειδών (MSC) Balaenopteridae & Eschrichtiidae (Arnason et al., 2018).







## ABSTRACT

Based on the nucleotide sequences of the mitochondrial genes (COI and D-loop), a phylogenetic analysis of the 8 balloon-feeding whales of the families *Balaenidae* (*Balaena mysticetus* & *Eubalaena glacialis*) and *Balaenopteridae* (*Balaenoptera musculus*, *Balaenoptera acutorostrata*, *Balaenoptera bonaerensis*, *Balaenoptera borealis*, *Megaptera novaeangliae* and *Balaenoptera physalus*) and the species *Orcinus orca* (toothcup), which was used as an outgroup species, was performed for to clarify their taxonomic status, genetic variation, differentiation and relatedness. The analysis showed that there were species differences depending on the gene sequences. More specifically, having received the nucleotide data from the NCBI, three phylogenetic trees were created. One tree based on the COI region, a second tree based on the D-loop region and one for both together (COI&D-loop). An analysis was then carried out using the MEGA programme to find the genetic distances between the species studied. The results obtained showed that in the COI tree, the most closely related species are *Balaena mysticetus* and *Eubalaena glacialis* as this was expected since they both belong to the family *Balaenidae*. In addition, *Megaptera novaeangliae* and *Balaenoptera physalus* were in the same monophyletic group as *Balaenoptera acutorostrata* and *Balaenoptera bonaerensis*. Curiously, however, the species *Balaenoptera musculus* was found to have more genes in common with *Balaenoptera acutorostrata* (2nd sequence) than this species has with its homologue. However, it was confirmed according to the analysis of genetic distances. As for the D-loop tree, the results were almost identical, with the difference that the blue whale species was distributed completely differently within the tree, the results were almost identical, with the differences that the blue whale species was completely differently distributed within the tree and that now, *Balaenoptera bonaerensis* and *Balaenoptera acutorostrata* were found in the same monophyletic group, as expected from the beginning. Finally, in the last tree created based on both sites (COI & D-loop),

the results were almost identical to those of the first tree with the only difference being the different placement of *Balaenoptera borealis*. All the above results were correlated with similar studies and showed similar results for genetic distances and species positions in phylogenetic trees.

**Key words:** phylogenetic, whale, mysticeti, *Balaenidae* , *Balaenopteridae*.

## ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ

### Ξένη Βιβλιογραφία

Altekar G., Dwarkadas S., Huelsenbeck J. P. and Ronquist F. (2002). Parallel Metropolis coupled Markov chain Monte Carlo for Bayesian phylogenetic inference

Arnason U (1990) Phylogeny of marine mammals--evidence from chromosomes and DNA. In Chromosomes Today (Fredga, K., Kihlman, B. A. and Bennett, M. D., eds), Vol. 10, pp. 267-278. Unwin Heyman, London.

Arnason U. , Gretarsdottir S., Gullberg A. (1993) Comparisons Between the 12S rRNA, 16S rRNA, NADHI and CO1 Genes of Sperm and Fin Whale Mitochondrial DNA. Biochemical Systematics and Ecology ,Vol. 21, No. 1, pp. 115-122, 1993. Printed in Great Britain.

Barnes L. G. and Mitchell E. D. (1978) Cetacea. In Evolution of African Mammals (Maglio, V. J. and Cooke, H. S.B., eds), pp. 582-602. Harvard University Press, Cambridge.

Barnes, L. G. and McLeod, S. A. (1984) The fossil record and phyletic relationships of gray whales. In The Gray Whale *Eschrichtius robustus* (Jones, J. B., Swartz, S. L. and Leatherwood, S., eds), pp. 3-32. Academic Press, New York.

Baird A. B., Bickham J. W., (2021) .The stocks of bowheads. The Bowhead Whale.

Beta A., (2012). Return to the Sea: The Life and Evolutionary times of Marine Mammals

Bettridge S, Baker C. S., Barlow J., C.P. J. Ford, Gouveia D., Mattila D. K., Pace R. M., Rosel, P. E., Silber G. K., Wade P. R. (March 2015). Status review of the humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) under the Endangered Species Act (PDF) (Report). National Oceanic and Atmospheric Administration.

Bisconti M., (2007). Morphology and phylogenetic relationships of a new *eschrichtiid* genus (Cetacea: Mysticeti) from the Early Pliocene of northern Italy.

Brown G., Gadaleta G, Pepe G, Saccone C., Sbisà E, (1986), Structural conservation and variation in the D-loop containing region of vertebrate mitochondrial DNA

Churchill M., Berta A., Demere T., (2012). The Systematics of right whale (Mysticeti: Balaenidae). Marine Mammal Science, pp. 497-521

Clapham P., Young S., Brownell R., (1999). Baleen whales: conservation issues and the status of the most endangered populations. Mammal Review, pp. 37-62

Conry D., (2018), The Origin of Marine Mammals

COSEWIC Assessment and Status Report on the Grey Whale *Eschrichtius robustus* Eastern North Pacific Population in Canada", "*Eschrichtius robustus*, Gray Whale"

Czelusniak J., Goodman M., Koop, B. F., Tagle D. A., Shoshani J., Braunlizer G., Kleinschmidt T. K., de Jong W. W. and Matsuda G. (1990) Perspectives from amino acid and nucleotide sequences on cladistic relationships among higher taxa of eutheria. In Current Mammalogy (Genoways, H. H., ed.), Vol. 2, pp. 545-572. Plenum Press, New York

Davies E., (2016). The longest animal alive may be one you never thought of. BBC Earth.

- Dawnay N., Orgden R., Mewing R., Carvalho G.R., Thorpe R.S., (2007), Validation of the barcoding gene COI for use in forensic genetic species identification.
- Duffield D. A. (1977) Phylokaryotypic evaluation of the Cetacea. Ph.D. dissertation, UCLA
- Figueiredo I., Weir Cr., (2014) .Blue whales: *Balaenoptera musculus* off Angola: Recent sightings and evolution of whaling ,pp 268-278 , Journal of Marine Science
- Footo A.D, Kaschner K., Schultze S. E, Garilao C., Ho S. Y. W., Post K., Higham T.F.G, C. Stokowska, Henry van der Es, Embling C.B., Gregersen K., Johansson F., Willerslev E. & Gilbert M.T.P (2013), Ancient DNA reveals that bowhead whale lineages survived Late Pleistocene climate change and habitat shifts, Nature Communications volume 4, Article number: 1677
- Footo A. D., Liu Y., Thomas G. W. C., Vinař T., Alföldi J., Deng J., Dugan S., van Elk C. E., Hunter M. E., Joshi V., Khan Z., Kovar C., Lee S. L., Lindblad-Toh K., Mancia A., Nielsen R., Qin X., Qu J., Raney B. J., Vijay N., Wolf J. B. W., Hahn M. W., Muzny D. M., Worley K. C., Gilbert M. T. P. & Gibbs R. A. (2015). Convergent evolution of the genomes of marine mammals
- Fordyce R. E. (1980) Whale evolution and Oligocene southern ocean environments. *Palaeogr. PalaeoclimaL Palaeoecol.* 31, 319-336
- Fordyce R., Marx F., (2013). The pygmy right whale: *Caparea marginata*: The last of the cetotheres
- Fudge D. S., Szewciw L. J., Schwalb A. N. (2009). "Morphology and Development of Blue Whale Baleen: An Annotated Translation of Tycho Tullberg's Classic 1883 Paper" (PDF). *Aquatic Mammals.* 35 (2): 226–52. doi:10.1578/AM.35.2.2009.226.
- Gaskin D. E. (1982) *The Ecology of Whales and Dolphins*. Heinemann, London.
- Giang H, Hong P. N., Tuan M.S. and Harada K. (August 2003). Genetic variation of *Avicennia marina* (Forsk.) Vierh.(Avicenniaceae) in Vietnam revealed by microsatellite and AFLP markers.
- Goodman M. (1989) Emerging alliance of phylogenetic systematics and molecular biology: a new age of exploration. In *The Hierarchy of Life* (Fernholm, B., Bremer, K. and JSrnvall, H., eds), pp. 43-61. Elsevier, Amsterdam
- Hastings, W.K. (1970) Monte Carlo sampling methods using Markov chains and their applications. *Biometrika*, 57, 97–109.
- Huelsenbeck, J.P. and Ronquist, F. (2001) MrBayes: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics* 17, 754–755
- James G, Robert L.Jr, (2005). *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference*, Order of Cetacea , pp.723-743
- Jefferson T.A., S. Leatherwood and M.A. Webber 1993 *FAO species Identification Guide: Marine Mammals of the World*. Rome, FAO. 320 p. + 587 figures.
- Jones M., (1998). "COSEWIC Assessment and Status Report on the Grey Whale *Eschrichtius robustus* Eastern North Pacific Population in Canada", "*Eschrichtius robustus*, Gray Whale"06.

- Larget, B. and Simon, D. (1999) Markov chain Monte Carlo algorithms for the Bayesian analysis of phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evolution*, 16, 750–759
- Maheswaran, M. (August 2014). "Molecular Markers: History, Features and Applications". *Advanced Biotech*.
- Marwal A., Kumar A., Gaur S. R. K., (2014). Chapter 16 - Molecular Markers: Tool for Genetic Analysis, pp. 289-305. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-416002-6.00016-X>
- Metropolis, N., Rosenbluth, A. W., Rosenbluth, M. N., Teller, A. H. and Teller, E. (1953) Equations of state calculations by fast computing machines. *J. Chem. Phys.*, 21, 1087–1091
- Moore S. E., and Reeves R. R. (1993). "Distribution and Movement". In Burns, J. J.; Montague, J. J.; and Cowles, C. J. *The Bowhead Whale. Special Publication No. 2: The Society for Marine Mammalogy*
- Moore S., Reeves R., Burns J., Cowles C., (1993), *Distribution and Movement- The Bowhead whale*, The society of Marine Mammalogy
- Perrin, W.F. (2022). *World Cetacea Database*. Accessed at <https://www.marinespecies.org/cetacea> on 2022-06-16
- Rice D.W. (1998) *Marine Mammals of the World Systematics and Distribution. Special Publication number 4: The Society for Marine Mammalogy*. 231p.
- Ronquist, F., J. P. Huelsenbeck, M. Teslenko, C, Zhang, and J. A. Nylander (2020) *MrBayes version 3.2 manual: tutorials and model summaries*. Distributed with the software from <https://github.com/NBISweden/MrBayes>
- Ronquist, F., M. Teslenko, P. van der Mark, D. Ayres, A. Darling, S. Höhna, B. Larget, L. Liu, M. A. Suchard, and J. P. Huelsenbeck. (2012). *MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Systematic Biology* 61:539–542. DOI: 10.1093/sysbio/sys029
- Schmidly D.J. and Würsig B. (2009) *Mammals (Vertebrata: Mammalia) of the Gulf of Mexico*. pp. 1343-1353 In Felder, D.L.; Camp, D.K. (eds.) *Gulf of Mexico - Origins, Waters, and Biota. Biodiversity*. Texas A&M University Press, College Station, Texas.
- Silvia A.M., Steiner L., Cascao I., Cruz J.M., Prieto R., Cole T., Hamilton K.P. and Baumgartner M. (2012). "Winter sighting of a known western North Atlantic right whale in the Azores" (PDF). *Journal of Cetacean Research and Management*. 12: 65–69. Retrieved 2013-04-28.
- Solazzo C, Fitzhugh W., Kaplan S., Potter C, Dyer J.M., August (2017). *Molecular markers in keratins from Mysticeti whales for species identification of baleen in museum and archaeological collections* .
- Stevick P. T., Allen J., Clapham P.J., Katona S. K., Larsen F., Lien J., Mattila D.K., Palsbøll P. J., Sears R., Sigurjonsson J., Smith T. D., Vikingsson G., Øien N. & Hammond P. S. . *Population spatial structuring on the feeding grounds in North Atlantic humpback whales (Megaptera novaeangliae)*
- Tamura K., Nei M., and Kumar S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 101:11030-11035.

Tamura K., Stecher G., and Kumar S. (2021). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.

Tamura T. and Konishi K. (2005) Feeding habits and prey consumption of Antarctic minke whales, *Balaenoptera bonaerensis* in JARPA research area. Jarpa Review Meeting <http://www.icrwhale.org/JARPARReview2.htm> [Accessed 28/10/2008].

Tan J.M.L. (1995) A Field Guide to the Whales and Dolphins in the Philippines. Makati City: Bookmark. 125 p.

Van Valen, L. (1968) Monophyly or diphyly in the origin of whales. *Evolution* 22, 37-41.

Wursig B., (2017), *Marine Mammals of the Gulf of Mexico*, pp.1489-1587.

Yang, Z. and Rannala, B. (1997) Bayesian phylogenetic inference using DNA sequences: a Markov chain Monte Carlo method. *Mol. Biol. Evolution*, 14, 717–724.

Zhou X., Seim I. and Gladyshev V.N. (2015). Convergent evolution of marine mammals is associated with distinct substitutions in common genes. <https://doi.org/10.1038/srep16550>

### **Ελληνική Βιβλιογραφία**

Ο κόσμος των θαλασσών (1983), Εγκυκλοπαίδεια Κουστώ

### **Ηλεκτρονική Βιβλιογραφία**

<https://animaldiversity.org/accounts/Cetacea/>

<https://ocean.si.edu/ocean-life/marine-mammals/whales>

<https://seaworld.org/animals/all-about/baleen-whales/adaptations/>

<https://www.sealifebase.se/summary/Balaenoptera-acutorostrata.html>

Ketos Ecology 2010 Angola whales. [http://www.ketosecology.co.uk/Angola\\_Whales.htm](http://www.ketosecology.co.uk/Angola_Whales.htm) [Accessed 07/01/10].

National Oceanographic and Atmospheric Administration (NOAA), Marine Mammals. <https://www.noaa.gov/education/resource-collections/marine-life/marine-mammals>

Nowak R.M. (2003) Walker's Marine mammals of the world. 6th edition. John Hopkins University Press. 264 p.

Nowak R.M., (2003), <https://www.sealifebase.se/summary/Balaenoptera-musculus.html>

Sealife base, *Balaenoptera acutorostrata* <https://www.sealifebase.se/summary/Balaenoptera-acutorostrata.html>